

## Farklı türlere ait yulaf (*Avena* spp.) aksesyonlarının genom büyüklüklerinin ve ploidi seviyelerinin belirlenmesi

Determination of nuclear DNA content and ploidy levels of oat (*Avena* spp.) accessions belongs to different species

M. Aydın AKBUDAK<sup>1,2</sup>, Ahmet PAKSOY<sup>2</sup>, Metin TUNA<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Antalya

<sup>2</sup>Necmettin Erbakan Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Moleküler Biyoloji ve Genetik Programı, Konya

<sup>3</sup>Namık Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Tekirdağ

Sorumlu yazar (*Corresponding author*): M. A. Akbudak, e-posta (*e-mail*): akbudak@akdeniz.edu.tr

### MAKALE BİLGİSİ

Alınış tarihi 07 Ağustos 2017  
Düzeltilme tarihi 27 Kasım 2017  
Kabul tarihi 27 Kasım 2017

#### Anahtar Kelimeler:

*Avena*  
Çekirdek DNA içeriği  
Flow sitometri  
Ploidi seviyesi

### ÖZ

Genom büyüklüğü biyoloji, genetik, taksonomi ve evrim çalışmaları için son derece yararlı bir ölçüttür. Bu ölçüt türlere özel olduğundan, tür teşhisine ve gen bankalarında korunan genetik materyalin etiket bilgilerinin hızlı bir şekilde teyit edilebilmesine imkân sağlamaktadır. Bu çalışmada flow sitometri ile 13 farklı *Avena* türüne ait 64 aksesyonun ortalama genom büyüklüklerinin ve ploidi seviyelerinin belirlenmesi hedeflenmiştir. Analiz edilen *A. brevis*, *A. hirtula*, *A. longiglumis*, *A. nuda*, *A. strigosa*, *A. ventricosa*, *A. abyssinica*, *A. barbata*, *A. murphyi*, *A. vaviloviana*, *A. fatua*, *A. sativa* ve *A. sterilis* türlerine ait aksesyonların ortalama çekirdek DNA içeriklerinin 8.58 ile 26.54 pg/2C arasında değiştiği belirlenmiştir. *Avena* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri arasındaki farklılık istatistik olarak önemli bulunmuş ve aksesyonların ploidi düzeylerinin diploid ile heksaploid arasında değiştiği saptanmıştır. Analizlerden elde edilen sonuçlar USDA-NSGC gen bankasında saklanan bu aksesyonlardan bazılarının etiket bilgilerinin doğru olmadığını ortaya çıkarmıştır. Literatürde mevcut çalışmaların sonuçlarından farklı olarak, incelenen dokuz *A. brevis* aksesyonunun DNA içeriklerinin 12.21–12.61 pg/2C aralığında olduğu tespit edilmiştir. Benzer şekilde, USDA-GRIN sisteminde mevcut tek *A. hirtula* aksesyonunda daha önce yapılmış çalışmaların aksine çekirdek DNA miktarı 16.16 pg/2C olarak bulunmuştur.

### ARTICLE INFO

Received 07 August 2017  
Received in revised form 27 November 2017  
Accepted 27 November 2017

#### Keywords:

*Avena*  
Nuclear DNA content  
Flow cytometry  
Ploidy level

### ABSTRACT

Genome size is a good metric used in taxonomy and breeding studies for characterization of the genome and determination of evolutionary distances. It is mostly invariable within species; therefore, genome size estimations could be used for species identification and determination of genetic material integrity in germplasm collections. The present study targets verification of genome sizes and ploidy levels of 64 accessions classified in 13 *Avena* species using flow cytometry. Estimated nuclear DNA content of *A. brevis*, *A. hirtula*, *A. longiglumis*, *A. nuda*, *A. strigosa*, *A. ventricosa*, *A. abyssinica*, *A. barbata*, *A. murphyi*, *A. vaviloviana*, *A. fatua*, *A. sativa* ve *A. sterilis* accessions in this study ranged between 8.58–26.45 pg/2C. It was found that nuclear DNA contents of the *Avena* accessions were statistically different, and ploidy levels of accessions are between diploid and hexaploid. Based on the data obtained from the flow cytometry analyses, it was concluded that some accessions were labelled wrongly in the USDA-NSGC collection. Contradicted from the studies in the literature, nuclear DNA content of nine *A. brevis* accessions were found between 12.21–12.61 pg/2C. Similarly, nuclear DNA content of the sole *A. hirtula* accession available in the USDA-GRIN system was found as 16.16 pg/2C, which was reported differently in the previous studies.

