



Rhynchosporium commune'ye Karşı Konukçu Dayanıklılığı^A

Şükriye YILDIRIM¹, Arzu ÇELİK OĞUZ^{2*}

Öz: *Rhynchosporium commune*, arpa (*Hordeum vulgare*), diğer *Hordeum* türlerinde ve *Bromus diandrus* üzerinde yaprak lekesi hastalığına neden olan haploid bir fungustur. Dünya çapında tüm ılıman yetiştirme bölgelerinde bulunmakta ve ekonomik açıdan en önemli arpa patojenlerinden biri olarak kabul edilmektedir. Hastalığın kontrolünde en etkili ve sürdürülebilir yöntem dayanıklı çeşit kullanımıdır. Patojen ticari çeşitlerde kullanılan dayanıklılık genlerine karşı yeni virulent genotiplerini geliştirme yeteneğine sahiptir. Bu nedenle, markör destekli seleksiyon yolu ile farklı lokusların (niteliksel veya niceliksel) tanılanması ve piramitlenmesi dayanıklılık ıslahı açısından oldukça önemlidir. Bu derleme ile patojenin genetik varyasyonu, konukçu-patojen etkileşimi, dayanıklılıkta rol oynayan genler, yerel ve yabancı çeşitlerde *R. commune* dayanıklılığı ve ülkemizde *R. commune* konukçu dayanıklılığı üzerine geçmişten günümüze yapılan çalışmalar özetlenmiştir.

Anahtar Kelimeler: *Rhynchosporium commune*, Arpa yaprak lekesi hastalığı, *Hordeum vulgare*, Dayanıklılık.

Host Resistance to *Rhynchosporium commune*

Abstract: *Rhynchosporium commune* is a haploid fungus that causes scald on barley (*Hordeum vulgare*), other *Hordeum* species and *Bromus diandrus*. It is found in all temperate growing regions of the world and is considered one of the most economically important pathogens of barley. The most effective and sustainable method of controlling the disease is the use of resistant cultivars. The pathogen has the ability to evolve new

^A Bu derleme, Doç. Dr. Arzu Çelik Oğuz danışmanlığında Şükriye Yıldırım'ın yüksek lisans seminerinden hazırlanmıştır. Makale araştırma ve yayın etiğine uygun olarak hazırlanmıştır ve etik kurul izni gerekmemektedir.

* **Sorumlu yazar/Corresponding Author:** ² Arzu Çelik Oğuz (Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Gümüşdere yerleşkesi, Keçiören, Ankara, Türkiye) acelik@agri.ankara.edu.tr, [OrcID 0000-0002-0906-6407](https://orcid.org/0000-0002-0906-6407)

¹ Şükriye Yıldırım (Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, Gümüşdere yerleşkesi, Keçiören, Ankara, Türkiye) yildirim-sukriye@hotmail.com, [OrcID 0009-0007-2169-9729](https://orcid.org/0009-0007-2169-9729)

virulent genotypes against the resistance genes used in commercial cultivars. Therefore, introgression and pyramiding of different loci (qualitative or quantitative) by marker-assisted selection is very important for resistance breeding. This review summarizes the genetic variation of the pathogen, host-pathogen interactions, genes involved in resistance, resistance to *R. commune* in landraces and wild genotypes, and host resistance to *R. commune* in our country from the past to the present.

Keywords: *Rhynchosporium commune*, Scald, *Hordeum vulgare*, Resistance.

Giriş

Arpa yaprak lekeli hastalığı, hastalık etmeni Deuteromycetes sınıfından hemibiyotrofik bir fungus olan *Rhynchosporium commune*'dir (Zaffarano ve ark., 2011; Zhang ve ark., 2020). Eski adı *Rhynchosporium secalis* olan fungal etmeni Zaffarano ve ark. (2011) *Rhynchosporium commune* olarak yeniden isimlendirmiş ve *Hordeum* spp. ile *Bromus diandrus* üzerinde hastalık oluşturduğunu rapor etmişlerdir. Fungal etmenin Seifollahi ve ark. (2018) tarafından *H. murinum* subsp. *glaucum*, *Festuca perennis* ve *Avena sativa* üzerinde de hastalık oluşturduğu rapor edilmiştir. İlgili çalışmalar ile fungus için yabancı konukçuların önemli rezervler olduğu ortaya koyulmuştur (Linde ve ark., 2016; Seifollahi ve ark., 2018). Son zamanlarda Crous ve ark. (2021) ise *R. commune*'nin *R. graminicola* olarak yeniden adlandırılmasını önermişlerdir.

Hastalık arpa üretiminin yapıldığı bütün bölgelerde görülmektedir. Geçit bölgelerinde, serin ve nemli bölgelerde daha çok rastlanmakla birlikte dünya çapında yaygın ve epidemik bir hastalıktır (Xue ve Hall, 1991; Robbertse ve ark., 2001). Patogeninde orjini olduğu varsayılan kuzey Avrupa'da hastalık oldukça şiddetlidir (Brunner ve ark., 2007). Hastalık etmeni arpada %10-70 arası verim kaybına yol açmakta ve tane kalitesini de düşürmektedir (Shipton ve ark., 1974; Zhang ve ark., 1992). Arpa yaprak lekeli hastalığında enfeksiyon şiddetine bağlı olarak verim kayıpları artmaktadır. En fazla etkilenen verim komponenti m² deki başak sayısıdır (Zencirci ve Hayes, 1990). Kavak (1998) tarafından yapılan çalışmada arpa yaprak lekeli hastalığının arpada enfeksiyon şiddetine bağlı olarak oluşturduğu verim kayıpları belirlenmiş, % 46.7, % 68 ve % 80.1 oranlarında enfeksiyon şiddetlerinde sırasıyla % 8.9, % 19.6 ve % 30.5 oranlarında verim kaybı olduğu saptanmıştır. Özellikle üst yaprakların enfekte olduğu durumlarda ürün kayıpları artmaktadır (Döken, 1979). İç Anadolu Bölgesinde incelenen tarlaların büyük bir kısmında enfeksiyon yüzdesinin %60'ın üzerinde olduğu rapor edilmiştir (Mert ve ark., 2014).

Genel olarak hastalık belirtisi; önce gri-yeşil-mavimsi oval ve düzgün olmayan yağlımsı lekeler halinde, sonra orta kısmı beyazımtırak gri, kenarları da koyu kahverengi ve farklı ölçülerde görünmektedir (Mert ve Karakaya, 2004). Belirtileri daha çok yaprak ayasında görülmekle birlikte yaprak kımında, nodlarda, sapta ve başaklarda da belirti oluşturmaktadır.

Rhynchosporium commune kışı dayanıklı spor oluşturmayıp, canlı yaprak dokusunda ve özellikle bitki artıklarında stroma şeklinde geçirmektedir (Mathre, 1982). Fungus bir sonraki yıla bitki artıkları ve tohumla

taşınmakla birlikte bitki artıkları en önemli inokulum kaynağıdır. Bitki artıklarındaki inokulum miktarı bir önceki yılın hastalık şiddetine ve çevre koşullarına bağlı olarak değişmektedir. Etmen bitki artıkları üzerinde canlılığını uzun süre sürdürebilmektedir. Hastalık etmeni sporları ve miselyumu yağmur sıçratması veya rüzgar yoluyla yakın mesafede yayılabildiği gibi enfekteli tohumların ekilmesi ve anızların saman olarak taşınması ile uzun mesafeli olarak da taşınabilmekte ve yeni coğrafi konumlara yayılabilmektedir (Mathre, 1982; Brunner ve ark., 2007; Topp ve ark., 2019). Fungusun eşeyli dönemi henüz bilinmemektedir. Bu nedenle askosporların uzun mesafeli dağılıma olasılığı da bulunmaktadır.

Genellikle herhangi bir fungal patojenin orjininin konukçu bitki orijini ile aynı olduğu düşünülmektedir ancak *Rhynchosporium commune*'nin orjininin, arpanın orijini olan Bereketli Hilal bölgesi değil kuzey Avrupa olduğu düşünülmektedir. Fungusun neolitik dönemden bu yana ticari arpa faaliyetleri ile güneye, Kuzey Amerika ve Avustralya'ya ardından tüm dünyaya yayıldığı düşünülmektedir (Brunner ve ark., 2007). Birçok genetik varyasyon çalışması da *Rhynchosporium commune*'nin orjininin kuzey Avrupa olduğunu destekler niteliktedir (Brunner ve ark., 2007; Zaffarano ve ark., 2009; Linde ve ark., 2009; Kiros-Meles ve ark., 2011; Seifollahi ve ark., 2018; Çelik Oğuz ve ark., 2021; Novakazi ve ark., 2021).

Hastalığın kontrolünde fungusit uygulanması, kültürel önlemler ve hastalığa dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi dahil olmak üzere entegre ve çok yönlü bir yaklaşım kullanılmalıdır (Stefansson ve ark., 2012; McLean ve Hollaway, 2018). Fungusitler, fungusit direncinin hızlı gelişimini sınırlamak için karışımlar halinde veya dönüşümlü olarak uygulanmalıdır (McDonald, 2015). Hastalığa dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi, *R. commune* kontrolü için sürdürülebilir ve çevreci bir strateji olarak karşımıza çıkmaktadır. Bununla birlikte, fungus popülasyonu hızla değişime uğrayabilmekte ve bu da dayanıklı çeşitlerin ve fungusitlerin birkaç yıllık ticari kullanımdan sonra etkisiz hale gelmesine neden olmaktadır (Avrova ve Knogge, 2012). Uzun vadede daha sürdürülebilir dayanıklılık hedefi, markör destekli seleksiyon yoluyla çok sayıda farklı direnç lokusunun (niteliksel ve niceliksel) belirlenmesi ve piramitlemesi yoluyla elde edilebilir.

Bu çalışma ile *R. commune* epidemiyolojisi ve konukçu dayanıklılığı özetlenmiştir.

***Rhynchosporium commune* Genetik Varyasyonu**

R. commune'un genetik yapısı üzerine yapılan araştırmalar, patojenin mikro ölçekte yüksek düzeyde genetik çeşitliliğe sahip olduğunu ortaya koymuştur (Linde ve ark., 2009; McDonald, 2015). Hatta Avrupa'da tek bir coğrafi konumdaki (tarladaki) genetik çeşitliliğin, Avrupa içindeki bir bölgedeki toplam genetik çeşitliliğin %70'inden fazla olduğu rapor edilmiştir (Zaffarano ve ark., 2006).

