

Hızlı Islah Teknolojisi Kullanılarak Ekmeklik Buğdayda Rekombinant Kendilenmiş Hat Popülasyonunun Geliştirilmesi

Development of Recombinant Inbred Line Population in Bread Wheat
Using Speed Breeding Technology

Bedrettin DEMİR¹, Yaşar KARADUMAN², Nevzat AYDIN^{3*}

1) Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi, Karaman, Türkiye,

ORCID: 0000-0002-8892-2282, bedrettindemir@kmu.edu.tr,

2) Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Eskişehir, Türkiye,

ORCID: 0000-0003-1306-3572, yasar.karaduman@ogu.edu.tr

*3) Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi, Karaman, Türkiye,

ORCID: 0000-0003-3251-6880, nevzataydin@kmu.edu.tr

Geliş Tarihi: 27/05/2022 - **Kabul Tarihi:** 11/09/2022

DOI: 10.55205/joctensa.12202269

ATIF: Demir B., Karaduman Y. ve Aydın N. (2022). Hızlı Islah Teknolojisi Kullanılarak Ekmeklik Buğdayda Rekombinant Kendilenmiş Hat Popülasyonunun Geliştirilmesi. Cihannüma Teknoloji Fen ve Mühendislik Bilimleri Dergisi, 2(1), 36-57.

Öz

Çavdar translokasyonu buğday ıslahında yaygın olarak kullanılan önemli bir genetik kaynak olmakla birlikte buğdayın ekmeklik kalitesini olumsuz yönde etkilemektedir. Bu çalışmada farklı Yüksek ve Düşük Molekül ağırlıklı glütenin alt ünite (YMA-GA, DMA-GA) kombinasyonlarını taşıyan aynı zamanda çavdar translokasyonu taşıyıp taşımasına göre genetik bir açılım gözlenen rekombinant kendilenmiş hat popülasyonu geliştirilmiştir. Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonunun geliştirilmesinde hızlı ıslah teknolojisi ve tek tohum soy yöntemi kullanılmıştır. Bir generasyon süresi 50-70 gün arasında değişmiştir. F_{5,6} generasyonunda 287 adet kendilenmiş hattın elde edildiği çalışmada genetik olarak beklenen 16 farklı YMA-GA ve DMA-GA kombinasyonu gözlenmiştir. Geliştirilen hatların 99 adedinin *TBL1RS* çavdar translokasyonu taşıdığı belirlenmiştir. Protein kalitesinin belirlenmesi için yapılan Gluten Şişme İndeksi (GSI) analizi sonucunda Glu-B3b alleli taşıyan hatların 3.089 değerine sahip iken, çavdar translokasyonu taşıyan (*Glu-B3j* alleli) hatların 3.013 değerine sahip olduğu saptanmıştır. Protein oranının ise Glu-B3b alleli taşıyan hatlarda %21.41, *Glu-B3j alleli* taşıyan hatlarda %20.33 olduğu saptanmıştır. Elde edilen rekombinant kendilenmiş hat popülasyonu çavdar translokasyonu ile YMA-GA ve DMA-GA ünitelerinin ekmeklik buğdayın kalite özelliklerine etkisinin araştırılabileceği materyal olarak kullanılabilir. Araştırma sonuçları hızlı ıslah teknolojisinin buğdayda kısa sürede araştırma materyali geliştirmek için etkin olarak kullanılabilceğini göstermiştir.

Anhtar Kelimeler: Hızlı Islah, Çavdar Translokasyonu

* Sorumlu Yazar: nevzataydin@kmu.edu.tr

Abstract

Rye translocation is a significant genetic resource widely used in bread wheat breeding, but it negatively affects the bread-making quality. A recombinant inbred line population (RILs) containing different glutenin subunit (GS) combinations of High and Low Molecular Weight (HMW and LMW) and also carries rye translocation or not was developed in the study. We used speed breeding technology and the single seed descent method to develop recombinant lines (RILs). The plants were grown in the plant growth room using Light-Emitting Diode (LED) lamps with a broad spectrum in 22 hours of light and 2 hours of darkness. A generation period ranged between 50-70 days. We obtained two hundred eighty seven inbred lines in $F_{5,6}$ generation of the RILs population containing 16 different HMW-GS and LMW-GS combinations, genetically anticipated. Ninety-nine of the RILs carried 1BL.1RS rye translocation. As a result of the Gluten Swelling Index (GSI) analysis performed to determine the protein quality, it was determined that the lines carrying the Glu-B3b allele had a GSI value of 3.089, while the lines carrying the rye translocation (*Glu-B3j* allele) had a GSI value of 3.013. The protein content was found to be 21.41% in the lines carrying the Glu-B3b allele and 20.33% in the lines carrying the *Glu-B3j* allele. The RILs could be used to investigate the effect of HMW-GS and LMW-GS and rye translocation on the quality properties of bread wheat. The results showed that speed breeding technology is helpful to develop research material in bread wheat in a short period.

Keywords: Speed Breeding, Rye Translocation.

GİRİŞ

Günümüzde olduğu gibi gelecekte de gıda güvenliği insanlığın ilk önceliği olacaktır. Geniş adaptasyon yeteneği ve birim kalori üretiminde diğer bitkilere kıyasla daha düşük su tüketimiyle tahıllar gıda temininde kullanılan stratejik bitkilerdir. 2050 yılında gıda temininin karşılanabilmesi için tahıl üretiminin %50 oranında artırılması gerektiği ön görülmektedir (Lopes vd., 2012). Pirinç, patates ve mısırla birlikte dünyada kalori ihtiyacının yaklaşık olarak yüzde 60'ını karşılayan buğday bu anlamda gelecekte de önemli bir yere sahip olacaktır (Shewry ve Hey., 2015). Biyotik ve abiyotik stres faktörlerinin arttığı bir dünyada gıda ihtiyacının karşılanması tarımsal araştırmaların en zorlu görevidir. Şüphesiz bu görevin başarılmasında bitki ıslahının katkısı önemlidir (Hickey vd., 2017). Günümüzde bitki ıslahı teknolojik gelişmeler sonucunda fenotipik ve genotipik veri üretiminde önemli bir potansiyele kavuşmuştur (Elango vd., 2021). Bununla birlikte ıslah programları için önemli sınırlayıcılardan biri açılan generasyonda homozigot bireylerin yetiştirilmesi için geçen süredir. Nitekim bu konuda beklenen yenilik, 2018 yılında hızlı ıslah teknolojisinin geliştirilmesiyle yaşanmıştır (Watson vd., 2018; Ghosh vd., 2018). Yazlık buğdayda yılda 6 generasyon yetiştirme imkânı sağlayan hızlı ıslah teknolojisi yayınlanmasının ardından dünyada birçok ıslah programı tarafından kullanılmaya başlanmıştır. Hızlı

ıslah teknolojisi yeni çeşitlerin geliştirilmesi yanında tarımsal araştırmalara konu olacak genetik materyallerin geliştirilmesinde de önemli bir katkı sağlamaktadır (Ghosh vd., 2018).