## 1. Giriş

Genom büyüklüğü, bir organizmanın sahip olduğu replike olmamış haploid kromozom takımının içerdiği DNA miktarını ifade etmektedir (Swift 1950). Diploid ( $2n=2x$ ) organizmalarda genom büyüklüğü, haploid ( $n$  sayıda kromozom) sayıda kromozomun içerdiği DNA miktarını ifade etmektedir.

Ekmeklik buğday ( $2n=6x=42$ ) gibi üç farklı genoma (ABD) sahip organizmalarda ise bu üç farklı genomu oluşturan kromozomların yarısındaki DNA içeriği genom büyüklüğünü verir. Genom büyüklüğü C değeri olarak ifade edilmekte olup, bu değer genomdaki DNA içeriğinin pikogram cinsinden

miktardır. 2C değeri ise ploidi seviyesine bakılmaksızın, somatik bir hücrenin çekirdeği içerisinde bulunan DNA miktarıdır (Şakiroğlu ve Kaya 2012; Tuna 2014).

Türler arasında genom büyüklüğü (C değeri) bakımından önemli düzeyde (yaklaşık 1000 kat) farklılıklar gözlenmektedir. Diğer taraftan bir türün farklı bireyleri arasında genom büyüklüğü değişmeden sabit kalmakta ve bu nedenle türlere özel olmaktadır (Bennett ve Leitch 1995). Bu nedenle, türlerin C değerleri biyoloji, genetik, taksonomi ve evrim çalışmaları için son derece önemlidir (Rees ve Walters 1965; Price and Bachmann 1975; Ohri 1998; Özkan ve ark. 2003).

Flow sitometri günümüzde genom büyüklüğünün belirlenmesinde kullanılan en yeni, hızlı, hassas ve ekonomik metottur. Flow sitometri ile belirlenmiş C değerleri ile türlerin kromozom sayıları arasında çok sıkı bir ilişki olması nedeniyle bu parametre türlerin ploidi düzeylerinin belirlenmesinde de kullanılmaktadır (Tuna ve ark. 2001; Kaya 2010).

Gramineae familyası içerisinde yer alan *Avena* cinsine ait türlerin temel kromozom sayısı yedidir ( $x=7$ ). Bu cins içerisinde ploidi düzeyleri diploid ile heksaploid arasında değişen yaklaşık 30 tür yer almaktadır. *Avena* cinsi A, B, C ve D olarak adlandırılmış dört farklı genomu içermekte olup, diploid türlerin A ya da C genomlarına, tetraploid türlerin AC ya da AB genomlarına, heksaploid türlerin ise ACD genomlarına sahip olduğu bilinmektedir. Bugüne kadar B ya da D genomunu taşıyan diploid bir yulaf türü henüz tanımlanmamıştır (Yan ve ark. 2016).

*Avena* cinsi sahip olduğu geniş tür ve genom çeşitliliği ile oldukça büyük bir genomik havuza sahiptir ve *Avena* türleri hastalıklara dayanıklılıktan verime kadar pek çok geni taşımaktadır (Loskutov 2008). Yabani türlerdeki bu genlerin tanımlanıp, kültür türlerine aktarılması yulaf ıslahı açısından oldukça önemlidir.

Yaygın olarak kültürü yapılan *A. sativa* (beyaz yulaf) ve *A. byzantina* (kırmızı yulaf) türleri,  $2n=42$  kromozom sayısına sahip olan heksaploid yulaf grubundadır (Erbaş 2012). Yulaf (*A. sativa*) hem insan hem de hayvan beslenmesinde kullanılan önemli bir tahıl olup, dünyada ve Türkiye’de en çok üretilen altıncı tahıl türüdür (FAOStat 2014). Yüksek antioksidan içeriği ve suda çözünebilir lifli yapısı nedeniyle buğday, mısır, pirinç gibi klasik karbonhidrat kaynaklarına tercih edilen bir tahıl olarak yulaf, her geçen gün daha da ön plana çıkmaktadır (Wood 2001; Dokuyucu ve ark. 2002).

ABD’ nin Idaho eyaletinde bulunan ABD Tarım Bakanlığı Ulusal Küçük Daneli Tahıllar Koleksiyonu (USDA-NSCG) 20 000’in üzerindeki *Avena* aksesyonu ile dünyadaki en büyük yulaf koleksiyonlarından birine sahiptir. Bu koleksiyonda, tanımlanmış yaklaşık 30 *Avena* türünden 13 tanesine ait aksesyonlar mevcuttur. Bununla birlikte nadiren de olsa USDA-GRIN sisteminde bazı aksesyonların teşhisinin yanlış yapıldığı bildirilmiştir (Şakiroğlu ve Brummer 2011). Bu çalışmada USDA-NSCG koleksiyonunda mevcut olan *Avena* türlerinden, her türü temsil edecek şekilde rastgele seçilen 64 aksesyon kullanılmış olup, bu aksesyonların DNA içerikleri ve ploidi seviyeleri flow sitometri yöntemi kullanılarak belirlenmiştir.

