


# Zenit×B27 Makarnalık Buğday Popülasyonunun SSR Markörleriyle Moleküler Karakterizasyonu

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

### Sorumlu Yazar

İlker YÜCE<sup>1</sup>


ilkeryuce001@gmail.com

 0000-0002-9761-3561

### Yazar

Hatice OSANMAZ<sup>2</sup>


haticeosanmaz91@gmail.com

 0000-0002-5516-741X

### Yazar

Ziya DUMLUPINAR<sup>3</sup>

zdumlupinar@ksu.edu.tr

 0000-0003-3119-6926

### ÖZET

Araştırmada, Zenit ile B27 yerel makarnalık buğday çeşidi ve bu çeşitlerin melezlenmesi sonucunda elde edilen 11 adet makarnalık buğday genotipi, 8 adet allel spesifik DNA markörü kullanılarak bazı hastalık ve kalite ile ilgili allellerin tespiti yapılmıştır. Moleküler tarama sonucunda kullanılan 8 DNA markörü 25 adet allel üretirken, çalışmada kullanılan DNA markörlerinin ortalama polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri 0.9775 olarak tespit edilmiştir. En yüksek polimorfizm bilgi içeriği değeri 0.99 olarak hesaplanırken, en düşük polimorfizm bilgi içeriği değeri 0.95 olarak hesaplanmıştır. Çalışmada DNA markörleri tarafından üretilen 25 allel kullanılarak oluşturulan dendrogramda, ebeveynlere göre iki ana grup meydana gelmiştir. Zenit×B27-7, Zenit×B27-9 ve Zenit×B27-11 ile Zenit×B27-5, Zenit×B27-6, Zenit×B27-8, Zenit×B27-10 melez kombinasyonları % 100 benzer bulunmuştur. Araştırma sonuçlarına göre Zenit×B27-1, Zenit×B27-2 ve Zenit×B27-3 genotiplerinde Waxy (*Wx-A1*) özelliğine ait genler belirlenirken, Zenit×B27-3 ve Zenit×B27-5 genotiplerinde yüksek proteine (*Gpc-B1*) ait gen bölgesinin yer aldığı saptanmıştır.

**Anahtar Kelimeler:** Makarnalık buğday, SSR, DNA markörü

### ABSTRACT

In this study, 11 durum wheat genotypes obtained from Zenit and B27 parents used to determine some disease and

- 1 Sivas Bilim ve Teknoloji Üniversitesi, SBTÜ Tarım Bilimleri ve Teknoloji Fakültesi, Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Bölümü, Sivas, Türkiye
- 2 Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, KSÜ Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kahramanmaraş, Türkiye
- 3 Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, KSÜ Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kahramanmaraş, Türkiye

Gönderilme Tarihi :

17 Ekim 2023

Kabul Tarihi :

30 Kasım 2023

quality related alleles using eight DNA markers durum wheat genotypes. As a result of molecular screening, 8 DNA markers produced 25 alleles and the average polymorphism information content (PIC) value of the DNA markers used in the study was 0.9775. The highest polymorphism information content value was 0.99, while the lowest polymorphism information content value was 0.95. In the dendrogram created by using 25 alleles produced by DNA markers in the study, two main groups were formed according to the parents. Zenit×B27-7, Zenit×B27-9 and Zenit×B27-11 and Zenit×B27-5, Zenit×B27-6, Zenit×B27-8 and Zenit×B27-10 cross combinations were found 100% similar. According to the results of the research, genes belonging to Waxy (Wx-A1) trait were determined in Zenit×B27\_1, Zenit×B27\_2 and Zenit×B27\_3 genotypes, while the gene region belonging to high protein (Gpc-B1) was found in Zenit×B27\_3 and Zenit×B27\_5 genotypes.

**Key Words:** Durum wheat, SSR, DNA marker

## GİRİŞ

Makarnalık buğday (*Triticum durum* Desf.), küresel buğday üretiminin %5'inden azını oluşturan bir tahıl türüdür. Dünyada 9 milyon hektar alanda üretimi yapılan makarnalık buğday, öncelikle yarı kurak bölgelerde yetiştirilir. Akdeniz iklim kuşağına sahip bölgelerin geleneksel bitkisi olan makarnalık buğday, yaklaşık on bin yıl önce Güneydoğu Anadolu'nun da içerisinde yer aldığı verimli hilal olarak tanımlanan alanda kültüre alınmış ve daha sonra Kuzey Akdeniz ve Kuzey Afrika ülkelerine yayılım göstermiştir (Heun vd., 1997). Toplam buğday üretimindeki küçük payına rağmen, makarnalık buğday gıda zincirinde çok önemli bir işlev görmektedir. Özellikle makarna ve diğer unlu mamullerin üretiminde dünya genelinde ağırlıklı olarak kullanılmaktadır. Dünyanın artan insan nüfusunun sürekli artan gıda taleplerini karşılamak ve gelecekteki iklim değişikliği problemlerini ele almak için buğday üretimini artırmayı hedefleyen ıslah projelerinde çeşitli buğday genetik kaynaklarının kullanılmasının önemi vurgulanmaktadır. Yerel makarnalık buğday çeşitleri, mevcut çeşitlerin genetik varyasyonunun belirlenmesi ve daha iyi üretim için bölgeye özgü koşulların taranması için çok önemlidir (Robbana vd., 2019). Bu yerel çeşitler genetik

çeşitlilik üzerinde olumlu bir etkiye sahiptir (Alghamdi vd., 2017).