Ekonomik öneme sahip özellikleri kontrol eden genlerin moleküler olarak belirlenmesi ıslah programlarına değerli katkılar sağlamaktadır. Genotipik verilerin üretilmesinde farklı özelliklere sahip haritalama popülasyonları kullanılmaktadır (Moose ve Mumm., 2008). Rekombinant kendilenmiş hat popülasyonları homozigot hatlarda çalışma imkânı sunması ve hatlarda ortaya çıkan yüksek rekombinasyon oranıyla hem genetik araştırmalar da hem de elit materyal geliştirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Bordes vd., 2014). Buğday ıslahında genotipik bilgilerin üretilmesi yanında diğer önemli bir konu da genetik varyasyonun ıslah hedeflerine uygun şekilde geniş tutulmasıdır (Lopes vd., 2015).

Genetik varyasyonun genişletilmesi ve hedef genlerin kullanılmasında sırasıyla yerel genotipler ve yabancı türler tercih edilmektedir. Bu amaçla kullanılan diğer önemli bir kaynak da akraba türlerdir. Bu kapsamda buğday ıslahında kullanılan önemli genetik kaynaklardan biri de çavdardır. Çavdar translokasyonu dünyadaki birçok buğday ıslah programında yaygın olarak kullanılmaktadır. Çavdar translokasyonu taşıyan çeşitler Dünya’da yoğun olarak yetiştirilmekte ve bu genotipler ıslah programlarında ebeveyn olarak kullanılmaktadır (Rabinovich, 1998; Graybosch, 2001). Çavdar translokasyonları verim potansiyeli, stabilite, abiyotik ve biyotik stres faktörlerine tolerans konusunda önemli avantajlar sağlamasına rağmen (Moreno-Sevilla vd., 1992; Moreno-Sevilla vd., 1995; Villareal vd., 1998; Graybosch., 2001; Kim vd., 2004; Hoffman., 2008; Ehdaie., 2011) buğdayın ekmeklik kalitesini olumsuz yönde etkilemektedir (Zeller ve Hsam, 1984; Dhaliwal ve MacRitche, 1990; Graybosch vd., 1990; Bullrich vd., 1998; Graybosch, 2001; Gobaa vd., 2008; Li vd., 2009; Zheng vd., 2009; Moiraghi vd., 2013; Ma vd., 2019; Rasheed vd., 2019). Çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerde kalitenin düşük olması genellikle *Glu-B3* lokusunda bulunan DMA glutenin alt ünitelerinin bulunmaması ve çavdardan transfer edilen secalin proteini nedeniyle. Bununla birlikte çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin kalite veya agronomik özelliklerine bu genotiplerin genetik tabanlarının etkisinin olduğu da unutulmamalıdır. Günümüz buğday ıslah programlarının önemli araştırma hedeflerinden biri de çavdar translokasyonu taşıyan

genotiplerin kabul edilebilir kalite özelliklerine sahip olmasıdır. Bu hedefin başarılmasında ilk akla gelen genotipik kaynaklar, YMA-GA ve DMA-GA üniteleridir. Bu polimerik yapıların tek başına buğdayın ekmeklik kalitesinde ortaya çıkan değişimin yüzde 47-60'ının kaynağı olduğu bildirilmiştir (Payne, 1987; Rakszegi vd., 2005). Graybosch (2001) çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin kalite özelliklerini iyileştirmeyi hedefleyen çalışmalarda ebeveynden birinin güçlü glutene sahip olması ve ideal YMA glutenin alt ünitelerini taşıması gerektiğini bildirmiştir.

Bu kapsamda ilk akla gelen genetik kaynak overexpress özelliğe sahip olan Bx7^{OE} alt ünitesidir. Overexpress özelliğe sahip Bx7^{OE} YMA glutenin alt ünitesinin buğday ununda extra güçlü glutenin genetik kaynağı olduğunu gösteren birçok araştırma bulunmaktadır (Marchylo vd., 1992; D'Ovidio vd., 1997; Butow vd., 2003; Ragupathy vd., 2008; Li vd., 2014; Rasheed vd., 2019). Howell vd., (2014) çavdar translokasyonu taşıyan Arjantin buğdaylarında Bx7^{OE} YMA alt ünitesinin ekmek olma kalitesini olumlu yönde etkilediğini bildirmişlerdir.

Türkiye'de yapılan bir çalışmada güncel yetiştiriciliği yapılan çeşitlerin de bulunduğu genotiplerden 100 tanesi taranmış ve genotiplerin sadece dört tanesinin çavdar translokasyonu taşıdığı tespit edilmiştir (Yediay vd., 2010). Bu çeşitler; Yıldız98, Tahirova2000, Osmaniye ve Seri82'dir. Türkiye'de çavdar translokasyonu taşıyan çeşit sayısının bu denli az olmasında ekmeklik kalite özelliklerinin bu genotiplerde düşük olması etkili olabilir. Rasheed vd., (2019) dünyadaki ıslah programlarında wbm (wheat bread-making gene) ve Bx7^{OE} alt ünitesinin çok yaygın olmadığını bildirmişlerdir.

Çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin diğer önemli bir özelliği de genetik tabana bağlı olarak kurağa tolerans göstermeleridir. Çavdar translokasyonu taşıyan genotiplerin kuraklığa toleransı genellikle kök özellikleriyle ilişkilendirilmiş ve bu ilişkinin moleküler kaynakları belirlenmiştir (Villareal vd., 1998; Ehdaie vd., 2003; Sharma vd., 2009; Sharma vd., 2011). Ayrıca bitki örtüsü sıcaklığı ile kök özellikleri arasındaki güçlü ilişki de (Lopes ve Reynolds, 2010) göz önüne alındığında çavdar translokasyonunun kurak alanlar için önemi bir kat daha artmaktadır. Howell vd., (2014) standart çavdar translokasyonu taşıyan ve Sec-1 lokusu taşımayan yakın izogenik hatlarda yaptıkları çalışmada standart çavdar translokasyonu taşıyan hatların, Sec-1 lokusu taşımayan hatlardan daha yüksek verim potan-



siyeline ve kuraklıkla ilişkili daha avantajlı parametrelere sahip olduklarını belirlemişlerdir. Araştırma sonuçları moleküler olarak Sharma vd., (2011) tarafından elde edilen sonuçlarla uyum içerisindedir.

Araştırmada hızlı ıslah teknolojisi kullanılarak çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan hatların yer aldığı ekmeklik buğdayın kalite özellikleri üzerine farklı YMA-GA ve DMA-GA ünite kombinasyonlarının etkilerinin araştırılabileceği bir rekombinant kendilenmiş hat popülasyonu geliştirilmiştir.