Türkiye arpanın önemli gen merkezlerinden birisidir (Kün, 1996). Ancak Zaffarano ve ark. (2006) ve Brunner ve ark. (2007), *R. commune*'nin, arpanın orijin merkezinde gelişmediğini belirtmişlerdir. Türkiye izolatları üzerinde yapılan bir *R. commune* çalışmasında düşük düzeyde genetik çeşitlilik rapor edilmiştir ve bu, *R. commune*'in orjininin arpanın orijini olan Bereketli Hilal olmadığı hipotezini desteklemektedir (Çelik Oğuz ve ark., 2021). Bu hipotez ayrıca Suriye, Ürdün ve İran'dan toplanan *R. commune* popülasyonlarının düşük genetik çeşitliliği tarafından da desteklenmiştir (Kiros-Meles ve ark., 2011; Seifollahi ve ark., 2018). Bununla birlikte, 15 yakın izojenik hattın oluşan farklı bir set üzerinde fenotiplenen 14 İzlanda *R. commune* izolatinın tümü,

benzersiz bir profil göstermiş ve Kuzeybatı Avrupa *R. commune* popülasyonlarının önemli genetik çeşitlilik içerdiğine işaret etmiştir (Novakazi ve ark., 2021). Bu çalışma ile birlikte incelenen diğer literatür (Rohe ve ark. 1995; Brunner ve ark. 2007; Zaffarano ve ark. 2009; Linde ve ark. 2009) çalışmaları da *R. commune* konukçu-patojen etkileşimlerinin Kuzeybatı Avrupa'da evrimleştiğini rapor etmişlerdir. Bu yüksek seviyedeki genetik çeşitlilik ile farklı arpa popülasyonlarında arpa yaprak lekesine karşı dayanıklılık kaynaklarının belirlenmesine ihtiyaç duyulmuştur (Clare ve ark., 2020).

Dünya çapındaki *R. commune* popülasyonlarındaki yüksek virülens varyasyonuna ilişkin raporlar, bu patojenin genetik ve fenotipik olarak oldukça çeşitli olduğunu göstermiştir (McDonald ve ark., 1999; Bouajila ve ark., 2007, 2010; Stefansson ve ark., 2012, 2014). *R. commune* popülasyonlarının genetik çeşitliliği, yeni fungusitlerin kullanılması gibi seçim baskılarına hızla yanıt vermesini sağlamaktadır. Benzimidazol grubu fungusitlere karşı popülasyon içinde hızlı ve yaygın direnç gelişimi rapor edilirken (Locke ve Phillips, 1995), Triazol grubu fungusitlere karşı direnç daha yavaş gelişmektedir (Cooke ve ark., 2004; Zhan ve ark., 2005). Bunun yanı sıra daha önce flusilazole, epoxiconazole ve tebuconazole maruz kalan popülasyonların, daha önce maruz kalmamış popülasyonlara göre 10 kat daha düşük duyarlılığa sahip olduğu görülmüştür (Robbertse ve ark., 2001; Cooke ve ark., 2004), CYP51 gen ailesindeki mutasyon ve varyasyon, çeşitli fungus türlerinde azol fungusit direncinde çok önemli bir rol oynamaktadır (Brunner ve ark., 2015). *R. commune*'de azol direncine katkıda bulunan CYP51 paralogu olan CYP51A tanımlanmıştır (Hawkins ve ark., 2014; Brunner ve ark., 2015; Mohd-Assaad ve ark., 2016). CYP51A, Yeni Zelanda ve İsviçre'deki azole dirençli *R. commune* popülasyonlarında tespit edilmiş, fungusit seçim baskısının *R. commune* popülasyonlarının evrimi üzerindeki etkisi ortaya konmuştur. CYP51A'nın küresel *R. commune* popülasyonlarındaki fungusit direnci varyasyonunun en önemli kaynağı olduğu düşünülmektedir (Mohd-Assaad ve ark., 2016).

Konukçu-Patojen Etkileşimleri

Arpa ülkemiz ve dünya için oldukça önemli bir serin iklim tahıdır (Taş ve Yürür, 2002). Arpada *R. commune* gelişimi: çimlenme (inokulasyondan yaklaşık 12 saat sonra meydana gelir), ardından penetrasyon (inokulasyondan yaklaşık 24 saat sonra), fungus biyokütlesinde yavaş bir artışla yaprak kolonizasyonu, ardından büyük bir büyüme ile biyokütle kazanımı (inokulasyondan yaklaşık 10 gün sonra) ve sporlanma üreten yoğun bir stromanın oluştuğu geç durağan faz olmak üzere dört aşamada gerçekleşmektedir (Ayesu-Offei ve Clare, 1970; Zhan ve ark., 2008; Siersleben ve ark., 2014). Etmen fungus konukçu epidermal hücrelerin üzerindeki kütiküle nüfuz eden vejetatif hiflerden konidiler üretmektedir (Avrova ve Knogge, 2012). Konidinin çim tüpü oluşumundan ve kütiküle penetrasyonundan sonra, ince hifler esas olarak yaprak boyunca uzunlamasına büyür (Thirugnanasambandam ve ark., 2011). İnce hifler, arpa yaprağının dış epidermis hücre duvarlarının pektin açısından zengin tabakasında hızla büyüyerek makroseptomları oluşturur ve sporlar üretir (Walters ve ark., 2012). Yaprak yüzeyinde sporlanma sağlanması ile birlikte, sporlar ve miselyum yağmur sıçratması veya rüzgar yoluyla yakındaki bitkilere yayılır (Siersleben ve ark., 2014). Sporların çimlenmesi ve kütikül penetrasyonundan sonra, hassas genotiplerde yoğun miselyal büyümenin altında mezofil hücrelerinin ve daha fazla epidermal hücrenin çökmesine yol açarak tipik arpa yaprak lekeli hastalık belirtilerine yol açmaktadır (Lehnackers ve Knogge, 1990; Thirugnanasambandam ve ark., 2011). Bununla birlikte, *R. commune* fungusu konukçu bitki

içinde hastalık semptomları ortaya çıkmadan geliştiği semptomsuz enfeksiyonlar da gösterebilmektedir (Walters ve ark., 2012).

Patojendeki avirülans efektörleri ve konukçuda karşılık gelen dayanıklılık genleri arasındaki gene karşı gen etkileşiminin meydana geldiği düşünülmektedir (Barua ve ark., 1993). Patojenin yeni dayanıklılık genleri olan çeşitleri tanılaması ve bu çeşitleri birkaç sezon içinde enfekte edebilmesi mümkündür. Wevelsiep ve ark. (1993) *R. commune*'deki ince hif oluşturma aşamasında önemli olan nekroza neden olan üç protein (Necrosis inducing protein; NIP1, NIP2 ve NIP3) belirlemişlerdir. Kirsten ve ark. (2012), tarafından yapılan analizde NIP1 transkriptlerinin sporlarda mevcut olduğunu, NIP2 ve NIP3 transkriptlerinin ise konukçu bitkilerin inokulasyonundan sonra sentezlediği rapor edilmiştir.

NIP1 hem bir efektör hem de bir indükleyici olarak işlev görmektedir (Wevelsiep ve ark., 1993). Ayrıca, Hahn ve ark. (1993), NIP1'in arpada yaprak nekrozunu kolaylaştırmakla kalmayıp, aynı zamanda dayanıklılık geni *Rrs1*'in reaksiyonlarını da indüklediğini göstermiştir. NIP1 proteini, avirülans geni *AvrRrs1*'in (Rohe ve ark., 1995) ürünüdür ve *Rrs1* arpa bitkilerinin yapraklarında patogenez ile ilgili 10 geninin ifadesini indüklemektedir. (Steiner-Lange ve ark., 2003). *Rrs1* ile tetiklenen dayanıklılığın ana faktörünün bitkinin savunma reaksiyonunu aktive eden bir reseptör ile NIP1 etkileşiminin tanınmasıdır (Schurch ve ark., 2004). Bu, NIP genlerini ve patojenin küresel popülasyonları arasındaki varlıklarını, yokluklarını veya değiştirilmiş durumlarını, dayanıklılık geni etkinliğinin potansiyel bir belirleyicisi yapar. İşlevsel bir NIP1 geni taşıyan izolatlar, NIP1'in işlevsel olmadığı veya eksik olduğu izolatlardan önemli ölçüde daha yüksek virülans göstermiştir (Stefansson ve ark., 2014; Mohd-Assaad ve ark., 2019).

Mohd-Assaad ve ark. (2019), yaptıkları çalışmada neredeyse tüm *Rhynchosporium* türlerinde NIP1A ve NIP1B olarak adlandırılan iki farklı NIP1 paralogu tanımlamışlardır. NIP1'in yaygın olarak bildirilen paralogu olan NIP1A'nın konukçu reseptörleri ile birlikte gelişen baskın efektör olduğu belirlenmiş ve virülens konusunda NIP1B'den daha önemli bir etkiye sahip olduğu bulunmuştur. NIP2 ve NIP3 proteinlerinin patojen için oldukça önemli olduğu düşünülmektedir (Stefansson ve ark., 2014). NIP2 ve NIP3 arpada nekrozu indüklemektedir, ancak uyarıcı olarak hiçbir işlevi yoktur (Hahn ve ark., 1993). NIP1, NIP2 ve NIP3 proteinleri, enfeksiyonun erken büyüme aşamalarında, fungus hifleri yoğun subkutiküler stroma büyümesinden önce yayıldığında işlevsel olarak önemlidir. Bu proteinlerin üretimi, fungus biyokütlesi hızla arttığından önemli ölçüde azaldığından dolayı fungus virülensi üzerine erken dönemde etki edebildiği düşünülmektedir (Schurch ve ark., 2004).

Arpa Yaprak Lekesi Hastalığı Dayanıklılığında Rol Oynayan Genler

R. commune başlangıçta *R. secalis* olarak sınıflandırıldığından, gen tanımlamaları *Rhynchosporium secalis*'e karşı Reaksiyon/Dayanıklılık durumunu temsil eden *Rrs* terminolojisini takip etmektedir (Bjørnstad ve ark., 2002).