Geliştirilen yeni çeşitler sınırlı bir genetik temeli paylaşmakta ve benzer özellikler sergilemektedir. Islah çalışmalarında bünyesinde daha fazla özellik barındıran ebeveynlerin belirlenmesi, yüksek verimli çeşit ile bir melez kombinasyonu oluşturabilir (Sajjad vd., 2018). Verimli hibritlerin ve yeni çeşitlerin geliştirilmesi için, genetik çeşitlilik analizi sadece buğdayda değil, tüm ürünlerde giderek daha kritik hale gelmektedir. Bununla birlikte, soyağacı ve ortak akrabalık çalışmaları genetik çeşitliliğin belirlenmesinde ilk adımdır (Kim ve Ward, 2000). Bu bağlamda, morfo-fenolojik özelliklerin buğday genotipleri arasındaki genetik çeşitliliğin değerlendirilmesinde etkili olduğu kanıtlanmıştır. Bu nedenle, fenotipik karakterizasyon bitki ıslahçıları için özellikle buğday olmak üzere bitki germplazmını geliştirmek için gerekli ve faydalıdır (Najaphy vd., 2012). Agro-morfolojik incelemelere ek olarak, moleküler markör sistemleri genetik varyasyonu değerlendirmek için sağlam bir temel sağlar ve erişilebilen çok sayıda çeşidin kapsamlı bir görüntüsünü sunar (Afzal vd., 2018).

Moleküler markörlerden; genetik ve linkage haritalamalarında, kantitatif ve kalitatif özelliklerin ıslah çalışmalarında, genotipler arasındaki genetik uzaklığın tespitinde, seleksiyonda, çeşit tescili korunmasında ve tanımında moleküler markörlerden faydalanılmaktadır (Bilgin ve Korkut, 2005). Yönlendirilmiş minisatellitli DNA çoğaltımı (Directed Amplification of Minisatellites DNA (DAMD)), Rastlantısal Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi (Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)), basit diziler arası tekrarlar (Inter Simple Sequence Repeat (ISSR)) , basit dizi tekrarları (Simple Sequence Repeat (SSR)), primerler arası bağlanma bölgesi (Inter-Primer Binding Site (IPBS)) gibi moleküler markörler genetik çeşitliliğin değerlendirilmesi için yararlıdır (Gürcan vd., 2017; Demirel, 2020; Yıldız vd., 2021; Karakaya vd., 2023). Moleküler markörler daha fazla bilgi elde etme, çevreden bağımsızlık ve kararlılık gibi çeşitli avantajlar sağlar (Bulunuz Palaz vd., 2023).

Markör teknolojileri arasında en çok tercih edilenlerden bir tanesi de mikrosatellit olarak adlandırılan basit dizi tekrarlarıdır. Basit dizi tekrarlarının tercih edilme sebepleri arasında eşbaskın markör vermesi, PCR (Polymerase Chain Reaction) kolaylığının bulunması ve polimorfizm içeriklerinin yüksek olmasından dolayı bitkilerde çok fazla bilgi sunması sayılabilir (Röder vd., 1995). Birçok bitki türünde, dünya genelinde birçok laboratuvarında basit dizi tekrarları başarıyla kullanılmaktadır. Basit dizi tekrarları (SSR'ler), buğday genomunda yüksek polimorfizm seviyeleri, homojen dağılım ve kodominant kalıtım nedeniyle yaygın olarak kullanılmaktadır (Salem vd., 2015; Uzun vd., 2022).

Araştırmada, Zenit ile B27 yerel makarnalık buğday çeşidi ve bu çeşitlerin melezlenmesi sonucunda elde edilen 11 adet makarnalık buğday genotipinin SSR markörleri kullanılarak bazı hastalık ve kalite ile ilgili allellerin tespiti amaçlanmıştır.

## MATERYAL VE METOT

### Bitki Materyali

Araştırmada, materyal bitki boyu bakımından kısa ve protein oranı yüksek olan Zenit ile B27 yerel makarnalık buğday çeşitleri ve bu çeşitlerin melezlenmesi sonucunda

elde edilen 11 adet melez kombinasyonu (Zenit×B27\_1, Zenit×B27\_2, Zenit×B27\_3, Zenit×B27\_4, Zenit×B27\_5, Zenit×B27\_6, Zenit×B27\_7, Zenit×B27\_8, Zenit×B27\_9, Zenit×B27\_10 ve Zenit×B27\_11) kullanılmıştır.