MATERYAL VE METOD

Bitki Materyali

Tosunbey ve Tahirova2000 ekmeklik buğday çeşitlerini kullanarak geliştirmiş olduğumuz rekombinant kendilenmiş hat popülasyonundan kalite özelliklerine ve çavdar translokasyonu taşıyıp taşımasına göre iki tane hattı ebeveyn olarak seçtik. Bu hatlardan biri 2*, 7+9, 5+10 YMA glütenin alt ünitelerini ve DMA glütenin alt ünitelerini kodlayan *GluA3e*, *GluB3j* ve *GluD3b* allellerini ve 1BL.1RS çavdar translokasyonu taşımaktadır ve bu hattın protein kalitesi düşüktür ve bu çalışmada RILs44 olarak adlandırılmıştır. Diğer hat ise 1, 17+18, 5+10 YMA glütenin alt ünitelerini ve DMA glütenin alt ünitelerini kodlayan *GluA3b*, *GluB3b* ve *GluD3b* allellerini taşımakta ve çavdar translokasyonu taşımamaktadır ve protein kalitesi yüksek bir hatır. Bu hatta, Kanada kökenli Glenlea çeşidinden overexpress özelliğine sahip 7^{OE}+8* alt ünitesini biyokimyasal markör destekli geriye melezleme yöntemiyle transfer ettik. BC4F_{3:4} generasyonunda 1, 7^{OE}+8*, 5+10 alt ünitelerini ve *GluA3b*, *GluB3b* ve *GluD3b* allellerini taşıyan yakın izogenik bir hat elde ettik ve bu hat araştırmada NILs78 olarak adlandırılmıştır. RILs44 ve NILs78 hatları kullanılarak yeni bir rekombinant kendilenmiş hat popülasyonu geliştirilmiştir. Araştırma sonucunda 16 farklı YMA-GA ve DMA-GA kombinasyonunun gözlendiği F_{5:6} generasyonunda 287 adet kendilenmiş hat geliştirilmiştir (Tablo 1).

Populasyonun geliştirilmesi

Populasyonun geliştirilmesinde tek tohum soy yöntemi (Brim, 1966) ve hızlı ıslah teknolojisi (Watson vd., 2018, Hickey vd., 2017) kullanılmıştır. Bitkiler, ışıklandırması geniş spektrumlu Light-Emitting Diode (LED) lambaların kullanıldığı bitki büyütme odasında 22 saat ışık, 2 saat karanlık periyotta yetiştirilmiştir. Işıklı periyotta oda sıcaklığı 25 ± 1 °C, karanlık periyotta ise 18 ± 1 °C olacak şekilde klima (Mitsubishi) ile iklimlendirilmiştir. Rekombinant kendilenmiş hat populasyonunun geliştirilmesinde kullanılan genotipler 4°C'deki buzdolabında yaklaşık 30 gün süreyle vernalize edilmiştir. Bitkilerin yetiştirilmesi için Klassman TS1 besin elementi katkılı torf (Almanya) kullanılmıştır. Vernalize olan bitkiler 4x4 cm çapında ve 6,5 cm yüksekliğindeki gözlere sahip çoklu saksılara (viyol) dikilmiştir. Bitkilere düzenli olarak makro ve mikrobesein elementi içeren kombi gübrelerle gübreleme yapılmıştır. Bitkilerde besin elementi eksikliği gözlenmesi durumunda yapraktan gübreleme uygulaması da yapılmıştır. Bitkilerin gelişme dönemlerine ilişkin veriler toplanmıştır. Bitkilerin ilk yaprak ve üçüncü yaprak çıkışı, sapa kalkma dönemi, gebecik (booting), başaklanma ve çiçeklenme dönemlerine ilişkin veriler toplanmıştır. Bitkiler çoklu saksılarda yetiştirildiği için hatların tek tek verileri alınamamış genel olarak ilk gelişme gösteren ve son gelişme gösteren hatlara ilişkin veriler toplanmıştır. Hasat zamanı son çiçeklenen bitkilere göre yapılmıştır. F3 generasyonundan sonra populasyondaki bitkiler erkenciler ve gecçiler olarak iki farklı grup halinde ekilmeye ve hasat edilmeye başlanmıştır. Bitkilerin hasat edilmesi genel olarak çiçeklenmeden 17-20 gün sonra gerçekleştirilmiş ve hasat edilen başaklar 35 °C kurutulmuştur (Daihan inkübatör). Kurutulan başakların her birinden bir tane alınarak 4 °C'deki buzdolabında dormansilerinin kırılması amacıyla 4-5 gün süreyle tutulmuştur. Daha sonra bu tohumlar 20 °C'deki bitki büyütme kabini (Nüve Bitki Büyütme Kabini) iki gün süreyle tutulmuş ve petri içerisinde çimlenmeye başlayan tohumlar vernalize edilmek üzere buzdolabına alınmıştır. Bu işlemler (Watson vd., 2018) ve (Hickey vd., 2017) tarafından belirtilen hızlı ıslah teknolojisine göre gerçekleştirilmiştir.

Kalite özelliklerinin belirlenmesi için sera denemesinin yürütülmesi

Geliştirilen haritalama populasyonundan farklı HMW-GS ve LMW-GS kombinasyonları sahip RILs seçilmiş ve tam kontrollü serada denemeye alınmıştır. Serada sıcaklık 25 ± 3 °C olacak şekilde ayarlanmıştır. Sera saat 17.00-02.00 saatleri arasında 400 w değerindeki halojen lambalarla aydınlatılmıştır. RILs bitkileri 3 litrelik saksılara ekilmiştir (Akyüz saksı). Bitkilerin yetiştirilmesinde popülasyonların geliştirilmesi başlığı altındaki agronomik uygulamalar yapılmıştır. Gübreleme ve sulama miktarları her saksı için eşit miktarda uygulanmıştır. Saksıların yeri her hafta periyodik olarak aynı sıralamayla değiştirilmiştir. Bitkilerin gelişme dönemleri yanında bitki boyu, başak boyu, başakta tane sayısı ve tane ağırlığı gibi bitkisel özelliklerine ilişkin veriler toplanmıştır.

Kalite analizleri

Çalışmada NILs78 ve RILs44'ün melezlenmesinden elde edilen glutenin alt ünitelerini taşıyan kendilenmiş hatların $F_{5,6}$ tohumları kullanılmıştır. Elde edilen tohumlar siklon değirmende öğütülerek un haline getirilmiştir. Perten Inframatic IM 9500 cihazının (Perten Instruments, Sweden) un modülü kullanılarak unların protein oranları belirlenmiştir ve kuru maddedeki içeriğine göre yüzde olarak ifade edilmiştir.

