

T.C.

ÇANAKKALE ONSEKİZ MART ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

DOĞAL VEJETASYONDAN TOPLANAN YÜKSEK OTLAK AYRIĞI [*Agropyron elongatum* (Host) Schult] GENOTİPLERİNDE GENETİK İLİŞKİ VE PLOİDY SEVİYELERİNİN MOLEKÜLER YÖNTEMLERLE BELİRLENMESİ

Gülhan BAYTEKİN

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

ÇANAKKALE

T.C.

ÇANAKKALE ONSEKİZ MART ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

DOĞAL VEJETASYONDAN TOPLANAN YÜKSEK OTLAK AYRIĞI [*Agropyron elongatum* (Host) Schult] GENOTİPLERİNDE GENETİK İLİŞKİ VE PLOİDY SEVİYELERİNİN MOLEKÜLER YÖNTEMLERLE BELİRLENMESİ

Gülhan BAYTEKİN

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Tezin Sunulduğu Tarih: **24/01/2018**

Tez Danışmanı:

Prof. Dr. İskender TİRYAKİ

ÇANAKKALE

Gülhan BAYTEKİN tarafından Prof. Dr. İskender TİRYAKİ yönetiminde hazırlanan ve **24/01/2018** tarihinde aşağıdaki jüri karşısında sunulan "**Doğal Vejetasyondan Toplanan Yüksek Otlak Ayriği [*Agropyron Elongatum* (Host) Schult] Genotiplerinde Genetik İlişki ve Ploidy Seviyelerinin Moleküler Yöntemlerle Belirlenmesi**" başlıklı çalışma, Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı**'nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak oybirliği/oyçokluğu ile kabul edilmiştir.

JÜRİ

Prof. Dr. İskender TİRYAKİ .....

Başkan

Prof. Dr. Metin TUNA .....

Üye

Yrd. Doç. Dr. Yonca SURGUN ACAR .....

Üye

Prof. Dr. Levent GENÇ
Müdür
Fen Bilimleri Enstitüsü

Sıra No:.....

Bu çalışma Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimince Desteklenmiştir. Proje Numarası: FYL-2017-1085

İNTİHAL (AŞIRMA) BEYAN SAYFASI

Bu tezde görsel, işitsel ve yazılı biçimde sunulan tüm bilgi ve sonuçların akademik ve etik kurallara uyularak tarafımdan elde edildiğini, tez içinde yer alan ancak bu çalışmaya özgü olmayan tüm sonuç ve bilgileri tezde kaynak göstererek belirttiğimi beyan ederim.

Gülhan BAYTEKİN

TEŞEKKÜR

Bu tezin gerçekleştirilmesinde, çalışmam boyunca benden bir an olsun yardımlarını esirgemeyen saygı değer danışman hocam Prof.Dr. İskender TİRYAKİ'ye sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Flow sitometri analizlerinin yapılması için laboratuvarını açan ve analizlerin yapılmasını sağlayan sayın Prof.Dr. Metin TUNA'ya teşekkür ederim.

Tezimin çalışma süresince yardımlarını esirgemeyen, birçok konuda bilgi birikimlerini benimle paylaşan değerli hocalarım Dr. Uğur SARI ve Dr. Baboo ALi'ye teşekkür ederim.

Maddi manevi tüm zorlukları benimle göğüsleyen ve hayatımın her evresinde bana destek olan ayrıca tezimin her aşamasında yardımlarını esirgemeyen annem Emine BAYTEKİN, babam Harun BAYTEKİN, abim H.Gökçehan BAYTEKİN ve Umut KARAOĞLU'na sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Gülhan BAYTEKİN

Çanakkale, Ocak 2018

SİMGELER VE KISALTMALAR

µl	Mikrolitre
%	Yüzde
L	Litre
g	Gram
mg	Miligram
cm	Santimetre
ng	Nanogram
°C	Derece santigrat
ml	Mililitre
$_{d}$H2O	Distile su
$_{dd}H_2O$	Duble distile su
bç	Baz çifti
mM	Milimolar
DNA	Deoksiribonükleik asit
gDNA	Genomic DNA
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
Tm	Erime Sıcaklığı
Ta	Bağlanma Sıcaklığı
U	Ünite
$MgCl_2$	Magnezyum klorür
UV	Ultraviyole
V	Volt
pg	Pikogram

ÖZET

DOĞAL VEJETASYONDAN TOPLANAN YÜKSEK OTLAK AYRIĞI [*Agropyron elongatum* (Host) Schult] GENOTİPLERİNDE GENETİK İLİŞKİ VE PLOİDY SEVİYELERİNİN MOLEKÜLER YÖNTEMLERLE BELİRLENMESİ

Gülhan BAYTEKİN
Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı Yüksek Lisans Tezi
Danışman: Prof. Dr. İskender TİRYAKİ
24/01/2018, 72

Bu çalışma Çanakkale doğal vejetasyonunda yer alan yüksek otlak ayrığı [*Agropyron elongatum* (Host) Schult] genotiplerinin morfolojik ve moleküler karakterizasyonunu yapmak amacıyla başlatılmıştır. Çanakkale merkez ve yakın çevresinde, 24 farklı lokasyondan toplanan tohumlar 2015 yılı sonbahar döneminde tesadüf blokları deneme desenine göre üç tekrarlı olarak tarla denemesine alınmış ve 2016 vejetasyon döneminde bitkilere ait bitkisel özellikler belirlenmiştir. İncelenen bitkisel özellikler bakımından genotipler arasında büyük bir varyasyonun var olduğu tespit edilmiştir. Genotiplere ait moleküler karakterizasyon çalışmaları 12 evrensel çeltik primerleri (URP) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Bu markırlar toplamda 73 bant üretmiş olup bu bantların 63'ünün polimorfik olduğu belirlenmiştir. Markırlara ait ortalama polimorfizm oranı 73,27 olarak hesaplanmıştır. En yüksek polimorfizm bilgi içeriği 0,82 ile URP 17R markırından elde edilmiştir. $NTSY_S$ programı ile DICE yöntemine göre oluşturulan genetik yakınlık indeksi kullanılarak UPMGA yöntemine göre oluşturulan dendogram, genetik olarak birbirine en yakın genotiplerin 0,96 benzerlik kat sayısıyla Adliye Yanı ve Hasan Mevsuf Şehitliği lokasyonlarından toplanan genotipler arasında var olduğunu göstermiştir. Flow sitometri ile yapılan çekirdek DNA analiz sonuçları, yüksek otlak ayrığına ait ortalama çekirdek DNA miktarının 43,28 pg olduğunu göstermiştir. Çalışma sonuçları, URP primerlerinin yüksek otlak ayrığı genotiplerinde genetik tanımlama yapmak ve genotipler arasındaki genetik ilişkiyi ortaya çıkarmak amacıyla kullanılabileceğini, var olan morfolojik ve genetik varyasyonun ıslah çalışmalarında kullanılabileceğini göstermiştir.

Anahtar sözcükler: Yüksek Otlak Ayrığı, Moleküler Karakterizasyon, Ploidy, URP, Flow Sitometri.

ABSTRACT

DETERMINATION OF GENETIC RELATIONSHIP and PLOIDY LEVELS of TALL WHEATGRASS [*Agropyron elongatum* (Host.) Schult] COLLECTED FROM NATURAL FLORA WITH MOLECULAR METHODS

Gülhan BAYTEKİN

Çanakkale Onsekiz Mart University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Master of Science Thesis in Agricultural Bioteknoloji

Advisor: Prof. Dr. İskender TİRYAKİ

24/01/2018, 72

This study was initiated to make morphological and molecular characterization of tall wheatgrass [*Agropyron elongatum* (Host) Shult] genotypes naturally found in Çanakkale flora. Seeds collected from 24 different locations in Çanakkale and its vicinity were planted according to randomized complete block design with three replications in Fall of 2015 and morphological parameters were determined in vegetation season of 2016. The results of morphological data showed the presence of a big variation among genotypes for all morphological parameters measured. Molecular chracterization was done by using a total of 12 universal rice primers (URP). Twelve markers produced 73 bands in total and 63 of those were polymorphic. The mean polymorphism ratio of the markers was calculated as 73.27. The highest polimorphism information content value was obtained from URP 17R with 0.82. The highest genetic smilarity was determined between genotypes collected from Ismail Kaymak and Hasan Mevsuf locations with 0.96 similarity index. The results of nuclear DNA content analysis determined by using flow cytometer showed that the average amount of nuclear DNA content of tall wheatgrass was 43.28 pg. The results of this study indicated that URP primers could be used to revealed genetic relationship of tall wheatgrass genotypes, and the presence of morphological and genetic variations could be used in breeding programs.

Keywords: Tall Wheatgrass, Molecular Chracterization, Ploidy, URP, Flow Cytometry.

İÇİNDEKİLER

Sayfa No

TEZ SINAVI SONUÇ FORMU ii
İNTİHAL (AŞIRMA) BEYAN SAYFASI iii
TEŞEKKÜR iv
SİMGELER VE KISALTMALAR v
ÖZET vi
ABSTRACT viii
ŞEKİLLER DİZİNİ xi
ÇİZELGELER DİZİNİ xiii
BÖLÜM 1 1
GİRİŞ 1
1.1. Yüksek Otlak Ayrığının Sistematiği 4
1.2. Yüksek Otlak Ayrığı (*Agropyron elongatum*) ' nın Genel Özellikleri 5
1.3. Yüksek Otlak Ayrığının Adaptasyonu 8
1.4. Yüksek Otlak Ayrığının Yetiştiriciliği 9
1.5. Yüksek Otlak Ayrığından Yararlanma 9
1.6. Yüksek Otlak Ayrığında Tohum Üretimi 10
BÖLÜM 2 11
ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR 11
BÖLÜM 3 17
MATERYAL VE YÖNTEM 17
3.1. Materyal 17
3.1.1. Bitki Materyali 17
3.2. Yöntem 18
3.2.1. Materyal Toplama Çalışmaları 18
3.2.1.1. Durak Yerlerinin Belirlenmesi 18
3.2.1.2. Toplama 19
3.2.2. Arazi Çalışmaları 19
3.2.3. Araştırma Alanının Toprak ve İklim Özellikleri 20
3.2.4. Morfolojik Karakterizasyon Çalışmaları 22
3.2.4.1. Yapılan Morfolojik Gözlemler 23
3.2.5. Moleküler Çalışmalar 24
3.2.5.1. Bitki Örneklerinde Genomik DNA Analizi 24
3.2.5.1.(1). Yaprak Örneklerinin Hazırlanması 24
3.2.5.1.(2). DNA İzolasyonu 24
3.2.5.1.(3) Genomik DNA'ların varlığının tespiti ve konsantrasyon eşitlenmesi 27

3.2.5.2. Çalışmada Kullanılan URP Primerleri 28
3.2.5.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) 28
3.2.6. Çekirdek DNA Analizi 31
3.2.6.1. Boyama (Staining) Solüsyonun Hazırlanması 35
3.2.6.2. Çekirdek DNA İçeriğinin Hesaplanması 35
BÖLÜM 4 38
ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA 38
4.1. Morfolojik Özellikler 38
4.1.1. Doğal Bitki Boyu 39
4.1.2. Kardeş Sayısı 40
4.1.2. Boğum Arası Uzunluk 41
4.1.3. Boğum Sayısı 42
4.1.4. Sap Kalınlığı 43
4.1.5. Bayrak Yaprak Ayası Uzunluğu 44
4.1.6. Bayrak Yaprak Ayası Genişliği 45
4.1.7. Bayrak Yaprak Uzunluğu 46
4.1.8. Yaprak Rengi 47
4.1.9. Yatma Durumu 47
4.1.10. Yeniden Büyüme 48
4.1.11. Başak Boyu 49
4.1.12. Başaktaki Başakçık Sayısı 51
4.1.13. Başakçıktaki Tohum Sayısı 52
4.1.14. İncelenen Morfolojik Özellikler Arasındaki Korelasyon 54
4.2. Moleküler Karakterizasyon 56
4.3. Çekirdek DNA Analizi Sonuçları 63
BÖLÜM 5 64
SONUÇ VE ÖNERİLER 64
KAYNAKLAR 65
ÖZGEÇMİŞ I

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil.1.1 Çalışmada kullanılan ve Dardanos yerleşkesinde ekimi yapılan yüksek otlak ayrığının 2. yılında ve olgunlaşma dönemine ait bir görünüm 6
Şekil 1.2. Yüksek otlak ayrığının uzun ve belirgin damarlı mavi-yeşil renkli yaprakları 7
Şekil 1.3. Yüksek otlak ayrığında çiçek topluluğunun seyrek başak tipi görüntüsü 7
Şekil 1.4. Yüksek otlak ayrığında başakçık ve glumalara ait bir görüntü 8
Şekil 1.4. Yüksek otlak ayrığının olgunlaşmış iri tohumlarına ait görünüm 10
Şekil 3.1 Yüksek otlak ayrığı toplama materyaline ait durak yerlerinin uydu görüntüsü 19
Şekil 3.2. 2016 Haziran ayındaki yüksek otlak ayrığı bitkilerinin genel görünüşü 22
Şekil 3.1. Favorgen DNA Ekstraksiyon Kitine ait genel prosedür 24
Şekil 3.3. Amalgamatör cihazında bitki dokularının homojenizasyonu 25
Şekil 3.4. 10 dk'lık inkübasyona hazır örneklerin görüntüsü 26
Şekil 3.5. Genomik DNA'ların elektroforez ve PCR için hazır hale gelmesi 27
Şekil 3.6. Genomik DNA konsantrasyonlarının belirlenmesi için örneklerin agaroz jele yüklenmesi 27
Şekil 3.7. Farklı konsantrasyonlardaki yüksek otlak ayrığı genomik DNA'ları 28
Şekil 3.8. PCR reaksiyonunun 96'lık microtiter plate'lerde 18 µl'lik reaksiyon hacminde Favorgen marka Termal Cycler (Sıcaklık döngüsü) kullanılarak gerçekleşmesi 30
Şekil 3.9. PCR ürünlerinin 80 V 35-40 amper sabit akımda koşturulması 31
Şekil 3.10. Flow sitometre analizi için toplanan ve transfer için hazırlanan yaprak örnekleri 32
Şekil 3.11. Analiz için yüksek otlak ayrığı ve çavdar bitkisinin petrilere konulması ve sonrasında ekstraksiyon buffer'ının ilave edilmesi 32
Şekil 3.12. Bitki dokusunun jilet yardımıyla çok küçük parçalara ayrılması ve çalkalama işlemi 33
Şekil 3.13. Parçalanmış dokuların filtreden geçirilerek tüpe aktarılması 33
Şekil 3.14. 50 µl'lik CellTrics filtreye ait bir görüntü 34
Şekil 3.15. 2 ml boyama solüsyonun tüp içerisine ilave edilmesi 34
Şekil 3.16. Flow analizine hazır hale getirilmiş örneklere ait görüntü 34
Şekil 3.17. A: Flow sitometri'nin temel prensibi. B: Hücre Döngüsü 35
Şekil 3.18. Çavdar standart bitkisi ve yüksek otlak ayrığının Flow histogramında oluşturduğu 4-pikler 37
Şekil 4.1. Çalışmada başak boyu ölçümü yapılan yüksek otlak ayrığı bitkisinden bir görüntü 51
Şekil 4.2. Seçilen bir başakcıktaki tohumlara ait görünüm 54
Şekil 4.3. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 2F primeri ile gösterdiği amplifikasyonlar. L: 100bp DNA Ladder 57
Şekil 4.4. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 4R primeri ile gösterdiği polimorfik bantlar. L: 50bp DNA Ladder 58
Şekil 4.5. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 6R primeri ile gösterdiği monomorfik bant. L: 50bp DNA Ladder 58
Şekil 4.6. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 9F primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder 58
Şekil 4.7. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 17R primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder 59
Şekil 4.8. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 17R primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder 59

Şekil 4.9. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 32F primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder.....59
Şekil 4.1. Yüksek otlak ayrığı genotiplerinde çekirdek DNA içeriklerinin UPMGA yöntemine göre oluşturulan dendogram.....61

ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 1.1. Yüksek otlak ayrığının bilimsel sınıflandırması 4
Çizelge 1.2. Yüksek otlak ayrığının bilinen sinonimleri 5
Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan bitki materyaline ait toplama lokasyonları ve koordinatları, bitki numaraları ve toplama tarihleri 17
Çizelge 3.2. Toplama materyalinin ekiminin yapıldığı araziye ait toprak özellikleri 20
Çizelge 3.3. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre maximum sıcaklıkları 20
Çizelge 3.4. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre minimum sıcaklıkları 21
Çizelge 3.5. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre ortalama sıcaklık değerleri 21
Çizelge 3.6. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre ortalama nisbi nem değerleri 21
Çizelge 3.7. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre toplam yağış miktarı 21
Çizelge 3.8. Çalışmada kullanılan ileri (Forward) ve geri (Reverse) URP primerlerinin adı, baz dizilimleri (5'-3'), GC oranı (%), erime sıcaklıkları (°C) ile bağlanma sıcaklıkları (°C) 29
Çizelge 4.1. Araştırmada incelenen morfolojik özelliklere ait otalama değerler, standart sapma, minimum ve maximum değerleri ile varyasyon katsayısı 38
Çizelge 4.2. İncelenen 24 lokasyonda doğal bitki boyuna (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 39
Çizelge 4.3. Kardeş sayısına (adet/bitki) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 40
Çizelge 4.4. İncelenen 24 lokasyonda boğum arası uzaklığına (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 41
Çizelge 4.5. İncelenen 24 lokasyonda boğum sayısına (adet) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 42
Çizelge 4.6. İncelenen 24 lokasyonda sap kalınlığına (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 43
Çizelge 4.7. İncelenen 24 lokasyonda bayrak yaprak ayası uzunluğu (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 44
Çizelge 4.8. İncelenen 24 lokasyonda bayrak yaprak ayası genişliğine (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 45
Çizelge 4.9. İncelenen 24 lokasyonda bayrak yaprak uzunluğu (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 46
Çizelge 4.10. Yaprak rengine ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 47
Çizelge 4.11. İncelenen 24 lokasyonda yatma durumuna ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 48
Çizelge 4.12. Yeniden büyümeye ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 49
Çizelge 4.13. Yüksek otlak ayrığı genotipinin başak boyu ile ilgili ortalama, minimum ve maximum değerleri 50
Çizelge 4.14. Başaktaki başakçık sayısına (adet/başak) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler 52
Çizelge 4.15. Başakcıktaki tohum sayısına (adet) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler. 53
Çizelge 4.16. İncelenen özellikler arasında saptanan korelasyon katsayıları. 55
Çizelge 4.17. Çalışmada kullanılan URP primerlerinin adı, baz dizilimleri (5'-3'), amplifiye olan bant sayısı, polimorfik bant sayısı, polimorfizm oranı (%) ve PIC değerleri 57
Çizelge 4.17. Yüksek otlak ayrığı genotiplerinde çekirdek DNA miktarları ve oluşan guruplar 63

BÖLÜM 1
GİRİŞ

Dünya nüfusunun giderek artması ve küresel ısınmaya bağlı olarak meydana gelen iklimsel değişiklikler, bitkilerin yetiştirildikleri bölgelere daha iyi adapte olabilen, çeşitli biyotik ve abiyotik stres şartlarında yüksek performans gösterebilen yeni bitki çeşitlerinin geliştirilmesini mecbur tutmaktadır. Bu mecburiyet sebebiyle yapılacak ıslah çalışmalarında başvurulacak en etkili yöntemlerden birisi, doğal vejetasyonda var olan ve genetik bakımdan farklılık gösteren bitki materyallerinin amaca uygun olarak kullanılmasıdır. Amaca uygun kullanmaya yönelik uygulamaların başında bitkilerin uygun vejetasyonlardan toplanması, morfolojik ve moleküler tanımlamalarının yapılması, ploidy seviyelerinin belirlenmesi ve bitkiler arası genetik ilişkilerin ortaya çıkarılarak bu bitkilerin ıslah programlarına dâhil edilmesini sağlamak gelmektedir.

Yem bitkileri tür zenginliği yanında, çok farklı iklim ve toprak şartlarına adapte olabilen bitki türlerini bünyesinde barındırması nedeni ile sadece hayvan beslenmesinde ihtiyaç duyulan kaba yemin karşılanmasında değil aynı zamanda doğal su ve toprak kaynaklarının korunması ve sürdürülebilirliğinin sağlanması, dinlenme ve peyzaj amaçlı park/bahçe ve spor alanlarının oluşturulması için de çok önemli bir yere sahip olduğu bilinmektedir.

Tek çenekliler alt sınıfına giren buğdaygiller familyası 650-785 cins ve 10 000 kadar türü içinde barındırmaktadır (Watson ve Dallwitz, 1992). Bunların % 75'ini tahıllar, yem bitkileri ve yaklaşık 150 kadarını da ayrık türleri oluşturmaktadır. Belirtilen 150 türün yaklaşık 11'i tarımsal açıdan önem kazanmıştır (Serin ve Tan, 2009). Buğdaygil yem bitkileri içerisinde önemli bir yere sahip olan Ayrık (*Agropyron*) türlerinden biri olan yüksek otlak ayrığı (*Agropyron elongatum=Thinopyrum ponticum*) Çanakkale doğal florasında yaygın olarak bulunmaktadır. Çanakkale doğal florasında bulunan bazı ayrık türlerine (*Agropyron cristatum, Agropyron repens, Agropyron desertorum)* göre avantaj ve dezavantajlara sahiptir. Derinlere inen saçak kök sistemi, oldukça uzun ve dik bir gövdeye sahip oluşu, başakçıklarındaki iri tohumları, tuza karşı yüksek tölerantlık göstermesi yüksek otlak ayrığının diğer yakın akrabalarına göre önemli avantajlarıdır (Serin ve Tan, 2004). Yüksek otlak ayrığı erken otlatma döneminde hayvanların severek tercih ettiği bir bitkidir. Fakat bitkinin olgunlaşma döneminde yaprakları sertleşir ve tüylenir. Bu yüzden hayvanlar tarafından bu dönemde tercih edilmez (Sağlamtimur ve ark., 2001).

Yüksek otlak ayrığı ülkemizde sahil şeridi boyunca sık rastlanan ve genetik varyasyonu yüksek olan bir türdür. Güney Marmara Bölgesi yüksek otlak ayrığı bitkisi açısından oldukça önemli bir kaynak oluşturmaktadır. Bu tür, hem yüksek ot verimi açısından hem de çim kapağı oluşturmak amaçlı park/bahçe ve spor alanları tesisi açısından karışımların vazgeçilmez bitkisi olarak kullanılmaktadır. Ayrıca yabancı döllenme göstermesi hem morfolojik hem de genetik açıdan oldukça zengin popülasyonların oluşmasına imkân tanımaktadır.

Yem bitkileri türlerinin en yaygın kullanım alanı hayvan beslenmesidir. Ülkemizde kaba yem miktarının arttırılması bu anlamda önemlidir (Topçu ve Özkan, 2017). Türkiye'de yem sorunu son zamanların önemli konularından biri haline gelmiştir. Köy envanter çalışmalarına göre hayvanların yem ihtiyacını karşılamak geniş alan kaplayan çayır, mera ve yayla alanlarımıza rağmen çok zordur. Bunda küçük ve büyükbaş hayvan varlığımızın artması yanında bu alanların yıllardan beri süre gelen yetersiz bilgi ve kontrolden uzak bir vaziyette kullanılmaları nedeniyle meraların verim oranlarının azalmasının da etkisi olmuştur (Sarıca ve ark., 2004). Vejetasyonu zayıflamış meraların ıslahında kullanılacak en etken yol, doğal bitki örtüsünde bulunan yem bitkileri türlerinin geliştirilmesini sağlamaktır. Bu anlamda yüksek otlak ayrığı besin içeriği zenginliği bakımından hem küçükbaş hem de büyükbaş hayvanlar için önemli bir kaynak teşkil etmektedir (Sağlamtimur ve ark., 2001).

Ülkemizin farklı bölgeleri için yüksek kalitede yem bitkisi türlerinin tohumluklarına ihtiyaç vardır. Ülkemizde tohumluk ihtiyacını gidermek amacıyla çok fazla çalışma yapılsa da ihtiyacı karşılayacak seviyeye gelinmemiştir (Ünal, 2004). Bu ihtiyacı karşılamak adına mevcut çeşitler dışında yabani türlerin de ıslah materyali olarak kullanılmasına ihtiyaç vardır. Yabani türlerin sahip olduğu genetik dayanıklılık bu bitkilerin ıslah materyali olarak kullanılmasını ve toplandıkları bölgeye daha çabuk adapte olması gibi büyük bir avantaj beraberinde getirmektedir (Tan, 2009).

Ayrık türleri hayvan beslenmesi dışında park, bahçe ve spor alanlarının yeşillendirilmesinde de oldukça yaygın kullanılmaktadır. Çim kapağı oluşturma amacına bağlı olarak günümüz Türkiye'sinde tohumluk üretimi en başta gelen sorunlardan biridir. Ülkemiz özellikle yem bitkileri, tohumluk üretimi konusunda büyük oranda dışa bağımlıdır (Ünal, 2004). Bu nedenle sıkı çim kapağı oluşturan ve hızlı büyüme rejimine sahip olan yüksek otlak ayrığı bu hedefte düşünülmesi gereken türlerden biridir. Ülkemizdeki genetik çeşitlilik göz önüne alınacak olursa bunların tarımsal üretime uygun yeni çeşitlerinin

geliştirilmesinde kullanılması ve yem bitkileri açığının karşılanmasında dışa bağımlılığın azaltılmasına önemli katkı sağlayacaktır.