### DNA İzolasyonu ve PCR

DNA izolasyonunun gerçekleştirilmesinde cetyl trimethyl ammonium bromide (CTAB) metodu kullanılmış (Oliver vd., 2010) ve tüm genotipler sekiz allel spesifik DNA markörü kullanılarak taranmıştır (Tablo 1). PCR çalışması Yüce ve Dumlupınar (2023)'a göre; 200 µl hacminde 96 kuyucuktan oluşan PCR platelerine; 1 µl dNTP karışımı (10 mM mix (A+T+G+C)), 3 µl 10x buffer, 1.2 µl MgCl<sub>2</sub>, DNA primer çifti (1 µl F ve 1 µl R), 3 µl (50 ng) genomik DNA, 9,5 µl ddH<sub>2</sub>O ve 0,3 µl Taq DNA polimeraz (5 U µl<sup>-1</sup>, Fermantes) ile toplam 20 µl PCR çözeltisi hazırlanmıştır. PCR reaksiyonları "eppendorf" marka thermal cycler cihazında; 95 °C'de 5 dakika, 95 °C'de 1 dakika, 55 °C'de 1 dakika ve 72 °C'de 1 dakika ve son aşamada 72 °C ile 95 °C arasında 35 döngü olacak şekilde çalıştırıldıktan sonra 72 °C'de 10 dakika çalıştırılarak tamamlanmıştır. PCR işlemi sonrası elde edilen ürünlerin görüntülenmesi, Qiagen firmasının "QIAxcel Advanced System" fragment analiz cihazında gerçekleştirilmiş ve genotiplere ait DNA bantları elde edilmiştir.

**Tablo 1.** Araştırmada kullanılan DNA primerleri

No	Primer Adı	Primer Dizisi (5'-3')	Gen Bölgesi	Beklenen Bant Uzunluğu (bp)	Marker
1	Sun1_F Sun1_R	CGCTCCCTGAAGAGAGAAAGAA ATAGGCACAACCCCTAAC	Waxy Wx-A1	Xsun-7A, 219, 233, 260, 271, 275, 285 ve 289	Eş-baskın
2	Sun209_F Sun209_R	AG CTATGAGCTTCGCTATTG GTGATTGGTTCGGATTACTTA	Kara pas <i>Sr49</i>	148	Eş-baskın
3	Sun479_F Sun479_R	CAAATGAAATGTGATCCTGTT TCATCTAACCAAGCAATGGTAT	Kara pas <i>Sr49</i>	200	Eş-baskın
4	Bx7 <sup>OE</sup> _F Bx7 <sup>OE</sup> _R	CCTCAGCATGCAAACATGCAGC CTGAAACCTTTGGCCAGTCATGTC	Gluten Mukavemeti	563	Eş-baskın
5	UHW89_F UHW89_R	TCTCCAAGAGGGGAGAGACA TTCCTCTACCCATGAATCTAGCA	Yüksek Protein Gpc-B1	122	Eş-baskın
6	Xgwm18_F Xgwm18_R	TTGCTACCATGCATGACCAT TTCACCTCGATTGAGGTCCT	Sarı pas <i>Yr26</i>	411	Eş-baskın

7	Xgwm129_F Xgwm129_R	TCAGTGGGCAAGCTACACAG AAAACCTTAGTAGCCGCGT	Fusaryum Başak Yanıklığı	217-220 ve 223	Eş-Baskın
8	Xgwm131_F Xgwm131_R	AATCCCCACCGATTCTTCTC AGTTCGTGGGTCTCTGATGG	Sarı Pas Yr39, Sıcaklık Toleransı (Klorofil içeriği ve yoğunluğu)	157	Eş-baskın

### İstatistiksel Analizler

Çalışmada materyal olarak kullanılan genotiplerin genetik benzerlik ilişkileri NTSYSpc 2.21q (Rohlf, 2005) programında, Dice indeksi (Dice, 1945) kullanılarak hesaplanmıştır. Her bir genotipen elde edilen DNA bantları “0” veya “1” olarak kodlanmış ve ikili bir veri matrisi oluşturulmuştur. Oluşturulan bu matris aracılığıyla UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average) yöntemi kullanılarak genotiplerin benzerliklerini gösteren bir dendrogram oluşturulmuştur. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC), Weir (1996) tarafından açıklanan formül kullanılarak belirlenmiştir;  $PIC = 1 - \sum P_i^2$ , burada  $P_i$ , çalışılan 13 makarnalık buğday genotipindeki  $i$ . alelin frekansıdır.