Arpa genomunda *R. commune* dayanıklılığına yönelik genler ve QTL'ler tanımlanmıştır. Bununla birlikte, bazı lokuslar tekrar tekrar dayanıklılık ile bağlantılı bulunarak modern arpa germplazmında dayanıklılık için sınırlı genetik çeşitlilik gözlenmiştir. Son 20 yılda, arpa germplazmındaki *R. commune* dayanıklılığının genetik mimarisi hakkındaki bilgileri ortaya çıkarmak ve markör destekli dayanıklılık ıslahına yönelik hedefleri

keşfetmek için QTL analizi kullanılmıştır. Arpa yaprak lekeli hastalığına karşı dayanıklılıkta Rrs1 ve Rrs2 lokuslarının önemi (ve dolayısıyla sık seçimi), doğal koşullar altında ve kontrollü ortamlardaki spesifik izolat/izolatlar kullanılarak bir dizi genotip veya duble haploid popülasyon üzerinde rapor edilmiştir (Zhang ve ark., 2020).

Hastalığa karşı genetik dayanıklılığı destekleyen fizyolojik mekanizmalar konusunda bilgiler oldukça sınırlıdır. Rrs1 dayanıklılık geninin enfeksiyon sürecinde *R. commune* büyümesini kısıtlamak için subkutiküler stroma oluşumunu önlediği rapor edilmiştir (Lehnackers ve Knogge, 1990). Buna karşılık, Rrs2 lokusunu taşıyan her ikisi de dayanıklı çeşitler olan Digger (İngiltere'den) ve Osiris (Cezayir'den), enfeksiyon sürecinde hücre duvarlarında daha büyük papilla ve hale oluşumu göstermiştir (Jørgensen ve ark., 1993).

Rrs1, Rrs2, Rrs3, Rrs4, Rrs12, Rrs13, Rrs14, Rrs15, Rrs16, Rrs17 ve Rrs18 gen isimlendirmeleri altında toplam on bir ana Rrs geni haritalanmıştır (Bjørnstad ve ark., 2002; Zhang ve ark., 2020). Looseley ve ark. (2012), semptomsuz yapraklarda da *R. commune* miktarına bağlı olarak QTL'ler tespit etmiştir.

1H kromozomunda Rrs14, 2H kromozomunda Rrs17, 3H kromozomunda Rrs1 ve Rrs4, 4H kromozomunda Rrs3 ve Rrs16, 6H kromozomunda Rrs13 ve 7H kromozomunda Rrs2, Rrs12 ve Rrs15 olmak üzere majör dayanıklılık genleri belirlenmiştir (Bjørnstad ve ark., 2002; Zhang ve ark., 2020). 5H kromozomu üzerinde majör dayanıklılık geni belirlenmemiştir ancak bu kromozom üzerinde minör etkili QTL'ler haritalanmıştır (Looseley ve ark., 2012; Coulter ve ark., 2019; Zantinge ve ark., 2019). 6H kromozomu üzerinde tanımlanan (Hofmann, 2015) ve doğrulanan (Coulter ve ark., 2019) Rrs18 dayanıklılık geni en son tanımlanan dayanıklılık genidir. Rrs genlerinin birçoğu yerel arpa çeşitlerinden türetilmiştir (Bjørnstad ve ark., 2004; Hofmann ve ark., 2013) Rrs1 lokusu için farklı çalışmalarla birçok allel bildirilmiştir (Dyck ve Schaller, 1961; Baker ve Larter, 1963; Habgood ve Hayes, 1971; Hansen ve Magnus, 1973; Bockelman ve ark., 1977; Bjørnstad ve ark., 2002; Read ve ark., 2003; Genger ve ark., 2005; Hofmann ve ark., 2013). 3H kromozomunda bulunan bu lokus daha önce haritalanan Rh, Rh1, Rh3, Rh4 ve Rh7 lokuslarını kapsamaktadır (Bjørnstad ve ark., 2002).

Rrs1 (Rh4 tipi), La Mesita, Trebi, Osiris, CIho3515 çeşitlerinde ve İspanyol yerel çeşitleri SBCC145 ve SBCC154'de tanımlanmıştır. Rrs1'e benzer bir alel olan Rh42, Modoc çeşidi üzerinde tanımlanmış ve Turk ve Atlas46 çeşitlerinden Rrs1 (Rh42 tipi) ile yakından bağlantılı başka bir dayanıklılık aleli olan Rrs1 (Rh3 tipi) tanımlanmıştır (Dyck ve Schaller, 1961; Hofmann ve ark., 2013).

Avustralya arpa genotipleri fide dönemi testleri ile 11 *R. commune* izolatına karşı değerlendirilmiş ve "Yerong" çeşidi "Turk" çeşidinden (Rrs1 (Rh3 tipi)) farklı bir dayanıklılık göstermiştir (Zhang, 2019)

Rrs1 (Rh4 tipi), chr3H_490253069 için yeni tanımlanan teşhis belirteci ile psödomoleküller Morex v. 2.0 2019 (Looseley ve ark., 2020) kullanılarak 3H kromozomu üzerinde 446,9 Mb olarak haritalanmıştır. Bu markör chr3H_490253069, Rrs1 lokusunda Rrs1'i (Rh4 tipi) diğer genlerden veya alellerden (dayanıklılık ve duyarlılık için) ayırt edebilmektedir. Dayanıklı Rrs1 (Rh4 tipi) SBCC145, SBCC154, CIho3515 ve Retriever arpa genotiplerinde tanımlanmıştır. Armelle (Rh tipi), Atlas 46 (Rh3 tipi), Abyssinian, CIho11549, Steudelli ve Triton (Rh tipi) çeşitlerinde Rrs1 (Rh4) lokusu içermedikleri, ancak başka bir Rrs1 aleline sahip oldukları bildirilmiştir. Looseley ve ark. (2020) ayrıca Suriye ve Ürdün yerel arpa çeşitleri koleksiyonu kullanarak Rrs1 (Rh4 tipi) için

moleküler markörler geliştirmiştir. Bunun yanı sıra, Birleşik Krallık arpa genotiplerinde Rrs1 (Rh4 tipi) lokusunun nispeten az sayıda genotipte olduğunu varsaymış ve bu lokusu içeren 25 çeşitten oluşan bir liste de sunmuştur.

4H kromozomu üzerinde Rrs16 lokusu kültür arpası ve *Hordeum bulbosum* melezlemesinden elde edilmiştir (Pickering ve ark., 2006). Vlamingh çeşidinin Rrs16 lokusunu içerdiği rapor edilmiştir (Wang ve ark., 2014). Rrs13, kromozom 6H üzerinde bulunmaktadır. İlgili lokus *H. spontaneum* melezlemesi üzerinden haritalandırılmıştır (Abbott ve ark.,1995; Genger ve ark., 2003a) ve Avustralya çeşidi Tantangera Rrs13 kaynağı olarak kullanılmaktadır (Read ve ark., 1998).

Atlas çeşidinde 7H üzerinde bulunan Rrs2 lokusu haritalanmıştır. Rrs2 dayanıklılık lokusu çoğu *R. commune* izolatına etkili ve dünya çapında arpa ıslah programlarında önemli bir yeri vardır (Hanemann ve ark., 2009).

Arpa yaprak lekesine dayanıklılıkta tespit edilen QTL'lerin bağlı olduğu kromozomlar ve dayanıklılık kaynakları Zhang ve ark. (2020) tarafından listelenmiştir.

Rrs5, rrs6, rrs7, rrs8, Rrs9, Rrs10 ve rrs11 lokusları ise haritalanmamıştır (Chelkowski ve ark., 2003). Çünkü bu lokusların daha önce bahsedilen Rrs lokuslarının alellerini temsil ediyor olabileceği düşünülmektedir. Bu nedenle, Rrs lokuslarının numaralandırılması, terminoloji değişiklikleri, bahsedilen haritalanmamış Rrs lokusları ve Rrs3'ün Morex'in arpa referans genomuna bağlı kalmaması nedeni ile kesin ve sıralı düzene sahip değildir (Zhang ve ark., 2020).

Rrs1, sentromerik bir bölgede karmaşık bir lokustur (Büttner ve ark., 2020; Zhang ve ark., 2020). Morex genom dizilimi 2. versiyonunda, 429 ila 503 Mb'yi kapsayan kromozom 3HL'nin sentromerik bölgesindeki Rrs1 lokusunda bildirilen 27 majör veya minör QTL ve tespit edilen iki ek lokus, ilgili lokustaki karmaşıklığı daha da arttırmaktadır (Zhang ve ark., 2020). Kromozom 6HL'nin sentromerik bölgesinde bulunan ve arpa ağ benek hastalığı ağ formu etmeni *Pyrenophora teres* f. *teres*'e dayanıklılık ve duyarlılık kazandıran Rpt5/Spt1 lokusu ile benzerlikler göstermektedir (Richards ve ark., 2016; Clare ve ark., 2020). *R. commune* efektör geni NIP1'in de Rrs1 ile etkileşime girdiği bildirilmiştir (Schürch ve ark., 2004) ve *R. commune* içindeki türe özgü efektörlerin biyotrofik fazını uzattığı ve nekrotrofik fazı ise kısalttığına inanılmaktadır (Penselin ve ark., 2016).

Gen ekspresyonunun patojenik funguslarda nekrotrofik oluşum için bazal savunma transkriptlerini etkileyebileceği gözlemlenmiştir. WI2291 enziminin arpa-*R. commune* etkileşiminde daha fazla geni aktive ettiği rapor edilmiştir (Shoaib ve ark., 2018)

Cüceleşme genine sahip yatmaya meyilli bitkilerin yağmur sıçramaları ile hastalık bulaşmasına karşı daha duyarlı olduğu rapor edilmiştir. Büyüme alışkanlıkları ve arpa yaprak lekesi dayanıklılığı arasındaki olası bir pleiotropik (çoklu fenotipik) etkileşimi araştırmak için bazı popülasyonlar (ayrıca SBCC145 Beatrix için 3 HL'de bulunan bir segregating bodurlaşma geni) test edilmiştir, ancak arpa yaprak lekesi dayanıklılığı üzerinde hiçbir etkisi bulunmamıştır (Ponce-Molina, 2012).