PCR temelli DNA markır sistemleri, DNA teknolojisi ve moleküler biyolojideki hızlı gelişmeye paralel olarak daha ekonomik, kolay ve güvenilir olmalarından dolayı özellikle genetik çalışmalarda daha yaygın olarak kullanılmaya başlanmıştır (Weber and May, 1989; Liu, 1998). Moleküler markırlarda istenen özellikler, yüksek polimorfizm, kodominant kalıtım, bitki genomu içerisinde homojen dağılım göstermesi, uygulaması kolay ve hızlı olması, düşük maliyet ve tekrarlanabilir olmasıdır. Moleküler markırlar, bitki varyetelerindeki seleksiyon çalışmalarında, filogenetik çalışmalarda, evrimsel ilişkilerin araştırılmasında oldukça etkili bir şekilde kullanılmaktadır (Filiz ve Koç, 2011). Çeşitli bitki türlerinin soy ağaçlarını çıkartmak için çok sayıda PCR temelli markır teknikleri ve DNA dizileme teknolojileri geliştirilmiştir. İlk moleküler markır tekniği olarak bilinen Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (RFLP), bitkilerde fiziksel haritalamada kullanılmış ve PCR'ın keşfiyle popülasyon genetiği çalışmalarında oldukça yaygın olarak kullanılan Rastgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA (RAPD), Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizm (AFLP), Basit Dizi Tekrarları (SSR) gibi teknikler geliştirilmiştir (Althoff ve ark., 2007). Bu çalışmada buğdaygiller üzerinde yüksek düzeyde polimorfik olduğu bilinen üniversal çeltik primerleri (Universal Rice Primer, URP) kullanılmıştır (Frediani ve ark., 2004; Li ve Quiros., 2001; Pandian ve ark., 2002; Kang ve ark., 2002). Çeltikte tekrar eden DNA parçası esas alınarak oluşturulan URP tekniği diğer moleküler markırlarda olduğu gibi çeşitli organizmalarda, organizmaya özgü DNA parmak izlerinin oluşturulmasında kullanılmaktadır. Bu organizmalar arasında bitki (çeltik, mısır,arpa,bambu, yulaf, soya fasülyesi, çin lahanası, bal kabağı, hıyar, ıspanak, biber, sarımsak, tütün ve *Arabidopsis*), hayvan ve mikroorganizma türleri yer almaktadır (Kang ve ark., 2002).

Hücrelerin DNA içeriği, enzim aktiviteleri, hücre membran özelliği ve canlılığı gibi çeşitli özellikleri hakkında bilgi edinmek amacıyla hücrenin akmakta olan bir akışkanın içindeyken karakteristiğini ölçmeye dayanan flow sitometri metodu kullanılmaktadır (Karaboz ve ark., 2008). Flow sitometri bitkilerde daha çok çekirdek DNA analizlerinin ve ploidy seviyelerinin belirlenmesi amacıyla kullanılmaktadır (Tuna, 2014). Çekirdek DNA içeriği hem bir bitkinin hemde aynı bitki türünün farklı bireyleri arasında sabit olduğu belirlenmiştir (Bennett ve Leitch, 1995). Bu nedenle çekirdek DNA içeriği bilgisi taksonomik ve evrim çalışmaları için oldukça yararlıdır (Rees and Walters, 1965; Southern, 1967; Price and Bachman, 1975).

Agropyron türlerinden biri olan yüksek otlak ayrığı ile ilgili literatür taramalarına bakıldığında oldukça az sayıda çalışmanın yapıldığı dikkat çekmektedir. Özellikle genetik farklılığın belirlenmesi üzerine ülkemizde hiçbir çalışma yapılmamış olup yurt dışı çalışmalarında genellikle sitolojik çalışmalar dışında detaylı bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu anlamda bu çalışma ülkemizde ilk olmakla birlikte, yeni çeşit geliştirme çalışmalarında biyoteknolojinin yaygın kullanılmasına da çok önemli katkı sağlamış olacaktır.

Bu çalışmanın amacı Çanakkale doğal vejetasyonundan toplanan yüksek otlak ayrığı genotiplerinin morfolojik karakterizasyonu yapmak ve genotipler arası genetik çeşitlilik ile ploidy seviyelerini tespit etmektir.

1.1. Yüksek Otlak Ayrığının Sistematiği

Yüksek otlak ayrığının bilimsel sınıflandırması Çizelge 1.1'de verilmiştir. Çizelge 1.1'de görüldüğü gibi yüksek otlak ayrığı buğdaygiller (Poaceae(=Gramineae)) familyasından olup pooideae altfamilyasındandır.

İngilizce ismi tall wheatgrass olan yüksek otlak ayrığının literatürde çok sayıda sinonimi bulunmaktadır (Çizelge 1.2). Çok sayıda sinonimi olması ve mavi ayrıkla olan benzerliğinden dolayı literatür taramalarında bazı karışıklıklar görülmektedir. Yüksek otlak ayrığının (2n= 10x= 70) mavi-yeşil yapraklı ve uzun boylu görünüşü Mavi ayrık [*Agropyron intemedium* (2n= 6x= 42)] ile son derece benzerlik göstermektedir. Morfolojik ve sitolojik farklılıklar ile bu iki bitkiyi birbirinden ayırt etmek mümkündür. Mavi ayrık yüksek otlak ayrığından farklı olarak kısa rizomlara sahiptir. Yüksek otlak ayrığında başakçık uçları küt, mavi ayrıkta ise sivridir (Lawrence 1983; Sağlamtimur ve ark., 2001).

Çizelge 1.1. Yüksek otlak ayrığının bilimsel sınıflandırması

Bilimsel Sınıflandırma	
Alem	*Plantae* (Bitkiler)
Bölüm	*Magnoliphyta* (Kapalı tohumlular)
Sınıf	*Liliopsida* (Bir çenekliler)
Familya	*Poaceae* (Buğdaygiller)
Altfamilya	*Pooideae*
Takım	*Poales*
Cins	*Agropyron*
Tür	*A.elongatum*

Yüksek otlak ayrığının geçmişten günümüze çok sayıda isim değişikliğine uğramıştır. Bu sinonimlerden bazıları Çizelge 1.2.'de verilmiştir.

Çizelge 1.2. Yüksek otlak ayrığının bilinen sinonimleri*

Thinopyrum ponticum (Podp.)
Agropyron elongatum (Host) P.Beauv.
Agropyron varnense (Velen.) Hayek.
Agropyron rigidum P.Beauv.
Agropyron giganteum (Roth) Roem. & Schult.
Braconotia rigida (P.Beauv.) Godr.
Elymus elongatus (Host) Runemark
Elymus elongatus (Host) Runemark *var. ponticus* (Podp.) Dorn.
Elyums varnensis (Velen.) Runemark.
Elytrigia elongata (Host) Nevski.
Elytrigia pontica (Podp.) Holub.
Elytrigia pontica (Podp.) *Holub. spp. pontica.*
Lophopyrum elongatum (Host) *A. löve.*
Triticum elongatum Host.
Triticum giganteum Retz.
Triticum ponticum Podp.
*Triticum scirpeum (*J.Presl*) Guss*

*(USDA NRCS PLANTS database 2008, Anonymus 2010)

Yüksek otlak ayrığına her ne kadar fazla sayıda tür ismi verilmiş olsada en yaygın kullanılan bilimsel adı *Agropyron elongatum* (Host) P.Beauv. 'dur.

1.2. Yüksek Otlak Ayrığı (*Agropyron elongatum*) ' nın Genel Özellikleri

Yüksek otlak ayrığının orijinini Türkiye, Akdeniz Havzası ve Rusya'nın önemli bir kısmı oluşturmaktadır. 1909'da Türkiye'den ABD'ye götürülmüş ve günümüzde tüm batı ülkelerinde, ABD ve Kanada'nın birçok bölgesinde bulunmaktadır (Weintraub, 1953, USDA, 2008; Barkworth ve ark., 2007).

Çok yıllık olan yüksek otlak ayrığı yapı itibariyle kaba görünüşlü, uzun boylu, dik gelişen, yaprakları ve sapları oldukça sert güçlü yumak oluşturan bir türdür (Duke, 1983) (Şekil 1.1). Gelişmesinin ilk evrelerinde bu sertlik ve diklik daha da belirgindir. Sert yaprakları mavi-yeşil renkte ve tüylü ya da tüysüz olabilmekte ve içe doğru kıvrılmaktadır.

Uzun ve belirgin damarlı yaprakları kısa süre içerisinde kabalaşmaktadır (Şekil 1.2). Çoğu ayrık türlerine göre olgunlaşması, başaklanması ve çiçeklenmesi daha uzun zaman almaktadır. Çiçek topluluğu seyrek başak tipinde olup, başakların boyu 20 ile 30 cm arasında değişim göstermektedir (Şekil 1.3). Başakçıklar tek yönlü sıralanmış olup başak sapındaki boğum araları yassıdır (Bakır, 1970).



Şekil 1.1. Çalışmada kullanılan ve Dardanos yerleşkesinde ekimi yapılan yüksek otlak ayrığının 2. yılında ve olgunlaşama dönemine ait bir görünüm (Ç.Kaya)



Şekil 1.2. Yüksek otlak ayrığının uzun ve belirgin damarlı mavi-yeşil renkli yaprakları (G. Baytekin)



Şekil 1.3. Yüksek otlak ayrığında çiçek topluluğunun seyrek başak tipi görüntüsü (G.Baytekin)

Başakçıklardaki çiçek sayısı oldukça fazladır. Alt dış kavuz (gluma inferior) 7-9 mm uzunlukta 7 damarlı, üst dış kavuz (gluma süperior) 8-10 mm ve 9 damarlı, uçları küt, iç kavuzlar 10-12 mm, 5 damarlı ve kılçıksızdır. İç kavuz (palea inferior ve palea süperior) uzunlukları 8 ile 10 mm arasında değişmektedir (Bakır, 1970) (Şekil 1.4.).



Şekil 1.4. Yüksek otlak ayrığında başakçık ve glumalara ait bir görüntü (G.Baytekin)

1.3. Yüksek Otlak Ayrığının Adaptasyonu

Tuzluluk mera alanlarındaki buğdaygillerin verimliliğine ve bitki sayısına etki eden önemli bir faktördür. Bu sebeple böyle yerlerde yetişebilecek bitkilerin önemi daha da artmaktadır. Yüksek otlak ayrığı orta derece toprak tuzluluğuna (Kuru madde'de % 1) tölerant olup, tuzluluk yönünden sorunlu meraların ıslahında kullanılmaktadır (Bleby ve ark., 1997).

Yıllık yağışı 350-400 mm olan veya sulanan yerlere iyi uyum sağlayan yüksek otlak ayrığı, sıcağa ve soğuğa oldukça dayanıklıdır. Derinlere inen kökleri sayesinde geçici kuraklıklara dayanabilmekte ve bu özelliğiyle kurak ve yarı kurak bölgelerde mera ıslahında kullanılmaktadır (Garcia ve ark., 2002).

Yüksek otlak ayrığı özellikle tuzlu topraklara toleranslıdır. Sulanan veya taban suyu yüksek olan tuzlu topraklara uyum sağlamaktadır. Hatta taban suyu yüksek toprakları tercih etmektedir (Jensen ve ark., 2006). İlkbaharda meydana gelen yoğun yağışlarla oluşan su göllenmelerinde beş hafta hayatta kalabilmektedir. Ayrıkların nemli, orta alkali topraklarda yetişme ve kendini sürdürme kabiliyeti, bu alanları geri kazanmada geniş bir kullanım sağlamaktadır. Toprak pH'ı 10,1'e kadar yüksek değerlere uyum sağlayabilmektedirler. Yüksek miktarda tuzun bulunduğu yerler dışında, sorunlu alanların kaba yem üretimine alınmasında kullanılabilmektedirler (Oram, 1990).

Tohumları genellikle çok yavaş çimlenir ve fideleri de yavaş gelişir. Genç fideler, ekim yılı boyunca yabancı otlarla güçlü bir şekilde rekabet edemezler. Bu nedenle yetiştiriciliğinde temiz toprağa ekim yapmakta yarar vardır. Ekim yılında bitkiler hasat edilmeden veya otlatmadan önce olgunlaşmasına ve tohum dökmesine izin verilmelidir (Oram, 1990).

1.4. Yüksek Otlak Ayrığının Yetiştiriciliği

En uygun ekim dönemi sonbahar mevsimidir. Kullanılacak tohum miktarı 2-2,5 kg/da'dır. Kültür çeşitlerinin tohumlarının çimlenme oranları yüksektir. Ancak büyüme ve gelişmesi özellikle yarı kurak koşullarda diğer ayrık türlerine göre daha yavaştır. Ekim derinliği 2-4 cm arasında değişmektedir. Sıra arası mesafe yetişme amacına bağlı olarak değişkenlik göstermektedir. Kurak koşullarda ot için 50-60 cm, tohum için de yaklaşık 100 cm sıra aralığı iyi sonuçlar vermektedir. Yüksek otlak ayrığının geç olgunlaşması nedeniyle yalın ekilmesi önerilmektedir (Asay, 1995).

1.5. Yüksek Otlak Ayrığından Yararlanma

Ot, silaj ve otlatma şeklinde değerlendirilen yüksek otlak ayrığı, tuzlu toprakların ıslahında da kullanılmaktadır. Yarı sulu koşullarda veya sulanabilen alkali topraklarda oldukça yüksek verim vermektedir. Kuru otu orta kalitededir. İyi kalitede ot vermesi için başaklanmadan önce ve yeşilken biçilmelidir. Yalın veya baklagillerle karışımı mümkün olup, karışımlarda daha kaliteli kuru ot ve daha yüksek ot verimi elde edilmektedir (Duke, 1983).

Yüksek otlak ayrığı, kütle verimi oldukça yüksek olup, silaj için başarıyla kullanılabilmektedir. Erken dönemde, sindirilebilir protein ve toplam sindirilebilir besin maddeleri içeriği diğer ayrık türlerine göre daha yüksektir. Ot verimi için en hızlı büyüme dönemi Haziran ayıdır ve Temmuz ayı sonlarında hasat etmekte yarar vardır. Eğer erken dönemde hasat edilirse koyun ve sığırlar tarafından kolayca tüketilmektedir. Birçok doğal buğdaygilin aksine hasattan sonra iyi bir gelişme ve büyüme sergilemektedir (Smith ve ark., 1994).

Geç olgunlaşan yüksek otlak ayrığı, mera için kullanıldığında uzun bir otlatma süresi sağlamakta, ancak diğer buğdaygiller veya diğer mera bitkileri gibi lezzetli ot vermemektedir. Tarlada yetiştirildiğinde ve münavebeli otlatıldığında, koyunlar ve sığırlar için mükemmel bir ot sağlamaktadır (Anonim, 2017).

Yüksek otlak ayrığı, biçilmediğinde bir sonraki yılın büyümesine kadar dik konumda kalmaktadır. Kuşlar ve diğer yaban hayatı için mükemmel bir örtü sağlar ve bazı çiftlik hayvanlarında buzağılama veya kuzulama sırasında korunmak için kullanılır. Ayrıca rüzgâr erozyonunu kontrol etmede ve fazla kar yağışını yönetmede fayda sağlar (Anonim, 2017).

Selülozik etanol kaynağı olarak değerlendirilen yüksek otlak ayrığı, içerdiği yüksek tuzlar ve ağır metal konsantrasyonları nedeniyle biyoyakıt üretiminde sorunlar çıkarabilmektedir (Blunk ve ark., 2005).

1.6. Yüksek Otlak Ayrığında Tohum Üretimi

Yüksek otlak ayrığının tohum verimi büyüme mevsimi uzun olan yörelerde oldukça yüksektir. Gübreleme uygulamalarında yatma meydana gelmemekte ve tohum verimi artmaktadır. Başakta yeknesak olgunlaşma olmadığından, önce biçip kuruduktan sonra harmanlamak, tohum kaybını azaltmaktadır. Tohum almada demetler yapılarak harman yapılması tohum kaybını azaltmaktadır. Dökülmenin az olduğu dönemlerde direk biçerdöverlerle de hasat yapılabilmektedir. Tohum verimi dekara 100 kg kadardır (Sağlamtimur ve ark., 2001).

Yüksek otlak ayrığı tohumları Ağustos sonu veya Eylül ayı başında olgunlaşmaktadır (Anonim, 2017) (Şekil 1.4).



Şekil 1.4. Yüksek otlak ayrığının olgunlaşmış iri tohumlarına ait görünüm (G.Baytekin)

BÖLÜM 2
ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Heneen ve Runemark (1971) *Elymus (Agropyron) elongatus* kompleks türünün sitolojik olarak taksonomisini incelemişlerdir. Çalışma *Agropyron elongatum* türünün *Elymus elongatus, i.e., ssp. elongatus* ve *ssp. flaccidifolius* alttürlerini kapsamıştır. Karyotip analizlerindeki farklılıkları *ssp. elongatus* ve *ssp. haifensis* arasında olduğu gibi farklı orijinlere sahip olan *ssp. elongatus* alttürünün materyalleri arasında da gözlemlemişlerdir. Her iki alttürün heteromorfik kromozom çiftlerine sahip olduğunu saptamışlardır. Araştırmacılar bu grupların çoğunda kromozomların çiftler halinde ayrımlaştırılabileceğini 'intervarietal' geçişlerin de var olabileceğini ortaya koymuşlardır. Ayrıca *ssp. elongatus ve flaccidifolius* da mayoz bölünme aşamasını çalışmışlardır.

Gökkuş ve ark. (1994), *Agropyron cristatum* (otlak ayrığı)'da gelişme dönemlerinin, bitki boyuna ve toprak üstü biyomasına bakarak bazı morfolojik, agronomik ve kimyasal özelliklerin değişimini incelemişlerdir. Bitki örneklerinde bitki boyu, toprak üstü bioması, yaprak oranı, kuru madde oranı, ham protein oranı, ham selüloz oranı, Ca, K, Mg ve K(Ca+Mg) faktörleri gelişme döneminden önemli derecede etkilenmişlerdir. Bütün bu kriterlere bağlı olarak otlak ayrığında bitki boyu ve zamana bağlı olarak %5 -%1 arası önemli olmuştur. Ayrıca toprak üstü biyomasında ise toprak altı biyoması, Ca ve K oranları hariç benzer ilişkiler saptamışlardır.

Assadi (1996), İran'da gerçekleştirdiği bir çalışmada *Elymus* cinsinin *Elytrigia* ve *Coaespitosae* türlerinde taksonomik sınıflandırma yapmıştır. Çalışmada, *Elymus* cinsinin *Elytrigia, Pseudorogneria, Thinopyrum, Lophopyrum ve Trichopyrum* cinslerini kapsadığı ortaya çıkmıştır. *Elymus pertenuis, E. tauri var. kosaninii, E. elongatiformis, E. hispidus var. podperae* ve *E. hispidus var. villosus* varyeteleri bu çalışmada isimlendirilmiştir. *Elymus nodosus subsp. dorudicus* ve *E. gentryi var. ciliatiglumis* ise sırasıyla yeni alttürler olarak tanımlamıştır.

Kuşvuran ve ark. (2005), 2000 ve 2001 yıllarında K.K.T.C ekolojik koşullarında yonca (*Medicago sativa*) ve yüksek otlak ayrığında (*Agropyron elongatum*) adaptasyon kabiliyetlerini belirlemek amacıyla iki yıl süren bir çalışma yürütmüşlerdir. Çalışma sonucunda yoncadan toplamda 10828,72 kg/da yeşil ot ve 2642,39 kg/da kuru ot elde edilmiştir ve bu miktarlar yüksek otlak ayrığında 1571,03 kg/da ve 613,73 kg/da olmuştur. Araştırıcılar, yüksek otlak ayrığının tatmin edici verime sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Tan ve ark.(2002), Erzurum'da Tuzlu-Alkali topraklarda yetişebilecek yembitkisi türlerinin belirlenmesi amacıyla yaptıkları araştırmada kültürü yapılan 8 yembitkisi türü olarak yonca, gazal boynuzu, ak üçgül, yüksek otlak ayrığı, otlak ayrığı, çok yıllık çim, yüksek çayır yumağı ve kılçıksız brom kullanmışlardır. Normal ve alkali topraklarda 2 farklı deneme planlayarak bitkilerde çıkış süresi, yaprak sayısı, ana dal sayısı, ana dal çapı, kök ağırlığı, bitki boyu ve bitki ağırlıklarını incelemişlerdir. Genel olarak buğdaygillerin tuzlu-alkali topraklara dayanıklılığı daha iyi bulunmuştur. Özellikle yüksek otlak ayrığı en dayanıklı tür olarak tespit edilmiştir. Bitki boyuna bakıldığında normal toprakta yetişen ve tuzlu-alkali toprakta yetişen yüksek otlak ayrığında ölçümler sırasıyla 14,5 cm ve 11,0 cm olmuştur.

Brasileiro-Vidal ve ark. (2003) yaptıkları çalışmada, farklı DNA sekansları ile in situ hibridizasyonu kullanarak *Thinopyrum ponticum* (2n=10x=70)'da kromozomlarını incelemişlerdir. Kromozomlar karakterize etmek için 45S ve 5S rDNA alanlarının sayısı ve konumu ile tekrarlanan DNA dizilerini floresan in situ hibridizasyonu ile tanımlamışlardır. Nükleotidlerin ve çekirdek organizatörü bölgeleri (Nucleolus organizer regions[NORs]) sayılarını da ayrıca gümüş nitrat boyama ile belirlemişlerdir. 17. Kromozomun kısa kolunda 7 adet 45S ve 20 adet 5S rDNA alanı gözlemlemişlerdir. Diğer 3 kromozomun üzerinde ise 5S rDNA alanı gözlemlemişlerdir.

Wang ve ark (2004) yaptıkları çalışmada *Triticum aestivum* L. ve *A. elongatum* melezinde sıralı floresan in situ hibridizasyon (FISH), GISH ve karyotip analizi yapmışlardır. GISH kullanarak *A. elongatum*'un tüm genomik DNA'sını problar ile belirlemişlerdir. FISH ile rastgele çoğaltılan polimorfik DNA'dan *A. elongatum*'un E-genom kromatinini tespit etmişlerdir. Bu yöntemlerin tamamlayıcı olduğunu ve melez bitkilerin genetik yapısı hakkında kapsamlı bilgi sağlayacağını ifade etmişlerdir.

Csete ve ark. (2004) Macaristan'da tamamladıkları çalışmada, Doğu Avrupa yarı-kurak topraklarında yüksek otlak ayrığının (*Elymus elongatus* subsp. *Ponticus* cv. Szarvasi-1) enerji bitkisi olma potansiyelini araştırmışlardır. Macaristan'da geliştirilen çeşitte. Araştırmalarının temel amaç, farklı yetiştirme koşulları altında Szarvasi-1 ve diğer çeşitlerin performansını belirlemek olmuştur. Çeşitlerin biyokütle verimi, yabancı ot rekabeti, morfolojisi, eko-fizyolojik özellikleri ve genetiği üzerinde geniş çaplı bir araştırma yapmışlardır. RAPD tabanlı DNA parmak izi uygulamasının sonuçlarına göre kullandıkları çeşitler arasında düşük bir genetik çeşitlilik düzeyi saptamışlardır. Ayrıca yakın akrabalar arasında istenmeyen gen alışverişi riskinin oldukça düşük, fakat imkânsız olmadığını özellikle belirtmişlerdir.

Han ve ark.(2004) Kanada'da yaptıkları çalışmada, Genomik *İn Situ* Hybridization (GISH) ve Multicolor GISH (mcGISH) metodlarıyla *Agropyron intermedium*'da beş amphiploid hattını saptamışlardır. Her hattı Zhong (1, 2, 3, 4, 5) olarak adlandırarak her hattın farklı kromozom sayılarını incelemişlerdir. Multicolor GISH sonuçlarına göre Zhong 4'de A ve D genomlarını içeren karşılıklı transloke olmuş kromozom çiftleri içerdiklerini göstermişlerdir. Ayrıca mcGISH sonuçlarına göre *Agropyron intermedium*'dan alınan spesifik bir Gliadin bandının Zhong 3, Zhong 4 ve Zhong 5 hatlarını içerdiğini saptamışlardır. Bu sonuçlara göre yeni sentezlenen amfiploidlerde, kromozomal segmentlerin inter-genomik transferinin ve entegrasyonunun gerçekleştiği sonucuna varmışlardır.

Yang ve ark. (2005) araştırmalarında, *Triticum aestivum* cv. Chinese Spring (CS) ve *Thinopyrum intermedium* ssp. *Trichophorum* arasında kısmi amphiploid olan TE-3 bölgesini sitolojik gözlemlere, GISH, tohum depolarının protein elektroforezine ve hastalığa karşı dayanıklılık tarama yöntemlerine dayalı karakterizasyon çalışması yapmışlardır. Feulgen boyama ile hücrenin metafaz evresinde kromozom sayılarının 52den 56 ya değiştiğini ortaya koymuşlardır. Tohum depo proteinlerini APAGE ve SDS-PAGE yöntemiyle ayrıştırılmış ve *Th. intermedium* ssp. *trichophorum*'un spesifik olan TE-3 bölgesinin gliadin ve glütenin bandlarını gözlemlemişlerdir.

Zhanga ve ark. (2007) yaptıkları araştırmada, *Agropyron intermedium* HMW-GS' den soy analizi ve SDS-PAGE yöntemi aracılığıyla TAI-I serisi hattını *T.aestivum*'dan *Agropyron intermedium*'a ekleyerek tanıtımını yapmışlardır. Daha sonra, *Glu-1Aix1* olarak adlandırılan glütenin alt birimini kodlayan bir gen, PCR kullanılarak izole edilmiş ve kütle spektrofotometrisi, bakteriyel ekspresyon ve Western Blot deneyleri ile teyit edilmiştir. Sekans analizi *Glu-1Aix1*'nin tam olarak 1770 bp olduğunu göstermiştir. HMW-GSs olarak bilinen proteinin aynı zamanda önemli bir karakteri takip eden birincil yapı olduğunu saptamışlardır.

Eilam ve ark. (2009) yaptıkları çalışmada, *Elymus elongatus'*un nüklear DNA miktarlarını flow sitometriyle saptamışlardır. Sitolojik olarak diploidized autotetraploid olan *Elymus elongatus*'un beklenen değerden daha az (% 10-13) nüklear DNA'ya sahip olduğunu tespit etmişlerdir. Sitolojik olarak diploidized autotetraploid'lerin homolog çiftlerden gelen farklı dizilerden oluşan çok sayıda DNA dizisinin ortadan kalkmasından kaynaklandığını ve genomların farklılaşmasına yol açtığını ileri sürmüşlerdir.

Tuna (2009) yürüttüğü bir çalışmada, domuz ayrığı türünün diploid ve tetraploid olan genomlarıyla bir çalışma yürütmüştür. Proje sonuçlarında *Dactylis* cinsine dâhil olan ve

aynı ploidy düzeyindeki taxonlar arasında 2C çekirdek DNA içeriğine ilişkin 1,5 pg'lik önemli farklar bulmuştur. Bu durumun farklılaşmadan kaynaklandığını, fakat varyasyonun süreklilik arz eden bir varyasyon olduğundan dolayı farklılaşmanın tam anlamıyla tamamlanmadığını ifade etmiştir. Ayrıca *Dactylis* cinsinde elde ettiği başarılı sonuçlara göre FISH metodunun bu tür bakımından genomların yapısı, ilişkileri ve evrimlerinin araştırılmasında belirleyici olacağını belirtmiştir.