Gluten şişme indeksi (GSI) Wang ve Kovacs (2002) tarafından geliştirilen yöntemle göre yapılmıştır. Her generasyona sahip örneklerden 40 mg tartılarak 1.5 ml plastik mikrosantrifüj tüpüne konulmuş ve 0.6 ml distile su ilave edilmiştir. Tüpler hızla kapatılarak vorteks karıştırıcı (Vortex Genie 2, Scientific Industries, Bohemia, NY) ile beş saniye boyunca iyice karıştırılmıştır. Daha sonra tüpler bir termomikserde (Eppendorf model 5436, Brinkmann Instruments, Westbury, NY) 1400 rpm'de 20 dakika boyunca karıştırılmıştır. Approved Method 56-70'de (AACC 2000) tarif edildiği gibi 0.6 ml SDS-laktik asit stok solüsyonu eklenmiştir ve tüpler beş saniye vortekslenmiştir. Tüpler daha sonra 10 ve 20 dakika aralıklar da beş saniye vorteksleme yapılarak 20 dakika boyunca 1400 rpm'de termomiksere yerleştirilmiş ve ardından beş dakika boyunca 300 x g'de santrifüjlenmiştir (Micromax model, International Equipment Co., Needham Height, MA). Kalıntının yüzeyine temas etmemesine özen göstererek süpernatant atılmıştır.

Daha sonra tüpler ve çökeltiler tartılmış ve GSI %14 nem esası dikkate alınarak şişmiş çökeltinin ağırlığının orijinal numune ağırlığına bölünmesiyle hesaplanmıştır. Serada yürütülen denemeler augmentin deneme desenine göre kurulmuştur. Bu deneme deseninde kontrol olarak kullanılan hatlar her bir blokta yer alırken hatlar bloklarda tekerrürsüz olarak bir kez yer almaktadır.

Moleküler analizler

Yüksek molekül ağırlıklı (YMA) ve Düşük molekül ağırlıklı (DMA) glutenin alt (GA) ünitelerinin belirlenmesi için buğday genotiplerinin YMA-GA, Masci vd. (2000) ve Gianibelli vd. (2002) tarafından tanımlanan ve Koyuncu (2009) tarafından modifiye edilerek detaylı protokolü verilen sodyum dodesil sülfat poliakrilamid jel elektroforez (SDS-PAGE) yöntemi ile belirlenmiştir. 287 adet kendilenmiş rekombinant hatta ait her bir tohum numaralandırılarak yarısı neşter ile kesilmiştir. Kesilen buğday tanesi havanda ezildikten sonra sırasıyla %70 (v/v) etanol ve %50 (v/v) 1-propanol ile muamele edilmiştir. *Glutenin* olmayan proteinler uzaklaştırılmıştır. Daha sonra Singh vd., (1991) tarafından önerilen yöntemle glutenin proteinleri ekstrakte edilerek indirgenmiş ve SDS-PAGE sistemi kullanılarak yürütülmüştür. YMA ve DMA glutenin alt üniteleri görüntü işleme sisteminde (BioRad) görüntülenmiş ve hatların sahip olduğu alt üniteler belirlenmiştir.

BULGULAR

Haritalama populasyonunda yer alan hatların YMA ve DMA glutenin alt ünite kombinasyonları

Araştırmada çavdar translokasyonu taşıyan ve taşımayan hatlarda farklı YMA ve DMA glutenin alt ünitelerinin buğdayın kalitesine etkisini araştırma amacıyla kullanılacak bir haritalama populasyonu geliştirilmiştir. Haritalama populasyonunun geliştirilmesinde Mendel açılımına göre gerçekleşmesi muhtemel YMA ve DMA glutenin alt ünitesi kombinasyonları ve araştırma sonucu bu kombinasyonlarda gerçekleşen hat sayılarına ilişkin veriler Tablo 1’de verilmiştir. Tablo 1 incelendiğinde görüleceği üzere hem *Glu-B3j* allelini yani çavdar translokasyonu taşıyan hem de overexpress özelliğine sahip 7 nolu alt üniteyi taşıyan dört adet kombinasyon belirlenmiştir. Teorik olarak protein kalitesinin $7^{OE}+8^*$ YMA glutenin alt ünitesi



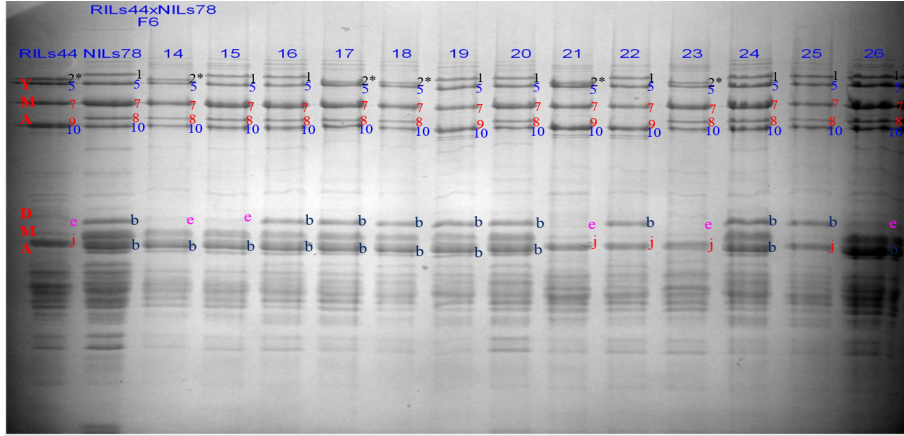
yanında *Glu-A3* ve *Glu-B3* allelleri için DMA alt ünitesini taşıyan hatlarda yüksek olması beklenirken, çavdar translokasyonu taşıyan (*Glu-B3j*) hatların protein kalitesinin düşük olması beklenir. Ebeveyn genotipler *Glu-D1* ve *Glu-B3* allelleri için aynı alt üniteleri taşıdığı için bu alleller bakımından açılım gözlenmemiştir.

Haritalama popülasyonunda toplam olarak $F_{5:6}$ generasyonunda 287 adet hat geliştirilmiştir. Farklı allel kombinasyonlarına sahip hatların sayısı 6 ile 51 arasında değişmiştir (Tablo 1). Tek tohum soy yöntemine göre geliştirilen haritalama popülasyonunda hatların allel kombinasyonu dengeli bir şekilde dağılmamıştır, bu da beklenen bir durumdur. Bazı kombinasyonlardaki hat sayısının artması için popülasyondaki hat sayısı F2 generasyonundan itibaren artırılmalıdır. Geliştirilen haritalama popülasyonu çavdar translokasyonu taşıyan hatların protein kalitesi üzerine YMA glutenin alt üniteleri ve DMA glutenin alt allellere ait etkilerinin belirlenmesi amacıyla kullanılabilir.