Arpa Yaparak Lekesi Dayanıklılığında Rol Oynayan Genlerin Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler

Tarihsel olarak, QTL'ler, iki ebeveynli haritalama popülasyonlarının analizi yoluyla tanımlanmıştır. Bu yöntem, nadir alellere sahip büyük etkili QTL'leri saptamak için kullanışlı olup arpa yaprak lekesi hastalığı dayanıklılığı

için markör destekli ıslah için önemli bir araç olmuştur (Lorenz ve ark., 2011). Bununla birlikte, yeni dayanıklılık kaynaklarını ortaya çıkarmak amacıyla, genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS) ve genomik seçim dahil olmak üzere diğer yaklaşımlar kullanılmaktadır.

GWAS, çeşitli germplazm setleri kullanarak hedef özelliklerle ilişkili lokusları tespit edebilmektedir. Bu, yalnızca iki ebeveyn arasında ayrılan alellerin değerlendirilebildiği duble haploid popülasyonlara kıyasla daha fazla alellik çeşitlilik sağlayabilmekte (Zhu ve ark., 2008) ve daha yüksek haritalama çözünürlükleri elde edilmektedir (Boyd ve ark., 2013). Bununla birlikte, GWAS'ın genellikle çok nadir alelleri veya küçük etki boyutlarına sahip alelleri tespit etme gücü sınırlıdır. Örnek boyutunu artırmak, ilişkilendirme çalışmalarının gücünü artırabilmektedir (Korte ve Farlow, 2013).

Looseley ve ark. (2018) yaptıkları GWAS analizi ile Avrupa'daki doğal tarla koşulları altında Avrupa yazlık arpa germplazmında Rrs1 lokusunda en önemli ve etkili QTL'i rapor etmişlerdir. İlgili çalışmada, Rrs2 lokusunu taşıdığı bilinen çeşitleri incelemişler ancak tarlada koşullarında Rrs2 lokusunda hiçbir QTL saptanmamıştır. Buna karşılık, Etiyopya, ICARDA ve ABD'den alınan arpa genotipleri kullanılarak Etiyopya'da gerçekleştirilmiş olan başka bir GWAS analizinde 1H ve 5H kromozomlarında arpa yaprak lekesi hastalığı dayanıklılığı için yeni QTL'ler de tanımlanmış ve 7H kromozomunda iki büyük etkili QTL saptamıştır (Daba ve ark., 2019). Sonuçlar yine arpada arpa yaprak lekesi dayanıklılığının genetik mimarisinin karmaşık olduğunu ve dayanıklılık genlerinin çevresel etkilere bağlı olarak değiştiğini göstermektedir.

Araştırmacılar arpa kromozomlarında keşfedilen dayanıklılık lokuslarına ait markörler geliştirmiş ve bu markörler dayanıklı bitkileri hassas bitkilerden farklı derecelerde ayırt edebilmişlerdir. 2H ve 3H kromozomlarında, Basit Dizi Tekrarı (SSR) markörleri HVM54, Bmac0093b, HVLTPP8, HVM62 ve Bmag0006, *R. commune* için kantitatif özellik lokusları (QTL'ler) olduğunu göstermiştir. 3H kromozomu çeşitli kollarında bulunan HVS3-SCAR, Bmag0006-SSR ve Ebmac0871-SSR markörlerinin (HVS3 ve Bmag0006, 3H'nin uzun kolunda, Ebmac871 ise kısa kolunda lokalize olmuştur), Rrs1 dayanıklılık gen(ler)ini tanılamada kullanılabileceği rapor edilmiştir (Sayed ve Baum, 2018). Ayrıca Hofmann ve ark. (2013) İspanyol yerel arpa çeşitlerinden ürettiği double haploid popülasyonda Rrs1 dayanıklılık geni üzerinde çalışmış ve bu bölge için BOPA1 markörlerinden CAPS markörleri (11_00101, 11_08231, 11_0205, 11_0315, 11_1476) türetmişlerdir.

Genomik seçim, genomik tahmin edilen ıslah değerlerini (GEBV'ler) modellemek için tüm genom işaretleyici profillerindeki ilişkinin işaret ölçülerini kullanmaktadır (Meuwissen ve ark., 2001; de los Campos ve ark., 2013; Habier ve ark., 2013). Fenotipli hatlardan oluşan bir popülasyon, fenotipsiz hatlarla birlikte genotiplenir ve yalnızca fenotipli hatların genotipli hatlarla ilişkisi GEBV'leri modellemek için kullanılır (Heffner ve ark., 2011; Lorenz ve ark., 2011). Fusarium başak yanıklığı dayanıklılığı dahil olmak üzere diğer arpa hastalıklarına genomik seleksiyon yöntemleri uygulanmıştır (Lorenz ve ark., 2012; Sallam ve ark., 2015). Doğru fenotipleme, ıslah programlarında hastalık direnci gibi karmaşık özellikler için zaman zaman zordur (Cooper ve ark., 2014; Zhang ve ark., 2017). Fenotipsiz hatlar için GEBV'lerin modellenmesi yoluyla, genomik seçim, çoklu direnç lokusları için daha hızlı ve ucuz seçim sağlayabilmektedir (de los Campos ve ark., 2013; Desta ve Ortiz, 2014), Dolayısıyla genomik seçim hastalık direnci özelliklerinin genetik kazanım oranını artırabilir (Lorenz ve ark., 2011).

Yerel ve Yabani Arpa Çeşitlerinde *R. commune* Dayanıklılığı

Kültür arpasının yabani akrabaları, özellikle *H. spontaneum* ve *H. bulbosum*, arpa yaprak lekesi dayanıklılığı için önemli genetik kaynaklardır ve ıslah çalışmaları ile kültür arpasının genetik temelini genişletebilir. Rrs genlerinin birçoğu yerel çeşitlerden türetilmiştir (Bjørnstad ve ark., 2004; Hofmann ve ark., 2013). Rrs1 lokusunda yer alan *H. spontaneum*'da keşfedilen arpa yaprak lekesi dayanıklılık QTL'leri kültür arpasında da tanımlanmıştır (Genger ve ark., 2003a, 2003b; von Korff ve ark., 2005). *H. spontaneum* kaynaklı arpa yaprak lekesi dayanıklılık lokusu, Rrs12 (muhtemelen Rrs2'nin farklı aleli) (Abbott ve ark., 1992; Genger ve ark., 2005) ve Rrs15 (Genger ve ark., 2005) 7H kromozomu üzerine; Rrs13, 6H kromozomu üzerine (Abbott ve ark., 1995); Rrs14, 1H kromozomu üzerine (Garvin ve ark., 2000) haritalanmıştır. *H. bulbosum* kaynaklı arpa yaprak lekesi dayanıklılık lokusu Rrs16, 4H kromozomunda tanımlanmıştır (Pickering ve ark., 2006). Bu beş lokus, dayanıklılık genlerinin introgresyonu ve piramidi için değerli kaynaklar sağlamaktadır. Yabani ve kültür arpasının QTL'leri arasındaki alellik farklılıklarını araştırmak için daha ileri çalışmalar yürütülmesi gereklidir.

Alman 'Barke' hattına çaprazlanmış HEB-25 yabani arpa popülasyonunda iç içe geçmiş ilişkilendirme haritalaması kullanılmış ve sekiz lokus tanımlanmıştır (Büttner ve ark., 2020). Bunun yanı sıra, *R. commune*'un orijininin Kuzeybatı Avrupa olduğundan kullanılan İskandinavya ve diğer kuzey Avrupa yerel arpa çeşitlerinin arpa yaprak lekesi dayanıklılık kaynağı olduğuna inanılmaktadır. İskoç arpasının "Bere" popülasyonu bu konuda iyi bir adaydır (McDonald, 2015). "Bere" arpa popülasyonu içindeki ilişkilendirme haritalaması da sekiz lokusu tanımlamıştır. *R. commune* izolatlarının çoğu için, "Bere" çeşidi dayanıklı bulunmuştur (Cope ve ark., 2021).

Farklı bilim adamları yerel arpa çeşitlerinin arpa yaprak lekesi hastalığına karşı yetişkin bitki dayanıklılığı ve fide dayanıklılığı konusunda hem fikirdir. İlk olarak Johnson ve Mackie (1920) tarafından bildirilen dayanıklılık daha sonra çoklu dayanıklı arpa türleri tanımlanmış ve ıslah programlarında kullanılmıştır. Örneğin, "Turk" çeşidinden önemli bir dayanıklılık geninin eklenmesiyle geliştirilen ilk çeşit, "Atlas 46" dir (Riddle ve Suneson, 1948; Riddle ve Briggs, 1950).

Günümüze kadar arpa bitkisinde 150'den fazla dayanıklılık lokusu karakterize edilmiştir. *R. commune* orjininin Kuzey Avrupa olduğu ve buradan dünyaya yayıldığı düşünüldüğünde, Avrupa germplazmı, *R. commune* dayanıklılığını taramak için kullanılan birincil kaynak olmuştur ve yabani arpa (*H. spontaneum*), yerel arpa çeşitleri ise yeterince kullanılmamıştır. Türkiye'den 94 yabani arpa ve 188 yerel arpa çeşidinden oluşan bir popülasyon, PCR-GBS ampikon dizileme kullanılarak genotiplenmiş ve altı Türk *R. commune* izolatu ile taranmıştır. Çalışma sonucunda 12'si yeni olmak üzere toplam 21 lokusla ilişkilendirme-haritalama analizi yapılmıştır. İlgili çalışma birincil arpa gen havuzlarının, dayanıklılık ıslahı için kullanılabilir çok sayıda yeni *R. commune* dayanıklılık kaynağı içerdiğini göstermiştir (Clare ve ark., 2023).