Temel ve ark. (2011), bazı yem bitkisi türlerinde tuzluluğun etkisini araştırmışlardır. Araştırmada korunga, yonca, sarıçiçekli gazalboynuzu, köpek dişi, Rodos otu, yüksek çayır yumağı ve yüksek otlak ayrığı (*Agropyron elongatum*) türlerinde m^2'de çıkış yapan bitki sayısına tuzluluğun etkisini belirlemişlerdir. Çalışma sonucuna göre çıkış yapan bitki sayısı üzerine lokasyon, bitki ve 'bitki x lokasyon' interaksiyonunu önemli ($p<0,01$) bulmuşlardır. Araştırıcılar yüksek otlak ayrığının tuza toleranslı yem bitkisi olması nedeniyle kontrole göre daha iyi çimlenme ve fide çıkışı gösterdiğini kaydetmişlerdir.

Işık (2012), selekte edilmiş (S5 kademesine kadar) 33 fasulye genotipinde verim ve kalite unsurlarını ve genetik ilişkileri moleküler ve morfolojik markırlar kullanarak incelemiştir. Çalışmada 31 adet morfolojik, 27 ISSR primeri kullanmıştır. Araştırıcı toplamda 169 DNA bandından 129'unun polimorfik olduğunu belirtmiştir. Yaptığı kümeleme analizi sonuçlarında ise SK-222 ve SK-131 genotipleri arasında %70'lik benzerlik ortaya çıkmıştır. Bu benzerliğe bağlı olarak dendogram oluşturup genotiplerin birbirinden farklı konumlarda yer aldığını bildirmiştir.

Fu ve ark.(2012) buğdayın oldukça önemli bir akrabası olan *Thinopyrum elongatum* (2n=2x=14), *Fusarium* Head Blight (FHB) gibi ölümcül buğday hastalığına potansiyel olarak yeni bir direnç kaynağı araştırmışlardır. Çalışmada FHB'ye karşı Tip II direnç için *Thinopyrum elongatum* geni içeren hatlar geliştirmişlerdir. Sonuçlar, *Thinopyrum elongatum*'un 7E kromozomunu içeren direnç hatlarının FHB'ye karşı yüksek direnç verdiğini göstermiştir. Çalışma metotlarına ilave olarak GISH analizleri, hatlardaki yabancı kromozomların bozulmadığını ve genomik sapmaların olmadığını ortaya koymuştur.

Chen ve ark. (2013) buğdayın önemli bir akrabası olan *Thinopyrum elongatum* türü için spesifik uzunluklarda amplifiye edilmiş parçacık sekansı (Specific Lenght Amplified Fragment Sequencing [SLAF]) teknolojisini baz alarak kromozom selektif moleküler markırlar geliştirmişlerdir. Bazı çalışmaların *Th. elongatum*'un 7E kromozomunun Fusarium hastalığı ve buğday pasıyla ilgili direnç genleri içerdiğini ve bu içeriğe bağlı olarak da araştırıcılar direnç genleriyle bağlantılı 7E kromozomuna özgü moleküler markırların geliştirilmesi, *Th. elongatum*'un direnç taşıyan genlerini keşfetmek için önemli

bir araç olacağını belirtmişlerdir. Çalışmada rastgele 135 fragtman seçilmiştir ve toplamda 135 primer dizayn edilmiştir. Araştırıcılar *Th. elongatum*'a özel 89 spesifik moleküler markır geliştirmişler ve bu sayede verimliliği % 65,9'a kadar çıkarttıklarını belirtmişlerdir.

Guo ve ark. (2014) Çin'de yürüttükleri çalışmada, decaploid olan *Elytrigia elongata* türünü buğdayda tuza toleransı geliştirmek için kullanmışlardır. Tuz toleransı için önemli olan mekanizmalar hakkında daha fazla bilgi toplamak adına, tuza duyarlı tetraploid *E. elongata* (PI276399) ve tuza dayanıklı tohumdan ayrıştırılmış *E. elongata* (PI276399) bitkilerini karşılaştırmışlardır. Araştırıcılar karşılaştırma analizlerinin sonuçlarına göre PI578686 genotipi ile karşılaştırıldığında PI276399'un daha yüksek tuz şartlarında (100-200 mM NaCl) Na'a göre yüksek bir bağıl büyüme oranı ve daha güçlü bir selektif emilim kapasitesi gösterdiğini tespit etmişlerdir.

Tomita ve ark. (2014) buğdaya tuz toleransını artırmak için yüksek tuz toleransı sergileyen *Thinopyrum ponticum* (2n=10x=70) bitkisini geniş melezleme yoluyla kullanmışlardır. *Triticum aestivum* (2n=42) ve *Th. ponticum* arasındaki BC3F2 nesillerinden tuza çok daha dayanıklı bir buğday hattı S148 (2n=42) elde etmişlerdir. Çalışma sonuçlarına göre GISH aracılığıyla, S148'in tuz toleranslı bir *ponticum-aestivum* translokasyonlu kromozom çiftine sahip olduğunu tespit etmişlerdir.

Farshadfar ve ark. (2015) *Agropyron cristatum*'un 13 farklı genotipinde genetik çeşitliliği geliştirmek için 12 tane ISSR moleküler markırı kullanarak inceleme yapmışlardır. Toplamda 65 bant bulmuşlar ve bunların 60'ının polimorfik, 5'inin monomorfik bant olduğunu tespit etmişlerdir. Bu bilgiler ışığında etkili ISSR primerini saptayıp kümeleme analizi yaparak genotipler üzerinde önemli farklılıklar bulmuşlardır.

Lalak ve ark. (2015) gerçekleştirdikleri bir çalışmada, biyogaz üretiminde *Agropyron elongatum*'un (BAMAR çeşidi), *Flammulina velutipes* muamelesi boyunca, selüloz, hemiselüloz ve ligninin degredasyonun da 45% MC, 65% MC, 75% MC'de üç farklı nem içeriğinin etkisini analiz etmişlerdir. En düşük sellüloz degredasyonunun % 65 MC'de ve en yüksek hemiselüloz ve lignin degredasyonunun % 29,1-35,4 arasında gerçekleştiğini saptamışlardır. Analiz sonuçlarına göre *A.elongatum*'un biyogaz üretimi bakımından potansiyel bir biyokütle olduğunu saptamışlardır. Ayrıca beyaz çürük mantarı olan *F.velutipes*'in *A.elongatum*'un biyolojik bozulmasını önlediğini göstermişlerdir.

Liu ve ark. (2015), yüksek otlak ayrığı ve buğday arasında genetik ve epigenetik varyasyonların nasıl meydana geldiğinin literatürde bilinmediğini belirtmişlerdir. Bu varyasyonların doğasını, genetik olarak 6 somatik introzyon hattını karakterize etmek için sitogenetik araştırmalar ve DNA profilleme tekniklerini kullanmışlardır. Karyotip

analizlerine göre 6 somatiğin buğday ebeveynine benzer olduğunu, ancak GISH analizi kullanarak birkaç yüksek otlak ayrığı segmentinin tespit edilebildiğini belirtmişlerdir. DNA profilinin, dizilerin silinmesi, gen ekspresyonlarının değişmesi, sitozin metilasyon deseninin değiştirilmesi ve retrotranspozonların re-aktivasyonunu içeren birçok genetik ve epigenetik varyasyonları ortaya koyduğunu rapor etmişlerdir.

Zhan ve ark. (2015) yürüttükleri bir çalışmada, buğday Mianyang11 hattı ve amphiploid buğday-*Th. İntermedium* TAI7047 arasında bir çaprazlama yaparak yeni bir buğday-*Thinopyrum* CH13-21 hattı geliştirmişlerdir. CH13-21 hattını kromozom spesifik markırlar, mc-FISH, mc-GISH ve GISH kullanarak karakterize etmişlerdir. Kromozom sayımı analizlerinde CH13-21'in mayoz'un metafaz 1 safhasında normal çift değerlikte 42 kromozoma sahip olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca moleküler işaretleyicilerle CH13-21'de 6 homolog kromozom'un uzun koluna bağlı *Thinopyrum intermedium* içerdiğini göstermişlerdir. Araştırmacılar tüm bunların sonucu olarak CH13-21'in, hastalık direnci için yeni varyasyon sağlayan ıslah programları için yeni bir genetik kaynak olduğu sonucuna varmışlardır.

Aggarwal ve ark. (2010), Hindistan'ın farklı bölgelerinden elde ettikleri, birçok ülkede buğdayda sürme hastalığına neden olan *Telletia indica*'nın 18 farklı türünü MS ortamında izole edilmiş genomlarında 12 URP markırını test etmişlerdir. 10 adet URP'de polimorfizm oranının % 98,44, olduğunu URP 13R'de %100 olduğunu ve URP 2R ve URP 32F markırlarında ise hiç bant oluşmadığını tespit etmişlerdir.

Koç (2017) *Agropyron cristatum*, *Agropyron desertorum* ve *Agropyron elongatum* türlerinde farklı tuzluluk seviyelerinin (kontrol, 5, 10 ve 15 EC ds/m NaCl) etkilerini kontrollü koşullarda test etmiştir. Denemede bitki boyu, kök uzunluğu, kök/gövde uzunluk oranı, yaş gövde ağırlığı, yaş kök ağırlığı, toplam yaş bitki ağırlığı, yaş kök/gövde ağırlık oranı, kuru gövde ağırlığı, kuru kök ağırlığı, toplam kuru bitki ağırlığı, kuru kök/gövde ağırlık oranı, kuru madde oranı, başaktak tane sayısı, bitkinin kök ve gövdesindeki K,Na ve Cl içeriğini gözlemiştir. Araştırma sonuçlarına göre *Agropyron elongatum* artan tuz konsantrasyonunda diğer iki türe nazaran %5,4 oranında bitki boyunda artış göstermiştir. Yine *Agropyron elongatum*'da K alımının diğer iki türe göre artış gösterdiği kaydedilmiştir. Sonuçların geneline bakıldığında *Agropyron elongatum* türünün tuzlu şartlara daha iyi uyum gösterdiği tespit edilmiştir.

BÖLÜM 3
MATERYAL VE YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Bitki Materyali

Araştırmada, Çanakkale merkez ve yakın çevresinde bulunan yüksek otlak ayrığı bitkilerinde, tek bitki esasına göre toplanan tohumlar kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan bitki materyaline ait toplama lokasyonları ve koordinatları, bitki numaraları ve toplama tarihleri Çizelge 3.1 'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan bitki materyaline ait toplama lokasyonları ve koordinatları, bitki numaraları ve toplama tarihleri

Lokasyon Sıra No	Bitki No	Toplama Tarihi	Toplanan Bölgesi	Toplama Koordinatları
1	1-1/1-2	16.08.2015	Mahmudiye (Liman)	39°55'43.2"N 26°10'17.7" E
2	2-1/2-2	17.08.2015	Kepez (Sahil)	40°06'09.5"N 26°23'39.7" E
3	3-1/3-2	18.08.2015	Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	40°04'22.5"N 26°21'54.8" E
4	4-1/4-2	23.08.2015	Kepez (İhsan Şen.K.Sok.)	40°06'5.80'' N 26°23'35.05" E
5	5-1/5-2	23.08.2015	Kepez (Cumhuriyet M.)	40°05'56.20"N 26°23'3.56"E
6	6-1/6-2	29.08.2015	Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	39°58'48.6"N 26°15'19.5" E
7	7-1/7-2	29.08.2015	Kumkale (Yol) /Kumkale (Mezarlık)	39°59'52.6"N 26°12'09.8" E
8	8-1/8-2	22.09.2015	Adliye Yanı	40°07'26.0"N 26°25'24.7" E
9	9-1/9-2	25.09.2015	Hasan Mevsuf Şehitliği	40°05'02.8"N 26°22'32.5" E
10	10-1/10-2	07.10.2015	ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	40°06'33.1"N 26°25'00.8" E
11	11-1/11-2	11.10.2015	Dardanos (8.sk)	40°04'85.4''N 26°21'48,45''E
12	12-1/12-2	12.10.2015	Troya	39°57'21.9"N 26°14'30.4" E
13	13-1/13-2	17.10.2015	Kepez (C.5.)	40°6'33.27"N 26°24'4.60"E
14	14-1/14-2	18.10.2015	Bayramiç (Ağaçköy)	39°47'39.14" N 26°34'47.24" E
15	15-1/15-2	18.10.2015	Bayramiç (Merkez)	39°49'00.12" N 26°34'53.36" E
16	16-1/16-2	25.10.2015	Suluca (Sahil)	40°17'48.1"N 26°37'30.0" E
17	17-1/17-2	25.10.2015	Lapseki (Sanayi)	40°19'39.0"N 26°39'27.3" E
18	18-1/18-2	25.10.2015	Suluca (Köy Yolu)	40°17'36.6"N 26°37'39.0" E
19	19-1/19-2	25.10.2015	Özbek	40°10'10.2"N 26°28'37.3" E
20	20-1/20-2	25.10.2015	Saltık	40°13'37.9"N 26°32'49.5" E
21	21-1/21-2	25.10.2015	Kemiklialan	40°16'46.1"N 26°36'39.9" E
22	22-1/22-2	25.10.2015	Yapıldak	40°13'06.7"N 26°32'23.0" E
23	23-1/23-2	25.10.2015	Güzelyalı	40°02'47.5"N 26°21'11.6" E
24	24-1/24-2	29.10.2015	Gökçalı	39°57'08.1"N 26°17'35.1" E

3.2. Yöntem

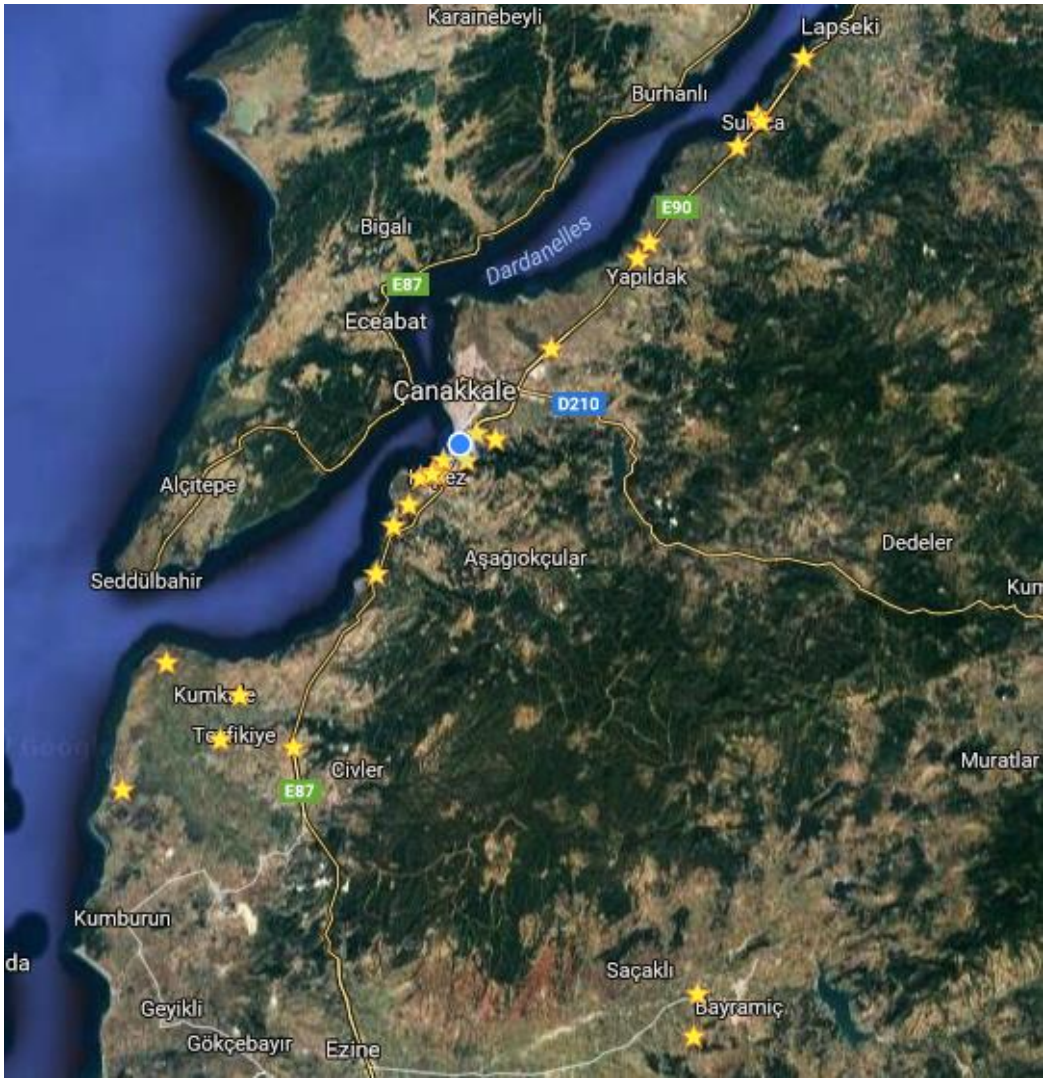
3.2.1. Materyal Toplama Çalışmaları

3.2.1.1. Durak Yerlerinin Belirlenmesi

Çalışmada bitki tohumlarının toplanması Tan ve Taşkın (1992)'ın belirttiği esaslara uygun olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. Tohum toplama esaslarında aşağıdaki faktörler dikkate alınmıştır;

a. Uygun süre içinde en geniş genetik varyasyonun toplanması,
b. Hedef türlerin olgunluk zamanlarına dikkat edilmesi,
c. Aynı lokasyonun pek çok durağından örnek toplanması,
d. Tarlalarda veya tarla kenarlarında geçit formlarının gözlemlenmesi,
e. Hedef türlerin yakın akrabalarının saptanması,
f. Toprak, iklim, yükseklik varyasyonlarının yakalanması.

Toplama kayıtlarında bazı özelliklere dikkat edilmiştir. Bu özellikler bitki numarası, toplama tarihi, lokasyon numarası, bitkinin botanik adı ve yöresel adı, toplanan bölgenin koordinatları ve diğer ek notlarla birlikte toplama sistemli bir şekilde gerçekleştirilmiştir. Bu hususlar altında çalışmada Çanakkale ilinin tarımsal ve coğrafi özelliklerine ilişkin esaslar dikkate alınarak yüksek otlak ayrığının yayılış gösterdiği lokasyonlardan örnekleme yapılmıştır. Örneklemenin yapıldığı durak yerleri Şekil 3.1'de gösterilmiştir.



Şekil 3.1 Yüksek otlak ayrığı toplama materyaline ait durak yerlerinin (*) uydu görüntüsü

3.2.1.2. Toplama

Her lokasyonda Temmuz ve Eylül 2015 tarihlerinde Şekil 3.1'de verilen durak yerlerinden lokasyonu temsil edecek şekilde tesadüfen seçilen bitki yumaklarında yine tesadüfen seçilen bitki saplarına ait başaklar tek bitki esasına göre toplanmış ve etiketlenmiştir. Yüksek rakımda bulunan ilçelerde bitkiler daha geç tohum olgunlaştırdıklarından, toplama işlemine Ekim ayına kadar devam edilmiştir.

3.2.2. Arazi Çalışmaları

2015 yılında 24 farklı lokasyondan elde edilen yüksek otlak ayrığı tohumları ÇOMÜ, Ziraat Fakültesi, Dardanos yerleşkesinde yer alan uygulama alanına 6 Kasım 2015 tarihinde elle ekilmiştir. Ekim sonrası yapılan gözlemler, ocakların tamamında çıkış olmadığını göstermiştir. Doğal vejetasyondan toplanan bitki tohumlarında yaygın olarak

gözlenen tohum dormansisi ve homojen çimlenme proplemleri nedeni ile ekim planlaması tesadüf blokları deneme desenine göre yapılmış olmasına rağmen bu deneme desinine göre morfolojik gözlemlerin yapılması mümkün olmamıştır. Bunun yerine her blokta aynı lokasyona ait bitki genotiplerinden tesadüfen seçilen 4 bitki kullanılarak morfolojik ölçümler 3.2.4.'de açıklandığı şekilde tamamlanmıştır. Ekimde her toplama lokasyonundan tesadüfen seçilen başaktaki tohumlar kullanılmıştır. Ekim için seçilen tohumların aynı büyüklük ve morfolojide olmasına dikkat edilmiştir. Ekimde her bir lokasyondan tesadüfen seçilen iki farklı tek bitkiye ait başaktaki tohumlar seçilmiş ve bir blokta 48 sıra belirlenmiştir. Her sıra üzerinde 5 ocak olacak şekilde toplamda 240 ocak açılmıştır. Her ocağa, aynı başaktan elde edilen 5 adet tohum 2-3cm ekim derinliğinde elle ekilmiştir.

3.2.3. Araştırma Alanının Toprak ve İklim Özellikleri

Dardanos Yerleşkesi deneme alanı genel itibariyle tınlı, bünyesinde çok düşük miktarda tuz bulunduran, kireçli ve hafif alkali bir yapıya sahiptir (Çizelge 3.2). Yetiştirme sezonuna ait meteorolojik veriler Çizelge 3.3-3.7'de ayrıntıları ile verilmiştir.

Çizelge 3.2. Toplama materyalinin ekiminin yapıldığı araziye ait toprak özellikleri (Özcan ve ark., 2003)

Özellik	Değer	Değerlendirme
Tuzluluk (ECMetre)%Tuz	0,03	Tuzsuz
pH (pHmetre)	7,90	Hafif Alkali
Saturasyon (1:2,5) (%)	53,0	Tınlı
Organik Madde (%)	1,00	Düşük
Kireç (Kalsimetrik) (%)	4,73	Orta
Fosfor (kg/da)	2,40	Düşük
Potasyum (kg/da)	41,3	Çok Yüksek
Demir (ppm)	3,12	Düşük
Bakır (ppm)	1,00	Orta
Mangan (ppm)	2,36	Orta
Çinko (ppm)	4,08	Orta

Çizelge 3.3. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre maximum sıcaklıkları (Meteoroloji Genel Müdürlüğü, 2016)

Yıl/Ay	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2015	19,2	19,4	19,2	24,1	28,5	32,3	38	35,8	35,9	25,2	22,3	15,9
2016	18,1	20,9	20,5	27,6	25,9	36,7	35,1	35,5	32,0	28,1	24,2	15,7

Denemenin yürütüldüğü 2015-2016 yılları ile bu döneme ait maximum sıcaklık verileri Çizelge 3.3' de verilmiştir. 2015-2016 sezonunun en yüksek sıcaklığı Eylül 2015 tarihinde (35,9 °C) görülmüştür.

Çizelge 3.4. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre minimum sıcaklıkları (Meteoroloji Genel Müdürlüğü, 2016)

Yıl/Ay	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2015	-7,9	-3,2	-0,3	2,2	10,8	13,8	17,5	19,8	13,7	9,3	5,9	-3,3
2016	-6,5	-1,3	0,5	6,6	9,2	13,2	19,1	19,4	11,5	6,0	0,9	-2,5

Denemenin yürütüldüğü 2015-2016 yılları ile bu döneme ait minimum sıcaklık verileri Çizelge 3.4' de verilmiştir. 2015-2016 sezonunun en düşük sıcaklığı Ocak 2015 tarihinde (-7,9 °C) görülmüştür.

Çizelge 3.5. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre ortalama sıcaklık değerleri (Meteoroloji Genel Müdürlüğü, 2016)

Yıl/Ay	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2015	6,7	7,5	9,3	11,9	13,2	22,1	26,2	27,1	23,4	17,0	14,4	8,2
2016	7,1	10,9	11,1	15,6	18,2	24,4	26,9	26,9	22,5	17,1	12,5	5,1

Denemenin yürütüldüğü 2015-2016 yılları ile bu döneme ait ortalama sıcaklık verileri Çizelge 3.5' de verilmiştir.

Çizelge 3.6. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre ortalama nisbi nem değerleri (Meteoroloji Genel Müdürlüğü, 2016)

Yıl/Ay	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2015	77,9	71,4	75,3	68	69,3	64,5	58,1	59,3	70,4	74,5	74,4	73,2
2016	72,6	77,5	74	67,3	69,7	61,9	54,5	58,6	59,6	65,5	70,2	69,1

Denemenin yürütüldüğü 2015-2016 yılları ile bu döneme ait nisbi nem değerleri Çizelge 3.6' da verilmiştir.

Çizelge 3.7. Çanakkale ilinin 2015-2016 iklim verilerine göre toplam yağış miktarı (Meteoroloji Genel Müdürlüğü, 2016)

Yıl/Ay	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
2015	116,8	83,2	63,8	78,2	15,8	65	0	3,2	64,6	110,5	48,0	1,2
2016	110,2	88,4	53,6	15,0	26,8	39,9	0	0	-	-	-	-

Denemenin yürütüldüğü 2015-2016 yılları ile bu döneme ait yağış miktarı verileri Çizelge 3.7' de verilmiştir. 2015-2016 sezonunun en yüksek yağış miktarı Ocak 2015 tarihinde (116,8 kg/m^2) görülmüştür.

3.2.4. Morfolojik Karakterizasyon Çalışmaları

Morfolojik karakterizasyon çalışmaları 2016 yılının Haziran ayı içerisinde gözlem ve ölçümlere dayalı olarak gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.2).



Şekil 3.2. 2016 Haziran ayındaki yüksek otlak ayrığı bitkilerinin genel görünüşü (G.Baytekin)

3.2.4.1. Yapılan Morfolojik Gözlemler

1. **Doğal bitki boyu** (cm): Hasat döneminde rastgele seçilen 4 bitkide belirlenip ortalamaları alınmıştır. Toprak yüzeyi ile başak ucuna kadar olan mesafe bitki boyu olarak ölçülmüştür.

2. **Kardeş sayısı** (adet/bitki): Rastgele seçilen 4 bitkinin kardeşleri sayılıp ortalaması alınarak belirlenmiştir.

3. **Boğum arası uzunluk** (mm): Rastgele seçilen 4 bitkide tesadüfen seçilen 5 sapa ait 2. ve 3. boğum arası ölçülüp ortalamaları alınarak belirlenmiştir.

