



T.C.
NECMETTİN ERBAKAN
ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ



**EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE SARI
PAS (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*)
HASTALIĞIYLA İLİŞKİLİ ÖZELLİKLERİ
KONTROL EDEN GENLERLE BAĞLANTILI
FONKSİYONEL MARKÖRLER VE
MARKÖRLERİN ALLELİK ÇEŞİTLİLİĞİNİN
BELİRLENMESİ**

Şerife ERKOL

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Tarım Bilimleri Anabilim Dalı

Mayıs-2026
KONYA
Her Hakkı Saklıdır

TEZ KABUL VE ONAYI

Şerife ERKOL tarafından hazırlanan “Ekmeklik buğday çeşitlerinde sarı pas (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) hastalığıyla ilişkili özellikleri kontrol eden genlerle bağlantılı fonksiyonel markörler ve markörlerin allelik çeşitliliğinin belirlenmesi” adlı tez çalışması .../.../... tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarım Bilimleri Anabilim Dalı’nda YÜKSEK LİSANS olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

Başkan

Unvanı Adı SOYADI

Danışman

Unvanı Adı SOYADI

Üye

Unvanı Adı SOYADI

İmza

.....

.....

.....

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu’nun/.../20.. gün ve sayılı kararıyla onaylanmıştır.

Prof. Dr. Havvanur UÇBEYİAY
FBE Müdürü

Bu tez çalışması **NECMETTİN ERBAKAN ÜNİVERSİTESİ- Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP)** tarafından **25YL26001** nolu proje ile desteklenmiştir.

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.

Şerife ERKOL

10.05.2026

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

EKMEKLİK BUĞDAY ÇEŞİTLERİNDE SARI PAS (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) HASTALIĞIYLA İLİŞKİLİ ÖZELLİKLERİ KONTROL EDEN GENLERLE BAĞLANTILI FONKSİYONEL MARKÖRLER VE MARKÖRLERİN ALLELİK ÇEŞİTLİLİĞİNİN BELİRLENMESİ

Şerife ERKOL

**NECMETTİN ERBAKAN ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TARIM BİLİMLERİ ANABİLİM DALI**

Danışman: Doç. Dr. Aras TÜRKOĞLU

2026, 139 Sayfa

Jüri

**Doç. Dr. Aras TÜRKOĞLU
Prof. Dr. Metin ARMAĞAN
Prof. Dr. Kamil HALİLOĞLU**

Bu çalışmada, 192 ekmeçlik buğday (*Triticum aestivum* L.) genotipi, sarı pas etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*'ye karşı dayanıklılık ile ilişkili Yr genleri bakımından moleküler düzeyde değerlendirilmiş ve popülasyonun genetik yapısı çok yönlü analizlerle ortaya konulmuştur. Çalışmada toplam 16 Yr genine ait moleküler markör kullanılmış; genotiplerde markör varlığı/yokluğu belirlenerek frekans analizi, genetik çeşitlilik parametreleri (PIC, Nei gen çeşitliliği, Shannon indeksi), genetik benzerlik matrisi, UPGMA kümeleme analizi, Temel Koordinat Analizi (PCoA) ve popülasyon yapısı (STRUCTURE) analizleri gerçekleştirilmiştir.

Elde edilen bulgular, Yr genlerinin popülasyonda homojen dağılmadığını, aksine belirgin bir heterojen yapı sergilediğini göstermiştir. Yr26 (*Xgwm18*) gibi bazı genlerin yüksek frekansta bulunduğu, buna karşılık Yr9 ve Yr41 gibi genlerin düşük frekansta veya tamamen absent olduğu belirlenmiştir. Genotiplerin büyük çoğunluğunun 3–5 Yr geni taşıdığı, yüksek sayıda gen içeren genotiplerin ise sınırlı olduğu tespit edilmiştir. Kümülatif frekans ve birlikte bulunma analizleri, dayanıklılığın sınırlı sayıda yüksek frekanslı gen etrafında şekillenen “çekirdek–perifer” bir yapı sergilediğini ve genlerin bağımsız değil, genetik bloklar halinde birlikte taşındığını ortaya koymuştur.

Genetik çeşitlilik analizleri, incelenen lokusların orta–yüksek düzeyde polimorfizm içerdiğini (ortalama PIC = 0.49) göstermiştir. STRUCTURE analizi, popülasyonun iki ana genetik alt-popülasyondan oluştuğunu (K=2) ve bu gruplar arasında yüksek düzeyde genetik farklılaşma bulunduğunu ortaya koyarken, bazı genotiplerde gözlenen admixture yapısı gen akışını işaret etmiştir. PCoA ve kümeleme analizleri de bu genetik yapıyı desteklemiştir.

Sonuç olarak, sarı pas dayanıklılığının tek bir gen tarafından değil, farklı Yr gen kombinasyonlarının etkileşimi ile şekillenen kompleks bir genetik mimariye sahip olduğu belirlenmiştir. Ancak dayanıklılığın belirli genler etrafında yoğunlaşması, uzun vadede kırılabilirlik riski oluşturmaktadır. Bu nedenle sürdürülebilir dayanıklılık için gen piramitlenmesi stratejilerinin uygulanması, nadir genlerin korunması ve genetik olarak uzak genotipler arasında melezleme yapılması önerilmektedir. Ayrıca moleküler verilerin fenotipik gözlemlerle desteklenmesi, daha güvenilir ıslah sonuçları elde edilmesi açısından kritik önem taşımaktadır.

Anahtar Kelimeler: Buğday, Moleküler markörler, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, Sarı pas dayanıklılığı, Yr genleri,

ABSTRACT

MS THESIS

ALLELIC DIVERSITY OF FUNCTIONAL MARKERS AND GENE-LINKED MARKERS ASSOCIATED WITH STRIPE RUST (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) RESISTANCE IN WHEAT VARIETIES

Şerife ERKOL

NECMETTİN ERBAKAN UNIVERSITY THE DEGREE OF MASTER OF SCIENCE
IN AGRICULTURAL SCIENCES

Advisor: Assoc. Prof. Dr. Aras TÜRKOĞLU

2026 Year, 139 Pages

Jury

Assoc. Prof. Dr. Aras TÜRKOĞLU
Prof. Dr. Metin ARMAĞAN
Prof. Dr. Kamil HALILOĞLU

In this study, 192 bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes were evaluated at the molecular level for yellow rust resistance genes (*Yr* genes) associated with the pathogen *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, and the genetic structure of the population was comprehensively analyzed using multiple approaches. A total of 16 gene-specific molecular markers were employed, and marker presence/absence data were used to perform frequency analysis, genetic diversity assessments (PIC, Nei's gene diversity, Shannon index), genetic similarity matrix construction, UPGMA clustering, Principal Coordinate Analysis (PCoA), and population structure analysis (STRUCTURE).

The results revealed that *Yr* genes were not evenly distributed across the population but exhibited a clear heterogeneous pattern. Certain genes, such as *Yr26* (*Xgwm18*), were highly prevalent, whereas others, including *Yr9* and *Yr41*, were detected at very low frequencies or were absent. Most genotypes carried 3–5 *Yr* genes, while genotypes with a high number of resistance genes were relatively rare. Cumulative frequency and co-occurrence analyses demonstrated a “core–periphery” genetic architecture, where resistance was largely governed by a limited number of high-frequency loci, and genes were inherited in blocks rather than independently.

Genetic diversity analysis indicated moderate to high polymorphism among loci (mean PIC = 0.49). STRUCTURE analysis identified two major sub-populations (K=2) with high genetic differentiation, while the presence of admixture genotypes suggested gene flow between these groups. The results of PCoA and clustering analyses were consistent with the population structure findings.

Overall, the findings demonstrate that yellow rust resistance in wheat is controlled by a complex genetic architecture involving multiple *Yr* gene combinations rather than single genes. However, the over-reliance on a limited number of high-frequency genes may pose a long-term risk of resistance breakdown. Therefore, the implementation of gene pyramiding strategies, conservation of rare alleles, and hybridization between genetically distant genotypes are strongly recommended for sustainable resistance breeding. Additionally, integrating molecular data with phenotypic evaluations is essential for improving the reliability and effectiveness of breeding programs.

Keywords: Wheat, Molecular markers, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, Stripe rust resistance, *Yr* genes.

ÖNSÖZ

Sözlerime başlarken; Türk kadınına eğitimden çalışma hayatına dek her alanda eşit ve özgür bir birey olma hakkı tanıyan aklın ve bilimin sarsılmaz rehberliğinde bizlere çağdaş bir eğitim anlayışının kapılarını aralayan, aydınlık fikirleriyle yolumuzu daima aydınlatan Cumhuriyetimizin kurucusu Gazi Mustafa Kemal ATATÜRK'e sonsuz saygı ve minnetlerimi arz ederim.

Yüksek lisans eğitimim ve bu tezin hazırlık süreci boyunca; engin bilgi birikimi ve akademik vizyonu ile bana her daim ışık tutan, bilimsel düşünceyi titizlikle aşılayan çok değerli danışman hocam Sayın Doç. Dr. Aras TÜRKOĞLU'na en derin şükranlarımı sunmayı bir borç bilirim. Çalışmamın filizlenmesinden nihayete ermesine dek geçen her safhada gösterdiği müstesna sabır, kıymetli yönlendirmeleri ve yapıcı yaklaşımı benim için paha biçilemez bir rehber olmuştur. Kendisinin bilimsel etiğe olan sarsılmaz bağlılığı ve olaylara analitik yaklaşımı, yalnızca bu tezin vücut bulmasında değil; aynı zamanda akademik hüviyetimin inşasında da en büyük mihenk taşıdır. Karşılaştığım her zorlukta yol gösterici desteğini hissetmek, bu süreci azimle sürdürebilmemin en güçlü dayanağı olmuştur. Öğrencisi olma ve kendisiyle çalışma ayrıcalığına erişmekten duyduğum derin onurla, üzerimdeki büyük emekleri için kendisine teşekkürlerimi sunarım.

Akademik dünyaya adım atmama vesile olan bilimsel düşünceyi özümsememde ve bu yolda kararlı bir iradeyle yürümemde çok kıymetli payı olan saygıdeğer hocam Sayın Prof. Dr. Metin ARMAĞAN'a kalbî teşekkürlerimi sunarım. Kendileri, sadece akademik tecrübesiyle değil; örnek teşkil eden insani duruşu, yüksek empati yeteneği, yol gösterici tavrı ve her daim hissettirdiği müşfik desteğiyle benim için ideal bir bilim insanı profili çizmiştir. Sürecin her aşamasında değerli fikirleri, tecrübe paylaşımları ve yapıcı eleştirileriyle tezime entellektüel derinlik katan kıymetli hocalarım Sayın Dr. Öğr. Üyesi Furkan Ömer KANARYA'ya ve Sayın Arş. Gör. Muhammet İslam IŞIK'a müteşekkirim.

Laboratuvar safhasındaki titiz ve özverili yardımlarından ötürü Ziraat Teknikeri Sayın Emine KARAKAŞ'a teşekkürlerimi iletiyorum. Ayrıca, varlığıyla bana daima güç veren kıymetli dostum Dr. Sebiha EROL UYANIK başta olmak üzere, bu meşakkatli yolculukta dostluklarını, iyi dileklerini ve manevi desteklerini benden esirgemeyen tüm çalışma arkadaşlarıma en samimi hislerimle teşekkür ederim.

Son olarak; hayatımın her evresinde olduğu gibi bu zorlu akademik süreçte de sevgisini, sonsuz sabrını, anlayışını ve yüreklendirici desteğini bir an olsun eksik etmeyen kıymetli eşim Tuncay ERKOL'a; bugünlere erişmemde en büyük payın sahibi olan, maddi ve manevi fedakârlıklarını hiçbir zaman esirgemeyen çok değerli TÜFEKÇİ ve DEMİRBİL ailelerime sonsuz saygı, sevgi ve minnetlerimi sunarım.

Araştırmamın maddi ve kurumsal zeminde yürütülmesine olanak sağlayan, bu tez çalışmasını 25YL26001 numaralı proje kapsamında destekleyen Necmettin Erbakan Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Koordinatörlüğü'ne kıymetli katkılarından ötürü teşekkür bir borç bilirim.

Şerife ERKOL
KONYA-2026

İÇİNDEKİLER

ÖZET	iv
ABSTRACT.....	v
ÖNSÖZ	vi
İÇİNDEKİLER	vii
ŞEKİLLER LİSTESİ	x
ÇİZELGELER LİSTESİ	xii
SİMGELER VE KISALTMALAR	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI	4
2.1. Buğday ve Önemi	4
2.2. Buğday Genomu	5
2.3. Buğdayda Önemli Biyotik Stres Faktörleri	6
2.4. Bitki Islahında Moleküler Markörlerin Kullanımı.....	13
2.4.1. Bitki ıslahında moleküler markörlerin rolü ve önemi.....	14
2.4.2. Moleküler belirteçlerde istenilen özellikler	15
2.4.3. Moleküler belirteçlerin bitkilerde uygulama alanları	16
2.4.4. DNA belirteç teknikleri	17
2.4.4.1. DNA hibridizasyonu	17
2.4.4.2. PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) temeline dayalı.....	18
2.4.5. Buğday ıslahında sarı pas hastalık dayanıklılığı ve markör uygulamaları ...	26
2.4.5.1. Klasik markör sistemleri ve genetik çeşitlilik.....	26
2.4.5.2. Fonksiyonel markörler ve markör destekli seleksiyon (MAS).....	31
2.4.5.3. Yeni nesil genomik yaklaşımlar: QTL, GWAS ve Transkriptomik analizler.....	36

3. MATERYAL VE YÖNTEM.....	44
3.1. Bitki Materyali	44
3.1.1. Bitkisel materyal ve DNA ekstraksiyonu	44
3.1.2. Çalışmada kullanılan primerler	48
3.2. Yöntem.....	49
3.2.1. Çalışmada kullanılan çözeltiler ve hazırlanışları	49
3.2.2. DNA izolasyonu	51
3.2.3. SSR Primerlerinin sulandırılması	54
3.2.4. SSR moleküler işaretçisi ile PCR analizi.....	55
3.2.4.1. PCR içeriği ve şartları.....	55
3.2.4.2. PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi	55
3.2.5. Verilerin değerlendirilmesi ve istatistiksel analizi.....	56
3.2.5.1. Belirteçlerinin PIC (Polimorfik Bilgi İçeriği) değerlerinin hesaplanması	56
3.2.5.2. Genotipler içindeki genetik çeşitliliğin hesaplanması	56
3.2.5.3. Genotipler arasındaki genetik mesafenin hesaplanması	57
3.2.5.4. Moleküler varyans analizi.....	57
3.2.5.5. Temel koordinat analizi (PCoA).....	57
3.2.5.6. Kümeleme analizi	57
3.2.5.7. Genetik yapı analizi	58
4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA.....	59
4.1. Yr Alleninin Genotiplerde Tanımlanması.....	59
4.1.1. Yr5.....	59
4.1.2. Yr9.....	59
4.1.3. Yr10.....	60
4.1.4. Yr15.....	61
4.1.5. Yr18.....	62
4.1.6. Yr26 (Yr24)	63
4.1.7. Yr41.....	64
4.1.8. Yr44.....	65
4.1.9. Yr50.....	66
4.2. Sarı Pas Dayanıklılığı ile İlişkili Markörlerin Genotiplerde Dağılımı	67

4.2.1. Genotip bazında markör birikimi ve kombinasyon yapısı.....	78
4.2.2. Yr markörlerinin kümülatif frekans dağılımı	80
4.2.3. Markörlerin birlikte bulunma örüntüsü ve dayanıklılık mimarisi	82
4.3. Yr Genlerinin Moleküler Karakterizasyonu	86
4.3.1. Moleküler markörlerin polimorfizm ve genetik çeşitlilik parametreleri	86
4.3.2. Genetik çeşitlilik parametrelerinin popülasyon bazlı değerlendirmesi.....	88
4.3.3. Kümeleme analizi ve genetik benzerlik	90
4.3.4. Temel koordinat analizine göre genetik çeşitliliğin belirlenmesi	93
SONUÇLAR VE ÖNERİLER	103
5.1. Sonuçlar	103
5.2. Öneriler	105
KAYNAKLAR	107
EK-1	125

ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 2.1. Sarı pas (<i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>) hastalığının buğday yaprağı üzerindeki karakteristik belirtileri.....	8
Şekil 2.2. Kahverengi pas (<i>Puccinia triticina</i>) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü	9
Şekil 2.3. Kara pas (<i>Puccinia graminis</i> f. sp. <i>Tritici</i>) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü	10
Şekil 2.4. Fusarium başak yanıklığı (<i>Fusarium graminearum</i>) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü.....	11
Şekil 2.5. Sürme (<i>Tilletia spp.</i>) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü	12
Şekil 2.6. Külleme (<i>Blumeria graminis</i> f. sp. <i>tritici</i>) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü	13
Şekil 3.1. DNA izolasyonu aşamaları.....	53
Şekil 3.2. DNA konsantrasyonu ve kalitesinin belirlenmesi	54
Şekil 3.3. CTAB metodu ile elde edilen bazı ekmeklik buğday DNA'ların %0.8'lik agaroz jel görüntüsü.....	54
Şekil 3.4. PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi.....	55
Şekil 4.1. Ekmeklik buğdayda <i>Yr5</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>Xwmc175</i> markörünün (a) ve <i>Xbarc167</i> (b) markörünün jel görüntüsü.....	59
Şekil 4.2. Ekmeklik buğdayda <i>Yr9</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>AF1/AF4</i> markörünün (a) ve <i>H20</i> (b) markörünün jel görüntüsü.....	60
Şekil 4.3. Ekmeklik buğdayda <i>Yr10</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>Yr10R1/Yr10 F1</i> markörünün (a) <i>Yr10R/Yr10F</i> markörünün (b) jel görüntüsü.....	61
Şekil 4.4. Ekmeklik buğdayda <i>Yr15</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>XBarc8</i> markörünün jel görüntüsü.....	62
Şekil 4.5. Ekmeklik buğdayda <i>Yr18</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>Cslv34</i> markörünün (a) ve <i>L34DINT13R2/L34SPF</i> markörünün(b) jel görüntüsü	63
Şekil 4.6 Ekmeklik buğdayda <i>Yr26(Yr24)</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>Xgwm11</i> markörünün (a) ve <i>Xgwm18</i> markörünün (b) jel görüntüsü.	64
Şekil 4.7 Ekmeklik buğdayda <i>Yr41</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>Xgwm410</i> markörünün (a) ve <i>Xgwm374</i> markörünün (b) jel görüntüsü	65

Şekil 4.8 Ekmeklik buğdayda <i>Yr44</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>Xgwm501</i> markörünün jel görüntüsü.....	66
Şekil 4.9 Ekmeklik buğdayda <i>Yr50</i> ile ilgili genin tespitinde kullanılan <i>Xgwm540</i> markörünün (a) ve <i>Xwmc47</i> markörünün (b) jel görüntüsü.....	67
Şekil 4.10. Buğday genotiplerinde <i>Yr</i> markörlerinin frekans dağılımı (%)......	78
Şekil 4.11. Genotip başına <i>Yr</i> markörlerinin sayısının dağılımı.....	80
Şekil 4.12. <i>Yr</i> markörlerinin kümülatif frekans dağılımı.....	82
Şekil 4.13. <i>Yr</i> markörlerinin birlikte bulunma eğilimini gösteren normalize edilmiş co-occurrence ısı haritası	84
Şekil 4.14. <i>Yr</i> gen bölgelerini kullanarak UPGMA metoduyla oluşturulan kümeleme analizi.....	93
Şekil 4.15. <i>Yr</i> gen bölgelerini kullanarak yapılan temel koordinat analizi ve iki boyutlu diyagram üzerinde ayrımı	95
Şekil 4.16. <i>Yr</i> gen bölgelerini göre genotiplerin buğday popülasyonları için $\ln P(D)$ ve ΔK yapısının karışım modelinden çizgi grafikler a; K 'nın her bir değerinde yapı tarafından üretilen $\ln P(D)$ istatistiğinin ortalama değeri, b; DK	97
Şekil 4.17. <i>Yr</i> gen bölgelerini göre popülasyon yapısının grafiksel gösterimi [Her buğday genotipi için alt grup 1 (kırmızı) ve alt grup 2 (yeşil) genotipleri temsil eden dikey bir çizgi ile gösterilir ($K=2$)]	97

ÇİZELGELER LİSTESİ

Çizelge 3.1. Çeşitli kurum, kuruluş ve firmalardan toplanan ekmeklik buğday çeşitleri	44
Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan <i>Yr</i> genin moleküler belirteçlerin bilgileri	49
Çizelge 4.1. Buğday çeşitlerinde <i>Yr</i> genlerinin dağılımı.....	70
Çizelge 4.2. <i>Yr</i> markörleri arasındaki birlikte bulunma (co-occurrence) matrisi.	85
Çizelge 4.3. <i>Yr</i> genlerinden elde edilen bilgiler	88
Çizelge 4.4. İncelenen buğday popülasyonlarında <i>Yr</i> gen bölgelerine ait genetik çeşitlilik parametrelerinin (na, ne, h, I) popülasyon bazlı dağılımı	90
Çizelge 4.5. Buğday genotiplerin iki alt-popülasyonda üyelik katsayısı	98
Çizelge 4.6. Buğday genotiplerinde alt-popülasyonlarında beklenen heterozigotluk ve FST değerleri	102

SİMGELER VE KISALTMALAR

Bu çalışmada kullanılmış simgeler ve kısaltmalar, açıklamaları ile birlikte aşağıda sunulmuştur.

SİMGELER

mM	Milimolar
(w/v)	Ağırlık/hacim
g	Gram
mL	Mililitre
L	Litre
M	Molar
v/v	Hacim/hacim
%	Yüzde
μL	Mikrolitre
mg	Miligram
°C	Derece Celsius
rpm	Dakikada devir sayısı
ng	Nanogram
pmol	Pikomol
sn	Saniye
bp	Base pair
cM	Centimorgan
h	Nei genetik çeşitliliği
I	Shannon bilgi indeksi

KISALTMALAR

AFLP	Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizmi
BDUTAM	Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Merkezi
CIMMYT	Uluslararası Mısır ve Buğday Geliştirme Merkezi
CBDP	CAAT Kutusu Kaynaklı Polimorfizm
CTAB	Setiltrimetilamonyum Bromür
DATAE	Doğu Anadolu Tarımsal Araştırma Enstitüsü
DArT	Diversity Arrays Technology
EST	İfade Edilmiş Dizi Etiketleri
ETAE	Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü
GWAS	Tüm Genom İlişkilendirme Çalışmaları
GS	Genomik Seçim
GKTAEM	Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü

GAP-UİTEM	GAP Uluslararası Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi
ISSR	Basit Dizi Tekrarları Arası
iPBS	Retrotranspozonlar Arası Amplifiye Polimorfizm
KASP	Kompetitif Allel Spesifik PCR
KTAE	Karadeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü
MAS	Markör Destekli Seleksiyon
MABC	Markör Destekli Geri Melezleme
MTA	Markör-Özellik İlişkisi
MAE	Marmara Araştırma Enstitüsü
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RFLP	Restriksiyon Enzimlerine Dayalı
RIL	Rekombinant Saf Hat
SSR	Basit Dizi Tekrarı
SRAP	Diziye Dayalı Çoğaltılmış Polimorfizm
SCoT	Başlangıç Kodonu Hedefli Polimorfizm
SNP	Tek Nükleotit Polimorfizmi
SMA	İstatistiksel Tekli Markör Analizleri
TRAP	Hedef Bölge Çoğaltım Polimorfizmi
TTAE	Trakya Tarımsal Araştırma Enstitüsü
TARM	Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü
TARÜP	Tarımsal Üretim ve Geliştirme Projesi

1. GİRİŞ

Buğday (*Triticum aestivum* L.), dünya genelinde insan beslenmesinde temel rol oynayan ve küresel gıda güvenliği açısından stratejik öneme sahip tahıl bitkilerinden biridir. Günümüzde yaklaşık 2,5 milyar insanın doğrudan beslenmesinde yer almakta ve küresel kalori ihtiyacının yaklaşık %20'sini karşılamaktadır (Shewry ve Hey, 2015; FAO, 2023). Ayrıca buğday, protein, karbonhidrat, vitamin ve mineral maddeler bakımından zengin bir besin kaynağı olması nedeniyle özellikle gelişmekte olan ülkelerde diyetin temel bileşenlerinden biri olarak kabul edilmektedir (Karahana, 2025; Erenstein vd., 2020). Dünya genelinde buğday yaklaşık 220–230 milyon hektar alanda yetiştirilmekte ve yıllık üretim miktarı 800 milyon tonun üzerinde gerçekleşmektedir (USDA, 2026). Ülkemizde USDA verilerine göre Türkiye 2023/24 pazarlama yılında dünya buğday ekim alanının %3,2'sini oluşturmaktadır. Türkiye'de yaklaşık 12 milyon hektar alanda buğday üretimi yapılmaktadır. Bu alanda 2023/24 döneminde 4,3 milyon ton üretim gerçekleştirilmiş. 2022/23 pazarlama yılında 298 kg/da olan verim 2023/24 yılında %8,0 artarak 322 kg/da olmuştur (TÜİK, 2025).

Geniş adaptasyon kabiliyeti, farklı agroekolojik koşullarda yetiştirilebilmesi ve yüksek verim potansiyeline sahip olması nedeniyle buğday, dünya tarımında en önemli kültür bitkilerinden biri olarak değerlendirilmektedir (Brenchley vd., 2012). Bununla birlikte artan dünya nüfusunun gıda ihtiyacını karşılayabilmek için buğday üretiminin sürdürülebilir biçimde artırılması gerekmektedir. Ancak bu üretim artışı, birçok biyotik ve abiyotik stres faktörü tarafından sınırlanmaktadır. Kuraklık, tuzluluk ve sıcaklık stresi gibi abiyotik faktörlerin yanı sıra fungal hastalıklar, buğday verimini sınırlayan en önemli biyotik faktörler arasında yer almaktadır (Savary vd., 2019). Bu durum, buğday üretiminde verim ve kalite kayıplarına neden olan hastalıkların daha iyi anlaşılmasını ve dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesini zorunlu hale getirmiştir.

Buğday üretimini tehdit eden birçok fungal hastalık bulunmaktadır. Bunlar arasında pas hastalıkları (sarı pas, kahverengi pas ve kara pas), septoria yaprak lekesi, külleme ve fusarium başak yanıklığı gibi hastalıklar öne çıkmaktadır (Dean vd., 2012; Savary vd., 2019). Pas hastalıkları özellikle epidemik karakter göstermeleri ve kısa sürede geniş alanlara yayılabilmeleri nedeniyle buğday üretiminde ciddi verim kayıplarına neden olmaktadır. Bu hastalıklar arasında sarı pas hastalığı (stripe rust), serin ve nemli iklim koşullarında hızlı gelişmesi ve ciddi epidemilere yol açabilmesi nedeniyle dünya

genelinde buğday üretimini tehdit eden en önemli hastalıklardan biri olarak kabul edilmektedir (Chen, 2013; Wellings, 2011). Bu bağlamda sarı pas hastalığının biyolojisinin, yayılışının ve genetik kontrol mekanizmalarının anlaşılması, sürdürülebilir buğday üretimi açısından kritik önem taşımaktadır. Buğdayda sarı pas hastalığı, obligat parazit bir fungus olan *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) tarafından oluşturulmaktadır. Hastalık özellikle serin (7–15 °C) ve nemli çevre koşullarında hızla gelişmekte ve uygun şartlarda kısa sürede epidemilere neden olabilmektedir (Chen, 2020). Sarı pas hastalığı dünya genelinde Asya, Avrupa, Afrika, Avustralya ve Amerika kıtalarında yaygın olarak görülmekte ve önemli ekonomik kayıplara yol açmaktadır (Wellings, 2011). Uygun epidemi koşullarında sarı pas hastalığının buğday veriminde %10 ile %70 arasında değişen kayıplara neden olabildiği bildirilmektedir (Chen, 2020). Türkiye, sarı pas epidemilerinin sık görüldüğü ülkelerden biridir. Özellikle İç Anadolu ve Marmara bölgelerinde zaman zaman ciddi salgınlar meydana gelmekte ve bu durum buğday üretimini önemli ölçüde etkilemektedir (Aktaş ve Zencirci, 2016). Bu nedenle sarı pas hastalığının kontrolü, buğday ıslah programlarında öncelikli araştırma konularından biri haline gelmiştir. Sarı pas hastalığının kontrolünde fungusit uygulamaları kullanılabilirlikle birlikte, kimyasal mücadele yöntemlerinin yüksek maliyetli olması ve çevresel etkileri nedeniyle en sürdürülebilir strateji dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesidir (Chen, 2013).

Bitki genomu çalışmalarındaki gelişmeler sayesinde hastalık dayanıklılığı ile ilişkili genlerin moleküler düzeyde belirlenmesi önemli ölçüde hız kazanmıştır (Gupta vd., 1996). DNA temelli moleküler markörler, genetik çeşitlilik çalışmalarında ve dayanıklılık genlerinin belirlenmesinde güçlü araçlar olarak kullanılmaktadır. Bu kapsamda kullanılan moleküler markör sistemleri arasında: SSR (basit dizi tekrarı), SNP (tek nükleotid polimorfizmi) AFLP (çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi), DArT Seq gibi teknikler yer almaktadır. SSR markörleri yüksek polimorfizm oranına sahip olmaları, kodominant kalıtım göstermeleri ve genom boyunca geniş dağılıma sahip olmaları nedeniyle genetik çeşitlilik çalışmalarında en yaygın kullanılan markör sistemlerinden biridir (Röder vd., 1998; Gupta ve Varshney, 2000). Bu markörler sayesinde sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genlerin varlığı hızlı ve güvenilir bir şekilde belirlenebilmektedir.

Modern bitki ıslahında moleküler markörlerin kullanılmasıyla birlikte Markör Destekli Seleksiyon (MAS) önemli bir araştırma alanı haline gelmiştir. MAS, belirli bir özelliği kontrol eden genlerle bağlantılı DNA markörlerinin kullanılmasıyla seleksiyonun

fenotipik deęerlendirmeye gerek kalmadan yapılmasını mümkün kılmaktadır (Collard ve Mackill, 2008). Bu yaklaşım özellikle hastalık dayanıklılığı gibi çevresel koşullardan etkilenebilen özelliklerin belirlenmesinde önemli avantajlar sağlamaktadır. MAS yönteminin başlıca avantajları şunlardır: Seleksiyon süresinin kısaltılması, genetik doğruluğun artırılması, gen piramitleştirme çalışmalarının kolaylaştırılması. Bu nedenle MAS, günümüzde buğday ıslah programlarında yaygın olarak kullanılan modern seleksiyon tekniklerinden biri haline gelmiştir (Varshney vd., 2014).

Türkiye, buğday üretiminde dünyanın önemli üretici ülkelerinden biridir. Ancak sarı pas hastalığı ülkemizde buğday üretimini tehdit eden en önemli biyotik stres faktörlerinden biri olmaya devam etmektedir. Türkiye’de yetiştirilen buğday çeşitlerinde sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genlerin moleküler düzeyde belirlenmesine yönelik çalışmalar sınırlı sayıda olup, özellikle geniş genotip koleksiyonlarını kapsayan moleküler analiz çalışmaları oldukça azdır. Bu tez çalışmasında Türkiye’de yaygın olarak yetiştirilen ekmeklik buğday çeşidi, sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili SSR markörleri kullanılarak moleküler düzeyde analiz edilmiştir. Bu çalışma ile sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genlerin buğday çeşitleri içerisindeki dağılımı ortaya konulacak ve elde edilen veriler buğday ıslah programlarında kullanılabilecek önemli bir moleküler veri seti sağlayacaktır.

Bu araştırmanın temel sorusu; Türkiye’de yetiştirilen ekmeklik buğday çeşitlerinde sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genlerin allelik çeşitliliği nedir ve bu çeşitlilik moleküler markörler aracılığıyla ortaya konulabilir mi? Araştırmanın temel hipotezi ise; Türkiye’de yetiştirilen ekmeklik buğday çeşitleri arasında sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili SSR markörleri bakımından önemli bir allelik çeşitlilik bulunmaktadır ve bu çeşitlilik moleküler markör analizleri ile belirlenebilir. Tez çalışmasının temel amacı ise Türkiye’de yetiştirilen ekmeklik buğday çeşitlerinde sarı pas hastalığına dayanıklılıkla ilişkili genlerin belirlenmesi ve bu genlerle bağlantılı moleküler markörlerin allelik çeşitliliğinin ortaya konulmasıdır. Bu amaç doğrultusunda; Türkiye’de yetiştirilen 192 adet ekmeklik buğday çeşidi materyal olarak kullanılmıştır. Sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili 16 adet SSR markörleri kullanılarak genotiplerin moleküler düzeyde taranması gerçekleştirilmiştir. Elde edilen moleküler veriler kullanılarak genotipler arasındaki genetik çeşitlilik ve allelik dağılımı belirlenmiştir. Bu çalışma sonucunda elde edilen verilerin sarı pas dayanıklılığına yönelik MAS çalışmalarına katkı sağlaması ve gelecekteki buğday ıslah programlarında kullanılabilecek moleküler verilerin oluşturulması hedeflenmektedir.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

2.1. Buğday ve Önemi

Ekmeklik buğdayın bilimsel adı *Triticum aestivum* L. olup, tek yıllık bir bitkidir ve *Poaceae* (buğdaygiller) familyası, *Triticeae tribusu*, *Triticineae* alt tribusu ve *Triticum* cinsi içerisinde yer almaktadır. *Triticum* cinsi çok sayıda tür içermekte olup, bunlar arasında *T. aestivum* ve *T. durum* en yaygın yetiştirilen kültür türleri olarak kabul edilmektedir (Harlan ve Zohary, 1966).

Günümüzde ekmeklik buğday, dünya nüfusunun yaklaşık %35'inin temel besin kaynağını oluşturmakta ve özellikle karbonhidrat, protein ve bazı mikro besin elementleri bakımından stratejik öneme sahiptir (FAO, 2023). Buğdayın geniş yayılımı, farklı iklim ve toprak koşullarına uyum sağlayabilme kapasitesi ile doğrudan ilişkilidir; ılıman kuşaktan yarı kurak bölgelere kadar çok geniş bir coğrafyada yetiştirilebilmektedir (Shewry ve Hey, 2015). Ayrıca ekmeklik buğday, genetik çeşitliliği ve genom yapısı sayesinde modern ıslah çalışmalarında hastalık ve zararlılara dayanıklılık, kalite özellikleri ve stres toleransının geliştirilmesi açısından temel bir genetik kaynak olarak değerlendirilmektedir (Dubcovsky ve Dvorak, 2007; Feldman ve Levy, 2012). Bu yönüyle *T. aestivum*, yalnızca tarihsel olarak değil, günümüz ve gelecekteki küresel gıda güvenliği açısından da vazgeçilmez bir tarımsal ürün konumundadır (FAO, 2023).

Son yıllarda iklim değişikliği ve üretim kaynaklarının sınırlı olması nedeniyle dünyanın farklı bölgelerinde buğday üretimi çeşitli kısıtlamalarla karşı karşıya kalmaktadır. Bu durum, artan dünya nüfusunun gıda ihtiyacının karşılanması açısından buğday üretiminin artırılmasını zorlaştırmaktadır. Bu nedenle, değişen çevresel koşullar altında yüksek verimli ve kaliteli buğday çeşitlerinin geliştirilmesi büyük önem taşımaktadır. Artan biyotik ve abiyotik stres faktörleri, tarım alanlarının azalması ve iklim koşullarının giderek daha öngörülemez hale gelmesi, sürdürülebilir buğday üretimi açısından önemli zorluklar ortaya çıkarmaktadır. Bu bağlamda, farklı çevre koşullarına uyum sağlayabilen ve stabil verim potansiyeline sahip yeni buğday çeşitlerinin geliştirilmesi büyük önem taşımaktadır (Royo vd., 2010).

Genetik ıslah stratejilerinin geliştirilmesi ve modern yetiştirme tekniklerinin entegre edilmesi, buğday veriminde kayda değer artışların elde edilmesini mümkün kılmıştır. Bununla birlikte, iklim değişikliğinin tarımsal üretim üzerindeki olumsuz etkileri ile birlikte su ve toprak kaynaklarının giderek sınırlanması, mevcut ıslah

yaklaşımlarının tek başına gelecekte artan gıda talebini karşılamada yetersiz kalabileceğine işaret etmektedir. Bu bağlamda, yeni genotiplerin geliştirilmesi ve özellikle biyotik stres faktörlerine dayanıklı çeşitlerin elde edilmesi, sürdürülebilir üretim açısından modern buğday ıslah programlarının öncelikli hedefleri arasında yer almaktadır (Keller vd., 2005; Goriewa-Duba vd., 2020).

2.2. Buğday Genomu

Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.), insanlık tarihindeki en önemli kültür bitkilerinden biri olup evrimi, Yakın Doğu'daki Bereketli Hilal bölgesinde gerçekleşen doğal melezleşme ve poliploidleşme olaylarına dayanmaktadır (Zohary vd., 2012). Genetik olarak hekzaploid ($2n=6x=42$, AABBDD) yapıya sahip olan ekmeklik buğday, tetraploid *Triticum turgidum* (AABB) ile diploid *Aegilops tauschii* (DD) türlerinin doğal melezlenmesi sonucu yaklaşık 8.000–10.000 yıl önce ortaya çıkmıştır (Dubcovsky ve Dvorak, 2007; Feldman ve Levy, 2012). Bu evrimsel süreç, buğdaya çevresel streslere dayanıklılık, geniş adaptasyon yeteneği ve yüksek verim potansiyeli kazandırmıştır (Shewry, 2009). Son yıllarda yapılan genomik çalışmalar, ekmeklik buğdayın kökeninin büyük ölçüde Hazar Denizi'nin güneybatı bölgesine dayandığını göstermektedir (Zhang vd., 2004; Wang vd., 2013).

Ekmeklik buğdayın evrimsel gelişimi, *Triticum* ve *Aegilops* cinslerine ait türler arasında gerçekleşen iki temel poliploidizasyon olayı sonucunda meydana gelmiştir. Günümüzde buğday genomunun kökenini oluşturan A, B ve D genomlarının atalarının yaklaşık 2,5–4,5 milyon yıl önce ortaya çıktığı düşünülmektedir. Tetraploid buğday türlerinin yaklaşık 500 bin yıl önce oluştuğu ve hekzaploid buğday türlerinden daha eski olduğu bildirilmektedir (Huang vd., 2002).

Ekmeklik buğdayın evrimsel gelişim sürecinde ilk olarak diploid tür *Triticum urartu* (AA genomu) ile *Aegilops speltoides* (BB genomu) türlerinin melezlenmesi sonucu tetraploid yabani buğday türü *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* (AABB, $2n = 4x = 28$) ortaya çıkmıştır. Daha sonra yaklaşık 8–10 bin yıl önce, kültür formu olan tetraploid *Triticum turgidum* ssp. *durum* (AABB) ile diploid *Aegilops tauschii* (DD) türünün melezlenmesi sonucunda günümüzde yetiştirilen hekzaploid ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L., AABBDD, $2n = 6x = 42$) oluşmuştur (Maccaferri vd., 2019).

Bu karmaşık genom yapısı, ekmeklik buğdayın yüksek genetik çeşitliliğe sahip olmasını sağlamış ve buğdayın farklı çevresel koşullara uyum sağlayabilmesinde önemli rol oynamıştır.

2.3. Buğdayda Önemli Biyotik Stres Faktörleri

Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.), dünya genelinde olduğu gibi Türkiye’de de en yaygın yetiştirilen tahıl ürünü olup, üretimi çok sayıda fungal, bakteriyel ve viral hastalık tarafından sınırlandırılmaktadır (Şekil 2.1). Bu hastalıklar arasında özellikle pas hastalıkları (sarı pas *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, yaprak pası *Puccinia triticina* ve kara pas *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*), kök ve kökboğazı çürüklükleri, septorya yaprak lekesi (*Zymoseptoria tritici*), külleme (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) ve fusarium baş yanıklığı (*Fusarium* spp.) ekonomik açıdan en yıkıcı hastalıklar arasında yer almaktadır (Saari ve Prescott, 1985; Chen, 2005). Özellikle sarı pas, serin ve nemli iklim koşullarında hızla yayılarak fotosentetik alanı azaltmakta ve uygun koşullarda %50’nin üzerinde verim kaybına neden olabilmektedir (Hovmöller vd., 2010).

Sarı pas veya çizgi pası (Yellow rust / stripe rust) olarak bilinen ve *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) patojeni tarafından oluşturulan hastalıktır. Sarı pas, dünya genelinde buğday üretimini tehdit eden en önemli hastalıklardan biri olarak kabul edilmektedir (Wellings, 2011; Ellis vd., 2014; Chen, 2020). Hastalık özellikle serin (7–15 °C) ve nemli koşullarda hızla gelişmekte, rüzgârla uzun mesafelere taşınabilen urediniosporlar aracılığıyla yayılmaktadır (Wellings, 2011; Chen, 2020). Uygun çevresel koşullar altında enfeksiyon, yapraklarda klorotik lekeler şeklinde başlamakta; ilerleyen dönemlerde sarı-turuncu urediniyumların oluşumu ile yaprak yüzeyinin büyük kısmını kaplayabilmektedir (Roelfs vd., 1992). Patojene ait urediniosporlar rüzgârla uzun mesafelere taşınabilmekte olup, bazı durumlarda bu yayılımın yaklaşık 800 km’ye kadar ulaşabildiği bildirilmiştir (Maddison ve Manners, 1972). Sarı pasın en karakteristik belirtisi, yapraklar üzerinde damarlar boyunca sıralanmış sarı-turuncu püstüllerin oluşmasıdır ve bu durum fotosentez alanını azaltarak verim ve tane kalitesinde ciddi kayıplara neden olmaktadır (Moshou vd., 2004). İlk kez 1777 yılında Avrupa’da tanımlanan bu hastalığın kökeninin Transkafkasya bölgesi olduğu bildirilmektedir (Eriksson ve Henning, 1896). 1958–2018 yılları arasında yalnızca Amerika Birleşik Devletleri’nde sarı pas hastalığının neden olduğu verim kaybının 31.757.032 tonun üzerinde olduğu bildirilmiştir (Chen ve Kang, 2017). ABD’de başlangıçta sarı pas

epidemileri daha çok batı eyaletlerinde görülürken, 2000 yılından sonra hastalık ülkenin büyük bir bölümünde yaygın epidemilere yol açmıştır (Chen, 2005; Chen, 2020). Türkiye ise sarı pas hastalığı farklı yıllarda önemli epidemilere neden olmuştur. Özellikle 1936, 1940, 1950 ve 1963 yıllarında geniş alanlarda etkili olduğu bildirilmiştir (İren, 1964). Daha sonraki yıllarda hastalık zaman zaman bölgesel düzeyde görülmüş, ancak uygun çevre koşullarında tekrar yaygın hale gelmiştir (Düşünceli vd., 1996). 1995 yılında Çukurova bölgesinde başlayan epidemi, kısa sürede Güneydoğu Anadolu'ya yayılmıştır (Düşünceli vd., 2000). Ayrıca 1996–1998 yılları arasında Orta Anadolu'da da ciddi salgınlar meydana gelmiştir (Çat vd., 2017). Sarı pas hastalığında son yıllarda yeni patotiplerin ortaya çıkması, hastalığın yaygınlığını ve zarar düzeyini önemli ölçüde artırmıştır. Özellikle 2009–2010 yıllarında meydana gelen epidemiler, birçok bölgede ciddi verim kayıplarına neden olmuştur (Aydoğdu ve Akan, 2023). Sarı pas, bitkinin fotosentetik aktif alanını daraltarak hem tane verimi hem de kalite üzerinde doğrudan olumsuz etki oluşturmaktadır. Uygun çevre koşullarında %10–70 arasında değişen verim kayıpları gözlenirken, enfeksiyonun erken gelişim dönemlerinde gerçekleşmesi durumunda bu oran %100'e kadar ulaşabilmektedir (Chen, 2005; Sharma-Poudyal ve Chen, 2011). Bu durum, hastalığın tarımsal üretim üzerindeki kritik etkisini açıkça ortaya koymaktadır. Hastalığın kimyasal yöntemlerle kontrolü mümkün olmakla birlikte, fungusit uygulamaları yüksek maliyetleri ve çevresel riskleri nedeniyle sürdürülebilir bir çözüm olarak değerlendirilmemektedir (Chen, 2014; Chen, 2020). Ayrıca, patojenin yüksek mutasyon ve rekombinasyon kapasitesi, yeni virulent ırkların ortaya çıkmasına ve mevcut dayanıklılık genlerinin etkinliğinin zamanla azalmasına yol açmaktadır. Dolayısıyla, yalnızca kimyasal mücadeleye dayalı yaklaşımlar uzun vadede yetersiz kalmaktadır. Bu çerçevede, sarı pas hastalığıyla mücadelede en etkili ve sürdürülebilir strateji, genetik olarak dayanıklı buğday çeşitlerinin geliştirilmesi ve üretimde kullanılmasıdır (McIntosh vd., 1995; Chen, 2005; Chen, 2013). Bu nedenle modern bitki ıslah programlarında, dayanıklılık genlerinin belirlenmesi, piramitlemesi ve stabil dayanıklılığın sağlanmasına yönelik çalışmalar öncelikli araştırma alanları arasında yer almaktadır. Bugüne kadar buğdayda sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili çok sayıda gen tanımlanmıştır. Bunlar arasında *Yr1*, *Yr2*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr26*, *Yr29*, *Yr30*, *Yr46*, *Yr52*, *Yr78* ve *YrH52* genleri en yaygın bilinen dayanıklılık genleri arasında yer almaktadır (Chen ve Line, 1992; Cabuk vd., 2011; Rosewarne vd., 2013; Basnet vd., 2014).



Şekil 2.1. Sarı pas (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) hastalığının buğday yaprağı üzerindeki karakteristik belirtileri

Ekmeklik buğday üretimini sınırlandıran önemli biyotik stres faktörlerinden biri, *Puccinia triticina* patojeninin neden olduğu kahverengi pas (yaprak pası) hastalığıdır (Şekil 2.1). Özellikle Orta Avrupa başta olmak üzere dünyanın birçok bölgesinde, baharlık buğday ekim alanlarında en yaygın karşılaşılan fungal hastalıklardan biri olarak öne çıkmaktadır. Hastalık, bitkinin yaprak yüzeyinde püstüller oluşturarak fotosentetik alanı daraltmakta ve asimilat birikimini engellemektedir. Patojenin enfeksiyon şiddetine ve çevresel koşulların uygunluğuna bağlı olarak, buğday veriminde %14 ile %60 arasında değişen oranlarda ciddi agronomik kayıplar meydana gelebilmektedir. Kahverengi pas hastalığı ile mücadelede kimyasal yöntemler kullanılıyor olsa da bu yaklaşım yüksek maliyetli olması ve ekolojik denge üzerinde yarattığı potansiyel riskler nedeniyle uzun vadede sürdürülebilir bulunmamaktadır. Bu bağlamda, hastalığın kontrolünde en etkili, ekonomik ve çevre dostu strateji olarak genetik açıdan dayanıklı buğday çeşitlerinin geliştirilmesi ve üretime kazandırılması kabul edilmektedir (Huang ve Röder, 2004; Draz vd., 2015). Patojene karşı kalıcı dayanıklılık sağlayan genotiplerin belirlenmesi ve ıslah programlarına entegre edilmesi, modern buğday araştırmalarının temel hedeflerinden birini oluşturmaktadır. Buğdayın kahverengi pasa karşı gösterdiği genetik dayanıklılığı kontrol eden çok sayıda spesifik gen (*Lr* genleri) tanımlanmıştır. Günümüze kadar yürütülen moleküler genetik ve ıslah çalışmaları sonucunda; *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr34*, *Lr37*, *Lr46*, *Lr47*, *Lr67* ve *Lr68* genlerinin dayanıklılık mekanizmasında kritik rol oynayan en önemli genetik kaynaklar arasında yer aldığı bildirilmiştir (Chelkowski vd., 2003; Charpe vd., 2012; El-Orabey vd., 2019). Bu dayanıklılık genlerinin, moleküler markör destekli ıslah (MAS) yöntemleriyle elit buğday hatlarına aktarılması, hastalığın

neden olduğu ekonomik kayıpların en aza indirilmesi ve sürdürülebilir tarım hedeflerine ulaşılması açısından büyük önem taşımaktadır.



