

Buğdayda sarı pas hastalığı ve dayanıklılık ıslahı çalışmaları

Wheat stripe rust and breeding studies for resistance to the disease

Ahmet ÇAT¹, Mehmet TEKİN², Mürsel ÇATAL³, Kadir AKAN⁴, Taner AKAR²

¹Siirt Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Siirt

²Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Antalya

³Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Antalya

⁴Ahi Evran Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Kırşehir

Sorumlu yazar (Corresponding author): T. Akar, e-posta (e-mail): tanerakar@akdeniz.edu.tr

MAKALE BİLGİSİ

Alınış tarihi 03 Nisan 2017
Düzeltilme tarihi 29 Haziran 2017
Kabul tarihi 30 Haziran 2017

Anahtar Kelimeler:

Puccinia striiformis
Buğday
Sarı pas
Patojen
Dayanıklılık ıslahı

ÖZ

Buğday (*Triticum L.*) insanların günlük B vitaminleri, diyet lif ve enerji kaynağı ihtiyaçlarının karşılanmasında çok önemli bir yere sahiptir. Dünya genelinde ve ülkemizde buğday üretimini ve kalitesini sınırlayan en önemli biyotik etmenlerden birisi sarı pas (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) hastalığıdır. Günümüze dek sarıpas kökenli epidemiy ve pandemilerle % 70'e kadar verim kayıpları yaşanmıştır. Bu hastalığa karşı alınacak önlemler arasında en çevreci ve sürdürülebilir yöntem dayanıklı yeni çeşitlerin geliştirilmesidir. Dayanıklılık ıslahı çalışmaları ile 70'ten fazla dayanıklılık geni bulunup melezlemeyle kültür çeşitlerine aktarılmasına rağmen doğal mutasyonlar ve rekombinasyonlar ile ortaya çıkan yeni ırklar bu genlerin büyük bir kısmını etkisiz hale getirmiştir. Bu derlemede ülkemizde ve dünyada sarı pas ırkları ve bunlara dayanıklılık sağlayan genlerle ilgili morfolojik ve moleküler çalışmalar ile ülkemizde bu hastalığa karşı yapılması gerekenlere ilişkin öneriler sunulmuştur.

ARTICLE INFO

Received 03 April 2017
Received in revised form 29 June 2017
Accepted 30 June 2017

Keywords:

Puccinia striiformis
Wheat
Yellow rust
Pathogen
Resistance breeding

ABSTRACT

Wheat (*Triticum L.*) plays a significant role to meet daily B vitamins and dietary fiber and energy requirements for humans. Yellow or stripe rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* is one of the most important biotic factors limiting the production and quality of wheat in the world and in Turkey. To date, yellow rust has caused serious epidemics and pandemics resulting in up to 70% yield losses all over the world. Development of resistant varieties is the most environmentally friendly and sustainable approach among the control methods against to stripe rust disease. Although more than 70 resistance genes have been discovered and transferred to the commonly cultivated varieties by hybridization in breeding for resistance studies until now, new races of the rust pathogen emerging as a result of natural mutation and genetic recombinations have rendered the majority of these resistance genes ineffective. In this review, the information is given the morphological and molecular studies on the races of yellow rust pathogen and the genes conferring resistance to the disease in the country and as well as in the world and suggestions are made about the researches to be conducted for this disease in the country.

1. Giriş

Biyotik stres faktörleri arasında Basidiomycota bölümü Uredinales takımında yer alan *Puccinia* türlerinin sebep olduğu pas hastalıkları tüm dünyada buğday üretimini ve dolayısıyla beslenmesi buğdaya dayalı olan ülkelerin gıda güvenliğini tehdit etmektedir. Buğdayda pas hastalığına sebep olan önemli türlerden bir tanesi de sarı pas etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*)'dir. Buğdayda sarı pas hastalığı ilk kez 1777 yılında Gadd tarafından tanımlanmıştır (Roelfs ve ark. 1992). Ancak Eriksson ve Henning (1896) bu hastalığının ayrı bir patojen tarafından meydana getirildiğini bildirmiş ve hastalık etmenini *P. glumarum* olarak isimlendirmiştir. Patojenin ismi, Hylander

ve ark. (1953) tarafından günümüzde de kullanılan şekliyle *P. striiformis* olarak değiştirilmiştir (Singh ve ark. 2012).

Hastalık etmeninin, coğrafi olarak birbirinden uzak olan Amerika kıtasından Avustralya'ya (Wellings 2007), Avrupa'dan Doğu Afrika ve Batı Asya'ya, Orta Doğu'dan Güney Afrika'ya (Boshoff ve ark. 2002) kadar buğday üretim alanlarına taşınabildiği bilinmektedir. Sarı pas hastalığı son 15 yıl içinde, buğday üretimini sınırlayan en önemli biyotik faktör olarak görülmekte (Schwessinger 2017) ve dünya buğday üretiminin % 88'inin bu hastalığa karşı hassas olduğu bilinmektedir. Yıllık 5 milyon ton ürün kaybı olduğu ve bu kaybolan ürünün pazar

değerinin 1 milyar dolar olduğu tahmin edilmektedir (Wellings 2011; Beddow ve ark. 2015; Schwessinger 2017).

Sarı pas hastalığı, genellikle düşük sıcaklıkta ve ılıman bölgelerde ve yüksek nem seviyesindeki iklim koşullarında görülebilen bir hastalıktır. Hassebrauk ve Schröder (1964) hastalık etmeninin üredosporlarının çimlenmesi için maksimum sıcaklığın 26 °C olduğunu ortaya koymuştur ancak son yıllarda hastalığın seyrek veya görülmediği sıcak iklimlerde de önemli epidemilerin meydana geldiği bilinmektedir (Mboup ve ark. 2009; Hovmöller ve ark. 2010). Bu durum, *Pst*'nin yüksek sıcaklıklara adapte olan yeni bir ırk geliştirdiği yönünde değerlendirilmektedir (Milus ve ark. 2008). Son yapılan çalışmalar ile birlikte *Pst*'nin eşeyli safhasını *Berberis* spp. (Jin ve ark. 2010; Zhao ve ark. 2011, 2013; Wang ve Chen 2013) ve *Berberis* ile aynı familya içerisinde yer alan bir diğer yakın cins *Mahonia* spp. (Wang ve Chen 2013; Chen ve ark. 2014) türleri üzerinde geçirdiği bildirilmiştir. *Pst*'ye ait yeni ırkların ortaya çıkmasında eşeyli üremenin yanı sıra mutasyon, somatik rekombinasyon ve seleksiyonunda rol oynadığı düşünülmektedir. Muhtemel eşeyli üreme bölgesinin Himalaya bölgesi ve Türkiye'yi de içine alan Batı Asya ve Kuzey Afrika (WANA) bölgesi olduğu öne sürülmüştür (Mboup ve ark. 2009; Duan ve ark. 2010; Hovmöller ve ark. 2011; Schwessinger 2017). Klasik ırk analizi konusunda farklı çalışma grupları tarafından ilgili yetiştiricilik alanlarının özellikleri dikkate alınarak farklı ırk ayırıcı setler geliştirilmiştir. Irk ayırıcı setlerin kullanıldığı farklı çalışmalarla birlikte patojene ait birçok ırk olduğu ve yapılan moleküler çalışmalar sonucunda bu ırklara karşı dayanıklılık sağlayan birçok gen bölgesi olduğu bildirilmiştir (McIntosh ve ark. 2015).

Bu derleme ile dünya genelinde buğday üretimini olumsuz yönde etkileyen önemli fungal biyotik stres faktörlerinden biri olan sarı pas hastalığı ile bu hastalık etmeninin Dünya'da ve ülkemizdeki mevcut durumu ve sarı pas hastalığına dayanıklılığın geliştirilmesi için yapılan ıslah çalışmaları hakkında bilgi verilmesi amaçlanmıştır.

2. Hastalık Etmeninin Hayat Döngüsü

Sarı pas hastalığı, buğdayın dışında Poaceae familyasında bulunan diğer tahıl türlerinde de görülmektedir ve hastalık etmeni, hastalığın görüldüğü her bitki türüne göre farklı adlandırılmaktadır. Eriksson (1894) hastalık etmenini konukçu-patojen ilişkisine göre 5 farklı şekilde sınıflandırmıştır. Bunlar sırasıyla buğdayda *P. striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*), arpada *P. striiformis* f.sp. *hordei* (*Psh*), çavdarda *P. striiformis* f. sp. *secalis*, yabani arpa türlerinde (*Elymus* spp.) *P. striiformis* f. sp. *elymi* ve ayrıkta (*Agropyron* spp.) *P. striiformis* f. sp. *agropyri*'dir. Diğer buğdaygil yem bitkilerinde de konukçuya özel patojen adlandırmaları olduğu bilinmektedir.