### BULGULAR VE TARTIŞMA

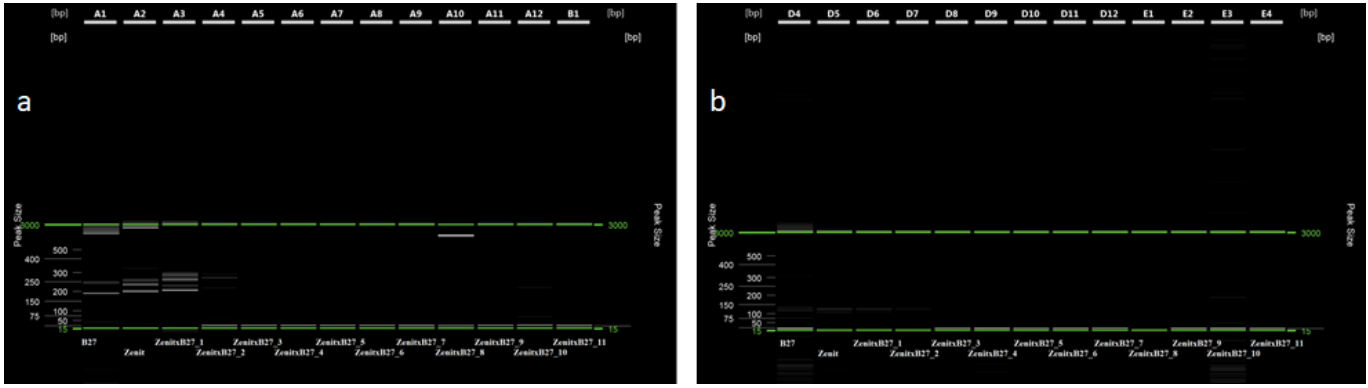
Araştırmada materyal olarak kullanılan 13 adet makarnalık buğday genotipinin benzerlik ilişkisi sekiz DNA markörü kullanılarak taranmıştır. Moleküler taramada kullanılan DNA markörlerinden elde edilen allel sayıları ve polimorfizm bilgi içeriği değerleri Tablo 2’de gösterilmiştir. Çalışma sonucuna göre, sekiz DNA markörü 25 adet polimorfik bant çoğaltırken, ortalama allel sayısı 3,125 olarak bulunmuştur. Ortalama PIC değeri 0,9775 olarak hesaplanırken, en yüksek PIC değeri 0,99 ile Sun1, Sun479, Bx7<sup>OE</sup> ve Xgwm129 markörlerinden, en düşük PIC değeri ise 0,95 ile Xgwm18 marköründen elde edilmiştir. Tsonev vd. (2021) markör başına 8,14 alel sayısı bildirirken, Yüce ve Dumlupınar (2023) markör başına 15,2 alel sayısı belirtmiştir. Aydemir vd. (2020), Büyükakkaşlar vd. (2020) ve Koçyiğit vd. (2021) çalışmalarında PIC değerlerini sırasıyla %79, %87 ve %52 olarak bildirmişlerdir.

**Tablo 2.** DNA markörlerine ait PIC değerleri ve allel sayıları

No	Primer Adı	Allel Sayısı	PIC Değeri
1	Sun1	11	0.99
2	Sun209	1	0.98
3	Sun479	1	0.99
4	Bx7 <sup>OE</sup>	3	0.99
5	UHW89	1	0.98
6	Xgwm18	1	0.95
7	Xgwm129	1	0.99
8	Xgwm131	6	0.95

Sun1 primeri, Waxy (*Wx-A1*) genini tanımlamak için kullanılan bir primerdir. ZenitxB27\_1, ZenitxB27\_2 ve ZenitxB27\_3 genotiplerinde Waxy özelliğine ait gen bölgeleri belirlenmiştir (Şekil 1). Sun1 primeri kullanarak çalışmalar yürüten Maryami vd. (2014) 230 ve 265 bp, Shariflou ve Sharp (1999) 219,233,260,271,275,285 ve 289 bp uzunluğunda alleller elde ettiklerini bildirmişlerdir. Sun209 ve Sun 479 primerleri buğdayda kara pas (*Sr49*) hastalığına dayanıklılık gen bölgesini tespit etmek için kullanılan işaretleyicilerdir. Araştırmada kara pasa dayanıklılık gen bölgesini barındıran bir genotipin yer almadığı saptanmıştır (Şekil 2). Bansal vd. (2015)