Şekil 2.2. Kahverengi pas (*Puccinia tritricina*) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü

Kara pas veya sap pası (Black rust / steam rust) *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* patojeni tarafından oluşturulan hastalıktır (Şekil 2.3). Kara pas, dünya genelinde buğday üretimini tehdit eden en önemli hastalıklardan biridir. 20. yüzyılın ortalarında Avrupa, Asya, Avustralya ve Amerika Birleşik Devletleri gibi birçok bölgede bu hastalık nedeniyle %20–50 oranında verim kayıpları meydana gelmiştir (Zadoks, 1967; Rees, 1972; Leonard vd., 2005; Schumann ve Leonard, 2000). Bu hastalığa karşı dayanıklılık sağlayan bazı önemli genler arasında *Sr22*, *Sr33*, *Sr35* ve *Sr45* genleri yer almaktadır (Hatta vd., 2021). Kara pasa dayanıklı genler ilk olarak 1950’li yıllarda tanımlanmış ve bu genler buğday çeşitlerinde başarıyla kullanılmıştır. Bu durum hastalığın belirli bir süre kontrol altına alınmasını sağlamıştır. Ancak 1998 yılında Uganda’da *Ug99* olarak adlandırılan yeni bir patojen ırkı tanımlanmış ve bu ırk daha önce kullanılan birçok dayanıklılık genini etkisiz hale getirmiştir (Pretorius vd., 2000). Günümüzde *Ug99* patotipi Doğu Afrika, Batı Asya ve Orta Doğu bölgelerinde yayılım göstermekte olup küresel buğday üretimi açısından önemli bir tehdit oluşturmaktadır (Singh vd., 2006). Bugüne kadar kara pas hastalığına karşı yaklaşık 50 farklı dayanıklılık geni (*Sr* genleri) tanımlanmış olmakla birlikte, bu genlerin yalnızca sınırlı bir kısmı *Ug99* ırkına karşı etkili olabilmektedir (Singh vd., 2006; Singh vd., 2008).



Şekil 2.3. Kara pas (*Puccinia graminis* f. sp. *Tritici*) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü

Buğdayda önemli ekonomik kayıplara neden olan tahripkâr hastalıklardan biri, başlıca etmeni *Fusarium graminearum* olan Fusarium başak yanıklığıdır (Fusarium head blight - FHB) (Şekil 2.4). Dünyanın birçok tahıl üretim bölgesinde yaygın olarak görülen ve kontrolü oldukça güç olan bu hastalık, epidemik koşullarda ciddi verim kayıplarına yol açabilmektedir (Gilbert ve Tekauz, 2000; Tekauz vd., 2000; Fernando vd., 2021). Hastalık yalnızca dane verimini ve kalitesini düşürmekle kalmayıp, sentezlenen mikotoksinler nedeniyle insan ve hayvan sağlığı açısından da kritik riskler oluşturmaktadır (Parry vd., 1995). Bu hastalıkla mücadelede en etkili ve sürdürülebilir strateji, genetik olarak dayanıklı buğday çeşitlerinin geliştirilmesidir. Bu bağlamda, moleküler markör destekli ıslah çalışmaları, dayanıklılık genlerinin tanımlanması ve elit ıslah programlarına aktarılmasında temel bir rol oynamaktadır (McIntosh vd., 2017). Fusarium başak yanıklığına karşı dayanıklılık sağladığı bilinen en önemli genetik kaynaklar arasında *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb5* ve *Fhb7* genleri yer almaktadır (Brar vd., 2019; Wang vd., 2020). Bu dayanıklılık genlerinin modern ıslah yöntemleriyle entegrasyonu, hastalığın neden olduğu tarımsal ve ekonomik kayıpları en aza indirmek için büyük önem taşımaktadır.



Şekil 2.4. *Fusarium* başak yanıklığı (*Fusarium graminearum*) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü

Ekmeklik buğday üretimini tehdit eden ve özellikle dane kalitesini doğrudan etkileyen önemli biyotik stres faktörleri arasında sürme (smut ve bunt) hastalıkları yer almaktadır (Şekil 2.5). Bu patojen grubu buğdayda başlıca üç ana formda görülmektedir: uçan sürme (*Ustilago tritici*), kapalı veya adi sürme (*Tilletia* türleri, örn. *Tilletia caries* ve *Tilletia laevis*) ve cüce sürme (*Tilletia controversa*). Bu hastalık etmenleri, enfeksiyon sonrası buğday başaklarında normal dane oluşumunu engelleyerek, içleri siyah teliospor kütleleriyle dolu sürme keselerinin oluşumuna neden olmaktadır. Meydana gelen bu morfolojik bozulma, agronomik açıdan verim kayıplarına yol açmasının yanı sıra, hasat edilen üründe trimetilamin bileşiğinden kaynaklanan balık kokusu oluşturarak un ve tohumluk kalitesini bozmakta, dolayısıyla ürünün ticari değerini büyük ölçüde düşürmektedir (Ciucă, 2011). Sürme hastalıklarıyla mücadelede tohum ilaçlaması yaygın bir kültürel ve kimyasal yöntem olmakla birlikte, kimyasal kullanımının çevresel etkileri, artan girdi maliyetleri ve patojenlerde gelişebilecek fungusit direnci göz önüne alındığında, genetik dayanıklılık en etkili ve sürdürülebilir strateji olarak kabul edilmektedir. Bu doğrultuda yürütülen moleküler karakterizasyon ve buğday ıslahı çalışmaları sonucunda, sürme patojenlerine karşı kalıcı dayanıklılık sağlayan spesifik *Bt* (bunt) genleri tanımlanmıştır. Buğdayın genetik havuzunda öne çıkan ve ıslah programlarında temel alınan dayanıklılık kaynakları arasında *Bt5*, *Bt6*, *Bt8*, *Bt9*, *Bt10*, *Bt11* ve *Bt12* genleri yer almaktadır (Veisz vd., 2000; Menzies vd., 2006; Ciucă vd., 2011; Steffan vd., 2017; Muellner vd., 2020). Bu genlerin moleküler markör destekli ıslah (MAS) teknolojileri yardımıyla elit buğday hatlarına aktarılması, hastalıksız ve yüksek kaliteli ürün elde edilmesi hedefine doğrudan katkı sağlamaktadır.



Şekil 2.5. Sürme (*Tilletia spp.*) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü

Ekmeklik buğday üretiminde verim ve kaliteyi olumsuz yönde etkileyen bir diğer önemli fungal biyotik stres faktörü, külleme hastalığına neden olan *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* (eski isimlendirmesiyle *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*) etmenidir (Şekil 2.6). Dünya genelinde geniş bir coğrafi yayılım gösteren bu hastalık, özellikle nemli ve ılıman çevre koşullarında, sık ekim yapılan alanlarda hızla gelişerek salgınlar (epidemiler) oluşturma potansiyeline sahiptir. Patojen, bitkinin yeşil aksamı (özellikle yaprak ve saplar) üzerinde beyaz, unlu bir miselyum ve konidi tabakası oluşturarak bitkinin güneş ışığından yararlanma (fotosentetik) kapasitesini ciddi şekilde düşürmektedir. Külleme enfeksiyonunun şiddetine ve iklim koşullarına bağlı olarak, İngiltere, Yeni Zelanda ve Hindistan gibi ülkelerde %45'e, Amerika Birleşik Devletleri'nde ise %35'e varan oranlarda verim kayıpları rapor edilmiştir. Benzer şekilde, Türkiye'nin özellikle nemli iklim koşullarına sahip buğday üretim kuşaklarında da hastalığın zaman zaman epidemiler yaparak ciddi agronomik ve ekonomik zararlara yol açtığı bilinmektedir. Hastalıkla mücadelede kültürel tedbirler ve fungusit uygulamaları kullanılsa da en ekonomik, kalıcı ve çevre dostu temel strateji genetik dayanıklılıktır. Bu amaçla yürütülen genetik ve moleküler haritalama çalışmaları sonucunda, günümüze kadar buğdayın külleme hastalığına karşı korunmasını sağlayan 30'dan fazla spesifik gen lokusu (*Pm* genleri) tanımlanmış ve buğday genomunun farklı kromozomal bölgelerinde haritalanmıştır (Järve vd., 2000). Söz konusu *Pm* genlerinin moleküler markör destekli seleksiyon (MAS) yöntemleriyle elit buğday hatlarına aktarılması, hastalıktan kaynaklanan risklerin minimize edilmesinde kritik bir rol oynamaktadır.



Şekil 2.6. Külleme (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) hastalığına ait püstüllerin yaprak yüzeyindeki görünümü

Buğdayda verim ve kaliteyi sınırlandıran söz konusu biyotik stres faktörleriyle mücadelede en etkin ve sürdürülebilir yolun genetik dayanıklılık olduğu açıkça görülmektedir. Ancak, geleneksel ıslah yöntemleriyle hastalık dayanıklılık genlerinin (*Yr*, *Lr*, *Sr*, *Fhb*, *Bt*, *Pm*) tanımlanması, elit hatlara aktarılması ve melezleme sonrası açılan geniş popülasyonların sadece fenotipik olarak seleksiyona tabi tutulması son derece uzun, yoğun emek gerektiren ve çevresel faktörlerden yüksek oranda etkilenen bir süreçtir. Hastalık epidemilerinin iklim koşullarına bağlı olarak yıldan yıla değişkenlik göstermesi, tarla koşullarında yürütülen fenotipik değerlendirmelerin güvenilirliğini düşürebilmekte ve genotiplerin gerçek dayanıklılık potansiyelinin tam olarak belirlenememesine neden olmaktadır. Çevresel faktörlerin yarattığı bu dezavantajı ortadan kaldırmak, ıslah döngüsünü kısaltmak ve çevresel varyasyonlardan bağımsız daha kesin sonuçlar elde etmek amacıyla yeni nesil teknolojilerin kullanımı zorunlu hale gelmiştir. Bu durum, modern buğday ıslah programlarında biyoteknolojik yaklaşımların ve DNA temelli moleküler markörlerin entegrasyonunu kaçınılmaz kılmıştır.

2.4. Bitki Islahında Moleküler Markörlerin Kullanımı

Artan küresel gıda talebini karşılamak amacıyla tarımsal üretimin sürdürülebilir bir şekilde artırılması gerekliliği, bitkilerin moleküler düzeyde incelenmesini ve genetik potansiyellerinin iyileştirilmesini hedefleyen biyoteknolojik yaklaşımların geliştirilmesini zorunlu kılmıştır. Bu doğrultuda, moleküler markör teknolojileri günümüz bitki ıslahı programlarında gerek temel gerekse uygulamalı araştırmaların ayrılmaz bir parçası haline gelmiştir. Moleküler markörler; genom organizasyonunun aydınlatılması, genetik çeşitlilik ve popülasyon yapısının belirlenmesi, tarımsal açıdan

önemli özellikleri kontrol eden genlerin haritalanması ve en uygun ıslah stratejilerinin kurgulanması gibi birçok alanda kilit rol oynamaktadır (Landjeva vd., 2007; Hayden vd., 2009; Sönmezoğlu ve Terzi, 2018). DNA markörlerinin genetik çeşitlilik çalışmalarındaki kullanımı son yıllarda belirgin bir artış göstermiştir. Çevresel faktörlerden etkilenmemeleri, yüksek düzeyde polimorfizm sunmaları ve genom genelinde yaygın bir dağılım göstermeleri, bu markörleri morfolojik ve biyokimyasal markörlere kıyasla çok daha avantajlı kılmaktadır (Bohn vd., 1999). Bugüne kadar agronomik öneme sahip çok sayıda gen ve kantitatif özellik lokusu (QTL), söz konusu markör sistemleri aracılığıyla başarıyla haritalanmıştır. Özellikle markör ile hedef gen arasındaki genetik bağlantıya (linkage) dayanan Markör Destekli Seleksiyon (MAS), arzu edilen kromozomal bölgelerin elit hatlara yüksek doğrulukla aktarılmasına olanak tanıyarak ıslah döngüsünü kısaltmakta ve seleksiyon etkinliğini artırmaktadır (Landjeva vd., 2007). Hedeflenen genleri taşıyan bireylerin henüz erken fide aşamasındayken DNA dizilimindeki farklılıklar üzerinden moleküler düzeyde teşhis edilebilmesi, ıslah materyalinin genotipik olarak taranmasında büyük bir hız ve işgücü tasarrufu sağlamaktadır. Moleküler araçların bilhassa hızlandırılmış bitki ıslahı seraları gibi tam kontrollü sistemlerle entegre bir şekilde kullanılması, fenotipik değerlendirmesi zor olan karmaşık agronomik karakterlerin tanımlanması ve genetik varyasyonun yüksek hassasiyetle haritalanmasında geleneksel yöntemlerin kısıtlılıklarını aşan oldukça güçlü bir strateji sunmaktadır. Bununla birlikte, klasik DNA markörlerinin genomdaki bu rastgele dağılımından kaynaklanan rekombinasyon riskleri ile haritalama ve genetik bağlantı kısıtlılıklarını ortadan kaldırmak amacıyla, günümüzde doğrudan hedef genin veya allelin kendisini tanımlayan yeni nesil markör sistemleri geliştirilmiştir.

2.4.1. Bitki ıslahında moleküler markörlerin rolü ve önemi

Tarımsal verimliliği artırmak ve çevresel stres faktörlerine dayanıklı yeni genotipler geliştirmek, modern bitki ıslahı programlarının temel hedeflerini oluşturmaktadır. Bu hedeflere ulaşmak ve mevcut ıslah materyallerindeki genetik varyasyonu değerlendirmek amacıyla geleneksel olarak morfolojik ve agronomik karakterlerden yararlanılmaktadır. Ancak söz konusu fenotipik özellikler; çevresel koşullardan yüksek oranda etkilenmeleri, bitkinin fenolojik gelişim evrelerine bağımlı ekspresyon göstermeleri ve genom düzeyindeki gerçek çeşitliliği yansıtmakta sayısal olarak yetersiz kalmaları nedeniyle, genetik yapının tam ve hassas bir şekilde

tanımlanmasında önemli kısıtlamalara sahiptir (Mondini vd., 2009; Bidyananda vd., 2024). Benzer şekilde biyokimyasal belirteçlerin de kısıtlı bir polimorfizm sunması, gen kaynaklarının karakterizasyonunda morfolojik özelliklerin aksine doğrudan DNA seviyesindeki farklılıkları ortaya koyan moleküler belirteçlerin kullanımını zorunlu kılmıştır (Immaculee vd., 2015).

Günümüzde moleküler markör teknolojileri, bitki genetik kaynaklarındaki mevcut biyoçeşitliliğin ve popülasyon yapılarının aydınlatılmasında standart ve güvenilir araçlar haline gelmiştir. İslah materyalleri arasındaki genetik benzerlik ve akrabalık derecelerinin DNA düzeyinde belirlenmesi, genetik çeşitliliğin korunmasına katkı sağlarken, melezleme programlarında ebeveyn seçimi için en uygun stratejilerin kurgulanmasına olanak tanımaktadır. Ayrıca, seçkin (elit) gen havuzundaki genetik varyasyonun moleküler düzeyde izlenmesi, çeşit geliştirme süreçlerinin verimliliğini ve başarı oranını önemli ölçüde artırmaktadır.

Bunun yanı sıra moleküler markörler, bitki ıslahının ileri aşamalarında stratejik ve çok yönlü uygulama alanlarına sahiptir. Hedef genler ile sıkı genetik bağlantı gösteren markörlerin kullanıldığı Markör Destekli Seleksiyon (MAS) yöntemleri, fenotipik taramaların gerektirdiği zaman ve maliyet kayıplarını ortadan kaldırarak, genotiplerin henüz fide dönemindeyken yüksek doğrulukla seçilebilmesine imkân tanımaktadır. Poligenik kalıtım gösteren karmaşık agronomik karakterlerin genetik altyapısının çözümlenmesi amacıyla genetik bağlantı haritalarının oluşturulması, Kantitatif Özellik Lokuslarının (QTL) haritalanması ve Tüm Genom İlişkilendirme Çalışmaları (GWAS) da doğrudan bu teknolojilerin sunduğu yüksek polimorfizm düzeyi sayesinde gerçekleştirilebilmektedir. Ayrıca, tescilli çeşitlerin moleküler düzeyde karakterize edilmesi (DNA parmak izi analizi) ve ticari tohumluk üretiminde genetik saflığın doğrulanması gibi yasal ve ticari süreçlerde de genetik markörler en güvenilir araçlar olarak kabul görmektedir.

2.4.2. Moleküler belirteçlerde istenilen özellikler

Bitki ıslahı ve genetik araştırmalarda kullanılacak ideal bir moleküler markörden bir dizi yapısal ve işlevsel üstünlük beklenmektedir. Bu bağlamda ideal bir markörün; genom geneline homojen biçimde dağılması, yüksek düzeyde polimorfizm sergilemesi ve genotipler arası genetik mesafeyi net olarak ortaya koyabilmesi arzulanmaktadır. Ayrıca, homozigot ve heterozigot alellerin kesin ayırımına olanak tanıyan eş baskın

(kodominant) kalıtım göstermesi, spesifik fenotipik karakterlerle sıkı genetik bağlantılar kurabilmesi ve elde edilen profillerin yüksek tekrarlanabilirliğe sahip olması genetik analizlerin güvenilirliği açısından kritik önem taşır. Pratik laboratuvar uygulamaları açısından bakıldığında ise; yöntemin basit, hızlı ve maliyet-etkin olması, tek bir reaksiyonda çoklu bağımsız lokus üretebilmesi ve minimum DNA konsantrasyonu ile çevresel faktörlerden bağımsız, istikrarlı sonuçlar vermesi hedeflenmektedir. Ancak, literatürde tanımlanan bu teorik standartların tümünü tek başına karşılayabilen kusursuz bir moleküler markör sistemi günümüzde henüz mevcut değildir. Bu nedenle, yürütülecek genetik çalışmalarda araştırmacının temel amacı, hedeflenen çözünürlük düzeyi ve eldeki olanaklar dikkate alınarak, söz konusu kriterlerin en uygun kombinasyonunu sunan markör sistemlerinin stratejik olarak seçilmesi gerekmektedir (Joshi vd., 1999).

2.4.3. Moleküler belirteçlerin bitkilerde uygulama alanları

Moleküler markörlerin, modern bitki genetiği ve ıslahı araştırmalarında oldukça geniş bir yelpazede kullanım alanı bulmaktadır. Bu teknolojilerin başlıca genel uygulama alanları arasında; genotiplerin moleküler düzeyde tanımlanması, yeni geliştirilen çeşitlerin tescil süreçlerinin yürütülmesi ve ıslah hatlarının hassas bir şekilde karakterize edilmesi yer almaktadır. Bunun yanı sıra, ticari tohumluk üretiminde ve hibrit çeşitlerde genetik saflık testlerinin gerçekleştirilmesi ile mevcut bitki gen kaynaklarındaki genetik çeşitliliğin ve filogenetik akrabalıkların aydınlatılması da moleküler markörlerin temel işlevlerindendir. Tüm bu temel uygulamaların ötesinde, moleküler markörlerin bitki ıslahına sunduğu en büyük devrim Markör Destekli Seleksiyon (MAS) yaklaşımıdır. MAS sayesinde, spesifik agronomik özellikler ile sıkı bağlantı gösteren markörler kullanılarak, melezleme programlarından elde edilen açılan popülasyonlardaki genotipler henüz fide dönemindeyken taranabilmektedir. Bu durum, bitkilerin hastalık veya çevresel stres faktörlerine maruz bırakılmadan erken generasyonlarda hassas bir şekilde seçilebilmesini sağlayarak ıslah döngüsünü yıllar bazında kısaltmaktadır. MAS yaklaşımı, fenotipik olarak tarlada ayırt edilmesi imkânsız olan stratejileri de pratik hale getirmiştir. Birden fazla dayanıklılık geninin tek bir genotipte toplanmasını ifade eden gen piramitleme stratejisi, yalnızca markör teknolojileri kullanılarak gerçekleştirilebilmektedir. Ek olarak, spesifik bir genin yüksek verimli elit bir hatta aktarılması amacıyla yürütülen Markör Destekli Geri Melezleme (MABC) programlarında, arka plan genomunun (tekrarlayan ebeveyn genomunun) klasik ıslaha

kıyasla çok daha az jenerasyonda geri kazanılması yine moleküler markörlerin kullanılmasıyla mümkündür. Son olarak, verim, kalite ve abiyotik stres toleransı gibi çok sayıda gen tarafından kontrol edilen karmaşık özelliklerin genetik altyapısının çözümlenmesi amacıyla yürütülen Kantitatif Özellik Lokuslarının (QTL) haritalanması ve Tüm Genom İlişkilendirme Çalışmaları (GWAS) da günümüzde doğrudan bu teknolojilerin sunduğu yüksek polimorfizm düzeyi sayesinde hayata geçirilmektedir.

2.4.4. DNA belirteç teknikleri

2.4.4.1. DNA hibridizasyonu

2.4.4.1.1. RFLP (Restriksiyon parça uzunluk polimorfizmi)

Moleküler genetik araştırmalarında geliştirilen ilk DNA belirteç tekniği olan RFLP, başlangıçta insan genom haritalaması amacıyla tasarlanmıştır (Botstein vd., 1980). Bu yöntem temel olarak, genom üzerindeki spesifik restriksiyon kesim bölgeleri arasında meydana gelen delesyon (silinme), insersiyon (eklenme) veya nokta mutasyonlarının neden olduğu DNA parça uzunluklarındaki farklılıkların tespit edilmesi esasına dayanmaktadır. RFLP analiz süreci çok aşamalı bir protokol gerektirmektedir. Analiz; araştırılacak genotiplerden izole edilen saf DNA'ların spesifik restriksiyon endonükleaz enzimleri ile kesilmesi işlemiyle başlar. Ardından, elde edilen DNA fragmanları agaroz jel elektroforezinde yürütülerek büyüklüklerine göre ayrılır ve Southern blotlama tekniği ile katı bir membrana (genellikle naylon veya nitroselüloz) aktarılır. Membrana bağlanan tek zincirli DNA parçaları, işaretlenmiş spesifik DNA problemleri ile hibridizasyona tabi tutulduktan sonra görüntüleme sistemleri ile değerlendirilerek polimorfizm saptanır. Yöntemin oldukça uzun zaman alması, yoğun iş gücü gerektirmesi, otomasyona uygun olmaması ve analizin başarılı olabilmesi için yüksek miktar ile kalitede (parçalanmamış) başlangıç DNA'sına ihtiyaç duyulması en önemli dezavantajları olarak öne çıkmaktadır. Bununla birlikte, eş baskın (kodominant) kalıtım sergilemesi sayesinde yüksek düzeyde tekrarlanabilirlik ve son derece güvenilir sonuçlar sunan RFLP tekniği, tarihsel süreçte pek çok bitki ve hayvan türünün genomik karakterizasyonu ile genetik haritalama çalışmalarında başarıyla ve yaygın olarak kullanılmıştır.

2.4.4.2. PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) temeline dayalı

Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR), *in vitro* koşullarda canlı bir organizmaya ihtiyaç duyulmaksızın, düşük miktardaki kalıp DNA'nın enzim ve spesifik kimyasallar yardımıyla hedeflenen bölgelerinin enzimatik olarak çoğaltılması (amplifikasyonu) işlemidir (van Pelt-Verkuil vd., 2008). PCR teknolojisinin gelişimi, moleküler markör sistemlerinde yeni bir dönem başlatmıştır. Günümüzde bitki genetiği ve biyoçeşitlilik analizlerinde yaygın olarak kullanılan PCR temelli moleküler belirteçlerin; RAPD (Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA), AFLP (Çoğaltılmış parça uzunluk polimorfizmi), SRAP (Diziye dayalı çoğaltılmış polimorfizm), TRAP (Hedef bölge çoğaltım polimorfizmi), iPBS (Retrotranspozonlar arası amplifiye polimorfizm), SCoT (Başlangıç kodonu hedefli polimorfizm), CBDP (CAAT kutusu kaynaklı polimorfizm), SSR (Basit dizi tekrarları), ISSR (Basit dizi tekrarları arası), EST (İfade edilmiş dizi etiketi) ve SNP (Tek nükleotit polimorfizmi) gibi pek çok farklı çeşidi bulunmaktadır. Yüksek polimorfizm sunan bu belirteç sistemleri, bireysel genotiplerin moleküler düzeyde karakterizasyonu, genotipler arası akrabalık derecelerinin belirlenmesi ve başarılı melezleme programları için amaca uygun ebeveynlerin seçilmesi süreçlerinde kritik bir öneme sahiptir.

2.4.4.2.1. RAPD (Rastgele çoğaltılmış polimorfik DNA)

RAPD (Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA), genellikle 10 nükleotit uzunluğundaki rastgele dizilime sahip sentetik primerlerin kullanıldığı, PCR tabanlı bir moleküler belirteç yöntemidir. Bu teknikte gözlemlenen polimorfizm; genom üzerindeki primer bağlanma bölgelerindeki mutasyonlar veya bu bölgeler arasındaki mesafenin değişmesi sonucunda, farklı uzunluklarda DNA fragmanlarının amplifiye edilmesine dayanmaktadır (Williams vd., 1990; Welsh ve McClelland, 1991). RAPD tekniği, pek çok bitki türünde genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve popülasyon yapılarının aydınlatılması amacıyla yaygın bir biçimde kullanılmıştır (Zargar vd., 2016). Yöntemin başlıca avantajları arasında; analizi yapılacak türün genomik dizilim bilgisine (sekans verisine) ihtiyaç duyulmaması, primer tasarımının pratik olması, çok düşük miktarda başlangıç DNA'sının yeterli olması, analiz sürecinin hızlı sonuç vermesi ve elde edilen belirteçlerin genom geneline geniş bir dağılım sergilemesi yer almaktadır (Yıldırım ve Kandemir, 2001). Ancak, reaksiyon koşullarına karşı aşırı hassasiyet göstermesi nedeniyle laboratuvarlar arası tekrarlanabilirliğinin düşük olması ve dominant (baskın)

kalıtım sergilemesi sebebiyle homozigot/heterozigot birey ayrımını yapamaması, bu sistemin en önemli dezavantajları olarak öne çıkmaktadır (Dos Santos vd., 1994).

2.4.4.2.2. AFLP (Çoğaltılan parça uzunluk polimorfizmi)

AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), restriksiyon enzimlerine dayalı RFLP analiz prensibi ile PCR tekniğinin amplifikasyon gücünü birleştiren hibrit bir moleküler belirteç sistemidir. Yöntemin temelinde, genomik DNA'nın belirli restriksiyon endonükleaz enzimleri (çoğunlukla EcoRI ve MseI) ile kesilmesi ve oluşan fragman uçlarına, DNA ligaz enzimi aracılığıyla özgül oligonükleotit adaptörlerin bağlanması yer almaktadır. Adaptör ligasyonunu takiben, bu adaptör dizilerine komplementer ve uçlarında seçici nükleotitler taşıyan primerler kullanılarak PCR temelli selektif çoğaltım gerçekleştirilir. Elde edilen amplifikasyon ürünleri, son aşamada yüksek çözünürlüklü jel elektroforezi ile ayrıştırılarak bant profilleri şeklinde görselleştirilir. Vos vd. (1995) tarafından literatüre kazandırılan AFLP belirteçleri, günümüze kadar çok sayıda bitki türünde genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve populasyon yapısının analizinde etkin bir şekilde kullanılmıştır. Tek bir analizde genomun farklı bölgelerinden yüksek sayıda polimorfik lokus üretilebilmesi, yüksek düzeyde tekrarlanabilirlik sağlaması ve hem tür içi hem de türler arası genetik varyasyonların güvenilir biçimde ortaya konulabilmesi yöntemin başlıca avantajları arasında yer almaktadır (Powell vd., 1996). Bununla birlikte, AFLP yönteminin uygulama protokolünün nispeten karmaşık ve maliyetli olması ile birlikte dominant (baskın) kalıtım göstermesi nedeniyle heterozigot ve homozigot genotiplerin ayırt edilememesi, yöntemin en önemli sınırlılıkları olarak değerlendirilmektedir. Bu durum, özellikle ileri düzey genetik analizlerde ve hassas allel frekansı tahminlerinde AFLP'nin bilgilendiriciliğini kısmen sınırlandırmaktadır.

2.4.4.2.3. SRAP (Dizi ilişkili çoğaltılmış polimorfizm)

Bitki genomlarında fonksiyonel bölgeleri doğrudan hedefleyen ve modern ıslah çalışmalarında yaygın olarak kullanılan önemli bir moleküler belirteç sistemi SRAP tekniğidir. Li ve Quiros (2001) tarafından geliştirilen bu yöntem, genomda yer alan Açık Okuma Çerçevelerini (Open Reading Frames, ORFs) hedef alarak, genlerin kodlayıcı bölgeleri ile bunlara yakın düzenleyici dizilerdeki genetik varyasyonların seçici biçimde çoğaltılmasını amaçlayan PCR tabanlı güvenilir ve etkin bir yaklaşımdır. SRAP tekniğinin moleküler temeli, özgün primer tasarımına dayanmaktadır. Bu kapsamda, biri

ekzon bölgelerinde yer alan GC bakımından zengin dizilere bağlanan yaklaşık 17 nükleotid uzunluğunda ileri primer, diğeri ise intron ve promotör gibi AT bakımından zengin bölgelere bağlanan yaklaşık 18 nükleotid uzunluğunda ters primer olmak üzere iki farklı primer kombinasyonu kullanılmaktadır. Bu özgün yapı sayesinde yöntem, genlerin kodlayan bölgeleri ile düzenleyici bölgeler arasındaki fonksiyonel polimorfizmleri yüksek duyarlılıkla ortaya koyabilmektedir (Li ve Quiros, 2001; Robarts ve Wolfe, 2014). SRAP markör sisteminin bitki genetiği ve moleküler ıslah programlarında yaygın olarak tercih edilmesinin başlıca nedenleri arasında; tür spesifik tam genom dizisi bilgisine ihtiyaç duymaması, maliyet etkinliği, PCR optimizasyonunun basit olması ve yüksek düzeyde tekrarlanabilirlik sağlaması yer almaktadır. Rastgele amplifikasyona dayalı klasik markör sistemlerinden farklı olarak, doğrudan gen ekspresyonu ile ilişkili bölgeleri hedeflemesi, SRAP'ı özellikle agronomik özellikler ve abiyotik/biyotik stres toleransı ile ilişkili fenotipik varyasyonların genetik temelini aydınlatılmasında güçlü bir araç haline getirmektedir. Günümüzde SRAP belirteçleri; tahıllar ve yemelik baklagiller başta olmak üzere geniş bir bitki gen havuzunda genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi, populasyon yapısının ortaya konulması, genetik bağlantı haritalarının oluşturulması ve kantitatif özellik lokuslarının (QTL) belirlenmesi çalışmalarında başarıyla kullanılmaktadır (Aneja vd., 2012). Kodlayan dizilerdeki varyasyonları doğrudan yakalayabilme kapasitesi, bu markör sistemini markör destekli seleksiyon (MAS) stratejilerinin geliştirilmesi ve değerli germplazm kaynaklarının moleküler düzeyde karakterizasyonu açısından stratejik bir konuma taşımaktadır.

2.4.4.2.4. TRAP (Hedef bölge çoğaltım polimorfizmi)

Hu ve Vick (2003) tarafından ilk olarak ayçiçeği (*Helianthus annuus* L.) genotipleri üzerinde gerçekleştirilen Hedef Bölge Çoğaltım Polimorfizmi (TRAP) tekniği, biyoinformatik altyapı ve mevcut sekans verilerinden faydalanarak spesifik özelliklerle ilişkili genomik bölgelerin hızlı ve yüksek çözünürlükle taranmasına olanak tanıyan yenilikçi bir moleküler markör sistemidir. Yöntemin moleküler temeli, hedef aday genin veya gen ailesinin bilinen dizilimine özgü olarak tasarlanan sabit bir primer ile genom üzerinde rastgele bağlanma bölgelerine sahip özgül olmayan bir primerin PCR reaksiyonunda eşzamanlı kombinasyonuna dayanmaktadır. Bu özgün amplifikasyon stratejisi, aday genlerin fonksiyonel dizilerine karşılık gelen bölgelerde doğrudan polimorfizm tespiti sağlamaktadır. TRAP markör sistemi, hedeflenen fenotip ile

doğrudan ilişkili genomik lokusları spesifik olarak çoğaltabilme yeteneği sayesinde; RAPD ve AFLP gibi genomu rastgele tarayan geleneksel markör sistemlerine kıyasla çok daha yüksek düzeyde ve agronomik açıdan anlamlı bir polimorfizm sunmaktadır. Sahip olduğu bu fonksiyonel tarama kapasitesi, TRAP tekniğini modern bitki ıslahı programlarında aday gen analizlerinin yürütülmesi, germplazm havuzlarındaki genetik çeşitliliğin karakterize edilmesi ve markör destekli seleksiyon (MAS) uygulamalarının optimize edilmesi aşamalarında stratejik ve güvenilir bir araç konumuna taşımaktadır.

2.4.4.2.5. iPBS (Retrotranspozonlar arası amplifiye polimorfizm)

Tüm ökaryotik organizmaların genomlarında yaygın olarak bulunan retrotranspozonlar, özellikle bitki genomlarında son derece yüksek kopya sayılarına sahip hareketli genetik elementlerdir (Finnegan, 1989). Türler arasında retrotranspozon içeriği bakımından belirgin farklılıklar gözlenirse de bu elementler bitki genomunun ortalama %50'sini, bazı taksonlarda ise %90'a varan bir kısmını oluşturmaktadır (SanMiguel vd., 1996). Retrotranspozonların genom organizasyonu ve evrimi üzerinde güçlü bir etkisi bulunmakta olup; kopyalanma sayılarındaki artışlar, bitki genom boyutunun genişlemesinde ve yapısal genetik varyasyonların oluşumunda temel evrimsel mekanizma olarak kabul edilmektedir. Geleneksel yaklaşımlarla incelenen yeni bir bitki türüne özgü retrotranspozon belirteçleri geliştirmek; hedef bölgeyi çevreleyen dizilere uygun primerler tasarlanabilmesi için önceden klonlama yapılmasına ve gen dizilim bilgilerine (sekans verisine) ihtiyaç duyulması gibi önemli metodolojik sınırlılıklar barındırmaktadır (Baloch vd., 2015). Bu kısıtlamaları aşmak amacıyla geliştirilen iPBS (inter-Primer Binding Site) moleküler markör tekniği, öncül bir dizi bilgisine ihtiyaç duymaksızın, tüm canlılarda evrimsel süreçte yüksek oranda korunmuş olan tRNA tamamlayıcı bölgelerine (ters transkriptaz primer bağlanma bölgeleri - PBS) dayanan evrensel bir amplifikasyon sistemidir. Yöntemin başarılı bir PCR amplifikasyonu gerçekleştirebilmesi için, genom üzerinde birbirine ters yönde konumlanmış ve uygun bir amplifikasyon mesafesinde yer alan iki retrotranspozonun varlığı gerekmektedir. Bu teknikle yürütülen PCR reaksiyonu sonucunda; Uzun Uç Tekrarları (LTR), LTR'ler arası diziler ve PBS bölgeleri spesifik olarak çoğaltılarak genotipler arası polimorfizm ortaya konmaktadır (Kalendar vd., 2010). Herhangi bir ön dizi analizine ihtiyaç duymayan pratik, maliyet-etkin ve evrensel yapısı sayesinde iPBS markör sistemi; günümüzde çok çeşitli bitki taksonlarında genetik çeşitliliğin aydınlatılması, popülasyon yapısının

belirlenmesi ve germplazm karakterizasyonu çalışmalarında yüksek bir güvenilirlikle kullanılmaktadır.

2.4.4.2.6. SCoT (Başlangıç kodonu hedefli polimorfizm)

Collard ve Mackill (2009) tarafından kazandırılan başlangıç kodonu hedefli polimorfizm (SCoT) markör sistemi; bitki genomunda translasyonun başladığı evrensel ATG başlangıç kodonunu ve bu kodonu çevreleyen evrimsel olarak korunmuş kısa dizileri hedef alan, PCR tabanlı ve gen odaklı bir DNA markör tekniğidir. Bu yöntemin moleküler temeli, genomdaki fonksiyonel genlerin başlangıç bölgelerine özgü olarak tasarlanan ve genellikle 18 nükleotid uzunluğunda olan tek tip primerlerin kullanılması prensibine dayanır. SCoT tekniğinde, bu spesifik primerler aracılığıyla hedef bölgeler PCR yöntemiyle enzimatik olarak çoğaltılır ve elde edilen amplifikasyon ürünleri agaroz jel elektroforezi sistemlerinde ayrıştırılarak genotipik polimorfizm profilleri ortaya konur. SCoT markörlerinin doğrudan gen translasyon bölgelerine ve aktif ifade edilen dizilere yakın kısımları hedeflemesi, genomdaki rastgele varyasyonlardan ziyade agronomik açıdan anlamlı fonksiyonel genetik varyasyonların tespit edilmesinde büyük bir stratejik avantaj sağlamaktadır. Ayrıca, herhangi bir ön dizi veya tam genom sekans bilgisine ihtiyaç duymadan, yalnızca germplazm havuzlarının karakterizasyonu, popülasyon yapısının analizi ve filogenetik akrabalıkların belirlenmesinde değil; aynı zamanda tarımsal verim, abiyotik stres toleransı ve biyotik streslere dayanıklılık gibi karmaşık karakterlerin markör-özellik ilişkilendirmesi analizlerinde de büyük bir başarıyla kullanılmaktadır.

2.4.4.2.7. CBDP (CAAT kutusu kaynaklı polimorfizm)

Bitki genetiği ve moleküler ıslah çalışmalarında, rastgele genom bölgelerini hedefleyen klasik markör sistemlerine kıyasla, doğrudan gen bölgelerini veya gen ekspresyonunu düzenleyen promotör dizilerini hedefleyen fonksiyonel markörlere olan ilgi son yıllarda artmıştır (Poczai vd., 2013). Bu kapsamda geliştirilen CAAT Box-Derived Polymorphism (CBDP) markör sistemi, Singh vd. (2014) tarafından tanımlanmış olup, ökaryotik genlerin transkripsiyonunda önemli rol oynayan CAAT kutusu (CCAAT box) motifine dayanmaktadır. Bu motif genellikle translasyon başlangıç kodonunun yaklaşık 75–100 baz çifti yukarısında yer almakta ve gen ekspresyonunun düzenlenmesinde kritik bir cis-aktif element olarak görev yapmaktadır. CBDP tekniği,

merkezinde “CCAAT” çekirdek dizisini içeren ve yaklaşık 18 nükleotid uzunluğunda tasarlanan spesifik primerlerin PCR reaksiyonlarında tek başına kullanılması prensibine dayanır. Bu sayede promotör bölgelerdeki dizisel varyasyonlar doğrudan çoğaltılarak agaroz jel elektroforezi ile bant profilleri elde edilir (Singh vd., 2014). Yöntemin uzun primerler kullanması, daha yüksek bağlanma sıcaklıklarına olanak tanıyarak non-spesifik amplifikasyonları azaltmakta ve böylece yüksek tekrarlanabilirlik ve güvenilirlik sağlamaktadır. Ayrıca tür spesifik genom dizisi bilgisine ihtiyaç duymaması, yöntemi pratik ve maliyet açısından avantajlı hale getirmektedir.

CBDP markörlerinin en önemli üstünlüğü, doğrudan transkripsiyonel regülasyon bölgelerini hedeflemesi nedeniyle fonksiyonel genetik varyasyonları yansıtmaya potansiyelinin yüksek olmasıdır. Bu özellik, özellikle verim, kalite ve abiyotik stres toleransı gibi kompleks agronomik karakterlerle ilişkili gen bölgelerinin belirlenmesinde önemli bir avantaj sağlamaktadır. Nitekim literatürde CBDP markörlerinin buğday ve diğer önemli bitkilerde genetik çeşitliliğin belirlenmesi, populasyon yapısının analizi ve filogenetik ilişkilerin ortaya konulmasında etkin bir şekilde kullanıldığı ve elde edilen verilerin markör destekli seleksiyon (MAS) programlarında güvenilir şekilde değerlendirilebildiği bildirilmektedir (Etminan vd., 2018; Pour-Aboughadareh vd., 2021).

2.4.4.2.8. SSR (Basit dizi tekrarları)

SSR ilk olarak Hamada vd. (1982) tarafından tanımlanan, prokaryotik ve ökaryotik genomlarda yaygın olarak bulunan kısa ardışık tekrar motifleridir. Mikrosatellit veya STR (Kısa ardışık tekrarlar) olarak da bilinen bu genetik belirteçler; DNA dizilimi üzerinde yer alan ve genellikle 1 ila 6 baz çifti uzunluğundaki nükleotit dizilerinin (örneğin di-, tri-, tetra- veya penta-nükleotit motifleri: CACACA..., CATCAT..., ACGTACGT... veya TAAAATAAAA...) peş peşe tekrarlanmasından oluşmaktadır. SSR lokusları genomun hem kodlanan hem de kodlanmayan bölgelerinde yer alabilmekte olup; RAPD, RFLP ve AFLP gibi geleneksel belirteç sistemlerine kıyasla çok daha yüksek düzeyde bilgi içeriği ve polimorfizm sunmaktadır (Abuzayed vd., 2017). Çoklu allel yapısına sahip olmaları ve kodominant kalıtım sergilemeleri sayesinde homozigot ve heterozigot bireylerin kesin olarak ayırt edilmesine olanak tanır. Sahip oldukları bu üstün nitelikler, onları günümüzde en çok tercih edilen moleküler araçlardan biri haline getirmiştir (Zalapa vd., 2012). Sahip oldukları esnek yapı neticesinde SSR belirteçleri;

genotipler arası polimorfizmin aydınlatılması, tüm genom analizleri ve karşılaştırmalı genetik haritaların oluşturulması gibi oldukça geniş bir uygulama yelpazesine sahiptir (Abuzayed vd., 2017). Biyoçeşitlilik ve evrimsel genetik araştırmalarında büyük bir başarıyla kullanılan mikrosatellitler (Blair vd., 2012) günümüzde buğday, mısır, çeltik ve sorgum gibi tahıllar ile fasulye, börülce ve soya fasulyesi gibi yemeklik baklagiller başta olmak üzere, pek çok önemli kültür bitkisi ve bunların yabani akrabaları arasındaki filogenetik akrabalık derecelerinin belirlenmesinde temel standart konumundadır (Abuzayed vd., 2017).

2.4.4.2.9. ISSR (Basit dizi tekrarları arası)

ISSR markör sistemi, PCR temeline dayanan ve genomdaki mikrosatellit (SSR) bölgeleri arasında kalan dizilerde meydana gelen polimorfizmi belirlemek amacıyla geliştirilmiş oldukça etkin bir moleküler markör tekniğidir. Herhangi bir ön dizi bilgisine (sekans verisine) ihtiyaç duymaması, hızlı ve kolay uygulanabilir bir protokole sahip olması ve sunduğu yüksek laboratuvarlar arası tekrarlanabilirlik; ISSR markörlerini genetik çeşitlilik araştırmalarında öne çıkarmaktadır (Reddy vd., 2002; Singh vd., 2014). Yöntemin moleküler temeli; genom üzerinde birbirine zıt (ters) yönde konumlanmış ve amplifiye edilebilir bir mesafede bulunan iki mikrosatellit bölgesi arasında kalan DNA dizilerinin PCR yoluyla çoğaltılması esasına dayanmaktadır. Bu reaksiyon sonucunda, türün genom yapısına bağlı olarak genellikle 100 ile 3000 baz çifti (bç) uzunluğunda değişen amplifikasyon ürünleri (fragmentler) elde edilmektedir. ISSR analizlerinde primer olarak; genellikle 2 ila 4 nükleotidlik (di-, tri- veya tetra-nükleotid) tekrar motiflerinden oluşan ve 3' veya 5' ucundan bir ya da birkaç seçici nükleotid ile sabitlenmiş (anchored) basit ardışık diziler kullanılmaktadır. Sabitlenmiş bu primerlerin, genomdaki komplementer mikrosatellit bölgelerine spesifik olarak bağlanarak aradaki genomik segmentleri çoğaltmasıyla elde edilen bant profilleri (amplikonlar), genotipler arası polimorfizmin yüksek çözünürlükle değerlendirilmesinde kullanılmaktadır (Moreno vd., 1998)

2.4.4.2.10. EST (İfade edilen dizi etiketi)

EST dizileme temelli bir yöntem olup, ters transkriptaz enzimi kullanılarak olgun mRNA'dan sentezlenen yaklaşık 200–500 baz çifti (bç) uzunluğundaki cDNA parçalarını ifade eder. Bu cDNA dizileri, kromozom üzerinde ifade edilen DNA bölgelerinin

(eksonların) konumlarını belirlemeye yardımcı olan cDNA haritalarının oluşturulmasında kullanılmaktadır. Ayrıca EST'ler, bilinmeyen genlerin tanımlanması, yeni genlerin keşfi ve gen ekspresyon analizlerinde önemli bir araç olarak kullanılmaktadır (Adams vd., 1991). EST veri tabanları, evrimsel çalışmalar ve moleküler işaretçilerin geliştirilmesi açısından önemli bir kaynak oluşturmaktadır. EST kaynaklı markörler, genomun transkripsiyonel olarak aktif bölgelerinden elde edildikleri için diğer markör tiplerine kıyasla daha geniş bir taksonomik aralıkta korunmuş diziler içermektedir (Pashley vd., 2006). Bu nedenle, EST kullanımı özellikle Compositae gibi genetik kaynakları sınırlı veya genom dizisi tam olarak belirlenmemiş türlerde önemli avantajlar sağlamaktadır (Lai vd., 2005). Bugüne kadar oluşturulan EST kütüphanelerinin, gen keşfi, moleküler markör geliştirme, tüm genom düzeyinde gen ekspresyon analizleri ve belirli fenotiplerle ilişkili aday genlerin tanımlanması açısından değerli bir kaynak olduğu gösterilmiştir (Gupta and Rustgi, 2004). Ayrıca EST temelli yaklaşımlar, dizi karşılaştırmasına dayalı fonksiyonel tahminlere olanak sağlaması nedeniyle genetik haritalamada spesifik dizilere sahip genlerin haritalanmasına da katkıda bulunmaktadır (Tamborindeguy vd., 2004).

2.4.4.2.11. SNP (Tek nükleotid polimorfizmi)

SNP'ler, genomik varyasyonun en yaygın formunu oluşturmakta olup genom boyunca oldukça yüksek bir sıklıkta bulunmaktadır (Müller vd., 2015). İnsan genetiği araştırmalarının yanı sıra, *Drosophila melanogaster* ve *Arabidopsis thaliana* gibi model organizmalarda yürütülen moleküler çalışmalarda standart bir araç haline gelen SNP markörleri, günümüzde tarımsal bitki genetiğinde de yaygın olarak kullanılmaktadır (Loridon vd., 2013). Çok allelli bir yapı sergileyen basit dizi tekrarlarının aksine, SNP'ler doğada genellikle iki allelli (bi-allelik) bir özellik gösterirler. Bununla birlikte, birbirine sıkı sıkıya bağlı (linkage) SNP allellerinin birleşik analizi sayesinde çok sayıda haplotipin yüksek doğrulukla ayırt edilmesi mümkündür (Gaitán-Solís vd., 2008). Genomdaki SNP lokuslarının yüksek yoğunluğu, yüksek çözünürlüklü genetik bağlantı haritalarının oluşturulmasını ve spesifik agronomik karakterleri kontrol eden ilgili genlerin tanımlanmasını büyük ölçüde kolaylaştırmaktadır (Duarte vd., 2014).

Son yıllarda yeni nesil dizileme (NGS) teknolojilerinde yaşanan gelişmeler, tek bir analizde eşzamanlı olarak binlerce SNP'nin tanımlanmasına olanak tanıyarak genetik araştırmaların verimliliğini ve ölçeğini önemli ölçüde artırmıştır. Bu kapsamda geliştirilen dizileme ile genotiplendirme (GBS - Genotyping-by-Sequencing) yöntemi,

referans genomu bilinen veya henüz dizilenmemiş (non-model) türler için basit, maliyet-etkin ve çok yönlü bir alternatif sunmaktadır. GBS, çoklu örnek havuzlarında eşzamanlı olarak yüksek sayıda SNP keşfi sağlayan ve genetik analizlerin gücünü artıran yenilikçi bir tekniktir (Schröder vd., 2016).