Tablo 1

Haritalama popülasyonunda yer alan hatların YMA-GA ve DMA-GA kombinasyonları ve geliştirilen hat sayıları

YMA-GA üniteleri			DMA-GA üniteleri			Hat Sayısı
<i>Glu-A1</i>	<i>Glu-B1</i>	<i>Glu-D1</i>	<i>Glu-A3</i>	<i>Glu-B3</i>	<i>Glu-B3</i>	
1	7 ^{OE+8*}	5+10	b	b	b	24
1	7 ^{OE+8*}	5+10	e	b	b	25
1	7 ^{OE+8*}	5+10	b	j	b	7
1	7 ^{OE+8*}	5+10	e	j	b	6
2*	7 ^{OE+8*}	5+10	b	b	b	51
2*	7 ^{OE+8*}	5+10	e	b	b	39
2*	7 ^{OE+8*}	5+10	b	j	b	9
2*	7 ^{OE+8*}	5+10	e	j	b	11
1	7+9	5+10	b	b	b	12
1	7+9	5+10	e	b	b	8
1	7+9	5+10	b	j	b	26
1	7+9	5+10	e	j	b	12
2*	7+9	5+10	b	b	b	12
2*	7+9	5+10	e	b	b	17
2*	7+9	5+10	b	j	b	13
2*	7+9	5+10	e	j	b	15
Toplam						287
Ebeveyn						
2*	7+9	5+10	e	j	b	RILs44
1	7 ^{OE+8*}	5+10	b	b	b	NILs78



Şekil 1 NILs78 x RILs44 melezinin F₆ generasyonundaki tohumlarının SDS-PAGE jel görüntüsü

Şekil 1’de NILs78 x RILs44 melezlemesi sonucu elde edilen F₆ generasyonundaki tohumların SDS-PAGE görüntüsüne yer verilmiştir. Hatların YMA-GA ve DMA-GA verileri protein temelli markör olan SDS-PAGE yöntemi kullanılarak saptanmıştır.

Haritalama popülasyonuna ilişkin fenotipik veriler

NILs78 x RILs44 melezi sonucu elde edilen hatların F_{2:3}, F_{3:4}, F_{4:5} ve F_{5:6} generasyonlarının gelişim dönemlerine ilişkin ekim zamanı ve fenotipik gözlem verileri sırasıyla Tablo 2, 3, 4 ve 5’te yer almaktadır.

Tablo 2

NILs78 x RILs44 melezinin F_{2:3} generasyonuna ait fenotipik gözlemler (Gün)

Ekim Tarihi	31.10.2019	
	Başaklanma süresine göre gruplar	
	Erkenciler	Geççiler
1.Yaprak çıkışı	1	1
3.Yaprak çıkışı	7	8
Sap uzaması	23	43
Gebecik	29	48
Başaklanma	30	50
Çiçeklenme	34	54
Hasat	55	70

Vernalizasyon sonrasında ekimleri gerçekleştirilen NILs78 x RILs44 melezinin F_{2:3} generasyonundaki hatlar F₃ generasyonunda erken başaklananlar ve geç başaklananlar olarak iki farklı grupta hasat edilmiştir ve bu grup-



lar farklı çoklu saksılara ekilmiştir. Hızlı ıslah teknolojisine göre yetiştirilen genotipler çiçeklenmeden yaklaşık olarak 15-20 gün sonra hasat edilmiştir. Erkenci olarak seçilen hatların hasadı ekimden 55 gün sonra yapılırken, geçici olarak seçilen hatların hasadı ekim tarihinden 70 gün sonra yapılmıştır. Gelişim dönemleri arasında erkenci ve geçici grup arasındaki farklılık sapa kalkma süresinde yaşanmıştır. Erkenci gruptaki hatlar ortalama 23 günde sapa kalkarken, geçici gruptaki hatların sapa kalkma süresi 43 gün sürmüştür. Tahıllarda başaklanma vernalizasyon, fotoperiyot ve erkencilik genlerinin kontrolündedir (Hay ve Ellis, 1998). Her iki grupta da sapa kalkma döneminden sonraki dönemler arasında geçen süreler yaklaşık olarak benzerlik göstermiştir. Araştırmada saptanan generasyon süreleri hızlı ıslah teknolojisini geliştiren araştırma grubunun verileriyle uyum içerisindedir (Watson vd., 2018).

Tablo 3

NILs78 x RILs44 melezinin F_{3:4} generasyonuna ait fenotipik gözlemler (Gün)

Ekim Tarihi	07.02.2020	
	Başaklanma süresine göre gruplar	
	Erkenciler	Geçiciler
1.Yaprak çıkışı	1	1
3.Yaprak çıkışı	5	6
Sap uzaması	21	27
Gebecik	29	38
Başaklanma	31	44
Çiçeklenme	35	48
Hasat	50	63

Hızlı ıslah teknolojisine göre yetiştirilen haritalama popülasyonundaki F_{3:4} generasyonuna ait hatların erken ve geç başaklananları bir önceki generasyonda olduğu gibi bir ay süreyle vernalize edilmiş ve iki farklı grup olarak çoklu saksılara ekimleri yapılmıştır. Bu generasyonda erkenci olarak seçilen hatların hasadı ekimden 50 gün sonra, geçici olarak seçilen hatların hasadı ekim tarihinden 63 gün sonra yapılmıştır. Tablo 3'de görüleceği üzere NILs78 x RILs44 melezinin F_{3:4} generasyonunda da erkenci ve geçici grup arasında farklılık sap uzaması döneminde yaşanmıştır ama fark bir önceki generasyona göre oldukça düşük gerçekleşmiştir. Erkenci gruptaki hatların gebecik dönemine ulaşma süresi ortalama 29 gün iken, geçici gruptaki hatların gebecik dönemine ulaşma süresi 38 günde gerçekleşmiştir.

Tablo 4*NILs78 x RILs44 melezinin F_{4:5} generasyonuna ait fenotipik gözlemler (Gün)*

Ekim Tarihi	27.05.2020	
	Başaklanma süresine göre gruplar	
	Erkenciler	Geççiler
1.Yaprak çıkışı	1	1
3.Yaprak çıkışı	7	8
Sap uzaması	24	27
Gebecik	32	35
Başaklanma	34	39
Çiçeklenme	36	42
Hasat	51	60

Popülasyonun F_{4:5} generasyonundaki hatlar yine iki farklı olgunlaşma grubuna göre yetiştirilmiştir. Erkenci hatların yer aldığı grubun generasyon süresi 51 günde tamamlanırken, geççi gruptaki hatların generasyon süresi 60 günde tamamlanmıştır. Genotiplerin hasadı çiçeklenmeden sonra yaklaşık olarak 15-20 gün içerisinde gerçekleştirilmiştir. Tablo 4'teki erkenci ve geççi grup arasındaki gelişim dönemleri incelendiğinde gelişim dönemleri arasındaki farklılığın başaklanma süresinde gözlenmeye başladığı anlaşılmaktadır.