4. **Boğum sayısı** (adet): Rastgele seçilen 4 bitkide tesadüfen seçilen 4 sapa ait bütün boğumlar sayılıp ortalamaları alınarak belirlenmiştir.

5. **Sap kalınlığı** (mm): Rastgele seçilen 4 bitkide tesadüfen seçilen 4 sapa ait, birinci ve ikinci boğum arası kumpas ile ölçülerek belirlenmiştir.

6. **Bayrak yaprak ayası uzunluğu** (cm): Rastgele seçilen 4 bitkide bayrak yaprak ayasının kına bağlanma noktasından itibaren bayrak yaprak ayası ucuna kadar olan kısmı ölçülüp ortalamaları alınarak belirlenmiştir.

7. **Bayrak yaprak ayası genişliği** (mm): Rastgele seçilen 4 bitkide bayrak yaprak ayası tabanından itibaren bayrak yaprak ayası boyunun 1/3'ü kadar uzaklığındaki kısımda, bayrak yaprak enleri ölçülüp ortalamaları alınarak belirlenmiştir.

8. **Bayrak yaprak uzunluğu** (cm): Rastgele seçilen 4 bitkide bayrak kınının boğuma bağlandığı yerden itibaren bayrak yaprak ayası ucuna kadar olan kısmı ölçülüp ortalamaları alınarak belirlenmiştir.

9. **Yaprak rengi** (1-6): Bayrak yapraktaki yaprak ayası renk skalası ile belirlenmiştir (1:Koyu yeşil, 2: Yeşil, 3: Açık yeşil, 4: Mavi-Yeşil, 5: Mavi,6: Gri-Mavi).

10. **Yatma durumu** (1-5): Genotiplerin yatma durumu 1-5 skalasına (1: Dik, 2: Yarı dik, 3: Orta, 4: Yarı yatık, 5: Yatık) göre değerlendirilmiştir.

11. **Yeniden büyüme** (1-5): Her biçimden sonra genotipler kendi aralarında değerlendirilmiştir. 1: Çok hızlı büyüme, 3: Orta büyüme, 5: Çok yavaş büyüme.

12. **Başak boyu** (cm): Rastgele seçilen 4 bitkide tesadüfen seçilen 4 sapa ait başak, en alt başakçığın başak eksenine bağlandığı noktadan en son başakçığın uç kısmına kadar olan uzunluk milimetrik cetvelle ölçülerek belirlenmiştir.

13. **Başakçık sayısı** (adet/başak): Başak boyu için rastgele seçilen 4 başaktaki başakçıklar tek tek sayılıp ortalamaları alınarak belirlenmiştir.

14. **Başakçıktaki tohum sayısı** (adet/başakçık): Başak boyu için rastgele seçilen her 4 başakta, başak ortasından tesadüfen seçilen 4 başakcıktaki tohum sayısının ortalamaları alınarak belirlenmiştir.

3.2.5. Moleküler Çalışmalar

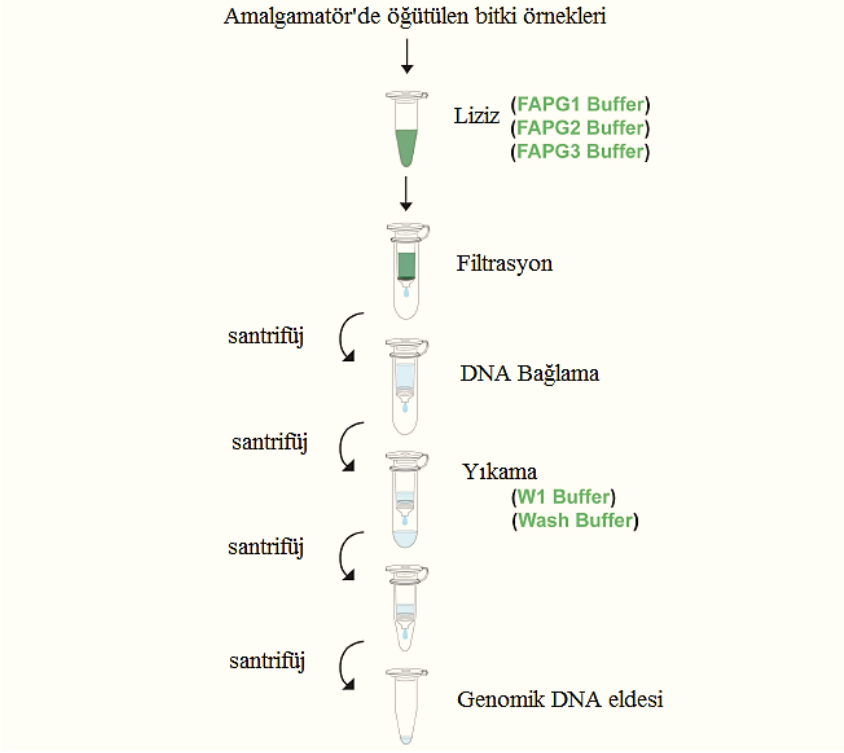
3.2.5.1. Bitki Örneklerinde Genomik DNA Analizi

3.2.5.1.(1). Yaprak Örneklerinin Hazırlanması

Arazide yer alan 24 genotipten tesadüfen seçilen tek bitkiden 16 Aralık 2015 tarihinde çıkış yapan taze ve genç yapraklardan doku örnekleri alınarak kilitli plastik poşetlere konulmuş ve etiketlenmiştir. Alınan örnekler moleküler analizler başlayana kadar -80 °C' 'de muhafaza edilmiş ve DNA izolasyonu çalışmalarında kullanılmıştır.

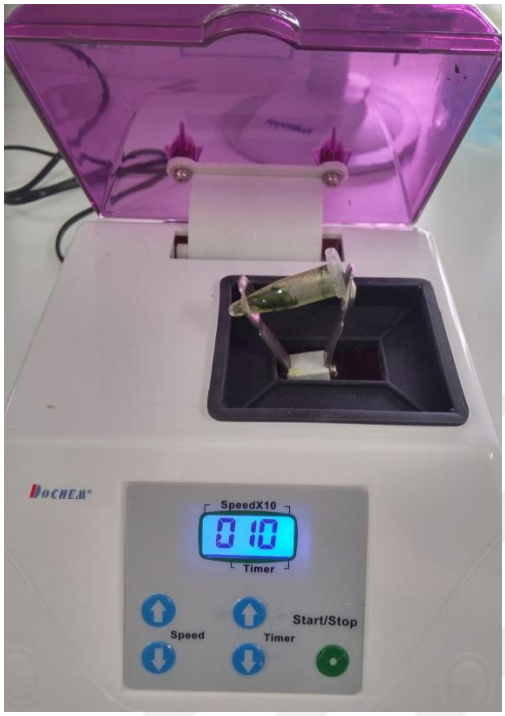
3.2.5.1.(2). DNA İzolasyonu

Bitki örneklerinden genomik DNA'nın izolasyonu Favorgen DNA Ekstraksiyon Kiti kullanılarak yapılmıştır (Şekil 3.3). DNA Ekstraksiyon kitine temel ekstraksiyon adımları Şekil 3.1'de, detayları ise Adım 1,2,3,4 ve 5'de verilmiştir.



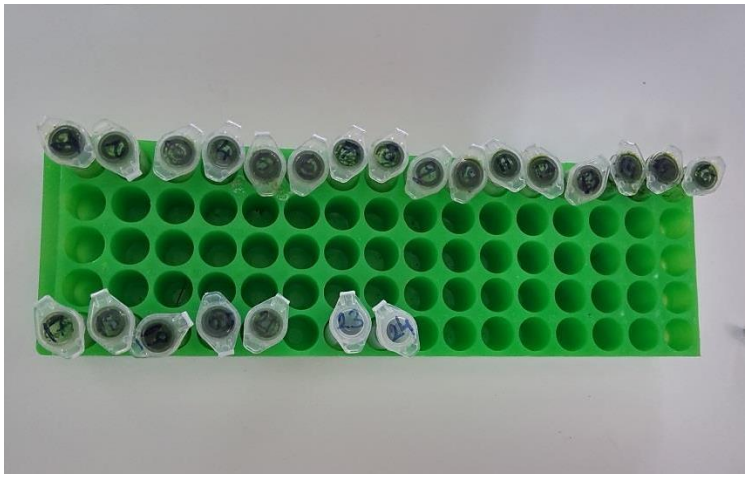
Şekil 3.1. DNA Ekstraksiyonuna (Favorgen) ait genel adımlar

Adım 1. -80 °C'de bekletilen taze ve genç yaprak örnekleri eppendorf tüplerine konularak homojenizasyon cihazının içerisine 2 bilye ve 500µl FAGG1 Buffer ekleyerek homojenizasyon sağlanmıştır (Şekil 3.3).



Şekil 3.3. Doku homojenizasyonu amacıyla kullanılan cihaza ait bir görüntü

Adım 2. Ezilen bitki dokuları 65 °C'de 10 dk su banyosunda inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon boyunca her üç dakikada bir örnekler vortex edilerek karışım sağlanmıştır (Şekil 3.4). Aynı zamanda son adımda kullanılacak olan Elution Buffer kullanana kadar su banyosunda (65 °C'de) bekletilmiştir. İnkübasyon süresi sonunda her bir örneğe 130 µl FAPG2 Buffer eklenmiş ve hemen ardından vortex edilmiştir. Vortex işleminden sonra 5 dk buzda inkübasyona bırakılıp koleksiyon tüplerine Filter Column yerleştirilmiştir. Örnekler sırasıyla Filter Column'a aktarılmıştır ve 3 dk tam hızda (13,000 rpm) santrifüj edilmiştir. İşlemlerin sonrasında Filter Column atılarak temiz süpernatant sıvı yeni bir mikrosantrifüj kabına taşınmıştır.

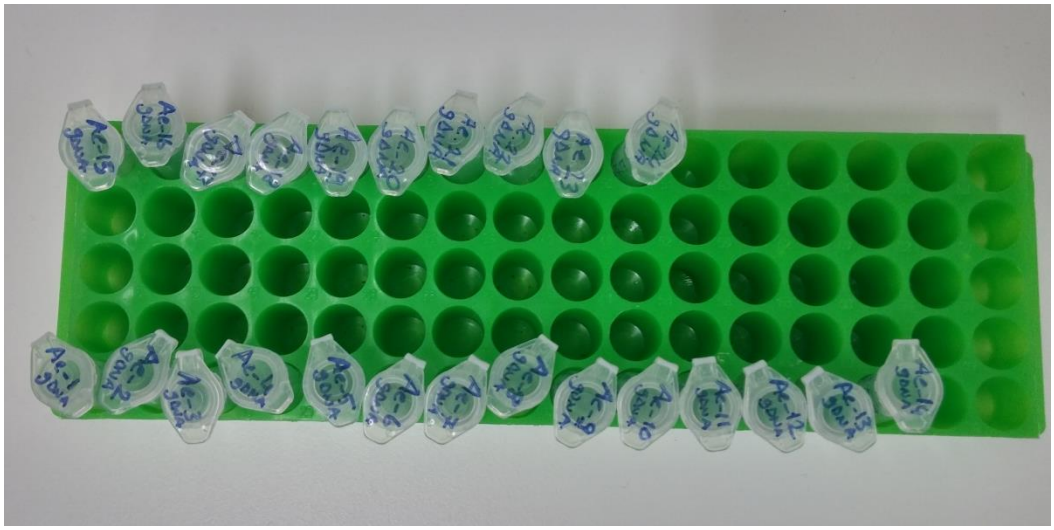


Şekil 3.4. 10 dk'lık inkübasyona hazır örneklerin görüntüsü

Adım 3. Temiz lisat sıvısına tüpün 1,5 katı FAPG3 Buffer eklenmiştir. Sonrasında koleksiyon tüpüne FAPG Column yerleştirilerek lisattan 750 µl alınarak FAPG Column'a aktarılmıştır. Tam hızda (13.000 rpm) 2 dk santrifüjün ardından FAPG Column'dan geçen kalıntılar koleksiyon tüpünden çöpe atılmıştır. Diğer tüpte kalan lisatlar tekrar FAPG Column'dan geçirilerek tam hızda 2 dk santrifüj edilmiştir. Koleksiyon tüpünde ki kalıntı tekrar çöpe dökülmüştür.

Adım 4. Column içine W1 eklenmiş ve 1 dk tam hızda santrifüj edilmiştir. Column içine Wash Buffer eklenerek yıkama işlemi başlatılmıştır ve ardından 30 sn tam hızda santrifüj edilmiştir. Column'dan geçen sıvı çöpe atılıp Column koleksiyon tüpüne geri takılmıştır. Column matrixinin kuruması için 3 dk tam hızda tekrar santrüfüj gerçekleştirilmiştir.

Adım 5. 1.5 ml temiz bir mikrosantrifüj tüpüne FAPG Column transfer edilmiştir. 2. Adım da ısıtmaya bırakılan Elution Buffer'dan 50-200 µl Column merkezinin tam merkezine dikkatlice aktarılmıştır. Elution Buffer'ın absorbesi için 3 dk beklenmiştir. 2 dk tam hızda santrifüj yapıldıktan sonra genomik DNA hazır hale gelmiştir (Şekil 3.5).

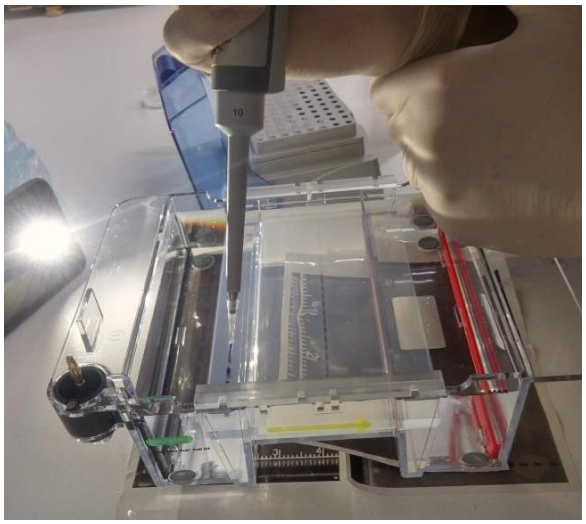


Şekil 3.5. Genomik DNA'ların elektroforez ve PCR için hazır hale gelmesi

3.2.5.1.(3) Genomik DNA'ların Varlığının Tespiti ve Konsantrasyon Eşitlenmesi

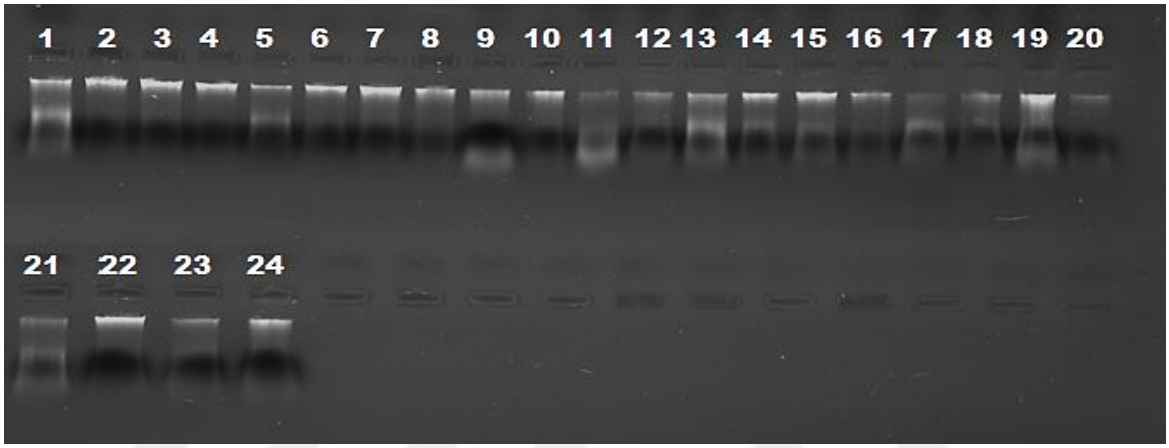
Ekstrakte edilen DNA örneklerinin kontrolü ve DNA konsantrasyonunun eşitlenmesi PCR'a dayalı DNA moleküler markır teknikleri ile çalışırken mutlaka dikkat edilmesi gereken önemli bir aşamadır.

DNA konsantrasyonunu belirlemek için genomik DNA'ları elde edilmiş stok DNA'lardan her bir genotip için 2 µl DNA ve 4 µl jel yükleme boyası (Bromophenol Blue) karıştırılarak elektroforeze hazır hale getirilmiştir. Hazırlanan örnekler % 1'lik agaroz jel yuvalarına yerleştirilmiş (Şekil 3.6) ve elektroforezde 80 Voltta 45 dk koşturulmuştur.



Şekil 3.6. Genomik DNA konsantrasyonlarının belirlenmesi için örneklerin agaroz jele yüklenmesi

Genomik DNA'ların koşturulmasından sonra görüntüleme cihazında incelenen DNA yoğunlukları (Şekil 3.7) konsantrasyonu en düşük olan genotiplere göre ayarlanmıştır. Konsantrasyon eşitleme işlemi için konsantrasyonu yüksek olan genotiplere $_{dd}H_20$ ilave edilerek seyreltme yapılmıştır. Konsantrasyon eşitleme işlemini teyit etmek amacıyla tekrardan % 1'lik agaroz jel hazırlanmıştır ve örnekler 80 Voltta 45 dk koşturulmuştur. 45 dk sonunda UV ışınlı görüntüleme cihazında konsantrasyonu eşitlenmiş genomik DNA'lar incelenmiş ve görüntü alınmıştır. Böylece gDNA'lar PCR işlemi için hazır hale gelmiştir.



Şekil 3.7. Ekstraksiyon sonrası farklı konsantrasyonlardaki yüksek otlak ayrığı genomik DNA'larına ait bir görüntü

3.2.5.2. Çalışmada Kullanılan URP Primerleri

Çalışmada çeltik için özel olarak geliştirilen ancak diğer bitkilerde de başarılı bir şekilde farklı amaçlar için kullanılabileceği rapor edilmiş evrensel çeltik primleri (Universal Rice Primers, URP) kullanılmıştır (Frediani ve ark., 2004; Li ve Quiros., 2001; Pandian ve ark., 2002; Kang ve ark., 2002). Çalışmada kullanılan 12 farklı URP primerine ait detaylı bilgi Çizelge 3.2.'de verilmiştir.

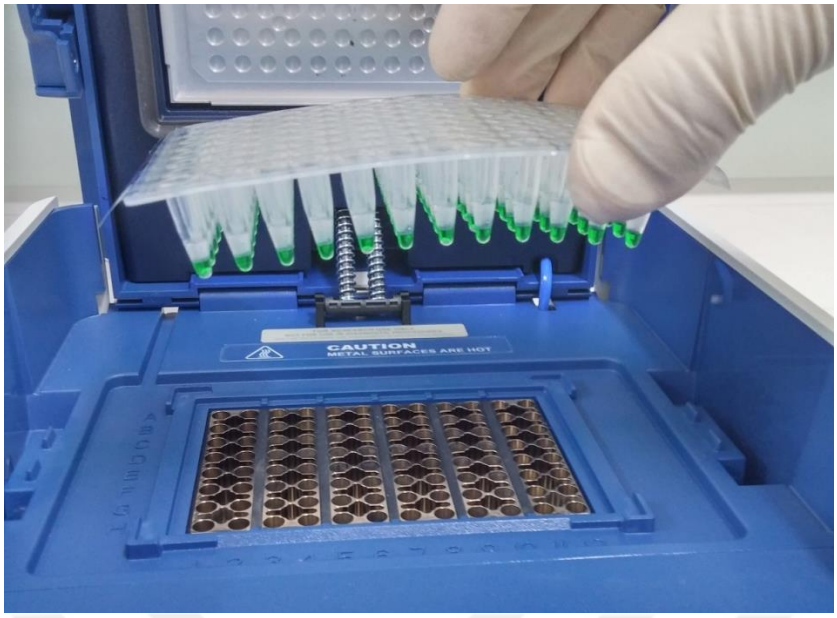
3.2.5.3. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR)

PCR reaksiyonları, 96'lık microtiter plate'lerde 18 µl'lik reaksiyon hacminde Termal Cycler (Veriti, applied biosystems) kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.8). PCR reaksiyonu için; 5x Buffer (10 mM Tris-HCl ph 8,3, 50 mM KCl, % 0,01 jelatin), 10 ng/µl genomik DNA, 10 mM dNTPs, 25 mM $MgCl_2$, 0,5 U Taq DNA polimeraz (Promega) enzimi ve dH_20 bileşenleri mikrotüplerde bir araya getirilerek reaksiyona hazır hale getirilmiştir.

Çizelge 3.8. Çalışmada kullanılan ileri (Forward) ve geri (Reverse) URP primerlerinin adı, baz dizilimleri (5'-3'), GC oranı (%), erime sıcaklıkları (°C) ile bağlanma sıcaklıkları (°C)

Primer Adı	Baz Dizilimleri (5'-3')	GC Oranı (%)	Erime (Tm) Sıcaklıkları (°C)	Bağlanma (Ta) Sıcaklıkları (°C)
URP 1F	ATCCAAGGTCCGAGACAACC	50	65 °C	57 °C
URP 2F	GTGTGCGATCAGTTGCTGGG	50	67 °C	55 °C
URP 2R	CCCAGCAACTGATCGCACAC	50	65 °C	55 °C
URP 4R	AGGACTCGATAACAGGCTCC	50	66 °C	57 °C
URP 6R	GGCAAGCTGGTGGGAGGTAC	50	65 °C	57 °C
URP 9F	ATGTGTGCGATCAGTTGCTG	50	67 °C	55 °C
URP 13R	TACATCGCAAGTGACACAGG	50	68 °C	55 °C
URP 17R	AATGTGGGCAAGCTGGTGGT	50	74 °C	55 °C
URP 25F	GATGTGTTCTTGGAGCCTGT	50	65 °C	55 °C
URP 30F	GGACAAGAAGAGGATGTGGA	50	65 °C	56 °C
URP 32F	TACACGTCTCGATCTACAGG	50	65 °C	55 °C
URP 38F	AAGAGGCATTCTACCACCAC	50	65 °C	55 °C

Çift iplikli DNA molekülünde denatürasyonun gerçekleşmesi için 94 °C (Denaturation), genomda primerlerin kendileriyle tamamlayıcılık özelliği gösteren bölgelere bağlanmaları amacıyla her bir primer çifti için Çizelge 3.2'de belirtilen bağlanma sıcaklıklarında primerlerin bağlanması (Anneling) ve Taq polimeraz enziminin reaksiyonu kataliz etmesi için 72 °C'lik (Extention) sabit sıcaklıkların uygulanmasıyla PCR işlemi gerçekleştirilmiştir.



Şekil 3.8. PCR reaksiyonunun 96'lık microtiter plate'lerde 18 µl'lik reaksiyon hacminde Favorgen marka Termal Cycler (Sıcaklık döngüsü) kullanılarak gerçekleşmesi

PCR reaksiyonu öncelikle primerlerin bağlanma bölgelerinin kopya sayılarını arttırmak için ön döngüye tabi tutulmuştur. Ön döngüde; tüpler 94 °C'de 4 dakika, primerlerin bağlanması için 35 °C'de 0:45 dakika, 72 °C'de 0:50 dakika olan reaksiyon döngüsünden toplam 5 döngü kullanılmıştır. Asıl döngü 95 °C'de 0:45 dakika, Çizelge 3.8'de verilen primer spesifik bağlanma sıcaklıklarında 1 dakika, 72 °C'de 1:10 dakika olacak şekilde 35 döngü ile ve son olarak 72 °C'de 3 dakika olacak şekilde reaksiyon tamamlanmıştır. Tüm reaksiyonlar bittikten sonra, PCR ürünleri % 2'lik agaroz jelde 80 V 35-40 amper sabit akımda 2-3 saat yürütülmüştür (Şekil 3.9). PCR ürünleri UV transillüminatör altında görüntülenmiş ve görüntüler kayıt altına alınmıştır.



Şekil 3.9. PCR ürünlerinin 80 V 35-40 amper sabit akımda koşturulması

Jelde görüntülenen bantlar polimorfik olup olmamasına göre 1 (var) veya 0 (yok) olarak skorlanmıştır. Benzerlik matriksi DICE'a göre NTSYS-pc (version 2.1) paket programı kullanılarak oluşturulmuştur (Rohlf, 2000). Genetik ilişkiyi gösteren kümeleme analizi Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic average (UPGMA) metodu kullanılarak elde edilmiştir (Kumar ve ark., 2004). PCR aşamasında kullanılan primerlerin polimorfizm bilgi içerikleri (PIC, Polymorphism Information Content) Botstein ve ark. (1980)'na göre aşağıdaki formül aracılığıyla hesaplanmıştır.

$$PIC = 1 - \sum_{j=1}^{n} Pij^2$$

PIC= polimorfizm bilgi içeriği, **Pij**= i'inci allelin frekansı,
n= allel sayısının toplamı.

3.2.6. Çekirdek DNA Analizi

Çekirdek DNA analizleri Namık Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü'nde bulunan PARTEC Flow Sitometri cihazı kullanılarak yapılmıştır. Analizler 24 farklı lokasyon üzerinden toplanan ve Dardanos yerleşkesi uygulama alanına ekilen yüksek otlak ayrığının genç yapraklı genotiplerinden yaklaşık 20 cm kesitler alınarak her bir genotip arasına havlu peçete serilip etiketlenmiş ve buz destekli saklama kaplarına konulup analizin yapılacağı laboratuvara transfer edilmiştir (Şekil 3.10). Her toplama

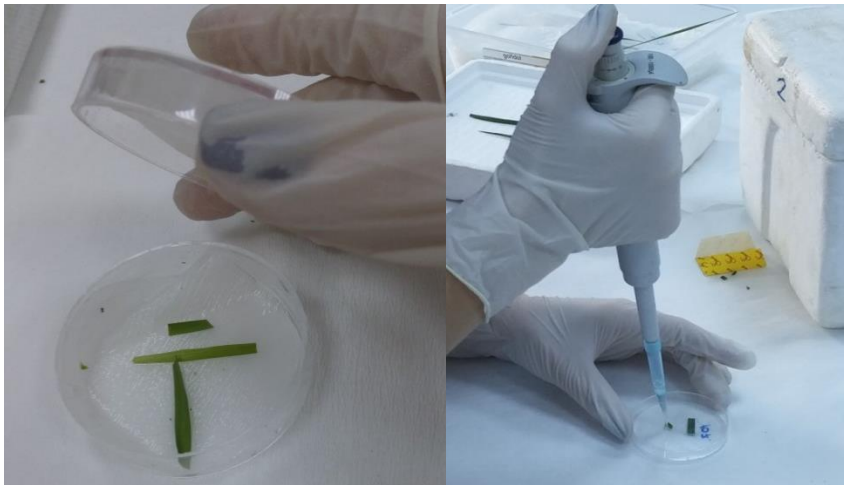
lokasyonundan tesadüfen seçilen tek bitkiye ait yaprakların kullanıldığı çalışma 3 tekerrürlü olarak yürütülmüştür.