2.4.5. Buğday ıslahında sarı pas hastalık dayanıklılığı ve markör uygulamaları

Buğdayda sarı pas dayanıklılığı, fide dönemi dayanıklılığı ve ergin bitki dayanıklılığı olmak üzere iki temel genetik mekanizma ile sağlanmaktadır. Günümüze kadar sarı pas (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) dayanıklılığı ile ilişkili 80'den fazla *Yr* geni tanımlanmış ve haritalanmıştır (McIntosh vd., 2018). Bu genler arasında özellikle *Yr5*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr18*, *Yr36* ve *Yr46*, hastalığa karşı genetik mücadelede öne çıkan majör lokuslar olarak değerlendirilmektedir. Ülkemizde 1990'lı yıllarda patojen popülasyonunda meydana gelen ırk değişimi sonucunda *Yr9* geninin etkinliğini kaybetmesi, geniş alanlarda yetiştirilen Seri-82 çeşidinde ciddi verim kayıplarına neden olmuştur (Braun ve Saari, 1992; Mamluk vd., 1997). Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü tarafından yapılan karakterizasyon çalışmaları ve güncel literatür bulguları; *Yr1*, *Yr3V*, *Yr5*, *Yr10*, *Yr15*, *YrSP* ve *YrCV* genlerinin ülkemizdeki popülasyonlara karşı hala etkili olduğunu, buna karşın *Yr2*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr8* ve *Yr9* genlerinin etkinliğini büyük ölçüde yitirdiğini göstermektedir (Zeybek ve Yiğit, 2004; Mert vd., 2016). Dünya genelinde patojen ırklarının sürekli değişim göstermesi (Zhan vd., 2012), kimyasal fungusit uygulamalarına kıyasla ekonomik ve çevresel açıdan daha sürdürülebilir olan genetik dayanıklılığa sahip çeşitlerin geliştirilmesini zorunlu kılmaktadır (Wellings, 2011). Bununla birlikte, patojen popülasyonlarındaki yüksek genetik varyasyon nedeniyle tek bir majör gene dayalı dayanıklılık zamanla kırılabilir. Bu nedenle modern buğday ıslahında, dayanıklılığın sürekliliğini artırmak amacıyla farklı etki mekanizmalarına sahip genlerin aynı genotipte birleştirilmesine dayanan gen piramitlemesi stratejisi tercih edilmektedir.

2.4.5.1. Klasik markör sistemleri ve genetik çeşitlilik

Buğdayın karmaşık genom organizasyonunun aydınlatılmasında önemli rol oynayan SSR markörleri, günümüzde özellikle biyotik stres faktörlerinin genetik kontrolünün ortaya konulmasında yaygın olarak kullanılmaktadır. SSR markörleri, bağlantılı oldukları genomik bölgeler sayesinde güvenilir ve yüksek çözünürlüklü veri

sağlayarak, *Yr* dayanıklılık genlerinin haritalanmasında ve ıslah materyallerine aktarımının izlenmesinde etkin bir araç olarak değerlendirilmektedir (Röder vd., 1998; Gupta ve Varshney, 2000). Kodominant kalıtım göstermeleri ve yüksek allelik polimorfizm sunmaları sayesinde SSR markörleri, homozigot ve heterozigot bireylerin ayırımını mümkün kılmakta; bu durum F_2 ve F_3 gibi erken generasyonlarda dayanıklı bireylerin güvenilir şekilde seçilmesine olanak tanıyarak ıslah sürecini hızlandırmaktadır (Gupta vd., 1996; Chen, 2020). Klasik markör sistemleri kullanılarak buğday genotiplerinde genetik çeşitliliğin ve sarı pas dayanıklılığının taranmasına yönelik literatürde kronolojik olarak pek çok çalışma mevcuttur.

Alp (2007), sarı pasa dayanıklı ve duyarlı ekmeklik buğday genotipleri arasındaki genetik çeşitliliği moleküler düzeyde belirlemek amacıyla SSR ve RAPD markör sistemlerini kullanmıştır. Çalışmada, üç duyarlı yerli çeşit ile dayanıklılık geni taşıyan üç izogenik hat ebeveyn olarak seçilmiş ve bu genotiplerin melezlenmesiyle F_1 ve F_2 popülasyonları oluşturulmuştur. RAPD analizlerinde ebeveynler için 40, F_1 ve F_2 bireyleri için 10 primer; SSR analizlerinde ise 5 primer çifti kullanılarak kapsamlı bir moleküler tarama gerçekleştirilmiştir. Elde edilen moleküler veriler, genetik haritalamalar ve kümeleme analizleri sonucunda, dayanıklı ve duyarlı genotipler arasında istatistiksel olarak önemli moleküler polimorfizm bulunduğu gösterilmiş; moleküler markörlerin sarı pas dayanıklılığı ıslahında erken seleksiyon aracı olarak etkin bir biçimde kullanılabileceği ortaya konmuştur.

Çabuk Şahin (2009), sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genleri buğday genomundaki gen-zengini bölgeler kapsamında inceleyerek moleküler genetik bir karakterizasyon gerçekleştirmiştir. Çalışmada özellikle 1B kromozomunun kısa kolundaki yüksek gen yoğunluğuna sahip bölgeler hedef alınmış ve dayanıklı (İzgi2001, Sönmez2001, PI178383) ile duyarlı (Aytın98, ES14, Harmankaya99) genotipler 46 farklı moleküler markör kullanılarak analiz edilmiştir. Ayrıca 1B, 2A, 2B ve 7D kromozomlarında yer alan *Yr7*, *Yr9*, *Yr15*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr26* ve *YrH52* gen lokuslarına ait SSR analizlerinde önemli polimorfizmler belirlenmiştir. Araştırma sonucunda, *Yr7* ve *YrH52* lokuslarının genotipler arasında daha korunmuş olduğu, buna karşın *Yr15* lokusunun en yüksek varyasyonu sergileyen genetik bölge olduğu ortaya konmuş ve ebeveynler arası en yüksek akrabalığın PI178383 ile İzgi2001 arasında olduğu tespit edilmiştir.

Furan (2009), sarı pasa karşı farklı fenotipik reaksiyonlar gösteren buğday çeşit ve hatlarını SSR markörleri kullanarak genetik açıdan analiz etmiştir. Araştırma materyali olarak Lee, Compare ve Carstens V (dayanıklı) ile Kaşifbey, Cumhuriyet-75 ve Seri-82

(duyarlı) genotipleri seçilmiş ve moleküler analizler ağırlıklı olarak Cumhuriyet-75 × Lee melezinden elde edilen F₁ ve F₂ popülasyonları üzerinde yürütülmüştür. Oluşturulan kümeleme sonuçları, dayanıklı ve duyarlı ebeveynlerin genetik olarak birbirinden kesin çizgilerle ayrıldığını ve farklı gruplarda yer aldığını göstermiştir. Ayrıca, F₁ hibrit bireylerinin dayanıklı ebeveyne yakın kümelenmesi ve segregasyon gösteren F₂ bireylerinin genotipik profillerinin arazi reaksiyonlarıyla uyumlu olması, SSR markörlerinin ebeveyn-döl ilişkilerini ve kalıtımı doğru bir şekilde izleyebildiğini göstermiştir.

Sevinç (2010), sarı pasa dayanıklı ve duyarlı ekmeklik buğday çeşitlerinin melezlenmesiyle oluşturulan F₂ popülasyonlarında dayanıklılıkla ilişkili moleküler markörleri tespit etmeyi amaçlamıştır. Çalışmada PI178383, İzgi2001 ve Sönmez2001 (dayanıklı) ile Harmankaya99, ES14 ve Aydın98 (duyarlı) genotipleri kullanılmış ve bu materyaller 65 SSR, 8 ISSR ve 18 SRAP primeri ile çoklu analizden geçirilmiştir. Farklı markör sistemlerinin polimorfizm sonuçlarına göre SSR’de 37, SRAP’ta 15 ve ISSR’de 7 primerin polimorfik bant ürettiği belirlenmiş; en yüksek genetik çeşitlilik Sönmez2001 × Aydın98 popülasyonunda gözlenmiştir. Farklı markör sistemlerine göre hesaplanan genetik mesafe değerlerinin değişiklik göstermesi, popülasyon analizlerinde tek bir markör tipine bağlı kalmaktansa çoklu markör kullanımının genetik analizlerin çözünürlüğünü ve doğruluğunu önemli ölçüde artırdığını ortaya koymuştur.

Taşcıoğlu (2014), sarı pasın epidemik yıllarda buğday verimine etkisini değerlendirerek Türkiye ve Orta Doğu kökenli gen bankasında muhafaza edilen yerel genotiplerin genetik çeşitliliğini ve *Yr10* geninin dağılımını incelemiştir. Toplam 55 kışlık ekmeklik buğday genotipi, buğdayın A, B ve D genomlarını kapsayacak şekilde genom geneline yayılmış 117 SSR markörü ile analiz edilmiştir. Elde edilen moleküler ve fenotipik veriler birleştirilerek ebeveyn seçimi için önemli kümelemeler oluşturulmuş ve özellikle Gerek 79 ile Türkmen çeşitlerinin popülasyon içerisinde *Yr10* genini taşıyan nadir materyallerden olduğu gösterilmiştir. Ayrıca genetik uzaklık matrisleri kullanılarak, genotipik olarak birbirine en uzak bulunan bazı çeşit kombinasyonlarının gelecekteki melezleme programlarında yüksek heterozis potansiyeli sunabileceği belirlenmiştir.

Furan vd. (2007), Türkiye’nin zorlu ekolojik koşullarına adapte olmuş yerel Tir buğdayı popülasyonlarının sarı pas dayanıklılığı açısından taşıdığı genetik potansiyeli moleküler düzeyde incelemişlerdir. Çalışmada, *Yr* genleri ile güçlü bağlantı gösteren *Xgwm* ve *Xbarc* SSR markör serileri kullanılmış; genotipik analizler *Yr26* genini taşıyan R55 translokasyon hattı ve çeşitli izogenik hatların kontrolünde gerçekleştirilmiştir.

Kapsamlı taramalar sonucunda popülasyonda 212 adet polimorfik allel saptanmış ve primer başına ortalama 5,2 gibi oldukça yüksek bir bant sayısı elde edilmiştir. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerlerinin 0,37 ile 0,41 arasında değiştiği çalışmada yapılan filogenetik analizler; Tir buğdayı genotiplerinin evrimsel olarak *Yr2*, *Yr3b* ve *Yr4b* dayanıklılık allellerini taşıyan hatlarla yakın bir genetik ilişki gösterdiğini ortaya koymuştur.

Dawit vd. (2019) tarafından yürütülen kapsamlı araştırmada, 58 ticari buğday çeşidi, 16 ileri kademe ıslah hattı, genetik yapısı kesin olarak bilinen 15 adet *Yr* izogenik referans hattı ve duyarlı kontrol çeşidi (Morocco) içeren geniş bir germplazm havuzu, sarı pas dayanıklılığına spesifik olarak bağlı 31 adet markör ile taranmıştır. Elde edilen genotipik profillere göre, incelenen havuzda *Yr1*, *Yr4*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr17* ve *Yr18* genlerinin oldukça yüksek bir genetik varyasyonla dağılım gösterdiği; buna karşın *Yr8* genine hiçbir genotipte rastlanmadığı bildirilmiştir. Yapılan istatistiksel analizlerde, popülasyon içerisinde en yaygın bulunan allellerin sırasıyla *Yr7* (%74), *Yr6* (%56) ve *Yr18* (%37) olduğu belirlenirken; *Yr4* (%14) ve *Yr1* (%7) genlerinin oldukça nadir bulunduğu saptanarak germplazmın taşıdığı potansiyel haritalanmıştır.

Uysal (2019), Türkiye’de yetiştirilen ve ekonomik öneme sahip 55 ekmeklik ile 4 makarnalık buğday genotipinde sarı pas dayanıklılığına yönelik genetik potansiyeli spesifik markörler aracılığıyla değerlendirmiştir. Araştırmada *Yr15* ve *Yr45* genlerine doğrudan özgü olan SSR markörleri kullanılmış ve *XGWM18* ile *XGWM47* primerlerinin popülasyondaki taraması gerçekleştirilmiştir. Analiz sonuçlarına göre her iki markör de 17 genotipte beklenen hedef bant amplifikasyonunu başarıyla vermiştir. Kullanılan SSR markörlerinin popülasyon genelinde yüksek polimorfizm gösterdiği, ortalama PIC değerinin 0,57 ve ortalama allel sayısının 4,78 olduğu hesaplanmıştır. Bu çalışma, spesifik SSR markörlerinin erken generasyonlarda sarı pas dayanıklılığının izlenmesinde yüksek güvenilirlik sunduğunu kanıtlamıştır.

İpek (2021), Türkiye milli çeşit listesinde tescilli olarak yer alan 54 makarnalık buğday genotipinde, sarı pasa karşı güçlü koruma sağlayan *Yr5*, *Yr10* ve *Yr15* genlerinin varlığını PCR tabanlı moleküler markörler kullanarak detaylı bir biçimde incelemiştir. Yapılan moleküler taramalar sonucunda, incelenen makarnalık buğday havuzunun hiçbirinde *Yr5* alleli tespit edilememiştir; ancak 12 çeşidin *Yr10* ve 17 çeşidin *Yr15* dayanıklılık genini bünyesinde taşıdığı doğrulanmıştır. En dikkat çekici bulgu ise yedi genotipin hem *Yr10* hem de *Yr15* genlerini aynı anda taşıması olmuştur. Moleküler verilerin arazi koşullarındaki doğal inokülasyon testleriyle de desteklendiği bu çalışma,

makarnalık buğday ıslah programlarında ebeveyn seçimi için son derece kritik veriler sağlamıştır.

Ölmez (2023), Türkiye'nin en önemli buğday üretim alanlarından olan Güneydoğu Anadolu ve Akdeniz bölgelerinden toplanan 25 sarı pas izolatının virülens yapısını ve bölgedeki ticari buğday materyallerinin taşıdığı genetik savunma mekanizmalarını incelemiştir. Patojen izolatlarına yönelik yapılan analizler, mevcut popülasyonun *Yr2*, *Yr6* ve *Yr7* gibi klasik genleri kırabilecek yüksek bir virülens düzeyine ulaştığını net bir biçimde göstermiştir. Tescilli çeşitlerde yapılan moleküler taramalarda ise genotiplerin %30'unda *Yr5*, %22'sinde *Yr10*, %23'ünde *Yr18* ve %24'ünde *YrSp* genleri saptanmış; elit ileri hatların ise %73 gibi yüksek bir oranda *Yr17* genini barındırdığı belirlenerek yerel ıslah materyalinin güncel genetik haritası çıkarılmıştır.

Garg vd. (2023), buğday genotiplerinde sadece sarı pas değil, çoklu fungal hastalıklara karşı dayanıklılığın genetik yapısını incelemek amacıyla 58 farklı genotip üzerinde 29 adet SSR markörü kullanarak moleküler karakterizasyon gerçekleştirmiştir. Markörlerden 24'ünün amplifikasyon verdiği ve toplamda 46 polimorfik allelin üretildiği çalışmada, genetik çeşitliliğin oldukça yüksek olduğu saptanmıştır. Genotipler arasındaki genetik ilişkiler kümeleme ve üç boyutlu analizlerle modellenmiş, polimorfizm PIC ve ayırt edicilik gücü (*Rp*) gibi istatistiksel parametreler kullanılarak markör etkinliği test edilmiştir. Araştırma, özellikle Barc232 ve Swm271 gibi markörlerin genel hastalık dayanıklılığı ile mutlak bir genetik bağlantı içinde olduğunu ve çoklu hastalık direnci hedeflenen programlarda kullanılabileceğini ortaya koymuştur.

Gulyaeva ve Shaydayuk (2023), modern Rus kışlık buğday çeşitlerinde sarı pas hastalığına karşı dayanıklılık düzeyini ve bu dayanıklılığın moleküler temellerini incelemek amacıyla 2019–2022 yılları arasında tescil edilmiş 72 ekmeklik buğday çeşidini değerlendirmiştir. Çeşitler fide döneminde virülans özellikleri farklı beş *Pst* izolatı ile test edilmiş ve genotipler moleküler markörler ile taranmıştır. Elde edilen sonuçlar, çeşitlerden yalnızca 13'ünün tüm izolatlara karşı tam dayanıklı olduğunu göstermiş; moleküler düzeyde ise *Yr2*, *Yr5*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr24* ve *Yr60* genlerinin çok farklı frekanslarda bulunduğu tespit edilmiştir. Ancak tüm ırklara etkili olan *Yr5* ve *Yr15* gibi genlerin bazı dayanıklı hatlarda bulunmaması, bu çeşitlerdeki mevcut dayanıklılığın 1BL.1RS translokasyonundaki *Yr9*, *Yr18* ve diğer genlerin çoklu etkileşimlerine (epistatik etkilere) dayandığını ve gen kombinasyonlarının kalıcı dirençteki önemini kanıtlamıştır.

Lamba vd. (2024), farklı buğday genotiplerinde sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genlerin popülasyon içi dağılımını ve moleküler çeşitliliği detaylandırmak amacıyla 48 genotip üzerinde 51 adet SSR primeri kullanarak kapsamlı bir karakterizasyon analizi gerçekleştirmiştir. Taramalar sonucunda genotipler arasında son derece yüksek bir genetik varyasyon saptanmış; özellikle WH730 ve WH1142 çeşitlerinin en yüksek sayıda *Yr* geni allelini bünyesinde taşıdığı belirlenmiştir. Popülasyon genelindeki gen frekansları analiz edildiğinde, *Yr35* ve *Yr51* genlerinin olağanüstü yüksek bir oranda (sırasıyla %95,3 ve %91,6) fiksasyona uğradığı tespit edilmiştir. İstatistiksel fenotip-genotip ilişkilendirme analizleri, bu genetik zenginliğin doğrudan arazideki hastalık dayanıklılık skorlarına yansıdığını göstermiştir.

Uysal ve Dumlupınar (2022), yurtiçi ve yurtdışı kökenli 59 adet ekmeklik ve makarnalık buğday genotipinde sadece hastalıklara dayanıklılık genlerini değil, aynı zamanda bazı kalite özelliklerini (yüksek protein, gluten mukavemeti) belirlemek amacıyla çok yönlü bir fonksiyonel SSR markör karakterizasyonu gerçekleştirmiştir. Moleküler analizler, yüksek kaliteyle ilişkili *Gpc-B19* allelinin tüm genotiplerde sabitlendiğini gösterirken; sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili *Yr15* ve *Yr45* allellerinin 17 genotipte, kara pas dayanıklılığı alleli olan *Sr49*'un ise 33 genotipte bulunduğunu kanıtlamıştır. Toplam 68 allel üreten ve ortalama PIC değeri 0,57 olarak ölçülen bu çalışma, markör destekli genetik karakterizasyonun buğday ıslahında kalite ve hastalık direnci gibi çoklu parametrelerin eş zamanlı yönetilmesinde ne denli güçlü bir araç olduğunu bilimsel olarak ispatlamıştır.

2.4.5.2. Fonksiyonel markörler ve markör destekli seleksiyon (MAS)

Fonksiyonel markörler, doğrudan hedef fenotipi kontrol eden genin veya ilgili genetik bölgenin bünyesindeki nedensel nükleotid değişimlerine (SNP, InDel, delesyon, insersiyon vb.) dayalı olarak tasarlanan ve incelenen özellik ile birebir ilişki sergileyen ileri düzey moleküler markörlerdir. Klasik SSR, RAPD veya AFLP gibi markör sistemlerinin büyük bir kısmı genom üzerinde rastgele bir dağılım göstermekte ve hedef genler ile yalnızca genetik bağlantı (linkage) halinde bulunmaktayken; fonksiyonel markörler bizzat genin kendi biyolojik dizilimini hedef almaktadır (Andersen ve Lübberstedt, 2003; Varshney vd., 2005). Bu yapısal ve evrimsel özellikleri sayesinde krossing-over (genetik rekombinasyon) olaylarından etkilenmezler; dolayısıyla MAS uygulamalarında genetik sapmaları ortadan kaldırarak yanlış pozitif/negatif teşhis riskini

minimumuna indirirler (Bagge vd., 2007). Doğrudan kodlayan veya transkripsiyonu düzenleyen bölgeler içerisinde yer almaları sebebiyle fonksiyonel markörler, literatürde tanısal markörler (diagnostic markers) olarak da adlandırılmaktadır. Özellikle gen piramitleme stratejilerinde, arzu edilen allellerin elit hatlara aktarılmasının ve introgresyonunun izlenmesinde MAS tekniklerinin kullanımı, buğday ıslahı araştırmalarının merkezine yerleşmiştir:

Ercan (2008), Türkiye kökenli ekmeklik buğday genotiplerinde sarı pas dayanıklılığı ile birebir bağlantılı fonksiyonel genomik markörlerin belirlenmesini amaçlamıştır. Bu hedefle dayanıklı PI178383 ve İzgi2001 çeşitleri ile yüksek derecede hassas Harmankaya99 ve ES14 çeşitlerinin melezlenmesiyle elde edilen F₂ popülasyonlarına hem fide hem de ergin bitki döneminde fenotipik testler uygulanmıştır. Toplumun en uç (ekstrem) dayanıklı ve hassas bireyleri seçilerek bulk segregant analysis (BSA) stratejisi kurgulanmış ve 78 EST-SSR ile 50 ISSR primeri taranmıştır. İstatistiksel polimorfizm sonuçları, PI178383 × Harmankaya99 popülasyonunda EST-SSR kaynaklı Pk54 primerinin yalnızca dayanıklı ebeveyn ve sahadaki dayanıklı F₂ segregantlarında spesifik bir bant ürettiğini kesin olarak göstermiştir. Bu bulgu, gen ekspresyon dizilerinden elde edilen Pk54 markörünün sarı pas dayanıklılık geni ile sıkı sıkıya bağlı olduğunu ve MAS programlarında yüksek bir tanısal güce sahip olduğunu ortaya koymuştur.

Liu vd. (2010), Çin'in Xinjiang bölgesinde yaygın olarak yetiştirilen buğday çeşitlerinde, kalıcı sarı pas dayanıklılığı sağlamak için kritik olan Yr genlerinin dağılımını belirlemek amacıyla 17 farklı gen spesifik moleküler markör ve yeni geliştirilen KASP (Kompetitif Allel Spesifik PCR) markörlerini bir arada kullanmıştır. Toplam 82 buğday çeşidinde Yr5, Yr9, Yr10, Yr15, Yr17, Yr18, Yr26, Yr30, Yr52, Yr78 ve Yr80 gibi geniş bir gen paneli araştırılmıştır. Yapılan fonksiyonel analizler, özellikle yazlık buğday çeşitlerinde Yr5 ve Yr15 genlerinin tespit oranlarının %97'nin üzerinde olduğunu göstermiştir. Çalışmanın en çarpıcı bulgusu ise, genotiplerin büyük çoğunluğunun (%85,37) tek bir gene dayanmak yerine en az altı farklı gen kombinasyonunu (piramit yapısını) taşıdığının moleküler olarak kanıtlanmasıdır. Bu durum, hastalık salgın bölgelerinde MAS kullanılarak oluşturulan gen piramitlemesinin kalıcı dayanıklılık açısından taşıdığı stratejik önemi doğrulamıştır.

Li vd. (2011), Afganistan gibi hastalık gen merkezlerinden köken alan PI 181434 yerel buğday hattını, tamamen duyarlı bir çeşit olan Avocet ile melezleyerek 103 bireyden oluşan klasik bir F₂ haritalama popülasyonu geliştirmiştir. Hem tarla ortamında hem de

kontrollü sera koşullarında gerçekleştirilen enfeksiyon çalışmalarında, popülasyondaki dayanıklılığın PI 181434 genotipinden aktarılan dominant kalıtıma sahip tek bir majör gen tarafından kontrol edildiği fenotipik olarak ispatlanmıştır. Dayanıklılık geninin genom üzerindeki lokasyonunu belirlemek amacıyla RGAP ve SSR markörleri kullanılarak yürütülen ince haritalama (fine mapping) sonucunda; söz konusu genin hekzaploid buğdayın 3D kromozomunun uzun kolu (3DL) üzerinde konumlandığı saptanmıştır. Daha önce bu spesifik genomik bölgede tanımlanmış herhangi bir dayanıklılık lokusu bulunmadığından, haritalanan bu yeni gen literatüre *Yr45* adıyla kazandırılmıştır.

Akgören Palabıyık ve Poyraz (2022), Türkiye'deki ekmeklik buğday çeşitlerinde sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili *Yr* genlerini tespit etmede kullanılan gen-spesifik (fonksiyonel) markörlerin teşhis güvenilirliğini (etkinliğini) değerlendirmek amacıyla eleştirel bir araştırma yürütmüştür. Çalışmada 20 ekmeklik buğday çeşidi üzerinde; *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr26*, *Yr29*, *Yr36*, *Yr48*, *Yr51* ve *YrCH52* genleri için literatürde daha önce tanımlanmış spesifik SSR ve fonksiyonel markörler (*Xgwm582*, *RgaYr10a*, *Barc101* vb.) PCR yöntemiyle analiz edilmiştir. Elde edilen markör profilleri saha testleri ile karşılaştırıldığında; bazı markörlerin genotiplerin hastalık dirençlerini kusursuz olarak ayırt ettiği, ancak *RgaYr10a*, *Xgwm413* ve *Cfa2149* gibi markörlerin tüm çeşitlerde (duyarlı hatlar dahil) aynı pozitif bantı ürettiği saptanmıştır. Bu bulgu, her markörün hedef bölgeyi aynı spesifiklikte tanıyamadığını ve homozigot/heterozigot ayrımını doğru yapamadığını göstererek, MAS programları kurgulanırken kullanılacak fonksiyonel markörlerin çok titiz bir doğrulama (validasyon) işleminden geçmesi gerektiğini bilimsel olarak ispat etmiştir.

Bariana vd. (2022), Avustralya buğday ekiliş alanlarında sarı pasa karşı oldukça yüksek bir dayanıklılık gösteren 'VL Gehun 892' çeşidinin genetik savunma temelini ortaya koymak amacıyla hassas 'Westonia' çeşidi ile oluşturduğu segregasyon popülasyonlarını incelemiştir. Rekombinant saf hat (RIL) popülasyonlarında ve F_2 - F_3 generasyonlarında yapılan analizler, dayanıklılığın birbirinden bağımsız iki monogenik yapı tarafından kontrol edildiğini doğrulamıştır. Bulk segregant analizi (BSA) ve ileri teknoloji 90K SNP genotipleme platformu kullanılarak yapılan haritalama verileri sonucunda; bu iki bağımsız genin sırasıyla 3D ve 7B kromozom kollarında konumlandığı kanıtlanmış ve bu yeni genler *Yr66* ve *Yr67* olarak tescillenmiştir. Araştırmacılar, GWAS ve haritalama süreçlerinin ardından bu genetik bölgelere doğrudan özgü polimorfik KASP (Kompetitif Allel Spesifik PCR) markörlerini başarıyla geliştirerek, bulgularını

pratik buğday ıslahında (MAS) doğrudan kullanılabilecek değerli moleküler tanı kitleri formuna dönüştürmüşlerdir.

Khan vd. (2022), Pakistan ve çevre coğrafyalarda sarı pas hastalığına karşı yüksek dayanıklılık sergileyen buğday çeşitlerinin geliştirilme sürecini hızlandırmak amacıyla, ebeveyn hatlar ve 8×8 tam diallel melezleme yöntemiyle elde edilen 56 adet F₁ hibritini hem tarla hem de moleküler düzeyde değerlendirmiştir. İki farklı ekolojik çevrede yürütülen fenotipik değerlendirmeler (FRS ve rAUDPC ölçümleri) sonucunda, 41 F₁ hibritinde yüksek düzeyde kısmi dayanıklılık sergilenmiştir. Fenotipik bulguların moleküler analizi kapsamında, fonksiyonel markörler kullanılarak yapılan PCR analizleri; popülasyonda sarı pas direncinden sorumlu *Yr5* geninin %76, *Yr17* geninin %78 ve *Yr18* geninin %37 frekansla bulunduğunu kanıtlamıştır. Araştırma, en yüksek dayanıklılık skorlarına sahip hibrit hatların bu genleri tekil olarak değil; iki veya üç genin aynı anda aktarıldığı çoklu gen kombinasyonları (gene pyramiding) şeklinde barındırdığını doğrulamış ve markör destekli seçimin piramitleme çalışmalarındaki mutlak başarısını ortaya koymuştur.

Mallick vd. (2022), buğday genetiğinde en zorlu ıslah stratejilerinden biri olan türler arası introgresyonu (inter-specific hybridization) Markör Destekli Geri Melezleme (MABC) tekniğiyle başarmışlardır. Çalışmada, genetik bir donör olan makarnalık buğday çeşidi 'Trinakria'dan (*Triticum turgidum* var. *durum*), tarımsal önemi yüksek hekzaploid ekmeklik buğday çeşidi 'HD2932'ye yaprak pası (*LrTrk*) ve sarı pas (*YrTrk*) genleri aktarılmıştır. Tetraploid donör ile hekzaploid ebeveynin melezlenmesinden doğan pentaploid F₁ bitkileri üzerinden yürütülen her bir geri melezleme aşamasında; hedef genlerin introgresyonu için *Xgwm234* markörü ile "ön plan (foreground) seleksiyonu", agronomik özellikleri korumak için ise 86 farklı SSR markörü ile "arka plan (background) seleksiyonu" uygulanmıştır. Bu moleküler kurgu sayesinde BC₂F₂ generasyonunda tekrarlayan ebeveyn genomunun (RPG) geri kazanım oranı %98,25 gibi eşsiz bir düzeye ulaşmıştır. Sonuç olarak geliştirilen 27 adet yakın izogenik hat (NIL), *LrTrk* ve *YrTrk* genlerinin birlikte (bağlantılı) kalıtıldığını fenotipik olarak doğrulamış ve MAS tekniğinin poliploid düzeyler arası gen transferindeki gücünü kesinleştirmiştir.

Baloch vd. (2024), Türk ve Kazak buğday genotiplerinde geniş spektrumlu dayanıklılık sağlayan ve evrimsel olarak kinaz-pseudokinaz yapısına sahip olan kritik *Yr15* geninin varlığını belirlemek amacıyla uluslararası bir moleküler tarama çalışması kurgulanmıştır. KASIB araştırma ağı ve ulusal programlardan sağlanan toplam 233 kültür buğdayı (ekmeklik ve makarnalık) çeşidi ile 127 adet yabani emmer buğdayı (*Triticum*

dicoccoides) genotipi fonksiyonel markörlerle taranmıştır. İstatistiksel olarak çarpıcı bir sonuç olarak; incelenen 233 adet modern kültür buğdayı çeşidinin hiçbirinde *Yr15* genine ait pozitif bir amplifikasyon bulgusu saptanmamıştır. Ancak, Türkiye coğrafyasından (özellikle Karacadağ bölgesi) toplanan 127 yabancı *T. dicoccoides* genotipinin %70,07 gibi çok büyük bir kısmında bu majör direnç geninin varlığı moleküler düzeyde doğrulanmıştır. Bu keşif, kültür çeşitlerinde yitirilen genetik bağışıklığın ancak yabancı gen havuzlarının MAS yöntemleriyle ıslah programlarına entegre edilmesiyle kazanılabileceğini vurgulayan temel bir kaynak olmuştur.

Abbas vd. (2024), Pakistan ve Güneybatı Çin kökenli geniş genetik havuzu temsil eden 349 buğday genotipinde sarı pas dayanıklılığının seviyesini ve bu genotiplerde sabitlenmiş olan dayanıklılık genlerinin allelik dağılımını araştırmıştır. Genotipler, mevcut tüm literatürdeki en etkin genetik bölgeleri temsil eden 13 farklı majör dayanıklılık geni (*Yr5*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr26*, *Yr29*, *Yr30*, *Yr36*, *Yr48*, *Yr65* ve *YrSp*) için fonksiyonel moleküler markörler kullanılarak profillenmiştir. Saha koşullarındaki hastalık okumaları ve markör analizleri eşleştirildiğinde; modern Chuanyu hatlarında özellikle *Yr17*, *YrSp* ve *Yr48* genlerinin daha baskın olduğu tespit edilmiştir. İstatistiksel modellemeler, sahada çok daha dirençli fenotipler sergileyen genotiplerin, direnç genlerini tekil değil; *Yr26+Yr48*, *Yr29+Yr5* ve *Yr30+Yr17* gibi spesifik fonksiyonel kombinasyonlar (epistatik etkileşimler) halinde taşıdığını kanıtlamış ve markör destekli çoklu gen piramitlemesinin kalıcı direnç oluşturmadaki mutlak gerekliliğini ortaya koymuştur.

Liu vd. (2025), sarı pas hastalığına karşı patojen mutasyonlarından etkilenmeyecek kalıcı ve uzun ömürlü bir dayanıklılık mekanizması oluşturmak amacıyla Markör Destekli Seleksiyon (MAS) tekniğini en üst düzey gen piramitleme stratejisiyle birleştirmiştir. Çalışmada, agronomik potansiyeli çok yüksek olan Chuanyu12 çeşidi ana arka plan ebeveyni olarak kullanılmış; moleküler markör yönlendirmesiyle bu çeşidin genomuna 3 ila 8 arasında değişen sayılarda *Yr* dayanıklılık geni başarıyla introgrese edilmiştir. Yeni geliştirilen piramit hatlar, güncel ve son derece agresif Pst ırklarına karşı sahada değerlendirildiğinde; genomda biriken *Yr* gen sayısı ile sarı pas toleransı arasında istatistiksel olarak doğrudan ve pozitif bir ilişki ($p<0,001$) olduğu bulunmuştur. Moleküler profillemeler, özellikle *Yr15*, *Yr62* ve *Yr65* genlerinin güncel varyantlara karşı yüksek koruma sağladığını ve dört veya daha fazla genin aynı genomda birleştirilmesinin eklemeli (additif) etki yaratarak agronomik verimden hiçbir kayıp verdirtmeden bitkiye tam bağışıklık sağladığını göstermiştir.

Ochilov vd. (2025), yüksek verimli ekmeklik buğday hatlarının verim kalitesinden ödün vermeden sarı pas enfeksiyonuna dirençli hale getirilmesi amacıyla Markör İşaretleyici Destekli Geri Melezleme (MABC) yöntemini kullanarak yeni nesil genotipler geliştirmiştir. Projede, endüstriyel potansiyeli yüksek 'Grom' çeşidine, hastalık direnciyle bilinen donör ebeveynlerden *Yr10* ve *Yr15* majör dayanıklılık genleri aktarılmıştır. Oluşturulan F₁ bitkileri üzerinden yürütülen melezleme döngülerinde; *Xpsp3000* ve *Barc008* mikrosatellit markörleriyle ön plan seleksiyonu uygulanarak hedef genler izlenmiş, paralel uygulanan arka plan moleküler analizleri sayesinde ise BC₂F₂ hatlarında ana ebeveyn Grom'un başak uzunluğu ve tane ağırlığı gibi kantitatif agronomik özellikleri güvence altına alınmıştır. Laboratuvar destekli yürütülen bu MABC stratejisi sonucunda, yapay ve yoğun hastalık inokülasyonu altında dahi enfeksiyon tipi 0 (tam direnç) gösteren ve homozigot allelleri barındıran %100 dayanıklı BC₂F₃ ıslah hatları sektöre kazandırılmıştır.

2.4.5.3. Yeni nesil genomik yaklaşımlar: QTL, GWAS ve Transkriptomik analizler

Geleneksel markör teknolojilerinin yanı sıra, son yıllarda bitki genetiğinde yaşanan devrim niteliğindeki gelişmelerle birlikte yüksek verimli (high-throughput) NGS (Yeni Nesil Dizileme) platformları (DArTseq, Illumina SNP çipleri vb.) ve omik teknolojiler buğday ıslahına tam entegre edilmiştir. Bu yenilikçi sistemler sayesinde sarı pas dayanıklılığının genetik mimarisi; Genom Çapında İlişkilendirme Çalışmaları (GWAS), Kantitatif Özellik Lokusu (QTL) ince haritalamaları ve transkripsiyon düzeyindeki gen ifade (RNA-Seq) analizleriyle çok daha detaylı ve yüksek çözünürlüklü olarak aydınlatılmaktadır.

Genievskaya vd. (2020), ekmeklik buğdayda yaprak pası (LR), sap pası (SR) ve sarı pas (YR) hastalıklarına karşı kalıtsal dayanıklılıkla ilişkili genomik lokusları keşfetmek amacıyla Güney Kazakistan tarla ekolojisinde geniş bir Genom Çapında İlişkilendirme (GWAS) araştırması yürütmüştür. Çalışma paneli; Kazakistan, Rusya, Avrupa, ABD, Kanada, Meksika ve Avustralya kökenli, son derece geniş bir hastalık reaksiyonu profili sunan toplam 215 farklı buğday genotipinden oluşturulmuştur. Genotiplerin moleküler karakterizasyonu için yüksek teknoloji 20K Illumina iSelect çip platformu kullanılarak elde edilen dizilimlerden 11.510 adet bilgilendirici SNP (Tek Nükleotid Polimorfizmi) markörü istatistiksel analizlerde değerlendirilmiştir. İki ardışık yıl süren şiddetli tarla fenotiplemleri ve SNP verilerinin birleştirilmesi sonucunda;

yaprak pası için 23, sap pası için 14 ve sarı pas için 8 olmak üzere hastalığa tolerans sağlayan toplam 45 anlamlı Markör-Özellik ilişkisi (MTA) tanımlanmıştır. Çalışma, GWAS yaklaşımının literatürde daha önce saptanmamış (yeni) direnç gen bölgelerini başarıyla keşfettiğini kanıtlayarak gen piramitleme programlarına çok sayıda yeni nesil allel kaynağı kazandırmıştır.

Cheng vd. (2020), Güneybatı Çin coğrafyasına adapte olmuş buğday genotiplerinde kalıcı sarı pas dayanıklılığını sağlayan spesifik genomik bölgeleri yüksek doğrulukla konumlandırmak üzere GWAS stratejisini uygulamıştır. Ağırlıklı olarak kışlık buğday hatlarından oluşan 120 farklı genotip; patojen baskısının çok yüksek olduğu hem sera koşullarında hem de çok yıllık tarla denemelerinde hastalık şiddeti açısından ölçülmüştür. Bu fenotipik okumalar, popülasyondan izole edilen genomik DNA'nın yüksek yoğunluklu 90K SNP dizilimi platformunda taranmasıyla elde edilen varyasyon verileriyle istatistiksel olarak birleştirilmiştir. GWAS sonuç analizleri, sarı pas hastalık dayanıklılığı ile pozitif yönde ve istatistiksel olarak son derece anlamlı bir biçimde ilişkili toplam 16 SNP lokusunu ortaya çıkarmıştır. Bu markörlerden özellikle kromozom 1B, 4A ve 6A üzerinde pozisyon alan üç spesifik SNP'nin, bölgede yaygın olarak görülen en agresif Pst ırklarına (özellikle V26 patotipleri grubu) karşı güçlü bir koruma sağladığı tespit edilmiş ve bu bölgelerin moleküler ıslah programlarında hedef QTL'ler olarak kurgulanabileceği kanıtlanmıştır.

Li vd. (2020), hekzaploid buğdaylarda detaylandırılmış olan genetik mekanizmaların poliploid akrabalarındaki (durum buğdayı) evrimsel yansımalarını ve Erişkin Bitki Dönemi (APR) sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genomik bölgeleri belirlemek amacıyla kapsamlı bir QTL haritalama projesi yürütmüştür. Stewart ve Bansi makarnalık buğday çeşitleri arasında oluşturulan büyük melez haritalama popülasyonu, çok yıllı arazi tarla denemelerinde ardışık fenotipik analizlere tabi tutulmuştur. İstatistiksel varyans ve QTL konumlandırma analizleri, Stewart ebeveyninden introgrese edilen iki çok majör dayanıklılık lokusunun varlığını doğrulamıştır. Bu lokuslardan ilkinin kromozom 1BL üzerinde konumlandığı ve ekmeklik buğdayda bilinen ünlü pleiotropik *Yr29/Lr46/Sr58/Pm39* çoklu dayanıklılık bölgesiyle tam örtüştüğü saptanmıştır. Araştırmanın asıl büyük keşfi ise kromozom 3BL üzerinde konumlanan ikinci QTL'in ince haritalaması (fine mapping) sonucunda, ekmeklik buğday genetiğinde bilinen *Yr80* lokusuna komşu olduğunun ispatlanması ve durum buğdaylarındaki segregasyon sapmalarının aydınlatılması olmuştur.

Alemu vd. (2021), dünyadaki en önemli makarnalık buğday genetik merkezlerinden biri olan Etiyopya kökenli yerel germplazm materyallerinde sarı pasa tolerans sağlayan genomik bölgeleri lokalize etmek amacıyla geniş ölçekli bir GWAS analizi gerçekleştirmiştir. Aralarında 261 yerel landrace ve 39 kültür çeşidinin bulunduğu tam 300 genotip; Meraro, Kulumsa ve Chefe Donsa gibi birbirinden farklı hastalık baskı seviyelerine sahip üç lokasyonda ardışık yıllar boyunca Modifiye Cobb skalası ile okumaya alınmıştır. İleri nesil 35K Axiom Array genotipleme sisteminden elde edilen yüksek kaliteli 7.093 polimorfik SNP markörü kullanılarak gerçekleştirilen ilişkilendirme analizleri sonucunda; istatistiksel eşiği (FDR) aşan ve sarı pas direncini mutlak surette etkileyen 1A, 1B, 2B ve 5A kromozomlarında yerleşik 11 anlamlı SNP bölgesi tanımlanmıştır. Biyoinformatik taramalar, özellikle kromozom 1B'de varyasyonun %64'ünü açıklayan ve bünyesinde bitki bağışıklık sisteminin temeli olan NBS-LRR sınıfı R-genlerini barındıran lokusların keşfini sağlamıştır.

Draz vd. (2021), klasik segregasyon popülasyonlarının neden olduğu genetik gürültüyü (rekombinasyon karmaşasını) ortadan kaldırarak sarı pas dayanıklılığını net bir şekilde haritalamak adına, Alman federal ex situ gen bankasından özenle seçilen yerel kaynaklardan iki farklı Katlanmış Haploid (Doubled Haploid - DH) yazlık buğday popülasyonu geliştirmiştir. Popülasyonlar Almanya ve Mısır'daki tarla testlerinin yanı sıra kontrollü sera alanlarında fide dönemi hastalık direnci açısından da ölçülmüştür. Elde edilen saf genomik hatlar, 15K Infinium yüksek çözünürlüklü SNP genotipleme platformu ile taranmıştır. İleri istatistiksel hesaplamalar, birinci DH popülasyonunun 1B kromozomunda, fenotipik varyasyonun %39'unu açıklayan ve İran kökenli bir genotipten aktarıldığı saptanan muazzam güçte majör bir lokusun (*Yr10* gen bölgesi) varlığını tespit etmiştir. Çalışma, Genotip x Çevre (GxE) etkileşiminin lokusların ekspresyonundaki rolünü ispatlayarak, gen bankası erişimlerinin GWAS ve QTL modellemeleri yardımıyla nasıl endüstriyel çeşit geliştirme projelerine entegre edilebileceğini mükemmel bir sistemle göstermiştir.

El Messoadi vd. (2022), özellikle kuraklık ve hastalık baskısının yüksek olduğu bölgelere adapte olmuş yazlık ekmeklik buğday genotiplerinde, bitkinin tüm yaşam döngüsü boyunca koruma sağlayan erişkin bitki dönemi sarı pas direncini (APR) analiz etmek amacıyla genom çapında yüksek hacimli bir GWAS analizi kurgulamıştır. Uluslararası ICARDA araştırma merkezinin koşullarında test edilen 196 elit buğday hattı, iki yıl boyunca ağır hastalık baskısı altında saha testlerine tabi tutulmuştur. Genotiplerden elde edilen DNA örnekleri, genomik çeşitliliği çok iyi yansıtan 10.477 SNP markörü

kullanılarak dijital olarak profillenmiştir. Karışık Lineer Modellemeler (MLM) içeren GWAS analizleri; 2A, 2B, 2D ve 7B kromozomlarında sarı pas bağışıklık sistemiyle (NBS-LRR protein kaskadları) fonksiyonel olarak mutlak bir korelasyon gösteren 23 adet SNP markörü tespit etmiştir. Çalışmanın en özgün katkısı, literatürde iyi bilinen *Yr17* allellerinin tespitinin ötesinde; 7B ve 2D kromozomları üzerinde buğday genetiği literatüründe daha önce hiçbir araştırma grubu tarafından rapor edilmemiş tamamen yeni genomik hastalık direnci lokuslarının keşfedilmesidir.

Mourad vd. (2021), Mısır buğday üretimini ciddi bir yıkıma uğratan yeni ve agresif sarı pas patotiplerine karşı geniş spektrumlu Erişkin Bitki Dönemi Direnci (APR) sunan genomik lokusların keşfi maksadıyla, DArT (Diversity Arrays Technology) tabanlı genomik haritalama teknolojisini kullanmıştır. Mısır yerel türleri dahil 19 farklı küresel üretim merkezinden özenle bir araya getirilmiş 95 buğday genotipi, 2018-2020 yetiştirme sezonlarında tarla fenotiplemelerine dahil edilmiştir. Genotiplerin moleküler veri haritaları, tüm genom yapısına homojen biçimde dağılan 424 spesifik DArTsekans markörü üzerinden çıkarılmıştır. İstatistiksel Tekli Markör Analizleri (SMA); yüksek istatistiksel güvenilirlikle ($P < 0.05$) sarı pasa reaksiyon gösteren 13 spesifik DArT markör bölgesinin varlığını kanıtlamıştır. Elde edilen markör varyasyon verilerinin kromozomal hizalaması sonucunda, bilhassa 5A ve 5B gen kollarında doğrudan biyotik stres savunma mekanizmasını regüle eden yepyeni aday gen bölgeleri literatüre duyurulmuş ve uygun ebeveyn kombinasyonları için ıslah programlarına veri sunulmuştur.

Tehseen vd. (2021), dünya buğday ekosistemlerinde büyük panik yaratan aşırı virulent PstS2 ve Warrior sarı pas ırklarının üstesinden gelebilecek kayıp genetik allelleri bulmak gayesiyle, dünyanın sekiz farklı coğrafyasından toplanmış ve ICARDA gen bankalarında korunan tam 600 adet ekmeklik buğday yerel çeşidi (landrace) üzerinde devasa bir GWAS modeli inşa etmiştir. İlişkilendirme paneli, Türkiye'deki (İzmir) bölgesel test merkezinde üç yıl süren ardışık testlerle hem fide hem de yetişkin dönem enfeksiyon okumalarına alınmıştır. Genom genelindeki bağlantı (linkage) kargaşasını çözmek için tam 25.169 adet bilgilendirici SNP markörü kullanılmıştır. Yanlış Keşif Oranını (FDR) son derece hassas ayarlayan Karışık Lineer Model (MLM), 19 farklı kromozom üzerinde dağılım gösteren 47 muazzam SNP-fenotip eşleşmesi yakalamıştır. Modelin çıktıları, mevcut literatürdeki hiçbir *Yr* genine karşılık gelmeyen, biyolojik olarak tamamen yeni QYr.1D-APR, QYr.3A-seedling ve QYr.7D-seedling lokuslarını gün yüzüne çıkararak yerel çeşitlerin taşıdığı evrimsel hazineyi somutlaştırmıştır.

Tomar vd. (2021), yüksek verimli ekmeklik buğday hatlarında çok lokasyonlu tarla okumalarının (G x E etkileşimi) sebep olduğu fenotipik sapmaları ortadan kaldırarak gerçek hastalık direnç potansiyelini tahminlemek amacıyla Genom Çapında İlişkilendirme (GWAS) ve makine öğrenmesi destekli Genomik Tahmin (GP) yöntemlerini entegre etmiştir. CIMMYT (Uluslararası Mısır ve Buğday Geliştirme Merkezi) materyali olan 141 elit buğday hattı, üç ardışık yıl boyunca yüksek hastalık yoğunluğunda analiz edilmiş ve 14.563 tekil SNP markörü ile genomik okumaya alınmıştır. İleri genetik varyans hesaplamalarında; standart GBLUP modelleri 0.59 tahmin keskinliği verirken, makine öğrenimi temelli Rastgele Orman (Random Forest) ve EGBLUP algoritmalarının buğdaydaki kantitatif hastalık toleransını tahminleme doğruluğu çok yüksek bir oran olan %63'e ulaşmıştır. İkinci aşamada uygulanan FarmCPU GWAS modellemesi, dört tanesi (özellikle Q.Yr.bisa-2A.1 ve Q.Yr.bisa-5B.2) literatür için benzersiz nitelikte olan toplam 8 fonksiyonel genetik QTL tanımlayarak veri destekli akıllı ıslahın öncül modelini çizmiştir.

Vikram vd. (2021), modern buğday ıslahında yaşanan genetik dar boğazı kırmak için, az yararlanılmış Meksika ekmeklik buğday yerel çeşitlerindeki (Creole buğdayları) hastalık direnci mimarisini GWAS metodolojisi ile derinlemesine incelemiştir. Hindistan, Meksika ve Kenya ekolojilerini kapsayan kıtalar arası testlerde; 1.098 adet devasa bir genotipten oluşan koleksiyon, doğal sarı pas ve kara pas baskısı altında fenotiplenmiştir. Temel Bileşenler Analizi (PCA), bu büyük koleksiyonun evrimsel coğrafyasına göre 3 net alt popülasyona bölündüğünü göstermiş ve genom çapındaki Bağlantı Dengesizliği (LD) bozulma ortalaması 23 Mb olarak hesaplanmıştır. Kapsamlı SNP haritalaması, kromozom 1BL ve 3BS üzerinde yer alan pleiotropik (çok işlevli) *Yr29/Lr46/Sr58* gen komplekslerinin her iki hastalığa aynı anda additif x additif epistatik etkilerle koruma sağladığını şüpheye yer bırakmayacak biçimde kanıtlamış; buna ek olarak sarı pas bağışıklığı için 1AL, 2BS ve 3BL gen kollarında evrimsel olarak yeni lokuslar teşhis edilmiştir.