Buğday sarı pas hastalığının etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*)'nin ara konukçusu belirlenemediği için hayat döngüsünü ana konukçusu olduğu türlerde üredospor ve teliospor formunda tamamladığı düşünülmekteydi. Ancak Jin ve ark. (2010) *Pst*'ye ait pikniospor ve eziosporların *Berberis* spp. türlerinin üzerinde görüldüğünü ve bu türün hastalığın ara konukçusu olduğunu rapor etmiştir. *Berberis* spp. türlerinin yanında *Mahonia aquifolium* türünün de *Pst*'nin konukçusu olduğu ve etmenin eşeyli dönemini bu bitkiler üzerinde geçirdiği bildirilmiştir (Wang ve Chen 2013; Zhao ve ark. 2013). Hastalık etmeni bitkilerin olgunlaşması ve hastalık gelişimi için iklim koşullarının uygun olmaması nedeniyle sezon sonunda enfekteli bitki parçaları üzerinde teliospor

formuna geçtiği bilinmektedir. Daha sonra bu sporlar çimlenerek basidiosporları oluştururlar. Oluşan basidiosporlar, sarı pasın ara konukçusu olduğu bildirilen *Berberis* spp. veya *Mahonia* spp. bitkilerini enfekte eder ve ardından yaprağın üst yüzünde pikniospor oluşur, alt yüzünde ise eziosporlar oluşur. Oluşan eziosporlar rüzgârla ana konukçu bitkilerin yaprakları üzerine taşınarak uygun sıcaklık ve nem koşullarında çimlenerek, üredosporları meydana getirirler. Bu sporlar da konukçu bitkileri tekrar uygun iklim koşullarında enfekte ederler. İklim koşullarının uygun olmadığı durumlarda konukçu bitkilerde teliosporlar oluşur ve döngü tamamlanır. Üredospor safhasında iken iklim koşulları uygun devam ederse sürekli enfeksiyonlar sonucu epidemi hatta pandemiler meydana gelebilmektedir (Agrios 2005).

3. Patojen Değişkenliği ve Taşınımı

Dünya genelinde bu denli etkili bir biyotik stres faktörü olmasından dolayı buğdayda sarı pas hastalığına kabul edilebilir düzeyde dayanıklılık geliştirmek için ırkların ve dayanıklılık genlerinin tanımlanması ve hangi bölgelerde hangi ırkların olduğu veya daha yaygın olduğunun tespit edilmesine yönelik çalışmalar birçok araştırmacı tarafından yürütülmektedir. Bu konudaki ilk çalışma 1930'larda Gassner ve Straib (1932) tarafından Almanya'da yürütülmüştür. Irk ayırıcı setlerin kullanılmasıyla birlikte patojenin popülasyon yapısı, epidemiyolojisi ortaya konmaya çalışılmış ve hastalığa karşı dayanıklılık ıslahı çalışmaları hız kazanmıştır. Çalışma sonucunda, *Pst* ırklarının oluşumunda mutasyonun da önemli bir rolü olduğu ortaya konmuş (Gassner ve Straib 1932, 1933) ve avirülens yapıda iken virülens hale gelen veya bunun tersi durumda oluşan patojendeki farklılığın tek nokta mutasyonlarından kaynaklandığı bildirilmiştir (Wellings ve McIntosh 1990; Hovmöller ve Justesen 2007; Wellings 2007; Chen ve ark. 2009). Patojene ait ırklar, uluslararası düzeyde adlandırılmaya çalışılmış ve Johnson ve ark. (1972)'nin yaptıkları çalışma temel alınarak, ırk ayırıcı setlerle avirülens/virülens analizleri ile Avrupa'daki *Pst* popülasyonlarının yapısı ortaya konmaya çalışılmıştır (Stubbs 1988). Son yıllarda yapılan çalışmalarda; Birleşik Krallık, Danimarka, Fransa, Amerika, Çin ve Meksika'da oluşan yeni patotiplerin belirlenmesinde farklı metodolojiler uygulanmakta ve farklı dayanıklılık genlerine sahip ırk ayırıcı setler kullanılmaktadır.

İrk ayırıcı setler kullanılarak patojenin virülens ya da avirülens olduğunu ortaya koymak için dünya genelinde farklı değerlendirme skalaları kullanılmaktadır (Bahri ve ark. 2011; Bux ve ark. 2012; Cheng ve Chen 2014; Brar ve Kutcher 2016; Wan ve ark. 2016). Son yıllarda ırk ayırıcı setler kullanılarak yürütülen çalışmalar sonucunda sarı pas hastalığına sebep olan Çin'de 41 (Chen ve ark. 2009), 54 (Zhan ve ark. 2012), Pakistan'da 12 (Bahri ve ark. 2011), Amerika'da 34 (Wan ve Chen 2014) ve 55 (Wan ve ark. 2016) *Pst* ırkı saptanmıştır.

Hastalığın uzun mesafelere yayılmasında en önemli etmen rüzgâr olmakla birlikte insanların eşya ve kıyafetleriyle de hastalık etmeninin sporlarının uzak mesafelere taşındığına dair çok sayıda kayıt bulunmaktadır. Sarı pas etmeni *Pst*, bitkilerin tek yapraklı döneminden olum dönemine kadar ki süreç içerisinde hastalık için şartların uygun olduğu her zaman enfeksiyon yapabilmektedir. Enfekte ettiği yapraklarda ve özellikle bayrak yaprakta fotosentezi sınırladığı için verim ve kalite kayıplarına neden olmaktadır (Chen 2005). İrkların hızlı ve uzun mesafeye yayılması özellikle son 40 yıldır incelenmektedir. 1979'da Avustralya'da, Avrupa'dan seyahat

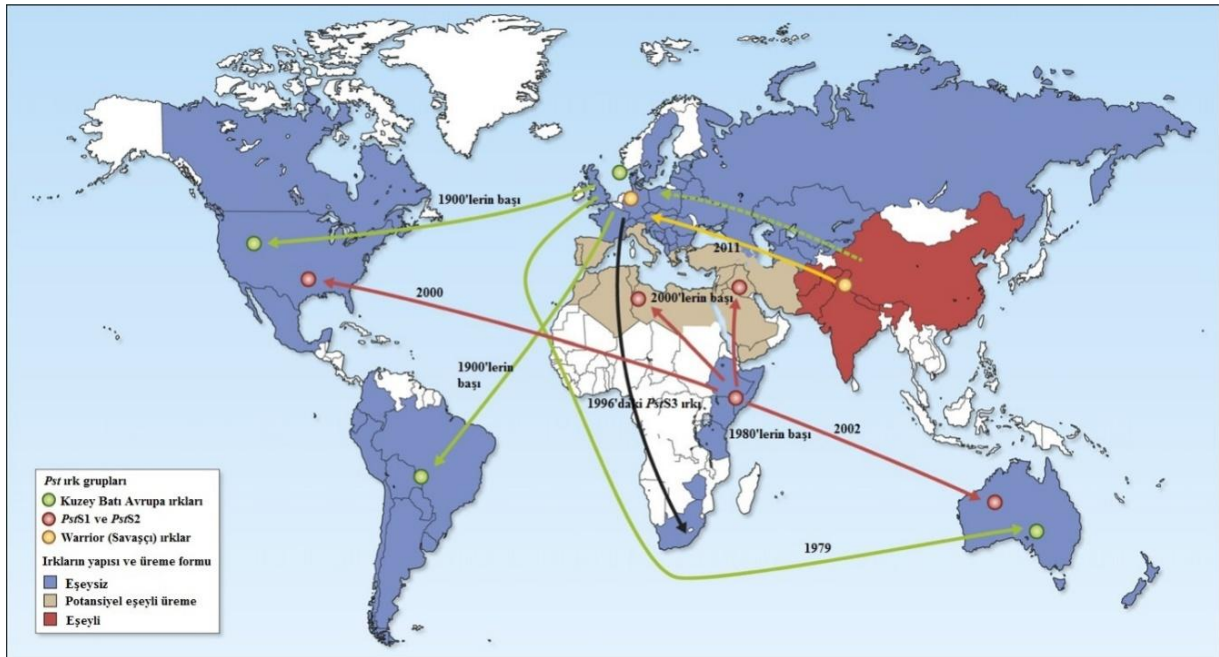
eden turistlerin eşyalarında *Pst* üredosporların taşındığı tespit edilmiştir (Wellings ve ark. 1987). Yine benzer bir şekilde, 1996 yılında Güney Afrika'da görülen *Pst* ırklarının, Kuzey Afrika ve Orta Doğu'da görülen *Pst* ırkları ile benzer olduğu keşfedilmiştir. 2000 yılında da Kuzey Amerika'da yeni bir ırk ortaya çıkmış (Chen ve ark. 2002; Chen 2007) ve bu ırkın 2002'de Batı Avustralya'da görülen ırkla çok benzer olduğu belirlenmiştir (Wellings ve ark. 2003). Hovmöller ve ark. (2008) farklı kıtalardan ve bölgelerden topladığı sarı pas izotlarını AFLP analizi ile karşılaştırmış ve benzerliklerine göre iki ana gruba ayırmıştır. İlk grup, daha çok Amerika ve Avustralya'da yaygın iken ikinci grubun Eritre, Batı Asya (İran, Azerbaycan) ve Orta Asya (Kazakistan, Özbekistan, Kırgızistan)'da yaygın olduğu bildirilmiştir.