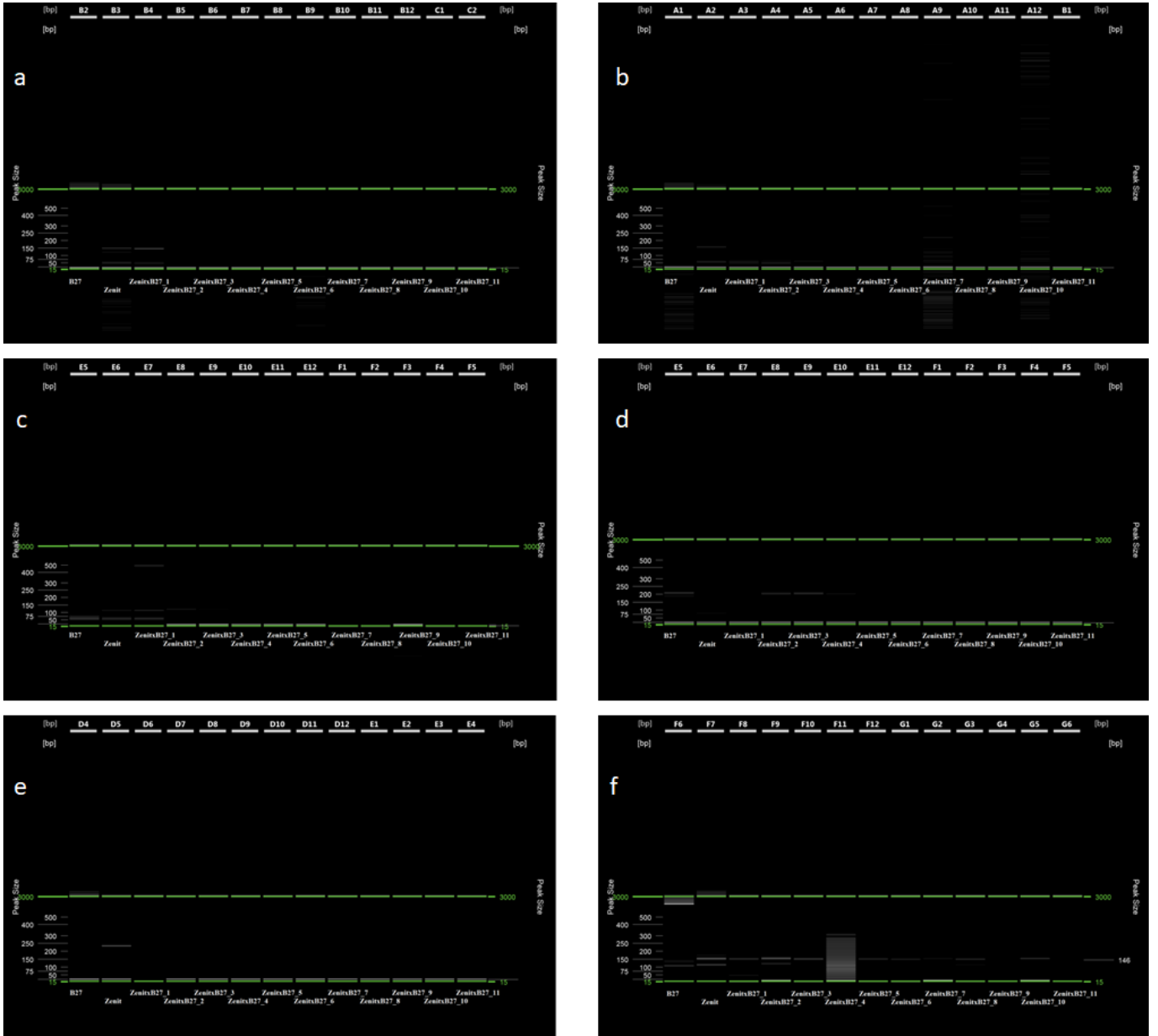
yürütmüş oldukları çalışmada, Sun209 primerinde 148 baz çifti uzunluğundaki DNA bandının ve Sun479 primerinde ise 200 baz çifti uzunluğundaki DNA bandının *Sr49* dayanıklılık geni ile ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. Bx7<sup>OE</sup> primeri, gluten mukavemeti genlerini tanımlamak için kullanılan bir belirteçtir. Araştırmada gluten mukavemetine ait gen bölgesine rastlanmamıştır (Şekil 2). Butow vd. (2003) Bx7<sup>OE</sup> primerinin tanımladığı bölgenin 750 baz çiftlik bölümüne denk gelen co-dominant bir primer olduğunu, *Glu-B1a1* (520 bp) bulundurmayan hatların gen dizilimine 43 bazlık bir ekleme ile 563 baz çifti uzunluğunda alleller elde ettiklerini bildirmişlerdir.