El Messoadi vd. (2022), kuraklık ve sıcaklık stresine toleransları yüksek olan Kuzey Afrika yazlık buğday hatlarının sarı pasa karşı gösterdikleri direnç mekanizmalarının moleküler altyapısını çözmek hedefiyle ileri seviye GWAS tasarımları kullanmıştır. Çalışmaya konu olan 426 adet elit genotip paneli, ICARDA'nın Fas'taki Merchouch istasyonunda iki büyüme sezonu boyunca erişkin dönemi tarla reaksiyonları bazında puanlanmıştır. Popülasyondaki fenotipik veriler, 5.176 farklı ve son derece polimorfik DArT (Diversity Arrays Technology) markörü kullanılarak çözümlenmiştir.

Fenotipik sınıflandırmalar, materyalin %51'inin oldukça dirençli grupta yer aldığını göstermiştir. Olası genetik sapmaları engelleyen Karışık Lineer Modeller (MLM), 1B, 2B ve 7B kromozom bölgeleri üzerinde gen ekspresyonlarıyla istatistiksel mutlak ilişki gösteren 3 güçlü markör tanımlamıştır. Biyoinformatik BLAST incelemeleri, kromozom 2B markörünün bilinen QYrid.ui-2B.1 bölgesi ile tam homoloji gösterdiğini, diğer iki markörün ise Pst virülensine karşı tamamen yeni direnç adayları olduğunu doğrulamıştır.

Liu vd. (2020), moleküler biyolojideki devrim niteliğindeki Omik (Transcriptomics) teknolojilerinden yararlanarak, sarı pas patojeni (Pst) hücreye girdiği anda buğdayın enfeksiyona verdiği savunma reaksiyonlarını RNA ve gen ekspresyonu (ifadesi) seviyesinde inceleyen bir araştırma gerçekleştirmiştir. Hastalığa çok hassas olan "Chuanyu12" çeşidi yapay inokülasyon işleminden geçirildikten 24, 48, 72 saat ve 7 gün sonra hücrelerden toplanan mRNA dizileri yüksek kapasiteli RNA-Seq okuyucularında kodlanmıştır. Son derece karmaşık bu transkriptom haritalaması sonucunda; patojenin bitkideki karbon metabolizması ve ışık toplama kompleksini sağlayan fotosentetik ATPaz gen ağını sistematik olarak baskılayıp kapattığı net bir biçimde görüntülenmiştir. Ancak bu duruma karşılık, bitkinin kendi savunma hattı olan Salisilik Asit (SA) ve Jasmonik Asit (JA) sinyal molekül yollarını aktive ederek etilen, lignin ve flavonoid biyosentezi kaskadlarını çalıştırdığı ve patojene karşı hücre içi bir moleküler savaş mekanizması kurduğu (Diferansiyel Gen Ekspresyonu-DEG modeliyle) aydınlatılmıştır.

Zülfüağaoğlu (2022), hekzaploid buğday genetiğinde rekombinasyonların oluşturduğu verisel kirliliği ve epistatik etkileşimleri arındırarak sarı pasın özellikle virulent Yr5 ırkına karşı direnç kalıtımını tespit edebilmek üzere saf hat Katlanmış Haploid (Doubled Haploid - DH) popülasyon modellemesini kullanmıştır. Genetik mimarisi bilinen dayanıklı 16CB-APR6 ebeveyni ile tamamen duyarlı Avocet S ebeveyninin füzyonundan oluşan DH bireyleri, hem iklim kontrollü sera fide döneminde hem de tarla erişkin döneminde yapay Pst inokülasyonu ile zorlanmıştır. Fenotipik varyans parametreleri, fide aşamasında incelenen popülasyonun %60,71'lik bir oranla Yr5 patotipine direndiğini ve en kritik veri olarak bu direncin ardındaki dar anlamda kalıtım (heritabilite) derecesinin %85,22 gibi olağanüstü genetik bir oranda olduğunu matematiksel olarak kanıtlamıştır. Biyometrik genetik çözümlemeler, bitki ergin döneme geçtiğinde direnç seviyesinin %48,57'ye gerilediğini ve bu evredeki kalıtımın tek bir genden ziyade, en az iki kantitatif gen bölgesinin birbirleriyle girdiği güçlü epistatik etkileşimler tarafından regüle edildiğini doğrulamıştır.

Iqbal vd. (2023), yazlık buğday endüstrisini tehdit eden ve verimi ciddi biçimde sınırlandıran sarı pas, yaprak pası, yaprak lekesi ve karaleke gibi çok sayıda yıkıcı yaprak hastalığının genomik arka planını, "Uluslararası Buğday Genom Dizileme Konsorsiyumu (IWGSC) RefSeq v2.0" fiziksel harita referansını kullanarak çözümler getiren devasa bir QTL haritalama araştırması kurgulamıştır. Peace/Carberry ve Attila/CDC Go ebeveyn gruplarından doğan çok sayıda alt popülasyon (RIL), hastalık şiddeti verileri için 8 farklı coğrafi stres çevresinde analiz edilmiştir. Analitik süreçte kullanılan ve 3.158 ile 5.732 markörden oluşan iki yoğun fiziksel harita sayesinde; tek bir analizde toplam 82 adet Hastalık Direnci Kantitatif Özellik Lokusu (QTL) genom üzerine kusursuzca konumlandırılmıştır. Bulunan bu QTL'lerin 29 tanesinin her coğrafyada stabil şekilde çalıştığı ve Q_{Lr}.dms-2D.2, Q_{Yr}.dms-5B.2 gibi hayati gen dizilerinin her iki popülasyonda da çoklu hastalıklara eş zamanlı koruma kalkanı sunduğu, fiziksel haritalama tekniklerinin rakipsiz gücüyle ispat edilmiştir.

Kokhmetova vd. (2023), hastalık bağışıklık mekanizmasının en temel iki evresi olan fide dönemi direncini (ASR) ve ergin bitki dönemi direncini (APR) aynı anda kontrol eden biyolojik yolları (pathway) ortaya koymak üzere kışlık buğday RIL popülasyonlarını (Almaly × Avocet S ve Almaly × Anza) çok yıllı saha çalışmalarında ve Yeni Nesil DArTseq genomik dizileme platformunda araştırmıştır. Fenotipik ölçümler ile genotipik veriler arasında kurulan varyanslarda elde edilen kalıtım (h^2) oranları (0.47 ile 0.98), ölçülen özelliğin devasa bir genetik kontrol altında olduğunu belgelemiştir. Geniş kapsamlı QTL analiz modellemeleri sonucunda, sarı pasa ergin dönemde güçlü tolerans sağlayan 1B, 2A, 2B, 3D ve 4D gen kollarında 9 mutlak stabil QTL ve yaprak pası için ilave 4 stabil QTL varlığı teyit edilmiştir. Analizin son adımında başvuru in silico (biyoinformatik) gen taramaları, bu QTL alanlarının aslında boş DNA dizileri olmadığını; bitkisel savunma mekanizmasını komuta eden sitokrom P450, NAC domainleri ve ünlü WRKY transkripsiyon aktivatörlerini barındıran stratejik komuta gen merkezleri olduğunu tüm detaylarıyla literatüre kazandırmıştır.

Kumar vd. (2023), buğday genetiği alanında her yıl yayınlanan onlarca bağımsız QTL analizinin oluşturduğu bilgi karmaşasını sistematik olarak süzmek ve en mutlak lokusları rafine edebilmek için veri biliminden faydalanan muazzam bir "Meta-QTL" (MQTL) veri füzyon araştırması yürütmüştür. Dünya genelinde yapılmış 101 farklı yüksek kalitede genetik haritalama çalışmasından toplanan tam 505 adet farklı QTL verisi bir havuzda toplanarak; genetik haritalamanın son noktası sayılan 138.574 işaretleyiciye sahip devasa bir konsensüs (ortak) harita üzerine bilgisayar modelleriyle yansıtılmıştır.

Gerçekleştirilen bu ileri meta-analiz algoritması, dağınık ve geniş aralıklı QTL'leri sadece 1.97 cM (santiMorgan) gibi inanılmaz derecede dar ve spesifik bir güven aralığına sıkıştırarak, sarı pas için en yüksek güvenilirliğe sahip 29 adet MQTL merkezini onaylamıştır. Biyoinformatik aday gen (CG) çözümlemeleri; bu MQTL merkezlerinin daha önceden bilinen *Yr5*, *Yr7*, *Yr16* genleriyle tam örtüştüğünü ispatlamış ve bitki dokularında hastalıklara karşı doğrudan savunma reaksiyonu tetikleyen 59 adet yepyeni aday gen modelini omik araştırmalarının hizmetine sunmuştur.

Shabbir (2023), genetik çözümlemelerde karmaşık varyans faktörlerini (epistazi, çoklu gen etkileşimleri) eleyerek saf matematiksel kalıtım sonuçları veren Katlanmış Haploid (DH) popülasyon sistemini kullanmak suretiyle sarı pasın ergin bitki dayanıklılığına ait moleküler mimariyi haritalandırmıştır. Oldukça zorlu *Yr5* Pst ırkı kullanılarak yapılan fenotipik provokasyon testlerinde, genetik altyapısı sağlam 16CB-APR6 genotipi ile duyarlı Avocet S çeşidinin çaprazlamasından meydana getirilen 132 saf genotipli birey ölçüme dahil edilmiştir. Moleküler markörler yardımıyla yürütülen ve fenotip verileriyle kesiştirilen QTL analiz algoritmaları, bitkinin erginlenme döneminde pas enfeksiyonuna karşı direnç göstermesini sağlayan ve tek başına tüm fenotipik varyansın %24,65'i gibi muazzam bir kısmını tek elden yöneten majör (dominant) bir kontrol merkezini yakalamıştır. Bulgular, q.Yr.DH.-1-1 koduyla literatüre eklenen bu spesifik direnç gen bölgesinin buğdayın 2A kromozomu gen kolunda yerleştiğini mutlak olarak saptayarak moleküler seleksiyonda hedef tayin etmiştir.

Grynia vd. (2024), Avrupa kökenli buğday ekilişlerinde genetik direncini yüksek seviyede koruyan çeşitlerin taşıdığı genetik savunma mekanizmalarını son teknoloji omik yaklaşımlarla aydınlatmak üzere DArTseq tabanlı Genom Çapında İlişkilendirme (GWAS) çalışması gerçekleştirmiştir. Uzun süreli saha gözlemleri neticesinde sarı pasa karşı olağanüstü yüksek düzeyde bir bağışıklık profili (direnç) çizdiği ispatlanan “Tobak” çeşidi model organizma olarak kullanılmış ve patojene yüksek duyarlılık sergileyen referans bir ebeveyn ile RIL popülasyonu dizayn edilmiştir. Popülasyondan çıkarılan DNA dizilimleri, yeni nesil silicoDArT ve SNP (Tek Nükleotid Polimorfizmi) enzimatik çiplerinde yüksek yoğunlukta genotiplenmiştir. GWAS regresyon analizleri sonucunda; bitkisel patojen saldırısına karşı hücrel savunma kaskadlarını aktive eden aday gen merkezlerinin yoğunlukla barındığı devasa koruyucu lokusların tespitini moleküler seviyede doğrularak, Markör Destekli Islah stratejilerinde MAS ve Genomik Seçim (GS) programları için son derece hassas veri havuzu oluşturmuştur.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Bitki Materyali

3.1.1. Bitkisel materyal ve DNA ekstraksiyonu

Bu araştırmada bitkisel materyal olarak, Türkiye'de ıslah ve tescil edilmiş 192 adet ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşidi ile bazı yeni ıslah hatları kullanılmıştır. İncelenen genotiplere ait isim, tescil eden kuruluş, tescil yılı ve gelişme tabiatı (yazlık, kışlık, alternatif) gibi detaylı bilgiler Çizelge 3.1’de sunulmuştur. Çizelge incelendiğinde, genotiplerin tescil süreçlerinin 1990’ların sonundan 2025 yılına kadar uzanan geniş bir periyodu kapsadığı görülmektedir. Söz konusu çeşit geliştirme çalışmaları; TAGEM ve TİGEM gibi önde gelen kamu tarımsal araştırma enstitülerinin yanı sıra ulusal ve uluslararası özel tohumculuk firmaları tarafından yürütülmüştür. Materyal listesi agronomik adaptasyon açısından değerlendirildiğinde, genotiplerin ağırlıklı olarak kışlık karakterde olduğu, bunu yazlık ve alternatif tabiatlı çeşitlerin izlediği dikkati çekmektedir. Hem yerel gen kaynaklarını hem de modern ticari hatları barındıran bu kapsamlı genotip havuzu, ülkemizdeki buğday ıslahı programlarının çeşitliliğini yansıtmakta ve özellikle biyotik stres faktörlerine karşı yürütülecek dayanıklılık taramaları için zengin bir genetik altyapı sunmaktadır.

Çizelge 3.1. Çeşitli kurum, kuruluş ve firmalardan toplanan ekmeklik buğday çeşitleri

No	Çeşit İsmi	Tescil Yeri	Tescil Tarihi	Yazlık/ Kışlık/ Alternatif
1	Ali Ağa	BDUTAM	13.04.2017	Alternatif
2	Cömert	AVESA TARIM GIDA VE HAY. LTD.ŞTİ.	8.04.2011	Kışlık
3	Ahmet Ağa	BDUTAM	1.04.2004	Kışlık
4	Selçuklu	BDUTAM	4.05.2020	Kışlık
5	Meke	BDUTAM	4.05.2020	Kışlık
6	Tuğra	BDUTAM	9.04.2019	Kışlık
7	Bayındır	BDUTAM	4.05.2020	Kışlık
8	Ekiz	BDUTAM	1.04.2004	Kışlık
9	Savatra	BDUTAM	5.04.2022	Kışlık
10	Armağan	BDUTAM	14.04.2021	Kışlık
11	Aldane	TTAE	6.04.2009	Kışlık
12	Taner	BDUTAM	13.04.2018	Kışlık
13	Konya 2002	BDUTAM	2.05.2002	Kışlık
14	Şehzade	BDUTAM	13.04.2018	Alternatif
15	Nacibey	GKTAEM	2.04.2008	Kışlık
16	Meltem	ETAE	13.04.2018	Yazlık
17	Zeybek-35	ETAE	5.04.2022	Yazlık

Çizelge 3.1. (devam) Çeşitli kurum, kuruluş ve firmalardan toplanan ekmeklik buğday çeşitleri

18	Beşköprü	MAE	5.04.2007	Alternatif
19	Yunus	GKTAEM	17.04.2012	Kışlık
20	Arifbey	MAE	4.05.2020	Kışlık
21	Özcan	KTAE	1.04.2004	Alternatif
22	Ramisbey	GKTAEM	14.04.2021	Kışlık
23	Tekfen-2038	TEKFEN TARIM A.Ş.	9.04.2019	Kışlık
24	Sakin	KTAE	2.05.2002	Kışlık
25	Toros-1003	TEKFEN TARIM A.Ş.	14.04.2016	Yazlık
26	Rumeli	TRAKYA TARIM LTD.ŞTİ	17.04.2012	Kışlık
27	Sönmez-2001	GKTAEM	24.04.2001	Kışlık
28	Altındane	KTAE	17.04.2012	Yazlık
29	Avşar	BDUTAM	14.04.2021	Kışlık
30	Alparslan	DATAE	24.04.2001	Kışlık
31	Soyer-02	GKTAEM	2.05.2002	Kışlık
32	Zorlu	BDUTAM	14.04.2021	Kışlık
33	Alada	MAE	26.03.2015	Alternatif
34	Müfitbey	GKTAEM	14.04.2006	Kışlık
35	Başkurt	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
36	Albaşak	TTAE	14.04.2021	Kışlık
37	Selimiye	TTAE	6.04.2009	Kışlık
38	Abide	TTAE	9.04.2019	Kışlık
39	Bereket	TTAE	30.03.2010	Kışlık
40	Saban	TTAE	11.04.2014	Kışlık
41	Köprü	TTAE	26.03.2015	Kışlık
42	Damla	TTAE	13.04.2018	Kışlık
43	Eylül	TTAE	4.05.2020	Kışlık
44	Yüksel	TTAE	14.04.2016	Kışlık
45	Tekirdağ	TTAE	30.03.2005	Kışlık
46	Koç-1453	TİGEM	14.04.2021	Kışlık
47	Ahıska	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
48	Kılınç	TİGEM	14.04.2021	Kışlık
49	Bilden	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
50	Yavuz	BDUTAM	9.04.2019	Alternatif
51	Bengisu	TİGEM	14.04.2021	Kışlık
52	Nevzatbey	KTAE	11.04.2014	Kışlık
53	Somuncuoğlu	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
54	Kıpçak	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
55	Karakalpak	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
56	Bozok	TİGEM	14.04.2021	Kışlık
57	Harman-22	TTAE	5.04.2022	Kışlık
58	Anafarta	TTAE	9.04.2019	Kışlık
59	Buhara	BDUTAM	4.05.2020	Alternatif
60	Meta-2002	ETAE	2.05.2002	Yazlık
61	Kayra	ETAE	14.04.2016	Yazlık
62	Egem	ETAE	5.04.2022	Yazlık
63	Nusrat	MAE	26.03.2015	Alternatif

Çizelge 3.1. (devam) Çeşitli kurum, kuruluş ve firmalardan toplanan ekmeklik buğday çeşitleri

64	Hanlı	MAE	5.04.2007	Alternatif
65	Kaynarca	MAE	14.04.2016	Yazlık
66	Karaduman	GKTAEM	14.04.2021	Kışlık
67	Reis	GKTAEM	14.04.2016	Kışlık
68	Çetinel-2000	GKTAEM	28.04.2000	Kışlık
69	Kanatlı	ESKİŞEHİR GKTAEM	5.04.2022	Kışlık
70	Kirve	KTAE	4.05.2020	Yazlık
71	Beyhan	GKTAEM	4.05.2020	Kışlık
72	Acar	MAE	14.04.2016	Alternatif
73	Altuğ	MAE	14.04.2016	Alternatif
74	Metin	MAE	11.04.2014	Kışlık
75	Peçenek	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
76	Gelibolu	TTAE	30.03.2005	Kışlık
77	Canik-2003	KTAE	2.05.2003	Kışlık
78	Ayyıldız	DATEM	8.04.2011	Kışlık
79	Aksungur	GKTAEM	4.05.2020	Kışlık
80	Alpu-2001	GKTAEM	24.04.2001	Kışlık
81	Lavoiser	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
82	Es-26	GKTAEM	30.03.2010	Kışlık
83	Calumet	TİGEM	9.04.2019	Kışlık
84	Prostor	TTAE	26.04.1999	Kışlık
85	Bozkır	BDUTAM	11.04.2014	Kışlık
86	Lucilla	PROGEN TOHUM A.Ş.	13.04.2017	Alternatif
87	Forblanc	ATA TOHUMCULUK A.Ş.	17.04.2012	Kışlık
88	Mirsa	MAEM	9.04.2019	Kışlık
89	Demir-2000	TARM	28.04.2000	Alternatif
90	Gualdelupe	TİGEM	5.04.2007	Alternatif
91	Yüreğir-89	ÇUKUROVA TAE	15.03.2002	Yazlık
92	Aycan			
93	Kırkpınar	TTAE	5.06.2004	Alternatif
94	Bohemia	OSM TOHUMCULUK SAN. TİC. LTD. ŞTİ.	9.04.2019	Kışlık
95	İzgi	TİGEM	16.05.2001	Kışlık
96	Hawk			Kışlık
97	Kirik			Kışlık
98	Atlı-2002	TARM	3.09.2002	Kışlık
99	Nenehatun		24.03.2001	Kışlık
100	Kırmızı Yerli			
101	Zerrin			
102	Tir			Kışlık
103	Türkmen	TARM		Alternatif
104	Kırmızı Kılçık			
105	Zencirci-2002	TARM	01.05.2002	Alternatif
106	Bağcı-2002	BADUTAM	02.05.2002	Kışlık
107	Kılçıksız Buğday			Alternatif
108	Sürak	TARM		Kışlık

Çizelge 3.1. (devam) Çeşitli kurum, kuruluş ve firmalardan toplanan ekmeklik buğday çeşitleri

109	Tosunbey	TARM	1.04.2004	Alternatif
110	Lancer	DATEM		Kışlık
111	Bolal	ANADOLU TAE		Alternatif
112	Conkesme			Kışlık
113	Kutluk-94			Kışlık
114	Koca Buğday			Kışlık
115	Aytın-98	BADUTAM	02.04.2019	Kışlık
116	Polatlı Kösesi	TARM		Alternatif
117	Ak-702			Kışlık
118	Kırgız-95	TARM		Kışlık
119	Ankara	TARM	5.08.2002	Kışlık
120	Sert Buğday			Kışlık
121	Ak Buğday			Alternatif
122	Mızrak	TARM	2000	Kışlık
123	Gün-91	TARM		Alternatif
124	Esperia	TASACO TARIM SANAYİ VE TİC. A.Ş.	8.04.2011	Kışlık
125	Shiro	TASACO TARIM SANAYİ VE TİC. A.Ş.	5.04.2022	Yazlık
126	Alba	TASACO TARIM SANAYİ VE TİC. A.Ş.	5.04.2022	Kışlık
127	Zirve	ATA TOHUMCULUK A.Ş.	29.03.2024	Kışlık
128	Halis	MAE	13.04.2018	Kışlık
129	Miranbey	YILDIZ TARIM PETROL VE TİC. LTD. ŞTİ.	29.03.2024	Yazlık
130	Empire Plus	TEKNOBİLTAR TARIM SAN. VE TİC. A.Ş.	5.04.2022	Yazlık
131	Dekori	YILDIZ TARIM PETROL VE TİC. LTD. ŞTİ.	10.04.2023	Yazlık
132	Şahika	DATEM	4.05.2020	Yazlık
133	Altınbaşak	DATEM	12.04.2013	Yazlık
134	Altınöz	DATEM	26.03.2015	Yazlık
135	Candaş	DATEM	13.04.2017	Yazlık
136	Gazi-38	HEKTAŞ TAŞ.	5.04.2022	Yazlık
137	Yakamoz	DATEM	11.04.2014	Yazlık
138	Gökkan	DATEM	12.04.2013	Yazlık
139	Ekinoks	DATEM	13.04.2017	Yazlık
140	Unika Odeska	MARO TARIM İNŞAAT TİCARET VE SAN. A.Ş.	10.04.2023	Kışlık
141	Tereia	MARO TARIM İNŞAAT TİCARET VE SAN. A.Ş.	10.04.2023	Kışlık
142	Maribo	MARO TARIM İNŞAAT TİCARET VE SAN. A.Ş.	29.03.2024	Kışlık
143	Cihan-100	MEYA TOHUM DAN. TAR. SAN. TİC. LTD. ŞTİ	10.04.2023	Yazlık
144	Marina	MARO TARIM İNŞAAT TİCARET VE SAN. A.Ş.	29.03.2024	Kışlık
145	Bezostaya	AKÇAKAYA TARIM TİC. VE SAN. LTD. ŞTİ.	29.03.2024	Kışlık
146	Artek	HUNTAŞ HAYRABOLU UN SAN. VE TİC. A.Ş.	5.04.2022	Kışlık
147	Axum	HUNTAŞ HAYRABOLU UN SAN. VE TİC. A.Ş.	5.04.2022	Kışlık
148	Huntaş	HUNTAŞ HAYRABOLU UN SAN. VE TİC. A.Ş.	5.04.2022	Kışlık
149	Ulubaş	HEKTAŞ TAŞ.	5.04.2022	Alternatif
150	Kahraman	HEKTAŞ TAŞ.	5.04.2022	Kışlık
151	Süngü	HEKTAŞ TAŞ.	5.04.2022	Yazlık
152	Alicantus	PANKOBİRLİK PANCAR EKİCİLERİ K.B.	10.04.2023	Kışlık
153	Mete-06	TARM	5.04.2022	Kışlık
154	Kutay	TARM	29.03.2024	Kışlık

Çizelge 3.1. (devam) Çeşitli kurum, kuruluş ve firmalardan toplanan ekmeklik buğday çeşitleri

155	Beydili	TARM	29.03.2024	Alternatif
156	Balkır	TARM	5.04.2025	Alternatif
157	Aybars	TARM	29.03.2024	Kışlık
158	Gülfer	TARM	10.04.2023	Kışlık
159	Karacakurt	TARM	5.04.2022	Kışlık
160	Amida	GAP-UİTEM	5.04.2022	Yazlık
161	Hazar	GAP-UİTEM	5.04.2022	Alternatif
162	Ünsal-35	ETAE	5.04.2022	Alternatif
163	Toprak	TTAE	10.04.2023	Kışlık
164	Değirmen	TTAE	10.04.2023	Kışlık
165	Tb-Yaman	TTAE	29.03.2024	Kışlık
166	Trb-2242	TTAE	29.03.2024	Kışlık
167	Sagittoria	TASACO TARIM SANAYİ VE TİC. A.Ş.	24.04.2001	Kışlık
168	Tekfen-1013	TARÜP A.Ş.	13.04.2018	Kışlık
169	Lg-Reventon	LİMAGRAİN TOHUM A.Ş.	10.04.2023	Kışlık
170	Lg-Trafalgar	LİMAGRAİN TOHUM A.Ş.	5.04.2022	Yazlık
171	Lg-Boraja	LİMAGRAİN TOHUM A.Ş.	2025	Yazlık
172	Lg-Ancia	LİMAGRAİN TOHUM A.Ş.	29.03.2024	Kışlık
173	Lg-Acorazado	LİMAGRAİN TOHUM A.Ş.	5.04.2022	Yazlık
174	Lg-Vencador	LİMAGRAİN TOHUM A.Ş.	29.03.2024	Yazlık
175	Avşar I (Resultan)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
176	Avşar I _I (Giorgione)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
177	Avşar I _{II} (Trakivya)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
178	Caso I	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
179	Caso I _I	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
180	Caso I _{IV}	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
181	Caso V (Adonis)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
182	Caso V _I (Michelangelo)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
183	Caso I _X (Jabalcan)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
184	Caso X (Kilobandia)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
185	Caso X _I (Elaya)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
186	Caso X _{II} (Ekonom)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
187	Caso X _{III} (Muna)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
188	Caso X _{IV} (Lazur)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
189	Caso X _{VII} (Caso D)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
190	Caso X _{VIII} (Beyazhan)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
191	Caso X _{IX} (Rebelde)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		
192	Caso X _X (Refikbey)	CASO SEED SAN. TİC. LTD. ŞTİ.		

3.1.2. Çalışmada kullanılan primerler

Çalışmada; Francis vd. (1995), Peng vd. (2000), Ma vd. (2001), Wang vd. (2002), Somers vd. (2004), Luo vd. (2013), Murphy vd. (2009), Singh vd. (2009), Lagudah vd. (2009), Liu vd. (2013) ve Wan vd. (2014) tarafından geliştirilen, literatürdeki birçok

araştırmada kullanılan ve yüksek PIC değerine sahip moleküler belirteçlerden toplam 16 çift seçilmiştir (Çizelge 3.2).

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan *Yr* genin moleküler belirteçlerin bilgileri

Gen	Primerin Adı	Primerin Sekansı	Kaynak
Yr5	<i>Xwmc175</i>	F: GCTCAGTCAAACCGCTACTTCT R: CACTACTCCAATCTATCGCCGT	Murphy vd., 2009
	<i>Xbarc167</i>	F: AAAGGCCCATCAACATGCAAGTACC R: CGCAGTATTCTTAGTCCCTCAT	Somers vd., 2004
Yr9	<i>AF1/AF4</i>	F: GGAGACATCATGAAACATTTG R: CTGTTGTTGGGCAGAAAG	Francis vd., 1995
	<i>H20</i>	F: GTTGGGCAGAAAGGTCGACATC R: GTTGGGAAGGGAGCTCGAGCTG	Francis vd., 1995
Yr10	<i>Yr10R1/ Yr10 F1</i>	F: TTGGAATTGGCGACAAGCGT R: GTGATGATTACCCACTTCCTC	Singh vd., 2009
	<i>Yr10R/ Yr10F</i>	F: TCAAAGACATCAAGAGCCGC R: TGGCCTACATGAACTCTGGAT	Wang vd., 2002
Yr15	<i>XBarc8</i>	F: GCGGGAATCATGCATAGGAAAACAGAA R: GCGGGGGCGAAACATACACATAAAAAACA	Peng vd., 2000
Yr18	<i>Cslv34</i>	F: CTGGTTAAGACTGGTGATGG R: TGCTTGCTATTGCTGAATAGT	Lagudah vd., 2009
	<i>L34DINT13R2/ L34SPF</i>	F: GGGAGCATTATTTTTTCCATCATG R: ACTTTCCTGAAAATAATACAAGCA	Lagudah vd., 2009
Yr26	<i>Xgwm11</i>	F: GGATAGTCAGACAATTCTTGTG R: GTGAATTGTGTCTTGATGCTTCC	Ma vd., 2001
	<i>Xgwm18</i>	F: TGGCGCCATGATTGCATTATCTTC R: GGTGGCTGAAGAACCTTATTTAG	Ma vd., 2001
Yr41	<i>Xgwm410</i>	F: GCTTGAGACCGGCACAGT R: CGAGACCTTGAGGGTCTAGA	Luo vd., 2013
	<i>Xgwm374</i>	F: ATAGTGTGTTGCATGCTGTGTG R: TCTAATTAGCGTTGGCTGCC	Luo vd., 2013
Yr44	<i>Xgwm501</i>	F: GCTATCTCTGGCGCTAAAA R: TCCACAAACAAGTAGCGCC	Wan vd., 2014
Yr50	<i>Xgwm540</i>	F: TCTCGCTGTGAAATCCTATTT R: AGGCATGGATAGAGGGGC	Liu vd., 2013
	<i>Xwmc47</i>	F: GAAACAGGGTTAACCATGCCAA R: ATGGTGCTGCCAACACATACA	Liu vd., 2013

3.2. Yöntem

3.2.1. Çalışmada kullanılan çözeltiler ve hazırlanışları

DNA izolasyonu ve elektroforez aşamalarında kullanılan temel solüsyonların içerikleri ve hazırlama prosedürleri aşağıda özetlenmiştir:

Ekstraksiyon tamponu (CTAB Buffer):

DNA izolasyonu için kullanılan CTAB tamponu; %2 (w/v) CTAB, 1,42 M NaCl, 200 mM EDTA, 100 mM Tris-HCl (pH 8.0) ve %1 (w/v) Na₂S₂O₃ içerecek şekilde hazırlanmıştır. Oksidatif bileşiklerin etkisini azaltmak amacıyla, tampon kullanımdan hemen önce %0,2 (v/v) oranında 2-merkaptetanol ilavesiyle taze olarak hazırlanmıştır.

0.5 M EDTA (pH 8.0);

EDTA çözeltisi, 93 g disodyum EDTA ($\text{EDTA} \cdot 2\text{H}_2\text{O}$) 400 mL ultra saf su içerisinde çözülerek hazırlanmış, pH değeri NaOH ile 8.0'e ayarlanmış ve hacim 500 mL'ye tamamlanmıştır.

1 M Tris-HCl (pH 7.5);

Tris tamponu, 121,1 g Tris bazın saf suda çözülmesiyle hazırlanmış, pH değeri yaklaşık 120–125 mL HCl ilavesiyle 7,5'e ayarlanmıştır. Nihai hacim 1 L'ye tamamlandıktan sonra çözelti otoklavlanarak sterilize edilmiştir.

3 M Sodyum Asetat (pH 5,0);

Sodyum asetat çözeltisi, 408 g sodyum asetat trihidratın 800 mL saf suda çözülmesiyle hazırlanmış, pH değeri asetik asit ile 5.0'e ayarlanmış ve hacim 1 L'ye tamamlanmıştır. Çözelti sterilizasyon amacıyla membran filtreden geçirilmiştir.

Amonyum asetat (10 M);

10 M amonyum asetat çözeltisi, 192,7 g amonyum asetatın 250 mL saf su içerisinde tamamen çözülmesiyle hazırlanmıştır.

Sodyum klorür (5 M NaCl);

5 M NaCl çözeltisi, 292 g sodyum klorürün saf su içerisinde çözülmesiyle hazırlanmış ve hacim 1 L'ye tamamlanmıştır.

20X sodyum borat (SB) tamponu;

20X SB tamponu, 45 g borik asit ve 8 g NaOH'nin saf su içerisinde çözülmesiyle hazırlanmış ve son hacim 1 L'ye tamamlanmıştır.

Kloroform:izoamil alkol karışımı (24:1);

Ekstraksiyon aşamalarında kullanılan kloroform:izoamil alkol (24:1, v/v) karışımı hazır ticari solüsyon olarak temin edilmiş ve doğrudan kullanılmıştır.

Etil alkol çözeltileri (%100 ve %70);

DNA çöktürme ve yıkama işlemlerinde %100 (v/v) mutlak etanol kullanılmıştır. %70 (v/v) etanol ise, mutlak etanolün saf su ile seyreltilmesiyle hazırlanmıştır.

1X TE tamponu;

DNA'nın çözülmesi ve muhafazası için 10 mM Tris-HCl (pH 8.0) ve 1 mM EDTA (pH 8.0) içerecek şekilde optimize edilmiştir.

Yükleme tamponu (6X Loading Dye);

Elektroforez uygulamaları için kullanılan yükleme tamponu; 10 mM Tris-HCl (pH 7.5), 50 mM EDTA, %10 (w/v) Ficoll 400, %0,25 (w/v) bromofenol mavisi ve %0,25 (w/v) ksilen siyanol FF içerecek şekilde toplam 10 mL hacimde hazırlanmıştır.

%0.8 ve %3'lük Agaroz Jel hazırlanması;

Elektroforez analizlerinde kullanılmak üzere %0,8 ve %3 (w/v) agaroz jeller hazırlanmıştır. Bu amaçla, 280 mL hacimli elektroforez tankı için sırasıyla 2,24 g (%0,8) ve 8,4 g (%3) agaroz, 280 mL 1X sodyum borat (SB) tamponu içerisinde mikrodalga fırında tamamen çözülünceye kadar ısıtılmıştır. Agaroz çözeltisi yaklaşık 55–60°C'ye kadar soğutulduktan sonra içerisine 14 µL etidyum bromür ilave edilmiş ve homojen şekilde karıştırılmıştır. Daha sonra karışım jel döküm kalıplarına aktarılmış ve oda sıcaklığında 40–60 dakika bekletilerek polimerize olması sağlanmıştır.

3.2.2. DNA izolasyonu

Araştırmada kullanılan buğday genotiplerine ait genomik DNA ekstraksiyonu, Doyle ve Doyle (1991) tarafından bildirilen CTAB (Setiltrimetilamonyum bromür) yöntemi modifiye edilerek gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.1). Optimizasyonu sağlanan protokol adımları şu şekildedir:

-80°C'de muhafaza edilen taze yaprak örnekleri, sıvı azot içerisinde havan yardımıyla ince toz haline gelinceye kadar öğütülmüştür.

Öğütülen örneklerden 300-400 mg tartılarak 2 mL'lik mikrosantrifüj tüplerine aktarılmış ve üzerlerine önceden 65 °C'ye ısıtılmış 1 mL CTAB ekstraksiyon tamponu ilave edilerek yavaşça alt-üst edilmiştir.

Karışımlar, hücre parçalanmasını sağlamak amacıyla 65 °C'lik su banyosunda 1 saat boyunca inkübe edilmiş ve bu süreçte her 10 dakikada bir homojenizasyon için nazikçe tersyüz edilmiştir.

İnkübasyon bitiminde tüpler oda sıcaklığında 5 dakika bekletilmiş, ardından hücresel kalıntıları uzaklaştırmak için 24 °C'de 14.000 rpm devirde 10 dakika santrifüj edilmiştir.

Santrifüj işlemi sonrası üst fazdan (süpernatant) yaklaşık 750 µL alınarak temiz bir tüpe aktarılmış, üzerine eşit hacimde kloroform:izoamil alkol (24:1) eklenerek 1 dakika boyunca yavaşça karıştırılmıştır. Tüpler +4 °C'de 14.000 rpm'de 10 dakika tekrar santrifüjlenmiştir.

Berraklaşan üst fazdan 600 µL alınarak yeni tüplere aktarılmış ve aynı kloroform:izoamil alkol işlemi (600 µL) tekrarlanarak +4 °C'de 14.000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilmiştir.

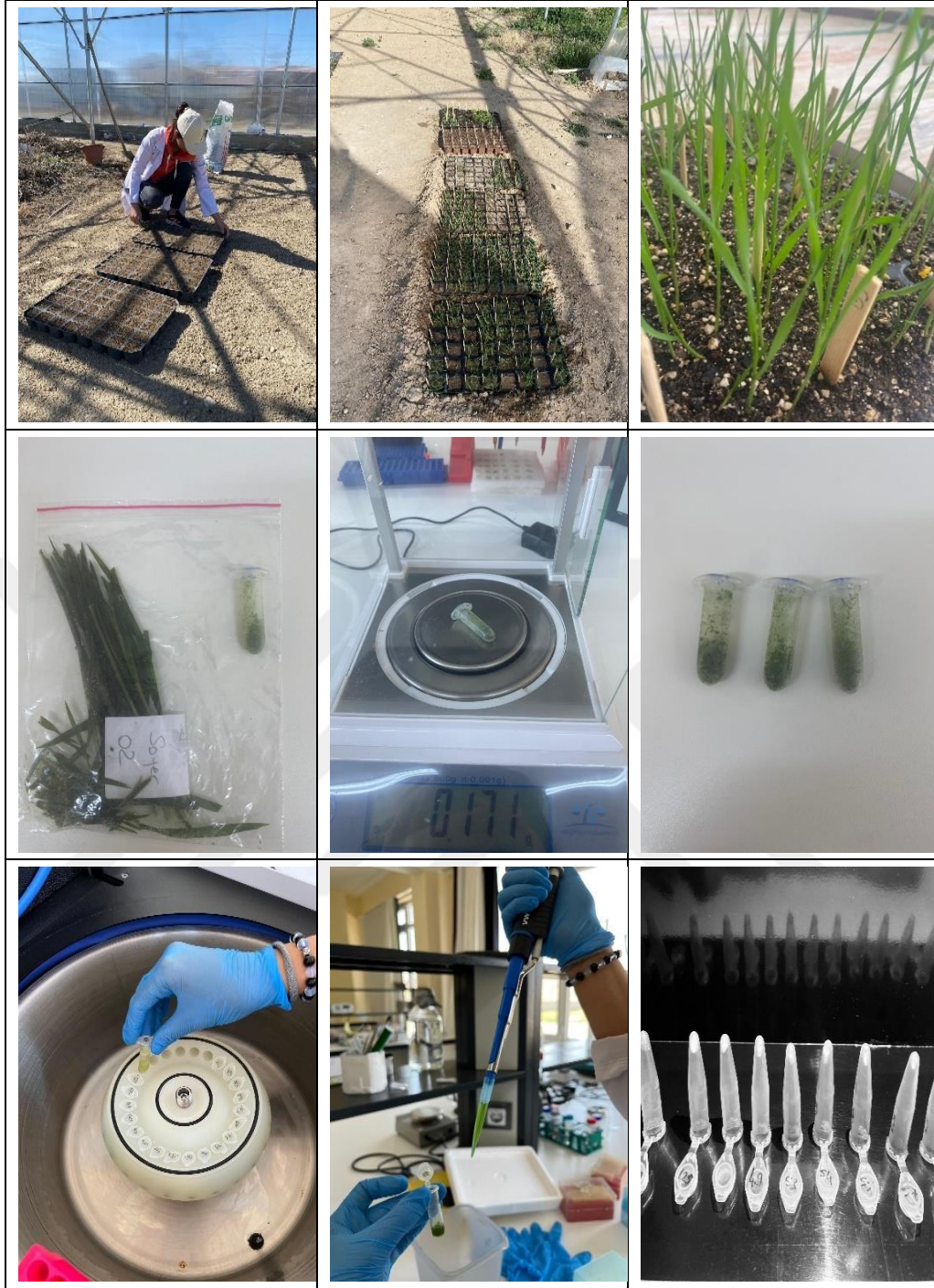
Protein ve polisakkaritlerden arındırılmış üst fazdan 500 µL alınarak buz üzerinde bekleyen temiz tüplere aktarılmıştır. DNA'nın çöktürülmesi amacıyla bu karışıma sırasıyla; 100 µL 10 M amonyum asetat, 100 µL 3 M sodyum asetat (pH 5.0) ve 500 µL soğuk (-20 °C) izopropanol ilave edilmiştir. Tüpler yavaşça alt-üst edilerek DNA sarmallarının görünür hale gelmesi sağlanmıştır.

Tüpler +4 °C'de 14.000 rpm'de 10 dakika santrifüj edilerek DNA'nın pelet halinde tüp dibine tutunması sağlanmış ve sıvı kısım dikkatlice dökülmüştür.

Elde edilen DNA peleti 200 µL %70'lik etil alkol ile yıkanmış, 14.000 rpm'de 3 dakika santrifüjlendikten sonra alkol tamamen uzaklaştırılmıştır.

Peletler oda sıcaklığında kurumaya bırakılmış, tamamen kuruyan DNA örnekleri 150 µL 1X TE tamponu içerisinde çözündürülerek PCR analizlerinde kullanılmak üzere -20 °C'de muhafaza edilmiştir.

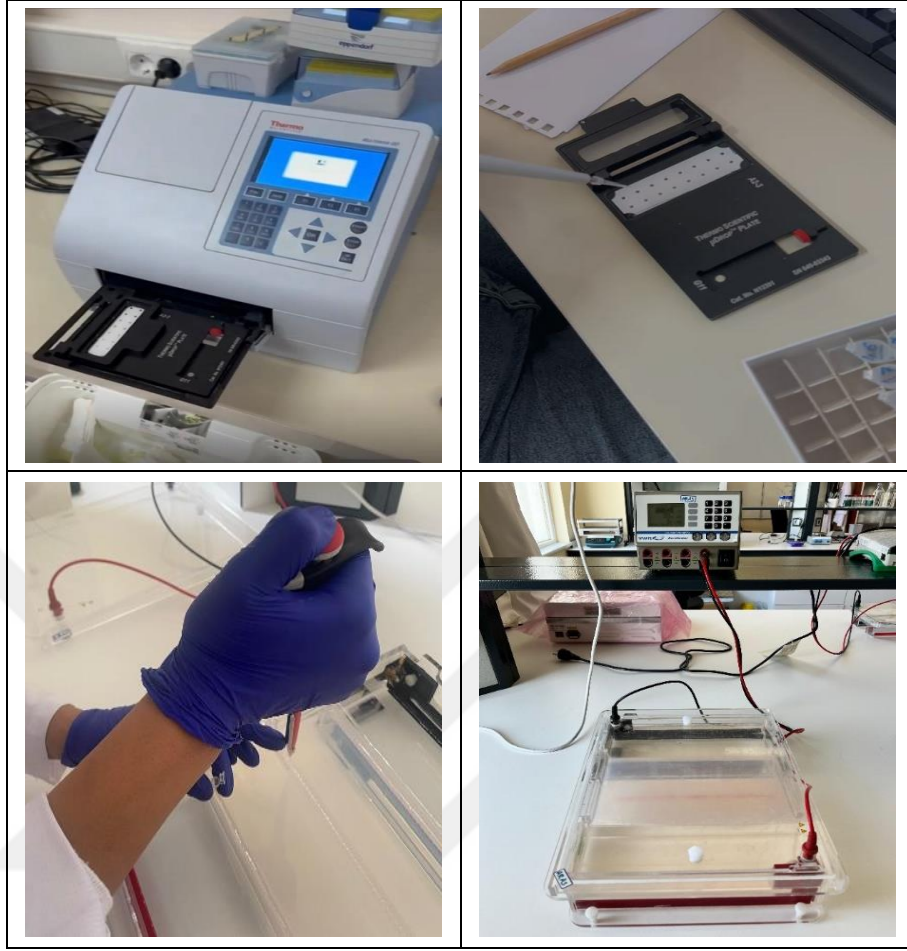
İzole edilen DNA örneklerinin miktar ve saflık tayinleri, NanoDrop® ND-1000 (NanoDrop Technologies, ABD) spektrofotometre cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bu amaçla her bir örnekten 1 µl alınarak ölçüm yapılmış; protein kontaminasyonu A260/280 oranı ile, polifenol ve polisakkarit kontaminasyonu ise A260/230 oranı üzerinden değerlendirilmiştir. Saf bir DNA örneği için A260/280 oranının 1,8 olması optimum kabul edilirken; çalışmada spektrofotometrik ölçüm değerlerinin sırasıyla 1,7-2,2 ve 2,0-2,2 aralığında olması hedeflenmiştir.



Şekil 3.1. DNA izolasyonu aşamaları

DNA örneklerinin bütünlüğünün kontrolü amacıyla %0,8'lik agaroz jel elektroforezi uygulanmıştır. 1X SB tamponu içerisinde hazırlanan jele; 5 μ l DNA örneği, 5 μ l ultra saf su ve 3 μ l 6X yükleme tamponu (loading dye) karıştırılarak elde edilen toplam 13 μ l'lik hacim yüklenmiştir. Elektroforez işlemi 60 V akımda 30 dakika süreyle yürütülmüş (Şekil 3.2) ve ardından DNA bantları UV ışığı altında görüntülenerek kayıt altına alınmıştır (Şekil 3.3). Elde edilen stok DNA'lar, PCR analizlerinde kullanılmak

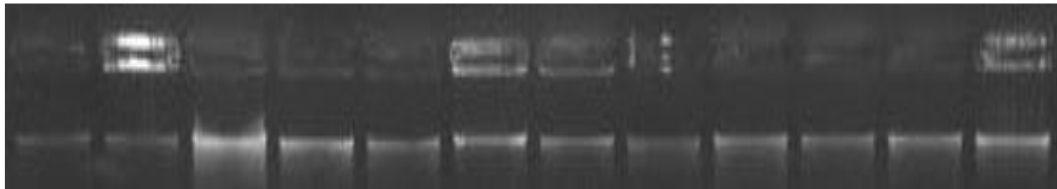
üzere çalışma konsantrasyonu 25 ng/μl olacak şekilde seyreltilmiş ve -20 °C’de muhafaza edilmiştir.



Şekil 3.2. DNA konsantrasyonu ve kalitesinin belirlenmesi

3.2.3. SSR Primerlerinin sulandırılması

Moleküler analizlerde kullanılacak olan 16 adet SSR primer çifti, üretici firmanın protokolüne uygun olarak ultra saf su ilavesiyle liyofilize (toz) formdan sıvı forma geçirilmiştir. Elde edilen primer stoklarının konsantrasyonları 100 pmol/μl seviyesine ayarlanarak PCR analizleri için hazır hale getirilmiştir.



Şekil 3.3. CTAB metodu ile elde edilen bazı ekmeklik buğday DNA’ların %0.8’lik agaroz jel görüntüsü

3.2.4. SSR moleküler işaretçisi ile PCR analizi

3.2.4.1. PCR içeriği ve şartları

Hedef DNA bölgelerinin SSR (Basit Dizi Tekrarı) markörleri kullanılarak çoğaltılması (amplifikasyonu) amacıyla gerçekleştirilen PCR işlemleri, SensoQuest LabCycler (SensoQuest GmbH, Göttingen, Almanya) termal döngü cihazında yürütülmüştür. PCR için 0,2 ml'lik PCR tüpüne 10X PCR bufferinden 2 µL, 25 mM MgCl₂'den 1µL, 10 mM dNTP'lerden 0,5 µL, 100 pmol primerlerin her birinden 0,5 µL ve Taq polimerazdan 1U alınmış ve toplam hacmi ultra saf su ile 20 µL'ye tamamlanmıştır. DNA kalıbının denatürasyonunu için 1 döngü 2 dk 96°C'de yapılmıştır. Sonra 30 döngü 96°C'de 30 sn, 50-60°C'de (her çift primerin uygun sıcaklığına göre) 45 sn ve 1 dakika boyunca 72°C'de gerçekleştirilmiştir ve son uzama süresi 15 dakika 72°C olmuştur.

3.2.4.2. PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi

Çoğaltılan PCR ürünlerinin ayrımı ve analizi amacıyla hem agaroz jel elektroforezi yönteminden yararlanılmıştır. İlk aşamada, PCR ürünleri %3'lük agaroz jele yüklenerek 150 V akımda 2 saat süreyle yürütülmüş, etidyum bromür ile boyandıktan sonra UV transillüminatör (Vilber Lourmat, Fransa) altında Nikon Coolpix 500 fotoğraf makinesi ile görüntülenmiştir (Şekil 3.4).