Virülent *Pst* izolatlarının hızlı yayılmasını engellemek için bunun altında yatan küresel popülasyon yapılarını ve göç yollarını tespit etmek elzemdir. Bu amaçla yapılan küresel popülasyon genetiği çalışmaları sonucunda yüksek derecede genetik çeşitlilik ve patojene ait çok sayıda teliospor belirlenmesinden dolayı; Nepal, Pakistan ve Çin bölgelerinin eşeyli üremenin asıl bölgesi ve genetik çeşitliliğin merkezi olabileceği bildirilmiştir (Mboup ve ark. 2009; Duan ve ark. 2010; Ali ve ark. 2010, 2014). Hastalığın görüldüğü diğer bölgelerde, *Pst* ırklarının tamamen eşeysiz olarak ürediği kabul edilmektedir (Schwessinger 2017). Bu verilere dayanarak muhtemel göç yolları ve ırkları Şekil 1'de gösterilmiştir. Walter ve ark. (2016) dünyanın farklı yerlerinden toplanan izolatlarla yaptıkları moleküler analizler sonucunda 2000 yılından önce Doğu Afrika'da ortaya çıkan ve sonrasında Kuzey Amerika ve Avustralya yayılan ırk popülasyonlarını *PstS1* adıyla ve 2000 yılından sonra *PstS1*'den evrilerek Orta Asya'da ortaya çıkan ve bütün dünyaya yayılan ırk popülasyonlarını *PstS2* olarak 2 patotip gruba ayırmıştır. Bu iki patotip grubun ortak özellikleri arasında yüksek sıcaklıklara adapte ve daha saldırgan olmaları sayılabilir (Walter ve ark. 2016; Schwessinger 2017). 2011 yılından itibaren özellikle Kuzey Batı Avrupa'da büyük zarara yol açan ırk popülasyonları ise "Warrior" ve "Kranich" olarak

isimlendirilmektedir (Hovmöller ve ark. 2016; Walter ve ark. 2016).

4. Dünya'da ve Türkiye'de Sarı Pas Hastalığının Durumu

Dünya genelinde şu ana dek gerçekleşen sarı pas epidemileri Çizelge 1'de verilmiştir. Elde edilen verilere göre dünyanın bazı bölgelerinde sürekli olarak sarı pas epidemilerinin yaşandığı bilinmektedir. Sarı pas epidemileri, genel olarak enfeksiyon oluşturmaya yeterli patojen miktarı, hastalığın oluşmasına ve yayılmasına elverişli iklim koşulları ve hassas konukçular arasında olan ilişkilerin sonucunda meydana gelmektedir. Buna benzer bir ilişki sonucunda Çin, Doğu Afrika, Orta Doğu, Pakistan, Hindistan ve Kuzey Afrika'yı da içine alan çok geniş bir alanda sarı pasa hassas olan başta Siete Cerros ve diğer çeşitlerin patojen miktarını arttırmaması sonucu 1970'lerde çok büyük bir pandemi meydana gelmiştir (Saari ve Prescott 1985). McIntosh (2009) bu pandeminin sebebinin net olarak ortaya konulamamasına rağmen günümüzde de hastalığa hassas çeşitlerin birçoğunda belirlenen Yr2 dayanıklılık geninin, mevcut hastalık popülasyonuna karşı etkinliğini yitirmesinden kaynaklı olabileceğini bildirmiştir. Yr9 dayanıklılık geninin mevcut hastalık popülasyonuna karşı etkinliğini yitirmesinden sonra ortaya çıkan bir diğer pandemi de 1990'lı yıllarda Doğu Afrika'dan rüzgarla taşınan pas sporlarının büyük ölçekte buğday üretimi yapılan Orta Doğu, Pakistan ve Hindistan'da çok büyük verim ve kalite kayıplarına sebep olduğu bilinmektedir (Singh ve ark. 2004). Bu pandeminin bu kadar büyük alanı etkilemesinin sebebinin Kızıl Deniz bölgesinde yer alan Etiyopya, Yemen ve Eritre'de 1986'larda mutasyon sonucu oluşan yeni bir hastalık ırkından kaynaklandığı düşünülmektedir (Louwers ve ark. 1992; Walter ve ark. 2016). Bu ırk değişimden bağımsız olarak yine aynı zaman diliminde Çin'de de Yr9 dayanıklılık genini içeren çeşitlerde yoğun olarak sarı pas enfeksiyonları belirlenmiş ve



Şekil 1. Hastalık etmeninin muhtemel göç yolları (Schwessinger 2017).

Figure 1. Migration pathway of the pathogen (Schwessinger 2017).

Çizelge 1. Dünya genelinde önemli kayıplara yol açan sarı pas epidemileri (Wellings 2011)*.

Table 1. Yellow rust epidemics resulted in great yield losses worldwide (Wellings 2011)*.

Bölge (*)	Yıl	Oluşan epidemi/kayıp
Birleşik Krallık	1966	Rothwell Perdix epidemisi
	1969	Joss Cambier epidemisi
	1988-1989	Sleijpner, Hornet epidemisi
Avustralya	1983-1986	% 80'e varan verim düşüşü
	2002-2010	Yıllık 40-90 milyon AUD \$ değerinde fungusit kullanımı (2003-2006)
Yeni Zelanda	1980-1981	%60'lık verim düşüşü
İran	1993	1.5 milyon ton ürün kaybı
Şili	1976-1988, 2001	Düzenli epidemiler
Amerika	1957-1958	Yaygın epidemi (10 eyalet)
	1960-1964	15-30 milyon \$ değerinde ürün kaybı
	2000	Yaygın epidemi (20 eyalet)
	2003	11.7 milyon ton ürün kaybı
Çin	1954	6 milyon ton ürün kaybı
	1964	3.2 milyon ton ürün kaybı
	1990	2.65 milyon ton ürün kaybı
	2002	1.4 milyon ton ürün kaybı
İspanya ve Kuzey Afrika	1978	Siete Cerros epidemisi
Güney Afrika	1996-1999	Yıllık 5-28 ZAR (0.4-2.24 milyon \$) değerinde fungusit kullanımı
Hindistan	1994-2004	Düzenli tekrarlanan epidemiler
	2001	Yr27 dayanıklılık geninin kırılması
Pakistan	2005	100 milyon \$ değerinde ürün kaybı
İtalya	1977-1978	Yaygın epidemi
Çek Cumhuriyeti	1977	Hassas çeşitlerde % 30'luk verim düşüşü
Türkiye	1936-1963	Bazı yıllarda yaygın epidemi
	1975-1984	Bölgesel epidemiler
	1991	% 62.5'e varan verim kaybı
	1998	Orta Anadolu'da % 26.5-% 50 verim kaybı
	2009-2010	Orta Anadolu ve Geçit Bölgelerinde epidemi

* Wellings (2011)'den modifiye edilmiştir.

% 80'lere varan verim kayıpları rapor edilmiştir (Wan ve ark. 2004). Öte yandan, 2003 yılından bu yana Avustralya'da görülen epidemilerin kaynağının 2002 yılında Batı Avustralya'da ortaya çıkan yeni bir ırk olduğu ve bu yeni ırka karşı yaygın olarak ekilen birçok çeşidin hassas olduğu bildirilmiştir.