Tablo 5*NILs78 x RILs44 melezinin F_{5:6} generasyonuna ait fenotipik gözlemler (Gün)*

Ekim Tarihi	02.10.2020	
	Başaklanma süresine göre gruplar	
	Erkenciler	Geççiler
1.Yaprak çıkışı	1	1
3.Yaprak çıkışı	6	5
Sap uzaması	27	28
Gebecik	32	34
Başaklanma	34	39
Çiçeklenme	37	45
Hasat	51	60

Tek tohum soy yöntemiyle geliştirilen popülasyonun F_{5:6} generasyonunda erkenci ve geççi grupların hasat süreleri bir önceki generasyonla benzerlik göstermiştir. Benzer şekilde geççi gruptaki hatların generasyon süresinin uzamasında başaklanma ve çiçeklenme dönemlerinin daha uzun olması etkili olmuştur. Elde edilen sonuçlara göre erkenci ve geççi grup arasındaki generasyon süresi farklılıkları erken generasyonlarda sapa kalkma süresinde yaşanırken, daha ileri generasyonlarda başaklanma ve çiçeklenme sürelerinde yaşanmıştır. Araştırma sonuçlarına göre hızlı ıslah teknolojisi kullanılarak buğdayda generasyon süresinin önemli oranda kısaltılacağı görülmüştür.

Geliştirilen haritalama populasyonunda bazı kalite analizlerini yapmak için farklı YMA ve DMA glütenin alt ünitesi kombinasyonuna sahip $F_{5,6}$ generasyondaki hatlar tam kontrollü sera şartlarında saklılarda yetiştirilmiştir. Yetiştirilen bitkilerin bitki boyu, başak boyu, başakta tane sayısı ve başakta tane ağırlığı değerlerine ilişkin ortalamalara Tablo 6'da yer verilmiştir.

Tablo 6

Tam kontrollü serada yetiştirilen $F_{5,6}$ hatlarının bitki boyu, başak boyu, başakta tane sayısı ve başakta tane ağırlığına ilişkin ortalama değerler

	Bitki Boyu (cm)		Başak Boyu (cm)		Başakta Tane Sayısı		Başakta Tane Ağırlığı (g)	
	DO	SH	DO	SH	DO	SH	DO	SH
Ortalama	61.2	3.53	6.58	0.44	24.90	3.88	0.76	0.12
Maksimum değer	80.5	4.11	9.83	0.51	44.75	4.51	1.64	0.14
Minimum değer	38.5	2.60	4.24	0.32	13.00	2.85	0.27	0.09
VK %	9.45		10.97		25.45		26.31	

DO: Düzeltilmiş Ortalama SH: Standart Hata VK: Varyasyon Katsayısı

Yetiştirilen bitkilerde en yüksek bitki boyu 80.5 cm olurken, en kısa bitki boyu 38.5 cm olarak belirlenmiştir. Ortalama bitki boyu 61.2 cm olarak gerçekleşmiştir. Hatların başak boyu 4.24 - 9.83 cm arasında değişmiş ve ortalama başak boyu 6.58 cm olarak gerçekleşmiştir. Bir başağın ortalama boy uzunluğu ise 6.58 cm'dir. Genotiplerin ortalama başakta tane sayısı 24.90 adet olarak gerçekleşmiş ve başakta tane sayısı değerleri 13.00 – 44.75 adet arasında değişmiştir. Başakta tane ağırlığı bakımından hatlar incelendiğinde ortalama değer 0.76 g olduğu ve bu değer bakımından verilerin 0.27 – 1.64 g arasında değişmiştir. Elde edilen veriler serada yetiştirilen bitkiler için kabul edilebilir nitelikte göstermiştir.

Gluten Şişme İndeksi (GSI) ve Protein oranı

Çalışmanın bu bölümünde amacımız arazi şartlarına çıkmadan önce geliştirmiş olduğumuz hatların kalite özellikleri konusunda sera şartlarında hızlı ve küçük miktarda örnekler kullanılarak kalite analizleri gerçekleştirmek ve hatlar hakkında fikir sahibi olmaktır. Protein kalitesinin belirlenmesinde çok az miktardaki örnekle yapılabilen *Gluten* Şişme İndeksi (GSI) ve Near Infrared Reflectance (NIR) cihazı kullanılarak protein oranı saptanmıştır.

Tablo 7*Tam kontrollü serada yetiştirilen hatların GSI (ml) değerlerine ilişkin varyans analiz tablosu*

Varyans Kaynakları	GSI (ml)		
	SD	KO	F
Model	6	0.263	8.97
<i>Glu-A1</i>	1	0.099	3.40
<i>Glu-B1</i>	1	0.002	0.06
<i>Glu-A3</i>	1	0.031	1.07
<i>Glu-B3</i>	1	0.259	8.82*
<i>GluA1 x GluB1</i>	1	0.813	27.70**
<i>GluA3 x GluB3</i>	1	0.058	1.99
Hata	285	0.029	
Toplam	141		

*0,05 düzeyinde. **0,01 düzeyinde önemli, SD: Serbestlik derecesi, KO: Kareler ortalaması, GSI: Gluten Şişme İndeksi

Hatların GSI özelliğine ilişkin varyans analiz verilerine Tablo 7’de yer verilmiştir. İstatistik analiz programı için Jump 12.0 kullanılmıştır. Yapılan istatistik analiz sonucunda *GluA1 x GluB1* kombinasyonuna sahip genotiplerinin GSI oranları arasındaki farkların istatistiki olarak %1 düzeyinde, *Glu-B3* alleli taşıyan genotiplerin GSI değerleri arasındaki farkların ise istatistiki olarak %5 düzeyinde önemli olduğu bulunmuştur.

Tablo 8*Tam kontrollü serada yetiştirilen hatların protein oranına (% km) ilişkin varyans analiz tablosu*

Varyans Kaynakları	Protein (%)		
	SD	KO	F
Model	6	10.21	3.87
<i>Glu-A1</i>	1	1.22	0.46
<i>Glu-B1</i>	1	8.98	3.40
<i>Glu-A3</i>	1	0.17	0.06
<i>Glu-B3</i>	1	25.0	9.49**
<i>GluA1 x GluB1</i>	1	13.86	5.26*
<i>GluA3 x GluB3</i>	1	21.10	8.0**
Hata	129	2.62	
Toplam	141		

*0,05 düzeyinde. **0,01 düzeyinde önemli SD: Serbestlik derecesi KO: Kareler ortalaması

Hatların protein oranına ilişkin varyans analiz verilerine Tablo 8’de yer verilmiştir. Yapılan istatistik analiz sonucunda *Glu-B3* allelini taşıyan genotiplerin protein oranları arasındaki farkın istatistiki %1 düzeyinde önemli olduğu saptanmıştır. Ayrıca *GluA1 x GluB1* ve *GluA3 x GluB3* allel kombinasyonlarını taşıyan genotiplerin protein oranları arasındaki farkların ista-

tistikî olarak sırasıyla %5 ve %1 düzeyinde önemli olduđu belirlenmiştir. Elde edilen veriler sera şartlarında yetiştirilen bitkilerin ve az numune miktarı kullanılarak yapılan kalite özellikleri arasındaki farklılıkların belirlenebileceğini göstermektedir.