**Şekil 1.** DNA markörlerine ait jel görüntüleri a- Sun1, b- UHW89

UHW89 primeri, yüksek proteine (*Gpc-B1*) ait gen bölgesini belirlemede kullanılan bir belirteçtir. Çalışmada yer alan ZenitxB27\_3 ve ZenitxB27\_5 genotiplerinde yüksek proteine (*Gpc-B1*) ait gen bölgesinin yer aldığı saptanmıştır (Şekil 1). Distelfeld vd. (2006) UHW89 primerini kullanarak elde ettikleri 122 ve 126 bp uzunluğundaki DNA bantlarının yüksek protein (*Gpc-B1*) geni ile ilişkili olduğunu bildirmişlerdir. Xgwm18 primeri sarı pasa (*Yr15*) dayanıklılık gen bölgelerini belirlemede kullanılan bir işaretleyicidir. Çalışmada yer alan genotipler arasında sarı pasa dayanıklılık gen bölgesi bulunamamıştır (Şekil 2). Roder vd. (1998) Xgwm18 primerinin 182 baz çifti uzunluğunda çoğaltmış olduğu gen bölgesinin sarı pas hastalığına dayanıklılık geniyle ilişkili olduğunu tespit

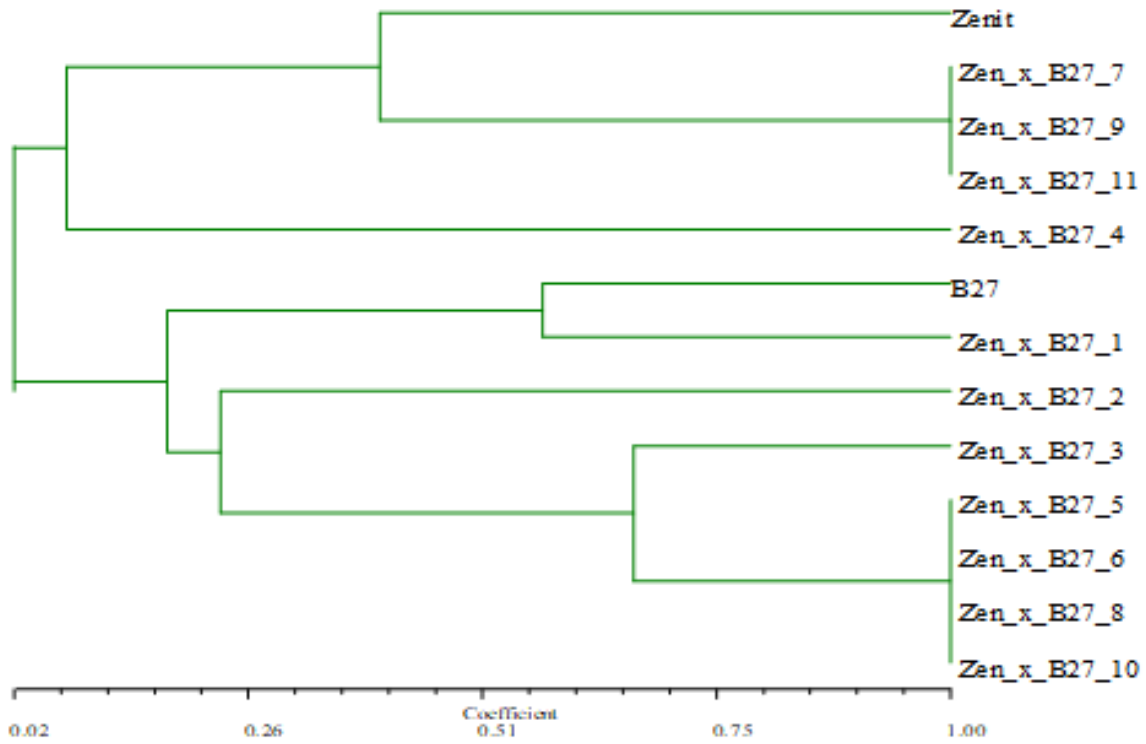
etmişlerdir. Xgwm129 primeri, fusarium başak yanıklığı (fusarium head blight) hastalığına ait gen bölgelerini tespit etmede kullanılan bir belirteçtir. Araştırmada yer alan genotipler arasında fusarium başak yanıklığına ait genler saptanamamıştır (Şekil 2). Xgwm131 primeri sıcaklık toleransı ve sarı pas (*Yr39*) hastalığına ait gen bölgelerini belirlemede kullanılan bir belirteçtir. Araştırmada yer alan genotipler arasında sıcaklık toleransı ve sarı pas (*Yr39*) hastalığına ait genler saptanamamıştır (Şekil 2). Roder vd. (1998) Xgwm131 primerini kullanarak yürütmüş oldukları çalışmada 157 baz çifti uzunluğunda elde ettikleri DNA bandının sıcaklık toleransı ve sarı pas (*Yr39*) hastalığını belirleyen genler ile ilişkili olduğunu bildirmişlerdir.