Sarı pas hastalığı ile ilgili olarak ülkemizdeki ilk kayıt M. Rasim tarafından 1886 yılında rapor edilmiştir (Özgen ve Kınacı 1985). 1936-1960 yılları arasında da bazı yıllarda hastalığın üretim alanlarında epidemi oluştuğuna dair kayıtlara rastlanmaktadır (İren 1964). Bu epidemilerin çoğunlukla Orta ve Batı Anadolu'da görüldüğü bildirilirken 1936, 1940, 1950 ve 1963 yıllarında hastalık tüm ülkede etkili olmuştur. 1975, 1976, 1977, 1984 ve 1991 yıllarında hastalık epidemisi lokal veya bölgesel düzeyde kalmıştır (Braun ve Saari 1992). 1991 yılında oluşan epidemi, Batı Afrika'dan ülkemizde taşınan yeni *Pst* ırkının/ırklarının enfeksiyonu sonucu gelişmiştir. O dönemde özellikle Çukurova bölgesinde yoğun bir şekilde yetiştiriciliği

yapılan ve Yr9 dayanıklılık geni içerdiği bilinen "Seri-82" çeşidini ciddi şekilde etkileyerek bugünkü değerle yaklaşık 7 milyon TL'lik bir verim kaybına neden olmuş ve yaşanan bu epidemi, Seri-82 çeşidinin üretim programlarından kaldırılmasının gerekçelerinden birisi olmuştur (Braun ve Saari 1992; Mamluk ve ark. 1997). Yine 1998 yılında uzun süren serin ve yağışlı hava koşullarının etkisi ile Orta Anadolu'da hastalık kontrolü yapılan alanların %98'inin değişen düzeylerde enfeksiyona maruz kaldığı görülmüş ve % 26.5 ile % 50 arasında verim kaybı olduğu bildirilmiştir (Düşünceli ve ark. 2000). Farklı düzeyde kayıplara yol açan epidemiler ülkemizde son yıllarda da görülmeye devam etmektedir. Özellikle 2009-2010 yıllarında ülkemizin güneyinde bulunan ülkelerde belirlenen yeni bir patotip veya *Pst* popülasyonu nedeniyle Orta Anadolu ve geçit bölgelerinde (Ankara, Konya, Eskişehir, Çukurova, Samsun, Amasya, Uşak) yüksek verim ve kalite kayıplarına bildirilmiştir (Mert 2010). Ülkemizde enfeksiyon dönemi, genellikle mevsimsel ve yöresel iklim koşullarına göre değişmekle birlikte ilkbaharda patojen için optimum hava sıcaklığı olan 10-15 derece ve nemin yüksek olduğu zaman olarak ifade edilebilir. Şu an itibarıyla yazlık dilimden yaygın ekilen birçok çeşidin hastalığa karşı hassas olduğu (Akar ve Yıldız 2017) ve yoğun fungusit kullanımı ile sarı pas epidemisine karşı korunduğu bilinmektedir.

Ülkemizde sarı pas ırklarıyla ilgili çalışmaların sınırlı düzeyde olduğu bilinmektedir. 1970 ve 1988 arasında Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü (Anonim 1988) tarafından yapılan çalışmalarla 2E16, 70E16, 6E16, 46E13, 46E15, 14E16, 70E0, 6E0, 86E16 ırkları tanımlanmıştır. Bu çalışmalara ek olarak Louwers ve ark. (1992) 1989 yılında 6E150 ırkı, 1991 yılında 2E0, 2E16, 6E16 ırklarının tespit edildiğini rapor etmiştir. Ülkemizde görülen bu ırklara karşı dayanıklılık sağlayan genler de klasik ırk ayırıcı setler yardımıyla analiz edilmeye çalışılmaktadır. Mamluk ve ark. (1997) ülkemizde 1995 yılında 5 farklı lokasyonlarda ırk ayırıcı setler yardımıyla mevcut hastalık popülasyonlarına etkin dayanım sağlayan dayanıklılık genlerini Yr1, Yr3V, Yr9+, Yr7+, Yr8+, YrCV, YrSp, Yr2+, Yr5 olarak rapor etmiştir.

Çetin ve ark. (2000) da 1995-1998 yılları arasında Ankara, Eskişehir, Konya ve Afyon lokasyonlarında ırk ayırıcı setler ile benzer bir çalışma yürütmüş ve mevcut hastalık popülasyonunun, Yr2, Yr6, Yr7, Yr9, Gaby ve A+ (Anza, Sonalika) dayanıklılık genleri üzerine tüm lokasyonlarda virulent bulunduğunu rapor etmiştir. Zeybek ve Yiğit (2004) 2000-2001 yıllarında Güney Ege ve Batı Akdeniz'de 9 lokasyonda yürüttükleri çalışmada mevcut hastalık popülasyonuna karşı fide döneminde Yr6, Yr7, Yr8 ve Yr10 genlerinin dayanıklılık sağladığını ve Yr1, Yr2, Yr3a, Yr9, Yr17, Sd ve So dayanıklılık genlerinin etkisiz kaldığını rapor etmişlerdir. Ülkesel düzeyde yürütülen Serin İklim Tahulları Hastalık Araştırmaları Projesi (ÜSİT-HAP) kapsamında farklı lokasyonlarda (Ankara, Eskişehir, İzmir, Samsun) ırk ayırıcı set ile hastalık gelişiminin doğal hastalık gelişimi şartları altında değerlendirildiği çalışmada tüm lokasyonlar dikkate alınarak yapılan değerlendirme sonucunda 13 dayanıklılık geninin (Yr1, Yr3N, Yr3V, Yr4+, Yr5, Yr10, Yr11, Yr15, Yr17, Yr26, Yr-St.Dc, Sp.Pr., YrCV, Yr Su x Om) hastalık popülasyonuna karşı etkin olduğu, 14 dayanıklılık geninin (Yr2, Yr6, Yr7, Yr8, Yr9, Yr12, Yr18, Yr24, YrA+, Yr2+, Yr6+, Yr7+, Yr9+) ise mevcut hastalık popülasyonuna karşı etkinliğini yitirdiği belirlenmiştir (Anonim 2004). Mert ve ark. (2012) doğal hastalık gelişimi şartlarında olgun bitki dayanıklılığı için 12 lokasyonda 2003-2011 yıllarında yürüttükleri çalışmada Yr1, Yr3V, Yr4+, Yr5, Yr10, Yr15, YrSP ve YrCV dayanıklılık genlerinin mevcut

hastalık popülasyonundan etkilenmediği bildirmişlerdir. Ek olarak, 2014 yılında Edirne ve Sakarya buğday yetiştiricilik alanlarından toplanan izolatların sera şartlarında ırk analizi ile değerlendirilmesiyle mevcut hastalık popülasyonunun *Yr1*, *Yr2*, *Yr3*, *Yr4*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr17*, *Yr25*, *Yr32* ve *YrSp* dayanıklılık genlerine virülent olduğu ortaya konmuştur (Mert ve ark. 2016).

5. Dayanıklılık Islahı Çalışmaları ve Yeni Nesil Teknolojilerin Kullanımı

Dünya'dasarı pas hastalığına karşı alınan birincil önlem fungusit kullanımıdır. Diğer taraftan hastalığın kontrolünde sürekli olarak fungusit kullanımının çevreye verdiği zarar yadsınamayacak kadar çok olup ekonomik olarak da oldukça maliyetlidir. Hastalığın kontrol altında tutulabilmesi için 2003-2006 yılları arasında Avustralya'da yıllık yaklaşık 40-90 milyon Avustralya doları değerinde fungusit kullanıldığı tahmin edilmektedir (Wellings 2007). 2011 yılında Amerika'da toplam tarım yapılan alanların % 1.76'sının sarı pas enfekteli olduğu ve hastalık nedeniyle 250 milyon dolardan daha fazla ekonomik kayıp yaşandığı ve buna ek olarak hastalıkla mücadele için milyonlarca dolar değerinde fungusit kullanımı olduğu bildirilmiştir. Sadece Washington'da kışlık buğdayda 28 milyon dolar, yazlık ekilen buğdayda 12 milyon dolar değerinde fungusit harcaması kaydedilmiştir. Üreticilerin bu fungusit kullanımı sonucunda kışlık buğdayda 136 milyon dolarlık yazlıkta ise 39 milyon dolarlık bir kayıba önüne geçtiği tahmin edilmektedir (Wan ve Chen 2016).