Yabani arpa (*H. spontaneum*), yerel arpa çeşitleriyle karşılaştırıldığında, arpa yaprak lekesi hastalığına karşı yüksek bir potansiyele sahiptir. Yerel çeşitlerin yalnızca %0,5'i altı *R. commune* izolatına dayanıklı bulunurken, *H. spontaneum* genotiplerinin %26'sı test edilen tüm izolatlara dayanıklı bulunmuştur (Azamparsa ve ark., 2019). Silvar ve ark. (2010), İspanyol arpa yerel çeşitlerinin ana grubundan türetilen 159 hattı test etmiş ve %26'sının arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklı olduğunu bulmuşlardır. Benzer şekilde Türkiye'den 198 yerel

arpa çeşidinin, 104 yabancı arpa çeşidinin 6 adet *R. commune* izolatu ile fide dönemi dayanıklılığının test edildiği çalışmada yalnızca 1 adet yerel arpa çeşidi izolatlarının tümüne dayanıklılık gösterirken, 27 adet *H. spontaneum* genotipi izolatların tümüne dayanıklı bulunmuştur (Azamparsa ve ark., 2019). Rehman ve ark. (2021) Fas'ta ICARDA gen bankasından temin edilen *H. spontaneum* örneklerinin (%66) arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı olduğunu bulmuşlardır. Yine başka bir çalışma ile İspanya'da *H. spontaneum* genotiplerinin yaklaşık %71.6'sının arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı olduğu ileri sürülmüştür.

Etiyopya yerel çeşitlerinin ve genotiplerinin arpa yaprak lekeli hastalığına karşı dayanıklı olduğu ortaya koyulmuştur (Yitbarek, 1998; Gyawali, 2018). Ayrıca, Suriye ve Ürdün yerel çeşitlerinden elde edilen yerel çeşitlerin %13'ü (Van Leur ve ark., 1989) ve İspanyol arpa koleksiyonundaki örneklerin %26'sı arpa yaprak lekeli hastalığına karşı dayanıklı bulunmuştur (Silvar ve ark., 2010).

Van Leur ve ark. (1989) Suriye ve Ürdün'ün çeşitli bölgelerinden toplanan yerel arpa çeşitlerinden üretilen 100 hattan oluşan arpa setinin %13'ünün arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı olduğunu bulmuşlardır. Yerel çeşitler ve toplama alanları arasındaki yüksek heterojenliğin yanı sıra daha soğuk bölgelerden daha yüksek oranda dayanıklı genotipler tespit edilmiştir.

Ülkemizde *R. commune* Konukçu Dayanıklılığı Üzerine Yapılan Çalışmalar

Türkiye'de ilk kez Bremer ve arkadaşlarınca tespit edilen arpa ağ benek hastalığı oldukça yaygındır (Göbelez, 1964; Karakaya ve ark., 2014; Özdemir ve ark., 2017). Damgacı (1981), 1980'de Orta Anadolu bölgesinde yaptığı surveylerde bölgede arpa yaprak lekeli hastalığının sapa kalkma ve süt olum dönemlerindeki bulaşıklık oranı ve şiddetinin sırasıyla % 64,5 ve % 5,6 ve % 49,7 ve % 1,89 olduğunu ve bazı tarlalarda hastalık şiddetinin sırasıyla % 17,7 ve % 12,5'e kadar çıkabildiğini rapor etmiştir Aktaş (1984), bu hastalığın ülkemizde yaygın olduğunu, Orta Anadolu Bölgesinde bazı yıllarda büyük kayıplara neden olduğunu bildirmiş ve Mamluk ve ark., (1997) tarafından Orta Anadolu'da yapılan surveylerde 1993 yılında gözlenen tarlaların yarısından fazlasında arpa yaprak lekeli görüldüğünü belirlemişlerdir.

Mert ve Karakaya (2004)'nın sera koşullarında 37 çeşit ve iki aday arpa hattının *Rhynchosporium secalis*'in beş izolatu ve bu izolatlardan oluşan karışımına karşı test edildiği çalışmada, yedi çeşit (Erginel 90, Şahin 91, Kral 97, Akhisar 98, Çetin 2000, Çumra 2001, Avcı 2002) ve bir aday hattın (aday 4) dayanıklı olduğu bulunmuştur.

Düşünceli ve ark. (2008), 36 arpa çeşidi ve 683 arpa genotipi *R.secalis*'e karşı sera (fide) ve tarla (yetişkin bitki) koşullarında incelenmiştir. Test edilen 683 arpa genotipinin sırasıyla %44'ü ve %39'u fide ve yetişkin bitki aşamasında orta derecede dirençli bulunmuştur. Çetin 2000, Avcı 2002, Erginel 90, Kırıl 97, Kaya 7794, Akhisar 98, Zafer 160 ve Yeşilköy 387 çeşitleri hem sera hem de tarla koşullarında dayanıklı bulunmuştur. Çıldır 02, Vamıkhoca ve Quantum çeşitleri sera koşullarında hassas iken, tarla koşullarında dayanıklı bulunmuşlardır.

Azamparsa ve ark. (2019)'nın 198 yerel arpa çeşidinin, 104 yabancı arpa çeşidinin 6 adet *R. commune* izolatu ile fide dönemi dayanıklılığının test edildiği çalışmalarında, *R. commune* izolatları arasında virülans farklılıkları gözlenmiştir. Altı sıralı bir yerel arpa çeşidi (Yeşilköy 9052) altı izolatu hepsine karşı dayanıklı bulunmuştur.

Başka bir altı sıralı arpa genotipi (genotip no.17) 5 izolata dayanıklı reaksiyon göstermiştir. Yirmiyedi adet *H. spontaneum* genotipi altı *R. commune* izolatatının hepsine dayanıklı bulunmuştur.

Azamparsa ve Karakaya (2020), *R. commune*'nin patotiplerini belirledikleri çalışmada 17 arpa genotipinden oluşan arpa ayırıcı test çeşidi üzerinde 30 adet patotip belirlemişlerdir. Jet ve Abyssinia çeşitleri en dayanıklı genotipler olarak bulunurken, Digger ve Steudelli genotipleri en hassas genotipler olarak bulunmuştur. İki hassas kontrol genotip Bülbül 89 ve Efes genotipleri Patotiplerin %93'üne hassas reaksiyon göstermiştir. Türkiye'nin bazı arpa yetiştirilen bölgelerinden elde edilen Türk *R. commune* izolatları arasında önemli farklılıklar olduğu görülmektedir.

Hekimhan ve ark. (2021), Türkiye'de yetiştirilen bazı arpa çeşitleri (63 adet) ve Eskişehir Geçit Kuşağı Tarımsal Araştırma Enstitüsü'ne ait ileri kademe arpa hatlarını (46 adet) tarla koşullarında *R. commune*'ye karşı test etmişlerdir. Çeşitlerden %2'si çok dayanıklı, %8'i dayanıklı, %33'ü hassas ve %13'ü çok hassas bulunmuştur. Verim kademesindeki hatlardan ise %12'si dayanıklı, %55'i orta dayanıklı, %33'ü hassas olarak belirlenmiştir.

Ülkemizden *R. commune* hakkında rapor edilen ilk ve tek moleküler haritalama çalışması Clare ve ark. (2023) tarafından yapılmış olup, Türkiye'den 94 yabancı arpa ve 188 yerel arpa çeşidinden oluşan bir popülasyon PCR-GBS amplikon dizileme tekniği kullanılarak genotiplenmiş ve altı Türk *R. commune* izolatu ile fenotiplendirilmiştir. Çalışma sonucunda 12'si yeni olmak üzere toplam 21 lokusla ilişkilendirme-haritalama analizi yapılmıştır. İlgili çalışma birincil arpa gen havuzlarının, dayanıklılık ıslahı için kullanılabilir çok sayıda yeni *R. commune* dayanıklılık kaynağı içerdiğini göstermiştir.

Sonuç

Yapılan çalışmalar ile tespit edilen QTL'lerin fiziksel konumlarını anlamamız haritalama çalışmaları arasında QTL sonuçlarını karşılaştırmamıza olanak tanımaktadır. Gelecekteki küresel arpa ıslah çalışmalarında arpa yaprak lekeli dayanıklılığının iyileştirilmesi açısından oldukça önemlidir. Özellikle gelişmekte olan ülkelerdeki arpa yetiştiricileri, arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı arpa materyalleri geliştirmek zorundadır ayrıca *R. commune* çeşitliliği ve patotipleri moleküler seviyede incelenmelidir. Etmenin patojenite seviyeleri ve popülasyon çeşitliliği de konukçu dayanıklılığını araştırmak için kritik öneme sahiptir. Bunların yanı sıra toprak işleme, kompost, ürün rotasyonu, fungusit uygulama zamanı, arpa ekim zamanları ve çeşit karışımının hastalık şiddeti üzerindeki etkileri saptanmıştır. Hastalık tohum ile de taşınabildiğinden tohum ticareti konusunda da dikkat edilmesi gereklidir. Arpa yaprak lekeli dayanıklı çeşitlerin kullanılması, *R. commune* patojen popülasyonlarının izlenmesi küresel olarak pestisit uygulamalarının sayısında azalma sağlayabilmekte ve bireysel dayanıklılık genlerinin ömrünü uzatabilmektedir. Bununla birlikte, *R. commune*, dayanıklılık genlerinin üstesinden gelmek için hızlı bir şekilde değişikliğe uğrayabilir. Bu nedenle, uzun vadede konukçu dayanıklılığının çok sayıda farklı direnç lokusunun (niteliksel ve niceliksel) belirlenmesi ve piramitlemesi yoluyla elde edilebileceği düşünülmektedir.

Teşekkür

Yapılan bu çalışma etik kurul izni gerektirmemektedir. Derleme, araştırma ve yayın etiğine uygun olarak hazırlanmıştır. Bu derleme, Doç. Dr. Arzu Çelik Oğuz danışmanlığında Şükriye Yıldırım'ın yüksek lisans seminerinden hazırlanmıştır. Yazarlar çalışmaya ortak katkı sağlamış olup yazarlar arasında herhangi bir çıkar çatışması bulunmamaktadır.