Şekil 2. DNA markörlerine ait jel görüntüleri a- Sun209, b- Sun479, c- Bx7<sup>OE</sup>, d- Xgwm18, e-Xgwm129, f- Xgwm131

Sekiz adet allel spesifik DNA markörü kullanılarak tarama yapılan Zenit ve B27 çeşitleri ile bu çeşitlerin melezlenmesi sonucunda elde edilen 11 adet makarnalık buğday genotipinden elde edilen verilerden UPGMA metodu ile Weir (1996)'nın genetik mesafe matrisi baz alınarak dendrogram oluşturulmuştur (Şekil 3). Dendrogramın oluşturulmasında Waxy (*Wx-A1*), Sıcaklık toleransı, yüksek protein (*Gpc-B1*) ve gluten mukavemeti gibi kalite özellikleri ile sarı pas (*Yr15*, *Yr39*), kara pas

(*Sr49*) ve fusarium head blight gibi hastalık türlerinden elde edilen veriler kullanılmıştır. Dendrograma göre genetik olarak Zenit, ZenitxB27\_7, ZenitxB27\_9, ZenitxB27\_11 ve ZenitxB27\_4 genotipleri diğerlerinden ayrılırken, ZenitxB27\_7, ZenitxB27\_9, ZenitxB27\_11 ve ZenitxB27\_5, ZenitxB27\_6, ZenitxB27\_8 ve ZenitxB27\_10 genotipleri ise %100 benzer oldukları tespit edilmiştir.



Şekil 3. Genotiplere göre oluşturulmuş dendrogram

## SONUÇ

Zenit ve B27 yerel makarnalık buğday çeşidinin melezlenmesi sonucunda elde edilen 11 adet makarnalık buğday genotipi ile Zenit ve B27 ebeveynlerinin 8 adet allel spesifik DNA markörü kullanarak bazı hastalık ve kalite ile ilgili allellerin karakterizasyonu yapılmıştır. Araştırma sonucunda, materyal olarak kullanılan Zenit×B27\_3 ve Zenit×B27\_5 genotiplerinde yüksek proteine (*Gpc-B1*) ait allellerin bulunduğu tespit edilmiştir. Protein, makarnalık buğdayda önemli kalite parametrelerinden birisidir. Yüksek protein (*Gpc-B1*) allellerini taşıyan genotiplerin makarnalık buğday ıslah çalışmalarında ebeveyn olarak kullanılabilceği sonucuna varılmıştır.

### Araştırmacıların Katkı Oranı Beyan Özeti

Yazarların katkısı eşittir.

### Çıkar Çatışması Beyanı

Yazarlar bu çalışmada hiçbir çıkar ilişkisi olmadığını beyan etmektedirler.

## KAYNAKLAR

- Afzal, M., Alghamdi, S. S., Migdadi, H. M., Khan, M. A., & Farooq, M. (2018). Morphological and Molecular genetic diversity analysis of chickpea genotypes. *Int. J. Agric. Biol*, 20, 1062-1070.
- Alghamdi, S. S., Alffi, S. A., Migdadi, H. M., Al-Rowaily, S. L., El-Harty, E. H., & Farooq, M. (2017). Morphological and genetic diversity of cereal genotypes in kingdom of Saudi Arabia. *International Journal of Agriculture and Biology*, 19(4), 601-609.
- Aydemir, G., Dumlupınar, Z., Yüce, İ., Narlı, T., Sunulu, S., & Güngör, H. (2020). Evaluation of F5 Individuals Obtained from B28× Kunduru-1149 Reciprocal Cross Population by Functional Markers. *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım ve Doğa Dergisi*, 23(4), 1005-1011.
- Bansal, U. K., Muhammad, S., Forrest, K. L., Hayden, M. J., & Bariana, H. S. (2015). Mapping of a new stem rust resistance gene Sr49 in chromosome 5B of