Hastalığın kontrolünde diğer öne çıkan kontrol yöntemlerinden birisi ise dayanıklı çeşit kullanımıdır. Dayanıklı çeşit kullanımı, çevresel bir sorun oluşturmadığı gibi bu hastalığa karşı alınabilecek etkinliği en yüksek ve sürdürülebilir çözümlerden biridir. Ülkemizde dayanıklı çeşit geliştirilmesinde fenotipe dayalı geleneksel ıslah yöntemleri kullanılmakta olup bu yöntemde yoğun iş gücüne ihtiyaç duyulmakta ve uzun süreler gerektirmektedir. Günümüzde, ıslah çalışmalarında etkinliği artırmak ve daha güvenilir ve hızlı seçim (seleksiyon) yapmak için moleküler ıslah yaklaşımı geleneksel ıslah yöntemlerine önemli bir alternatif olarak değerlendirilmektedir (Collard ve Mackill 2008).

Günümüzde, markır destekli seleksiyon (MAS) yöntemi başta Kanada, ABD olmak üzere, Avustralya, birçok AB ülkesi ve Uluslararası Buğday ve Mısır Araştırma Merkezi (CIMMYT) gibi uluslararası araştırma kuruluşlarının buğday ıslahı programlarının vazgeçilmez bir aracı olarak özellikle tek genli kalıtımı olan karakterlerin yeni genotiplere aktarılmasında yaygın olarak kullanılmaktadır (Gupta ve ark. 2010; Randhawa ve ark. 2013). Bu programlar özellikle tek genle kontrol edilen hastalıklara dayanıklılık ıslahı çalışmalarında markır destekli geri melezleme ve gen piramitlemesi şeklinde yürütülmektedir. Gen piramitlemesi geleneksel ıslah metodları ile de yapılabilmektedir ancak çoğu zaman birden fazla gen bulunduran bitkilerin fenotipik olarak seçimi mümkün olmamaktadır. Birçok çalışma, bir patojenin ırklarına karşı birden fazla genin kombinasyonunun, sürdürülebilir (durable) bir dayanıklılık sağlayabileceğini göstermektedir (Kloppers ve Pretorius 1997; Liu ve ark. 2000; Joshi ve Nayak 2010).

Buğdayda sarı pas hastalığı etmeninin (*Pst*) ırklarına karşı dayanıklılık sağlayan birçok gen bölgesi tespit edilmiştir ve yapılan moleküler çalışmalar sonucunda 70'den fazla dayanıklılık geni karakterize edilmiştir (McIntosh ve ark. 2015). Sarı pas hastalığına karşı dayanıklılık sağlayan *Yr* genlerinin birçok ırka özel olarak karakterize edilmektedir (Goutam ve

ark. 2015). İlgili gen bölgelerinin belirlenmesinin ardından bu genlerle ilişkili markır sistemlerinin geliştirilmesi ve buna dayalı seçim ile ilgili birçok çalışmanın başlamasına neden olmuştur (Enjalbert ve ark. 2002; Bahri ve ark. 2009; Chen ve ark. 2009; Wang ve ark. 2010). Bu amaç doğrultusunda geliştirilen markır sistemleri; RFLP (*Yr28*) (Singh ve ark. 2000), SSR (*Yr10*, *Yr15*, *Yr26*, *YrH52*, *YrSN104*, *Yr50*, *Yr64*, *Yr65*) (Peng ve ark. 2000; Wang ve ark. 2002; Asad ve ark. 2012; Liu ve ark. 2013; Cheng ve ark. 2014), STS/CAPS (*Yr17*, *YrMoro*) (Robert ve ark. 1999; Helguera ve ark. 2003), STS (*Yr61*) (Zhou ve ark. 2014a), DArt (*Yr51*) (Randhawa ve ark. 2014) ve RGAP/SSR (*Yr59*) (Zhou ve ark. 2014b)'dir.

Bu dayanıklılık genlerinden bazıları (*Yr5* ve *Yr15*) buğdayın yabani türlerinde tanımlanmış ve yapılan ıslah çalışmalarıyla ekmeçlik buğdaylara aktarılmıştır (Kuraparthi ve ark. 2007; Chhuneja ve ark. 2008). *Yr5* geni 1966 yılında hexaploid olan *Triticum aestivum* ssp. *speltat* türünde Lupton ve Macer tarafından bulunmuş ve sonrasında 2B kromozomunun uzun kolunda yer aldığı belirlenmiştir (Macer 1966; Law 1976). Chen ve ark. (2003) bu genin bitkinin fide döneminde *Pst* ırklarına karşı geniş ölçüde dayanıklılık sağladığını bildirmiştir. Diğer bir dayanıklılık geni olan *Yr15* ise 1980'li yıllarda *T. dicoccoides* G25 aksesyonunda belirlenmiş (Gerechter-Amirai ve ark. 1989) ve Sun ve ark. (1997) bu gen bölgesinin 1B kromozomu üzerinde olduğunu rapor etmiştir. Yabani türlerde tanımlanan bu iki dayanıklılık geni (*Yr5* ve *Yr15*) ve PI 178383 ekmeçlik buğday genotipinde tanımlanan *Yr10* (Wang ve ark. 2002) geni hala ülkemizde (Anonim 2004; Mert ve ark. 2012) ve dünya üzerinde (Wan ve ark. 2016) *Pst* ırklarına karşı geniş ölçüde dayanıklılık sağlamaktadır. Bu genlerin ülkemizdeki tescilli çeşitlerde varlığına dönük yapılan bir moleküler çalışmada sarıpas dayanıklı yazlık ve kışlık çeşitlerin büyük bir kısmında tek başına *Yr5* geni bulunurken buna karşın çok azında *Yr5* ve *Yr10* genleri birlikte saptanmıştır (Akar ve Yıldız 2017). Bu durum *Yr5* genini etkisiz hale getirebilecek yeni bir ırk değişiminde çok büyük oranda verim ve kalite kaybına yol açabilecektir.

Pst ırklarının moleküler biyolojisinin ortaya konması konusunda çoğunlukla heterozigot yapısı ile birlikte obligat parazit olması nedeniyle zorluklar yaşanmaktadır (Schwessinger 2017). Bu bağlamda, birçok çalışma *Pst* ırklarının heterolog proteinleri kullanarak enfeksiyon süreci sırasında efektörlerin işlevinin ortaya konması üzerine yoğunlaşmıştır (Upadhyaya ve ark. 2013; Saunders 2015; Petre ve ark. 2016; Schwessinger 2017). Son yıllarda bitki biyoteknolojisi alanında yaşanan gelişmelerle bitki ıslahı çalışmaları daha çok bu alanlara yönelmektedir. Markır destekli seleksiyon ile hızlı bir şekilde yürütülen dayanıklılık ıslahı programlarına ek olarak bölünmüş palindromik tekrar kümeleri (CRISPR-Cas9) (Jinek ve ark. 2012), transkripsiyon aktivatör- benzeri efektör nükleazlar (TALENs) (Christian ve ark. 2010) ve çinko parmak nükleazlar (zinc finger nuclease) (Kim ve ark. 1996; Miller ve ark. 2007) gibi genom düzenleyici teknolojilerin başarılı bir şekilde kombine edilmesiyle bu alanda yapılan çalışmaların hız kazanacağı düşünülmektedir. Birçok bitkide biyotik stres faktörlerine karşı dayanıklılık için genom düzenleme çalışmaları başlatılmış olmasına rağmen buğdayda sarı pas hastalığına karşı şu ana kadar yapılan herhangi bir çalışmaya rastlanılmamıştır.

6. Sonuç

Etmeni *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) olan sarı pas hastalığı, dünyada ve ülkemizde buğday üretimini sınırlandıran en önemli fungal biyotik stres faktörlerinden biri olarak yer

almaya devam etmektedir. Bu nedenle sarı pas hastalığı ile ilgili çalışmalar artarak devam etmekte ve küresel düzeyde popülasyon değişimi CIMMYT/Meksika ve ICARDA/Suriyegibi uluslararası kuruluşlar ve ayrıca ülkemizin de dahil olduğu uluslararası platformlarca veya çalışma gruplarınca (Borlaug Global Rust Initiative) sürekli gözlenmektedir. Sarı pas hastalığına dayanıklılık sağlamak için ülkemizdeki ıslah çalışmalarının daha etkin yürütülebilmesi için aşağıdaki sorulara cevap bulacak şekilde planlanması gerekmektedir.