Şekil 3.4. PCR ürünlerinin yürütülmesi ve görüntülenmesi

3.2.5. Verilerin değerlendirilmesi ve istatistiksel analizi

Jel üzerinde görüntülenen bantlar Total Lab TL120 (Non-linear Dynamics, Total Lab Ltd., Newcastle Upon Tyne, United Kingdom) programı ile işaretlenmiş polimorfik markörlere ait bant desenleri, bantın varlığı 1 (+) ve bantın yokluğu 0 (-) esasına göre skorlanmıştır. Kodlama sonucu tablo haline dönüştürülmüş ve tüm genotiplerin hangi allele sahip oldukları belirlenmiştir.

3.2.5.1. Belirteçlerinin PIC (Polimorfik Bilgi İçeriği) değerlerinin hesaplanması

Kullanılan markörlerin ayırt edici gücünü belirlemek amacıyla allel sayısı, polimorfizm bilgi içeriği (PIC) (Eşitlik 3.1) ve Nei genetik çeşitlilik indeksi (Eşitlik 3.2) hesaplanmıştır. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri (Elston, 2005) ve Nei genetik çeşitlilik indeksi (Kosman, 2003), her bir markör lokusu için aşağıdaki formüller kullanılarak PowerMarker yazılımı (Liu ve Muse, 2005) ile hesaplanmıştır:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 - 2 \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n p_i^2 p_j^2 \quad (3.1)$$

$$Nei = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2 \quad (3.2)$$

Bu formüllerde p_i ve p_j , sırasıyla i 'inci ve j 'inci allellerin frekanslarını ifade etmektedir.

Nei genetik çeşitlilik indeksi (Eşitlik 3.3) aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır (Nei, 1973):

$$UHe = \frac{2N}{2N-1} \times He \quad (3.3)$$

Burada N, örnek büyüklüğünü ifade etmektedir.

3.2.5.2. Genotipler içindeki genetik çeşitliliğin hesaplanması

Genotipler içindeki genetik çeşitliliği Nei'in gen çeşitlilik indeksi (Eşitlik 3.4) (Nei vd., 1983) ve Shannon bilgi indeksi (Eşitlik 3.5) (Lewontin, 1972) kullanarak aşağıdaki eşitliklerden ve Popgen programıyla (Yeh vd., 1997) hesaplanmıştır.

$$D = 1 - \sum p_i^2 \quad (3.4)$$

$$H = -\sum p_i \log_2 p_i \quad (3.5)$$

Eşitliklerde yer alan P_i , populasyondaki i . allelin frekansını ifade etmektedir. Nei'in gen çeşitlilik indeksinde (D), allel frekanslarının kareleri toplamı kullanılarak populasyondaki genetik varyasyon düzeyi belirlenirken, Shannon bilgi indeksinde (I) allel frekanslarının logaritmik dağılımı esas alınarak genetik çeşitlilik ve allel dağılım dengesi değerlendirilmektedir.

3.2.5.3. Genotipler arasındaki genetik mesafenin hesaplanması

Genotipler arasındaki genetik mesafe Nei'in katsayısını (Eşitlik 3.6) (Nei vd., 1983) kullanarak Popgen programıyla (Yeh vd., 1997) hesaplanmıştır.

$$D = \frac{-\ln[\sum X_i Y_j]}{\sqrt{X_i Y_i}} \quad (3.6)$$

X_i = X popülasyonunda i allel frekansı

Y_j = Y popülasyonunda j allel frekansı

3.2.5.4. Moleküler varyans analizi

Popülasyonlar içi ve arası genetik varyans, AMOVA yöntemi kullanarak GenAlex programıyla (Peakall and Smouse 2006) incelenmiştir.

3.2.5.5. Temel koordinat analizi (PCoA)

GenAlex programı kullanarak, genotipler arasındaki çeşitliliği daha iyi anlamak amacıyla temel koordinat analizi yapılmıştır. İlk iki koordinatın toplam varyansı kapsayarak elde edilen 2 boyutlu diyagram üzerinde gruplar belirlenmiştir ve kümeleme analiziyle karşılaştırılmıştır.

3.2.5.6. Kümeleme analizi

Belirtecinden işaretçisinden elde edilen verilerin kümeleme analizi için NTSYS-pc versiyon 2.11f (Rohlf, 1992) kullanılmıştır. Benzerlik matrisi SIMQUAL alt programı ve Dice $[2a/(2a+b+c)]$ benzerlik katsayısı kullanılarak hesaplanmıştır. Gruplandırma SAHN alt programı ve Unweighted Paired Group Method Using Arithmetic Averages (UPGMA) metodu kullanılarak yapılmıştır. Kümeleme analizlerinin uyum iyiliğini sağlamak amacıyla, kofenetik katsayıları NTSYS-pc kullanarak hesaplanmıştır.

3.2.5.7. Genetik yapı analizi

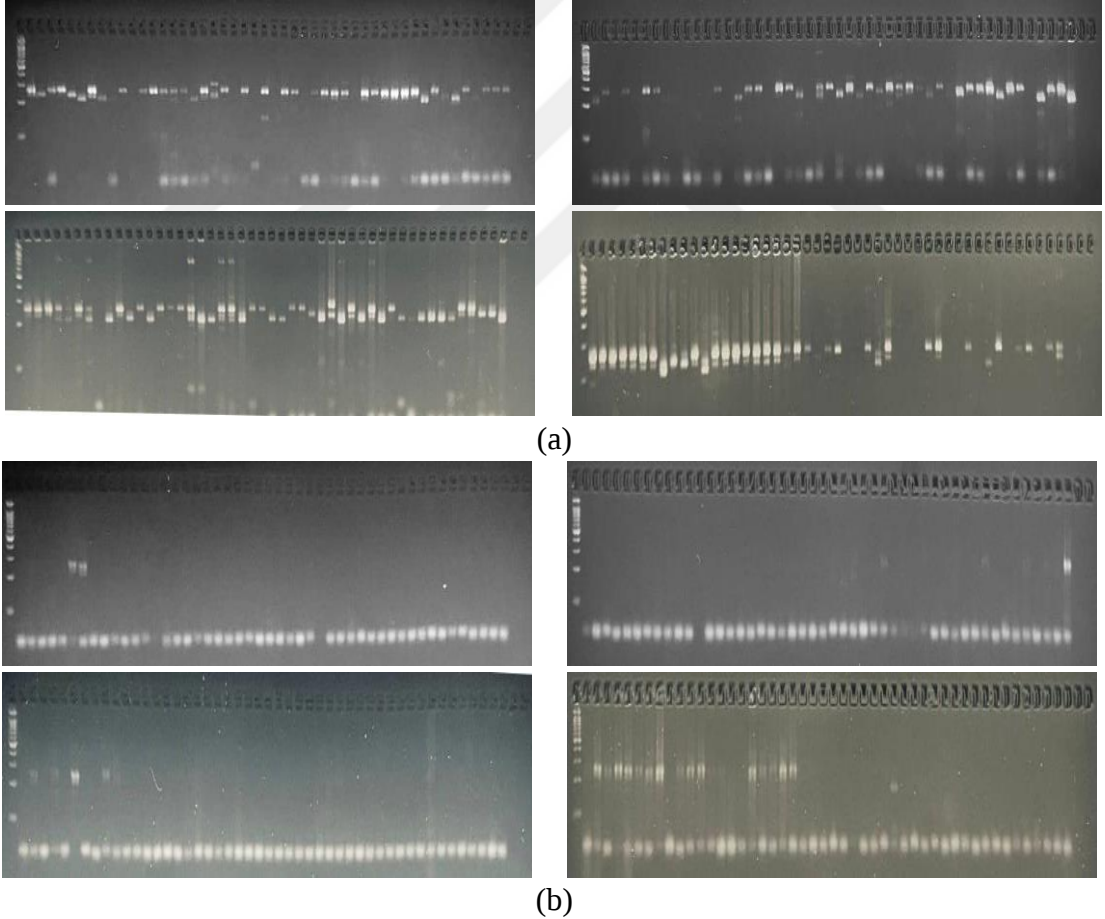
Genotiplerin genetik yapılarının belirlenmesi için STRUCTURE 2.2 programı kullanılmıştır (Pritchard vd. 2000). Bu yöntem, Bayesian modele dayalı kümeleme analizi kullanarak genotipleri önceden herhangi bir popülasyon bilgisi olmaksızın K alt popülasyona ayırmaktadır. Bu çalışmada analizler aşağıdaki parametreler kullanılarak gerçekleştirilmiştir: Burn-in period: 100.000, Markov Chain Monte Carlo (MCMC) iterasyon sayısı: 1000.000, Her K değeri için tekrar sayısı: 100, K değer aralığı: 1–10. En olası alt popülasyon sayısı (K), $\ln P(D)$ değerleri ve ΔK yöntemi kullanılarak belirlenmiştir (Evanno vd., 2005). Bu analizler STRUCTURE HARVESTER çevrim içi yazılımı (Earl ve VonHoldt, 2012) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Alt popülasyonlara ait bireylerin üyelik olasılıkları (Q matrisi) kullanılarak genotiplerin sınıflandırılması yapılmıştır. Bireylerin belirli bir alt popülasyona atanması için %60 üyelik eşiği kullanılmıştır. Bu değerin altında kalan genotipler karışık genom yapısına sahip bireyler olarak değerlendirilmiştir (Pritchard vd., 2000).

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI VE TARTIŞMA

4.1. Yr Alleninin Genotiplerde Tanımlanması

4.1.1. Yr5

Xwmc175 (Şekil 4.1a) ve *Xbarc167* (Şekil 4.1b) markörleri, kromozom 2B (bazı çalışmalarda 1B olarak da geçer) üzerinde yer alan *Yr5* genine yakın konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu markörler gen bölgesini flank etmekte ve dayanıklı genotiplerin belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, tanısal etkinliklerinin genetik arka plana bağlı olarak değişebileceği bildirilmiştir (Murphy vd., 2009). Bu markörlere ait amplifikasyon ürünlerinin genellikle ~150–250 bp aralığında olduğu rapor edilmiştir.

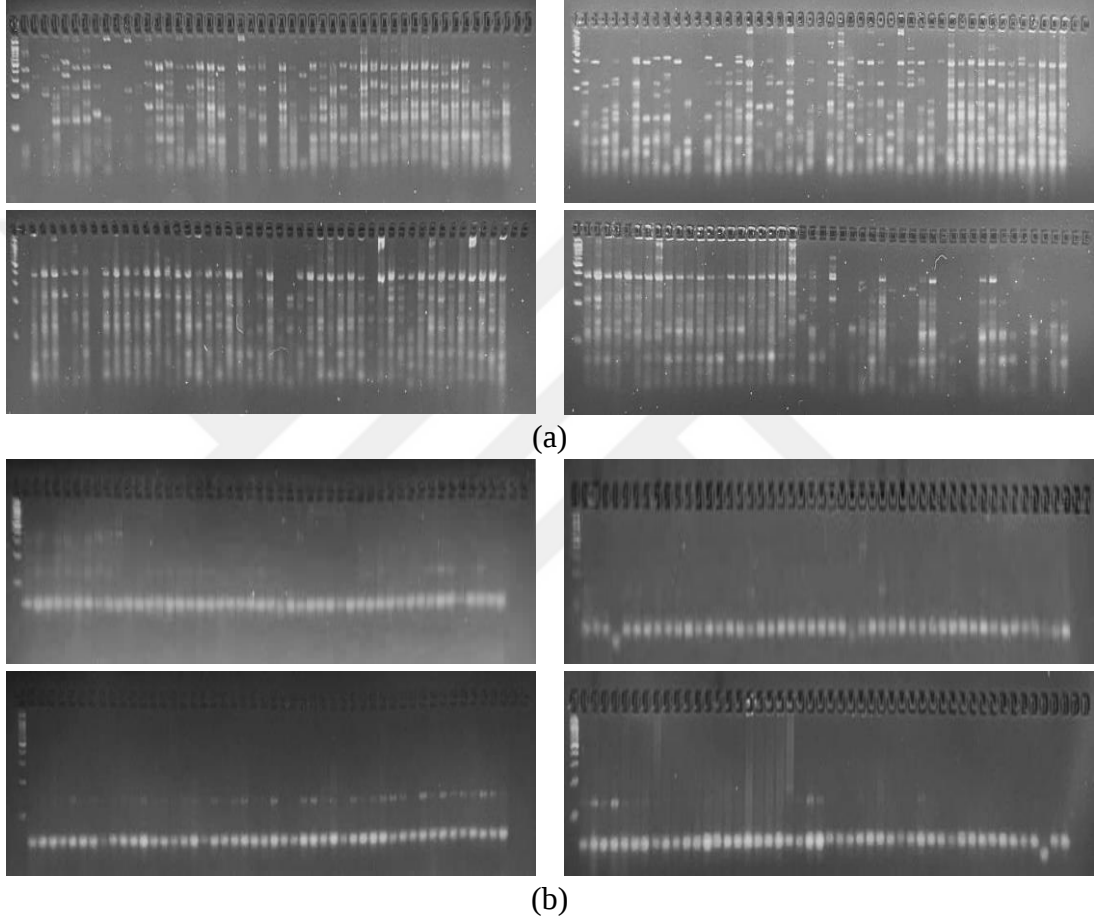


Şekil 4.1. Ekmeklik buğdayda *Yr5* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *Xwmc175* markörünün (a) ve *Xbarc167* (b) markörünün jel görüntüsü

4.1.2. Yr9

AF1/AF4 (Şekil 4.2a) ve *H20* (Şekil 4.2b) markörleri, çavdar (*Secale cereale*) kaynaklı 1BL.1RS translokasyonu ile buğdaya aktarılan *Yr9* genine (kromozom 1R)

spesifik konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu markörler doğrudan çavdar kromatini bölgesini hedeflemekte ve dayanıklı genotiplerin belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, genin ıslah programlarında uzun yıllar kullanılmasına rağmen *CYR29* gibi bazı yeni sarı pas ırkları tarafından kırılabilirdiği bildirilmiştir (Francis vd., 1995; Liu vd., 2008). Bu markörlere ait amplifikasyon ürünlerinin genellikle *H20* için ~1598 bp ve *AF1/AF4* için ~1500 bp uzunluğunda olduğu rapor edilmiştir.

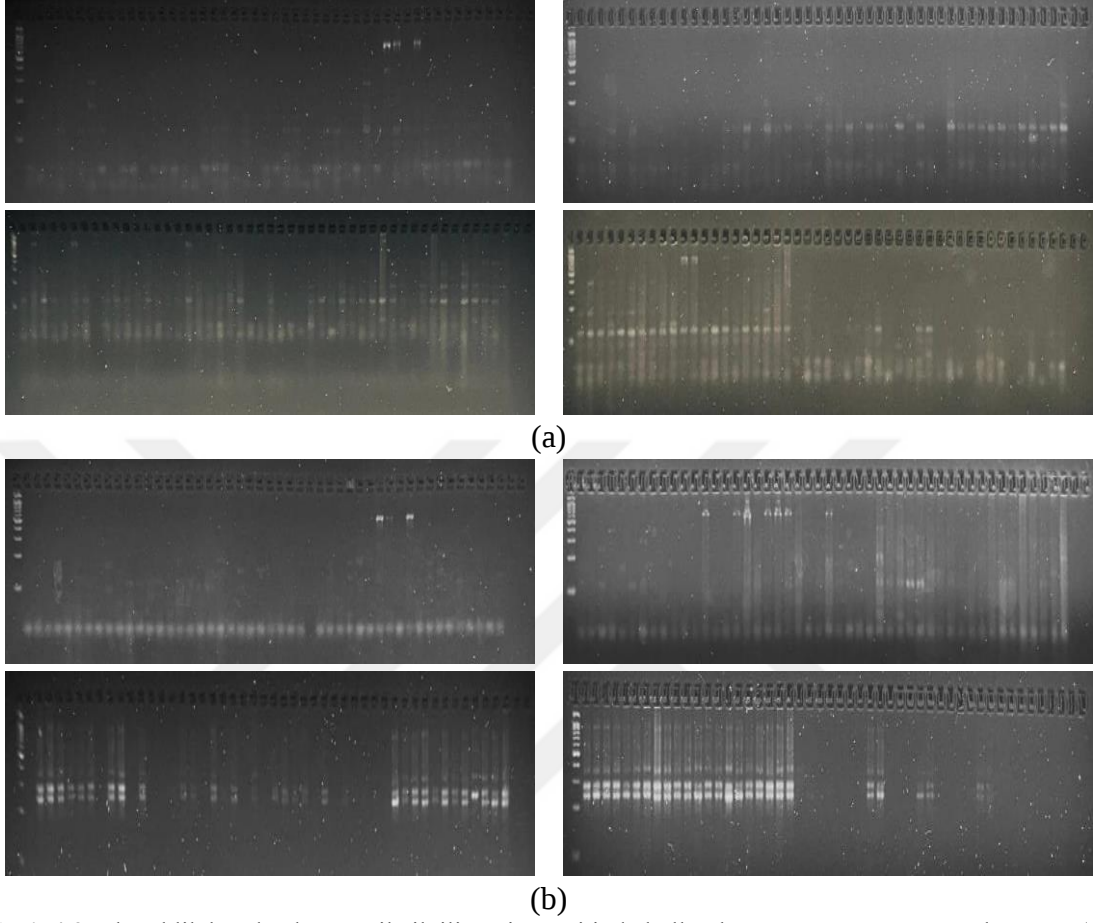


Şekil 4.2. Ekmeklik buğdayda *Yr9* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *AF1/AF4* markörünün (a) ve *H20* (b) markörünün jel görüntüsü

4.1.3. *Yr10*

Yr10R1/Yr10 F1 (Şekil 4.3a) ve *Yr10R/Yr10F* (Şekil 4.3b) markörleri, kromozom 1BS üzerinde yer alan *Yr10* genine tam bağlı (completely linked) konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Moro çeşidinden izole edilen bu gen, fide döneminde birçok ırka karşı dayanıklılık sağlamakta ve diagnostik markörleri sayesinde dayanıklı genotiplerin belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, genin koruyuculuğunun V26 gibi bu gene spesifik virulent ırkların varlığına göre değişebileceği bildirilmiştir (Wang vd., 2002). Allel

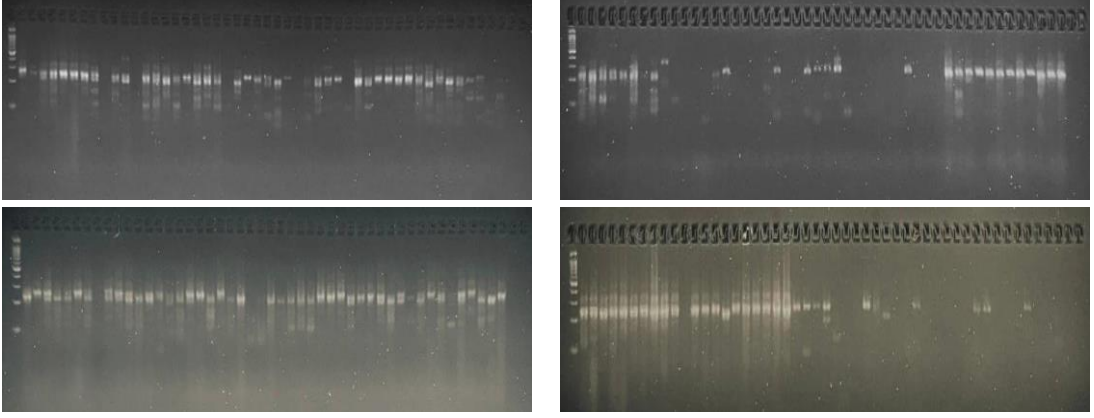
spesifik olan bu amplifikasyon ürünlerinin ilgili geni yüksek doğrulukla tespit ettiği rapor edilmiştir. Bu primer çiftleri ile yapılan amplifikasyon sonucunda yaklaşık 200–300 bp büyüklüğünde spesifik ürün elde edildiği rapor edilmiştir.



Şekil 4.3. Ekmeklik buğdayda *Yr10* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *Yr10R1/Yr10 F1* markörünün (a) *Yr10R/Yr10F* markörünün (b) jel görüntüsü

4.1.4. *Yr15*

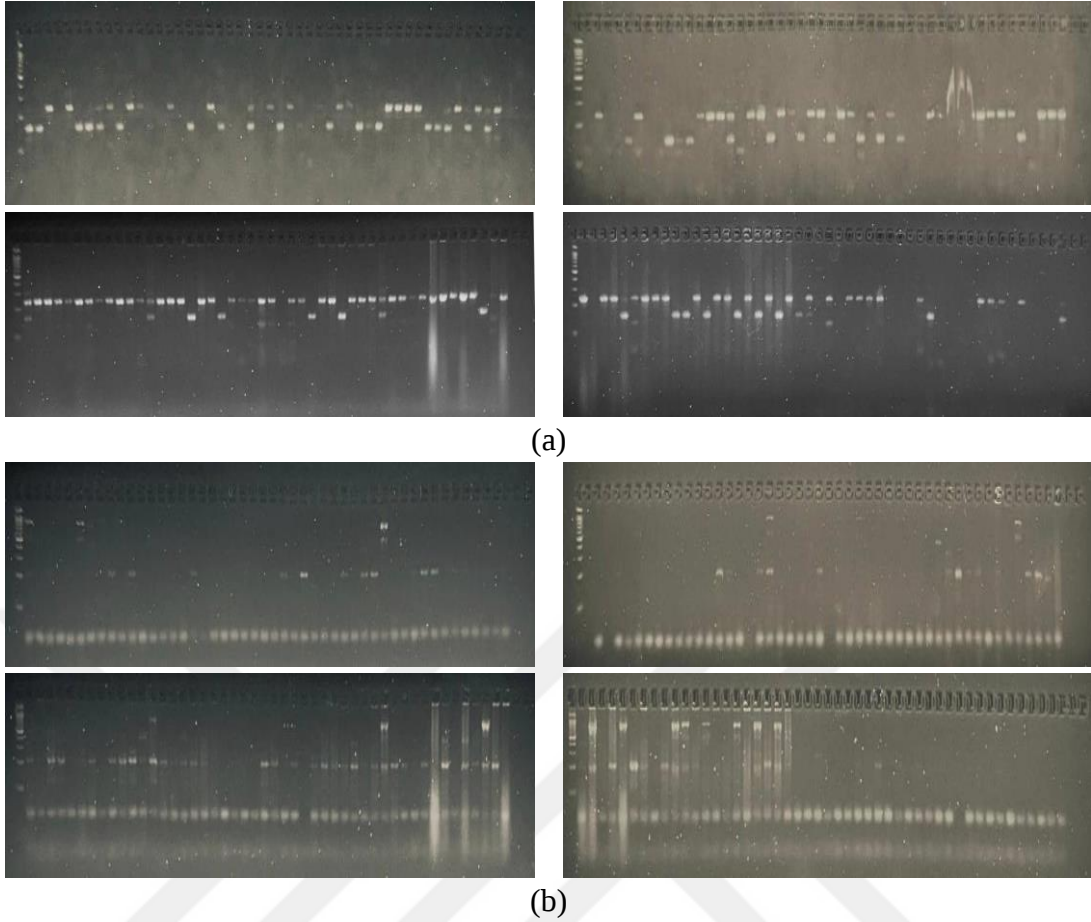
XBarc8 (Şekil 4.4) markörü, yabancı emmer buğdayından (*T. dicoccoides*) aktarılan ve kromozom 1BS üzerinde yer alan *Yr15* genine yakın konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu markör gen bölgesine bağlantılı olup dayanıklı genotiplerin belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, genin dünyadaki birçok mevcut şiddetli sarı pas ırkına (*CYR32* ve *CYR33* dahil) karşı tüm dönemlerde hala etkili bir direnç gösterdiği bildirilmiştir (Peng vd., 2000; Murphy vd., 2009). Bu markörün amplifikasyon ürününün yaklaşık 190–220 bp aralığında olduğu bildirilmektedir.



Şekil 4.4. Ekmeklik buğdayda *Yr15* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *XBarc8* markörünün jel görüntüsü

4.1.5. *Yr18*

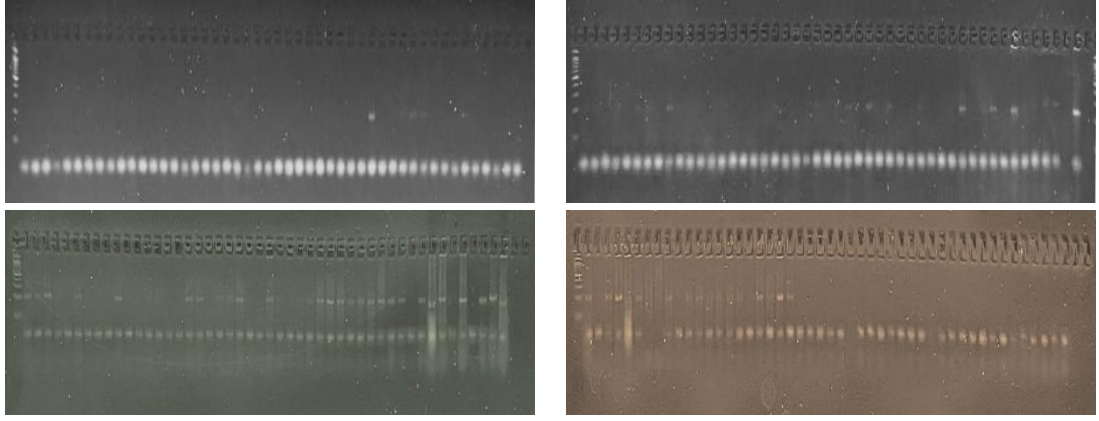
Cslv34 (Şekil 4.5a) ve *L34DINT13R2/L34SPF* (Şekil 4.5b) markörleri, kromozom 7DS üzerinde yer alan pleiotropik *Lr34/Yr18/Pm38* gen bölgesine yakın ve/veya doğrudan genin içerisinde (intragenic) bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu markörler yüksek sıcaklık ergin bitki dayanıklılığı (HTAP) sunan genotiplerin belirlenmesini büyük ölçüde kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, klonlanan gen üzerindeki indel polimorfizmine (exon 11) dayanan spesifik markörlerin tam tanısal etkinlik (diagnostic) gösterdiği bildirilmiştir (Lagudah vd., 2009). Bu markörlere ait amplifikasyon ürünlerinin *CsLV34* için ~150 ve 229 bp, diğer allel spesifik primerler (*cssfr5*) için ise ~523 ve 751 bp boyutlarında olduğu rapor edilmiştir.



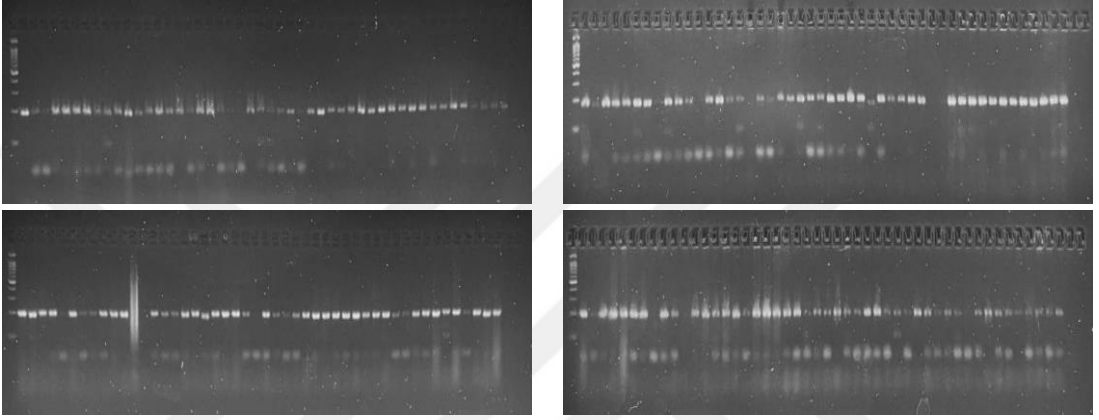
Şekil 4.5.Ekmeklik buğdayda *Yr18* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *Cslv34* markörünün (a) ve *L34DINT13R2/L34SPF* markörünün(b) jel görüntüsü

4.1.6. *Yr26* (*Yr24*)

Xgwm11 (Şekil 4.6a) ve *Xgwm18* (Şekil 4.6b) markörleri, kromozom 1B üzerinde yer alan *Yr26* genine yakın konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu SSR markörleri gen bölgesine bağlantılı olup dayanıklı genotiplerin belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, genin ıslah programlarında oldukça yoğun kullanılmasına rağmen V26 gibi yeni sarı pas ırklarının bu gene karşı virü lent özellik kazandığı bildirilmiştir (Ma vd., 2001). Bu markörlere ait amplifikasyon ürünlerinin genellikle genotipine göre ~170–260 bp aralığında (örneğin *Xgwm11* için 237-257 bp) olduğu rapor edilmiştir.



(a)

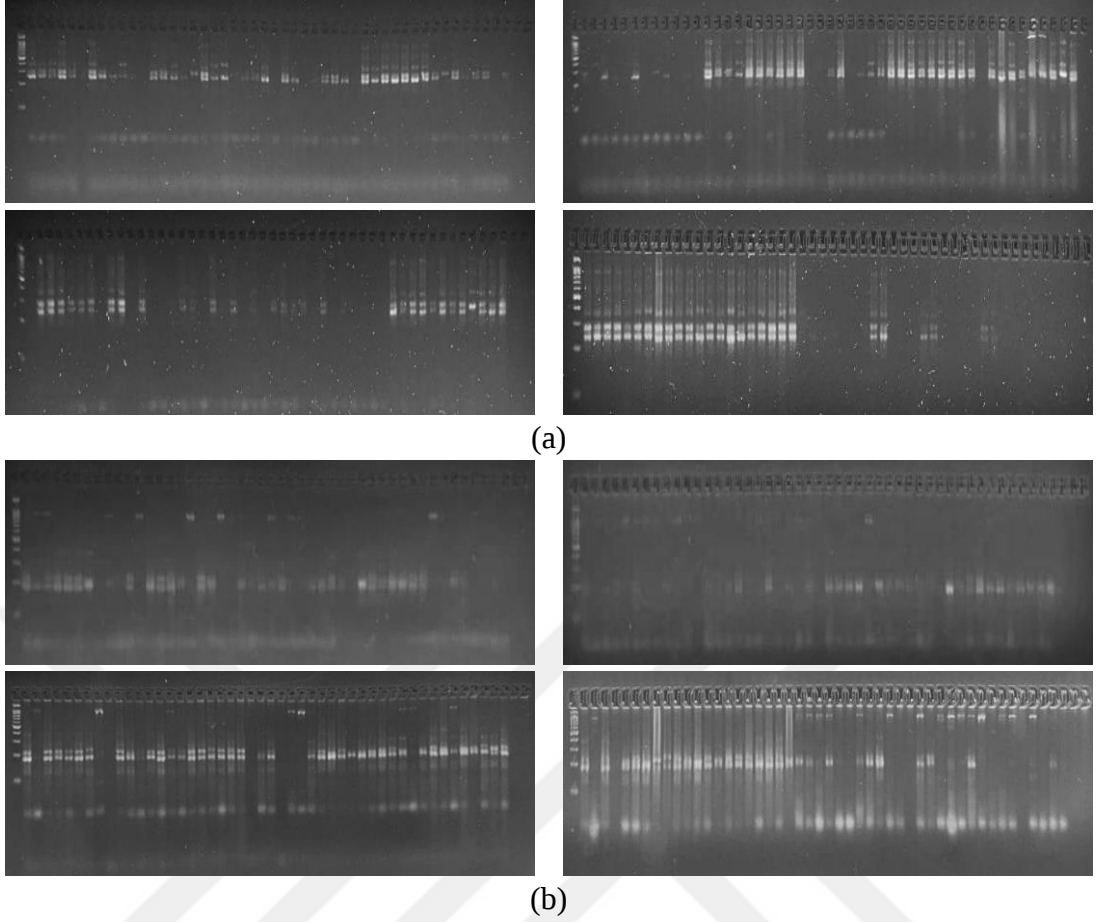


(b)

Şeker 4.6 Ekmeklik buğdayda *Yr26(Yr24)* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *Xgwm11* markörünün (a) ve *Xgwm18* markörünün (b) jel görüntüsü.

4.1.7. *Yr41*

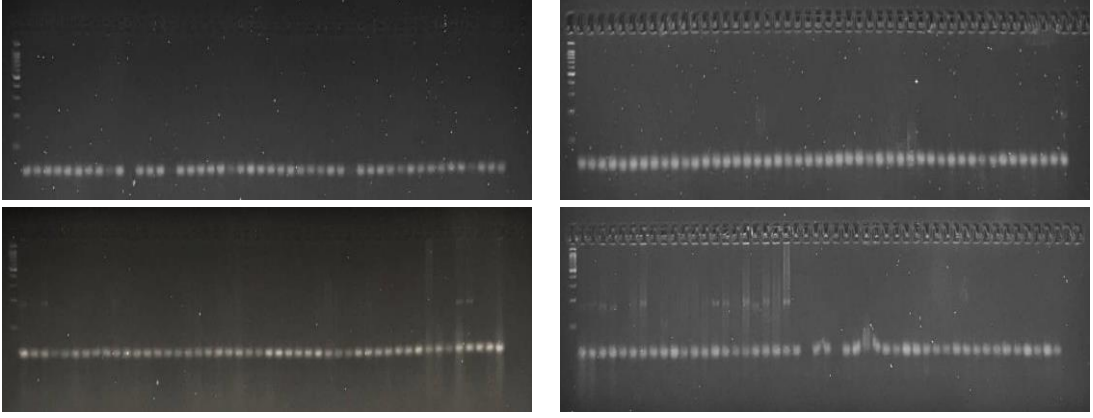
Xgwm410 (Şekil 4.7a) ve *Xgwm374* (Şekil 4.7b) markörleri, buğday genomu üzerinde yer alan *Yr41* genine yakın konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu markörler gen bölgesini flank etmekte ve dayanıklı genotiplerin belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, bu genin *CYR32* ve *CYR33* gibi geniş virulent ırklara karşı etkili kalarak fide dönemi de dahil olmak üzere sağlam bir direnç sergilediği bildirilmiştir (Luo vd., 2013). Bu markörler için bildirilen ürün büyüklükleri genellikle 150–250 bp aralığında değişmektedir.



Şekil 4.7 Ekmeklik buğdayda *Yr41* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *Xgwm410* markörünün (a) ve *Xgwm374* markörünün (b) jel görüntüsü

4.1.8. *Yr44*

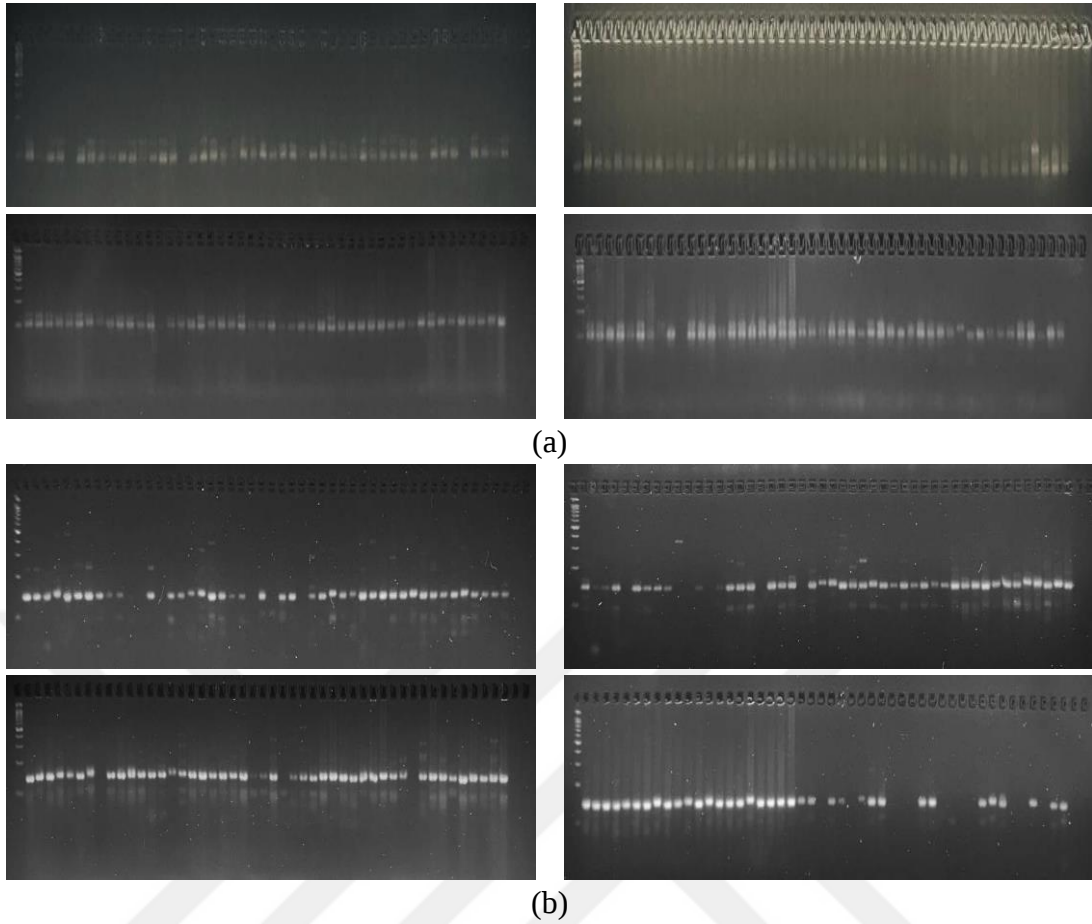
Xgwm501 (Şekil 4.8) markörü, sarı pasa karşı direnç sağlayan *Yr44* genine yakın konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu mikrosatellit markörü, gen bölgesiyle bağlantılı olup dayanıklı genotiplerin erken generasyonlarda belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, pas hastalıklarına karşı kalıcı direnç kaynaklarının aktarımında ve melezleme süreçlerinde kullanışlı bir SSR markörü olduğu bildirilmiştir (Wan vd., 2014). Bu markörün amplifikasyon ürünü çoğunlukla 200–300 bp aralığında gözlenmektedir.



Şekil 4.8 Ekmeklik buğdayda *Yr44* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *Xgwm501* markörünün jel görüntüsü

4.1.9. *Yr50*

Xgwm540 (Şekil 4.9a) ve *Xwmc47* (Şekil 4.9b) markörleri, *Thinopyrum intermedium*'dan buğdaya aktarılan ve kromozom 4BL üzerinde yer alan *Yr50* genine yakın konumda bulunmakta olup, markör destekli seleksiyon çalışmalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu markörler gen bölgesini flank etmekte (7.2 ve 8.0 cM mesafede) ve dayanıklı introgresyon hatlarının belirlenmesini kolaylaştırmaktadır. Bununla birlikte, *Yr50* geninin mevcut en yaygın ve virü lent Çin sarı pas ırklarına (*CYR32* ve *CYR33* dahil) karşı etkili olduğu bildirilmiştir (Liu vd., 2013). Bu markörlerin amplifikasyon ürünlerinin sırasıyla yaklaşık 150–250 bp (*Xgwm540*) ve 180–300 bp (*Xwmc47*) aralığında olduğu bildirilmektedir.



Şekil 4.9 Ekmeklik buğdayda *Yr50* ile ilgili genin tespitinde kullanılan *Xgwm540* markörünün (a) ve *Xwmc47* markörünün (b) jel görüntüsü.

4.2. Sarı Pas Dayanıklılığı ile İlişkili Markörlerin Genotiplerde Dağılımı

Bu çalışmada, 192 ekmeklik buğday genotipi sarı pas etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*'ye karşı dayanıklılıkla ilişkili 16 gen-spesifik moleküler markör bakımından değerlendirilmiş ve markör varlığı “+”, yokluğu ise “-” olarak skorlanmıştır (Çizelge 4.1). Elde edilen bulgular, incelenen materyalde dayanıklılık genlerinin genotipler arasında homojen bir dağılım göstermediğini, aksine belirgin bir heterojen yapı sergilediğini ortaya koymuştur.

Markör frekansları incelendiğinde, *Yr26* (*Xgwm18*) markörünün %87,50 ile en yüksek orana sahip olduğu belirlenmiştir. Bunu sırasıyla *Yr50* (%56,25), *Yr15* (%53,65) *Yr41* (*Xgwm374*) (%50,00) ve *Yr5* (%44,27) markörleri izlemiştir. Buna karşılık *Yr9* (*H20*) markörünün yalnızca %1,56 oranında bulunması ve *Yr41* (*Xgwm410*) markörünün hiç tespit edilmemesi, bazı direnç genlerinin popülasyonda oldukça sınırlı kaldığını veya tamamen bulunmadığını göstermektedir. Bu durum, araştırma materyalinde belirli genlerin yaygın şekilde korunurken bazılarının oldukça düşük frekansta kaldığını açıkça ortaya koymaktadır. Elde edilen bu dağılım, literatürde bildirilen çalışmalarla paralellik

göstermektedir. Nitekim bazı *Yr* genlerinin belirli popülasyonlarda yüksek frekansta bulunurken, bazılarının nadir veya tamamen absent olduğu çeşitli araştırmalarda rapor edilmiştir (Lamba vd., 2024; Zhang vd., 2023). Bu farklılığın temelinde, hem sarı pas patojeninin yüksek evrimsel kapasitesi hem de ıslah programlarında uygulanan seleksiyon baskısı yer almaktadır. Özellikle modern buğday ıslahında belirli direnç genlerinin yoğun şekilde kullanılması, zamanla genetik tabanın daralmasına ve bazı lokusların baskın hale gelmesine neden olabilmektedir (Chen vd., 2014).

Çalışmada gözlenen yüksek frekanslı genler (özellikle *Yr26*, *Yr50* ve *Yr15*), geçmiş ıslah programlarında tercih edilen ve geniş adaptasyon sağlayan genler olarak değerlendirilebilir. Ancak bu genlerin popülasyonda aşırı temsil edilmesi, uzun vadede dayanıklılığın sürdürülebilirliği açısından risk oluşturabilir. Çünkü patojen popülasyonları, yaygın olarak kullanılan direnç genlerine karşı daha hızlı uyum sağlayabilmekte ve bu durum dayanıklılığın kırılmasına yol açabilmektedir. Bu süreç literatürde sıklıkla vurgulanan “boom-and-bust” döngüsü ile açıklanmaktadır. Boom-and-bust döngüsü, bir dayanıklılık geninin önce çok başarılı olup yaygın şekilde kullanılması (boom), ardından patojenin bu gene karşı uyum sağlayarak dayanıklılığı kırması (bust) sürecidir.

Buna karşılık, *Yr9* gibi düşük frekanslı genlerin varlığı veya bazı genlerin tamamen yokluğu, patojen–konukçu etkileşiminin dinamik yapısını yansıtmaktadır. Özellikle geçmişte yaygın olarak kullanılan bazı genlerin, yeni patojen ırklarının ortaya çıkmasıyla birlikte etkinliğini kaybettiği bilinmektedir (Zhang vd., 2023). Bu durum, bazı genlerin zamanla kullanım dışı kalmasına ve popülasyondan büyük ölçüde elimine edilmesine neden olmuştur. Benzer şekilde Dawit vd. (2019) ve Lamba vd. (2024), *Yr* genlerinin popülasyonlarda eşit dağılmadığını ve bazı genlerin nadir seviyelerde kaldığını bildirmiştir. Ayrıca İpek (2021), tescilli makarnalık buğday çeşitlerinde *Yr5* geninin bulunmadığını rapor etmiş; Ağaner (2024) ve Ölmez (2023) ise *Yr9* geninin güncel patojen ırklarına karşı etkinliğini büyük ölçüde yitirdiğini ortaya koymuştur.

Elde edilen frekans dağılımı, popülasyonda belirli genlerin “çekirdek” (core) yapı oluşturduğunu, düşük frekanslı genlerin ise daha çok “periferik” (rare) bileşenler olarak yer aldığını göstermektedir (Şekil 4.10). Bu tür dağılımlar, genetik varyasyonun sınırlı sayıda lokus etrafında yoğunlaştığını ve popülasyonda dengesiz bir genetik yapı oluştuğunu düşündürmektedir. Bu durum, genetik çeşitliliğin korunması ve dayanıklılığın sürdürülebilirliği açısından dikkatle değerlendirilmesi gereken bir bulgudur.

Sonuç olarak, çalışmada *Yr26*, *Yr50* ve *Yr15* gibi genlerin popülasyonda yüksek frekansta bulunduğu; buna karşılık *Yr9* ve bazı *Yr41* varyantlarının oldukça düşük frekansta olduğu veya hiç bulunmadığı belirlenmiştir. Bu bulgular, mevcut genetik materyalde sarı pas dayanıklılığına ilişkin genlerin dengesiz bir dağılım sergilediğini ve dayanıklılığın büyük ölçüde çok sayıda gen üzerine kurulu olduğunu göstermektedir. Bu nedenle, gelecekteki ıslah programlarında genetik çeşitliliğin artırılması, düşük frekanslı genlerin korunması ve farklı dayanıklılık genlerinin bir araya getirildiği stratejilerin geliştirilmesi büyük önem taşımaktadır.