## 2. Materyal ve Yöntem

Araştırmamızda dördü Türkiye’de de bulunan, toplamda 13 farklı *Avena* türüne ait 64 aksesyon kullanılmıştır. Tohumlar ABD Tarım Bakanlığı Ulusal Bitki Genetik Kaynaklar Sistemi (USDA-GRIN)’nden temin edilmiştir. Flow sitometri analizlerinde referans bitki olarak 2C DNA içeriği 3.65 pg olan

adi fiğ (*Vicia sativa*) ile 10.65 pg olan arpa (*Hordeum vulgare*) kullanılmıştır. Tohumlar, içerisinde steril torf bulunan 7x7x7 cm büyüklüğünde oyuklara sahip viyollere ekilmiş ve bitkiler analizler tamamlanana kadar plastik serada yetiştirilmiştir. Analizlerde 4-5 haftalık genç ve sağlıklı bitkilerden elde edilen yaprak dokuları kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan *Avena* aksesyonlarının numaraları ve her aksesyon için analiz edilen bitki sayısı Çizelge 1’de verilmiştir.

Flow sitometri analizleri için örnekler CyStain PI Absolute P (Partec, Almanya) kullanılarak hazırlanmıştır. Sağlıklı yulaf ve referans bitkilerinden elde edilmiş 0.5 cm<sup>2</sup> büyüklüğündeki taze yaprak dokuları petri kaplarına yerleştirilerek üzerlerine 500 µl izolasyon tamponu (buffer) ilave edilmiştir. Daha sonra yaprak dokuları keskin bir jilet ile 30-60 saniye süresince küçük parçalara ayrılan kadar parçalanmıştır. Örnekler petri kabı içerisinde 10-15 saniye çalkalandıktan sonra 30-90 saniye kadar bekletilmiş ve 50 µl CellTrics filtre (Partec, Almanya) ile süzülerek tüplere transfer edilmiştir. Tüplere 2 ml boyama solüsyonu ilave edildikten sonra örnekler ışsız bir ortamda 30-60 dakika inkübasyona bırakılmıştır. Örneklerin DNA içeriklerinin belirlenmesine yönelik ölçümler CyFlow Space (Partec, CY-S-3001) flow sitometre cihazında 488 nm dalga boyunda yapılmıştır (Tuna 2014). Ortalama DNA içeriği, 10000 çekirdeğin analiziyle belirlenmiştir. Çekirdek DNA içerikleri; örnekler ve standart bitkilerden elde edilen floresan yoğunluklarını kıyaslayan aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır. DNA içeriklerine ait elde edilen değerler güven aralıklarını (confidence interval) kullanan basit bir istatistik prosedür ile kıyaslanmıştır (Steel 1960).

Örnek DNA miktarı= (Örnek bitkinin floresans yoğunluğu/ Standart bitkinin floresans yoğunluğu) x Standart bitkinin DNA içeriği

## 3. Sonuçlar ve Tartışma

İncelenen aksesyonların ploidi seviyelerini belirlemek için örneklerin floresans yoğunlukları, ploidi seviyeleri daha önceden bilinen arpa ve adi fiğ ile kıyaslanmıştır. Bunun için öncelikle bu iki türe ait bitkilerin floresans yoğunlukları tespit edilmiştir. Standartlar (diploid) için 150 nm dalga boyunda pikler elde edilmiştir. Yapılan tüm flow sitometri analizlerinden histogramlar elde edilmiş olup, diploid, tetraploid ve heksaploid türlerden birer örnek Şekil 1’de sunulmuştur.

Örneklerden elde edilen pikler ile standartlardan elde edilen pikler Şekil 1’deki gibi kıyaslanmıştır. Kıyaslama sonucunda aksesyonların diploid, tetraploid veya heksaploid oldukları tespit edilmiştir (Çizelge 1).