- wheat. *Theoretical and applied genetics*, 128, 2113-2119.
- Bulunuz Palaz, E., Demirel, F., Adali, S., Demirel, S., & Yilmaz, A. (2023). Genetic relationships of salep orchid species and gene flow among *Serapias vomeracea* × *Anacamptis morio* hybrids. *Plant Biotechnology Reports*, 17(2), 315-327.
- Butow, B. J., Ma, W., Gale, K. R., Cornish, G. B., Rampling, L., Larroque, O., ... & Békés, F. (2003). Molecular discrimination of Bx7 alleles demonstrates that a highly expressed high-molecular-weight glutenin allele has a major impact on wheat flour dough strength. *Theoretical and Applied Genetics*, 107, 1524-1532.
- Büyükakkaşlar, M., Yüce, İ., Başkonuş, T., Dokuyucu, T., Akkaya, A., & Dumlupınar, Z. (2020). B27× Ege 88 resiprokal melez popülasyonunda F<sub>4</sub> bireylerin allel spesifik markörlerle değerlendirilmesi. *Kabramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım ve Doğa Dergisi*, 23(6), 1647-1655.
- Demirel, F. (2020). Genetic diversity of Emmer wheats using iPBS markers. *Avrupa Bilim ve Teknoloji Dergisi*, (20), 640-646.
- Dice, L.R. (1945). Measures of the amount of ecologic association between species. *Ecology*, 26: 297-302.
- Distelfeld, A., Uauy, C., Fahima, T., & Dubcovsky, J. (2006). Physical map of the wheat high-grain protein content gene Gpc-B1 and development of a high-throughput molecular marker. *New Phytologist*, 169(4), 753-763.
- Gürcan, K., Demirel, F., Tekin, M., Demirel, S., & Akar, T. (2017). Molecular and agro-morphological characterization of ancient wheat landraces of Turkey. *BMC plant biology*, 17, 1-10.
- Heun, M., Schafer-Pregl, R., Klawan, D., Castagna, R., Accerbi, M., Borghi, B., & Salamini, F. (1997). Site of einkorn wheat domestication identified by DNA fingerprinting. *Science*, 278(5341), 1312-1314.
- Karakaya, O., Yaman, M., Balta, F., Yilmaz, M., & Balta, M. F. (2023). Assessment of genetic diversity revealed by morphological traits and ISSR markers in hazelnut germplasm (*Corylus avellana* L.) from Eastern Black Sea Region, Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(2), 525-537.
- Kim, H. S., & Ward, R. W. (2000). Patterns of RFLP-based genetic diversity in germplasm pools of common wheat with different geographical or breeding program origins. *Euphytica*, 115, 197-208.
- Koçyiğit, B.K., Yüce, İ., Başkonuş, T., Dokuyucu, T., Akkaya, A., & Dumlupınar, Z. (2021). Evaluation of F<sub>4</sub> individuals belong to Seri 82 × B35 bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cross population using functional DNA markers. *KSU Journal of Agriculture and Nature*, 24(3), 586-593.
- Maryami, Z., Fazeli, A., & Mehrabi, A. A. (2014). Investigation of diversity of Waxy-A1 gene using amplification in different species in A genome wheat's. *Advances in Environmental Biology*, 8(7), 2004-2007.
- Najaphy, A., Parchin, R. A., Farshadfar, E., & Farshadfar, E. (2012). Comparison of phenotypic and molecular characterizations of some important wheat cultivars and advanced breeding lines. *Australian Journal of Crop Science*, 6(2), 326-332.
- Oliver, R. E., Obert, D. E., Hu, G., Bonman, J. M., O'Leary-Jepsen, E., & Jackson, E. W. (2010). Development of oat-based markers from barley and wheat microsatellites. *Genome*, 53(6), 458-471.
- Robbana, C., Kehel, Z., Ben Naceur, M. B., Sansaloni, C., Bassi, F., & Amri, A. (2019). Genome-wide genetic diversity and population structure of Tunisian durum wheat landraces based on DArTseq technology. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(6), 1352.
- Röder, M. S., Plaschke, J., König, S. U., Börner, A., Sorrells, M. E., Tanksley, S. D., & Ganal, M. W. (1995). Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Molecular and General Genetics MGG*, 246, 327-333.
- Rohlf, F. J. (2005). NTSYS-pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system version 2.2. Setauket.
- Sajjad, M., Khan, S. H., & Shahzad, M. (2018). Patterns



- of allelic diversity in spring wheat populations by SSR-markers. *Cytology and Genetics*, 52, 155-160.
- Salem, K. F., Röder, M. S., & Börner, A. (2015). Assessing genetic diversity of Egyptian hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) using microsatellite markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 62, 377-385.
- Shariflou, M. R., & Sharp, P. J. (1999). A polymorphic microsatellite in the 3'end of 'waxy' genes of wheat, *Triticum aestivum*. *Plant Breeding*, 118(3), 275-277.
- Tsonev, S., Christov, N. K., Mihova, G., Dimitrova, A., & Todorovska, E. G. (2021). Genetic diversity and population structure of bread wheat varieties grown in Bulgaria based on microsatellite and phenotypic analyses. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 35(1), 1520-1533.
- Uzun, A., Pinar, H., Yaman, M., Yigit, M. A., Cakiroglu, Y., Karakaya, A., Uysal, M., Ozturk, G., Yilmaz, K. U., Gurcan, K., & Ercisli, S. (2022). Identification of genetic diversity in wild pear (*Pyrus elaeagnifolia* Pall.) Genotypes collected from different regions of turkey with SSR marker system. *Genetika*, 54(1), 109-118.
- Weir, B. S. (1996). Genetik Veri Analizi II, 2. baskı. *Sinauer Associates Inc*, Sunderland, MA.
- Yıldız, E., Pinar, H., Uzun, A., Yaman, M., Sumbul, A., & Ercisli, S. (2021). Identification of genetic diversity among *Juglans regia* L. genotypes using molecular, morphological, and fatty acid data. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 68, 1425-1437.
- Yüce, İ., & Dumlupınar, Z. (2023). Evaluation of agronomic traits and allele specific DNA markers related to some disease and quality traits in mutant Karakılçık M<sub>4</sub> individuals. *Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi Tarım ve Doğa Dergisi*, 26(4), 861-869.