Çizelge 4.1. Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr1 8	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G1	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	+	+	7
G2	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	+	5
G3	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	4
G4	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	+	-	5
G5	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	-	4
G6	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	-	+	-	-	-	5
G7	+	+	+	-	+	-	+	+	-	-	+	-	+	-	+	+	10
G8	-	-	-	+	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	4
G9	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	3
G10	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	3
G12	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	3
G13	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	+	5
G14	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	4
G15	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	3
G16	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G17	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	1
G18	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	4
G19	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	3
G20	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	2
G21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0
G22	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	3
G23	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G24	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	3

Çizelge 4.1. (devam) Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr18	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	1
G26	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	4
G27	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0
G29	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	4
G30	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	5
G31	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	4
G32	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G33	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	1
G34	+	-	+	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-	+	+	8
G35	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	3
G36	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	+	-	6
G37	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	5
G38	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	5
G39	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	+	-	5
G40	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	2
G41	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	+	-	4
G42	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G43	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	-	-	-	4
G44	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G45	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	+	-	3
G46	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G47	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G48	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	4

Çizelge 4.1. (devam) Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr18	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G49	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	+	4
G50	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G51	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	4
G52	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G53	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G54	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G55	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	2
G56	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	2
G57	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	-	+	4
G58	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	1
G59	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G60	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	1
G61	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	1
G62	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G63	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	+	-	-	+	6
G64	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	4
G65	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	1
G66	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	2
G67	-	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	-	-	+	4
G68	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G69	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	4
G70	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	-	3
G71	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	+	5
G72	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4

Çizelge 4.1. (devam) Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr18	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G73	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	5
G74	-	-	+	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	6
G75	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G76	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	+	5
G77	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	3
G78	-	-	+	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	+	+	5
G79	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G80	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	2
G81	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G82	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G83	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	1
G84	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	2
G85	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	4
G86	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G87	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G88	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	5
G89	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	6
G90	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	+	4
G91	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G92	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	+	-	+	-	+	+	6
G93	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	+	+	6
G94	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	3
G96	+	+	-	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	+	7
G97	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	8

Çizelge 4.1. (devam) Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr18	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G98	+	+	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	-	-	+	+	7
G99	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	8
G100	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	5
G101	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	3
G102	+	+	+	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	9
G103	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	+	+	5
G104	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G105	-	+	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	+	4
G106	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	6
G107	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	+	+	5
G108	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	3
G109	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	+	-	+	+	5
G110	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G111	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G112	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	+	-	-	+	5
G113	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	5
G114	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-	+	+	7
G115	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	+	-	-	+	5
G116	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	6
G117	+	-	-	-	-	+	+	+	-	+	+	-	+	-	-	+	8
G118	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-	+	+	7
G119	-	-	+	-	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	4
G120	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	-	-	+	4
G121	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-	-	+	7

Çizelge 4.1. (devam) Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

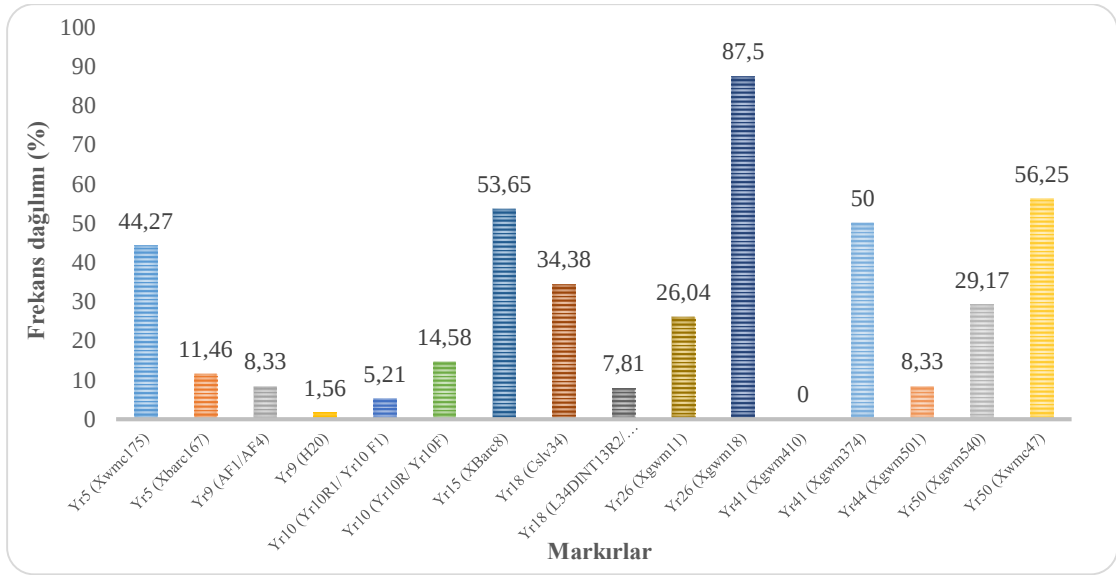
Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr1 8	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G122	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G123	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G124	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G125	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	-	4
G126	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-	-	-	6
G127	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	-	+	-	7
G128	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	-	4
G129	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	5
G130	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	5
G131	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	5
G132	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	-	-	-	6
G133	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	5
G134	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	5
G135	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	3
G136	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	+	7
G137	+	-	+	-	-	-	+	+	-	+	+	-	-	-	+	-	7
G138	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	6
G139	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	-	4
G140	-	-	-	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	+	-	-	6
G141	-	-	+	-	+	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	5
G142	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	-	4
G143	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	3
G144	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	-	-	-	-	5
G145	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	8

Çizelge 4.1. (devam) Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr1 8	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G146	-	+	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	7
G147	-	+	-	-	-	+	+	-	-	+	+	-	+	+	-	+	8
G148	-	+	-	-	-	+	+	-	-	+	+	-	-	+	+	+	8
G149	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	+	8
G150	-	+	-	-	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	9
G151	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	7
G152	-	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	6
G153	+	-	-	-	-	+	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	7
G154	-	+	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	-	-	+	8
G155	-	+	-	-	-	+	-	+	+	+	-	-	-	-	+	+	7
G156	-	+	-	-	-	+	+	-	-	+	+	-	+	-	+	+	8
G157	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	+	8
G158	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	+	-	+	6
G159	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	+	+	+	7
G160	+	-	-	-	-	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	+	9
G161	-	+	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	+	+	+	8
G162	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	12
G163	+	+	-	-	+	+	+	-	-	-	+	-	+	+	+	+	10
G164	+	+	-	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	11
G165	+	+	+	-	-	+	+	-	-	+	+	-	+	+	+	+	11
G166	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	+	-	-	+	6
G167	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	-	+	3
G168	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	3
G169	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	5

Çizelge 4.1. (devam) Buğday çeşitlerinde Yr genlerinin dağılımı

Marker	Xwmc 175	Xbarc 167	AF1/ AF4	H2 0	Yr10R1/ Yr10 F1	Yr10R/Y r10F	XBa rc8	Cslv 34	L34DINT13R2/ L34SPF	Xgw m11	Xgw m18	Xgwm 410	Xgwm 374	Xgwm 501	Xgwm 540	Xwm c47	Band Sayısı
Gen	Yr5	Yr5	Yr9	Yr9	Yr10	Yr10	Yr15	Yr18	Yr18	Yr26	Yr26	Yr41	Yr41	Yr44	Yr50	Yr50	
Molekül er Ağırlık (bp) → Genotip ler↓	MW: 253 bp	MW: 160- 200 bp	MW: 950- 1000 bp	M W: 435 bp	MW:18 0-200 bp	MW: 260 bp	MW : 221 bp	M W: 150 bp	MW: 750 bp	MW: 190- 195 bp	MW: 180- 200 bp	MW: 136- 190 bp	MW: 190- 210 bp	MW: 110 bp	MW: 120- 180 bp	MW: 160- 210 bp	
G170	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	2
G171	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	1
G172	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G173	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	6
G174	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	-	+	+	6
G175	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G176	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	1
G177	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0
G178	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	-	-	+	5
G179	+	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	5
G180	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0
G181	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	1
G182	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G183	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	1
G184	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-	+	5
G185	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	4
G186	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	3
G187	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G188	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	+	-	4
G189	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	+	3
G190	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	2
G191	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	4
G192	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	-	-	-	-	+	3



Şekil 4.10. Buğday genotiplerinde Yr markörlerinin frekans dağılımı (%)

4.2.1. Genotip bazında markör birikimi ve kombinasyon yapısı

İncelenen 192 buğday genotipinde toplam markör sayısının 0 ile 12 arasında değiştiği, ortalama markör sayısının 4,39 ve medyanın 4 olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.11). Bu dağılım, popülasyonun genel olarak düşük–orta düzeyde dayanıklılık gen yüküne sahip olduğunu ve genotiplerin büyük kısmının 3–5 markör aralığında yoğunlaştığını göstermektedir. Buna karşılık, ≥ 10 markör taşıyan genotiplerin oldukça sınırlı sayıda olması, popülasyonda yüksek düzeyde gen piramitlenmesinin nadir olduğunu açıkça ortaya koymaktadır. Gen piramitlenmesi, sarı pas etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*'ye karşı kalıcı ve geniş spektrumlu dayanıklılık geliştirilmesinde en etkili yaklaşımlardan biri olarak kabul edilmektedir. Ancak elde edilen sonuçlar, mevcut genetik materyalde bu stratejinin yeterince uygulanmadığını ve dayanıklılığın büyük ölçüde sınırlı sayıda gen kombinasyonuna dayandığını göstermektedir. Bu durum, özellikle tek veya az sayıda majör gene dayalı dayanıklılık kullanımının yaygın olduğunu ve bunun uzun vadede sürdürülebilir olmadığını düşündürmektedir.

Nitekim, tek genli dayanıklılığın patojen popülasyonları üzerinde güçlü bir seleksiyon baskısı oluşturarak yeni virulent ırkların ortaya çıkmasına neden olduğu ve bunun sonucunda tipik bir boom-and-bust döngüsü geliştiği açıkça belirtilmektedir. Bu süreçte başlangıçta etkili olan dayanıklılık genleri kısa sürede etkinliğini kaybetmekte ve geniş alanlarda hastalık salgınları yeniden ortaya çıkabilmektedir. Bu nedenle, çoklu gen kombinasyonlarına dayalı dayanıklılık stratejileri, özellikle majör ve minör genlerin

birlikte kullanılması, günümüzde sürdürülebilir ıslahın temelini oluşturmaktadır (Chen vd., 2014; Wan vd., 2007).

Genotip bazında değerlendirildiğinde, en yüksek markör sayısının G162 genotipinde (12 markör) olduğu, bunu G164 ve G165 (11 markör) ile G163 ve G7 (10 markör) genotiplerinin izlediği belirlenmiştir. Bu genotipler, çoklu dayanıklılık allellerini bir arada taşımaları nedeniyle gen piramitlenmesi çalışmalarında potansiyel donör materyal olarak öne çıkmaktadır. Ancak burada kritik bir nokta, yüksek markör sayısının doğrudan fenotipik dayanıklılığı garanti etmemesidir. Moleküler markörler çoğunlukla ilgili gen bölgelerine bağlı (linkage-based) göstergeler olduğundan, rekombinasyon, gen ekspresyonu ve epistatik etkileşimler gibi faktörler markör varlığı ile gerçek dayanıklılık arasında farklılıklara neden olabilmektedir (Collard ve Mackill, 2009; Line ve Chen, 1995). Bu nedenle, elde edilen moleküler verilerin fenotipik hastalık reaksiyonları ile desteklenmesi büyük önem taşımaktadır.

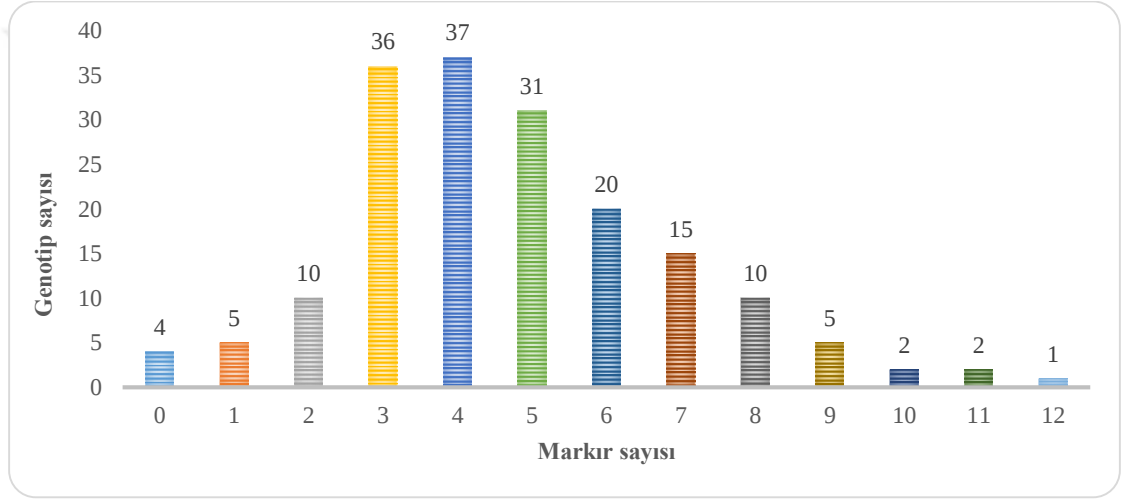
Buna karşılık, G21, G28, G177 ve G180 genotiplerinde hiçbir markör tespit edilmemesi, bu genotiplerin sarı pas dayanıklılığı açısından oldukça zayıf bir genetik altyapıya sahip olabileceğini göstermektedir. Popülasyonda hem yüksek hem de düşük markör içeriğine sahip genotiplerin birlikte bulunması, geniş bir genetik varyasyonun varlığına işaret etmekle birlikte, dayanıklılık düzeyinin genotipler arasında oldukça değişken olduğunu ortaya koymaktadır.

Genotiplerin büyük çoğunluğunun orta düzeyde (3–5 markör) yoğunlaşması, popülasyonun genel olarak sınırlı sayıda dayanıklılık genine dayandığını ve yüksek düzeyde gen kombinasyonlarının yeterince yaygın olmadığını göstermektedir. Bu durum, geçmiş ıslah programlarında ağırlıklı olarak verim ve adaptasyon odaklı seleksiyon yapılması ve dayanıklılık genlerinin sistematik olarak piramitlenmemesi ile açıklanabilir. Nitekim, sürdürülebilir sarı pas dayanıklılığı için en az iki veya daha fazla genin birlikte kullanılması gerektiği ve tek genli dayanıklılığın uzun vadede yetersiz kaldığı vurgulanmaktadır (Zülfüağaoğlu, 2022; Shabbir, 2023; Gulyaeva ve Shaydayuk, 2023; Ölmez, 2023).

Bu bağlamda, mevcut popülasyon heterojen bir yapı sergilemekte olup, geniş bir genotip grubunun orta düzeyde dayanıklılık altyapısına sahip olduğu, buna karşılık az sayıda genotipin yüksek düzeyde dayanıklılık potansiyeli taşıdığı anlaşılmaktadır. Bu durum, ıslah programları açısından hem bir fırsat hem de bir risk olarak değerlendirilebilir. Yüksek markör içeriğine sahip genotipler doğrudan ebeveyn materyal

olarak kullanılabilirken, düşük markör içeriğine sahip genotipler yeni gen kaynakları ile desteklenerek genetik çeşitlilik artırılabilir.

Sonuç olarak, bu çalışma popülasyonda gen piramitlenmesinin sınırlı düzeyde olduğunu ve dayanıklılığın büyük ölçüde orta seviyede gen kombinasyonlarına dayandığını ortaya koymuştur. Bu durum, sürdürülebilir sarı pas dayanıklılığı için ıslah stratejilerinin yeniden yapılandırılması gerektiğini göstermektedir. Gelecek çalışmaların, çoklu gen kombinasyonlarının belirlenmesi, genotip bazlı birlikte bulunma analizlerinin yapılması ve moleküler verilerin fenotipik doğrulama ile desteklenmesi üzerine odaklanması, daha sağlam ve kalıcı dayanıklılık geliştirilmesine önemli katkı sağlayacaktır.



Şekil 4.11. Genotip başına Yr markörlerinin sayısının dağılımı

4.2.2. Yr markörlerinin kümülatif frekans dağılımı

Şekil 4.12’de sunulan kümülatif frekans dağılımı, Yr markörlerinin popülasyon içindeki katkısının eşit olmadığını ve toplam frekansın büyük bir bölümünün sınırlı sayıda yüksek frekanslı markör tarafından oluşturulduğunu açıkça göstermektedir. Eğrinin başlangıç kısmındaki keskin artış, özellikle Yr26 (*Xgwm18*) (%87,50) ile başlamış; ilk üç markörün toplam katkısı 197,40’a, ilk beş markörün katkısı ise 291,67’ye ulaşarak toplam frekansın yaklaşık %66,5’ini (291,67 / 438,54) oluşturmuştur. Bu durum, toplam 16 markörün yalnızca yaklaşık %31’ine karşılık gelen ilk beş markörün, genetik varyasyonun büyük bir kısmını açıkladığını ortaya koymaktadır.

Eğrinin ilerleyen bölümlerinde artış hızının belirgin şekilde azalması ve kümülatif değerin sekizinci markörde 381,26 on ikinci markörde 423,96 ve tüm markörlerin dahil edilmesiyle 438.54 seviyesine ulaşması, düşük frekanslı markörlerin toplam katkısının

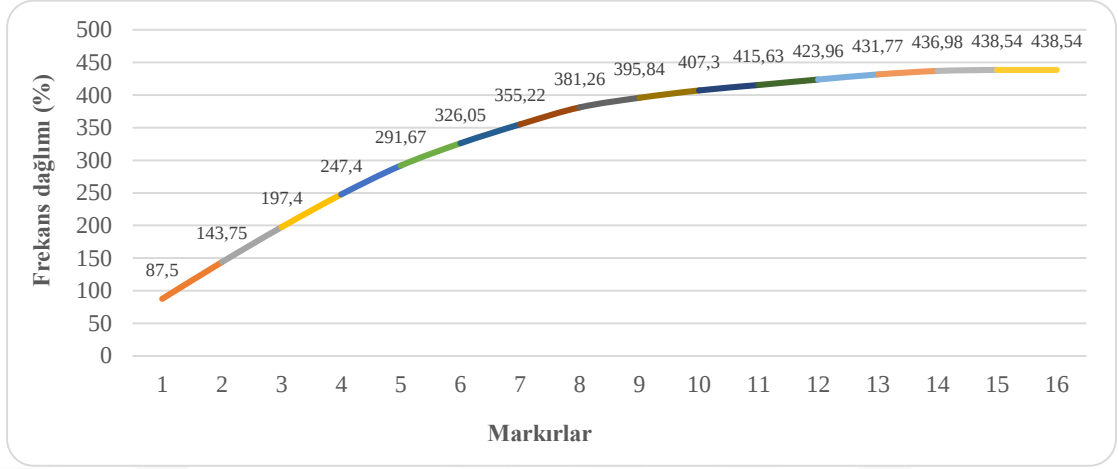
sınırlı olduğunu ve sistemin doygunluk noktasına yaklaştığını göstermektedir. Bu dağılım, literatürde karmaşık özelliklerin genetik kontrolü için tanımlanan “az sayıda büyük etkili gen + çok sayıda küçük etkili gen” modeli ile uyumludur (Korte ve Farlow, 2013; Mackay vd., 2009). Benzer şekilde, sarı pas etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*’ye karşı dayanıklılığın da çoğunlukla birkaç majör gen tarafından yönlendirildiği, buna karşılık çok sayıda minör genin dayanıklılığın sürekliliğine katkı sağladığı bilinmektedir (Chen vd., 2014; Wan vd., 2007).

Elde edilen bulgular, popülasyonda belirgin bir Pareto (çekirdek–perifer) dağılımının bulunduğunu göstermektedir. Yüksek frekanslı markörler (örneğin Yr26, Yr50 ve Yr15) dayanıklılığın temelini oluşturan “çekirdek” bileşenleri temsil ederken, düşük frekanslı markörler daha çok tamamlayıcı ve destekleyici rol oynamaktadır. Ancak bu durum, yüksek frekanslı genlere aşırı bağımlılığın uzun vadede önemli riskler doğurabileceğini de göstermektedir. Özellikle sınırlı sayıda majör genin yaygın kullanımı, patojen popülasyonları üzerinde güçlü seleksiyon baskısı oluşturarak virulent ırkların ortaya çıkmasına neden olabilir ve bu süreç tipik bir “boom-and-bust” döngüsü ile sonuçlanabilir.

Buna karşılık, düşük frekanslı markörlerin sınırlı katkısı, bu lokusların önemsiz olduğu anlamına gelmemektedir. Aksine, Yr9 (*H20*) ve Yr41 (*Xgwm410*) gibi nadir genlerin popülasyonda düşük düzeyde bulunması, bu genlerin henüz yeterince kullanılmamış veya korunmamış genetik kaynaklar olabileceğini göstermektedir. Nitekim, nadir allellerin özellikle yeni patojen ırklarına karşı adaptasyon ve uzun vadeli dayanıklılık açısından kritik rol oynayabileceği vurgulanmaktadır (Zhang vd., 2023; Lamba vd., 2024). Bu nedenle, ıslah programlarında yalnızca yüksek frekanslı genlere odaklanmak yerine, düşük frekanslı lokusların da korunması ve uygun kombinasyonlarla değerlendirilmesi gerekmektedir.

Sonuç olarak, kümülatif frekans analizi sarı pas dayanıklılığının az sayıda yüksek frekanslı markör tarafından yönlendirildiğini, çok sayıda düşük frekanslı markörün ise bu yapıyı tamamlayarak çok katmanlı bir dayanıklılık mimarisi oluşturduğunu ortaya koymaktadır. Bu mimari, kalıcı dayanıklılık için majör ve minör genlerin birlikte kullanılmasını zorunlu kılmaktadır. Nitekim Shabbir (2023), sürdürülebilir dayanıklılık için bu genlerin birlikte bulunması gerektiğini vurgularken, Ölmez (2023) yalnızca sınırlı sayıdaki yaygın genlere odaklanmanın seleksiyon baskısını artırarak bu genlerin de etkisiz hale gelmesine yol açabileceğini belirtmiştir. Bu bağlamda, nadir genlerin korunması ve yeni gen kaynaklarının ıslah programlarına entegrasyonu, genetik

daralmanın önlenmesi ve uzun vadeli dayanıklılığın sağlanması açısından kritik öneme sahiptir.



Şekil 4.12. Yr markörlerinin kümülatif frekans dağılımı

4.2.3. Markörlerin birlikte bulunma örüntüsü ve dayanıklılık mimarisi

Yr markörleri arasındaki birlikte bulunma (co-occurrence) analizi, direnç genlerinin popülasyonda rastgele dağılmadığını, aksine belirli kombinasyonlar halinde kümелendiğini açıkça ortaya koymuştur. Şekil 4.13'te sunulan ısı haritası ve Tablo 4.2'de verilen birlikte bulunma matrisi birlikte değerlendirildiğinde, özellikle yüksek frekanslı markörler arasında güçlü ilişki örüntülerinin bulunduğu görülmektedir.

Elde edilen bulgular, en yüksek birlikte bulunma değerlerinin yüksek frekanslı markörler arasında yoğunlaştığını göstermektedir. Özellikle Yr26 (*Xgwm18*) markörünün diğer direnç genleri ile yüksek düzeyde birlikte bulunması, bu lokusun popülasyonda merkezi bir rol (hub) üstlendiğini ortaya koymaktadır. Yr26 ile Yr50 (0,490), Yr26 ile Yr15 (0,458) ve Yr26 ile Yr41 (0,443) arasındaki güçlü ilişkiler, bu genlerin genotiplerde yüksek korelasyonla birlikte taşındığını göstermektedir. Benzer şekilde Yr15–Yr50 (0,370) ve Yr41–Yr50 (0,354) ilişkileri de dikkat çekici düzeydedir.

Bu örüntü, söz konusu markörlerin bağımsız olarak değil, birlikte aktarılan genetik blokların bir parçası olabileceğini düşündürmektedir. Bu durum iki temel mekanizma ile açıklanabilir: (i) kromozomal düzeyde genetik bağlantı (linkage) ve (ii) uzun süreli ıslah süreçlerinde fenotipik üstünlük sağlayan kombinasyonların bilinçli veya örtük olarak seçilmesi (co-selection). Sarı pas dayanıklılık genlerinin genomda rastgele dağılmadığı ve belirli bölgelerde kümelenme eğilimi gösterdiği bildirilmiştir (Mago vd., 2002; Luo vd., 2013). Benzer şekilde Sevinç (2010) ve Shabbir (2023), bazı kromozomal bölgelerde birden fazla dayanıklılık lokusunun birlikte yer aldığını ve bu yapıların

markörler aracılığıyla birlikte tespit edilebildiğini ortaya koymuştur. Bu bağlamda, çalışmada gözlenen yüksek birlikte bulunma değerleri, *Yr* genlerinin popülasyonda bağımsız değil, bağlantılı gen blokları halinde aktarıldığını güçlü şekilde desteklemektedir.

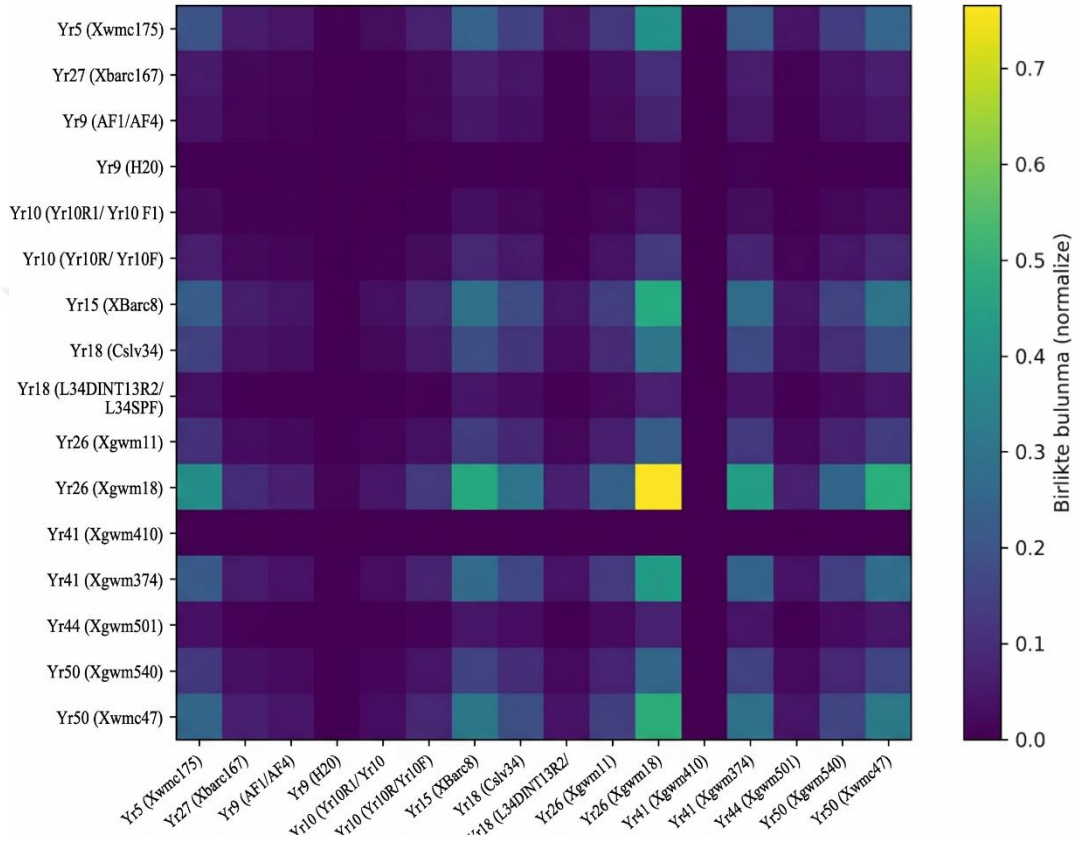
Orta frekanslı markörlerde birlikte bulunma ilişkilerinin daha sınırlı ve belirli genotip gruplarına özgü olduğu görülmektedir. Örneğin *Yr5* (*Xwmc175*) ile *Yr41* (0,240) ve *Yr5* ile *Yr50* (0,198) arasındaki ilişkiler, bu genlerin popülasyonun belirli bir alt grubunda birlikte bulunabildiğini göstermektedir. Aynı lokusa ait farklı markörler arasındaki (örneğin *Yr26 Xgwm11–Xgwm18* ve *Yr50 Xgwm540–Xwmc47*) pozitif ilişkiler ise kullanılan markör sisteminin tutarlılığını desteklemektedir.

Buna karşılık düşük frekanslı markörler, özellikle *Yr9* ve bazı *Yr10* varyantları, oldukça düşük birlikte bulunma değerleri ($<0,03$) göstermiş ve popülasyonda sınırlı sayıda genotipte yer almıştır. *Yr41* (*Xgwm410*) markörünün ise diğer tüm markörlerle ilişkisinin yok denecek düzeyde olması ($<0,01$), bu lokusun popülasyonda neredeyse tamamen absent olduğunu göstermektedir. Bu durum, söz konusu genlerin mevcut dayanıklılık mimarisinde aktif rol oynamadığını düşündürmekle birlikte, tamamen önemsiz oldukları anlamına gelmemektedir. Literatürde nadir allellerin, özellikle yeni patojen ırklarına karşı adaptasyon açısından kritik genetik rezervler oluşturabileceği vurgulanmaktadır (Zhang vd., 2023; Lamba vd., 2024).

Genel olarak co-occurrence analizi, sarı pas etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*'ye karşı dayanıklılığın popülasyonda modüler ve çok genli bir yapı sergilediğini ortaya koymaktadır. Dayanıklılık, tek bir gen tarafından değil, belirli gen kombinasyonlarının etkileşimi ile şekillenmektedir. Ancak bu yapının önemli bir özelliği, yüksek frekanslı genlerin (özellikle *Yr26*, *Yr50* ve *Yr15*) aynı kombinasyonlar içinde tekrar tekrar yer almasıdır. Bu durum, dayanıklılığın belirli gen bloklarına aşırı bağımlı hale geldiğini göstermektedir. Bu tür bir yapı, kısa vadede stabilite sağlasa da uzun vadede önemli bir risk barındırmaktadır. Çünkü aynı gen kombinasyonlarının yaygın şekilde kullanılması, patojen popülasyonları üzerinde güçlü seleksiyon baskısı oluşturarak yeni virulent ırkların ortaya çıkmasına neden olabilir ve bu durum klasik bir "boom-and-bust" döngüsü ile sonuçlanabilir. Dolayısıyla, yalnızca mevcut yüksek frekanslı kombinasyonlara dayalı ıslah stratejileri sürdürülebilir değildir.

Sonuç olarak, elde edilen bulgular *Yr26* merkezli gen kombinasyonlarının popülasyonda baskın olduğunu, buna karşılık nadir genlerin sistem içerisinde sınırlı ancak potansiyel olarak kritik bir rol oynadığını göstermektedir. Bu nedenle, gelecekteki

ıslah programlarında yalnızca mevcut gen bloklarının korunması değil, aynı zamanda yeni ve düşük frekanslı genlerin bu kombinasyonlara entegre edilmesi büyük önem taşımaktadır. Ayrıca, moleküler birlikte bulunma verilerinin fenotipik dayanıklılık testleri ile desteklenmesi, bu gen kombinasyonlarının gerçek biyolojik etkisinin doğrulanması açısından kritik bir gerekliliktir.



Şekil 4.13. *Yr* markörlerinin birlikte bulunma eğilimini gösteren normalize edilmiş co-occurrence ısı haritası

Çizelge 4.2. Yr markörleri arasındaki birlikte bulunma (co-occurrence) matrisi.

Markörler	Yr5 (Xwmc175)	Yr5 (Xbarc167)	Yr9 (AF1/AF4)	Yr9 (H20)	Yr10 (Yr10R1/ Yr10 F1)	Yr10 (Yr10R/ Yr10F)	Yr15 (XBarc8)	Yr18 (Cslv34)	Yr18 (L34DINT13R2 /L34SPF)	Yr26 (Xgwm11)	Yr26 (Xgwm18)	Yr41 (Xgwm410)	Yr41 (Xgwm374)	Yr44 (Xgwm501)	Yr50 (Xgwm540)	Yr50 (Xwmc47)
Yr5 (Xwmc175)	0,443	0,042	0,016	0,031	0,016	0,063	0,182	0,193	0,047	0,130	0,417	0,016	0,240	0,042	0,167	0,198
Yr5(Xbarc167)	0,042	0,115	0,021	0,000	0,026	0,078	0,099	0,031	0,026	0,057	0,099	0,000	0,078	0,047	0,068	0,109
Yr9 (AF1/AF4)	0,016	0,021	0,021	0,000	0,005	0,010	0,021	0,005	0,000	0,010	0,016	0,000	0,021	0,005	0,016	0,021
Yr9 (H20)	0,031	0,000	0,000	0,063	0,000	0,010	0,021	0,026	0,005	0,021	0,057	0,000	0,031	0,000	0,031	0,036
Yr10 (Yr10R1/ Yr10 F1)	0,016	0,026	0,005	0,000	0,042	0,016	0,031	0,016	0,000	0,026	0,036	0,000	0,016	0,021	0,026	0,031
Yr10 (Yr10R/ Yr10F)	0,063	0,078	0,010	0,010	0,016	0,167	0,130	0,073	0,052	0,057	0,146	0,010	0,115	0,063	0,083	0,141
Yr15 (XBarc8)	0,182	0,099	0,021	0,021	0,031	0,130	0,505	0,188	0,057	0,203	0,458	0,000	0,318	0,073	0,151	0,370
Yr18 (Cslv34)	0,193	0,031	0,005	0,026	0,016	0,073	0,188	0,354	0,078	0,115	0,318	0,010	0,156	0,021	0,109	0,151
Yr18 (L34DINT13R2/L34SPF)	0,047	0,026	0,000	0,005	0,000	0,052	0,057	0,078	0,099	0,026	0,078	0,016	0,057	0,016	0,052	0,057
Yr26 (Xgwm11)	0,130	0,057	0,010	0,021	0,026	0,057	0,203	0,115	0,026	0,250	0,245	0,000	0,146	0,047	0,109	0,156
Yr26 (Xgwm18)	0,417	0,099	0,016	0,057	0,036	0,146	0,458	0,318	0,078	0,245	0,870	0,010	0,443	0,078	0,271	0,490
Yr41 (Xgwm410)	0,016	0,000	0,000	0,000	0,000	0,010	0,000	0,010	0,016	0,000	0,010	0,016	0,000	0,010	0,000	0,000
Yr41 (Xgwm374)	0,240	0,078	0,021	0,031	0,016	0,115	0,318	0,156	0,057	0,146	0,443	0,000	0,495	0,057	0,198	0,354
Yr44 (Xgwm501)	0,042	0,047	0,005	0,000	0,021	0,063	0,073	0,021	0,016	0,047	0,078	0,010	0,057	0,089	0,052	0,073
Yr50 (Xgwm540)	0,167	0,068	0,016	0,031	0,026	0,083	0,151	0,109	0,052	0,109	0,271	0,000	0,198	0,052	0,297	0,203
Yr50 (Xwmc47)	0,198	0,109	0,021	0,036	0,031	0,141	0,370	0,151	0,057	0,156	0,490	0,000	0,354	0,073	0,203	0,557

4.3. Yr Genlerinin Moleküler Karakterizasyonu

4.3.1. Moleküler markörlerin polimorfizm ve genetik çeşitlilik parametreleri

Çalışmada, sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili *Yr* lokuslarının genetik çeşitlilik parametrelerini belirlemek amacıyla gerçekleştirilen analizlerde, *Xgwm18(Yr26)* ve *Xgwm540 (Yr50)* lokuslarının monomorfik olduğu saptanmış ve bu nedenle istatistiksel değerlendirme dışında bırakılmıştır. Geriye kalan 14 polimorfik lokusa ait allel sayısı, majör allel frekansı, gen çeşitliliği, heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değerleri değerlendirilmiştir (Çizelge 4.3).

Analiz sonuçlarına göre, lokus başına düşen allel sayısının 2.00 (*Xgwm374; Yr41*) ile 16.00 (*Xbarc167; Yr5*) arasında değiştiği ve ortalama allel sayısının 7,06 olduğu belirlenmiştir. Bu değer, incelenen materyalin sarı pas dayanıklılığı açısından yüksek düzeyde allelik çeşitlilik içerdiğini göstermektedir. Özellikle *Xbarc167 (Yr5)*, *Xgwm18 (Yr26)* ve *Xgwm410 (Yr41)* gibi lokuslarda majör allel frekansının düşük, allel sayısının ise yüksek olması, bu bölgelerde herhangi bir allelin baskın hale gelmediğini ve popülasyonun dengeli bir genetik yapı sergilediğini ortaya koymaktadır. Bu durum, söz konusu lokusların yoğun seleksiyon baskısına maruz kalmadığını ve genetik varyasyonun korunmuş olduğunu düşündürmektedir. Elde edilen bulgular, Garg vd. (2023) ile Uysal vd. (2019)'in SSR markörleri ile yürüttükleri çalışmalarda bildirilen allel zenginliği sonuçları ile uyumludur.

Lokusların polimorfizm düzeyini değerlendirmek amacıyla hesaplanan PIC değerlerinin 0,12 ile 0,89 arasında değiştiği ve ortalama PIC değerinin 0,49 olduğu belirlenmiştir. *Xbarc167 (Yr5)* (0,89), *Cslv34 (Yr18)* (0,87) ve *Xgwm18 (Yr26)* (0,85) lokuslarında elde edilen yüksek PIC değerleri, bu markörlerin genotipler arasındaki varyasyonu ayırt etmede yüksek bilgi içeriğine sahip olduğunu göstermektedir. PIC değerinin 0,50'nin üzerinde olması yüksek polimorfizm göstergesi olarak kabul edildiğinden, incelenen lokusların önemli bir kısmının güçlü ayırt edici kapasiteye sahip olduğu söylenebilir. Bu bulgular, SSR markörlerinin yüksek bilgi içeriği ve güvenilirliği ile genetik çeşitlilik çalışmalarında etkin araçlar olduğunu bildiren önceki çalışmalarla uyumludur (Röder vd., 1998; Powell vd., 1996; Sevinç, 2010). Buna karşılık, *Xbarc167 (Yr5)* gibi düşük PIC değerine sahip lokusların sınırlı varyasyon göstermesi, bu bölgelerde allellerin büyük ölçüde fikse hale geldiğini düşündürmektedir. Bu durum, uzun süreli seleksiyon baskısı veya dar genetik taban ile açıklanabilir. Nitekim, yoğun

seleksiyon altında kalan lokusların zamanla varyasyon kaybına uğradığı ve düşük polimorfizm sergilediği belirtilmektedir (Chen vd., 2014).

Popülasyon genelinde ortalama gen çeşitliliğinin 0,51 ve heterozigotluk değerinin 0,20 olması, incelenen materyalin orta düzeyde genetik çeşitlilik taşıdığını göstermektedir. Ancak bazı lokuslarda (örneğin *Yr9(AF1/AF4)* ve *Yr10(Yr10R/ Yr10F)* gözlenen yüksek heterozigotluk değerleri, bu bölgelerde genetik varyasyonun aktif olarak korunmaya devam ettiğini ve materyalin tamamen homojenleşmediğini ortaya koymaktadır.

Genel olarak değerlendirildiğinde, elde edilen PIC ve allelik çeşitlilik değerleri, kullanılan SSR markör setinin sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genetik varyasyonu ortaya koymada yeterli çözünürlüğe sahip olduğunu göstermektedir. Bu durum, söz konusu markörlerin markör destekli seleksiyon (MAS) programlarında etkin şekilde kullanılabileceğini desteklemektedir. Nitekim Furan ve Yüce (2007) ile Uysal (2019) tarafından bildirilen yüksek PIC değerleri de bu bulgularla paralellik göstermektedir.

Bununla birlikte, yüksek polimorfizm ve allelik çeşitlilik değerlerinin doğrudan fonksiyonel dayanıklılığı garanti etmediği göz önünde bulundurulmalıdır. SSR markörler çoğunlukla ilgili gen bölgelerine bağlı göstergeler olup, gen ekspresyonu, epistatik etkileşimler ve çevresel faktörler gerçek fenotipik dayanıklılığı etkileyebilmektedir. Bu nedenle, moleküler çeşitlilik verilerinin fenotipik hastalık reaksiyonları ile birlikte değerlendirilmesi, daha güvenilir sonuçlar elde edilmesi açısından kritik öneme sahiptir.

Sonuç olarak, incelenen *Yr* lokuslarının orta–yüksek düzeyde genetik çeşitlilik sergilediği, bazı lokusların yüksek allelik varyasyon ile öne çıktığı, buna karşılık bazı lokusların seleksiyon baskısı altında varyasyon kaybına uğradığı belirlenmiştir. Bu durum, popülasyonda hem korunmuş hem de daralmış genetik bölgelerin birlikte bulunduğunu göstermekte olup, gelecekteki ıslah programlarında hem yüksek varyasyon taşıyan lokusların değerlendirilmesi hem de düşük çeşitliliğe sahip bölgelerin yeni gen kaynakları ile zenginleştirilmesi gerektiğini ortaya koymaktadır.

Çizelge 4.3. Yr genlerinden elde edilen bilgiler

Lokus	Allel sayısı	Allel frekansı	Gen çeşitliliği	Heterozigotluk	PIC
Yr5 (<i>Xwmc175</i>)	7,00	0,67	0,67	0,23	0,62
Yr5 (<i>Xbarc167</i>)	3,00	0,66	0,12	0,04	0,12
Yr9 (<i>AF1/AF4</i>)	16,00	0,08	0,90	0,83	0,89
Yr9 (<i>H20</i>)	5,00	0,81	0,47	0,09	0,42
Yr10 (<i>Yr10R1/ Yr10 F1</i>)	13,00	0,81	0,81	0,16	0,78
Yr10 (<i>Yr10R/ Yr10F</i>)	14,00	0,21	0,86	0,69	0,85
Yr15 (<i>XBarc8</i>)	8,00	0,89	0,48	0,05	0,45
Yr18 (<i>Cslv34</i>)	9,00	0,97	0,77	0,03	0,74
Yr18 (<i>L34DINT13R2 /L34SPF</i>)	12,00	0,93	0,88	0,06	0,87
Yr26 (<i>Xgwm11</i>)	4,00	0,91	0,42	0,04	0,39
Yr41 (<i>Xgwm410</i>)	7,00	0,13	0,68	0,60	0,64
Yr41 (<i>Xgwm374</i>)	3,00	0,50	0,44	0,22	0,38
Yr44 (<i>Xgwm501</i>)	2,00	0,78	0,24	0,06	0,21
Yr50 (<i>Xwmc47</i>)	8,00	0,84	0,46	0,07	0,44
Ortalama	7,06	0,62	0,51	0,20	0,49

4.3.2. Genetik çeşitlilik parametrelerinin popülasyon bazlı değerlendirmesi

Çalışma Çalışma kapsamında değerlendirilen 14 farklı Yr gen grubuna ait genetik çeşitlilik parametreleri, lokuslar arasında belirgin farklılıklar bulunduğunu ortaya koymuştur. Monomorfik yapı sergileyen *Xgwm18*(Yr26) ve *Xgwm540* (Yr50) grupları, popülasyon varyasyonunu daha doğru temsil edebilmek amacıyla analiz dışı bırakılmıştır (Çizelge 4.4).

İncelenen gen gruplarında allel sayısının (n_a) 1,5 ile 2,0 arasında değiştiği ve ortalama 1,964 olduğu belirlenmiştir. Çoğu lokusta iki allel gözlenirken, yalnızca *Xbarc167* (Yr5) grubunda allel sayısının 1,5 olması, bu lokusun sınırlı varyasyon sergilediğini göstermektedir. Etkili allel sayısı (n_e) ise 1,045(*Xbarc167*; Yr5) ile 1,506 (*Xgwm374*; Yr41) arasında değişmiş ve ortalama 1,231 olarak hesaplanmıştır. Özellikle *Xgwm374* (Yr41) ve *Xgwm501* (Yr44) lokuslarında gözlenen yüksek n_e değerleri, bu lokuslarda allel frekanslarının daha dengeli dağıldığını ve genetik çeşitliliğin korunmuş olduğunu ortaya koymaktadır.

Nei genetik çeşitliliği (h) ve Shannon bilgi indeksi (I) değerleri de benzer bir eğilim göstermiştir. Nei genetik çeşitliliği değerleri 0,0373 ile 0,2916 arasında, Shannon bilgi indeksi değerleri ise 0,0702 ile 0,4559 arasında değişmiş olup, ortalama değerler

sırasıyla 0,1515 ve 0,2532 olarak belirlenmiştir. En yüksek çeşitlilik değerlerinin *Xgwm501 (Yr44)* ($h=0,2916$; $I=0,4559$) ve *Xgwm374 (Yr41)* ($h=0,2864$; $I=0,4280$) lokuslarında gözlenmesi, bu lokusların popülasyonda yüksek allelik zenginlik ve heterojen yapı sergilediğini göstermektedir. Buna karşılık, *Xbarc167 (Yr5)* lokusu tüm parametreler bakımından en düşük değerlere sahip olup ($n_a=1,5$, $n_e=1,0459$, $h=0,0373$, $I=0,0702$), bu bölgenin büyük ölçüde fiksasyona uğradığını veya düşük polimorfizm içerdiğini göstermektedir. Benzer şekilde *Yr10(Yr10R1/Yr10F1)* ve *Yr18 (L34DINT13R2/L34SPF)* lokuslarında da düşük çeşitlilik değerleri ($h\approx 0,05$; $I\approx 0,11-0,12$) dikkat çekmektedir. Bu durum, bazı lokusların uzun süreli seleksiyon baskısı altında varyasyon kaybına uğradığını ve genetik olarak homojenleştiğini düşündürmektedir.

Genel olarak değerlendirildiğinde, incelenen *Yr* lokuslarının orta düzeyde bir genetik çeşitlilik sergilediği, ancak bu çeşitliliğin lokuslar arasında homojen dağılmadığı açıkça görülmektedir. Yüksek çeşitlilik gösteren *Xgwm374 (Yr41)* ve *Xgwm501 (Yr44)* lokusları popülasyondaki genetik varyasyonun önemli bir kısmını temsil ederken, düşük çeşitlilik gösteren lokuslar daha dar bir genetik yapıya işaret etmektedir. Bu heterojen dağılım, modern ıslah programlarında uygulanan hedefe yönelik ancak daraltıcı seleksiyon baskısının bir sonucu olarak değerlendirilebilir. Literatür bulguları da bu durumu desteklemektedir.

Akgören Palabıyık ve Poyraz (2022), bazı *Yr* lokuslarının tüm genotiplerde sabit hale geldiğini ve ayırt ediciliklerini kaybettiklerini bildirmiştir. Benzer şekilde Dawit vd. (2019), bazı direnç genlerinin popülasyonlarda çok yüksek frekanslara ulaştığını, diğerlerinin ise varyasyon göstermeye devam ettiğini rapor etmiştir. Bu çalışmada *Xbarc167 (Yr5)* lokusunda gözlenen düşük çeşitlilik ile *Xgwm374 (Yr41)* ve *Xgwm501 (Yr44)* lokuslarında korunan yüksek çeşitlilik, bu farklı seleksiyon dinamiklerinin popülasyon içerisinde birlikte işlediğini göstermektedir. Yüksek Nei gen çeşitliliği ve Shannon indeksi değerleri, popülasyonun adaptasyon kapasitesinin önemli bir göstergesi olarak kabul edilmektedir (Nei 1973; Lewontin 1972). Bu bağlamda, *Xgwm374 (Yr41)* ve *Xgwm501 (Yr44)* gibi lokusların yüksek çeşitlilik değerleri, bu bölgelerin henüz güçlü seleksiyon baskısına maruz kalmadığını veya farklı genetik kaynaklardan beslendiğini düşündürmektedir. Buna karşılık düşük çeşitlilik gösteren lokuslar, genetik daralma ve allel sabitlenmesi süreçlerini yansıtmaktadır (Chen vd., 2014).

Islah perspektifinden değerlendirildiğinde, bu sonuçlar önemli çıkarımlar sunmaktadır. Yüksek genetik çeşitliliğe sahip lokuslar, ebeveyn seçimi ve genetik iyileştirme programlarında öncelikli olarak değerlendirilmesi gereken genetik kaynaklar

olarak öne çıkmaktadır. Ancak, yalnızca yüksek varyasyon gösteren lokuslara odaklanmak yeterli değildir. Düşük çeşitliliğe sahip ve büyük ölçüde fikse olmuş lokuslar da mevcut dayanıklılık yapısının temel bileşenleri olabilir ve bu lokusların yeni gen kombinasyonları ile desteklenmesi gerekmektedir. Bununla birlikte, moleküler çeşitlilik parametrelerinin doğrudan fenotipik dayanıklılığı yansıtmayabileceği dikkate alınmalıdır. SSR temelli markörler gen bölgelerine bağlı göstergeler olup, gerçek dayanıklılık düzeyi gen ekspresyonu, genler arası etkileşimler ve çevresel faktörler tarafından belirlenmektedir. Bu nedenle, genetik çeşitlilik analizlerinin fenotipik hastalık reaksiyonları ile birlikte değerlendirilmesi, daha güvenilir ve uygulanabilir sonuçlar elde edilmesi açısından kritik öneme sahiptir.

Sonuç olarak, incelenen Yr gen grupları arasında orta düzeyde ancak heterojen bir genetik çeşitlilik bulunduğu; bazı lokusların seleksiyon baskısı altında daraldığı, bazılarının ise genetik varyasyonu koruduğu belirlenmiştir. Bu yapı, popülasyonun hem daralmış hem de korunmuş genetik bölgeler içeren kompleks bir organizasyon sergilediğini göstermekte olup, sürdürülebilir dayanıklılık ıslahı için genetik çeşitliliğin dengeli şekilde yönetilmesi gerektiğini ortaya koymaktadır.

Çizelge 4.4. İncelenen buğday popülasyonlarında Yr gen bölgelerine ait genetik çeşitlilik parametrelerinin (na, ne, h, I) popülasyon bazlı dağılımı

Lokus	na*	ne	h	I
Yr5 (Xwmc175)	2,000	1,364	0,221	0,350
Yr5 (Xbarc167)	1,500	1,045	0,037	0,070
Yr9 (AF1/AF4)	2,000	1,358	0,235	0,376
Yr9 (H20)	2,000	1,119	0,091	0,170
Yr10 (Yr10R1/ Yr10 F1)	2,000	1,058	0,051	0,109
Yr10 (Yr10R/ Yr10F)	2,000	1,136	0,101	0,185
Yr15 (XBarc8)	2,000	1,197	0,124	0,212
Yr18 (Cslv34)	2,000	1,215	0,152	0,263
Yr18 (L34DINT13R2/ L34SPF)	2,000	1,058	0,053	0,119
Yr26 (Xgwm11)	2,000	1,174	0,130	0,234
Yr41 (Xgwm410)	2,000	1,328	0,212	0,344
Yr41 (Xgwm374)	2,000	1,506	0,286	0,428
Yr44 (Xgwm501)	2,000	1,460	0,291	0,455
Yr50 (Xwmc47)	2,000	1,209	0,130	0,223
Ortalama	1,964	1,231	0,151	0,253

*na: Observed number of alleles; ne: Effective number of alleles (Kimura and Crow 1964); h = Nei's (1973) gene diversity ve I = Shannon's Information index (Lewontin, 1972).