1. Ülkemizde kaç farklı *Pst* ırkı bulunmaktadır?
2. Patojene ait ırk veya ırkların, buğday yetiştiricilik alanlarına göre dağılımı ve görülme oranı nasıldır?
3. Bölgelere göre ırk değişimi çok fazlaysa, hedef bölge bazında farklı dayanıklılık genlerinin kullanıldığı ıslah programları yürütmek gerekli midir?
4. Dünya’da ve ülkemizde sarı pas hastalığına karşı halen dayanıklılık sağladığı bildirilen *Yr5*, *Yr10* ve *Yr15* genleri sarı pas hastalığını ne düzeyde kontrol etmektedir?

Konu üzerinde yürütülen çalışmalar ve değerlendirmeler sonucunda buğday üretimi yapılan Amerika, Kanada, Çin gibi birçok ülkede kaç farklı *Pst* ırkının olduğu ve bunların ülke genelinde dağılımının ortaya konduğu açıkça görülmektedir. Dünyanın en önemli buğday üreticisi ülkelerinden biri olan ülkemizde, defalarca sarı pas epidemisi yaşanmasına ve bu epidemilerden kaynaklı % 62.5’e kadar verim kaybı gerçekleşmesine rağmen yapılan ıslah çalışmalarının sadece fenotipik düzeyde kalması, çalışmaların etkisini önemli ölçüde sınırlamaktadır. Bu nedenle, geleneksel bitki ıslahı çalışmalarına entegre bir şekilde yeni ıslah teknolojilerinin kullanılması, hedefe daha kısa sürede, daha az işgücüyle ve maliyetle ulaşmak için mutlak gerekli gözükmektedir.

Kaynaklar

Agrios GN (2005) Plant Pathology. Fifth Edition, Elsevier Academic Press, USA.

Akar T, Yıldız M (2017) Sarı Pasa Dayanıklılık Sağlayan Genler Bakımından Ülkemizde Tescilli Ekmeklik Buğday Çeşitleri ve Bazı Hatların Gen Kompozisyonlarının Belirlenmesi. Akdeniz Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi Projesi, Proje no: FYL-2016-1661, Yayınlanmamış.

Ali S, Leconte M, Walker AS, Enjalbert J, de Vallavieille-Pope C (2010) Reduction in the sex ability of worldwide clonal populations of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*. Fungal Genetics and Biology 47: 828-838.

Ali S, Gladieux P, Leconte M, Gautier A, Justesen AF, Hovmöller MS, Enjalbert J, de Vallavieille-Pope C (2014) Origin, migration routes and worldwide population genetic structure of the wheat yellow rust pathogen *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici*. doi: <http://dx.doi.org/10.1371/journal.ppat.1003903>.

Anonim (1988) Hububat Hastalıkları Dayanıklılık Çalışmaları. Yıllık Rapor, TARM, Yayınlanmamış.

Anonim (2004) Ülkesel Serin İklim Tahılları Projesi, Hububat Hastalıkları Dayanıklılık Çalışmaları. Yıllık Rapor, TARM, Yayınlanmamış.

Asad MA, Xia X, Wang C, He Z (2012) Molecular mapping of stripe rust resistance gene *YrSN104* in Chinese wheat line Shaanong 104. Hereditas 149: 146-152.

Bahri B, Leconte M, de Vallavieille-Pope C, Enjalbert J (2009) Isolation of ten microsatellite loci in an EST library of the phytopathogenic fungus *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. Conservation Genetics 10: 1425-1428.

Bahri B, Shah SJA, Hussain S, Leconte M, Enjalbert J, de Vallavieille-Pope C (2011) Genetic diversity of the wheat yellow rust population in Pakistan and its relationship with host resistance. Plant Pathology 60: 649-660.

Beddow JM, Pardey PG, Chai Y, Hurley TM, Kriticos DJ, Braun HJ, Park RF, Cuddy WS, Yonow T (2015) Research investment implications of shifts in the global geography of wheat stripe rust. doi:10.1038/nplants.2015.132.

Boshoff WHP, Pretorius Z, van Niekerk BD (2002) Establishment, distribution, and pathogenicity of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in South Africa. Plant Disease 86: 485-492.

Braun HJ, Saari EE (1992) An assesment of the potential of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* to cause yield losses in wheat on the Anatolian Plateau of Turkey. Vortrage Pflanzenzucht 24: 121-123.

Brar GS, Kutcher HR (2016) Race characterization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, the cause of wheat stripe rust, in Saskatchewan and Southern Alberta, Canada and virulence comparison with races from the United States. Plant Disease 10(8): 1744-1753.

Bux H, Rasheed A, Mangrio SM, Abro SA, Shah SJA, Ashraf M, Chen X (2012) Comparative virulence and molecular diversity of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) collections from Pakistan and United States. International Journal of Agriculture and Biology 14: 851-860.

Chen XM, Moore M, Milus EA, Long DL, Line RF, Marshall D, Jackson L (2002) Wheat stripe rust epidemics and races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in the United States in 2000. Plant Disease 86: 39-46.

Chen X, Soria MA, Yan G, Sun J, Dubcovsky J (2003) Development of sequence tagged site and cleaved amplified polymorphic sequence markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr5*. Crop Science 43(6): 2058-2064.

Chen XM (2005) Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat. Canadian Journal of Plant Pathology 27: 314-337.

Chen XM (2007) Challenges and solutions for stripe rust control in the United States. Australian Journal of Agricultural Research 58: 648-655.

Chen WQ, Wu LR, Liu TG, Xu SC, Jin SL, Peng YL, Wang BT (2009) Race dynamics, diversity, and virulence evolution in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, the causal agent of wheat stripe rust in China from 2003 to 2007. Plant Disease 93: 1093-1101.

Chen W, Wellings C, Chen X, Kang Z, Liu T (2014) Wheat stripe (yellow) rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. Molecular Plant Pathology 15(5): 433-446.

Cheng P, Chen XM (2014) Virulence and molecular analyses support asexual reproduction of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in the U.S. Pacific Northwest. Phytopathology 104: 1208-1220.

Cheng P, Xu LS, Wang MN, See DR, Chen XM (2014) Molecular mapping of genes *Yr64* and *Yr65* for stripe rust resistance in hexaploid derivatives of durum wheat accessions PI 331260 and PI 480016. Theoretical and Applied Genetics 127: 2267-2277.

Chhuneja P, Kaur S, Garg T, Ghai M, Kaur S, Prashar M, Bains NS, Goel RK, Keller B, Dhaliwal HS, Singh K (2008) Mapping of adult plant stripe rust resistance genes in diploid A genome wheat species and their transfer to bread wheat. Theoretical and Applied Genetics 116(3): 313-324.

Christian M, Cermak T, Doyle EL, Schmidt C, Zhang F, Hummel A, Bogdanove AJ, Voytas DF (2010) Targeting DNA double-strand breaks with TAL effector nucleases. Genetics 186(2): 757-761.

Collard BCY, Mackill DJ (2008) Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. Philosophical Transactions of the Royal Society B 363: 557-572.