### Aksesyonların DNA İçeriklerinin Belirlenmesi

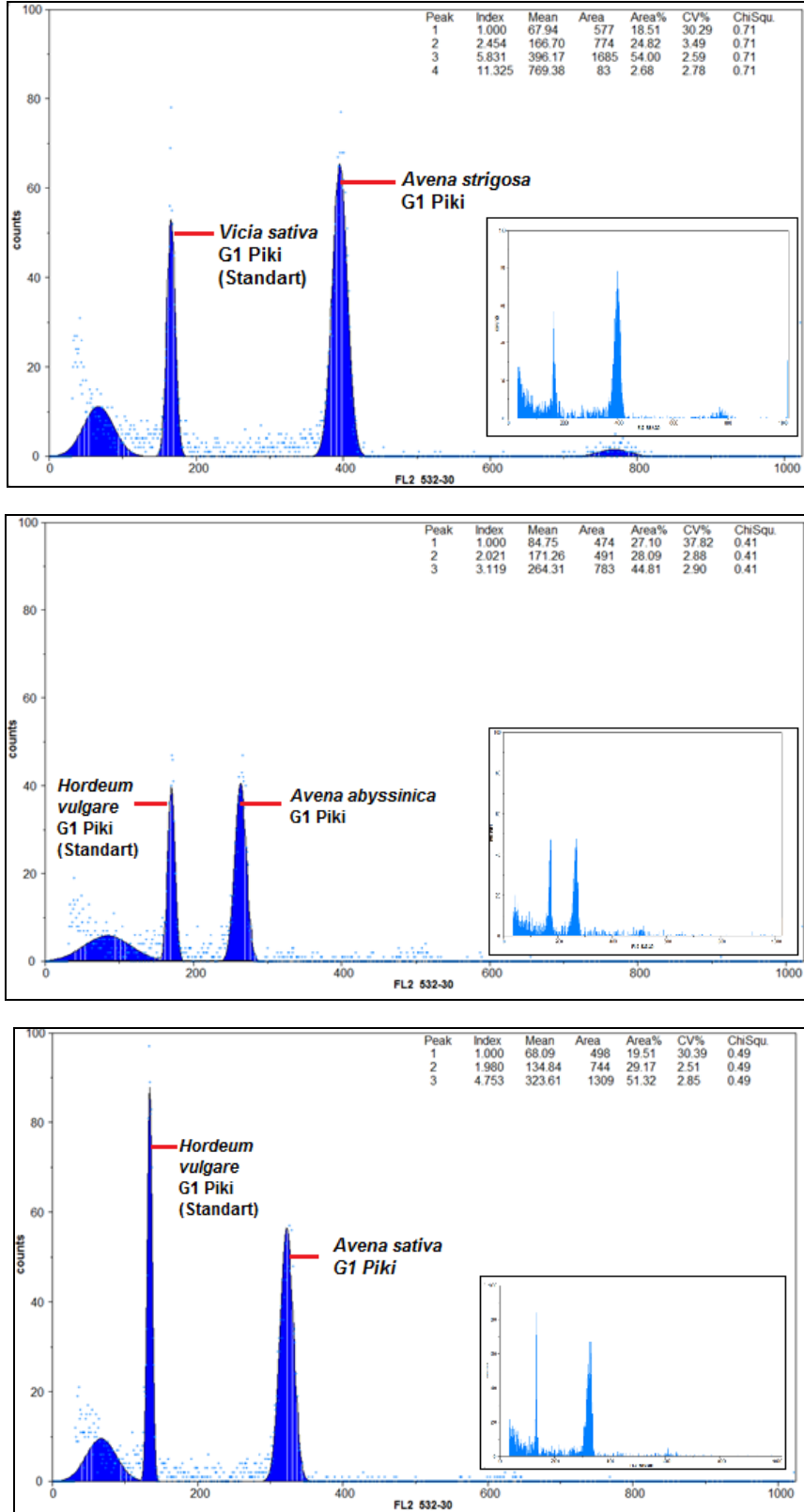
Bu çalışmada flow sitometri ile DNA içerikleri daha önceden bilinen arpa (10.7 pg/2C) ve adi fiğ (3.65 pg/2C) standart olarak kullanılmak suretiyle 13 *Avena* türüne ait 64 aksesyonun ortalama 2C çekirdek DNA içerikleri (genom büyüklükleri) başarılı bir şekilde belirlenmiştir. Elde edilen sonuçların CV değerlerinin % 4’ten daha düşük olması yapılan analizlerin hassasiyetini göstermektedir. Çalışmada elde edilen sonuçlara göre, *Avena* aksesyonlarının 2C çekirdek DNA içeriklerinin 8.58 ile 26.54 pg arasında değiştiği belirlenmiştir. Aksesyonlara ait çekirdek DNA içerikleri Çizelge 1’de ve farklı ploidi seviyesindeki üç örneğe ait flow sitometri histogramları Şekil 1’de sunulmuştur.

Yapılan analiz sonucunda incelenen aksesyonların çekirdek DNA içeriklerinin tür ortalamalarının 8.61–26.54 pg/2C

**Çizelge 1.** Çalışmada kullanılan *Avena* aksesyonlarının çekirdek DNA içerikleri ve ploidi seviyeleri.**Table 1.** Nuclear DNA content and ploidy levels of *Avena* accessions used in this study.