4.3.3. Kümeleme analizi ve genetik benzerlik

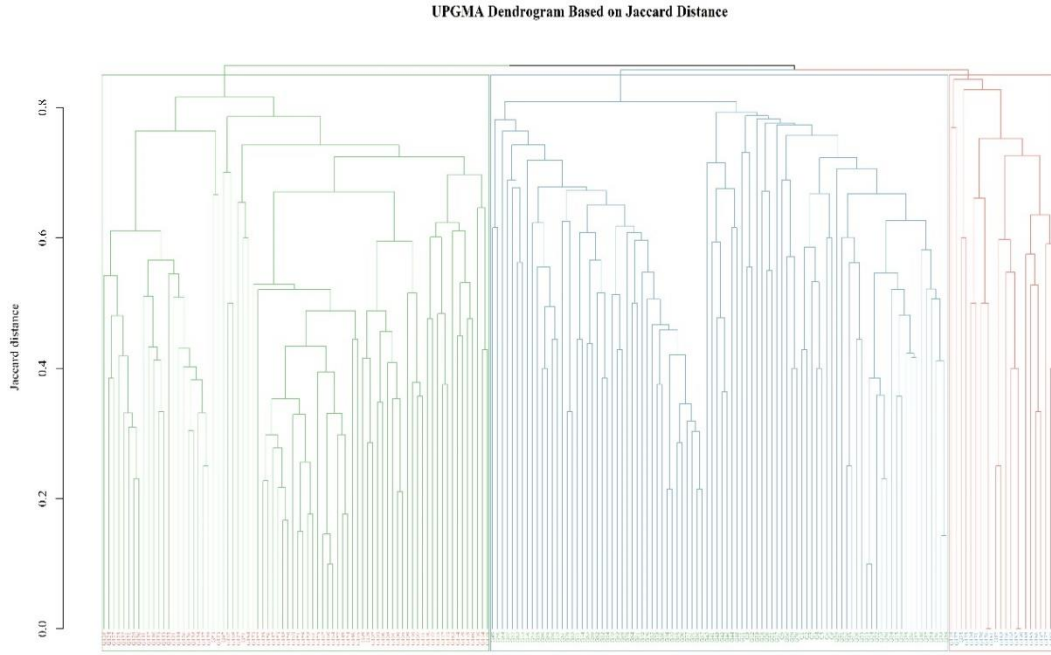
Moleküler markör verilerine dayalı olarak oluşturulan genetik benzerlik matrisi, genotipler arasındaki ilişkilerin nicel olarak ortaya konmasını sağlamış ve popülasyon içerisinde geniş bir genetik varyasyon bulunduğunu göstermiştir. Dendrogram ile genetik

mesafe matrisi arasındaki uyumun yüksek olması (cophenetic korelasyon katsayısı $r = 0,777$), elde edilen kümeleme yapısının güvenilir olduğunu ve genotipler arasındaki gerçek genetik ilişkileri büyük ölçüde yansıttığını göstermektedir (Şekil 4.14). Bu bulgu, kullanılan moleküler markör sisteminin genetik yapı analizinde yeterli doğruluğa sahip olduğunu desteklemektedir. Jaccard benzerlik katsayılarına göre hesaplanan değerlerin 0,000 ile 0,900 arasında değişmesi, incelenen materyalde hem yüksek derecede benzer genotiplerin hem de tamamen farklı genetik yapıya sahip bireylerin birlikte bulunduğunu açıkça ortaya koymaktadır. En yüksek benzerlik değeri (0,900) G13 ve G14 genotipleri arasında belirlenmiş olup, bu genotiplerin allelik kompozisyon açısından oldukça benzer ve muhtemelen ortak seleksiyon geçmişine sahip olduğunu göstermektedir. Buna karşılık, G2 ve G167 genotipleri arasında gözlenen 0,000 benzerlik değeri, bu iki genotipin ortak allel taşımadığını ve popülasyon içerisindeki en uzak genetik bireyler olduğunu ortaya koymaktadır (EK-1). Minimum ve maksimum değerler arasındaki bu geniş aralık, popülasyonun dar bir genetik tabandan ziyade geniş ve heterojen bir gen havuzuna sahip olduğunu göstermektedir. Genetik mesafe dağılımı, popülasyon içerisinde hem yakın akrabalık ilişkilerinin hem de belirgin genetik farklılıkların bir arada bulunduğunu ortaya koymaktadır. Bu yapı, farklı coğrafi kökenlerden, farklı ıslah programlarından ve farklı seleksiyon geçmişlerinden gelen materyallerin birlikte kullanılması ile açıklanabilir. Nitekim benzer şekilde buğdayda yapılan genetik çeşitlilik çalışmalarında heterojen popülasyon yapıları sıklıkla rapor edilmiştir (Mohammadi ve Prasanna, 2003).

Elde edilen genetik mesafe matrisi, UPGMA yöntemi ile gerçekleştirilen kümeleme analizi ile desteklenmiş ve genotiplerin üç ana grup altında toplandığı belirlenmiştir. Bu kümeleme yapısı, popülasyonun homojen bir genetik yapıdan ziyade çok kaynaklı ve çok katmanlı bir organizasyon sergilediğini göstermektedir. Özellikle kümeler arası genetik ayrışma, farklı gen havuzlarının varlığını açıkça ortaya koymaktadır. Bu durum, kümeleme analizinin yalnızca görsel bir sınıflandırma değil, aynı zamanda popülasyonun evrimsel ve ıslah geçmişine dair önemli bilgiler sunduğunu göstermektedir. Kümeleme sonuçlarının en dikkat çekici yönlerinden biri, bazı genotiplerin belirgin şekilde diğerlerinden ayrışması ve hatta tek başına alt kümeler oluşturmasıdır. Bu genotipler, popülasyon içerisinde özgün genetik yapıya sahip bireyler olarak değerlendirilebilir. Özellikle genetik olarak uzak konumlanan bu tür genotipler, ıslah programlarında genetik çeşitliliği artırmak ve yeni kombinasyonlar oluşturmak açısından önemli ebeveyn adaylarıdır.

Islah perspektifinden deęerlendirildięinde, genetik olarak uzak genotiplerin melezlenmesi, transgresif aılım ve heterotik etki potansiyelini artırmaktadır. Nitekim Ercan (2008), genetik mesafenin yksek olduęu ebeveyn kombinasyonlarının daha geniř varyasyon oluřturduęunu ve stn genotiplerin elde edilme olasılıęını artırdıęını belirtmiřtir. Bu baęlamda, zellikle farklı kmelere yer alan genotiplerin kombinasyonu, sarı pas dayanıklılıęı ve agronomik performans aısından stn bireylerin geliřtirilmesi iin nemli bir fırsat sunmaktadır. Elde edilen bulgular literatr ile gl bir uyum ierisindedir. Garg vd. (2023) ile Uysal vd. (2019), SSR markrlerine dayalı analizlerde genotiplerin genetik arka planlarına gre belirgin kmelere ayrıldıęını ve genetik mesafenin geniř aralıklarda deęiřtięini rapor etmiřlerdir. Benzer řekilde abuk řahin (2009), dayanıklı ve duyarlı genotiplerin farklı kmelere yer aldıęını ortaya koymuřtur. Bu alıřmalarla paralel olarak, bu alıřmada da genotiplerin belirgin řekilde ayrıřması, materyalin geniř genetik eřitlilik ierdięini doęrulamaktadır.

Bununla birlikte, molekler markrlere dayalı genetik benzerlik analizlerinin fenotipik performansı doęrudan yansıtmayabileceęi gz nnde bulundurulmalıdır. Genetik mesafe, potansiyel varyasyon hakkında nemli bilgiler sunsa da gerek dayanıklılık ve verim performansı gen–evre etkileřimleri ve gen ekspresyonu tarafından řekillendirilmektedir. Bu nedenle, elde edilen molekler bulguların fenotipik veriler ile desteklenmesi, daha doęru ıslah stratejileri geliřtirilmesi aısından kritik neme sahiptir. Sonu olarak, genetik benzerlik matrisi ve kmeleme analizi birlikte deęerlendirildięinde, incelenen buęday poplasyonunun yksek ve heterojen bir genetik eřitlilik sergiledięi, farklı gen havuzlarının bir arada bulunduęu ve genotipler arasında belirgin genetik ayrıřmaların mevcut olduęu belirlenmiřtir. Bu yapı, uygun ebeveyn seimi ve stratejik melezleme programları ile deęerlendirildięinde, gen piramitlenmesi, heterozis ve transgresif varyasyon oluřturma aısından nemli bir potansiyel sunmaktadır.



Şekil 4.14. Yr gen bölgelerini kullanarak UPGMA metoduyla oluşturulan kümeleme analizi

4.3.4. Temel koordinat analizine göre genetik çeşitliliğin belirlenmesi

Temel Koordinat Analizi (PCoA), genotipler arasındaki genetik uzaklıkların çok boyutlu uzayda görselleştirilmesini sağlayarak popülasyon yapısının daha anlaşılır şekilde ortaya konulmasına imkân tanıyan etkili bir yöntemdir. Bu çalışmada PCoA analizi, Jaccard benzerlik katsayısına dayalı genetik mesafe matrisi kullanılarak gerçekleştirilmiş ve genotipler arasındaki ilişkiler çok boyutlu olarak değerlendirilmiştir (Şekil 4.15).

Elde edilen sonuçlara göre, ilk üç ana koordinat toplam genetik varyasyonun %50,85'ini açıklamıştır (PCoA1: %20,57, PCoA2: %16,96, PCoA3: %13,33). Bu durum, incelenen popülasyonda genetik çeşitliliğin tek bir eksenle açıklanamayacak kadar kompleks ve çok boyutlu bir yapıya sahip olduğunu göstermektedir. Başka bir ifadeyle, sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili genetik yapı, birkaç baskın gen tarafından değil, çok sayıda gen ve gen etkileşimi tarafından şekillendirilmektedir.

PCoA dağılımına göre genotipler üç ana grup altında toplanmıştır. Bu kümelene, genotipler arasında belirgin bir genetik farklılaşma bulunduğunu ortaya koymaktadır. Özellikle Cluster 3'te yer alan genotiplerin diğer gruplardan net şekilde ayrılması, bu grubun farklı ve muhtemelen daha zengin Yr gen kombinasyonlarına sahip olduğunu göstermektedir. Bu nedenle söz konusu grup, sarı pas dayanıklılığı ıslahı açısından potansiyel donör materyal olarak öne çıkmaktadır. Cluster 2'de yer alan genotipler, iki ana grup arasında konumlanarak geçiş özelliği sergilemektedir. Bu

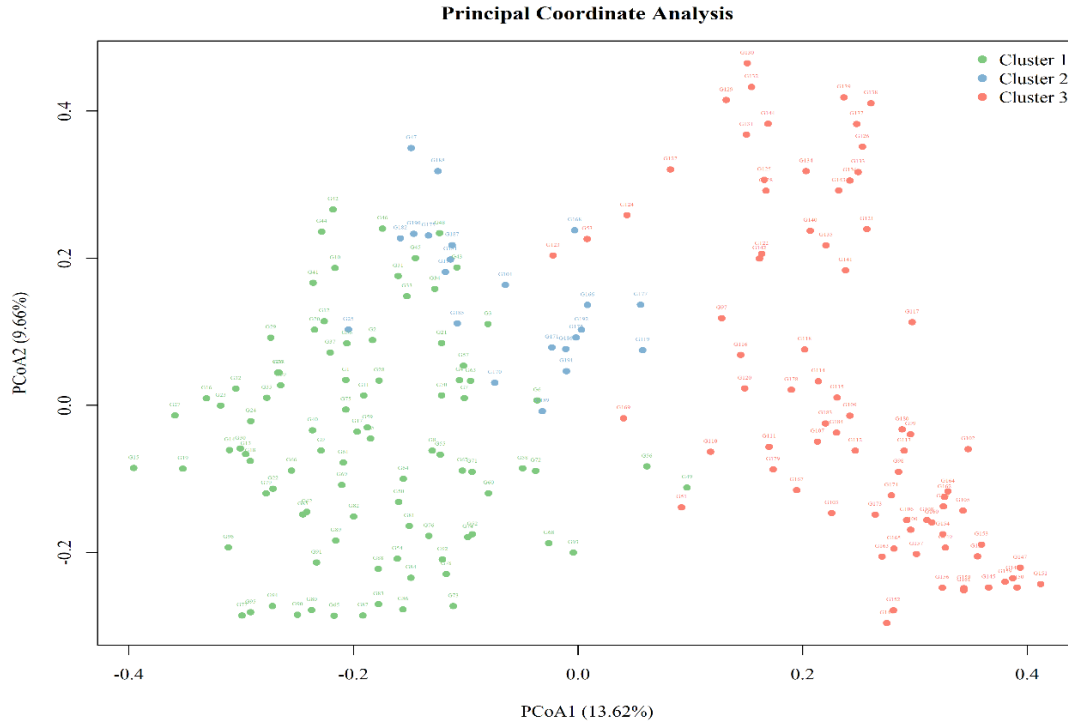
genotipler, farklı gen havuzları arasında bağlantı oluşturan ara formlar olarak değerlendirilebilir ve hem genetik çeşitliliğin korunması hem de stabil performansın sağlanması açısından önemli bir genetik kaynak niteliği taşımaktadır. Buna karşılık Cluster 1, daha geniş bir dağılım gösteren ve görece daha homojen genotiplerden oluşarak popülasyonun temel genetik yapısını temsil etmektedir.

PCoA sonuçlarının en önemli çıktılarından biri, genetik varyasyonun yalnızca belirli kümelerde yoğunlaşmadığını, aynı zamanda kümeler arasında belirgin geçiş bölgelerinin bulunduğunu göstermesidir. Bu durum, sarı pas dayanıklılığının dar bir genetik tabana değil, farklı Yr gen kombinasyonlarına dayalı kompleks bir yapı tarafından kontrol edildiğini ortaya koymaktadır. Nitekim kompleks agronomik özelliklerin genetik mimarisinin çok katmanlı olduğu ve hem majör hem de minör genlerin birlikte etkileşimi ile şekillendiği literatürde geniş şekilde vurgulanmaktadır (Korte ve Farlow, 2013).

İslah perspektifinden değerlendirildiğinde, PCoA sonuçları genetik olarak uzak gruplar arasında yapılacak melezlemelerin daha yüksek genetik varyasyon ve yeni allel kombinasyonları oluşturma potansiyeline sahip olduğunu göstermektedir. Bu bağlamda, özellikle Cluster 3 $\times$ Cluster 1 kombinasyonlarının maksimum genetik çeşitlilik sağlayarak yeni ve güçlü dayanıklılık kombinasyonlarının elde edilmesinde etkili olabileceği düşünülmektedir. Ayrıca Cluster 3 $\times$ Cluster 2 çaprazlamaları, dayanıklılık ile adaptasyon özelliklerinin birlikte geliştirilmesine katkı sağlayabilirken; Cluster 2 $\times$ Cluster 1 kombinasyonları daha stabil ve geniş adaptasyon yeteneğine sahip genotiplerin geliştirilmesi açısından değerlendirilebilir.

Elde edilen bulgular literatür ile uyumludur. Vikram vd. (2021), PCA analizleri ile buğday genotiplerinin genetik kökenlerine göre belirgin gruplar oluşturduğunu ve yüksek varyasyon sergilediğini bildirmiştir. Benzer şekilde Garg vd. (2023), çok boyutlu analizlerin genetik ayrışmayı ortaya koymada etkili olduğunu ve genetik olarak uzak gruplar arasında yapılacak melezlemelerin gen piramitleme başarısını artırdığını rapor etmiştir. Bu çalışmada önerilen çaprazlama stratejileri de literatürde vurgulanan “genetik mesafeyi maksimize ederek varyasyon oluşturma” yaklaşımı ile örtüşmektedir. Bununla birlikte, PCoA analizinin moleküler markör verilerine dayalı olduğu ve fenotipik performansı doğrudan yansıtmayabileceği göz önünde bulundurulmalıdır. Genetik uzaklık, potansiyel varyasyonu ortaya koysa da gerçek dayanıklılık düzeyi gen ekspresyonu, epistatik etkileşimler ve çevresel faktörler tarafından belirlenmektedir. Bu nedenle, PCoA sonuçlarının fenotipik hastalık reaksiyonları ile birlikte değerlendirilmesi, daha etkili ıslah stratejileri geliştirilmesi açısından kritik öneme sahiptir. Sonuç olarak,

PCoA analizi buğday genotipleri arasında önemli düzeyde genetik çeşitlilik bulunduğunu ve bu çeşitliliğin heterojen ve çok boyutlu bir yapı sergilediğini ortaya koymuştur. Genotiplerin belirgin gruplar oluşturması ve kümeler arası genetik uzaklığın yüksek olması, uygun ebeveyn seçimi ile gen piramitlenmesi, heterozis ve transgresif varyasyon oluşturma açısından önemli bir potansiyel sunmaktadır.



Şekil 4.15. Yr gen bölgelerini kullanarak yapılan temel koordinat analizi ve iki boyutlu diyagram üzerinde ayrımı

4.3.5. Genetik Yapı Analizi

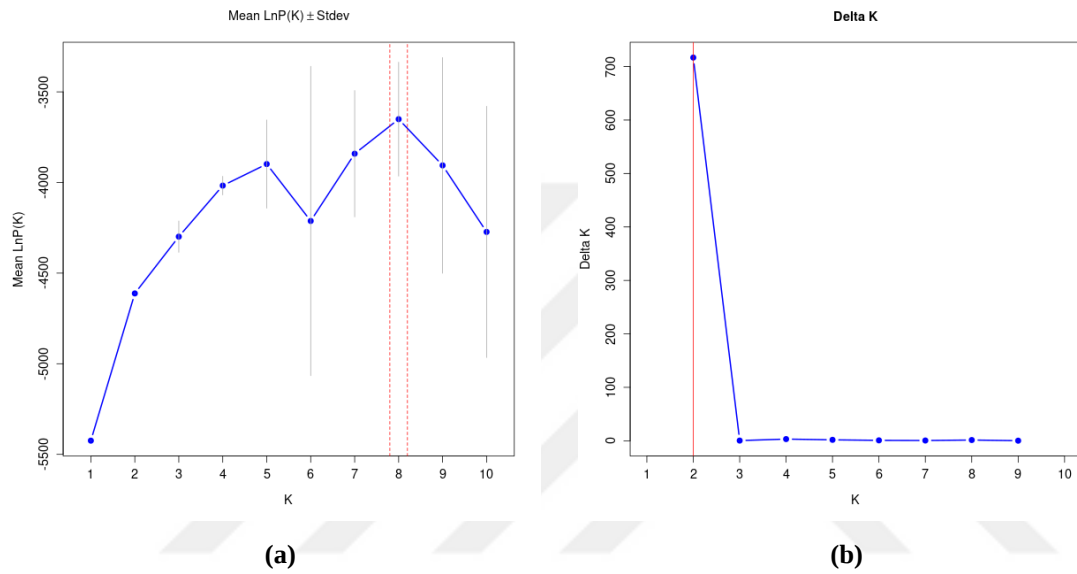
Bu çalışmada, 192 buğday genotipinin popülasyon yapısı SSR markör verileri kullanılarak STRUCTURE 2.3.4 yazılımı ile analiz edilmiş ve en uygun popülasyon sayısının K=2 olduğu belirlenmiştir. Bu sonuç, incelenen materyalin iki ana genetik alt-popülasyondan oluştuğunu göstermektedir (Çizelge 4.5). Genotiplerin yaklaşık %39,5'i birinci, %60,5'i ise ikinci alt-popülasyonda yer almakta olup, bu durum popülasyonun iki baskın genetik yapı etrafında organize olduğunu ortaya koymaktadır (Çizelge 4.6). Alt-popülasyonlar arasındaki genetik farklılaşma düzeyini ifade eden F_{ST} değerlerinin yüksek bulunması (0,427 ve 0,454), genetik varyasyonun önemli bir kısmının popülasyonlar arasında gerçekleştiğini ve bu iki grubun belirgin şekilde ayrıştığını göstermektedir. Bu değerler, literatürde güçlü genetik farklılaşma için kabul edilen eşiklerin ($F_{ST} > 0,25$) oldukça üzerindedir ve incelenen materyalin iki farklı genetik havuzdan türediğini düşündürmektedir (Çizelge 4.5).

Buna karşılık, bazı genotiplerin (örneğin G119, G123, G167 ve G177) her iki alt-popülasyondan da üyelik göstermesi, popülasyonlar arasında gen akışı (gene flow) ve admixture bulunduğunu ortaya koymaktadır. Bu durum, farklı genetik havuzlar arasında geçmişte gerçekleşen melezleme çalışmaları ve ortak ebeveyn kullanımı ile açıklanabilir. Admixture bireyler, genetik çeşitliliğin korunması ve farklı gen havuzlarının entegrasyonu açısından önemli bir rol oynamaktadır. Popülasyonlar arası net genetik uzaklığın düşük bulunması (0,038) iki alt-popülasyon arasında belirli bir genetik benzerlik bulunduğunu göstermektedir. Ancak buna rağmen STRUCTURE analizinde net bir ayrışmanın gözlenmesi, bu popülasyonların hem ortak genetik bileşenlere sahip olduğunu hem de belirgin şekilde farklılaşmış alt yapılar içerdiğini ortaya koymaktadır. Bu durum, seleksiyon baskısı ile genetik izolasyonun birlikte etkili olduğu kompleks bir popülasyon yapısına işaret etmektedir.

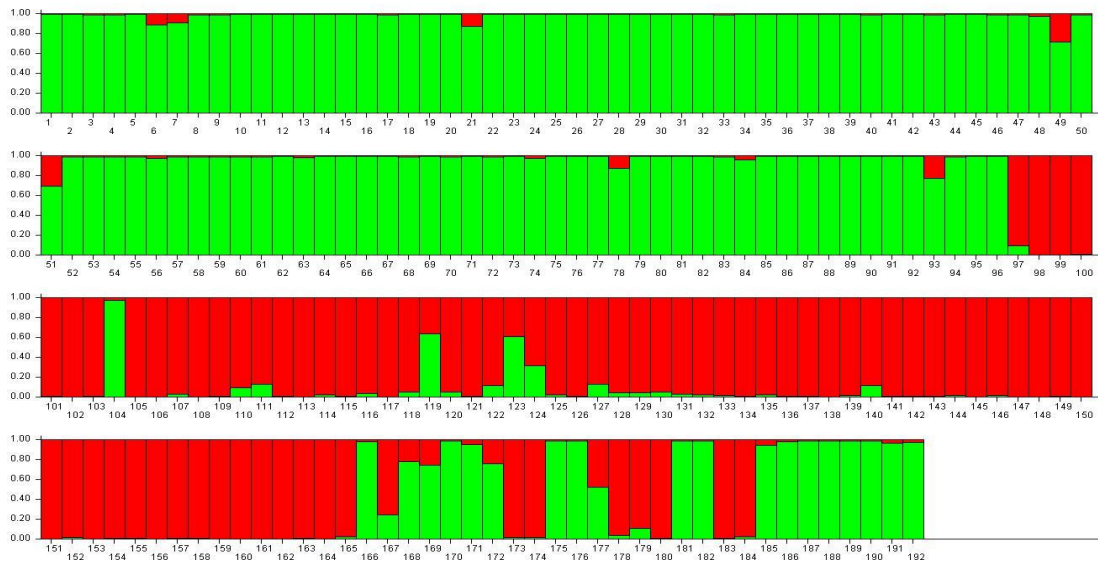
Elde edilen STRUCTURE sonuçlarının PCoA ve UPGMA kümeleme analizleri ile uyumlu olması, genetik yapı analizlerinin tutarlılığını ve güvenilirliğini desteklemektedir. Farklı yöntemlerin benzer gruplandırma sonuçları vermesi, popülasyon yapısının güçlü ve istikrarlı bir şekilde ortaya konulduğunu göstermektedir. Literatür bulguları da bu sonuçları desteklemektedir. Taşcıoğlu (2014), Türkiye ve Orta Doğu kökenli buğday genotiplerinin STRUCTURE analizinde iki ana gruba ayrıldığını ve admixture bireylerin varlığını rapor etmiştir. Benzer şekilde Vikram vd. (2021), geniş buğday popülasyonlarında genotiplerin genetik kökenlerine göre belirgin alt-popülasyonlara ayrıldığını, ancak bu gruplar arasında gen akışının devam ettiğini göstermiştir. Bu çalışmada elde edilen K=2 yapısı ve admixture bireylerin varlığı, literatürde tanımlanan bu genetik organizasyon modeli ile uyumludur.

İslah perspektifinden değerlendirildiğinde, bu popülasyon yapısı önemli avantajlar sunmaktadır. Farklı alt-popülasyonlardan seçilecek ebeveynlerin melezlenmesi, genetik çeşitliliğin artırılmasına ve yeni allel kombinasyonlarının oluşturulmasına katkı sağlayacaktır. Özellikle genetik olarak ayrılmış alt-popülasyonlar arasında yapılacak çaprazlamalar, heterozis ve transgresif varyasyon oluşturma potansiyelini artırmaktadır. Bununla birlikte, moleküler markörlere dayalı popülasyon yapısı analizlerinin fenotipik performansı doğrudan yansıtmayabileceği dikkate alınmalıdır. Genetik farklılaşma, potansiyel varyasyon hakkında önemli bilgiler sunsa da gerçek dayanıklılık ve agronomik performans gen-çevre etkileşimleri ve gen ekspresyonu tarafından belirlenmektedir. Bu nedenle, STRUCTURE sonuçlarının fenotipik veriler ile birlikte değerlendirilmesi, daha etkili ve uygulanabilir ıslah stratejileri

geliştirilmesi açısından kritik öneme sahiptir. Sonuç olarak, incelenen buğday popülasyonunun iki ana genetik yapıdan oluştuğu, bu yapılar arasında güçlü bir genetik farklılaşma bulunduğu ancak aynı zamanda belirli düzeyde gen akışı ile birbirine bağlandığı belirlenmiştir. Bu yapı, farklı gen havuzlarının entegrasyonunu yansıtan kompleks bir organizasyon sergilemekte olup, uygun ebeveyn seçimi ile değerlendirildiğinde sarı pas dayanıklılığı ve diğer agronomik özelliklerin geliştirilmesi açısından önemli bir potansiyel sunmaktadır.



Şekil 4.16. Yr gen bölgelerini göre genotiplerin buğday popülasyonları için Ln P (D) ve ΔK yapısının karışım modelinden çizgi grafikler a; K'nın her bir değerinde yapı tarafından üretilen Ln P (D) istatistiğinin ortalama değeri, b; DK



Şekil 4.17. Yr gen bölgelerini göre popülasyon yapısının grafiksel gösterimi [Her buğday genotipi için alt grup 1 (kırmızı) ve alt grup 2 (yeşil) genotipleri temsil eden dikey bir çizgi ile gösterilir (K=2)]

Çizelge 4.5. Buğday genotiplerin iki alt-popülasyonda üyelik katsayısı

Sıra No	Genotip	Popülasyon 1 (Q1)	Popülasyon 2 (Q2)	Grup	Maks. Üyelik Katsayısı
1	G1	0,005	0,995	P2*	0,995
2	G2	0,005	0,995	P2	0,995
3	G3	0,010	0,990	P2	0,990
4	G4	0,010	0,990	P2	0,990
5	G5	0,005	0,995	P2	0,995
6	G6	0,111	0,889	P2	0,889
7	G7	0,087	0,913	P2	0,913
8	G8	0,010	0,990	P2	0,990
9	G9	0,009	0,991	P2	0,991
10	G10	0,005	0,995	P2	0,995
11	G11	0,005	0,995	P2	0,995
12	G12	0,006	0,994	P2	0,994
13	G13	0,004	0,996	P2	0,996
14	G14	0,005	0,995	P2	0,995
15	G15	0,004	0,996	P2	0,996
16	G16	0,005	0,995	P2	0,995
17	G17	0,008	0,992	P2	0,992
18	G18	0,004	0,996	P2	0,996
19	G19	0,004	0,996	P2	0,996
20	G20	0,007	0,993	P2	0,993
21	G21	0,123	0,877	P2	0,877
22	G22	0,006	0,994	P2	0,994
23	G23	0,004	0,996	P2	0,996
24	G24	0,005	0,995	P2	0,995
25	G25	0,005	0,995	P2	0,995
26	G26	0,004	0,996	P2	0,996
27	G27	0,004	0,996	P2	0,996
28	G28	0,005	0,995	P2	0,995
29	G29	0,005	0,995	P2	0,995
30	G30	0,005	0,995	P2	0,995
31	G31	0,007	0,993	P2	0,993
32	G32	0,004	0,996	P2	0,996
33	G33	0,008	0,992	P2	0,992
34	G34	0,006	0,994	P2	0,994
35	G35	0,004	0,996	P2	0,996
36	G36	0,005	0,995	P2	0,995
37	G37	0,004	0,996	P2	0,996
38	G38	0,005	0,995	P2	0,995
39	G39	0,005	0,995	P2	0,995
40	G40	0,008	0,992	P2	0,992
41	G41	0,004	0,996	P2	0,996
42	G42	0,005	0,995	P2	0,995
43	G43	0,013	0,987	P2	0,987
44	G44	0,006	0,994	P2	0,994
45	G45	0,006	0,994	P2	0,994

Çizelge 4.5. (devam) Buğday genotiplerin iki alt-popülasyonda üyelik katsayısı

Sıra No	Genotip	Popülasyon 1 (Q1)	Popülasyon 2 (Q2)	Grup	Maks. Üyelik Katsayısı
46	G46	0,014	0,986	P2	0,986
47	G47	0,009	0,991	P2	0,991
48	G48	0,022	0,978	P2	0,978
49	G49	0,285	0,715	Admix	0,715
50	G50	0,008	0,992	P2	0,992
51	G51	0,306	0,694	Admix	0,694
52	G52	0,010	0,990	P2	0,990
53	G53	0,012	0,988	P2	0,988
54	G54	0,008	0,992	P2	0,992
55	G55	0,010	0,990	P2	0,990
56	G56	0,025	0,975	P2	0,975
57	G57	0,009	0,991	P2	0,991
58	G58	0,011	0,989	P2	0,989
59	G59	0,011	0,989	P2	0,989
60	G60	0,010	0,990	P2	0,990
61	G61	0,010	0,990	P2	0,990
62	G62	0,005	0,995	P2	0,995
63	G63	0,018	0,982	P2	0,982
64	G64	0,007	0,993	P2	0,993
65	G65	0,005	0,995	P2	0,995
66	G66	0,006	0,994	P2	0,994
67	G67	0,006	0,994	P2	0,994
68	G68	0,012	0,988	P2	0,988
69	G69	0,006	0,994	P2	0,994
70	G70	0,014	0,986	P2	0,986
71	G71	0,007	0,993	P2	0,993
72	G72	0,012	0,988	P2	0,988
73	G73	0,007	0,993	P2	0,993
74	G74	0,023	0,977	P2	0,977
75	G75	0,005	0,995	P2	0,995
76	G76	0,005	0,995	P2	0,995
77	G77	0,005	0,995	P2	0,995
78	G78	0,128	0,872	P2	0,872
79	G79	0,006	0,994	P2	0,994
80	G80	0,004	0,996	P2	0,996
81	G81	0,006	0,994	P2	0,994
82	G82	0,005	0,995	P2	0,995
83	G83	0,008	0,992	P2	0,992
84	G84	0,040	0,960	P2	0,960
85	G85	0,004	0,996	P2	0,996
86	G86	0,006	0,994	P2	0,994
87	G87	0,006	0,994	P2	0,994
88	G88	0,005	0,995	P2	0,995
89	G89	0,005	0,995	P2	0,995
90	G90	0,004	0,996	P2	0,996

Çizelge 4.5. (devam) Buğday genotiplerin iki alt-popülasyonda üyelik katsayısı

Sıra No	Genotip	Popülasyon 1 (Q1)	Popülasyon 2 (Q2)	Grup	Maks. Üyelik Katsayısı
91	G91	0,006	0,994	P2	0,994
92	G92	0,006	0,994	P2	0,994
93	G93	0,228	0,772	Admix	0,772
94	G94	0,008	0,992	P2	0,992
95	G95	0,004	0,996	P2	0,996
96	G96	0,005	0,995	P2	0,995
97	G97	0,905	0,095	P1	0,905
98	G98	0,993	0,007	P1	0,993
99	G99	0,995	0,005	P1	0,995
100	G100	0,992	0,008	P1	0,992
101	G101	0,992	0,008	P1	0,992
102	G102	0,995	0,005	P1	0,995
103	G103	0,989	0,011	P1	0,989
104	G104	0,027	0,973	P2	0,973
105	G105	0,994	0,006	P1	0,994
106	G106	0,994	0,006	P1	0,994
107	G107	0,965	0,035	P1	0,965
108	G108	0,993	0,007	P1	0,993
109	G109	0,988	0,012	P1	0,988
110	G110	0,906	0,094	P1	0,906
111	G111	0,866	0,134	P1	0,866
112	G112	0,992	0,008	P1	0,992
113	G113	0,996	0,004	P1	0,996
114	G114	0,972	0,028	P1	0,972
115	G115	0,988	0,012	P1	0,988
116	G116	0,962	0,038	P1	0,962
117	G117	0,995	0,005	P1	0,995
118	G118	0,944	0,056	P1	0,944
119	G119	0,360	0,640	Admix	0,640
120	G120	0,943	0,057	P1	0,943
121	G121	0,992	0,008	P1	0,992
122	G122	0,884	0,116	P1	0,884
123	G123	0,387	0,613	Admix	0,613
124	G124	0,681	0,319	Admix	0,681
125	G125	0,975	0,025	P1	0,975
126	G126	0,989	0,011	P1	0,989
127	G127	0,871	0,129	P1	0,871
128	G128	0,957	0,043	P1	0,957
129	G129	0,954	0,046	P1	0,954
130	G130	0,943	0,057	P1	0,943
131	G131	0,971	0,029	P1	0,971
132	G132	0,974	0,026	P1	0,974
133	G133	0,982	0,018	P1	0,982
134	G134	0,989	0,011	P1	0,989
135	G135	0,973	0,027	P1	0,973

Çizelge 4.5. (devam) Buğday genotiplerin iki alt-popülasyonda üyelik katsayısı

Sıra No	Genotip	Popülasyon 1 (Q1)	Popülasyon 2 (Q2)	Grup	Maks. Üyelik Katsayısı
136	G136	0,989	0,011	P1	0,989
137	G137	0,990	0,010	P1	0,990
138	G138	0,993	0,007	P1	0,993
139	G139	0,984	0,016	P1	0,984
140	G140	0,883	0,117	P1	0,883
141	G141	0,989	0,011	P1	0,989
142	G142	0,989	0,011	P1	0,989
143	G143	0,991	0,009	P1	0,991
144	G144	0,980	0,020	P1	0,980
145	G145	0,994	0,006	P1	0,994
146	G146	0,984	0,016	P1	0,984
147	G147	0,995	0,005	P1	0,995
148	G148	0,997	0,003	P1	0,997
149	G149	0,991	0,009	P1	0,991
150	G150	0,997	0,003	P1	0,997
151	G151	0,996	0,004	P1	0,996
152	G152	0,984	0,016	P1	0,984
153	G153	0,995	0,005	P1	0,995
154	G154	0,990	0,010	P1	0,990
155	G155	0,987	0,013	P1	0,987
156	G156	0,994	0,006	P1	0,994
157	G157	0,991	0,009	P1	0,991
158	G158	0,992	0,008	P1	0,992
159	G159	0,995	0,005	P1	0,995
160	G160	0,994	0,006	P1	0,994
161	G161	0,994	0,006	P1	0,994
162	G162	0,995	0,005	P1	0,995
163	G163	0,990	0,010	P1	0,990
164	G164	0,995	0,005	P1	0,995
165	G165	0,973	0,027	P1	0,973
166	G166	0,018	0,982	P2	0,982
167	G167	0,751	0,249	Admix	0,751
168	G168	0,218	0,782	Admix	0,782
169	G169	0,256	0,744	Admix	0,744
170	G170	0,010	0,990	P2	0,990
171	G171	0,046	0,954	P2	0,954
172	G172	0,241	0,759	Admix	0,759
173	G173	0,985	0,015	P1	0,985
174	G174	0,980	0,020	P1	0,980
175	G175	0,008	0,992	P2	0,992
176	G176	0,008	0,992	P2	0,992
177	G177	0,473	0,527	Admix	0,527
178	G178	0,964	0,036	P1	0,964
179	G179	0,888	0,112	P1	0,888
180	G180	0,990	0,010	P1	0,990

Çizelge 4.5. (devam) Buğday genotiplerin iki alt-popülasyonda üyelik katsayısı

Sıra No	Genotip	Popülasyon 1 (Q1)	Popülasyon 2 (Q2)	Grup	Maks. Üyelik Katsayısı
181	G181	0,009	0,991	P2	0,991
182	G182	0,009	0,991	P2	0,991
183	G183	0,989	0,011	P1	0,989
184	G184	0,976	0,024	P1	0,976
185	G185	0,055	0,945	P2	0,945
186	G186	0,015	0,985	P2	0,985
187	G187	0,012	0,988	P2	0,988
188	G188	0,010	0,990	P2	0,990
189	G189	0,012	0,988	P2	0,988
190	G190	0,010	0,990	P2	0,990
191	G191	0,034	0,966	P2	0,966
192	G192	0,026	0,974	P2	0,974

*P1; 1. alt-popülasyon, P2; 2. alt-popülasyon ve Admix; Karışık yapı (iki popülasyona da ait)

Çizelge 4.6. Buğday genotiplerinde alt-popülasyonlarında beklenen heterozigotluk ve FST değerleri

Alt-popülasyon	Birey sayısı (%)	Beklenen heterozigotluk (He)	FST
Popülasyon 1	76 (39,5%)	0,23	0,427
Popülasyon 2	116 (60,5%)	0,19	0,454
Ortalama	-	0,21	0,440

SONUÇLAR VE ÖNERİLER

5.1. Sonuçlar

Bu çalışmada, 192 ekmeklik buğday genotipi sarı pas etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*'ye karşı dayanıklılık ile ilişkili *Yr* genleri bakımından moleküler düzeyde kapsamlı olarak değerlendirilmiş ve popülasyonun genetik yapısı çok yönlü analizlerle ortaya konulmuştur. Elde edilen bulgular, incelenen materyalde *Yr* genlerinin homojen dağılmadığını, aksine belirgin bir heterojen yapı sergilediğini ve dayanıklılık mimarisinin sınırlı sayıda yüksek frekanslı lokus etrafında şekillendiğini açıkça göstermiştir.

Markör frekansları, *Yr26* (*Xgwm18*) gibi bazı genlerin popülasyonda baskın hale geldiğini, buna karşılık *Yr9* (*H20*) ve *Yr41* (*Xgwm410*) gibi bazı genlerin düşük frekansta veya tamamen absent olduğunu ortaya koymuştur. Bu durum, geçmiş ıslah programlarında belirli genlerin yoğun seleksiyon baskısı altında biriktiğini, buna karşın bazı direnç genlerinin zamanla popülasyondan elimine edildiğini ve genetik tabanın daralma eğilimi gösterdiğini göstermektedir. Bu tür bir yapı, kısa vadede etkili dayanıklılık sağlasa da uzun vadede patojen adaptasyonunu hızlandırarak klasik bir “boom-and-bust” döngüsüne zemin hazırlayabilir.

Genotip bazında markör birikimi incelendiğinde, genotiplerin büyük çoğunluğunun 3–5 gen aralığında yoğunlaştığı, buna karşılık yüksek sayıda (≥ 10) *Yr* geni taşıyan genotiplerin oldukça sınırlı olduğu belirlenmiştir. Bu bulgu, popülasyonda gen piramitlenmesinin yeterince uygulanmadığını ve dayanıklılığın büyük ölçüde sınırlı sayıda gen kombinasyonuna dayandığını göstermektedir. Bununla birlikte G162, G164 ve G165 gibi yüksek markör içeriğine sahip genotipler, çoklu dayanıklılık allellerini bir arada bulundurmaları nedeniyle ıslah programları açısından önemli donör materyaller olarak öne çıkmaktadır.

Kümülatif frekans ve birlikte bulunma analizleri, popülasyonda belirgin bir “çekirdek–perifer (core–periphery)” genetik yapı bulunduğunu ortaya koymuştur. Dayanıklılığın büyük ölçüde *Yr26*, *Yr15* ve *Yr50* gibi yüksek frekanslı lokuslar tarafından yönlendirildiği, buna karşılık düşük frekanslı genlerin sistemi tamamlayıcı rol oynadığı belirlenmiştir. Ayrıca bu genlerin yüksek düzeyde birlikte bulunması, direnç genlerinin bağımsız değil, belirli genetik bloklar veya kombinasyonlar halinde aktarıldığını ve ıslah sürecinde örtük seleksiyon (co-selection) ile bu yapıların güçlendiğini göstermektedir. Bu

durum, dayanıklılığın modüler ve çok genli bir organizasyon sergilediğini ortaya koymaktadır.

Genetik çeşitlilik analizleri, incelenen *Yr* lokuslarının orta–yüksek düzeyde polimorfizm sergilediğini (ortalama PIC = 0,49) ve popülasyonda anlamlı bir genetik varyasyon bulunduğunu göstermiştir. Bununla birlikte bazı lokuslarda düşük çeşitlilik değerlerinin gözlenmesi, belirli gen bölgelerinde seleksiyon baskısına bağlı genetik daralma yaşandığını düşündürmektedir. Bu durum, popülasyon içerisinde hem korunmuş hem de daralmış genetik bölgelerin birlikte bulunduğunu göstermektedir.

Popülasyon yapısı analizleri genotiplerin iki ana genetik alt-popülasyona ayrıldığını ve bu gruplar arasında yüksek düzeyde genetik farklılaşma bulunduğunu ortaya koymuştur. Buna karşılık bazı genotiplerde gözlenen admixture yapısı, farklı gen havuzları arasında gen akışı olduğunu ve geçmiş ıslah faaliyetlerinin popülasyon yapısını şekillendirdiğini göstermektedir. Kümeleme, PCoA ve STRUCTURE analizlerinin birbirini desteklemesi, elde edilen genetik yapı modelinin tutarlılığını ve güvenilirliğini güçlendirmektedir.

Elde edilen tüm bulgular birlikte değerlendirildiğinde, sarı pas dayanıklılığının tek bir gen veya dar bir gen havuzu tarafından değil, farklı *Yr* gen kombinasyonlarının etkileşimi ile şekillenen kompleks bir genetik mimariye sahip olduğu anlaşılmaktadır. Ancak bu mimarinin belirli genler etrafında yoğunlaşması, dayanıklılığın uzun vadeli sürdürülebilirliği açısından risk oluşturmaktadır. Özellikle yüksek frekanslı genlere aşırı bağımlılık, patojen popülasyonları üzerinde seleksiyon baskısını artırarak yeni virulent ırkların ortaya çıkmasına neden olabilir.

Islah açısından bu sonuçlar önemli çıkarımlar sunmaktadır. Sürdürülebilir sarı pas dayanıklılığı için yalnızca mevcut yüksek frekanslı genlerin kullanımı yeterli değildir. Bunun yerine: düşük frekanslı (nadir) genlerin korunması ve ıslaha dahil edilmesi, gen piramitlenmesi stratejilerinin sistematik şekilde uygulanması, genetik olarak uzak genotipler arasında melezleme yapılması gerekmektedir. Bu yaklaşımlar hem genetik çeşitliliğin artırılmasına hem de dayanıklılığın daha stabil ve uzun ömürlü hale getirilmesine katkı sağlayacaktır.

Bununla birlikte, moleküler markörlere dayalı bu sonuçların doğrudan fenotipik dayanıklılığı yansıtmayabileceği dikkate alınmalıdır. Markör varlığı, ilgili genin fonksiyonel olarak aktif olduğunu garanti etmemektedir. Bu nedenle, elde edilen moleküler bulguların fenotipik hastalık reaksiyonları ile desteklenmesi, daha güvenilir ve uygulanabilir ıslah stratejileri geliştirilmesi açısından kritik öneme sahiptir.

Sonuç olarak, incelenen buğday popülasyonunun sarı pas dayanıklılığı açısından heterojen ancak fonksiyonel olarak organize olmuş bir genetik yapıya sahip olduğu belirlenmiştir. Bu yapı, hem mevcut dayanıklılık kaynaklarının etkin kullanımına hem de yeni gen kombinasyonlarının geliştirilmesine olanak sağlayan önemli bir potansiyel sunmaktadır.

5.2. Öneriler

1. Moleküler ve fenotipik verilerin entegrasyonu sağlanmalıdır. Moleküler markör verileri tek başına fonksiyonel dayanıklılığı tam olarak yansıtmayabileceğinden, elde edilen sonuçların tarla koşullarında gerçekleştirilen hastalık gözlemleri ile desteklenmesi gerekmektedir. Bu yaklaşım, gen-fenotip ilişkisinin daha doğru değerlendirilmesini sağlayacaktır.

2. Gen piramitlenmesi stratejileri sistematik olarak uygulanmalıdır. Popülasyonda çoklu *Yr* gen kombinasyonlarının sınırlı olması, dayanıklılığın sürdürülebilirliği açısından önemli bir eksikliktir. Bu nedenle farklı dayanıklılık genlerini bir araya getiren gen piramitlenmesi yaklaşımları önceliklendirilmeli ve marker destekli seleksiyon (MAS) etkin bir şekilde kullanılmalıdır.

3. Yüksek gen içeriğine sahip genotipler donör materyal olarak değerlendirilmelidir. G162, G164, G165 ve G163 gibi çoklu *Yr* genlerini taşıyan genotipler, geniş spektrumlu dayanıklılık geliştirme potansiyeline sahip olup, ileri ıslah programlarında ebeveyn materyal olarak kullanılmalıdır.

4. Nadir ve düşük frekanslı genler korunmalı ve ıslaha entegre edilmelidir. *Yr9* ve *Yr41* gibi popülasyonda düşük frekansta bulunan genler, mevcut durumda sınırlı katkı sağlasa da gelecekte ortaya çıkabilecek yeni patojen ırklarına karşı kritik genetik rezervler olarak değerlendirilmeli ve korunmalıdır.

5. Genetik tabanın genişletilmesine yönelik yeni materyaller programa dahil edilmelidir. Popülasyonda belirli genlerin baskın hale gelmesi genetik daralmaya işaret etmektedir. Bu nedenle farklı coğrafi kökenlere ve gen havuzlarına sahip materyallerin ıslah programlarına dahil edilmesi, genetik çeşitliliğin artırılması açısından önemlidir.

6. Alternatif ve fonksiyonel gen kombinasyonlarının geliştirilmesine odaklanılmalıdır. Mevcut dayanıklılık yapısının yüksek frekanslı genler (örneğin *Yr26*) etrafında yoğunlaşması, uzun vadede kırılabilirlik riski oluşturmaktadır. Bu nedenle

alternatif gen kombinasyonlarının oluřturulmasına yönelik stratejik alıřmalar yrtlmelidir.

7. Srdrlebilir ve ok katmanlı dayanıklılık modelleri hedeflenmelidir. Tek genli dayanıklılık yaklařımları yerine, majr ve minr genlerin birlikte kullanıldıęı ok katmanlı (durable resistance) modeller benimsenmelidir. Bu yaklařım, dayanıklılıęın srekliğini saęlayarak patojen adaptasyon riskini azaltacaktır.



KAYNAKLAR

- Abbas, S., Li, Y., Lu, J., Hu, J., Zhang, X., Lv, X., ... ve Fayyaz, M. (2024). Evaluation of stripe rust resistance and analysis of resistance genes in wheat genotypes from Pakistan and Southwest China. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1494566. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1494566>
- Abuzayed, M., El-Dabba, N., Frary, A., ve Doganlar, S. (2017). GDdom: an online tool for calculation of dominant marker gene diversity. *Biochemical Genetics*, 55(2), 155-157. DOI 10.1007/s10528-016-9779-0
- Adams, M. D., Kelley, J. M., Gocayne, J. D., Dubnick, M., Polymeropoulos, M. H., Xiao, H., Merril, C. R., Wu, A., Olde, B., Moreno, R. F., Kerlavage, A. R., McCombie, W. R., ve Venter, J. C. (1991). Complementary DNA sequencing: Expressed sequence tags and human genome mapping. *Science*, 252(5013), 1651–1656.
- Ağaner, G. T. (2024). *İzmir ve Manisa illerinde buğdayda sarı pas (Puccinia striiformis f. sp. tritici) hastalığının yaygınlığı, ırkları ve çeşit reaksiyonlarının belirlenmesi üzerine araştırmalar* (Yayın No. 868530) [Doctoral dissertation, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki Koruma Anabilim Dalı]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- Aktaş, H., ve Zencirci, N. (2016). Türkiye’de buğday sarı pas hastalığının durumu. *Bitki Koruma Bülteni*, 56, 45–60.
- Alemu, S. K., Huluka, A. B., Tesfaye, K., Haileselassie, T., ve Uauy, C. (2021). Genome-wide association mapping identifies yellow rust resistance loci in Ethiopian durum wheat germplasm. *PloS One*, 16(5), e0243675. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243675>
- Andersen, J. R., ve Lübberstedt, T. (2003). Functional markers in plants. *Trends in Plant Science*, 8(11), 554-560. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2003.09.010>
- Ateş Sönmezoğlu, Ö., ve Terzi, B. (2018). Characterization of some bread wheat genotypes using molecular markers for drought tolerance. *Physiology and molecular biology of plants*, 24(1), 159-166. 2018) <https://doi.org/10.1007/s12298-017-0492-1>
- Aydoğdu, M., ve Akan, K. (2023). Investigation of disease-yield relationship of yellow rust in some bread and durum wheat varieties by Phenological periods using hyperspectral data. *Bursa Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 37(2), 401-423. <https://doi.org/10.20479/bursauludagziraat.1245805>
- Bagge, M., Xia, X., ve Lübberstedt, T. (2007). Functional markers in wheat. *Current Opinion in Plant Biology*, 10(2), 211-216. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2007.01.009>
- Baloch, F. S., Ali, A., Tajibayev, D., Nadeem, M. A., Ölmez, F., Aktaş, H., ve Yang, S. H. (2024). Stripe rust resistance gene Yr15 in Turkish and Kazakhstan wheat germplasms and the potential of Turkish wild emmer for stripe rust breeding.