Şekil 3.10. Flow sitometre analizi için toplanan ve transfer için hazırlanan yaprak örnekleri

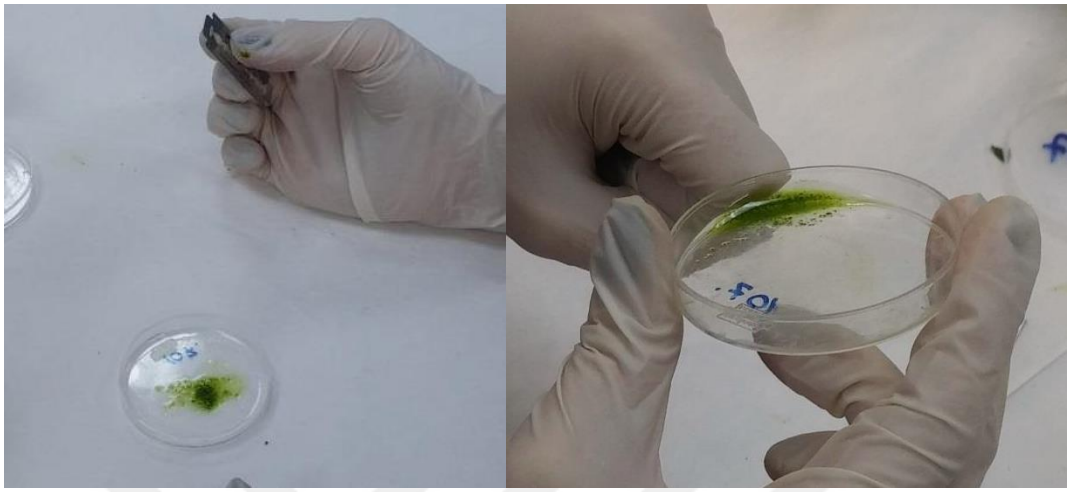
Analizlerde çavdar bitkisi internal standart olarak kullanılmıştır. Analizin akışı için PARTEC firmasının hazır kitleri kullanılmıştır. Ploidy analizinde aşağıda verilen adımlar takip edilmiştir.

1. Yaklaşık 5 cm büyüklüğünde kesit alınan yaprak örnekleri petri kapları üzerine konulmuştur. Ardından üzerine 500 µl ekstraksiyon bufferı ilave edilmiştir (Şekil 3.11).



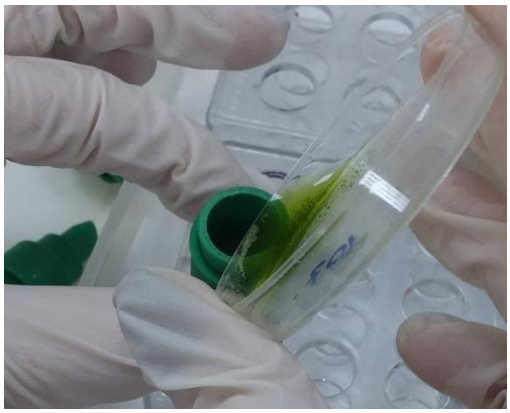
Şekil 3.11. Analiz için yüksek otlak ayrığı ve çavdar bitkisinin petrilere konulması ve sonrasında ekstraksiyon buffer'ının ilave edilmesi

2. Petri kabının içerisindeki yaprak dokusu yaklaşık 1 dk boyunca keskin bir jilet yardımıyla hızlıca çok küçük parçalara ayrılıncaya kadar parçalanmış ve 10 sn kadar yavaşça çalkalanmıştır (Şekil 3.12).



Şekil 3.12. Bitki dokusunun jilet yardımıyla çok küçük parçalara ayrılması ve çalkalama işlemi

3. Parçalanmış dokular çalkalama işleminden sonra örnekler petri kaplarında 30 saniye kadar bekletilmiştir ve 50 µl'lik CellTrics filtre (Şekil 3.13) ile süzdürülerek tüp içerisine aktarılmıştır (Şekil 3.14).

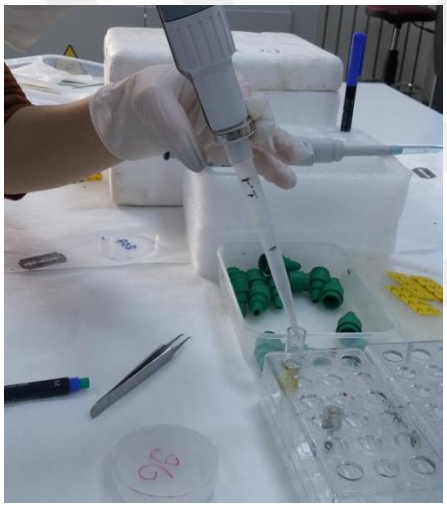


Şekil 3.13. Parçalanmış dokuların filtreden geçirilerek tüpe aktarılması

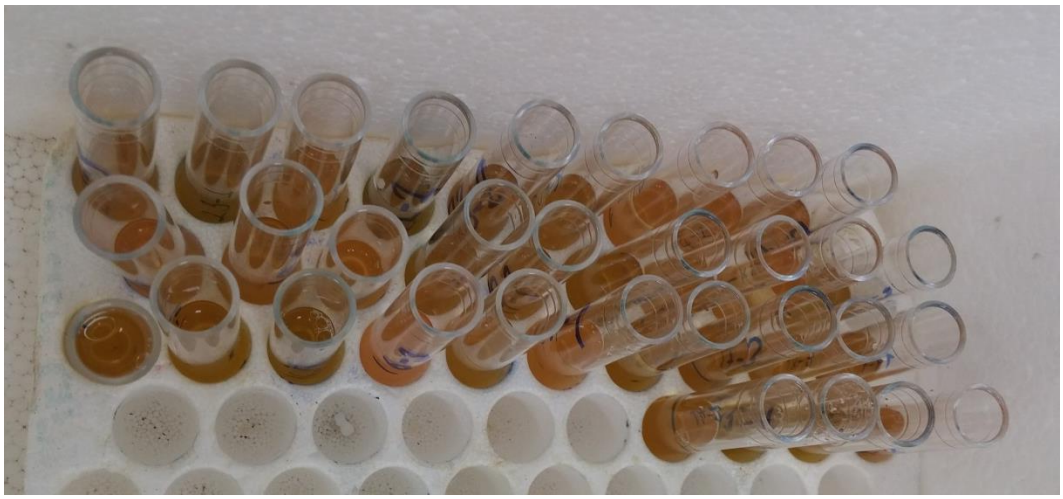


Şekil 3.14. 50 µl'lik CellTrics filtreye ait bir görüntü

4. Tüp içerisine aktarılmış dokular önceden hazırlanmış 2 ml boyama solüsyonu ilave edilerek (Şekil 3.15) ışıksız ortamda yaklaşık olarak 1 saat inkübasyona bırakılmıştır (Şekil 3.16).



Şekil 3.15. 2 ml boyama solüsyonun tüp içerisine ilave edilmesi



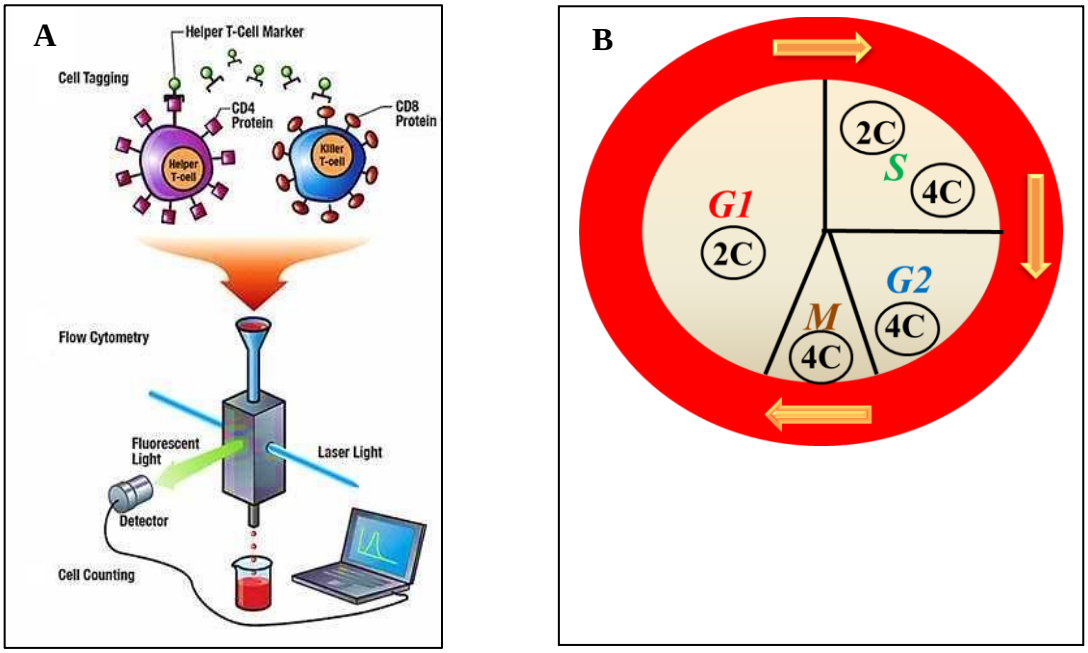
Şekil 3.16. Flow analizine hazır hale getirilmiş örneklere ait görüntü

3.2.6.1. Boyama (Staining) Solüsyonun Hazırlanması

Analizi yapılacak her bitki dokusu örneği için 2 ml Staining Buffer, 6 µl RNAse stok solüsyon, 12 µl Pl (Propidium iodide) stok solüsyonu homojen bir karışım olacak şekilde hazırlanmıştır (Tuna, 2014).

3.2.6.2. Çekirdek DNA İçeriğinin Hesaplanması

Örnek hazırlamada izlenilen işlemler sonucunda kullanılan çekirdek DNA içeriği hesaplanmak istenen bitki dokusundaki hücreler parçalanır ve hücre çekirdekleri serbest hale geçer. Buffer (Exraction Buffer) içerisinde bulunan deterjan serbest hale geçen çekirdeklerin zarları üzerinde porlar oluşturmaya başlar. Bu porlardan staining solüsyonun içerisinde bulunan PI (DNA'ya bağlanabilme özelliğinde olan floresan boya) çekirdek içerisine girer ve ardından DNA'ya bağlanır. Çekirdek DNA içeriği ile PI miktarı doğru orantılıdır. Buda DNA içeriği ne kadar fazlaysa çekirdeğe bağlanan PI miktarı da bu orana bağlı olarak fazladır. Hazırlanmış olan örnek bu işlemlere göre flow sitometri cihazında analiz edilirken cihazın yaydığı lazer ışık kaynağının önünden geçen hücreler genetik yapıya bağlanan PI miktarıyla orantılı olarak floresan ışık yayar. Yayılan floresan ışını cihazın içerisinde bulunan ilgili bölümlerde bir dizi işlemlerden geçerek elektrik sinyallerine dönüşür ve bilgisayar monitörüne histogram olarak yansır (Şekil 3.17-A). Histogramda yatay eksen sağa doğru gittikçe çekirdek DNA içeriği artmaktadır ve dikey eksen analiz edilen hücre sayısını göstermektedir (Tuna, 2012).



Şekil 3.17. A: Flow sitometri'nin temel prensibi. B: Hücre Döngüsü

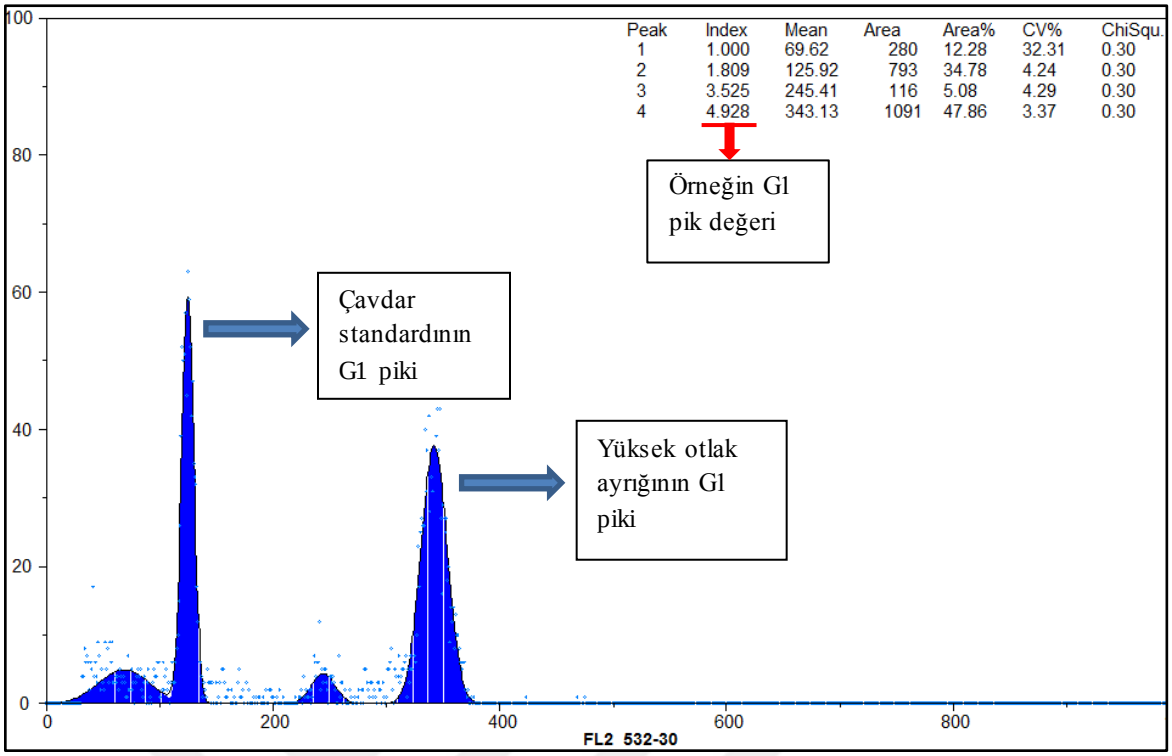
Tek bir bitkinin flow sitometri analizi sırasında oluşturduğu 2 pik, hücre döngüsünün farklı aşamalarında bulunması ile ilişkilidir. Hücrelerin bir kısmı mitoz aşamasından yeni çıkmışken (hücre çekirdeğinin replike olmamış DNA içeriğine sahip olduğu durum), bir kısmı da mitoz aşamasına girmeye hazırlanmaktadır (çekirdeğin replike olmuş DNA içeriğine sahip olduğu durum). Hücrelerin geri kalan kısmı da DNA sentez (S fazı) aşamasında yer almaktadır. Çekirdeğin DNA içeriği, hücre döngüsünün S fazı başında artmaya başlar ve bitiminde çekirdeğin DNA içeriği replike olur (Şekil 3.17-B).

C değeri Çekirdek DNA içeriğini ifade eder. Bu değer ilk defa Swift (1950) tarafından kromozom sayısı ile meydana gelebilecek karışıklıkların önüne geçebilmek için ortaya atılmıştır (Bennet ve Leitch, 1995; Bennet ve Leitch, 2005). Bir genotipin C değeri (1C) sahip olduğu replike olmamış haploid kromozom takımının içerdiği G_1 fazındaki DNA miktarını göstermektedir. Bir çekirdeğin 2C DNA içeriği, hücre döngüsünün G_2 fazı veya replike olmamış diploid çekirdeğin DNA içeriğidir ve histogramda G1 piki olarak ifade edilir. DNA'sı replike olmuş diploid çekirdeğin DNA içeriği ise 4C olarak ifade edilir ve histogramda G2 piki olarak gösterilir.

Çekirdek DNA içeriği hesaplanırken analiz edilmek istenen bitki dışında bir de DNA içeriği bilinen standart bitki belirlenir (Tuna, 2012). *Agropyron elongatum* bitkisinin yanında *Secale cereale* (çavdar) standart bitki olarak seçilmiştir. Birlikte flow için muamele edilen bitkilerin analiz sonuçlarındaki flow histogramında 4-2 pik gözlemlenmiştir (Şekil 3.18). Gözlemlenen piklerden 2 tanesi incelenen bitkiye diğer ikisi standart bitkiye ait piklerdir. Bu 2 çift pikin hangi bitkiye ait olduğunu anlamak için standart bitkinin önceden ayrı olarak analiz edilmesi gerekmektedir. Mutlak çekirdek DNA'sının hesaplanabilmesi için aşağıdaki formül kullanılmıştır.

$$\text{Çekirdek DNA İçeriği (pg)} = \frac{\text{Örneğe ait G1 pikinin değeri}}{\text{Standart G1 pikinin değeri x Standardın DNA içeriği (pg)}}$$

- 12-1 lokasyonundaki yüksek otlak ayrığının çekirdek DNA içeriği = $\frac{343{,}13}{125{,}92 \times 15{,}5} = 42{,}23725381$ pg



Şekil 3.18. Çavdar standart bitkisi ve yüksek otlak ayrığının Flow histogramında oluşturduğu 4-pikler

3.2.7. İstatiki Analizler

İncelenen morfolojik gözleme ait veriler SAS paket programında Proc Means statement'ı kullanılarak tanımlayıcı istatiksel analizine tabi tutulmuştur. Ölçülen parametreler arasındaki ikili linear ilişkinin varlığını tespit etmek için SAS paket programında Proc corr statement'ı ile pearson korelasyon katsayısı hesaplanarak belirlenmiştir.

Flow analiz sonuçlarına ait veriler SAS paket programı ile tesadüf blokları deneme desenine göre ($p<0,05$) ve ortalamalar arasındaki farklılıklar asgari en küçük fark (LSD) yöntemine göre ($p<0,05$) analiz edilmiştir.

BÖLÜM 4
ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

4.1. Morfolojik Özellikler

Çanakkale merkez ve yakın çevresi doğal bitki örtüsünde bulunan yüksek otlak ayrığı tohumları tek başak sistemi üzerinden toplanmış, kültür şartlarında yetiştirilmiş ve bazı morfolojik özellikleri belirlemiştir. 2015 yılında 24 farklı lokasyondan elde edilen tohumlar ÇOMÜ, Ziraat Fakültesi, Dardanos yerleşkesinde yer alan tarla deneme alanına 2015 yılı sonbahar döneminde tesadüf blokları deneme desenine göre üç tekrarlı olarak elle ekilmiştir. Ancak ocak usulü ekimi yapılan tohumlardan tüm bloklarda homojen bitki çıkışı olmamıştır. Bu nedenle, 2016 vejetasyon döneminde bitkisel özelliklerin belirlenmesinde aynı lokasyona ait ve/fakat farklı bloklarda yer alan ve tesadüfen seçilen 4 bitki üzerinde morfolojik karakterizasyon ölçümleri yapılmıştır. Bu ölçümlerde başak boyu, başaktaki başakçık sayısı, başakçıktaki tohum sayısı, bayrak yaprak ayası genişliği ve uzunluğu, doğal bitki boyu, sapta boğum arası uzunluğu, boğum sayısı, kardeş sayısı, sap kalınlığı, yaprak rengi, yatma durumu ve yeniden büyüme parametreleri belirlenmiştir. Araştırmada incelenen morfolojik özelliklere ait ortalama değerler, standart sapma, minimum ve maksimum değerler ve varyasyon katsayısı Çizelge 4.1'de verilmiştir.

Çizelge 4.1. Araştırmada incelenen morfolojik özelliklere ait otalama değerler, standart sapma, minimum ve maximum değerleri ile varyasyon katsayısı*

İncelenen Özellikler	Ortalama* ± Standart Sapma	Minimum	Maximum	Varyasyon Katsayısı (%)
Doğal Bitki Boyu (cm)	108,88±19,60	45,00	162,00	13,85
Kardeş Sayısı (adet/bitki)	25,83±13,39	6,000	64,000	45,03
Boğum Arası Uzunluk (mm)	211,46±63,18	93,00	392,00	20,39
Boğum Sayısı (adet/bitki)	2,62±0,60	2,000	5,0000	21,67
Sap Kalınlığı (mm)	4,12±0,81	2,240	5,9800	11,31
Bayrak Yaprak Ayası Uzunluğu (cm)	19,91±6,31	10,00	38,000	26,19
Bayrak Yaprak Ayası Genişliği (mm)	3,71±1,37	1,000	8,0000	32,75
Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm)	37,45±9,63	16,00	60,000	21,37
Yaprak Rengi (1-6)	2,98±1,08	2,000	5,0000	26,06
Yatma Durumu (1-5)	2,76±1,11	1,000	5,0000	23,09
Yeniden Büyüme (1-5)	3,41±1,26	1,000	5,0000	20,03
Başak Boyu (cm)	28,25±7,16	11,00	48,500	20,28
Başakçık Sayısı (adet/bitki)	15,77±2,90	10,00	27,000	14,81
Başakçıktaki Tohum Sayısı (adet)	12,21±2,75	5,500	21,300	20,36

***n: 96**

Çizelge 4.1'de Çanakkale ilinin 24 farklı lokasyonundan toplanan ve tesadüfen 4 farklı bitki üzerinden yapılan ölçümlere ait veriler incelendiğinde, ortalama doğal bitki boyunun 108.88 cm, ortalama kardeş sayısının 25.8 adet, boğum arası uzunluğun 211,46 mm, boğum sayısının 2,62 adet, sap kalınlığının 4,12 mm, bayrak yaprak ayası uzunluğunun 19,91 cm, bayrak yaprak ayası genişliğinin 3,71 cm, bayrak yaprak uzunluğunun 37,45 cm, yaprak renginin 1-6 skalasına göre 2,98, yatma durumunun 1-5 skalasına göre 2,76, yeniden büyümenin 1-5 skalasına göre 3,41, başak boyunun 28,25 cm, başakçık sayısının 15,77 adet ve başakcıktaki tohum sayısının 48,78 adet olduğu tespit edilmiştir.

4.1.1. Doğal Bitki Boyu

İncelenen 24 lokasyonda doğal bitki boyuna (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.2. İncelenen 24 lokasyonda doğal bitki boyuna (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Kumkale (Yol) /Kumkale (Mezarlık)	141,50	128	162
Kepez (C.5.)	136,75	128	147
Troya	126,75	101	152
Adliye Yanı	123,50	107	142
Mahmudiye (Liman)	122,50	110	133
Hasan Mevsuf Şehitliği	117,00	90	135
Gökçalı	115,50	106	123
Suluca (Köy Yolu)	113,25	104	132
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	111,75	88	131
Kumkale-(BKA) /Kumkale-(AT)	111,25	92	128
Dardanos (8.sk)	111,00	108	115
Bayramiç (Ağaçköy)	109,25	90	124
Özbek	107,25	90	124
Kemiklialan	106,75	90	120
Bayramiç (Merkez)	106,25	100	114
Lapseki (Sanayi)	104,50	85	121
Kepez (Sahil)	103,50	86	119
Güzelyalı	102,00	90	117
Kepez(Cumhuriyet M.)	101,00	83	114
Suluca (Sahil)	94,25	83	107
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	92,50	90	96
Yapıldak	88,00	70	100
Saltık	87,50	70	107
Kepez(İhsan Şen.K.Sok.)	79,75	45	107
Ortalama	**108,88**		
Standart Sapma: 19,60			
n=4			

Çizelge 4.2 incelendiğinde, en yüksek doğal bitki boyunun 141,50 cm ile Kumkale (Yol ve A.T) lokasyonundan, en düşük değerin ise 79,75 cm ile Kepez (İhsan Şen K.Sok.) lokasyonundan alınan genotiplerde kaydedildiği görülmektedir. Bitki boyunda minimum ve maximum değerleri, sırasıyla 45 cm ile Kepez (İhsan Şen.K.Sok.) lokasyonunda, 162 cm ile Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık) lokasyonlarından elde edilmiştir. Genel olarak incelenen genotiplerin bitki boyu açısından oldukça yüksek bir varyasyona sahip olduğu görülmektedir. Araştırmada ortalama 108,88 cm olarak hesaplanan doğal bitki boyu Tosun (1965)'un bulgularına göre daha yüksek bulunmuştur. Elçi ve Açıkgöz (1993) ise yüksek otlak ayrığının bitki boyunun bulgularımıza benzer olarak 100-150 cm arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

4.1.2. Kardeş Sayısı (adet/bitki)

Kardeş sayısına (adet/bitki) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.3'de verilmiştir.

Çizelge 4.3. Kardeş sayısına (adet/bitki) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	42,75	26	62
Bayramiç (Merkez)	42,00	37	51
Gökçalı	39,50	28	51
Suluca (Sahil)	39,50	19	64
Hasan Mevsuf Şehitliği	33,75	16	49
Kepez (C.5.)	33,50	21	59
Özbek	31,00	14	51
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	29,50	15	44
Güzelyalı	28,00	22	41
Suluca (Köy Yolu)	27,20	15	35
Troya	26,00	19	39
Dardanos (8.sk)	24,00	21	28
Saltık	23,75	13	42
Bayramiç (Ağaçköy)	23,50	12	36
Kepez (Cumhuriyet M.)	22,25	13	45
Adliye Yanı	20,00	6	33
Kepez (Sahil)	19,50	11	42
Kemiklialan	19,25	9	29
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	19,00	13	26
Yapıldak	17,50	11	30
Lapseki (Sanayi)	17,25	11	23
Kepez(İhsan Şen. K.Sok.)	17,25	16	18
Mahmudiye (Liman)	12,75	9	20
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	11,25	10	13
Ortalama	**25,83**		
Standart Sapma: 13,39			
n=4			

Çizelge 4.3'de genotiplerin genelinde ortalama kardeş sayısının 25,83 adet/bitki olduğu, en yüksek kardeş sayısının 42,75 adet/bitki ile Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık) lokasyonundan ve en düşük kardeş sayısının ise 11,25 adet/bitki ile Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı Lokasyonundan toplanan genotiplerden elde edildiği görülmektedir. Minimum ve maksimum kardeş sayısı değerleri çok geniş aralıklarda değişim göstermiş, minimum ve maximum kardeş sayıları sırasıyla 6 adet ile Adliye Yanı lokasyonu, 64 adet ile Suluca (Sahil) lokasyonundan toplanan genotiplerden elde edilmiştir.