Kaynakça

- Abbott, D.C., Brown, A.H.D. and Burdon, J.J. 1992. Genes for scald-resistance from wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) and their linkage to isozyme markers. *Euphytica*, 225–231.
- Abbott, D.C., Lagudah, E.S. and Brown, A.H.D. 1995. Identification of RFLPs flanking a scald resistance gene on barley chromosome 6. *The Journal of Heredity*, 86: 152–154.
- Aktaş H. 1984. Spread of leaf spots in barley growing areas in Turkey. Proc. 6th Congr. Un. Phytopath. Mediterr. Cairo, Egypt. 338-441.
- Avrova, A. and Knogge, W. 2012. *Rhynchosporium commune*: a persistent threat to barley cultivation. *Molecular Plant Pathology*, 13: 986–997.
- Ayesu-Offei, E. and Clare, B. 1970. Processes in the infection of barley leaves by *Rhynchosporium secalis*. *Australian Journal of Biological Sciences*, 23: 300–308.
- Azamparsa, M. R. and Karakaya, A. 2020. Determination of the pathotypes of *Rhynchosporium commune* (Zaffarona, McDonald & Linde) in some regions of Turkey. *Plant Protection Bulletin*, 60 (3): 5-14.
- Azamparsa, M. R., Karakaya, A., Ergün, N., Sayim, I., Duran, R. M. and Özbek, K. 2019. Identification of barley landraces and wild barley (*Hordeum spontaneum*) genotypes resistant to *Rhynchosporium commune*. *Journal of Agricultural Sciences*, 25(4): 530-535.
- Baker, R.J. and Larter, E.N. 1963. The inheritance of scald resistance in barley. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 5: 445–449.
- Barua, U.M., Chalmers, K.J., Hackett, C.A., Thomas, W.T.B., Powell, W. and Waugh, R. 1993. Identification of RAPD markers linked to a *Rhynchosporium-secalis* resistance locus in barley using near-isogenic lines and bulked segregant analysis. *Heredity*, 71: 177–184.
- Bjørnstad, A., Grønnerød, S., Mac Key, J., Tekauz, A., Crossa, J. and Martens, H. 2004. Resistance to barley scald (*Rhynchosporium secalis*) in the Ethiopian donor lines 'Steudelli' and 'Jet', analyzed by partial least squares regression and interval mapping. *Hereditas*, 141(2): 166-179.
- Bjørnstad, A., Patil, V., Tekauz, A., Maroy, G., Skinnes, H. ve Jensen, A., Magnus, H. and Mackey, J. 2002. Resistance to scald (*Rhynchosporium secalis*) in barley (*Hordeum vulgare*) studied by near-isogenic lines: I. Markers and differential isolates. *Phytopathology*, 92: 710–720.

- Bockelman, H.E., Sharp, E.L. and Eslick, R.F. 1977. Trisomic analysis of genes for resistance to scald and net blotch in several barley cultivars. *Canadian Journal of Botany*, 55: 2142–2148.
- Bouajila, A., Abang, M.M., Haouas, S., Udupa, S., Rezgui, S. and Baum, M. 2007. Genetic diversity of *Rhynchosporium secalis* in Tunisia as revealed by pathotype, AFLP, and microsatellite analyses. *Mycopathologia*, 163: 281–294.
- Bouajila, A., Zoghalmi, N., Ghorbel, A., Rezgui, S. and Yahyaoui, A. 2010. Pathotype and microsatellite analyses reveal new sources of resistance to barley scald in Tunisia. *FEMS Microbiology Letters*, 305: 35–41.
- Boyd, L.A., Ridout, C., O'Sullivan, D.M., Leach, J.E. and Leung, H. 2013. Plant–pathogen interactions: disease resistance in modern agriculture. *Trends in Genetics*, 29: 233–240.
- Brunner, P.C., Schurch, S. and McDonald, B.A. 2007. The origin and colonization history of the barley scald pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Journal of Evolutionary Biology*, 20: 1311–1321.
- Brunner, P.C., Stefansson, T.S., Fountaine, J., Richina, V. and McDonald, B.A. 2015. A global analysis of CYP51 diversity and azole sensitivity in *Rhynchosporium commune*. *Phytopathology*, 106: 355–361.
- Büttner, B., Draba, V., Pillen, K., Schweizer, G. and Maurer, A. 2020. Identification of QTLs conferring resistance to scald (*Rhynchosporium commune*) in the barley nested association mapping population HEB-25. *BMC Genom*, 21: 1–12.
- Chelkowski, J., Tyrka, M. and Sobkiewicz, A. 2003. Resistance genes in barley (*Hordeum vulgare* L.) and their identification with molecular markers. *Journal of Applied Genetics*, 44(3): 291-310.
- Clare, S. J., Çelik Oğuz, A., Effertz, K., Karakaya, A., Azamparsa, M. R. and Brueggeman, R. S. 2023. Wild barley (*Hordeum spontaneum*) and landraces (*Hordeum vulgare*) from Turkey contain an abundance of novel *Rhynchosporium commune* resistance loci. *Theoretical and Applied Genetics*, 136(1): 1-14.
- Clare, S. J., Wyatt, N. A., Brueggeman, R. S. and Friesen, T. L. 2020. Research advances in the *Pyrenophora teres*–barley interaction. *Molecular plant pathology*, 21(2): 272-288.
- Cooke, L.R., Locke, T., Lockley, K.D., Phillips, A.N., Sadiq, M.D.S., Coll, R., Black, L., Taggart, P.J. and Mercer, P.C. 2004. The effect of fungicide programmes based on epoxiconazole on the control and DMI sensitivity of *Rhynchosporium secalis* in winter barley. *Crop Protection*, 23: 393–406.
- Cooper, M., Messina, C.D., Podlich, D., Totir, L.R., Baumgarten, A., Hausmann, N.J., Wright, D. and Graham, G. 2014. Predicting the future of plant breeding: complementing empirical evaluation with genetic prediction. *Crop and Pasture Science*, 65: 311–336.
- Cope, J.E., Norton, J., George, G.T.S. and Newton, A.C. 2021. Identifying potential novel resistance to the foliar disease ‘Scald’ (*Rhynchosporium commune*) in a population of Scottish Bere barley landrace (*Hordeum vulgare* L.). *Journal of Plant Diseases and Protection*, 128: 999–1012.

- Coulter, M., Büttner, B., Hofmann, K., Bayer, M., Ramsay, L., Schweizer, G., Waugh, R., Looseley, M. E. and Avrova. 2019. Characterisation of barley resistance to *Rhynchosporium* on chromosome 6HS. *Theoretical and Applied Genetics*, 132: 1089–1107.
- Crous, P. W., Braun, U., McDonald, B. A., Lennox, C. L., Edwards, J., Mann, R. C. and Groenewald, J. Z. 2021. Redefining genera of cereal pathogens: *Oculimacula*, *Rhynchosporium* and *Spermospora*. *Fungal systematics and evolution*, 7(1): 67-98.
- Çelik Oğuz, A., Ölmez, F., Karakaya, A. and Azamparsa, M. R. 2021. Genetic variation and mating type distribution of *Rhynchosporium commune* in Turkey. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 114: 101614.
- Daba, S.D., Horsley, R., Brueggeman, R., Chao, S. and Mohammadi, M. 2019. Genome-wide association studies and candidate gene identification for leaf scald and net blotch in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Plant Disease*, 103: 880–889.
- Damgacı, E. 1981. Orta Anadolu bölgesi arpa ekilişlerinde *Rhynchosporium* yaprak lekesi (*R. secalis* (Oud.) J. J. Davis) hastalığı üzerine araştırmalar. Zirai Mücadele Araştırma Yıllığı, 101-102.
- de los Campos, G., Hickey, J.M., Pong-Wong, R., Daetwyler, H.D. and Calus, M.P.L. 2013. Whole genome regression and prediction methods applied to plant and animal breeding. *Genetics*, 193: 327–345.
- Desta, Z.A. and Ortiz, R. 2014. Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. *Trends in Plant Science*, 19: 592–601.
- Döken, M. T. 1979. Erzurum'da arpadan izole edilen *Rhynchosporium secalis* (Oudem.) J. J. Davis'in morfolojisi, biyolojisi, zarar durumu ve savaş yöntemleri üzerinde araştırmalar. Doçentlik Tezi. Atatürk Üniv. Zir. Fak. Bitki Koruma Bölümü, Erzurum.
- Düşünceli, F., Çetin, L., Albustan, S., Mert, Z., Akan, K. and Karakaya, A. 2008. Determination of the reactions of some barley cultivars and genotypes to scald under greenhouse and field conditions. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 14 (1): 46-50.
- Dyck, P.L. and Schaller, C.W. 1961. Inheritance of resistance in barley to several physiologic races of the scald fungus. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 3, 153–164.
- Garvin, D.F., Brown, A.H.D., Raman, H. and Read, B.J. 2000. Genetic mapping of the barley Rrs14 scald resistance gene with RFLP, isozyme and seed storage protein markers. *Plant Breeding*, 119: 193–196.
- Genger, R.K., Williams, K.J., Raman, H., Read, B.J., Wallwork, H., Burdon, J.J. and Brown, A. H. D. 2003b. Leaf scald resistance genes in *Hordeum vulgare* and *Hordeum vulgare* ssp *spontaneum*: parallels between cultivated and wild barley. *Australian Journal of Agricultural Research*, 54: 1335–1342.
- Genger, R.K., Brown, A.H.D., Knogge, W., Nesbitt, K. and Burdon, J.J. 2003a. Development of SCAR markers linked to a scald resistance gene derived from wild barley. *Euphytica*, 134: 149–159.