Türler	Ploidi seviyesi	Aksesyon No	Bitki sayısı	Ortalama 2C değeri (pg DNA)	Standart Sapma	T*Sx	Güven Aralığı (pg DNA)	
							Alt	Üst
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 158204	5	12.39	0.15	0.18	12.21	12.54
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 83719	5	12.36	0.13	0.15	12.21	12.49
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 266826	5	12.42	0.14	0.16	12.26	12.56
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 258545	5	12.48	0.17	0.20	12.28	12.65
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 258543	5	12.48	0.17	0.20	12.28	12.65
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 573533	5	12.49	0.17	0.19	12.29	12.66
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 258542	5	12.41	0.07	0.08	12.33	12.48
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 258544	5	12.48	0.07	0.08	12.40	12.55
<i>A. brevis</i>	2n=2x	PI 119009	5	12.53	0.08	0.09	12.44	12.61
<i>A. hirtula</i>	2n=2x	PI 657464	5	16.16	0.34	0.39	15.77	16.50
<i>A. longiglumis</i>	2n=2x	Clav 9071	3	8.70	0.28	0.32	8.38	8.97
<i>A. longiglumis</i>	2n=2x	Clav 9088	3	9.08	0.55	0.63	8.45	9.63
<i>A. longiglumis</i>	2n=2x	Clav 9087	3	8.80	0.21	0.24	8.57	9.01
<i>A. longiglumis</i>	2n=2x	PI 282730	3	8.92	0.27	0.31	8.61	9.19
<i>A. longiglumis</i>	2n=2x	PI 367390	3	8.96	0.23	0.27	8.69	9.19
<i>A. longiglumis</i>	2n=2x	Clav 9089	3	9.02	0.10	0.11	8.91	9.11
<i>A. nuda</i>	2n=2x	Clav 9010	3	8.74	0.48	0.55	8.19	9.22
<i>A. nuda</i>	2n=2x	Clav 9008	3	8.58	0.20	0.23	8.35	8.79
<i>A. nuda</i>	2n=2x	Clav 9009	3	8.78	0.25	0.28	8.50	9.03
<i>A. nuda</i>	2n=2x	Clav 9047	3	8.93	0.36	0.42	8.51	9.29
<i>A. nuda</i>	2n=2x	PI 401795	3	9.00	0.36	0.41	8.59	9.36
<i>A. strigosa</i>	2n=2x	Clav 1782	3	8.61	0.55	0.64	7.97	9.16
<i>A. strigosa</i>	2n=2x	Clav 2520	3	8.64	0.36	0.42	8.22	9.00
<i>A. strigosa</i>	2n=2x	Clav 7280	3	8.61	0.17	0.19	8.41	8.78
<i>A. strigosa</i>	2n=2x	PI 131695	3	8.74	0.23	0.27	8.47	8.98
<i>A. strigosa</i>	2n=2x	Clav 5082	3	8.67	0.08	0.09	8.59	8.75
<i>A. strigosa</i>	2n=2x	Clav 2514	3	8.76	0.03	0.04	8.73	8.79
<i>A. ventricosa</i>	2n=2x	PI 657338	3	9.81	0.17	0.20	9.61	9.98
<i>A. ventricosa</i>	2n=2x	PI 657337	3	9.76	0.08	0.09	9.67	9.84
<i>A. abyssinica</i>	2n=4x	PI 411313	2	16.54	0.00	0.00	16.54	16.54
<i>A. abyssinica</i>	2n=4x	PI 411306	3	16.37	0.24	0.27	16.09	16.61
<i>A. abyssinica</i>	2n=4x	PI 411169	3	16.41	0.14	0.16	16.26	16.55
<i>A. abyssinica*</i>	2n=4x	PI 411314	3	24.98	0.25	0.28	24.70	25.23
<i>A. abyssinica*</i>	2n=4x	PI 411150	3	25.48	0.19	0.22	25.27	25.67
<i>A. barbata*</i>	2n=4x	PI 377777	5	12.83	0.06	0.07	12.76	12.89
<i>A. barbata*</i>	2n=4x	PI 377779	5	12.91	0.09	0.10	12.80	13.00
<i>A. barbata</i>	2n=4x	PI 337774	5	16.25	0.20	0.23	16.03	16.45
<i>A. barbata</i>	2n=4x	PI 411376	5	16.55	0.24	0.28	16.27	16.80
<i>A. barbata</i>	2n=4x	PI 411374	5	16.90	0.13	0.14	16.75	17.02
<i>A. murphyi</i>	2n=4x	PI 657382	3	18.51	0.43	0.49	18.02	18.94
<i>A. murphyi</i>	2n=4x	PI 657381	3	18.59	0.28	0.32	18.27	18.87
<i>A. murphyi</i>	2n=4x	PI 657356	3	18.58	0.12	0.14	18.43	18.70
<i>A. murphyi</i>	2n=4x	PI 657355	3	18.59	0.04	0.05	18.54	18.63
<i>A. murphyi</i>	2n=4x	PI 657383	3	18.71	0.08	0.09	18.62	18.78
<i>A. vaviloviana</i>	2n=4x	PI 412761	3	16.45	0.35	0.41	16.04	16.80
<i>A. vaviloviana</i>	2n=4x	PI 412733	3	16.33	0.11	0.12	16.21	16.43
<i>A. vaviloviana</i>	2n=4x	PI 412760	3	16.43	0.08	0.09	16.34	16.51
<i>A. vaviloviana</i>	2n=4x	PI 412736	3	16.69	0.26	0.30	16.40	16.95
<i>A. vaviloviana</i>	2n=4x	PI 412753	3	16.44	0.03	0.03	16.40	16.47
<i>A. fatua</i>	2n=6x	PI 411471	5	25.40	0.47	0.54	24.86	25.87
<i>A. fatua</i>	2n=6x	PI 411470	5	25.34	0.26	0.30	25.04	25.60
<i>A. fatua</i>	2n=6x	PI 411477	5	26.09	0.77	0.88	25.20	26.85
<i>A. fatua</i>	2n=6x	PI 411476	5	25.95	0.61	0.71	25.25	26.57
<i>A. fatua</i>	2n=6x	PI 411472	5	26.15	0.76	0.88	25.28	26.91
<i>A. sativa</i>	2n=6x	PI 411414	5	25.86	0.52	0.60	25.26	26.38
<i>A. sativa</i>	2n=6x	PI 411402	5	25.81	0.33	0.38	25.43	26.14
<i>A. sativa</i>	2n=6x	PI 411415	5	25.95	0.17	0.19	25.75	26.12
<i>A. sativa</i>	2n=6x	PI 411407	5	26.40	0.44	0.51	25.90	26.84
<i>A. sativa</i>	2n=6x	PI 411401	5	26.30	0.18	0.20	26.10	26.48
<i>A. sterilis</i>	2n=6x	PI 412601	5	25.76	0.27	0.31	25.44	26.03
<i>A. sterilis</i>	2n=6x	PI 412572	5	25.93	0.22	0.25	25.68	26.14
<i>A. sterilis</i>	2n=6x	PI 412571	5	26.14	0.32	0.37	25.77	26.46
<i>A. sterilis</i>	2n=6x	PI 412595	5	26.31	0.31	0.36	25.95	26.62
<i>A. sterilis</i>	2n=6x	PI 412590	5	26.54	0.30	0.34	26.20	26.84