Çetin L, Düşünceli F, Albustan S, Bolat N, Yıldırım AF, Hekimhan H, Camcı H, Ekiz H (2000) 1995-1998 yılları arasında Orta Anadolu

- buğday alanlarında sarı pas (*Puccinia striiformis*) virulanslarının dört lokasyonda kapan norserileriyle belirlenmesi. Orta Anadolu'da Hububat Tarımının Sorunları ve Çözüm Yolları Sempozyumu, Konya, Türkiye, s. 414-417.
- Duan XY, Tellier A, Wan AM, Leconte M, de Vallavieille-Pope C, Enjalbert J (2010) *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* presents high diversity and recombination in the over-summering zone of Gansu-China. *Mycologia* 102: 44-53.
- Düşünceli F, Çetin L, Albustan S, Ekiz H (2000) Orta Anadolu buğday ekilişlerinde pas hastalıklarının (*Puccinia* spp.) yaygınlığı, önemi ve alınması gereken tedbirler. Orta Anadolu'da Hububat Tarımının Sorunları ve Çözüm Yolları Sempozyumu, Konya, s. 693-696.
- Enjalbert J, Duan X, Giraud T, Vautrin D, de Vallavieille-Pope C, Solignac M (2002) Isolation of twelve microsatellite loci, using an enrichment protocol, in the phytopathogenic fungus *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Molecular Ecology Notes* 2: 563-565.
- Eriksson J (1894) Über die Spezialisierung des Parasitismus bei dem Getreiderostpilzen. *Berichte der Deutschen Botanischen Gesellschaft* 12: 292-331.
- Eriksson J, Henning E (1896) Die Getreideroste. Ihre Geschichte und Natur sowie Massreigen gegen dieselben, Stockholm, P.A. Norstedt and Soner.
- Gassner G, Straib W (1932) Die bestimmung der biologische rasen des weizengelbrostes (*Puccinia glumarum* f.sp. *tritici* (Schmt.) Erikss. und Henn). *Arbeiten des Forschungsinstitutes für Kar-toffelbau an der Biologischen Reichsanstalt für Land- und Forstwirtschaft* 20: 141-163.
- Gassner G, Straib,W (1933) Über mutation in einer biologischen Rasse von *Puccinia glumarum tritici* (Schmidt). *Erikss. U. Henn. Zeitschrift für Induktive Abstammungs- und Vererbungslehre* 63: 154-160.
- Gerechter-Amitai ZK, Van Silfhout CH, Grama A, Kleitman F (1989) *Yr15*-a new gene for resistance to *Puccinia striiformis* in *Triticum dicoccoides* sel. G-25. *Euphytica* 43(1-2): 187-190.
- Goutam U, Kukreja S, Yadav R, Salaria N, Thakur K, Goyal AK (2015) Recent trends and perspectives of molecular markers against fungal diseases in wheat. doi: 10.3389/fmicb.2015.00861.
- Gupta PK, Langridge P, Mir RR (2010) Marker-assisted wheat breeding: present status and future possibilities. *Molecular Breeding* 26: 145-161.
- Hassebrauk K, Schröder J (1964) Studies on the germination of yellow rust urediospores. In: *Proceedings of the Cereal Rusts Conference*. Cambridge, UK, pp. 12-18.
- Helguera M, Khan IA, Kolmer J, Lijavetzky D, Zhong-qi L (2003) PCR assays for the *Lr37-Yr17-Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines. *Crop Science* 43: 1839-1847.
- Hovmöller MS, Justesen AF (2007) Rates of evolution of avirulence phenotypes and DNA markers in a northwest European population of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Molecular Ecology* 16: 4637-4647.
- Hovmöller MS, Yahyaoui AH, Milus EA, Justesen AF (2008) Rapid global spread of two aggressive strains of a wheat rust fungus. *Molecular Ecology* 17: 3818-3826.
- Hovmöller MS, Walter S, Justesen AF (2010) Escalating threat of wheat rusts. *Science* 329: 369.
- Hovmöller MS, Sørensen CK, Walter S, Justesen AF (2011) Diversity of *Puccinia striiformis* on cereals and grasses. *Annual Review of Phytopathology* 49: 197-217.
- Hovmöller MS, Walter S, Bayles RA, Hubbard A, Flath K, Sommerfeldt N, Leconte M, Czembor P, Rodriguez-Algaba J, Thach T, Hansen JG, Lassen P, Justesen AF, Ali S, de Vallavieille-Pope C (2016) Replacement of the European wheat yellow rust population by new races from the centre of diversity in the near-Himalayan region. *Plant Pathology* 65: 402-411.
- Hylander N, Jorstad I, Nannfeldt JA (1953) *Enumeratio uredinearum Scandinavicarum*. *Opera Botanica* 1: 1-102.
- İren S (1964) Türkiye'de 1963 yılı hububat pas türleri ve zarar ve yayılışları üzerinde araştırmalar. *Bitki Koruma Bülteni* 4: 141-159.
- Jin Y, Szabo LJ, Carson M (2010) Century-old mystery of *Puccinia striiformis* life history solved with the identification of *Berberis* as an alternate host. *Phytopathology* 100: 432-435.
- Jinek M, Chylinski K, Fonfara I, Hauer M, Doudna JA, Charpentier E (2012) A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. *Science* 337: 816-821.
- Johnson R, Stubbs RW, Fuchs E, Chamberlain NH (1972) Nomenclature for physiological races of *Puccinia striiformis* infecting wheat. *Transactions of the British Mycological Society* 58: 475-480.
- Joshi RK, Nayak S (2010) Gene pyramiding-A broad spectrum technique for developing durable stress resistance in crops. *Biotechnology and Molecular Biology Review* 5(3): 51-60.
- Kim YG, Cha J, Chandrasegaran S (1996) Hybrid restriction enzymes: Zinc finger fusions to *Fok I* cleavage domain. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 93: 1156-1160.
- Kloppers FJ, Pretorius ZA (1997) Effects of combinations amongst genes *Lr13*, *Lr34* and *Lr37* on components of resistance in wheat to leaf rust. *Plant Pathology* 46: 737-750.
- Kuraparthi V, Chhuneja P, Dhaliwal HS, Kaur S, Bowden RL, Gill BS (2007) Characterization and mapping of cryptic alien introgression from *Aegilops geniculata* with new leaf rust and stripe rust resistance genes *Lr57* and *Yr40* in wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 114(8): 1379-1389.
- Law CN, Worland AJ, Giorgi B (1976) The genetic control of ear-emergence time by chromosomes 5A and 5D of wheat. *Heredity* 36: 49-58.
- Liu J, Liu D, Tao W, Li W, Wang S, Chen P, Cheng S, Gao D (2000) Molecular marker-facilitated pyramiding of different genes for powdery mildew resistance in wheat. *Plant Breeding* 119: 21-24.
- Liu J, Chang Z, Zhang X, Yang Z, Li X, Jia J, Zhan H, Guo H, Wang J (2013). Putative Thinopyrum intermedium-derived stripe rust resistance gene *Yr50* maps on wheat chromosome arm 4BL. *Theoretical and Applied Genetics* 126: 265-274.
- Louwers JM, van Silfhout CH, Stubbs RW (1992) Race analysis in wheat in developing countries. Report 1990-1992. IPO-DL0 Report 1992-11, pp. 23.
- Macer RCF (1966) The formal and monosomic genetic analysis of stripe rust (*Puccinia striiformis*) resistance in wheat. In: Mackey J (Ed), *Proceedings of 2nd International Wheat Genetics Symposium*, Lund, Sweden, pp. 127-142.
- Mamluk OF, Cetin L, Braun HJ, Bolat N, Bertschinger L, Makkouk KM, Yildirim AF, Saari EE, Zencirci N, Albustan S, Cali S, Beniwal SS, Dusunceli F (1997) Current status of wheat and barley diseases of Central Anatolia Plateau of Turkey. *Phytopathology* 36: 167-181.
- Mboup M, Leconte M, Gautie, A, Wan AM, Chen WQ, de Vallavieille-Pope C, Enjalbert J (2009) Evidence of genetic recombination in wheat yellow rust population of a Chinese over-summering area. *Fungal Genetics and Biology* 46: 299-307.
- McIntosh RA (2009) History and status of the wheat rusts. In: McIntosh RA (ed), *Proceedings of the Borlaug Global Rust Initiative 2009 Technical Workshop*, BGRI, Obregon, Mexico, pp. 11-23.
- McIntosh RA, Dubcovsky J, Rogers WJ, Morris C, Appels R, Xia XC (2015) Catalogue of gene symbols for wheat: 2015-2016 supplement. https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene/supplement2_015.pdf Erişim 26 Mart 2017.
- Mert Z (2010) Ülkesel Serin İklim Tahıl Hastalıkları Araştırmaları Projesi. Serin İklim Tahılları Araştırmaları Program Değerlendirme Toplantısı, Antalya, Yayınlanmamış.