- Genger, R.K., Nesbitt, K., Brown, A.H.D., Abbott, D.C. and Burdon, J.J. 2005. A novel barley scald resistance gene: genetic mapping of the Rrs15 scald resistance gene derived from wild barley, *Hordeum vulgare* ssp. spontaneum. *Plant Breeding*, 124: 137–141.
- Göbelez, M. 1964. La mycoflore de Turque II. *Mycopathologia Applicata*, 23 (1): 47-67.
- Gyawali, S. 2018. Genome wide association studies (GWAS) of spot blotch resistance at the seedling and the adult plant stages in a collection of spring barley. *Molecular Breeding*, 38.
- Habgood, R.M. and Hayes, J.D. 1971. The inheritance of resistance to *Rhynchosporium secalis* in barley. *Heredity*, 27: 25–37.
- Habier, D., Fernando, R.L. and Garrick, D.J. 2013. Genomic BLUP decoded: a look into the black box of genomic prediction. *Genetics*, 194: 597–607.
- Hahn, M., Jungling, S. and Knogge, W. 1993. Cultivar-specific elicitation of barley defense reactions by the phytotoxic peptide Nip1 from *Rhynchosporium secalis*. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 6: 745–754.
- Hanemann, A., Schweizer, G.F., Cossu, R., Wicker, T. and Roder, M.S. 2009. Fine mapping, physical mapping and development of diagnostic markers for the Rrs2 scald resistance gene in barley. *Theoretical and Applied Genetics*, 119: 1507–1522.
- Hansen, L.R. and Magnus, H.A. 1973. Virulence spectrum of *Rhynchosporium secalis* in Norway and sources of resistance in barley. *Journal of Phytopathology*, 76: 303–313.
- Hawkins, N.J., Cools, H.J., Sierotzki, H., Shaw, M.W., Knogge, W. Kelly, S.L., Kelly, D.E. and Fraaije, B. A. 2014. Paralog re-emergence: a novel, historically contingent mechanism in the evolution of antimicrobial resistance. *Molecular Biology and Evolution*, 31: 1793–1802.
- Heffner, E.L., Jannink, J.-L. and Sorrells, M.E. 2011. Genomic selection accuracy using multifamily prediction models in a wheat breeding program. *The Plant Genome*, 4: 65–75.
- Hekimhan, H., Büyük, O., Ünal F., Araz, A., Yorgancılar, A., Özkeskin, M. E., Torun, A., Yüksel, S., Çelik, E. ve Kaymak, S. 2021. Tarla koşullarında suni inokulasyon ile bazı arpa genotiplerinin *Rhynchosporium commune* (Zaffarano, Mc Donalds&Linde) arpa yaprak yanıklığı hastalığına karşı reaksiyonlarının belirlenmesi. *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 31(1): 47-60.
- Hofmann, K. 2015. Phenotypic assessment and genetic mapping of genes conferring resistance to leaf scald (*Rhynchosporium commune*) in barley (*Hordeum vulgare*). <http://geb.uni-giessen.de/geb/volltexte/2015/11816/>.
- Hofmann, K., Silvar, C., Casas, A.M., Herz, M., Buttner, B. and Gracia, M.P. 2013. Fine mapping of the Rrs1 resistance locus against scald in two large populations derived from Spanish barley landraces. *Theoretical and Applied Genetics*, 126: 3091–3102.
- Johnson, A.G. and Mackie, W.W. 1920. Evidence of disease resistance in barley to attacks of *Rhynchosporium*. *Phytopathology*, 10: 54.

- Jørgensen, L. Neergaard, D. and Smedegaard-Petersen, V. 1993. Histological examination of the interaction between *Rhynchosporium secalis* and susceptible and resistant cultivars of barley. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 42: 345–358.
- Karakaya, A., Mert, Z., Oguz, A.Ç., Azamparsa, M.R., Çelik, E., Akan, K. and Çetin, L. 2014. Current status of scald and net blotch diseases of barley in Turkey. pp 31. In: 1st International Workshop On Barley Leaf Diseases, Salsomaggiore Terme.03-06 June. Italy.
- Kavak, H. 1998. Şanlıurfa yöresinde ekimi yapılan bazı arpa çeşitlerinin arpa yaprak lekesine (*Rhynchosporium secalis* (Oudem.) J.J. Davis) karşı reaksiyonları ve hastalık şiddeti ile verim arasındaki ilişkinin belirlenmesi. Doktora tezi. Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü Bitki Koruma Ana Bilim Dalı. Tokat.
- Kiros-Meles, A., Gomez, D., McDonald, B.A., Yahyaoui, A. and Linde, C.C. 2011. Invasion of *Rhynchosporium commune* onto wild barley in the Middle East. *Biological Invasions*, 13: 321–330.
- Kirsten, S., Navarro-Quezada, A., Penselin, D., Wenzel, C., Matern, A.ve Leitner, A., Baum, T., Seiffert, U. and Knogge, W. 2012. Necrosis-inducing proteins of *Rhynchosporium commune*, effectors in quantitative disease resistance. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 25: 1314–1325.
- Korte, A. and Farlow, A. 2013. The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: a review. *Plant Methods*, 9: 29–29.
- Kün, E. 1996. Tahıllar-1 (Serin İklim Tahılları). Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Yayın No: 1451. Ankara.
- Lehnackers, H. and Knogge, W. 1990 Cytological studies on the infection of barley cultivars with known resistance genotypes by *Rhynchosporium secalis*. *Canadian Journal of Botany*, 68: 1953–1961.
- Linde, C.C., Zala, M. and McDonald, B.A. 2009. Molecular evidence for recent founder populations and human-mediated migration in the barley scald pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 51: 454–464.
- Linde, C.C., Smith, L. M. and Peakall, R. 2016. Weeds, as ancillary hosts, pose disproportionate risk for virulent pathogen transfer to crops. *BMC Evolutionary Biology*, 16:101.
- Locke, T. and Phillips, A. 1995. The occurrence of carbendazim resistance in *Rhynchosporium secalis* on winter barley in England and Wales in 1992 and 1993. *Plant Pathology*, 44: 294–300.
- Looseley, M. E., Newton, A. C., Atkins, S. D., Fitt, B. D., Fraaije, B. A., Thomas, W. T. B. and Harrap, D. 2012. Genetic basis of control of *Rhynchosporium secalis* infection and symptom expression in barley. *Euphytica*, 184: 47-56.
- Looseley, M.E., Griffe, L.L., Büttner, B., Wright, K.M., Bayer, M.M., Coulter, M., Thauvin, J.N., Middlefell-Williams, J., Maluk, M., Okpo, A., Kettles, N., Werner, P., Byrne, E. and Avrova, A. 2020. Characterisation of barley landraces from Syria and Jordan for resistance to *Rhynchosporium* and identification of diagnostic markers for Rrs1Rh4. *Theoretical and Applied Genetics*, 133: 1243–1264.

- Looseley, M.E., Griffé, L.L., Büttner, B., Wright, K.M., Middlefell-Williams, J., Bull, H. Shaw, P.D., Macaulay, M., Booth, A., Schweizer, G., Russell, J.R., Waugh, R., Thomas W.T.B. and Avrova, A. 2018. Resistance to *Rhynchosporium commune* in a collection of European spring barley germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 131: 2513–2528.
- Lorenz, A.J., Chao, S., Asoro, F.G., Heffner, E.L., Hayashi, T., Iwata, H. Smith, K.P., Sorrells, M. E. and Jannink, J. L. 2011. Genomic selection in plant breeding: knowledge and prospects. *Advances in Agronomy*, 110: 77–123.
- Lorenz, A.J., Smith, K.P. and Jannink, J.-L. 2012. Potential and optimization of genomic selection for fusarium head blight resistance in sixrow barley. *Crop Science*, 52:1609–1621.
- Mamluk, O. F., Çetin, L., Braun, H. J., Bolat, N., Bertschinger, L., Makkouk, K. M., Yıldırım, A. F., Saari, E., Zencirci, E., Albustan, N., Çalı, S., Beniwal, S. P., and Düşünceli., F. 1997. Current status of wheat and barley diseases in the Central Anatolian Plateau of Turkey. *Phytopathol. Med*, 36: 167–81.
- Mathre, D.E. 1982. Compendium of barley diseases. Aps Press.
- McDonald, B.A. 2015. How can research on pathogen population biology suggest disease management strategies? The example of barley scald (*Rhynchosporium commune*). *Plant Pathology*, 64: 1005–1013.
- McDonald, B.A., Zhan, J. and Burdon, J.J. 1999. Genetic structure of *Rhynchosporium secalis* in Australia. *Phytopathology*, 89: 639–645.
- McLean, M.S. and Hollaway, G.J. 2018. Suppression of scald and improvements in grain yield and quality of barley in response to fungicides and host-plant resistance. *Australasian Plant Pathology*, 47: 13–21.
- Mert, Z. and Karakaya, A. 2004. Assessment of the seedling reactions of Turkish barley cultivars to scald. *Journal of Phytopathology*, 152: 190-192.
- Mert, Z., Karakaya A., Çelik Oğuz, A., Azamparsa M.R., Ergün N. and Sayim, İ. 2014. Field Evaluation of Some Turkish Barley Landraces to Scald and Net Blotch of Barley. IWBLD – 1st International Workshop on Barley Leaf Diseases, 64-64.
- Meuwissen, T.H.E., Hayes, B.J. and Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157: 1819–1829.
- Mohd-Assaad, N., McDonald, B.A. and Croll, D. 2016. Multilocus resistance evolution to azole fungicides in fungal plant pathogen populations. *Molecular Ecology*, 25: 6124–6142.
- Mohd-Assaad, N., McDonald, B.A. and Croll, D. 2019. The emergence of the multi-species NIP1 effector in *Rhynchosporium* was accompanied by high rates of gene duplications and losses. *Environmental Microbiology*, 21: 2677–2695.
- Novakazi, F., Göransson, M., Stefánsson, T.S., Jalli, M. and Hallsson, J. H. 2021. Virulence of *Rhynchosporium commune* isolates collected in Iceland. *Journal of Plant Pathology*, 103: 935–942.
- Özdemir, H. Y., Karakaya, A. ve Çelik Oğuz, A. 2017. Kırıkkale ilinde buğday ve arpa ekim alanlarında görülen fungal yaprak hastalıklarının belirlenmesi. *Bitki Koruma Bülteni*, 57(2): 89-112.