Tablo 9

Tam kontrollü serada yetiştirilen hatların GSI (ml) ve protein oranına (%) YMA-GA ve DMA-GA etkisi

YMA-GA Üniteleri	GSI (ml)		Protein (% km)		
	DO	SH	DO	SH	
<i>Glu A1</i>	1	3.031	0.015	20.77	0.207
	2*	3.071	0.015	20.97	0.213
<i>Glu B1</i>	7 ^{OE} + 8*	3.054	0.016	20.57	0.228
	7+9	3.048	0.015	21.18	0.217
<i>Glu A1 x Glu B1</i>	1, 7 ^{OE} +8*	2.980 b	0.022	20.14 b	0.304
	1, 7+9	3.083 a	0.022	21.40 a	0.304
	2*, 7 ^{OE} +8*	3.129 a	0.021	20.99 a	0.292
	2*, 7+9	3.014 b	0.021	20.95 ab	0.313
DMA-GA Üniteleri		DO	SH	DO	SH
<i>Glu A3</i>	<i>b</i>	3.063	0.014	20.91	0.197
	<i>e</i>	3.040	0.016	20.83	0.225
<i>Glu B3</i>	<i>b</i>	3.089 a	0.014	21.41 a	0.196
	<i>j</i>	3.013 b	0.019	20.33 b	0.206
<i>GluA3 x Glu B3</i>	<i>bb</i>	3.085 a	0.017	21.02 b	0.246
	<i>bj</i>	3.040 ab	0.025	20.80 bc	0.350
	<i>eb</i>	3.094 a	0.020	21.81 a	0.284
	<i>ej</i>	2.986 b	0.027	19.86 c	0.364
VK %		1.12		7.73	

DO: Düzeltilmiş Ortalama SH: Standart Hata VK: Varyasyon Katsayısı GSI: Gluten Şişme İndeksi km: Kuru Madde

Tam kontrollü serada yetiştirilen hatların protein kalitesi ve miktarının belirlenmesi amacıyla GSI ve protein oranı analizleri yapılmış ve bu özelliklere YMA-GA ve DMA-GA ünitelerinin etkisi araştırılmıştır. Elde edilen verilere Tablo 9'da yer verilmiştir. Hatların tamamı *Glu-D1* alleli tarafından kodlanan 5+10 alt ünitesini ve *Glu-D3b* allellerini taşıdığı için bu alt ünitelere Tablo 9'da yer verilmemiştir. Tablo incelendiğinde görüleceği üzere araştırmada kullanılan kalite özelliklerine etkili en önemli faktörün *Glu-B3* alleli olduğu saptanmıştır. *Glu-B3j* allelini taşıyan yani çavdar translokasyonu taşıyan hatların kalite özellikleri arasındaki farklılıklar başarıyla saptanmıştır ve farklılıklar istatistiki olarak da önemli bulunmuştur. *Glu B3b* alleli taşıyan hatların ortalama GSI değeri 3.089, *GluB3j* alleli taşıyan yani çavdar translokasyonu taşıyan hatların ortalama GSI değeri ise 3.013 olarak saptanmıştır. Benzer şekilde *Glu-A3* x *Glu-B3* allel kombinasyonunda sahip hatlarda *GluB3j* alleli taşıyan kombinasyonların ortalama GSI değerleri daha düşüktür. Birçok araştırmacı çavdar translokasyonunun buğdayda protein kalitesi olumsuz yönde etkilediğini bildirmiştir (Zeller ve Hsam, 1984; Dhaliwal ve MacRitche, 1990; Graybosch vd., 1990; Bullrich vd., 1998; Graybosch, 2001; Gobaa vd., 2008; Lee vd., 1995; Li vd., 2009; Zheng vd., 2009; Moiraghi vd., 2013; Ma vd., 2019; Rasheed vd., 2019). *Glu-B3* alleli ve *Glu-A3* x *Glu-B3* allel kombinasyonlarının protein oranına etkisi istatistiki olarak önemli bulunmuştur. Çavdar translokasyonu taşımayan (*Glu-B3b*) hatlar, çavdar translokasyonu taşıyan (*Glu-B3j*) hatlardan daha yüksek protein oranına sahiptir. Benzer şekilde *Glu-A3* x *Glu-B3* allel kombinasyonunda çavdar translokasyonu taşıyan hatların protein oranı, taşımayanlara kıyasla daha düşüktür.

GSI ve protein oranı için *Glu-B1* alleli tarafından kodlanan $7^{OE} + 8^*$ ve $7+9$ alt üniteleri arasındaki farklılık istatistiki olarak önemli bulunmamıştır. Overexpress özelliği taşıyan 7 alt ünitesi taşıyan hatların GSI değeri daha yüksek çıkmış ama fark istatistiki olarak önemli bulunmamıştır. Bununla birlikte *Glu-A1* x *Glu-B1* allel kombinasyonlarına sahip hatların GSI ve protein oranı arasındaki farklar istatistiki olarak önemlidir. GSI değerlerine ilişkin YMA glutenin alt ünitelerindeki kombinasyonlarına sahip 2^* , $7^{OE}+8^*$ alt ünitelerini taşıyan hatların ortalama 3.129 değer ile en yüksek değere sahip iken, 1 , $7^{OE}+8^*$ alt ünitelerini taşıyan hatların ortalama 2.980 değer ile en düşük değere sahiptir. Protein oranı için YMA glutenin alt ünitelerinin etkisi araştırıldığında 2^* , $7^{OE}+8^*$ alt ünitelerini taşıyan hatların ortalama



ma protein oranı %20.99 iken, 1, 7^{OE}+8* taşıyan hatların ortalama protein oranı %20.14 olarak gerçekleşmiştir. 1, 7+9 alt ünitelerini taşıyan hatların ortalama protein oranı %21.40 iken, 2*, 7+9 alt ünitelerini taşıyan hatların ortalama protein oranı %20.95 olarak gerçekleşmiştir. Çok az miktarda örnekle gerçekleştirilen kalite analizlerinin sonuçları, hassas uygulama isteyen bir yöntem olan GSI ve protein oranı analizlerinin sera şartlarında genotiplerin kalitesinin belirlenmesinde kullanılabileceğini göstermiştir. Bu çalışma kapsamında geliştirilen hatlar buğday kalite ıslah araştırmalarında çavdar translokasyon taşıyan ve kabul edilebilir ekmeçlik kalitesine sahip çeşitlerin geliştirilmesinde elit materyal olarak kullanılabilir.