\*: Fiziksel karışıklık olduğu ya da tür tanımlamasında hata yapıldığı tespit edilen aksesyonlar.



Şekil 1. *Avena strigosa* (diploid, A genomu), *A. abyssinica* (tetraploid, AB genomu) ve *A. sativa* (heksaploid, ABD genomu) türlerinden izole edilen propidiumiodide (PI) ile boyanmış hücre çekirdeklerine ait floresan histogramları. Arpa (*Hordeum vulgare*) ve adi fiğ (*Vicia sativa*) bitkileri kontrol olarak kullanılmıştır.

Figure 1. Fluorescent histograms of propidiumiodide (PI) dyed nuclei isolated from *Avena strigosa* (diploid, genome A), *A. abyssinica* (tetraploid, genome AB) and *A. sativa* (hexaploid, genome ABD). Barley (*Hordeum vulgare*) and vetch (*Vicia sativa*) were used as control.

arasında deęiřtięi grlmř olup, diploid trlerde DNA ierięinin 7.99–12.53, tetraploid trlerde 6.37–18.71 ve hekzaploid trlerde ise 25.40–26.54 aralıęında olduęu tespit edilmiřtir (izelge 1).

Farklı bitki trlerinde yapılan alıřmalarda, gen bankasına koymadan nce trlerin fiziksel benzerlikler nedeniyle akraba trlerle karıřtıęı, yanlış tanımlandıęı veya ncesinde ya da gen bankasında tutulduęu srete uęradıkları fiziksel karıřma nedeniyle aksesyolların gen bankası veritabanında kayıtlı olan trle farklılıklar gsterdięi bildirilmiřtir (řakiroęlu ve Brummer 2011).

Alt ve st deęerler temel alınarak yapılan istatistiksel analizde *A. abyssinica* da incelenen beř aksesyondan ortalama DNA ierięi bakımından ç tanesinin birinci grubu (PI 411313, PI 411306, PI 411169) ve dięer ikisinin ikinci grubu (PI 411314, PI 411150) oluřturacak řekilde farklı olduęu grlmřtir. İlk grubun DNA ierięi ortalaması 16.37–19.17 pg olup, dięer grupta ise bu aralık 25.48–25.98 pg olarak tespit edilmiřtir. Bu deęerler *A. abyssinica* iin Yan ve ark. (2016) tarafından bildirilen 16.49–16.97 pg/2C DNA aralıęından farklılık arz etmekte olup, PI 411314 ve PI 411150 aksesyollarının *A. abyssinica* tr ierisinde yer almadıęına iřaret etmektedir.