- Genetic Resources and Crop Evolution*, 71(6), 2699-2719. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01804-4>
- Baloch, F. S., Derya, M., Andeden, E. E., Alsaleh, A., Cömertpay, G., Kilian, B., ve Özkan, H. (2015). Inter-primer binding site retrotransposon and inter-simple sequence repeat diversity among wild *Lens* species. *Biochemical Systematics and Ecology*, 58, 162–168. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2014.12.002>
- Bariana, H., Kant, L., Qureshi, N., Forrest, K., Miah, H., ve Bansal, U. (2022). Identification and characterisation of stripe rust resistance genes Yr66 and Yr67 in wheat cultivar VL Gehun 892. *Agronomy*, 12(2), 318. <https://doi.org/10.3390/agronomy12020318>
- Basnet, B. R., Singh, R. P., Ibrahim, A. M. H., Herrera-Foessel, S. A., Huerta-Espino, J., Lan, C., ve Rudd, J. C. (2014). Characterization of Yr54 and other genes associated with adult plant resistance to yellow rust and leaf rust in common wheat Quaiu 3. *Molecular Breeding*, 33(2), 385-399. DOI 10.1007/s11032-013-9957-2
- Bidyananda, N., Jamir, I., Nowakowska, K., Varte, V., Vendrame, W. A., Devi, R. S., ve Nongdam, P. (2024). Plant genetic diversity studies: insights from DNA marker analyses. *International Journal of Plant Biology*, 15(3), 607-640. <https://doi.org/10.3390/ijpb15030046>
- Blair, M. W., González, L. F., Kimani, P. M., ve Butare, L. (2012). Genetic diversity, inter-gene pool introgression and nutritional quality of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 125, 1001–1021. DOI 10.1007/s00122-010-1305-x
- Bohn, M., Melchinger, A. E., ve Klein, D. (1999). Genetic diversity in European maize germplasm investigated with SSR markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 99, 109–119. <https://doi.org/10.1007/s001220051208>
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., ve Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3), 314–331.
- Brar, G. S., Brûlé-Babel, A. L., Ruan, Y., Henriquez, M. A., Pozniak, C. J., Kutcher, H. R., ve Hucl, P. J. (2019). Genetic factors affecting Fusarium head blight resistance improvement from introgression of exotic Sumai 3 alleles (including Fhb1, Fhb2, and Fhb5) in hard red spring wheat. *BMC Plant Biology*, 19(1), 179. <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1782-2>
- Braun, H. J., ve Saari, E. E. (1992). An assessment of the potential of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* to cause yield losses in wheat on the Anatolian Plateau of Turkey. *Vortraege fuer Pflanzenzuechtung* (Germany), 24.
- Brenchley, R., Spannagl, M., Pfeifer, M., Barker, G. L., D'Amore, R., Allen, A. M., ve Hall, N. (2012). Analysis of the bread wheat genome using whole-genome shotgun sequencing. *Nature*, 491(7426), 705-710. doi:10.1038/nature11650

- Cabuk, E., Aydin, Y., ve Uncuoglu, A. A. (2011). Assessing wheat (*Triticum aestivum*) genotypes for “Yr” resistance genes using conserved regions and simple-sequence motifs. *Genetics and Molecular Research*, 10(4), 3463-3471.
- Charpe, A., Koul, S., Gupta, S. K., Singh, A., Pallavi, J. K., ve Prabhu, K. V. (2012). Marker assisted gene pyramiding of leaf rust resistance genes Lr 9, Lr 24 and Lr 28 in a bread wheat cultivar HD 2329. *J. Wheat Res*, 4(1), 20-28.
- Chelkowski, J., Golka, L., ve Stepień, Ł. (2003). Application of STS markers for leaf rust resistance genes in near-isogenic lines of spring wheat cv. Thatcher. *Journal of Applied Genetics*, 44(3), 323-338.
- Chen, X. M. (2005). Epidemiology and control of stripe rust [*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*] on wheat. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 27(3), 314-337. <https://doi.org/10.1080/07060660509507230>
- Chen, X. M. (2013). Review article: High-temperature adult-plant resistance, key for sustainable control of stripe rust. *American Journal of Plant Sciences*, 4, 608–627. <https://doi.org/10.4236/ajps.2013.43079>
- Chen, X. M. (2014). Integration of cultivar resistance and fungicide application for control of wheat stripe rust. *Plant Disease*, 98, 1581–1588. <https://doi.org/10.1080/07060661.2014.924560>
- Chen, X. M. (2020). Pathogens which threaten food security: *Puccinia striiformis*, the wheat stripe rust pathogen. *Food Security*, 12, 239–251. <https://doi.org/10.1007/s12571-020-01016-z>
- Chen, X. M., ve Line, R. F. (1992). Identification of stripe rust resistance genes in wheat genotypes used to differentiate North American races of *Puccinia striiformis*. *Phytopathology*, 82(12), 1428-1434.
- Chen, X., ve Kang, Z. (2017). Integrated control of stripe rust. *Stripe rust içinde* (s. 559-599). Springer Netherlands.
- Cheng, B., Gao, X., Cao, N., Ding, Y., Gao, Y., Chen, T., ve Zhang, L. (2020). Genome-wide association analysis of stripe rust resistance loci in wheat accessions from southwestern China. *Journal of Applied Genetics*, 61(1), 37-50. <https://doi.org/10.1007/s13353-019-00533-8>
- Ciucă, M. (2011). A preliminary report on the identification of SSR markers for bunt (*Tilletia* sp.) resistance in wheat. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 47(Special Issue), S142-S145.
- Collard, B. C. Y., ve Mackill, D. J. (2008). Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 363, 557–572. <https://doi.org/10.1098/rstb.2007.2170>

- Collard, B. C. Y., ve Mackill, D. J. (2009). Start codon targeted (SCoT) polymorphism: A simple, novel DNA marker technique for generating gene-targeted markers in plants. *Plant Omics*, 2(4), 203–208. DOI [10.1007/s11105-008-0060-5](https://doi.org/10.1007/s11105-008-0060-5)
- Çabuk Şahin, E. (2009). *Sarı pas hastalığı açısından dayanıklı ve duyarlı olarak belirlenen buğday (Triticum aestivum L.) çeşitlerinin gen zengin bölgelerdeki moleküler markörler ile araştırılması* (Yayın No. 256660) [Master's thesis, Marmara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dalı]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- Çat, A., Tekin, M., Çatal, M., Akan, K., ve Akar, T. (2017). Buğdayda sarı pas hastalığı ve dayanıklılık ıslahı çalışmaları. *Mediterranean Agricultural Sciences*, 30(2), 97-105.
- Dawit, W., Badebo, A., Hunde, B., ve Kassa, D. (2019). Haplotype analysis of Ethiopian bread wheat (*Triticum aestivum*) cultivars and elite lines for yellow rust resistance genes using linked molecular markers. *African Journal of Biotechnology*, 18(2), 37–57. <https://doi.org/10.5897/AJB2018.16539>
- Dean, R., Van Kan, J. A. L., Pretorius, Z. A., Hammond-Kosack, K. E., Di Pietro, A., Spanu, P. D., ve Foster, G. D. (2012). The Top 10 fungal pathogens in molecular plant pathology. DOI: [10.1111/J.1364-3703.2011.00783.X](https://doi.org/10.1111/J.1364-3703.2011.00783.X)
- Dos Santos, J. B., Nienhuis, J., ve Skroch, P. (1994). Comparison of RAPD and RFLP genetic markers in determining genetic similarity among *Brassica oleracea* L. genotypes. *Theoretical and Applied Genetics*, 87, 909–915. <https://doi.org/10.1007/BF00225777>
- Doyle, J. (1991). DNA protocols for plants. *Molecular techniques in taxonomy* içinde (s. 283-293). Springer Berlin Heidelberg.
- Draz, I. S., Abou-Elseoud, M. S., Kamara, A. E. M., Alaa-Eldein, O. A. E., ve El-Bebany, A. F. (2015). Screening of wheat genotypes for leaf rust resistance along with grain yield. *Annals of Agricultural Sciences*, 60(1), 29-39. <https://doi.org/10.1016/j.aos.2015.01.001>
- Draz, I. S., Serfling, A., Muqaddasi, Q. H., ve Röder, M. S. (2021). Quantitative trait loci for yellow rust resistance in spring wheat doubled haploid populations developed from the German Federal ex situ genebank genetic resources. *The Plant Genome*, 14(3), e20142. DOI: [10.1002/tpg2.20142](https://doi.org/10.1002/tpg2.20142)
- Dubcovsky, J., ve Dvorak, J. (2007). Genome plasticity a key factor in the success of polyploid wheat under domestication. *Science*, 316(5833), 1862-1866.
- Dusunceli, F., Cetin, L., Albustan, S., ve Beniwal, S. P. S. (1996). Occurrence and impact of wheat stripe rust (*Puccinia striiformis*) in Turkey in 1994/95 crop season. *Proceedings 9th European and Mediterranean Cereal Rusts and Powdery Mildews Conference* içinde (s. 309). Lunteren, the Netherlands.

- Duarte, J., Rivi re, N., Baranger, A., Aubert, G., Burstin, J., Cornet, L., ve Boutet, G. (2014). Transcriptome sequencing for high throughput SNP development and genetic mapping in Pea. *BMC genomics*, 15(1), 126.
- D   nceli, F.,  etin, L., ve Albustan, S. (2000). Occurrence and importance of rust diseases (*Puccinia* spp.) of wheat in Central Anatolia and strategies for their control.
- Earl, D. A., ve VonHoldt, B. M. (2012). STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4(2), 359-361.
- El Messoadi, K., El Hanafi, S., Gataa, Z. E., Kehel, Z., Bouhouch, Y., ve Tadesse, W. (2022). Genome wide association study for stripe rust resistance in spring bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Plant Pathology*, 104, 1049–1059. <https://doi.org/10.1007/s42161-022-01132-z>
- Ellis, J. G., Lagudah, E. S., Spielmeyer, W., ve Dodds, P. N. (2014). The past, present and future of breeding rust resistant wheat. *Frontiers in Plant Science*, 5, 641.
- El-Orabey, W. M., Hamwieh, A., ve Ahmed, S. M. (2019). Molecular markers and phenotypic characterization of adult plant resistance genes Lr 34, Lr 46, Lr 67 and Lr 68 and their association with partial resistance to leaf rust in wheat. *Journal of Genetics*, 98(3), 82.
- Elston, R. C. (2005). Polymorphism information content. *Encyclopedia of Biostatistics*, 6.
- Ercan, S. (2008). *Bazı kışlık ekmeklik buğday (Triticum aestivum L.)  e itlerinde sarı pas (Puccinia striiformis f. sp. tritici) hastalığına karşı dayanıklılığın molek ler mark rler ile araştırılması* (Yayın No. 238927) [Master's thesis, Marmara  niversitesi Fen Bilimleri Enstit s ]. Y K Ulusal Tez Merkezi.
- Etminan, A., Pour-Aboughadareh, A., Mohammadi, R., ve Yousefi, M. (2018). Application of CAAT box–derived polymorphism (CBDP) markers for genetic diversity analysis in wheat germplasm. *Biochemical Systematics and Ecology*, 78, 24–32. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2018.03.006>
- Evanno, G., Regnaut, S., ve Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8), 2611-2620. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x
- Erenstein, O., Jaleta, M., Mottaleb, K. A., Sonder, K., Donovan, J., ve Braun, H. J. (2022). Global trends in wheat production, consumption and trade. In *Wheat improvement* (pp. 47-66). Springer, Cham.
- FAO. (2023). Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTAT Database. Rome, Italy.
- Feldman, M., ve Levy, A. A. (2012). Genome evolution due to allopolyploidization in wheat. *Genetics*, 192(3), 763-774. doi: 10.1534/genetics.112.146316

- Fernando, W. D., Oghenekaro, A. O., Tucker, J. R., ve Badea, A. (2021). Building on a foundation: advances in epidemiology, resistance breeding, and forecasting research for reducing the impact of fusarium head blight in wheat and barley. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 43(4), 495-526. <https://doi.org/10.1080/07060661.2020.1861102>
- Finnegan, D. J. (1989). Eukaryotic transposable elements and genome evolution. *Trends in Genetics*, 5(4), 103–107. [https://doi.org/10.1016/0168-9525\(89\)90039-5](https://doi.org/10.1016/0168-9525(89)90039-5)
- Francis, H. A., Leitch, A. R., ve Koebner, R. M. D. (1995). Conversion of a RAPD-generated PCR product into a robust assay for the presence of rye chromatin in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 90, 636–642.
- Furan, M. A. (2007). *Buğdayda sarı pasa dayanıklılık genlerine ilişkin moleküler markörlerin araştırılması* (Yayın No. 224173) [Doctoral dissertation, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- Furan, M. A., ve Yüce, S. (2009). Buğdayda sarı pasa dayanıklı ve duyarlı bazı çeşit ve hatların SSR analizleri. *Journal of Agriculture Faculty of Ege University*, 46(1), 1–8.
- Gaitán-Solís, E., Choi, I. Y., Quigley, C., Cregan, P., ve Tohme, J. (2008). Single nucleotide polymorphisms in common bean: their discovery and genotyping using a multiplex detection system. *The Plant Genome*, 1(2). [doi:10.3835/plantgenome2008.04.0204](https://doi.org/10.3835/plantgenome2008.04.0204)
- Garg, B., Yashveer, S., Taunk, J., Singh, V., Redhu, N. S., Tokas, J., ve Malhotra, S. (2023). Characterization of wheat (*Triticum aestivum*) genotypes for multiple fungal resistance using functional markers. *The Indian Journal of Agricultural Sciences*, 93(1), 30-35. <https://doi.org/10.56093/ijas.v93i1.129567>
- Genievskaia, Y., Turuspekova, Y., Rsaliyev, A., ve Abugalieva, S. (2020). Genome-wide association mapping for resistance to leaf, stem, and yellow rusts of common wheat under field conditions of South Kazakhstan. *PeerJ*, 8, e9820. <https://doi.org/10.7717/peerj.9820>
- Gilbert, J., ve Tekauz, A. (2000). Recent developments in research on Fusarium head blight of wheat in Canada. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 22(1), 1-8. <https://doi.org/10.1080/07060660009501155>
- Goriewa-Duba, K., Duba, A., Suchowilska, E., ve Wiwart, M. (2020). An Analysis of the genetic diversity of bread wheat x spelt breeding lines in terms of their resistance to powdery mildew and leaf rust. *Agronomy*, 10(5), 658. <https://doi.org/10.3390/agronomy10050658>
- Grynja, J., Tomkowiak, A., Kwiatek, M., Nawracała, J., Rychel-Bielska, S., ve Kowalczewski, P. Ł. (2024). The use of high-throughput DArTseq-based silicodart and SNP markers to identify yellow rust resistance genes in common wheat. *Euphytica*, 220(3), 31. <https://doi.org/10.1007/s10681-024-03291-9>

- Gulyaeva, E., Gannibal, P., ve Shaydayuk, E. (2023). Long-term studies of wheat leaf rust in the north-western region of Russia. *Agriculture*, 13(2), 255. <https://doi.org/10.3390/agriculture13020255>
- Gupta, P. K., Balyan, H. S., Sharma, P. C., ve Ramesh, B. (1996). Microsatellites in plants: a new class of molecular markers. *Current Science*, 45-54.
- Gupta, P. K., ve Rustgi, S. (2004). Molecular markers from the transcribed/expressed region of the genome in higher plants. *Functional & Integrative Genomics*, 4, 139–162. <https://doi.org/10.1007/s10142-004-0118-1>
- Gupta, P. K., ve Varshney, R. K. (2000). The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. *Euphytica*, 113, 163–165.
- Hamada, H., Petrino, M. G., ve Kakunaga, T. (1982). A novel repeated element with Z-DNA-forming potential is widely found in evolutionarily diverse eukaryotic genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*, 79(21), 6465–6469. <https://doi.org/10.1073/pnas.79.21.6465>
- Harlan, J. R., ve Zohary, D. (1966). Yabani buğday ve arpanın dağılımı: yabani formların mevcut dağılımı, erken tahıl evcilleştirme bölgelerine dair ipuçları sağlayabilir. *Science*, 153(3740), 1074-1080.
- Hatta, M. A. M., Arora, S., Ghosh, S., Matny, O., Smedley, M. A., Yu, G., ve Wulff, B. B. (2021). The wheat Sr22, Sr33, Sr35 and Sr45 genes confer resistance against stem rust in barley. *Plant Biotechnology Journal*, 19(2), 273-284. [doi:10.1111/pbi.13460](https://doi.org/10.1111/pbi.13460)
- Hayden, M. J., Nguyen, T. M., ve Waterman, A. (2009). Multiplex-ready PCR: A new method for multiplexed SSR and SNP genotyping. *BMC Genomics*, 10, 187. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-10-187>
- Hovmöller, M. S., Sørensen, C. K., Walter, S., ve Justesen, A. F. (2011). Diversity of *Puccinia striiformis* on cereals and grasses. *Annual Review of Phytopathology*, 49(1), 197-217. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-072910-095230>
- Hu, J., & Vick, B. A. (2003). Target region amplification polymorphism: a novel marker technique for plant genotyping. *Plant Molecular Biology Reporter*, 21(3), 289-294.
- Huang, S., Sirikhachornkit, A., Su, X., Faris, J., Gill, B., Haselkorn, R., ve Gornicki, P. (2002). Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3-phosphoglycerate kinase of the Triticum/Aegilops complex and the evolutionary history of polyploid wheat. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(12), 8133-8138.
- Huang, X. Q., ve Röder, M. S. (2011). High-density genetic and physical bin mapping of wheat chromosome 1D reveals that the powdery mildew resistance gene Pm24 is located in a highly recombinogenic region. *Genetica*, 139(9), 1179-1187. [DOI:10.1007/s10709-011-9620-y](https://doi.org/10.1007/s10709-011-9620-y)

- Immaculee, N., Uma, M. S., Hegde, N., Nagaraja, T. E., ve Somashekahar, Y. M. (2015). Microsatellite DNA marker aided diversity analysis in frenchbean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Legume Research*, 38(1), 16-23. DOI:10.5958/0976-0571.2015.00003.X
- Iqbal, M., Semagn, K., Randhawa, H., Aboukhaddour, R., Ciechanowska, I., Strenzke, K., ve Spaner, D. (2023). Identification and characterization of stripe rust, leaf rust, leaf spot, and common bunt resistance in spring wheat. *Crop Science*, 63(4), 2310-2328. DOI: 10.1002/csc2.20953
- İpek, E. (2021). *Bazı makarnalık buğday (Triticum durum Desf.) çeşitlerinin sarı pas hastalığına karşı genotipik ve fenotipik olarak dayanıklılığının belirlenmesi* (Yayın No. 695851) [Master's thesis, Akdeniz Üniversitesi, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- İren, S. (1964). Türkiye'de 1963 yılı hububat pas türleri ve zarar ve yayılışları üzerinde araştırmalar. *Bitki Koruma Bülteni*, 4, 141-159.
- Järve, K., Peusha, H., Tsymbalova, J., Tamm, S., ve Devos, K. M. (2000). Chromosomal location of a *Triticum timopheevii*-derived powdery mildew resistance gene transferred to common wheat. *Genome*, 43(2), 377-381. <https://doi.org/10.1139/g99-131>
- Joshi, S. P., Ranjekar, P. K., ve Gupta, V. S. (1999). Molecular markers in plant genome analysis. *Current Science*, 77(2), 230-240.
- Kalendar, R., Antonius, K., Smýkal, P., ve Schulman, A. H. (2010). iPBS: a universal method for DNA fingerprinting and retrotransposon isolation. *Theoretical and Applied Genetics*, 121(8), 1419-1430. DOI:10.1007/s00122-010-1398-2
- Karahan, A. M. (2025). *UN TARHANASININ BESİNSEL OLARAK ZENGİNLEŞTİRİLMESİNDE TEFF [Eragrostis tef (Zuccagni) Trotter] UNU KULLANIMININ OPTİMİZASYONU* (Doktora tezi).
- Keller, B., Feuillet, C., ve Yahiaoui, N. (2005). Map-based isolation of disease resistance genes from bread wheat: cloning in a supsize genome. *Genetics Research*, 85(2), 93-100. doi:10.1017/S0016672305007391
- Khan, S. N., Hassan, G., Khan, M. R., Facho, Z. H., Singh, D., Sandhu, K. S., ve Ali, S. (2022). Field assessment and molecular markers-based characterization of yellow rust resistance in wheat hybrid progenies. *JAPS: Journal of Animal & Plant Sciences*, 32.(1) <https://doi.org/10.36899/JAPS.2022.1.0409>
- Kokhmetova, A., Rathan, N. D., Sehgal, D., Malysheva, A., Kumarbayeva, M., Nurzhuma, M., ve Bakhytuly, K. (2023). QTL mapping for seedling and adult plant resistance to stripe and leaf rust in two winter wheat populations. *Frontiers in Genetics*, 14, 1265859. DOI 10.3389/fgene.2023.1265859
- Korte, A., ve Farlow, A. (2013). The advantages and limitations of trait analysis with GWAS. *Nature Reviews Genetics*, 14, 807-818.

- Kosman, E. (2003). Nei's gene diversity and the index of average differences are identical measures of diversity within populations. *Plant Pathology*, 52(5), 533-535.
- Kumar, S., Saini, D. K., Jan, F., Jan, S., Tahir, M., Djalovic, I., ve Mir, R. R. (2023). Comprehensive meta-QTL analysis for dissecting the genetic architecture of stripe rust resistance in bread wheat. *BMC Genomics*, 24(1), 259. <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09336-y>
- Lagudah, E. S., Krattinger, S. G., Herrera-Foessel, S., Singh, R. P., Huerta-Espino, J., Spielmeyer, W., ve Keller, B. (2009). Gene-specific markers for the wheat gene Lr34/Yr18/Pm38 which confers resistance to multiple fungal pathogens. *Theoretical and Applied Genetics*, 119, 889–898. DOI:10.1007/s00122-009-1097-z
- Lai, Z., Gross, B. L., Zou, Y., Andrews, J., ve Rieseberg, L. H. (2005). Microarray analysis reveals differential gene expression in hybrid sunflower species. *Plant Journal*, 44(1), 20–31. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2005.02505.x>
- Lamba, K., Kumar, M., Singh, V., Chaudhary, L., Jain, N., Saini, A. K., ve Singh, A. P. (2024). Molecular diversity and trait association analysis in different wheat genotypes for yellow rust resistance. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 27(4), 475–488. <https://doi.org/10.1007/s12892-024-00244-5>
- Landjeva, S., Korzun, V., ve Börner, A. (2007). Molecular markers: Actual and potential contributions to wheat genome characterization and breeding. *Euphytica*, 156(3), 271–296. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9389-5>
- Leonard, K. J., ve Szabo, L. J. (2005). Stem rust of small grains and grasses caused by *Puccinia graminis*. *Molecular Plant Pathology*, 6(2), 99-111. DOI: 10.1111/J.1364-3703.2004.00273.X
- Lewontin, R. C. (1972). The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology*, 6, 381–398.
- Li, G., ve Quiros, C. F. (2001). Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: its application to mapping and gene tagging in Brassica. *Theoretical and Applied Genetics*, 103(3), 455–461. <https://doi.org/10.1007/s001220100570>
- Li, J. B., Dundas, I., Dong, C. M., Li, G. R., Trethowan, R., Yang, Z. J., Hoxha, S., ve Zhang, P. (2020). Identification and characterization of a new stripe rust resistance gene Yr83 on rye chromosome 6R in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 133, 1095–1107. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03534-y>
- Li, J., Wang, Q., Wei, H., Hu, X., ve Yang, W. (2011). SSR mapping for locus conferring on the triple-spikelet trait of the Tibetan triple-spikelet wheat (*Triticum aestivum* L. conv. *tripletum*). *Triticeae Genomics and Genetics*, 2(1). doi:10.5376/tgg.2011.02.0001

- Liu, D., Xia, X. C., He, Z. H., ve Xu, S. C. (2008). A novel homeobox-like gene associated with reaction to stripe rust and powdery mildew in common wheat. *Phytopathology*, 98(12), 1291-1296.
- Liu, J., Chang, Z. J., Zhang, X. J., Yang, Z. J., Li, X., Jia, J. Q., Zhan, H. X., Guo, H. J., ve Wang, J. M. (2013). Putative Thinopyrum intermedium-derived stripe rust resistance gene *Yr50* maps on wheat chromosome arm 4BL. *Theoretical and Applied Genetics*, 126, 265–274. DOI [10.1007/s00122-012-1979-3](https://doi.org/10.1007/s00122-012-1979-3)
- Liu, K., ve Muse, S. V. (2005). PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21(9), 2128-2129. doi:[10.1093/bioinformatics/bti282](https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti282)
- Liu, R., Chen, Y., Zhou, M., Lu, J., Zhang, C., Zhang, L., ve Wu, Y. (2020). Transcriptome analysis reveal the mechanism of susceptible wheat seedlings response to *Puccinia striiformis* f. sp. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-18149/v1>
- Liu, R., Lu, J., Zhou, M., Zheng, S., Liu, Z., Zhang, C., ve Zhang, L. (2020). Developing stripe rust resistant wheat (*Triticum aestivum* L.) lines with gene pyramiding strategy and marker-assisted selection. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 67(2), 381-391. <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00868-5>
- Liu, T. G., Peng, Y. L., Chen, W. Q., ve Zhang, Z. Y. (2010). First detection of virulence in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China to resistance genes *Yr24* (= *Yr26*) present in wheat cultivar Chuanmai 42. *Plant Disease*, 94(9), 1163-1163.
- Loridon, K., Burgarella, C., Chantret, N., Martins, F., Gouzy, J., Prospéri, J. M., ve Ronfort, J. (2013). Single-nucleotide polymorphism discovery and diversity in the model legume *M. edicago truncatula*. *Molecular ecology resources*, 13(1), 84-95. doi: [10.1111/1755-0998.12021](https://doi.org/10.1111/1755-0998.12021)
- Luo, M. C., Gu, Y. Q., You, F. M., Deal, K. R., Ma, Y., Hu, Y., ve Dvorak, J. (2013). A 4-gigabase physical map unlocks the structure and evolution of the complex genome of *Aegilops tauschii*, the wheat D-genome progenitor. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(19), 7940-7945.
- Ma, J. X., Zhou, R. H., Dong, Y. S., Wang, L. F., Wang, X. M., ve Jia, J. Z. (2001). Molecular mapping and detection of the yellow rust resistance gene *Yr26* in wheat transferred from *Triticum turgidum* L. using microsatellite markers. *Euphytica*, 120, 219–226.
- Maccaferri, M., Harris, N. S., Twardziok, S. O., Pasam, R. K., Gundlach, H., Spannagl, M., ve Cattivelli, L. (2019). Durum wheat genome highlights past domestication signatures and future improvement targets. *Nature Genetics*, 51(5), 885–895. <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0381-3>
- Mackay, T. F. C., Stone, E. A., ve Ayroles, J. F. (2009). The genetics of quantitative traits: challenges and prospects. *Nature Reviews Genetics*, 10, 565–577. doi:[10.1038/nrg2612](https://doi.org/10.1038/nrg2612)

- Maddison, A. C., ve Manners, J. G. (1972). Sunlight and viability of cereal rust uredospores. *Transactions of the British Mycological Society*, 59(3), 429-443. [https://doi.org/10.1016/S0007-1536\(72\)80124-4](https://doi.org/10.1016/S0007-1536(72)80124-4)
- Mago, R., Spielmeyer, W., Lawrence, G., Lagudah, E., Ellis, J., ve Pryor, A. (2002). Identification and mapping of molecular markers linked to rust resistance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat-rye translocation lines. *Theoretical and Applied Genetics*, 104(8), 1317-1324. DOI 10.1007/s00122-002-0879-3
- Mallick, N., Jha, S. K., Agarwal, P., Kumar, S., Mall, A., M, N., ve Vinod. (2022). Marker-assisted transfer of leaf and stripe rust resistance from *Triticum turgidum* var. durum cv. Trinakria to wheat variety HD2932. *Frontiers in Genetics*, 13, 941287. DOI 10.3389/fgene.2022.941287
- Mamluk, O. F., Çetin, L., Braun, H. J., Bolat, N., Bertschinger, L., Makkouk, K. M., ve Düsünceli, F. (1997). Current status of wheat and barley diseases in the Central Anatolian Plateau of Turkey. *Phytopathologia Mediterranea*, 167-181.
- McIntosh, A. G., Ristau, B. T., Ruth, K., Jennings, R., Ross, E., Smaldone, M. C., ve Uzzo, R. G. (2018). Active surveillance for localized renal masses: tumor growth, delayed intervention rates, and > 5-yr clinical outcomes. *European Urology*, 74(2), 157-164. <https://doi.org/10.1016/j.eururo.2018.03.011>
- McIntosh, R. A., Friebe, B., Jiang, J., The, D., ve Gill, B. S. (1995). Cytogenetical studies in wheat XVI. Chromosome location of a new gene for resistance to leaf rust in a Japanese wheat-rye translocation line. *Euphytica*, 82(2), 141-147.
- McIntosh, R. A., Wellings, C. R., ve Park, R. F. (1995). *Wheat rusts: An atlas of resistance genes*. CSIRO Publishing.
- Menzies, J. G., Knox, R. E., Popovic, Z., ve Clarke, F. R. (2006). Common bunt resistance in Canadian spring wheat germplasm. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(1), 45–50. <https://doi.org/10.4141/P04-114>
- Mert, Z., Nazari, K., Karagöz, E., Akan, K., Öztürk, İ., ve Tülek, A. (2016). First incursion of the warrior race of wheat stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) to Turkey in 2014. *Plant Disease*, 100(2), 528. <http://dx.doi.org/10.1094/PDIS-07-15-0827-PDN>
- Mohammadi, S. A., ve Prasanna, B. M. (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants—salient statistical tools and considerations. *Crop Science*, 43(4), 1235-1248.
- Mondini, L., Noorani, A., ve Pagnotta, M. A. (2009). Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity*, 1(1), 19-35. <https://doi.org/10.3390/d1010019>
- Moreno, S., Martín, J. P., ve Ortiz, J. M. (1998). Inter simple sequence repeat PCR (ISSR) markers for genetic diversity analysis in plants. *Theoretical and Applied Genetics*, 96, 984–990. <https://doi.org/10.1007/s001220050831>

- Moshou, D., Bravo, C., West, J., Wahlen, S., McCartney, A., ve Ramon, H. (2004). Automatic detection of 'yellow rust' in wheat using reflectance measurements and neural networks. *Computers and Electronics in Agriculture*, 44(3), 173-188. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2004.04.003>
- Mourad, A. M., Abou-Zeid, M. A., Eltaher, S., Baenziger, P. S., ve Börner, A. (2021). Identification of candidate genes and genomic regions associated with adult plant resistance to stripe rust in spring wheat. *Agronomy*, 11(12), 2585. <https://doi.org/10.3390/agronomy11122585>
- Muellner, A. E., Buerstmayr, H., Eckert, S., ve Würschum, T. (2020). Genome-wide association mapping for bunt resistance in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 133, 1–14. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03575-0>
- Murphy, L. R., Santra, D., Kidwell, K., Yan, G., Chen, X. M., ve Campbell, K. G. (2009). Linkage maps of wheat stripe rust resistance genes Yr5 and Yr15. *Crop Science*, 49, 1786–1790.
- Müller, B. S., Pappas Jr, G. J., Valdisser, P. A., Coelho, G. R., de Menezes, I. P., Abreu, A. G., ve Vianello, R. P. (2015). An operational SNP panel integrated to SSR marker for the assessment of genetic diversity and population structure of the common bean. *Plant Molecular Biology Reporter*, 33(6), 1697-1711. DOI:10.1007/s11105-015-0866-x
- Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 70(12), 3321-3323. <https://doi.org/10.1073/pnas.70.12.3321>
- Nei, M. (1983). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 70, 3321–3323.
- Ochilov, B. O., Turakulov, K. S., Meliev, S. K., Melikuziev, F. A., Aytenov, I. S., Murodova, S. M., ve Bozorov, T. A. (2025). Development of Yellow Rust-Resistant and High-Yielding Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Lines Using Marker-Assisted Backcrossing Strategies. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(15), 7603. <https://doi.org/10.3390/ijms2615760>
- Ölmez, Ş. (2023). *Güneydoğu Anadolu Bölgesi buğday ekiliş alanlarında görülen sarı pas (Puccinia striiformis f. sp. tritici) ırklarının tespiti, bazı buğday çeşit ve hatlarının klasik ve moleküler yöntemlerle dayanıklılık durumlarının belirlenmesi* (Yayın No. 819055) [Doctoral dissertation, Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- Palabıyık, G. A., ve Poyraz, İ. (2022). The Efficacy Investigation for Some Markers Detecting Yellow Rust Resistance Genes in Bread Wheat Varieties. *Bilecik Şeyh Edebali Üniversitesi Fen Bilimleri Dergisi*, 9(2), 1026-1034. <https://doi.org/10.35193/bseufbd.1167790>
- Parry, D. W., Jenkinson, P., ve McLeod, L. (1995). Fusarium ear blight (scab) in small grain cereals—a review. *Plant Pathology*, 44(2), 207-238.

- Pashley, C. H., Ellis, J. R., McCauley, D. E., ve Burke, J. M. (2006). EST databases as tools for comparative genomics and evolutionary studies. *Molecular Ecology*, 15(18), 513–524. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03027.x>
- Peakall, R. O. D., ve Smouse, P. E. (2006). GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, 6(1), 288–295. [doi: 10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x](https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2005.01155.x)
- Peng, J. H., Fahima, T., Röder, M. S., Huang, Q. Y., Dahan, A., Li, Y. C., ve Nevo, E. (2000). High-density molecular map of *Yr15*. *Genetica*, 109, 199–210.
- Poczai, P., Varga, I., Laos, M., Cseh, A., Bell, N., ve Hyvönen, J. (2013). Advances in plant gene-targeted and functional markers: A review. *Biotechnology Advances*, 31(8), 1292–1308. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2013.04.005>
- Pour-Aboughadareh, A., Etminan, A., Moradkhani, H., ve Rezaei, M. (2021). Functional marker systems in wheat: applications in genetic diversity and breeding programs. *Plants*, 10(6), 1123. <https://doi.org/10.3390/plants10061123>
- Powell, W. W. (1996). Inter-organizational collaboration in the biotechnology industry. *Journal of Institutional and Theoretical Economics (JITE)/Zeitschrift für die gesamte Staatswissenschaft*, 197–215.
- Pretorius, Z. A., Singh, R. P., Wagoire, W. W., ve Payne, T. S. (2000). Detection of virulence to wheat stem rust resistance gene *Sr31* in *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* in Uganda. *Plant Disease*, 84(2), 203–203. <https://doi.org/10.1094/PDIS.2000.84.2.203B>
- Pritchard, J. K., Stephens, M., ve Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
- Reddy, M. P., Sarla, N., ve Siddiq, E. A. (2002). Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant genetics. *Euphytica*, 128, 9–17. <https://doi.org/10.1023/A:1020691618576>
- Rees, R. G. (1972). Uredospore movement and observations on the epidemiology of wheat rusts in north-east Australia. *Australian Journal of Agricultural Research*, 23(2), 215–223. <https://doi.org/10.1071/AR9720215>
- Roberts, D. W., ve Wolfe, A. D. (2014). Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers: A potential tool for ecologists. *Molecular Ecology Resources*, 14(4), 768–786. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12237>
- Roelfs, A. P., Singh, R. P., ve Saari, E. E. (1992). *Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management*. Cimmyt.
- Rohlf, F. J. (1992). NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system. *Applied Biostatistics*.

- Rosewarne, G. M., Herrera-Foessel, S. A., Singh, R. P., Huerta-Espino, J., Lan, C. X., ve He, Z. (2013). Quantitative trait loci of stripe rust resistance in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 126(10), 2427-2449. DOI 10.1007/s00122-013-2159-9
- Royo, A. A., Collins, R., Adams, M. B., Kirschbaum, C., & Carson, W. P. (2010). Pervasive interactions between ungulate browsers and disturbance regimes promote temperate forest herbaceous diversity. *Ecology*, 91(1), 93-105.
- Röder, M. S., Korzun, V., Gill, B. S., ve Ganai, M. W. (1998). The physical mapping of microsatellite markers in wheat. *Genome*, 41(2), 278-283. <https://doi.org/10.1139/g98-009>
- Saari, E. E., & Prescott, J. M. (1985). World distribution in relation to economic losses. In *Diseases, distribution, epidemiology, and control* (pp. 259-298). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-148402-6.50017-1>
- SanMiguel, P., Tikhonov, A., Jin, Y. K., Motchoulskaia, N., Zakharov, D., Melake-Berhan, A., Springer, P. S., Edwards, K. J., Lee, M., Avramova, Z., ve Bennetzen, J. L. (1996). Nested retrotransposons in the intergenic regions of the maize genome. *Science*, 274(5288), 765-768. <https://doi.org/10.1126/science.274.5288.765>
- Savary, S., Willocquet, L., Pethybridge, S. J., Esker, P., McRoberts, N., ve Nelson, A. (2019). The global burden of pathogens and pests on major food crops. *Nature Ecology & Evolution*, 3, 430-439.
- Schröder, S., Mamidi, S., Lee, R., McKain, M. R., McClean, P. E., ve Osorno, J. M. (2016). Optimization of genotyping by sequencing (GBS) data in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Molecular Breeding*, 36(1), 6. DOI:10.1007/s11032-015-0431-1
- Schumann, G. L., ve Leonard, K. J. (2000). Stem rust of wheat (black rust). *The Plant Health Instructor*.
- Sevinç, D. (2010). *Buğday çeşitlerinde sarı pas dayanıklılığının moleküler markörlerle incelenmesi* (Yayın No. 282646) [Doctoral dissertation, İstanbul Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- Shabbir, S. (2023). *Buğdayın (Triticum aestivum L.) 2A kromozomu üzerinde sarı pas dayanıklılığı ile ilişkili SSR markörlerinin belirlenmesi* (Yayın No. 844081) [Master's thesis, Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- Sharma-Poudyal, D., ve Chen, X. M. (2011). Models for predicting potential yield loss of wheat caused by stripe rust in the US Pacific Northwest. *Phytopathology*, 101(5), 544-554. Shewry, P. R. (2009). Wheat. *Journal of Experimental Botany*, 60(6), 1537-1553. doi:10.1093/jxb/erp058
- Shewry, P. R., ve Hey, S. J. (2015). The contribution of wheat to human diet and health. *Food and Energy Security*, 4, 178-202. doi: 10.1002/fes3.64

- Singh, A. K., Rana, M. K., Singh, S., Kumar, S., Kumar, R., ve Singh, R. (2014). CAAT box-derived polymorphism (CBDP): a novel promoter-targeted molecular marker for plants. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 23(2), 175-183. DOI:10.1007/s13562-013-0199-5
- Singh, N. K., Singh, A. K., ve Sharma, S. (2014). ISSR markers and their applications in plant genetic diversity analysis. *Plant Omics*, 7(3), 199–206.
- Singh, P., Singh, R. K., Singh, A. K., Singh, S. P., ve Kumar, A. (2014). Development and application of CAAT box–derived polymorphism (CBDP) markers in plants. *Plant Systematics and Evolution*, 300(9), 2081–2091. DOI:10.1007/s13562-013-0199-5
- Singh, R. P., Hodson, D. P., Huerta-Espino, J., Jin, Y., Njau, P., Wanyera, R., ve Ward, R. W. (2008). Will stem rust destroy the world's wheat crop?. *Advances in Agronomy*, 98, 271-309. [https://doi.org/10.1016/S0065-2113\(08\)00205-8](https://doi.org/10.1016/S0065-2113(08)00205-8)
- Singh, R. P., Hodson, D. P., Jin, Y., Huerta-Espino, J., Kinyua, M. G., Wanyera, R., ve Ward, R. W. (2007). Current status, likely migration and strategies to mitigate the threat to wheat production from race Ug99 (TTKS) of stem rust pathogen. *CABI Reviews*, (2006), 13-pp. doi: 10.1079/PAVSNNR20061054
- Singh, R., Datta, D., Priyamvada, Singh, S., ve Tiwari, R. (2009). Diagnostic PCR assay for Yr10 gene. *Acta Phytopathologica et Entomologica Hungarica*, 44, 11–18. DOI: 10.1556/APhyt.44.2009.1.2 <https://doi.org/10.1556/aphyt.44.2009.1.2>
- Somers, D. J., Isaac, P., ve Edwards, K. (2004). A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 109(6), 1105-1114. DOI 10.1007/s00122-004-1740-7
- Steffan, P. M., Torp, A. M., Borgen, A., Backes, G., ve Rasmussen, S. K. (2017). Mapping of common bunt resistance gene Bt9 in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 130(5), 1031-1040. DOI 10.1007/s00122-017-2868-6
- Tamborindeguy, C., Ben, C., Liboz, T., ve Gentzbittel, L. (2004). Sequence evaluation of four specific cDNA libraries for developmental genomics of sunflower. *Molecular Genetics and Genomics*, 271(3), 367-375. DOI 10.1007/s00438-004-0989-5
- Taşcıoğlu, T. (2014). *Assessment of genetic diversity in yellow rust disease resistant wheat (Triticum aestivum L.) genepool and gene expression analyses* (Yayın No. 357124) [Master's thesis, Marmara University, Department of Bioengineering]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.
- Tehseen, M. M., Tonk, F. A., Tosun, M., Amri, A., Sansaloni, C. P., Kurtulus, E., ve Nazari, K. (2021). Genome-wide association study of resistance to PstS2 and Warrior races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (stripe rust) in bread wheat landraces. *The Plant Genome*, 14(1), e20066. DOI: 10.1002/tpg2.20066

- Tekauz, A., McCallum, B., ve Gilbert, J. (2000). Fusarium head blight of barley in western Canada. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 22(1), 9-16. <https://doi.org/10.1080/07060660009501156>
- Tomar, V., Dhillon, G. S., Singh, D., Singh, R. P., Poland, J., Chaudhary, A. A., ve Kumar, U. (2021). Evaluations of genomic prediction and identification of new loci for resistance to stripe rust disease in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Frontiers in Genetics*, 12, 710485. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.710485>
- TÜİK. (2025). Türkiye İstatistik Kurumu. Bitkisel Üretim İstatistikleri.
- USDA. (2026). United States Department of Agriculture. World Agricultural Production Report.
- Uysal, A., ve Dumlupınar, Z. (2022). Yurtdışı ve Türkiye kaynaklı yerel ekmeklik ve makarnalık buğday genotiplerinin hastalıklara dayanıklılık ve kalite yönünden fonksiyonel markörler ile karakterizasyonu. *Tarım ve Doğa Dergisi*, 25(4), 766. DOI:10.18016/ksutarimdoga.vi.901758
- Van Pelt-Verkuil, E., Van Belkum, A., ve Hays, J. P. (2008). *Principles and technical aspects of PCR amplification*. Dordrecht: Springer Netherlands.
- Varshney, R. K., Graner, A., ve Sorrells, M. E. (2005). Genomics-assisted breeding for crop improvement. *Trends in Plant Science*, 10(12), 621-630. doi:10.1016/j.tplants.2005.10.004
- Varshney, R. K., Terauchi, R., ve McCouch, S. R. (2014). Harvesting the promising fruits of genomics: applying genome sequencing technologies to crop breeding. *PLoS biology*, 12(6), e1001883. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001883>
- Veisz, O., Szunics, L., ve Szunics, L. (2000). Effect of common bunt on the frost resistance and winter hardiness of wheat (*Triticum aestivum* L.) lines containing Bt genes. *Euphytica*, 114(2), 159-164.
- Vikram, P., Sehgal, D., Sharma, A., Bhavani, S., Gupta, P., Randhawa, M., ve Singh, S. (2021). Genome-wide association analysis of Mexican bread wheat landraces for resistance to yellow and stem rust. *PloS One*, 16(1), e0246015. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246015>
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., Van der Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., ve Zabeau, M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, 23, 4407–3314.
- Wan, A. M., Chen, X. M., ve He, Z. J. (2007). Wheat stripe rust in China. *Australian Journal of Agricultural Research*, 58, 605–619.
- Wan, A., ve Chen, X. (2014). Virulence characterization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* using a new set of Yr single-gene line differentials in the United States in 2010. *Plant Disease*, 98(11), 1534-1542.

- Wang, H., Sun, S., Ge, W., Zhao, L., Hou, B., Wang, K., ve Kong, L. (2020). Horizontal gene transfer of Fhb7 from fungus underlies Fusarium head blight resistance in wheat. *Science*, 368(6493), eaba5435. DOI: [10.1126/science.aba5435](https://doi.org/10.1126/science.aba5435)
- Wang, J., Luo, M. C., Chen, Z., You, F. M., Wei, Y., Zheng, Y., ve Dvorak, J. (2013). *Aegilops tauschii* single nucleotide polymorphisms shed light on the origins of wheat D-genome genetic diversity and pinpoint the geographic origin of hexaploid wheat. *New Phytologist*, 198(3), 925-937. doi: [10.1111/nph.12164](https://doi.org/10.1111/nph.12164)
- Wang, L., Ma, J., Zhou, R., Wang, X., ve Jia, J. (2002). Molecular tagging of the yellow rust resistance gene *Yr10* in common wheat, PI 178383 (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 124(1), 71-73.
- Wellings, C. R. (2011). Global status of stripe rust: A review of historical and current threats. *Euphytica*, 179, 129–141. DOI [10.1007/s10681-011-0360-y](https://doi.org/10.1007/s10681-011-0360-y)
- Welsh, J., ve McClelland, M. (1991). Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*, 19(8), 303–306.
- Williams, J. G. K., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A., ve Tingey, S. V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research*, 18(22), 6531–6535.
- Yeh, F. C., Yang, R. C., Boyle, T. B., Ye, Z. H., ve Mao, J. X. (1997). POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis. *Molecular biology and biotechnology centre, University of Alberta, Canada*, 10, 295-301.
- Yıldırım, A., ve Kandemir, N. (2001). RAPD markers in plant breeding and genetic studies. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 25(3), 179–185. <https://doi.org/10.2298/GENSR1702693P>
- Zadoks, J. C., ve Groenewegen, L. J. M. (1967). On light-sensitivity in germinating uredospores of wheat brown rust: Over de lichtgevoeligheid van kiemende uredosporen bij de bruine roest van tarwe. *Netherlands Journal of Plant Pathology*, 73(3), 83-102.
- Zalapa, J. E., Cuevas, H., Zhu, H., Steffan, S., Senalik, D., Zeldin, E., McCown, B., Harbut, R., ve Simon, P. (2012). Using next-generation sequencing approaches to isolate simple sequence repeat (SSR) loci in the plant sciences. *American Journal of Botany*, 99(2), 193–208. doi:[10.3732/ajb.1100394](https://doi.org/10.3732/ajb.1100394)
- Zargar, S. M., Farhat, S., Mahajan, R., Bhakhri, A., ve Sharma, A. (2016). Unraveling the efficiency of RAPD and SSR markers in diversity analysis and population structure estimation in common bean. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 23(1), 139-149. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2014.11.011>
- Zeybek, A., ve Yiğit, F. (2004). Determination of virulence genes frequencies in wheat stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) populations during natural epidemics in the regions of Southern Aegean and Western Mediterranean in Turkey. DOI:[10.3923/pjbs.2004.1967.1971](https://doi.org/10.3923/pjbs.2004.1967.1971)

- Zhan, G., Chen, X., Kang, Z., Huang, L., Wang, M., Wan, A., ve Jin, S. (2012). Comparative virulence phenotypes and molecular genotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, the wheat stripe rust pathogen in China and the United States. *Fungal Biology*, 116(6), 643-653. <https://doi.org/10.1016/j.funbio.2012.03.004>
- Zhang, P., Li, W., Fellers, J., Friebe, B., ve Gill, B. S. (2004). BAC-FISH in wheat identifies chromosome landmarks consisting of different types of transposable elements. *Chromosoma*, 112(6), 288-299. DOI [10.1007/s00412-004-0273-9](https://doi.org/10.1007/s00412-004-0273-9)
- Zhang, M., Saimi, A., Liu, Q., Ma, Z., ve Chen, J. (2023). The detection of Yr genes in Xinjiang wheat cultivars using different molecular markers. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(17), 13372.
- Zohary, D., Hopf, M., ve Weiss, E. (2012). *Domestication of Plants in the Old World: The origin and spread of domesticated plants in Southwest Asia, Europe, and the Mediterranean Basin* (4. baskı). Oxford University Press.
- Zülfüağaoğlu, Ö. N. (2022). *Ekmeklik buğday katlanmış haploïd populasyonunda sarı pasa karşı ergin ve fide dönemi dayanıklılığının belirlenmesi* (Yayın No. 71665) [Master's thesis, Ege Üniversitesi]. YÖK Ulusal Tez Merkezi.



ЕК-1