4.1.2. Boğum Arası Uzunluk (mm)

Boğum arası uzunluğu (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.4'de verilmiştir.

Çizelge 4.4. İncelenen 24 lokasyonda boğum arası uzaklığına (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Kumkale (Yol) /Kumkale (Mezarlık)	293,50	245	367
Mahmudiye (Liman)	289,00	281	297
Hasan Mevsuf Şehitliği	279,75	197	392
Bayramiç (Merkez)	271,50	256	286
Güzelyalı	270,50	225	320
Kepez (Cumhuriyet M.)	259,50	225	340
Troya	244,50	141	347
Kepez (C.5.)	241,25	216	265
Gökçalı	238,25	220	250
Bayramiç (Ağaçköy)	229,25	212	247
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	227,25	179	265
Suluca (Köy Yolu)	222,50	195	263
Adliye Yanı	202,25	115	239
Kemiklialan	199,50	125	247
Lapseki (Sanayi)	193,50	123	275
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	185,00	175	195
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	179,00	170	192
Kepez (Sahil)	178,00	167	192
Suluca (Sahil)	162,50	110	200
Özbek	159,75	130	191
Saltık	155,00	109	227
Dardanos (8.sk)	147,00	141	157
Kepez(İhsan Şen. K. Sok.)	139,50	97	215
Yapıldak	107,50	93	127
Ortalama	**211,46**		
Standart Sapma: 63,18			
***n=4**			

Çizelge 4.4'de izlendiği gibi genotiplerin genelinde ortalama boğum arası uzunluk 211,46 mm olarak hesaplanmış olup, boğum arası uzaklık en yüksek 293,50 mm olarak Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık) lokasyonu ve en düşük 107,50 mm ile Yapıldak lokasyonundan toplanan genotiplerde kaydedilmiştir. Boğum arası uzunlukta minimum ve maximum değerlerine bakıldığında sırasıyla 93 mm ile Yapıldak lokasyonu 392 mm ile Hasan Mevsuf Şehitliği lokasyonu olduğu bulunmuştur. Genel olarak genotiplerin boğum arası uzunlukları açısından oldukça yüksek bir varyasyona sahip olduğu dikkati çekmektedir.

4.1.3. Boğum Sayısı (adet)

Boğum sayısına (adet) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.5'de verilmiştir.

Çizelge 4.5. İncelenen 24 lokasyonda boğum sayısına (adet) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Dardanos (8.sk)	3,75	3	5
Lapseki (Sanayi)	3,00	3	3
Kepez (C.5.)	3,00	3	3
Güzelyalı	3,00	3	3
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	2,75	2	3
Saltık	2,75	2	3
Bayramiç (Ağaçköy)	2,75	2	4
Adliye Yanı	2,75	2	3
Kemiklialan	2,75	2	4
Suluca (Sahil)	2,75	2	3
Bayramiç (Merkez)	2,75	2	3
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	2,75	2	3
Suluca (Köy Yolu)	2,50	2	3
Gökçalı	2,50	2	3
Hasan Mevsuf Şehitliği	2,50	2	3
Mahmudiye (Liman)	2,50	2	3
Özbek	2,50	2	3
Kepez (Cumhuriyet M.)	2,50	2	3
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	2,25	2	3
Kepez (Sahil)	2,25	2	3
Troya	2,25	2	3
Gökçalı	2,25	2	3
Kepez (İhsan Şen. K. Sok.)	2,25	2	3
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	2,00	2	3
Ortalama	**2,62**		
Standart Sapma: 0,60			
***n=4**			

Çizelge 4.5 izlendiği gibi, genotiplerin boğum sayıları 2,00-3,75 adet arasında değişim göstermiş, anılan karakter yönünden en yüksek değer Dardanos (8. Sk.), en düşük değer ise Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı lokasyonundan toplanan genotiplerden elde edilmiştir.

4.1.4. Sap Kalınlığı(mm)

Genotiplerin sap kalınlığına (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.6'de verilmiştir.

Çizelge 4.6. İncelenen 24 lokasyonda sap kalınlığına (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Dardanos (8.sk)	5,34	5,21	5,52
Suluca (Köy Yolu)	5,30	4,02	5,92
Bayramiç (Ağaçköy)	5,21	4,64	5,51
Bayramiç (Merkez)	5,03	4,71	5,54
Suluca (Sahil)	4,81	4,31	5,17
Kepez (Sahil)	4,69	4,30	5,02
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	4,66	4,16	4,98
Mahmudiye (Liman)	4,38	3,90	4,60
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	4,31	3,76	4,91
Kepez (C.5.)	4,12	3,23	5,17
Özbek	4,02	3,86	4,28
Troya	4,02	3,69	4,51
Kepez (Cumhuriyet M.)	4,00	3,15	4,46
Lapseki (Sanayi)	3,95	3,64	4,32
Hasan Mevsuf Şehitliği	3,93	3,52	4,36
Güzelyalı	3,90	3,42	4,25
Kemiklialan	3,88	3,46	4,21
Yapıldak	3,71	3,42	4,11
Gökçalı	3,71	3,36	4,08
Kepez (İhsan Şen. K. Sok.)	3,57	3,06	4,41
Adliye Yanı	3,39	2,57	4,49
Saltık	3,35	2,89	3,89
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	3,13	2,95	3,31
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	2,46	2,24	2,76
Ortalama	**4,12**		
Standart Sapma: 0,81			
***n=4**			

Çizelge 4.6'da, genotiplerin ortalama sap kalınlığının 4,12 mm olduğu, en yüksek sap kalınlığının 5,35 mm ile Dardanos (8.sk), en düşük sap kalınlığının 2,46 mm ile Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı lokasyonundan toplanan genotiplerden elde edildiği görülmektedir. Minimum ve maximum sap kalınlığı değerleri ise sırasıyla 2.24 mm ile

Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı, 5,92 mm ile Suluca (Köy Yolu) lokasyonundan alınan genotiplerden elde edilmiştir.

4.1.5. Bayrak Yaprak Ayası Uzunluğu (cm)

Genotiplerin ortalama bayrak yaprak ayası uzunluğu 19,91 cm olarak tespit edilmiş, en uzun bayrak yaprak ayası 26,75 cm ile Güzelyalı, en kısa bayrak yaprak ise 11,75 cm ile ÇOMÜ Ziraat Fakültesi lokasyonundan toplanan genotiplerden elde edilmiştir. Bayrak yaprak ayası uzunluğu yönünden minimum değerler 10 cm ile Bayramiç (Ağaçköy), Suluca (Sahil), Suluca (Köy Yolu) ve Yapıldak, maksimuum değer ise 37 cm ile Güzelyalı lokasyonundan toplanan genotiplerde kaydedilmiştir (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. İncelenen 24 lokasyonda bayrak yaprak ayası uzunluğu (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler*

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Güzelyalı	26,75	21	37
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	26,50	15	38
Bayramiç (Merkez)	26,25	25	28
Dardanos (8. sk)	26,00	20	32
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	24,50	16	30
Kepez (Sahil)	23,50	21	25
Kepez (Cumhuriyet M.)	23,00	21	26
Saltık	22,50	18	27
Mahmudiye (Liman)	22,50	13	31
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	21,75	20	23
Özbek	21,50	17	30
Gökçalı	20,00	14	28
Bayramiç (Ağaçköy)	19,00	10	27
Troya	18,50	14	24
Suluca (Sahil)	18,25	10	26
Kepez (C.5.)	17,75	11	27
Hasan Mevsuf Şehitliği	17,00	14	20
Suluca (Köy Yolu)	16,50	10	20
Adliye Yanı	16,00	10	22
Kepez (İhsan Şen. K. Sk.)	15,87	13	19
Lapseki (Sanayi)	15,00	13	18
Kemiklialan	15,00	12	19
Yapıldak	12,50	10	15
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	11,75	11	13
Ortalama	**19,91**		
Standart Sapma: 6,31			
n=4			

4.1.6. Bayrak Yaprak Ayası Genişliği (mm)

Bayrak yaprak ayası genişliğine (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.8'de verilmiştir.

Çizelge 4.8. İncelenen 24 lokasyonda bayrak yaprak ayası genişliğine (mm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Kepez (Sahil)	5,37	4	8
Bayramiç (Ağaçköy)	5,00	2	7
Kepez (C.5.)	4,75	2	7
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	4,75	4	6
Güzelyalı	4,75	3	6
Gökçalı	4,50	4	6
Özbek	4,50	4	6
Saltık	4,25	3	6
Kepez (Cumhuriyet M.)	4,00	3	5
Bayramiç (Merkez)	4,00	4	4
Troya	3,75	3	5
Kepez(İhsan Şen. K. Sk.)	3,75	3	4
Mahmudiye (Liman)	3,75	3	5
Dardanos (8. sk)	3,50	3	4
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	3,50	3	4
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	3,25	2	4
Adliye Yanı	3,25	2	5
Suluca (Köy Yolu)	3,00	2	4
Hasan Mevsuf Şehitliği	3,00	2	5
Lapseki (Sanayi)	3,00	2	4
Suluca (Sahil)	2,75	2	5
Kemiklialan	2,75	2	3
Yapıldak	2,25	2	3
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	1,75	1	2
Ortalama	**3,71**		
Standart Sapma: 1,37			
n=4			

Çizelge 4.8 incelendiğinde genotiplerin ortalama bayrak yaprak ayası genişliğinin 3,71 mm olduğu, bayrak yaprak ayası genişliği yönünden en yüksek değerin 5,37 mm ile Kepez (Sahil) lokasyonundan, en düşük değerin ise 1,75 mm ile ÇOMÜ Ziraat Fakültesi lokasyonundan toplanan genotiplerden elde edildiği görülmektedir. Anılan karakter yönünden minimum ve maximum değerlere bakıldığında, minimum değerin 1 mm ile ÇOMÜ Ziraat Fakültesi lokasyonundan, maksimum değerin ise 8 mm ile Kepez (Sahil) lokasyonundan toplanan genotiplerde kaydedildiği izlenmektedir.

4.1.7. Bayrak Yaprak Uzunluğu (cm)

Bayrak yaprak uzunluğuna (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.9'da verilmiştir.

Çizelge 4.9. İncelenen 24 lokasyonda bayrak yaprak uzunluğu (cm) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Bayramiç (Merkez)	50,75	48,0	53
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	48,75	40,0	60
Dardanos (8.sk)	44,75	38,0	52
Özbek	44,50	38,0	52
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	42,75	36,0	48
Gökçalı	42,25	24,0	51
Güzelyalı	42,00	40,0	45
Suluca (Köy Yolu)	41,50	31,0	47
Kepez (Cumhuriyet Mh.)	40,75	34,0	52
Kepez (Sahil)	40,50	37,0	45
Kemiklialan	38,75	23,0	49
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	38,00	33,0	42
Saltık	37,50	32,0	42
Mahmudiye (Liman)	37,50	23,0	48
Troya	34,75	27,0	40
Hasan Mevsuf Şehitliği	33,75	23,0	44
Bayramiç (Ağaçköy)	33,25	16,0	46
Adliye Yanı	32,75	23,0	43
Kepez (İhsan Şen. K. Sk.)	32,50	22,5	39
Kepez (C.5.)	31,50	18,0	46
Suluca (Sahil)	31,25	22,0	41
Lapseki (Sanayi)	27,50	19,0	37
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	25,75	19,0	39
Yapıldak	25,75	18,0	36
Ortalama	**37,45**		
Standart Sapma:9,63			
n=4			

Çizelge 4,9'dan, genotiplerin ortalama bayrak yaprak uzunluğunun 37,45 cm olduğu, bayrak yaprak uzunluğu yönünden en yüksek değerin 50,75 cm ile Bayramiç (Merkez) lokasyonundan, en düşük değerin ise 25,75 cm ile ÇOMÜ Ziraat Fakültesi ve Yapıldak lokasyonlarından temin edilen genotiplerden elde edildiği görülmektedir. Yine aynı çizelgeden minimum bayrak yaprak uzunluğunun 16 cm ile Bayramiç (Ağaçköy) lokasyonunda, maksimum bayrak yaprak uzunluğunun ise 60 cm ile Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık) lokasyonundan toplanan genotiplerde kaydedildiği izlenmektedir. Araştırmada genotiplerin bayrak yaprak uzunluğu açısından oldukça yüksek bir varyasyona sahip olduğu dikkati çekmektedir.

4.1.8. Yaprak Rengi

Genotiplerin ortalama yaprak rengi açık yeşil (2,98) olarak belirlenmiş, anılan karakter yönünden en yüksek değer (4,50) Hasan Mevsuf Şehitliği ve Bayramiç (Ağaçköy) lokasyonlarından ve en düşük değer (2,00) ise Kepez (Cumhuriyet M.), Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık) ve Suluca (Köy Yolu) lokasyonlarından toplanan genotiplerde tespit edilmiştir (Çizelge 4.10).

Çizelge 4.10. Yaprak rengine ait ortalama, minimum ve maksimum değerler**

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Hasan Mevsuf Şehitliği	4,50	4	5
Bayramiç (Ağaçköy)	4,50	4	5
Güzelyalı	4,25	4	5
Adliye Yanı	4,25	2	5
Bayramiç (Merkez)	4,00	3	5
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	3,75	3	4
Lapseki (Sanayi)	3,75	3	4
Mahmudiye (Liman)	3,50	2	4
Özbek	3,24	3	4
Kepez(İhsan Şen. K. Sk.)	3,00	2	4
Kepez (C.5.)	3,00	2	4
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	2,75	2	5
Saltık	2,50	2	4
Suluca (Sahil)	2,50	2	4
Dardanos (8.sk)	2,50	2	3
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	2,50	2	3
Kepez (Sahil)	2,25	2	3
Yapıldak	2,25	2	3
Kemiklialan	2,25	2	3
Troya	2,25	2	3
Gökçalı	2,25	2	3
Kepez (Cumhuriyet Mh.)	2,00	2	2
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	2,00	2	2
Suluca (Köy Yolu)	2,00	2	2
Ortalama	**2,98**		
Standart Sapma: 1,08			
***n=4**			

** 1:Koyu yeşil, 2: Yeşil, 3: Açık yeşil, 4: Mavi-Yeşil, 5: Mavi,6: Gri-Mavi

4.1.9. Yatma Durumu

Genotiplerin ortalama yatma durumu 2,76 olarak hesaplanmış, en fazla ortalama yatma 4,75 ile Bayramiç (Ağaçköy) lokasyonunda, en düşük ortalama yatma ise 1,50 ile Özbek lokasyonundan toplanan genotiplerde gözlenmiştir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.11. İncelenen 24 lokasyonda yatma durumuna ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Bayramiç (Ağaçköy)	4,75	4	5
Dardanos (8. sk)	4,50	4	5
Suluca (Köy Yolu)	4,50	4	5
Bayramiç (Merkez)	4,25	4	5
Gökçalı	4,00	4	4
Suluca (Sahil)	3,25	2	5
Adliye Yanı	3,25	3	4
Kepez (C.5.)	3,00	3	3
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	3,00	3	3
Kepez(İhsan Şen. K. Sk.)	2,75	2	3
Mahmudiye (Liman)	2,50	2	3
Lapseki (Sanayi)	2,50	2	3
Güzelyalı	2,50	2	4
Kemiklialan	2,25	2	3
Yapıldak	2,25	2	3
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	2,00	2	2
Hasan Mevsuf Şehitliği	2,00	1	3
Kepez (Sahil)	2,00	2	2
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	2,00	1	3
Troya	2,00	1	3
Saltık	2,00	2	2
Kepez(Cumhuriyet Mh.)	1,75	1	3
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	1,75	1	2
Özbek	1,50	1	2
Ortalama	**2,76**		
Standart Sapma: 1,11			
***n=4**			

Anılan karakter yönünden minimum değerler Hasan Mevsuf Şehitliği, Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık), Troya, Kepez (Cumhuriyet Mh.), Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT) ve Özbek lokasyonlarından en yüksek yatma durumu değeri Bayramiç (Ağaçköy), Dardanos (8. sk), Suluca (Köy Yolu), Bayramiç (Merkez) ve Suluca (Sahil) lokasyonlarından temin edilen genotiplerde gözlenmiştir. Genel olarak genotiplerin yatma durumu değerleri oldukça yüksek bir varyasyon göstermiştir.

4.1.10. Yeniden Büyüme

Çizelge 4.12'de, genotiplerin biçim sonrası ortalama yeniden büyüme değerlerinin 3,41 olduğu, en yüksek yeniden büyüme değerinin 5,00 ile Kepez (Cumhuriyet Mh.), Kepez (Sahil), Güzelyalı, Kepez (İhsan Şen. K. Sk.) ve Bayramiç (Merkez) lokasyonlarından, en düşük yeniden büyüme değerinin ise 1,00 ile Hasan Mevsuf Şehitliği ve ÇOMÜ Ziraat Fakültesi lokasyonlarından toplanan genotiplerde kaydedildiği

görülmektedir. Genel olarak genotiplerin yeniden büyüme değerlerinin yüksek bir varyasyona sahip olduğu dikkati çekmektedir.

Çizelge 4.12. Yeniden büyümeye ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Kepez(Cumhuriyet M.)	5,00	5	5
Kepez (Sahil)	5,00	5	5
Güzelyalı	5,00	5	5
Kepez(İhsan Şen.K.Sok.)	5,00	5	5
Bayramiç (Merkez)	5,00	5	5
Adliye Yanı	4,50	3	5
Kemiklialan	4,50	3	5
Kumkale-(BKA) /Kumkale-(AT)	3,50	3	5
Kepez (C.5.)	3,50	1	5
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	3,50	3	5
Suluca (Köy Yolu)	3,00	1	5
Troya	3,00	3	3
Mahmudiye (Liman)	3,00	3	3
Bayramiç (Ağaçköy)	3,00	3	3
Özbek	3,00	3	3
Suluca (Sahil)	3,00	3	3
Lapseki (Sanayi)	3,00	3	3
Yapıldak	3,00	3	3
Kumkale (Yol) /Kumkale (Mezarlık)	3,00	3	3
Saltık	3,00	3	3
Gökçalı	3,00	3	3
Dardanos (8.sk)	2,50	1	3
Hasan Mevsuf Şehitliği	1,00	1	1
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	1,00	1	1
Ortalama	**3,41**		
Standart Sapma: 1,26			
***n=4**			

4.1.11. Başak Boyu (cm)

Yüksek otlak ayrığı genotiplerinin her birisinde başak boyu (cm) ile ilgili olarak saptanan ortalama, minimum ve maximum değerleri en yüksekten en düşüğe doğru sırasıyla Çizelge 4.13'de verilmiştir.

Çizelge 4.13'de görüldüğü gibi, 24 farklı lokasyondan alınan genotiplerin başak boyu ortalaması 28,25 cm olmuş, en yüksek başak boyu 38,00 cm ile Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT) lokasyonunda, en düşük başak boyu 18,12 cm ile Bayramiç (Ağaçköy) lokasyonundan elde edilmiştir. Maximum başak boyu değeri 48,5 cm ile Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT) lokasyondan, minimum başak boyu değeri ise 11 cm ile Bayramiç (Ağaçköy) lokasyondan toplanan genotiplerde gözlenmiştir.

Çizelge 4.13. Yüksek otlak ayrığı genotipinin başak boyu ile ilgili ortalama, minimum ve maximum değerleri

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	38,00	28,5	48,5
Özbek	35,37	32,0	41,0
Kumkale (Yol) /Kumkale (Mezarlık)	35,25	28,0	45,0
Kepez(İhsan Şen. K. Sk.)	33,75	27,0	38,0
Troya	33,00	27,0	42,0
Hasan Mevsuf Şehitliği	32,75	24,0	38,0
Kepez (Sahil)	32,62	23,5	42,5
Suluca (Köy Yolu)	31,65	29,0	35,0
Gökçalı	31,37	26,5	42,5
Kepez (Cumhuriyet Mh.)	30,25	19,5	39,0
Güzelyalı	29,25	26,0	32,5
Suluca (Sahil)	29,25	24,0	37,0
Bayramiç (Merkez)	26,87	22,0	30,5
Saltık	26,62	20,5	33,0
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	26,37	18,0	33,5
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	24,66	23,0	26,5
Adliye Yanı	24,62	15,5	32,0
Kepez (C.5.)	24,50	21,0	28,0
Mahmudiye (Liman)	24,25	17,0	31,5
Kemiklialan	24,25	20,0	29,0
Lapseki (Sanayi)	23,37	21,5	24,0
Dardanos (8.sk)	22,62	19,0	25,0
Yapıldak	19,37	18,0	20,5
Bayramiç (Ağaçköy)	18,12	11,0	24,5
Ortalama	**28,25**		
Standart Sapma: 7,16			
***n=4**			

Genel olarak incelenen genotiplerin başak boyu değerleri oldukça geniş aralıklarda değişim göstermiştir. Bakır'a (1970) göre *Agropyron elongatum* başaklarının boyu 20 ile 30 cm arasında değişim göstermektedir. Bu araştırmada başak boyu değerleri Bakır (1970)'ın bildirdiği değerlerin üzerine çıkmaktadır (Şekil 4.1).



Şekil 4.1. Çalışmada başak boyu ölçümü yapılan yüksek otlak ayrığı bitkisinden bir görüntü (G.Baytekin)

4.1.12. Başaktaki Başakçık Sayısı (adet/başak)

Çanakkale ve çevresinden toplanan genotiplerin ortalama başakçık sayısı 15,77 adet olarak bulunmuş, en yüksek başakçık sayısı 19,50 ile Gökçalı lokasyonundan, en düşük başakçık sayısı ise 11,75 adet ile ÇOMÜ Ziraat Fakültesi lokasyonundan alınan genotiplerden elde edilmiştir (Çizelge 4.14). Anılan karakter yönünden gözlenen minimum başakçık sayısı 10 adet ile Kepez (C.5.) ve Bayramiç (Ağaçköy) lokasyonları, maksimum

başakçık sayısı 27 adet ile Gökçalı lokasyonu genotiplerinde ortaya çıkmıştır. Genel olarak başakçık sayısı genotiplere göre çok geniş varyasyon göstermiştir.

Çizelge 4.14. Başaktaki başakçık sayısına (adet/başak) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler

Lokasyonlar	Ortalama* (adet/başak)	Minimum	Maksimum
Gökçalı	19,50	14	27
Özbek	19,00	18	21
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	18,25	15	21
Kepez(İhsan Şen. K. Sk.)	18,00	15	20
Suluca (Sahil)	18,00	17	20
Troya	17,75	14	22
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	17,00	13	20
Güzelyalı	17,00	16	18
Hasan Mevsuf Şehitliği	16,75	14	19
Kepez (Sahil)	16,00	14	19
Yapıldak	16,00	14	18
Saltık	16,00	13	18
Bayramiç (Merkez)	15,75	15	17
Suluca (Köy Yolu)	15,75	15	17
Kepez (Cumhuriyet Mh.)	15,50	11	19
Dardanos (8. sk)	15,25	14	16
Kemiklialan	15,00	13	16
Adliye Yanı	15,00	11	18
Bayramiç (Ağaçköy)	13,75	10	16
Lapseki (Sanayi)	13,00	12	14
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	12,75	12	14
Mahmudiye (Liman)	12,75	11	15
Kepez (C.5.)	12,75	10	15
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	11,75	11	12
Ortalama	**15,77**		
Standart Sapma: 2,90			
***n=4**			

4.1.13. Başakçıktaki Tohum Sayısı (adet/başakçık)

Farklı lokasyonlardan toplanan yüksek otlak ayrığı genotiplerinin başakçıktaki tohum sayılarına (adet) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler Çizelge 4.15'de verilmiştir.

Çizelge 4.15. Başakcıktaki tohum sayısına (adet) ait ortalama, minimum ve maksimum değerler.

Lokasyonlar	Ortalama*	Minimum	Maksimum
Kepez (Sahil)	14,60	9,50	21,25
Mahmudiye (Liman)	14,52	11,7	18,25
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	14,40	10,2	16,50
Kepez(İhsan Şen.K.Sok.)	14,40	12,2	16,50
Kemiklialan	14,22	13,7	14,75
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	13,20	9,25	15,00
Kepez (Cumhuriyet Mh.)	13,15	9,75	17,50
Yapıldak	13,12	11,5	14,50
Özbek	13,07	11,5	15,75
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	12,85	11,7	14,00
Dardanos (8.sk)	12,77	10,5	13,75
Güzelyalı	12,52	9,25	15,00
Suluca (Sahil)	12,22	11,0	13,25
Suluca (Köy Yolu)	12,15	10,5	13,25
Hasan Mevsuf Şehitliği	11,95	7,50	16,50
Troya	11,70	9,00	15,50
Lapseki (Sanayi)	11,47	9,25	13,50
Saltık	11,27	9,25	14,00
Gökçalı	10,95	8,50	13,25
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	10,57	9,75	11,50
Bayramiç (Ağaçköy)	10,57	7,00	16,50
Kepez (C.5.)	9,975	6,75	14,25
Adliye Yanı	9,325	7,75	10,50
Bayramiç (Merkez)	8,375	5,50	11,50
Ortalama	**12,21**		
Standart Sapma: 11,01			
***n=4**			

Çizelge 4.15'de genotiplerin ortalama başakçıktaki tohum sayısının 12,21 adet olduğu, başakçıktaki tohum sayısı yönünden en yüksek ortalamanın 14,60 ile Kepez (Sahil) lokasyonundan ve en düşük ortalamanın 8,37 adet ile Bayramiç (Merkez) lokasyonundan toplanan genotiplerden elde edildiği görülmektedir. Başakçıktaki tohum sayısına ait minimum ve maximum değerler incelendiğinde ortalama değerlerde olduğu gibi minimum değerin 5,50 adet ile Bayramiç (Merkez) lokasyonu, maksimum değerin 21,25 adet ile Kepez (Sahil) lokasyonundan alınan genotiplerde kaydedildiği izlenmektedir. Genel olarak incelenen genotiplerin başakçıktaki tohum sayısı açısından yüksek bir varyasyona sahip olduğu dikkati cekmektedir.