- Penselin, D., Münsterkötter, M., Kirsten, S., Felder, M., Taudien, S., Platzer, M., Ashelford, K., Paskiewicz, K. H., Harrison, R. J., Hughes, D. J., Wolf, T., Shelest, E., Graap, J., Hoffmann, J., Wenzel, C., Wöltje, N., King, K. M., Fitt, B. D. L., Güldener, U., Avrova, A. and Knogge, W. 2016. Comparative genomics to explore phylogenetic relationship, cryptic sexual potential and host specificity of *Rhynchosporium species* on grasses. *BMC Genomics*, 17: 953.
- Pickering, R., Ruge-Wehling, B., Johnston, P.A., Schweizer, G., Ackermann, P. and Wehling, P. 2006. The transfer of a gene conferring resistance to scald (*Rhynchosporium secalis*) from *Hordeum bulbosum* into *H. vulgare* chromosome 4HS. *Plant Breeding*, 125: 576–579.
- Ponce-Molina, L.J. 2012. Quantitative trait loci and candidate loci for heading date in a large population of a wide barley cross, *Crop Science*, 52: 2469–2480.
- Read, B.J., Luckett, D.J., Smithard, R.A. and Brown, A.H.D. 1998. Register of Australian winter cereal cultivars *Hordeum vulgare* cv. Tantangara. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 38: 207–207.
- Read, B.J., Raman, H., McMichael, G., Chalmers, K.J., Ablett, G.A.ve Platz, G.J. Raman, R., Genger, R.K., Boyd, W.J.R., Li, C.D., Grime, C.R., Park, R.F., Wallwork, H., Prangnell, R. and Lance, R.C.M. 2003. Mapping and QTL analysis of the barley population Sloop × Halcyon. *Australian Journal of Agricultural Research*, 54: 1145–1153.
- Rehman, S., Amouzoune, M., Hiddar, H., Aberkane, H., Benkirane, R., Filali-Maltouf, A. and Amri, A. 2021. Traits discovery in *Hordeum vulgare* sbsp. *spontaneum* accessions and in lines derived from interspecific crosses with wild *Hordeum* species for enhancing barley breeding efforts. *Crop Science*, 61(1): 219-233.
- Richards, J., Chao, S., Friesen, T. and Brueggeman, R. 2016. Fine mapping of the barley chromosome 6H net form net blotch susceptibility locus. *G3 Genes Genomes Genetics*, 6: 1809–181.
- Riddle O.C. and Suneson C.A. 1948. Sources and use of scald resistance in barley, *J. Am. Soc. Agron*, 40.
- Riddle, O.C. and Briggs F.N. 1950. Inheritance of resistance to scald in barley, *Hilgardia*, 20: 19–27.
- Robbertse, B., van der Rijst, M., van Aarde, I.M.R., Lennox, C. and Crous, P.W. 2001. DMI sensitivity and cross-resistance patterns of *Rhynchosporium secalis* isolates from South Africa. *Crop Protection*, 20: 97–102.
- Rohe, M., Gierlich, A., Hermann, H., Hahn, M., Schmidt, B.ve Rosahl, S. and Knogge, W. 1995. The race-specific elicitor, NIP1, from the barley pathogen, *Rhynchosporium secalis*, determines avirulence on host plants of the Rrs1 resistance genotype. *The EMBO Journal*, 14: 4168–4177.
- Sallam, A.H., Endelman, J.B., Jannink, J.-L. and Smith, K.P. 2015. Assessing genomic selection prediction accuracy in a dynamic barley breeding population. *The Plant Genome*, 8: 1–15.
- Sayed, H. and Baum, M. 2018. Marker-assisted selection for scald (*Rhynchosporium commune* L.) resistance gene (s) in barley breeding for dry areas. *Journal of Plant Protection Research*, 58.

- Schurch, S., Linde, C.C., Knogge, W., Jackson, L.F. and McDonald, B.A. 2004. Molecular population genetic analysis differentiates two virulence mechanisms of the fungal avirulence gene NIP1. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 17: 1114–1125.
- Schürch, S., Linde, C.C., Knogge, W., Jackson, L.F. and McDonald, B.A. 2004. Molecular population genetic analysis differentiates two virulence mechanisms of the fungal avirulence gene NIP1. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 17: 1114–1125.
- Seifollahi, E., Shariifnabi, B., Javan-Nikkhah, M. and Linde, C.C. 2018. Low genetic diversity of *Rhynchosporium commune* in Iran, a secondary centre of barley origin. *Plant Pathology*, 67:1725–1734.
- Shipton, W.A., Boyd, W.J.R. and Ali, S.M. 1974. Scald of barley. *Review of Plant Pathology*, 53: 839–861.
- Shoaib, A., Aldaoude A., Arabi M.I.E., Al-Shehadah E. and Jawhar M. 2018. Transcriptome profiling reveals distinct gene activations in barley responding to scald and spot blotch. *Cereal Research Communications*, 46: 490–498.
- Siersleben, S., Penselin, D., Wenzel, C., Albert, S. and Knogge, W. 2014. PFP1, a gene encoding an Epc-N domain-containing protein, is essential for pathogenicity of the barley pathogen *Rhynchosporium commune*. *Eukaryotic Cell*, 13: 1026–1035.
- Silvar, C., Casas, A. M., Kopahnke, D., Habekuß, A., Schweizer, G., Gracia, M. P., Lasa, J. M., Ciudad, F. J., Molina-Cano, J. L., Igartua, E. and Ordon, F. 2010. Screening the Spanish barley core collection for disease resistance. *Plant Breeding*, 129; 45–52,
- Stefansson, T.S., Serenius, M. and Hallsson, J.H. 2012. The genetic diversity of Icelandic populations of two barley leaf pathogens, *Rhynchosporium commune* and *Pyrenophora teres*. *European Journal of Plant Pathology*, 134: 167–180.
- Stefansson, T.S., Willi, Y., Croll, D. and McDonald, B.A. 2014. An assay for quantitative virulence in *Rhynchosporium commune* reveals an association between effector genotype and virulence. *Plant Pathology*, 63: 405–414.
- Steiner-Lange, S., Fischer, A., Boettcher, A., Rouhara, I., Liedgens, H., Schmelzer, E. and Knogge, W. 2003. Differential defense reactions in leaf tissues of barley in response to infection by *Rhynchosporium secalis* and to treatment with a fungal avirulence gene product. *Molecular Plant Microbe Interactions*, 16: 893–902.
- Taş, B. ve Yürür, N. 2002. Bursa ekolojik koşullarında bazı yabancı iki sıralı arpa (*Hordeum vulgare* distichon) çeşitlerinin kimi verim ve kalite özelliklerinin incelenmesi. *Bursa Uludag Üniv. Ziraat Fak. Derg.* 16 (1): 117-127.
- Thirugnanasambandam, A., Wright, K.M., Atkins, S.D., Whisson, S.C. and Newton, A.C. 2011. Infection of Rrs1 barley by an incompatible race of the fungus *Rhynchosporium secalis* expressing the green fluorescent protein. *Plant Pathology*, 60: 513–521.
- Topp, C.F.E., Hughes, G., Nevison, I.M., Butler, A., Oxley, S.J.P. and Havis, N.D. 2019. *Rhynchosporium* leaf scald disease incidence: seed source and spatial pattern. *Plant Pathology*, 68: 1179–1187.

- Van Leur, J.A.G., Ceccarelli, S. and Grando, S. 1989. Diversity for disease resistance in barley landraces from Syria and Jordan. *Plant Breeding*, 103: 324–335.
- Von Korff, M., Wang, H., Léon, J. and Pillen, K. 2005. AB-QTL analysis in spring barley. I. Detection of resistance genes against powdery mildew, leaf rust and scald introgressed from wild barley. *Theoretical and Applied Genetics*, 111: 583–590.
- Walters, D. R., Avrova, A., Bingham, I. J., Burnett, F. J., Fountaine, J., Havis, N. D., Hoad, S.P., Hughes, G., Looseley, M., Oxley, S.J.P., Renwick, A., Topp, C.F.E. and Newton, A.C. 2012. Control of foliar diseases in barley: towards an integrated approach. *European Journal of Plant Pathology*, 133: 33-73.
- Wang, Y., Gupta, S., Wallwork, H., Zhang, X.-Q., Zhou, G., Broughton, S., Loughman, R., Lance, R., Wu, D., Shu, X. and Li, C. 2014. Combination of seedling and adult plant resistance to leaf scald for stable resistance in barley. *Molecular Breeding*, 34: 2081–2089.
- Wevelslep, L., Ruppig, E. and Knogge, W. 1993. Stimulation of barley plasmalemma H⁺-ATPase by phytotoxic peptides from the fungal pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Plant Physiology*, 101: 297–301.
- Xue, G. and Hall, R. 1991. Components of parasitic fitness in *Rhynchosporium secalis* and quantitative resistance to scald in barley as determined with a dome inoculation chamber. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 13: 19–25.
- Yitbarek, S. 1998. Variation in Ethiopian barley landrace populations for resistance to barley leaf scald and netblotch. *Plant Breeding*, 117: 419–423.
- Zaffarano P.L., McDonald B.A. and Linde C.C. 2009. Phylogeographical analyses reveal global migration patterns of the barley scald pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Molecular Ecology*, 18.
- Zaffarano, P.L., McDonald, B.A. and Linde, C.C. 2011. Two new species of *Rhynchosporium*. *Mycologia*, 103: 195–202.
- Zaffarano, P.L., McDonald, B.A., Zala, M. and Linde, C.C. 2006. Global hierarchical gene diversity analysis suggests the Fertile Crescent is not the center of origin of the barley scald pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Phytopathology*, 96: 941–950.
- Zantinge, J., Xue, S., Holtz, M., Xi, K. and Juskiw, P. 2019. The identification of multiple SNP markers for scald resistance in spring barley through restriction-site associated sequencing. *Euphytica*, 215: 8.
- Zencirci, N. and Hayes, P. M. 1990. Effect of scald (*Rhynchosporium secalis*) on yield components of twelve winter barley genotypes. *Journal of Turkish Phytopathology*, 82: 798-803.
- Zhan, J., Fitt, B.D.L., Pinnschmidt, H.O., Oxley, S.J.P. and Newton, A.C. 2008. Resistance, epidemiology and sustainable management of *Rhynchosporium secalis* populations on barley. *Plant Pathology*, 57: 1–14.
- Zhan, J., Linde, C.C., Jürgens, T., Merz, U., Steinebrunner, F. and McDonald, B.A. 2005. Variation for neutral markers is correlated with variation for quantitative traits in the plant pathogenic fungus *Mycosphaerella graminicola*. *Molecular Ecology*, 14: 2683–2693.

- Zhang X., Ovenden, B. and Milgate, A. 2020. Recent insights into barley and *Rhynchosporium commune* interactions. *Molecular Plant Pathology*, 21: 1111–1128.
- Zhang, Q., Webster, R.K., Crandall, B.A., Jackson, L.F. and Saghai Maroof, M.A. 1992. Race composition and pathogenicity associations of *Rhynchosporium secalis* in California. *Phytopathology*, 82: 798–803.
- Zhang, X. 2019. Bivariate analysis of barley scald resistance with relative maturity reveals a new major QTL on chromosome 3H. *Scientific Reports*, 9: 1–11.
- Zhang, X., Shabala, S., Koutoulis, A., Shabala, L. and Zhou, M. 2017. Meta-analysis of major QTL for abiotic stress tolerance in barley and implications for barley breeding. *Planta*, 245: 283–295.
- Zhu, C., Gore, M., Buckler, E.S. and Yu, J. 2008. Status and prospects of association mapping in plants. *The Plant Genome*, 1: 5–20.