- Mert Z, Dusunceli F, Akan K, Cetin L, Yazar S, Bolat N, Yorgancilar A, Unsal R, Ercan B, Ozseven I, Demir L, Dincer N, Ay H, Tekdal S, Kilic H, Bayramoglu H, Sermet C, Ozturk I, Tulek A, Kucukozdemir U, Ilkhan A (2012) An overview of the network for important cereal diseases management research in Turkey between 2003 and 2011. The Proceedings of 13th International Cereal Rusts and Powdery Mildews Conference, Beijing, China, pp. 208-209.
- Mert Z, Nazari K, Karagoz E, Akan K, Ozturk I, Tulek A (2016) First incursion of the warrior race of wheat stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) to Turkey in 2014. *Plant Diseases* 100(2): 528.
- Miller JC, Holmes MC, Wang J, Guschin DY, Lee Y, Rupniewski I, Beausejour CM, Waite AJ, Wang NS, Kim KA, Gregory PD, Pabo CO, Rebar EJ (2007) An improved zinc-finger nuclease architecture for highly specific genome editing. *Nature Biotechnology* 25: 778-785.
- Milus EA, Kristensen K, Hovmøller MS (2008) Increased aggressiveness of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* at least partially explains recent stripe rust epidemics. *Phytopathology* 98: 107.
- Özgen M, Kınacı E (1985) Bitkilerde hastalıklara dayanıklılık, dayanıklılık ıslahı yöntemleri ve yeni gelişmeler. *Buğday ve Mısır Hastalıkları Semineri*, Ankara, s. 69-86.
- Peng JH, Fahima T, Roeder MS, Huang QY, Dahan A (2000) A High density molecular map of chromosome region harboring stripe-rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. *Genetics* 109: 199-210.
- Petre B, Saunders DGO, Sklenar J, Lorrain C, Krasileva KV, Win J, Duplessis S, Kamoun S (2016) Heterologous expression screens in *Nicotiana benthamiana* identify a candidate effector of the wheat yellow rust pathogen that associates with processing bodies. *PLoS ONE* 11: e0149035.
- Randhawa HS, Asif M, Pozniak C, Clarke JM, Graf RJ, Fox SL, Humphreys DG, Knox RE, DePauw RM, Singh AK, Cuthbert RD, Hucl R, Spaner D (2013) Application of molecular markers to wheat breeding in Canada. *Plant Breeding* 132(5): 458-471.
- Randhawa M, Bansal U, Valárik M, Klocová B, Doležel J, Bariana H (2014) Molecular mapping of stripe rust resistance gene *Yr51* in chromosome 4AL of wheat. *Theoretical and Applied Genetics* 127: 317-324.
- Robert O, Abelard C, Dedryve F (1999) Identification of molecular markers for the detection of the yellow rust resistance gene *Yr17* in wheat. *Molecular Breeding* 5: 167-175.
- Roelfs AP, Huerta-Espino J, Marshall D (1992) Barley stripe rust in Texas. *Plant Disease* 76: 538.
- Saari EE, Prescott JM (1985) World distribution in relation to economic losses. In: Roelfs AP, Bushnell WR (Eds), *The Cereal Rusts*. Academic Press, Orlando, pp. 259-298.
- Saunders DGO (2015) Hitchhiker's guide to multi-dimensional plant pathology. *New Phytologist* 205: 1028-1033.
- Schwessinger B (2017) Fundamental wheat stripe rust research in the 21st century. *New Phytologist* 213: 1625-1631.
- Singh RP, Nelson, JC, Sorrels ME (2000) Mapping *Yr28* and other genes for resistance to stripe rust in wheat. *Crop Science* 40: 1148-1155.
- Singh RP, William HM, Huerta-Espino J, Rosewarne G (2004) Wheat rust in Asia: meeting the challenges with old and new technologies. In: Fischer T, Turner N, Angus J, McIntyre L, Robertson M, Borrell A, Lloyd D (Eds), *Proceedings of the 4th International Crop Science Congress*, Brisbane, Australia, pp. 1-13.
- Singh RP, Huerta-Espino J, Roelfs AP (2012) The wheat rusts. <http://www.fao.org/docrep/006/Y4011E/y4011e0g.htm> Erişim 26 Mart 2017.
- Stubbs RW (1988) Pathogenicity analysis of yellow (stripe) rust of wheat and its significance in a global context. In: Simmonds NW, Rajaram S (Eds), *Breeding Strategies for Resistance to the Rusts of Wheat*, CIMMYT, Mexico, pp. 23-38.
- Sun GL, Fahima T, Korol AB, Turpeinen T, Grama A, Ronin YI, Nevo E (1997) Identification of molecular markers linked to the *Yr15* stripe rust resistance gene of wheat originated in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. *Theoretical and Applied Genetics* 95: 622-628.
- Upadhyaya NM, Mago R, Staskawicz BJ, Ayliffe MA, Ellis JG, Dodds PN (2013) A bacterial type III secretion assay for delivery of fungal effector proteins into wheat. *Molecular Plant-Microbe Interactions* 27: 255-264.
- Walter S, Ali S, Kemen E, Nazari K, Bahri BA, Enjalbert J, Hansen JG, Brown JKM, Sicheritz-Ponten T, Jones J, de Vallavieille-Pope C, Hovmøller MS, Justesen AF (2016) Molecular markers for tracking the origin and worldwide distribution of invasive strains of *Puccinia striiformis*. *Ecology and Evolution* 6(9): 2790-2804.
- Wan AM, Zhao ZH, Chen XM, He ZH, Jin SL, Jia QZ, Yao G, Yang J, Wang B, Li G, Bi Y, Yuan Z (2004) Wheat stripe rust epidemic and virulence of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China in 2002. *Plant Disease* 88: 896-904.
- Wan AM, Chen XM (2014) Virulence characterization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* using a new set of *Yr* single-gene line differentials in the United States in 2010. *Plant Disease* 98: 1534-1542.
- Wan AM, Chen XM, Yuen J (2016) Races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in the United States in 2011 and 2012 and comparison with races in 2010. *Plant Disease* 100(5): 966-975.
- Wang L, Ma J, Zhou R, Wang X, Jia J (2002) Molecular tagging of the yellow rust resistance gene *Yr10* in common wheat, PI 178383 (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica* 124: 71-73.
- Wang B, Hu X, Li Q, Hao B, Zhang B, Li G, Kang Z (2010) Development of race-specific SCAR markers for detection of Chinese races CYR32 and CYR33 of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Plant Disease* 94: 221-228.
- Wang MN, Chen XM (2013) First report of Oregon grape (*Mahonia aquifolium*) as an alternate host for the wheat stripe rust pathogen (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) under artificial inoculation. *Plant Disease* 97: 839.
- Wellings CR, McIntosh RA, Walker J (1987) *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in eastern Australia-possible means of entry and implications for plant quarantine. *Plant Pathology* 36: 239-241.
- Wellings CR, McIntosh RA (1990) *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Australasia: Pathogenic changes during the first 10 years. *Plant Pathology* 39: 316-325.
- Wellings CR, Wright DG, Keiper F, Loughman R (2003) First detection of wheat stripe rust in Western Australia: evidence for a foreign incursion. *Australasian Plant Pathology* 32: 321-322.
- Wellings CR (2007) *Puccinia striiformis* in Australia: a review of the incursion, evolution, and adaptation of stripe rust in the period 1979-2006. *Australian Journal of Agricultural Research* 58: 567-575.
- Wellings CR (2011) Global status of stripe rust: a review of historical and current threats. *Euphytica* 179: 129-141.
- Zeybek A, Yiğit F (2004) Determination of virulence genes frequencies in wheat stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) populations during natural epidemics in the regions of Southern Aegean and Western Mediterranean in Turkey. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 7(11): 1967-1971.
- Zhan G, Chen X, Kang Z, Huang L, Wang M, Wan A, Cheng P, Cao S, Jin S (2012) Comparative virulence phenotypes and molecular genotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, the wheat stripe rust pathogen in China and the United States. *Fungal Biology* 116: 643-653.

- Zhao J, Zhang H, Yao J, Huang L, Kang Z (2011) Confirmation of *Berberis* spp. as alternate hosts of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* on wheat in China. *Mycosystema* 30: 895-900.
- Zhao J, Wang L, Wang Z, Chen X, Zhang H, Yao J, Zhan G, Chen W, Huang L, Kang Z (2013) Identification of eighteen *Berberis* species as alternate hosts of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* and virulence variation in the pathogen isolates from natural infection of barberry plants in China. *Phytopathology* 103: 927-934.
- Zhou XL, Han DJ, Chen XM, Gou HL, Guo SJ, Rong L, Wang QL, Huang LL, Kang ZS (2014a) Characterization and molecular mapping of stripe rust resistance gene *Yr61* in winter wheat cultivar Pindong 34. *Theoretical and Applied Genetics* 127: 2349-2358.
- Zhou XL, Wang MN, Chen XM, Lu Y, Kang ZS, Jing JX (2014b) Identification of *Yr59* conferring high temperature adult plant resistance to stripe rust in wheat germplasm PI 178759. *Theoretical and Applied Genetics* 127: 935-945.