Çalışmada başakçıktaki tohum sayısının en yüksek değeri 21,25 olduğu gözlemlenmiştir. Koç (2017) gerçekleştirdiği çalışmada başakçıktaki tohum sayısını 21,84 olarak gözlemlemiştir. Sonuçlar karşılaştırıldığında Koç (2017)'un çalışmasına göre başakçıktaki tohum sayısında benzer değerler elde edildiği görülmüştür.



Şekil 4.2. Seçilen bir başakçık ve başakçıktaki tohumlara ait genel görünüm

4.1.14. İncelenen Morfolojik Özellikler Arasındaki Korelasyon

İncelenen özellikler arasında saptanan korelasyon katsayıları Çizelge 4.16'da verilmiştir.

Çizelge 4.16'da görüldüğü gibi incelenen özellikler bakımından bitki boyu ve kardeş sayısı ile bitki boyu, sap kalınlığı, bayrak yaprak ayası uzunluğu, bayrak yaprak ayası genişliği arasında, boğum uzunluğu ile bayrak yaprak uzunluğu arasında, yatma durumu ile boğum sayısı arasında, sap kalınlığı ile bayrak yaprak uzunluğu arasında, yatma durumu ile sap kalınlığı arasında, bayrak yaprak ayası uzunluğu ile yeniden büyüme arasında, bayrak yaprak ayası genişliği ile yeniden büyüme, başak boyu, başakçık sayısı arasında, bayrak yaprak uzunluğu ile başak boyu arasında, yatma durumu ile başak boyu arasında ve başakçık sayısı ile başakcıktaki tohum sayısı arasındaki korelasyonun önemli ($P<0,01$) olduğu tespit edilmiştir.

İncelenen bitkisel özellikler arasında en yüksek pozitif korelasyon katsayısı 0.741 ile Bayrak Yaprak Ayası Uzunluğu İle Bayrak Yaprak Uzunluğu arasında tespit edilmiştir. Bu değere takiben 0,734 ile Başak Boyu ve Başakçık Sayısı, 0,474 ile Başak Boyu ve Başakçıktaki Tohum Sayısı, 0,436 ile Bitki Boyu ve Boğumlar Arası Uzunluk, 0,415 ile Kardeş Sayısı ve Bayrak Yaprak Uzunluğu, 0,414 ile Kardeş Sayısı ve Başakçık sayısı değerleri önemlilik ($P<0,01$) teşkil etmektedir.

En yüksek negatif korelasyon katsayısı (-0,2631) Başak Boyu ile Yatma Durumu arasında tespit edilmiştir ($P<0,01$) ve -0,2304 korelasyon katsayısı ile Başakçıktaki Tohum Sayısı ile Yatma Durumu arasında tespit edilmiştir ($P<0,05$).

Çizelge 4.16. İncelenen özellikler arasında saptanan korelasyon katsayıları

	Kardeş Sayısı	Boğum Sayısı	Boğum Arası Uz.	Sap Kalınlığı	Bayrak Y.Ayası Uz.	Bayrak Y.Ayası G.	Bayrak Yaprak Uz.	Yaprak Rengi	Yatma Durumu	Yeniden Büyüme	Başak Boyu	Başakçık Sayısı	Başakçıktaki Tohum S.
Bitki Boyu	0,3636 0,0003	0,0676 0,5129	0,4363 <.0001	0,1637 0,1108	0,0996 0,3343	0,1745 0,0891	0,0546 0,5971	0,0744 0,4710	0,0759 0,4619	-0,1375 0,1813	0,2200 0,0312	-0,0193 0,8516	0.0257 0.8032
Kardeş Sayısı	-	-0,0104 0,9196	0,2590 0,0108	0,2809 0,0056	0,2656 0,0089	0,3039 0,0026	0,4154 <.0001	0,1598 0,1198	0,2432 0,0170	-0,0107 0,9169	0,4548 <.0001	0,4144 <.0001	-0,0043 0,9668
Boğum Sayısı		-	0,0052 0,9598	0,1985 0,0525	0,0727 0,4813	0,0721 0,4851	0,0752 0,4662	0,0909 0,3784	0,2886 0,0043	-0,0415 0,6879	-0,1327 0,1972	-0,0798 0,4396	0.0452 0.6617
Boğum A. Uz.			-	0,1665 0,1049	0,2461 0,0156	0,2059 0,0441	0,2731 0,0071	0,1204 0,2425	0,0541 0,6000	0,0400 0,6986	0,1488 0,1477	-0,0296 0,7745	-0.0143 0.8897
Sap Kalınlığı				-	0,2591 0,0108	0,2220 0,0297	0,3347 0,0009	0,0250 0,8088	0,3630 0,0003	0,0593 0,5656	0,1632 0,1121	0,1703 0,0970	0,1334 0,1953
Bayrak Y.Ayası U.					-	0,5349 <.0001	0,7413 <.0001	0,0006 0,9951	-0,0187 0,8559	0,2013 0,0492	0,1656 0,1067	0,0795 0,4409	-0.0296 0.7741
Bayrak Y. AyasıG.						-	0,5444 <.0001	0,0721 0,4846	-0,0280 0,7859	0,2812 0,0055	0,2657 0,0089	0,2639 0,0094	-0.0056 0.9561
Bayrak Yaprak U.							-	-0,0612 0,5536	0,0422 0,6825	0,2334 0,0221	0,3097 0,0021	0,2617 0,0100	0.0188 0.8551
Yaprak Rengi								-	0,1993 0,0515	-0,1048 0,3095	-0,0691 0,5033	-0,0847 0,4118	-0,1468 0,1534
Yatma Durumu									-	-0,0331 0,7487	-0,2631 0,0096	-0,1216 0,2377	-0,2304 0,0239
Yeniden Büyüme										-	0,0425 0,6809	0,1068 0,3000	-0,0388 0,7073
Başak Boyu											-	0,7347 <.0001	0,4745 <.0001
Başakçık Sayısı												-	0,3176 0,0016
Başakçık. Tohum S.													-

*Her bir korelasyonun üst satırı korelasyon kat sayısını, alt satırı P(önemlilik)'i ifade eder. 0,05<P<0,01 ise önemli, P< 0,01'den küçük ise çok önemlidir.

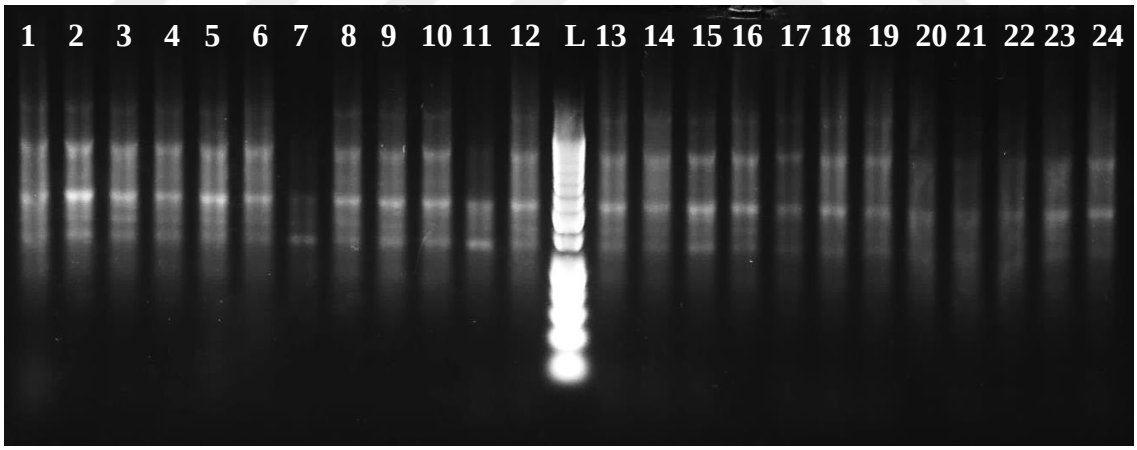
4.2. Moleküler Karakterizasyon

Çanakkale ilinin farklı bölgelerinden toplanan 24 farklı genotipi moleküler olarak karakterize etmek ve genotipleri arası genetik ilişkiyi tanımlamak için DNA moleküler markır olarak buğdaygiller için yüksek oranda polimorfik olduğu bilinen evrensel çeltik primerleri (Universal Rice Primers, URP) kullanılmıştır (Frediani ve ark., 2004; Li ve Quiros, 2001; Pandian ve ark., 2002; Kang ve ark., 2002). Markırlara ait toplam bant sayısı, polimorfik bant sayısı, polimorfizm oranı ve Polymorphisim Information Content (PIC) değerleri Çizelge 4.17'de verilmiştir. Jel görüntülerine ait örnek görüntüler Şekil 4.3.-4.9 verilmiştir. Çalışmada kullanılan 12 URP primeri 11'i bant üretirken URP 30F primerı herhangi bir bant üretimi yapmamıştır. Bant üretimi yapan toplam 11 URP primeri toplamda 73 bant üretmiş olup bunların 63'ünün polimorfik olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.17). 12 adet URP primerı ortalama olarak markır başına 6,08 adet bant üretmiştir ve bunların yine ortalama olarak 5,72'i polimorfiktir. Toplam bant sayısı bakımından primerler karşılaştırıldığında en yüksek bant sayısı (11) URP 1F ve URP 32F'den elde edilmiş olup en düşük bant sayısı (1) URP 6R 'den elde edilmiştir. URP primerlerinin polimorfizm oranına bakıldığında %100 ile %0 arasında değişmektedir. %100 polimorfizm oranına sahip olan primerler URP1F,URP2R,URP4R ve URP 32F'dir. Ortalama URP primerlerinin polimorfizm oranı ise %73,27 olarak hesaplanmıştır. URP 30F haricinde diğer tüm primerlerde bant gözlemlenmiştir fakat URP 30F çalışmamıştır.

Primerlere ait PIC değerleri incelendiğinde ortalama PIC değerinin 0,33, en yüksek PIC değerinin 0,82 ile URP 17R primeri ve en düşük PIC değerinin ise 0,00 ile URP 6R primerı vermiştir. PIC değerinin 0,75'e eşit veya üzerinde olması bilgilendirme bakımından uygun olduğu bildirilmiştir (Laborda ve ark., 2005). Bu nedenle URP 17 primerinde görülen polimorfizm oranı (0,82) önemli olup diğer primerlerde polimorfizm oranının düşük olduğu belirlenmiştir.

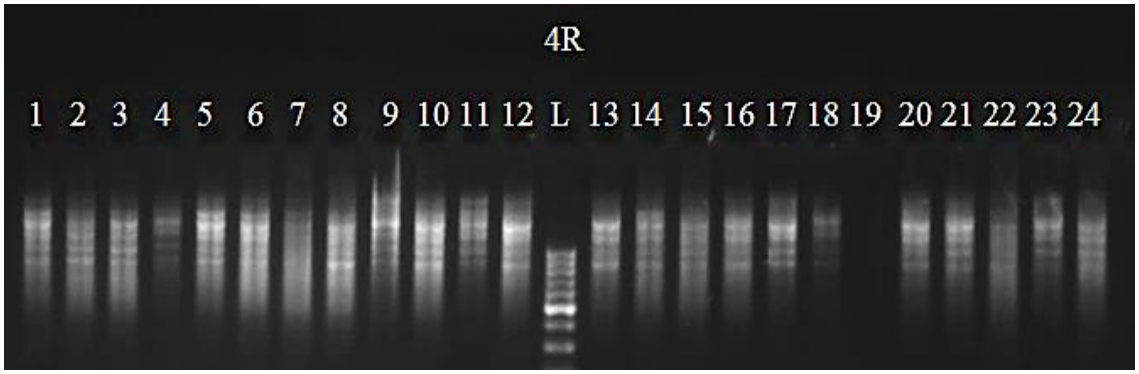
Çizelge 4.17. Çalışmada kullanılan URP primerlerinin adı, baz dizilimleri (5'-3'), amplifiye olan bant sayısı, polimorfik bant sayısı, polimorfizm oranı (%) ve PIC değerleri

Primerler	Baz Dizilimleri (5'-3')	Amplifiye olan bant sayısı	Polimorfik bant sayısı	Polimorfizm oranı (%)	PIC değeri
URP 1F	ATCCAAGGTCCGAGACAACC	11	11	100	0,39
URP 2F	GTGTGCGATCAGTTGCTGGG	6	4	66	0,14
URP 2R	CCCAGCAACTGATCGCACAC	7	7	100	0,05
URP 4R	AGGACTCGATAACAGGCTCC	6	6	100	0,24
URP 6R	GGCAAGCTGGTGGGAGGTAC	1	0	0	0,00
URP 9F	ATGTGTGCGATCAGTTGCTG	6	5	83	0,65
URP 13R	TACATCGCAAGTGACACAGG	3	0	0	0,00
URP 17R	AATGTGGGCAAGCTGGTGGT	7	6	86	0,82
URP 25F	GATGTGTTCTTGGAGCCTGT	6	5	83	0,35
URP 30F	GGACAAGAAGAGGATGTGGA	-	-	-	-
URP 32F	TACACGTCTCGATCTACAGG	11	11	100	0,48
URP 38F	AAGAGGCATTCTACCACCAC	9	8	88	0,60
Toplam		**73**	**63**		
Ortalama		**6,63**	**5,72**	**73,27**	**0,33**



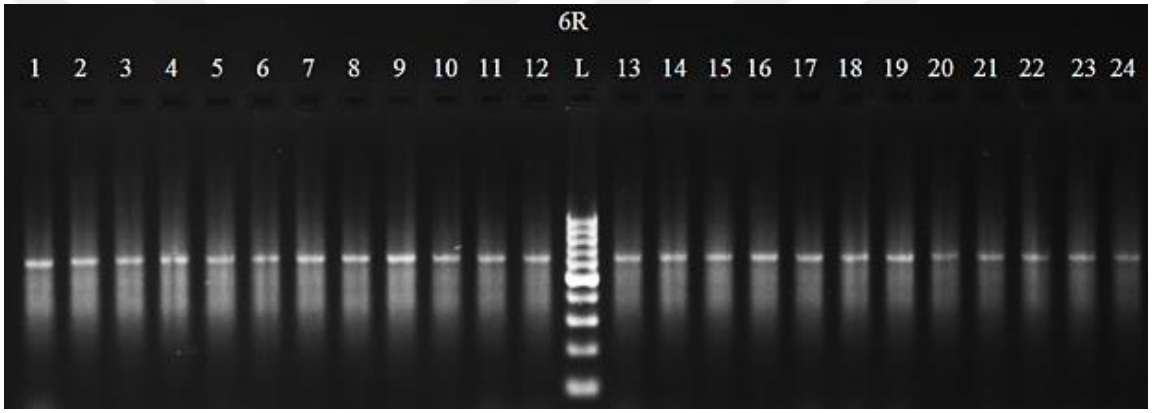
Şekil 4.3. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 2F primeri ile gösterdiği amplifikasyonlar. L: 100bp DNA Ladder

*1-24 bitki genotipleri



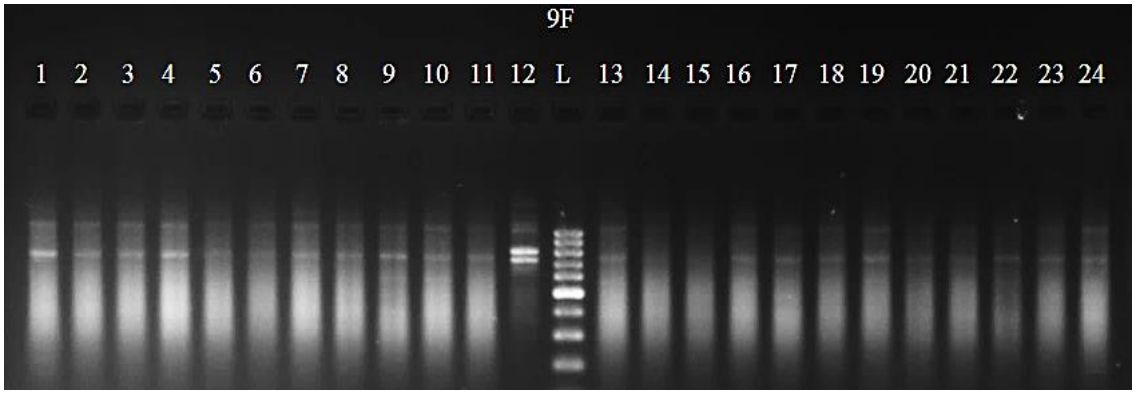
Şekil 4.4. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 4R primeri ile gösterdiği polimorfik bantlar. L: 50bp DNA Ladder

*1-24 bitki genotipleri



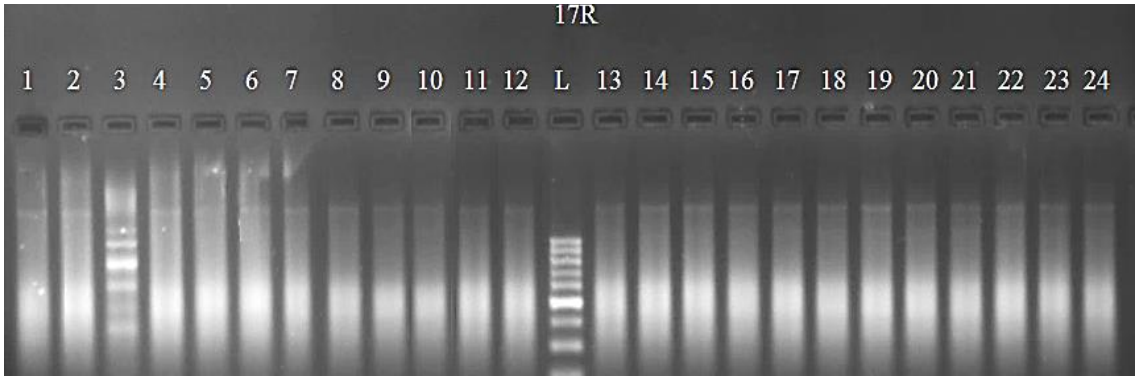
Şekil 4.5. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 6R primeri ile gösterdiği monomorfik bant. L: 50bp DNA Ladder

*1-24 bitki genotipleri



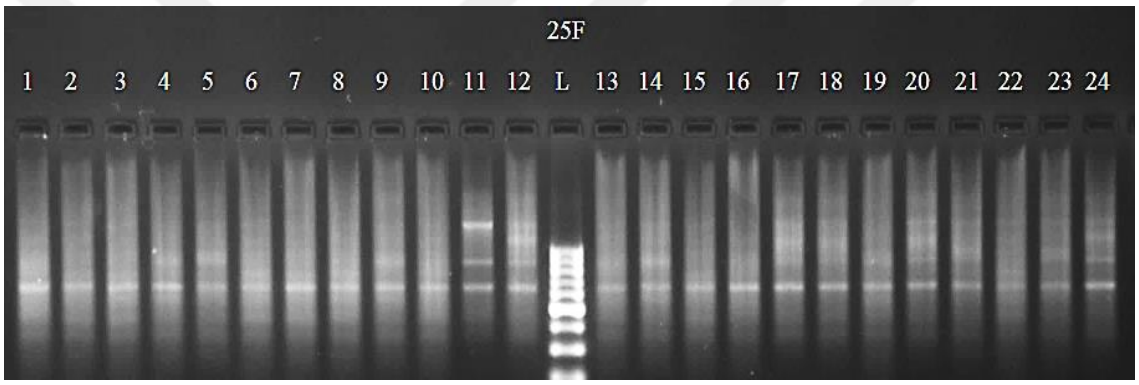
Şekil 4.6. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 9F primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder

*1-24 bitki genotipleri



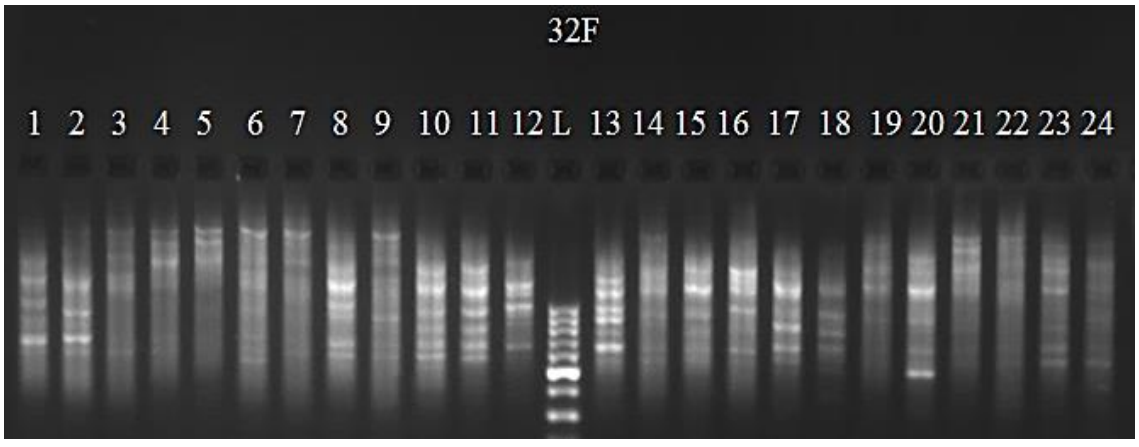
Şekil 4.7. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 17R primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder

*1-24 bitki genotipleri



Şekil 4.8. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 17R primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder

*1-24 bitki genotipleri



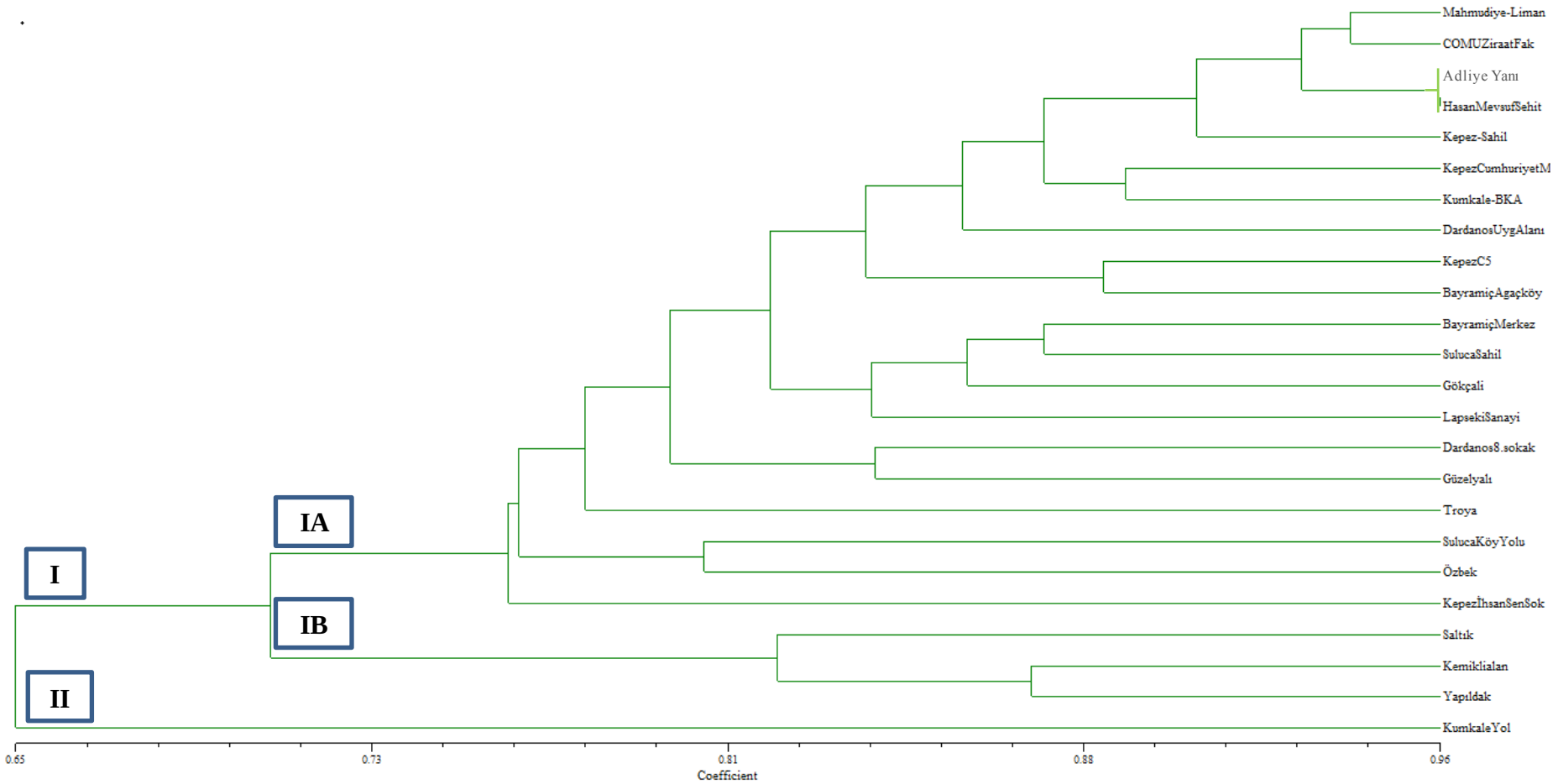
Şekil 4.9. 24 farklı lokasyondan toplanan bitkinin URP 32F primeri ile gösterdiği amplifikasyon. L: 50bp DNA Ladder

*1-24 bitki genotipleri

DICE'a göre oluşturulan benzerlik matriksi kullanılarak UPGMA yöntemine göre oluşturulan dendrogram Şekil 4.1'de verilmiştir.

UPMGA yöntemine göre yapılan analizde yabancı tozlanan yüksek otlak ayrığı genotipleri iki ana gruba (I ve II) ayrılmıştır. Kumkale Yol lokasyonu kendi başına II. Grubu oluşturmaktadır. Genotiplerin neredeyse tamamını içine alan I. Ana grup da kendi içerisinde IA ve IB olarak iki alt gruba ayrılmıştır. IA ve IB alt grupları da kendi içerisinde iki alt gruba ayrıldığı görülmektedir. Şekil 4.1'de görüldüğü gibi II ana grubunu sadece Kumkale (Yol) lokasyonundan toplanan genotip oluşturmaktadır. Dendogramda görüldüğü gibi genetik olarak birbirine en yakın bireyler 0,96 kat sayısıyla Adliye Yanı lokasyonu ve Hasan Mevsuf Şehitliği lokasyonu olduğu görülmektedir.