Aynı řekilde *A. barbata*' da analiz edilen 5 aksesyon, DNA ierikleri 12.83–12.91 pg/2C ve 16.25–16.90 pg/2C olan istatistiksel olarak iki farklı grup (PI 377777, PI 377779 ve PI 337774, PI 411376, PI 411374) meydana getirmektedir. Daha nce yapılan drt farklı arařtırma ile *A. barbata* iin ortalama DNA ierięinin 16.42–18.15 pg/2C olduęu bildirilmiřtir (izelge 2). Bu sonular, PI 377777 ve PI 377779 aksesyolları iin USDA gen bankasında tohum karıřıklıęı olduęuna ya da yanlış tr teřhisinin yapıldıęına iřaret etmektedir.

*Avena* trlerinden bazılarının genom byklkleri flow sitometreye gre daha eski ve sonuları daha az hassas olan Feulgen mikrodensitometre yntemiyle ç farklı grup tarafından belirlenmiřtir (Bullen ve Rees 1972; Iiyama ve Grant 1972; Bennett ve Smith 1976). Bullen ve Rees (1972) ve Iiyama ve

Grant (1972) tarafından elde edilen sonular daha sonra Bennett ve Smith (1976) tarafından kalibrasyonu yapılarak tekrar yayınlanmıřtır. Son olarak Yan ve ark. (2016) flow sitometre kullanarak 26 *Avena* cinsine ait 99 aksesyolların genom byklęini belirlemiřlerdir. Daha nce gerekleřtirilen bu drt alıřma ve bizim alıřmamızda bulunan sonular karıřılařtırılmal olarak izelge 2' de sunulmuřtur.

Bu alıřma sonucunda; daha nceki alıřmalarda bulunan sonuların (8.98–9.5 pg/2C) tamamından farklı olarak *A. brevis*' e ait incelenen dokuz aksesyonda ekirdek DNA miktarının 12.36–12.53 pg/2C aralıęında olduęu tespit edilmiřtir. Yine benzer řekilde *A. hirtula* da (USDA –NSGC' de mevcut tek aksesyon) ekirdek DNA miktarının 16.16 pg/2C olduęu; bunun da nceki alıřmalardaki 8.8–9.8 pg/2C aralıęından olduka farklı olduęu tespit edilmiřtir.

İncelenen aksesyollarında 10/64 (% 16) oranında tohum karıřıklıęı ya da yanlış tr teřhisi yapıldıęı, dolayısıyla bu aksesyollara ait tohumların etiket bilgilerindeki trler olmadıęı tespit edilmiřtir. Bu durum – incelenen aksesyollar gz nnde bulundurulduęunda – *Avena* trleri ierisinde tr ii varyasyonu ya da karıřıklıęı ifade etmektedir. Daha nce yapılmıř alıřmalarla paralel olarak aynı ploidi dzeyine sahip trler arasında da ekirdek DNA ieriklerinin farklı olduęu, dolayısıyla *Avena* cinsine ait trlerde trler arası varyasyonun grldę belirlenmiřtir. Elde edilen verilerin iřlah, taksonomi ve dięer alıřmalarda kullanılabileceęi dřnlmektedir.

## Teřekkr

Bu alıřma Necmettin Erbakan niversitesi Bilimsel Arařtırmalar Fonu (Proje No: 161315001) tarafından desteklenmiř ve Ahmet Paksoy' un yksek lisans tezinde elde edilen veriler kullanılarak hazırlanmıřtır. Glru Ycel ve Taha Tangut' a teknik yardımlarından dolayı teřekkr ederiz.