Gruplar incelendiğinde birbirlerine daha yakın coğrafik bölgelerden toplanan genotiplerin farklı gruplarda yer aldığı, birbirlerine uzak coğrafik bölgelerden toplanan genotiplerin ise aynı gruplarda yer aldığı görülmektedir. Bu durum, Çanakkale bölgesinden toplanan bitki genotiplerinde toplama lokasyonları bakımından genotipler arasında anlamlı bir genetik ilişkinin olmadığını göstermektedir. Bu sonuçlara ilişkin Filiz ve ark. (2009) aynı coğrafik bölgedeki genotiplerin farklı, farklı coğrafik bölgede bulunanların ise aynı gruplarda yer alabileceğini açıklamışlardır.



Şekil 4.1. Yüksek otlak ayrığı genotiplerinde çekirdek DNA içeriklerinin UPMGA yöntemine göre oluşturulan dendogram

4.3. Çekirdek DNA Analizi Sonuçları

Çekirdek DNA analizlerine ait çekirdek DNA miktarları Çizelge 4.17'de verilmiştir.

Çizelge 4.17. Yüksek otlak ayrığı genotiplerinde çekirdek DNA miktarları ve oluşan guruplar*

Lokasyonlar	CDNA Miktarı (pg) (1C)
Mahmudiye (Liman)	44,29[a]
Kepez (Sahil)	44,50[a]
Dardanos Yerleşkesi Uygulama Alanı	44,32[ab]
Kepez (İhsan Şen.K.Sk.)	44,27[ab]
Kepez (Cumhuriyet Mh.)	44,45[ab]
Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT)	45,49[ab]
Kumkale (Yol)/Kumkale (Mezarlık)	42,98[ab]
Adliye Yanı	43,41[ab]
Hasan Mevsuf Şehitliği	43,29[ab]
ÇOMÜ Ziraat Fakültesi	44,53[ab]
Dardanos (8. sk)	43,94[ab]
Troya	42,20[ab]
Kepez (C.5.)	42,93[ab]
Bayramiç (Ağaçköy)	42,90[ab]
Bayramiç (Merkez)	43,13[abc]
Suluca (Sahil)	43,47[bc]
Lapseki (Sanayi)	43,07[bcd]
Suluca (Köy Yolu)	43,26[bcd]
Özbek	41,17[bcd]
Saltık	41,24[bcd]
Kemiklialan	42,12[bcd]
Yapıldak	42,48[bcd]
Güzelyalı	42,18[bcd]
Gökçalı	43,09[bcd]
Toplam CDNA miktarı: 43,28	
***n=3**	

Flow sitometri anailz sonuçları farklı lokasyonlardan toplanan yüksek otlak ayrığı genotiplerine ait çekirdek DNA içerikleri arasında önemli ($P < 0,01$) farklılıklar olduğunu göstermiştir. 24 yüksek otlak aryığına ait ortalama nükleer DNA miktarı 43,28pg olarak tespit edilmiştir (Çizelge 4.17). En yüksek nükleer DNA miktarı 45,49pg ile Kumkale-(BKA)/Kumkale-(AT) lokasyonu ve en düşük nükleer DNA miktarı 41,17pg ile Özbek lokasyonu olduğu belirlenmiştir. Sonuçlar incelenen bitki genotiplerinin ploidy seviyeleri arasında herhangi bir farkın olmadığını göstermiştir. Çalışma sonuçları aynı zamanda genotiplerin çekirdek DNA içerikleri bakımından tespit edilen farklılıkların doğal mutasyonlar sonucu meydana gelen delesyon ve insersiyonlardan kaynaklanabileceğini ya da yabancı tozlanma nedeniyle oluşan kromozom modifikasyonlarından kaynaklanabileceğini göstermektedir.

BÖLÜM 5
SONUÇ VE ÖNERİLER

Bu çalışma, Çanakkale ilinin 24 farklı lokasyonundan toplanan yüksek otlak ayrığı genotiplerinin bazı morfolojik, sitolojik ve moleküler özelliklerini belirlemek ve ileride yapılacak ıslah çalışmalarına öncülük etmek amacıyla yapılan ilk çalışmadır.

Genotipler arası genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla 14 morfolojik özellik incelenmiştir. İnceleme sonuçlarına göre genotiplerin varyasyon katsayıları kardeş sayısı (% 45,03), bayrak yaprak ayası genişliği (% 32,75), bayrak yaprak ayası uzunluğu (% 26,19), yaprak rengi (% 26,06), yatma durumu (% 23,09), boğumlar arası uzaklık (% 20,39), boğum sayısı (% 21,67), bayrak yaprak uzunluğu (% 21,37), başakcıktaki tohum sayısı (% 20,36), başak boyu (% 20,28) ve yeniden büyüme (% 20,03) bakımından oldukça yüksek varyasyonlar gösterdiği bulunmuştur. Başakçık sayısı (% 14,81), doğal bitki boyu (% 13,85) ve sap kalınlığı (% 11,31) özelliklerinde düşük bir varyasyona sahip olduğu belirlenmiştir.

Moleküler analizlerde 24 farklı genotipi karakterize etmek ve genotipler arası ilişkiyi tanımlamak için 12 farklı URP kullanılmıştır. Markırlara ait toplam 73 bant gözlemlenmiştir ve bu bantların 63'ünün polimorfik olduğu tespit edilmiştir. 12 farklı URP'nin polimorfizm oranının 73,27 olduğu hesaplanmıştır. % 100 polimorfizm gösteren primerler URP 1F, URP 2R, URP 4R ve URP 32F olmuştur. PIC değerlerine bakıldığında ise en yüksek değer 0,82 ile URP 17R olmuştur.

UPMGA yöntemine göre yapılan analizlerde genetik olarak birbirine en yakın bireyler 0,96 kat sayısıyla Adliye Yanı lokasyonu ve Hasan Mevsuf Şehitliği lokasyonları olmuştur.

Çekirdek DNA analizi sonuçlarına göre yüksek otlak ayrığı bitkisinde ortalama çekirdek DNA miktarı 43,28pg olduğu belirlenmiştir. En yüksek çekirdek DNA miktarı nın 45,49 pg ile Kumkale-(BKA) /Kumkale-(AT) lokasyonu ve en düşük çekirdek DNA miktarı 41,17 pg ile Özbek lokasyonundan elde edilen genotiplerde tespit edilmiştir.

Çalışma materyali olan 24 farklı yüksek otlak ayrığı genotipinde arazi çalışmaları sonuçlarına göre morfolojik, sitolojik ve moleküler özellikler bakımından oldukça büyük farklılıklar olduğu tespit edilmiştir.

KAYNAKLAR

Aggarwal R., Tripathi A., Yadav A., 2010. Pathogenic and Genetic Variability in *Tilletia indica* Monosporidial Culture Lines Using Universal Rice Primer-PCR Eur J Plant Pathol (2010) 128:333–342.

Althoff D.M., Gitzendanner M.A., Segraves K.A., 2007. The Utility Of Amplified Fragment Length Polymorphisms İn Phylogenetics: A Comparison Of Homology Within And Between Genomes. Syst Biol, 56, 477–484.

Anonim 2016. Yem Bitkilerinin Sınıflandırılması. (http://www.torunoglutohum.com/yem-bitkilerinin-siniflandirilmasi.html)

Anonim 2017. http://www.soilcropandmore.info/crops/Grasses/Tall_Wheatgrass/Tall wheatgrass.htm.

Anonymus, 2010. The Plant List. A Working List Of All Plant Species.

Asay K. H., 1995.Wheatgrass and wildryes: The perennial triticeae. In forages volüme I Barnes, R.F.,D.A.Miller.C.J.Nelson (Editors) IOWA State University Pres, Ames,Iowa,USA.

Assadı M., 1996. A taxonomic Revision of *Elymus sect. Caespitosae* and sect. *Elytrigia* (Poaceae, Triticeae) in Iran. 26: 251−271. ISSN 0511−9618.

Bakır Ö., 1970. Buğdaygil Yembitkileri Teşhis Kılavuzu. Ankara Çayır-Mer'a Yembitkileri ve Zootekni Araştırma Enstitüsü Yayınları no:5.

Barkworth M,E., Anderton L.K., Capels K.C., Long S., Piep M.B., 2007. Manual of Grasses for North America. Intermountain Herbarium and Utah State University Press, Logan, UT.

Bennett MD., Leitch IJ., 1995. Nuclear DNA Amounts İn Angiosperms. Ann. Bot., (London) 76: 113-176.

Bennett MD., Leitch IJ., 2005. Plant Genome Size Research: A Field in Focus. Annals of Botany, 95, 1-6.

Bleby TM., Aucate M., Kennettsmith AK., Walker GR., Schachtman DP., 1997.Seasonal Water Use Characteristics Of Tall Wheatgrass (*Agropyron elongatum* (Host) Beauv.) İn A Saline Environment. Plant Cell&Environment, vol.11, pp.1361-1371.

Blunk S.L., Jenkins B.M., Aldas R.E., Zhang R., Zhongli P., Yu C.W., Skar N.R., Zheng Y., 2005. Fuel Properties And Characteristics Of Saline Biomass. Online. Am. Soc. Ag. Eng. (ASAE) Paper no. 056132.

Boststeın D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W., 1980. Construction Of A Genetic Linkage Map İn Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. Rannala, B., 32(3), 314-331.

Brasileiro-Vidal A. C., Cuadrado A., Brammer B. S., Zanatta A. C. A., Prestes A. M., Maria Irene B., Fernandes M., Guerra M., 2003. Chromosome Characterization İn *Thinopyrum ponticum* (Triticeae, Poaceae) Using İn Situ Hybridization With Different DNA Sequences. Genetics and Molecular Biology, 26, 4, 505-510.

Butler T.J., Muir J.P., 2006. Dairy Manure Compost İmproves Soil And İncreases Tall Wheatgrass Yield. Agron. J. 98: 1090-1096.

Chen S., Huang Z., Dai Y., Qin S., Gao Y., Zhang L., Gao Y., Chen J., 2013. The Development of 7E Chromosome-Specific Molecular Markers for *Thinopyrum elongatum* Based on SLAF-seq Technology. 10.1371.

Csete S., Stranczinger S., Szalontai B., Farkas A., Pál W.R., Albert S., Kocsis M., Tóvári P., Vojtela T., Dezső J., Walcz I., Janowszky Z., Janowszky J., Borhidi A., 2004. Tall Wheatgrass Cultivar Szarvasi-1 (*Elymus elongatus* subsp. *ponticus* cv. Szarvasi-1) as a Potential Energy Crop for Semi-Arid Lands of Eastern Europe. 10.5772/26790.

Duke J.A., 1983. *Agropyron elongatum* (Host) Beauv. Handbook of Energy Crops. Unpublished.http://www.hort.purdue.edu/newcrop/duke_energy/Agropyron_elongatum.html.

Eilam T., Anikster Y., Millet E., Manisterski J., Feldman M., 2009. Genome Size İn Natural And Synthetic Autopolyploids And İn A Natural Segmental Allopolyploid Of Several Triticeae Species. 275–285.

Elçi Ş., Açıkgöz E., 1993. Baklagil ve Buğdaygil Yembitkileri Tanıtma Kılavuzu. TİGEM yayınları, Afşaroğlu Matbaası, Ankara.

Farshadfar E., Moradi M., Safari H., 2015. Evaluation Of Genetic Diversity İn *Agropyron cristatum* Using ISSR Molecular Marker. Journal Of Biodiversity and Environmental Sciences (JBES).

Filiz E., Özdemir S., Budak F., Vogel J.P., Tuna M. Budak H. 2009. Molecular, Morphological And Cytological Analysis Of Diverse *Brachypodium distachyon* inbred lines. Genome, 52(10); 876-890

Filiz E., Koç İ., 2011. Bitki Biyoteknolojisinde Moleküler Markırlar. GOÜ, Ziraat Fakültesi Dergisi. 207-214.

Fu S., Lv Z., Qi B., Guo X., Li J., Liu B. Han F. 2012. Molecular Cytogenetic Characterization of Tall Wheatgrass-*Thinopyrum elongatum* Addition, Substitution and Translocation Lines with a Novel Source of Resistance to Wheat Fusarium Head Blight. Journal of Genetics and Genomics. Volume 39, Issue 2, Pages 103-110.

Fredıanı M., Maggini F., Gelati M. T., Cremonini R., Repetitive 2004. DNA Sequences As Probes For Phylogenetic Analysis İn *Vicia* genus. CARYOLOGIA, 57(4), 379-386.

Garcia MG., Busso CA., Pola P., Girou NLG., Echenique V., 2002. Water Relations And Leaf Growth Rate Of Three Agropyron Genotypes Under Water Stres. Biocell, 26 (3):309-317.

Gökkuş A., Koç A., Bakoğlu A., 1994. Otlak Ayrığı (*Agropyron cristatum* Gaertn.)'nın Bazı Morfolojik Agronomik ve Kimyasal Özelliklerinin Zamana, Bitki Boyuna Ve Topraküstü Biomasına Bağlı Olarak Değişimi. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi. 49-61.

Guo Q., Meng L., Mao P., Tian X., 2015. Salt Tolerance İn Two Tall Wheatgrass Species İs Associated With Selective Capacity for K+ over Na+. Acta Physiol Plant. 10.1007/s11738-014-1708-4.

Han F., Liu, B., Fedak G., Liu Z., 2004. Genomic Constitution And Variation İn Five Partial Amphiploids Of Wheat–*Thinopyrum intermedium* as revealed by GISH,

multicolor GISH and Seed Storage Protein Analysis.109: 1070–1076 DOI 10.1007/s00122-004-1720-y.

Heneen K. W., Runemark H., 1972. Cytology of the *Elymus (Agropyron elongatus)* complex. Institutes of Genetics and Systematic Botany, University of Lund, Sweden. 155 -164.

Işık R., 2012. Bazı Taze Fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) Genotiplerinin Morfolojik Ve Moleküler Karakterizasyonu. Yüksek Lisans Tezi. Selçuk Üniversitesi, Türkiye

Jensen K.B., Waldron J.G., Robins G.J., 2006. Cool Season Perennıal Grasses For Hay. UC Cooperative Extension, Agronomy Research and Extension Center, Plant Sciences Department, University of California, Davis, 84322-6300.

Jones N., Ougham H., Thomas H., 1997. Markors And Mapping: We Areall Geneticists Now. New Phytologist 137: 165-177.

Kang HW, Park DS, Park YJ, You CH, Lee BM, Eun MY and Go SJ (2002) Fingerprinting Of Diverse Genomes Using PCR With Universal Rice Primers Generated From Repetitive Sequence Of Korean Weedy Rice. Mol Cells 13:281-7.

Karaboz İ., Kayar E., Aka S., 2008. Flow Sitometri ve Kullanım Alanları. Elektronik Mikrobiyoloji Dergisi. S:01-18.

Koç N., 2017. Farklı Tuz Konsantrasyonlarının Bazı Ayrık Türlerinde Bitkisel ve Verim Unsurları Üzerine Etkisi. Basılmamış Yüksek Lisans Tezi. Selçuk Üniversitesi, Türkiye

Kumar S., Tamura K., Nei M., 2004. MEGA3: Integrated Software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and Sequence Alignment. Kumar, S., 5(2), 150-163.

Kuşvuran A., Tansı V., Sağlamtimur T., 2005. K.K.T.C. Ekolojik Koşullarında Yonca Ve Bazı Buğdaygil Yem Bitkilerinin Adaptasyon Kabiliyetlerinin Saptanması. Türkiye VI. Tarla Bitkileri Kongresi, Antalya Araştırma Sunusu Cilt II, Sayfa 1181-1186.

Laborda PR., Oliveira KM., Garcia AAF., Paterniani, MEAGZ, Souza AP., (2005). Tropical Maize Germplasm: What Can We Say About İts Genetic Diversity İn The Light Of Molecular Markers? Theoritical and Applied Genetics, v.111,p.1288-1299.

Lalak J., Kasprzycka A., Martyniak D., Tys J., 2015. Effect of Biological Pretreatment of *Agropyron elongatum* 'BAMAR' On Biogas Production By Anaerobic Digestion. Bioresource Technology 194–200.

Lawrence T., 1983. Intermediate Wheatgrass. Agriculture Canada Research Station Swift Current, Saskatchewan. Technical bulletin. ISBN 0-662-16962-X.

Liu S., Li F., Kong L., Sun Y., Qin Y., Chen S., Cui H., Huang Y., Xia G., 2015. Genetic and Epigenetic Changes in Somatic Hybrid Introgression Lines Between Wheat and Tall Wheatgrass. Genetics, Vol. 199, 1035–1045.

MGM 2015. Meteoroloji Genel Müdürlüğü. (https://www.mgm.gov.tr/)

Nei M., 1972. Genetic Distance Between Populations. American Naturalist, 106, 283-292.

Nei M., 1973. Analysis Of Gene Diversity İn Subdivided Populations. Gagne, J.M., 70, 3321-3323.

Oram R. N., 1990. Register of Australian Herbage Plant Cultivars, 3rd ed. CSIRO, Melbourne, Australia. 95-96.

Özcan H., Ekinci H., Kavdır Y., Yüksel O., 2003. Dardanos Yerleşkesi Alan Toprakları. Ç.O.M.Ü. Yardımcı Ders Kitabı (Basımda).

Perez De La Vega M.. 1993. Biochemical Caharecterization of Populations. Plant Breeding: Principles and prospects. Edited by M.D. Hayward, N.O.Bosemark and I. Romagosa. Published in 1993 by Chapman & Hall, London, ISBN 0 412 43390 7.

Polat İ., 2014. Bazı *Citrus* ve Akrabalarının Genetik Farklılık Ve Yakınlıklarının SSR Moleküler Belirteçlerle Belirlenmesi. Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi. 27(2): 99-106.

Price HJ., Bachmann K., (1975) DNA Content And Evolution İn The Microseridinae. Am. J. Bot., 62: 262-267.

Rees H., Walter MR., 1965. Nuclear DNA And The Evolution Of Wheat. Heredity, 20: 73-82.

Rohlf FJ (2000) NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.1. Exeter Software, Setauket, New York.

Sağlamtimur T., Tansı V., Baytekin H., 2001. Yembitkileri Yetiştirme. Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Ders Kitabı. No: C-74. 3.Baskı. S: 172.

Sarıca Ş., Ulutaş Z., Ve Şahin A., 2004. Türkiye Hayvancılığının Mevcut Durumu. GOÜ. Ziraat Fakültesi Dergisi, 21 (1), 91-98.

Serin Y., Tan M., 2004. Buğdaygil Yem Bitkileri, Atatürk Üniversitesi Yayın No:859. Ziraat Fakültesi Yayın No:334. Ders Kitapları No:81.

Serin Y., Tan M., 2009. Buğdaygil Yembitkilerinin Tarımsal Özellikleri, Ekonomik Önemleri, Taksonomileri ve Genel Yapısal Özellikleri. Yembitkileri Cilt III. TC Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Yayınları, İzmir, s546-549.

Southern DI., 1967. Species Relationships İn The Genus Tulipa. Chromosoma, 23: 80-94.

Smith K.F., Lee C.K., Borg P.T., Flinn P.C. 1994. Yield, Nutritive Value And Phenotypic Variability Of Tall Wheatgrass Grown İn A Non-Saline Environment. Australian Journal Of Experimental Agriculture. 609-614.

Tan M., Koç A., Erkovan H.İ., 2002. Dumlu Yöresi (Erzurum) Tuzlu-Alkali Topraklarında Yetişebilecek Yembitkisi Türlerinin Belirlenmesi. Atatürk Üniv. Ziraat Fak. Derg. 33 (3), 277-281.

Tan A., 1992. "Türkiye'deki Bitkisel Çeşitlilik ve Bitki Genetik Kaynakları", Anadolu J. of AARI. 2: 50-64.

Tan A., 2009. Türkiye Geçit Bölgesi Genetik Çeşitliliğinin In Sıtu (Çiftçi Şartlarında) Muhafaza Olanakları. Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü. Anadolu, J.of AARI. 19 (1), 1-13.

Temel S., Keskin B., Şimşek U., ve Yılmaz İ., H. 2015. Bazı Çok Yıllık Yem Bitkisi Türlerinin m^2'deki Bitki Çıkışına Halomorfik Toprak Koşullarının Etkisi. Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi.

Topçu D.G., Özkan Ş.S., 2017. Türkiye ve Ege Bölgesi Çayır-Mera Alanları ile Yem Bitkileri Tarımına Genel Bir Bakış. ÇOMÜ Zir. Fak. Derg. 5 (1):21-28.

Tuna M., 2009. Domuz Ayrığı (*Dactylis* L.) Türlerinde Moleküler Sitogenetik Metotlar ile Genomların Tanımlanması ve Türlerin Trakya Koşullarındaki Bazı Morfolojik,

Fenolojik ve Tarımsal Özelliklerinin Saptanması. Türkiye Bilimsel Ve Teknik Araştırma Kurumu Projesi. Proje No: 1060422.

Tuna M., 2014. Flow Sitometri ve Tarımsal Araştırmalarda Kullanımı. II. Flow Sitometri ve Tarımsal Araştırmalarda Kullanımı Eğitim Programı. Namık Kemal Üniversitesi. Tekirdağ. S:6-7.

Ünal S., 2004. Yembitkilerinde Tohumluk Üretimi. Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi.6-7.

USDA NRCS., 2008. PLANTS database. Version: 072808. http://plants.usda.gov. National Plant Data Center, Baton Rouge, Louisiana.

Watson L., Dallwitz M.J., 1992. The grass genera of the World. Research School of Biological Scienses, Australian National Universty, Canberra, ATC 2601, Australia. p;1038.

Wang J., Xiang F., Xia G., 2004. *Agropyron elongatum* Chromatin Localization On The Wheat Chromosomes In An Introgression Line. DOI; 10.1007.

Weintraub F.C., 1953. Grasses İntroduced İnto the United States. USDA Agric. Handb. 58. U.S. Gov. Print. Office, Washington, D.C.

Yang Z.J., Li G.R., Chang Z.J., Zhou J.P., and Ren Z.L., 2006. Characterization Of A Partial Amphiploid Between *Triticum aestivum* cv. Chinese Spring and *Thinopyrum intermedium ssp. trichophorum*. Euphytica 149:11–17 DOI: 10.1007/s10681-005-9010-6.

Yuan W., Tomita M., 2014. *Thinopyrum ponticum* Chromatin-Integrated Wheat Genome Shows Salt-Tolerance at Germination Stage. International Journal of Molecular Sciences. 4512-4517.

Zhan H., Zhang X., Li G., Pan Z., Hu J., Li X., Qiao L., Jia J., Guo H., Chang Z., Yang Z., 2015. Molecular Characterization of a New Wheat-*Thinopyrum intermedium* Translocation Line with Resistance to Powdery Mildew and Stripe Rust. 2162-2173.

Zhanga X., Caoa S., Xua H.,Lia Z., Wanga X., Wanga D., Zhanga A., Jiaa X., 2007. Identification and Characterization Of A Novel *A. intermedium* HMW-GS gene from

T. Aestivum-A. intermedium addition lines TAI-I series. Journal of Cereal Science 45. 293–301.

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı: Gülhan BAYTEKİN

Doğum Yeri: Şanlıurfa

Doğum Tarihi: 12.03.1992

EĞİTİM DURUMU

Lisans Öğrenimi: Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü

Yüksek Lisans Öğrenimi: Çanakkale Onsekiz Mart Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü

Bildiği Yabancı Diller: İngilizce

BİLİMSEL FAALİYETLERİ

a) Yayınlar -SCI -Diğer -

b) Bildiriler -Uluslararası -Ulusal

ÇOMÜ 11. Tarla Bitkileri Kongresi; Bazı Bitki Hormonlarının Hibrid Patlıcan (*Solano melongena* L.) Tohumlarının Çimlenme Performansı Üzerine Etkileri (Gülhan BAYTEKİN, Anıl KAPLAN, İskender TİRYAKİ).

ÇOMÜ VII. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi; Ticari Hibrit Domates (*Solanum lycopersicum* L.) Çeşitlerinde Genetik Safiyetin Moleküler Markırlarla Belirlenmesi (Gülhan BAYTEKİN, İskender TİRYAKİ, Nuray İŞİDOĞRU).

ÇOMÜ 11. Tarla Bitkileri Kongresi; Bazı Bitki Hormonlarının Kinoa (*Chenopodium quinoa*) Tohumlarının Çimlenme Performansı Üzerine Etkileri (Gülhan BAYTEKİN, İskender TİRYAKİ, Çidem EDİS).

ÇOMÜ 11. Tarla Bitkileri Kongresi; Yonca (*Medicago sativa* L.) ve Çayır Üçgülü (*Trifolium pratense* L.) Tohumlarının Tuz ve Kuraklık Stresine Verdikleri Tepkilerin Belirlenmesi (Gülhan BAYTEKİN, İskender TİRYAKİ, Şehmuz GÜÇLÜ, Şahin KAPLAN).

Trakya Üniversiteler Birliği 2.Lisans Üstü Öğrenci Kongresi; Doğal Vejetasyondan Toplanan Yüksek Otlak Ayrığı (*Thinopyrum ponticum*) Genotipleri Arasındaki Morfolojik Farklılıkların Belirlenmesi (Gülhan BAYTEKİN, İskender TİRYAKİ).

KAÜ 12. Tarla Bitkileri Kongresi; Doğal Vejetasyondan Toplanan Yüksek Otlak Ayrığı (*Thinopyrum ponticum*) Genotipleri Arasındaki Genetik İlişkinin Moleküler Yöntemler Kullanılarak Belirlenmesi (Gülhan BAYTEKİN, İskender TİRYAKİ).

8th International Triticeae Symposium, Wernigerode Germany 2017; Nuclear DNA content and ploidy determination in *Thinopyrum ponticum* (tall wheatgrass) genotypes collected from natural flora of Çanakkale vicinity, Turkey, by flow cytometer (İskender TİRYAKİ, Gülhan BAYTEKİN, Metin TUNA).

c) Katıldığı Projeler -

İŞ DENEYİMİ

Çalıştığı Kurumlar ve Yıl : -

İLETİŞİM

E-posta Adresi: gulhan-baytekin@windowslive.com