**izelge 2.** Farklı alıřmalarda belirlenen *Avena* trlerine ait genom byklklerinin karıřılařtırması (pg/2C).

**Table 2.** Comparison of *Avena* genome sizes determined in this study and previous studies (pg/2C).

	Bu alıřmada (In the present study)	Yan ve ark. (2016)	Bullen ve Rees (1972) <sup>a</sup>	Iiyama ve Grant (1972) <sup>b</sup>	Bennett ve Smith (1976)
<i>A. brevis</i> *	12.45	8.98	8.9 (10.8)	—	9.5
<i>A. hirtula</i> *	16.16	9.08	9.4 (11.4)	9.8	8.8
<i>A. longiglumis</i>	8.91	9.23	9.9 (12.0)	9.8	10.6
<i>A. nuda</i>	8.81	9.08	8.8 (10.6)	—	—
<i>A. strigosa</i>	8.67	9.07	9.7 (11.7)	10.0	8.0
<i>A. ventricosa</i>	9.78	10.29	—	10.9	—
<i>A. abyssinica</i>	16.44	16.73	17.9 (21.6)	18.0	9.6
<i>A. barbata</i>	16.25	16.42	18.5 (22.4)	18.1	17.8
<i>A. vaviloviana</i>	16.47	16.38	17.0 (20.5)	18.4	—
<i>A. fatua</i>	25.79	25.81	28.3 (34.2)	25.7	—
<i>A. sativa</i>	26.07	25.70	27.5 (33.2)	—	26.5
<i>A. sterilis</i>	26.13	25.75	28.6 (34.5)	28.2	27.3

\*: Bu alıřmada ekirdek DNA miktarları nceki alıřmalardan farklılık gsteren trler.

a: Deęerler Bennett ve Smith (1976) tarafından tekrar kalibre edilmiřtir. Parantez ierisindeki deęerler Bullen ve Rees (1972)' e ait orijinal deęerlerdir.

b: Deęerler Bennett ve Smith (1976) tarafından tekrar kalibre edilmiřtir.

## Kaynaklar

- Bennett MD, Smith JB (1976) Nuclear DNA amounts in angiosperms. *Philos. Trans. R. Soc. B Biol Sci.* 274(933): 227-274.
- Bullen MR, Rees H (1972) Nuclear variation within Avenae. *Chromosoma* 39(1): 93-100.
- Dokuyucu T, Peterson DM, Akkaya A (2003) Contents of antioxidant compounds in Turkish Oats: Simple phenolics and avenanthramide concentrations. *Cereal Chemistry* 80(5): 542-543.
- Erbaş O (2012) Yulaf (*Avena sativa* L.) genotiplerinin tarımsal ve bazı kalite özelliklerinin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Bozok Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Yozgat, 1-4.
- FAOStat (2014) F.A.O. Statistical databases. Food and Agriculture Organization of the United. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>.
- Iiyama K, Grant WF (1972) A correlation of nuclear DNA content and thin-layer chromatographic patterns in resolving genome relationships in *Avena*. *Can. J. Bot.* 50(7): 1529-1545.
- Kaya M (2010) *Medicago sativa* ssp. *varia* populasyonlarının ploidi seviyesinin flow sitometri yöntemiyle belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Kars, 9-11.
- Loskutov IG (2008) On evolutionary pathways of *Avena* species. *Genetic Resources and Crop Evolution* 55(2): 211-220.
- Ohri D (1998) Genome size variation and plant systematics. *Annals of Botany* 82: 75-83.
- Özkan H, Tuna M, Arumuganathan K (2003) Non-additive changes in genome size during allopolyploidization in the wheat (*Aegilops-Triticum*) group, 94(3):260-4.
- Price HJ, Bachmann K (1975) DNA content and evolution in the Microseridinae. *Amer. J. Bot.* 62, 262-267.
- Rees H, Walters MR (1965) Nuclear DNA and the evolution of wheat. *Heredity* 20, Part 1, pp. 73-82.
- Swift H (1950) The constancy of deoxyribose nucleic acid in plant nuclei. *Proc Natl Acad Sci USA.* 36(11): 643-654.
- Steel RGD, JH Torrie (1960) Principles and Procedures of Statistics. (With Special Reference to the Biological Sciences.) McGraw-Hill Book Company, New York, Toronto, London.
- Şakiroğlu M, Brummer EC (2011) Clarifying the ploidy of some accessions in the USDA alfalfa germplasm collection. *Turkish Journal of Botany* 35: 509-519.
- Şakiroğlu M, Kaya M (2012) Estimating genome size and confirming ploidy levels of wild tetraploid Alfalfa accessions (*Medicago sativa* subsp. x *varia*) using flow cytometry. *Turkish Journal of Field Crops* 17(2): 151-156.
- Tuna M, Vogel KP, Arumuganathan K, Gill KS (2001) DNA content and ploidy determination of bromegrass germplasm accessions by flow cytometry. *Crop Sci.* 41: 1629-1634.
- Tuna M (2014) Bazı buğdaygil yem bitkisi türlerine ait populasyonların çekirdek DNA içeriklerinin flow sitometri yöntemiyle belirlenmesi ve ploidy analizi ile tür teşhisinde kullanımı. 20.500.11776/2119.
- Wood M (2001) New oats and barleys, ready for breakfast, brewery, or bran. *Agricultural Research* 49(8): 18-19.
- Yan H, Martin SL, Bekele WA, Latta RG, Diederichsen A, Peng Y, Tinker NA (2016) Genome size variation in the genus *Avena*. *Genome* 59(3), pp. 209-220.