SONUÇ

Araştırmada rekombinant kendilenmiş hat populasyonu geliştirilmesi amacıyla NILs78 × RILs44 melezi yapılmış ve F_{2:3}, F_{3:4}, F_{4:5} ve F_{5:6} generasyonları hızlı bitki büyütme odasında hızlı ıslah teknolojisi kullanılarak yetiştirilmiştir. Populasyonlar geliştirilirken erken generasyonda çiçeklenme sürelerine göre erkenci ve geçci gruplara ayrılarak büyütülmüştür. Erkenci ve geçci gruplar arasında erken generasyonlarda gelişim farklılığı sap uzaması süresinde yaşanırken, ilerleyen generasyonlarda başaklanma sürelerinde farklılıklar gözlenmiştir. Tahıllarda çiçeklenme vernalizasyon, fotoperiyot ve çiçeklenme genleri tarafından kontrol edilen karmaşık bir özelliktir. Hızlı ıslah teknolojisinin kullanıldığı yetiştirme işleminde generasyonların süresi 50-70 gün arasında değişmiştir. Bu sonuçlara göre bir generasyonunun serada yetiştirilme süresinin ortalama 60 gün civarında süreceği söylenebilir. Hatların kalite özelliklerinin belirlenmesi amacıyla F_{5:6} generasyonunda bulunan ve farklı YMA ve DMA glutenin alt üniteleri taşıyan hatlar seçilmiş ve tam kontrollü sera şartlarında saklılarda yetiştirilmiştir. Yetiştirilen bitkilerin ortalama bitki boyu 61.2 cm, ortalama başak boyu 6.58 cm ve ortalama başakta tane sayısı 24 adet olarak gerçekleşmiştir. Bitkilerin başaktaki ortalama tane ağırlığı 0.76 g, başaktaki maksimum tane ağırlığı 1.64 g, başaktaki minimum tane ağırlığı ise 0.27 g olarak saptanmıştır (Tablo 6).

Protein kalitesinin belirlenmesi için çok az miktardaki örnekle yapılan *Gluten* Şişme İndeksi (GSI) ve protein oranının belirlenmesi için NIR cihazıyla protein oranı belirlenmiştir. Çavdar translokasyonu taşıyan hatla-

rın protein kalitesinin ve protein oranının daha düşük olduğu saptanmıştır. Araştırma sonuçları hızlı ıslah teknolojisinin buğdayda generasyon süresini önemli oranda kısalttığını göstermiştir. Bu nitelikli araştırma materyali ve çeşit geliştirmek isteyen araştırmacılar için zaman açısından önemli bir avantaj sağlayacaktır. Sera şartlarında yetiştirilen ve küçük miktarda numuneye sahip örneklerin kullanıldığı GSI ve NIR sistemindeki protein oran analizinin hatların ekmeklik kalitesi hakkında ön bilgi üretmek için kullanılabilir. Çalışma sonucunda geliştirilen genetik materyal hem çavdar translokasyonu taşıyan hem de kabul edilebilir ekmeklik kalitesine sahip genotiplerin geliştirilmesinde elit materyal olarak kullanılabilir.



KAYNAKLAR

- Bordes, J., Goudemand, E., Duchalais, L., Chevarin, L., Oury, F. X., Heumez, E. & Charmet, G., (2014). Genome-wide association mapping of three important traits using bread wheat elite breeding populations. *Molecular breeding*, 33(4), 755-768.
- Bullrich, L., Tranquilli, G., Pfluger, L. A., Suárez, E. Y. & Barneix, A. J., (1998). Bread-making quality and yield performance of 1BL/1RS wheat isogenic lines. *Plant breeding*, 117(2), 119-122.
- 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(8), 1524-1532.
- Dhaliwal, A.S. & MacRitche, F., (1990). Contributions of protein fractions to dough handling properties of wheat-rye translocation cultivars. *J Cereal Sci* 12:113-122.
- D'Ovidio, R., Masci, S., Porceddu, E. & Kasarda, D. D., (1997). Duplication of the Bx7 high-molecular-weight glutenin subunit gene in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivar 'Red River 68'. *Plant Breeding*, 116(6), 525-531.
- Ehdaie, B., Whitkus, R.W. & Waines, J.G., (2003). Root biomass, water-use efficiency, and performance of wheat-rye translocations of chromosomes 1 and 2 in spring bread wheat "Pavon". *Crop Sci.* 43:710-717.
- Ehdaie, B., Layne, A.P. & Waines, J.G., (2011). Root system plasticity to drought influences grain yield in bread wheat. *Euphytica* 186:219-232.
- Elango, D., Sandoya, G., & Chopra, S., (2021). Techniques and Tools of Modern Plant Breeding. *Plant Biotechnology: Experience and Future Prospects*, 17-26.
- Ghosh, S. & Hickey LT., (2018). Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research. *Nature Protocols*. 13:2944-2963.
- Ghosh, S., Watson, A., Gonzalez-Navarro, O. E., Ramirez-Gonzalez, R. H., Yanes, L., Mendoza-Suárez, M., ... & Hickey, L. T. (2018). Speed breeding in growth chambers and glasshouses for crop breeding and model plant research. *Nature protocols*, 13(12), 2944-2963.
- Gianibelli, M.C., Echaide, M., Larroque, O.R., Carrillo, J.M., Dubcovsky, J. (2002). Biochemical and molecular characterisation of Glu-1 loci in Argentinean wheat cultivars. *Euphytica*, 128, 61-73.
- Gobaa, S., Brabant, C., Kleijer, G. & Stamp, P., (2008). Effect of the 1BL. 1RS translocation and of the Glu-B3 variation on fifteen quality tests in a doubled haploid population of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Cereal Science*, 48(3), 598-603.
- Graybosch, R.A., Peterson, C.J., Hansen, L.E. & Mattern, P.J., (1990). Relationships between protein solubility characteristics, 1BL/1RS, high molecular weight glutenin composition, and end-use quality in winter wheat germ plasm. *Cereal Chem* 67:342-349.
- Graybosch, R.A., (2001). Uneasy Unions: Quality effects of rye chromatin transfers to wheat. *J Cereal Sci* 33:3-16.

- Hay, R. K. M., & Ellis, R. P. (1998). The control of flowering in wheat and barley: what recent advances in molecular genetics can reveal. *Annals of Botany*, 82(5), 541-554.
- Hickey, L. T., Germán, S. E., Pereyra, S. A., Diaz, J. E., Ziem, L. A., Fowler, R. A. & Dieters, M. J., (2017). Speed breeding for multiple disease resistance in barley. *Euphytica*, 213, 1-14.
- Hoffman, B. (2008). Alteration of drought tolerance winter wheat caused by translocation of rye chromosome segment 1RS. *Cereal Res Commun* 36:269-278.
- Howell, T., Hale, I., Jankuloski, L., Bonafede, M., Gilbert, M. & Dubcovsky, J., (2014). Mapping a region within the 1RS. 1BL translocation in common wheat affecting grain yield and canopy water status. *Theoretical and applied genetics*, 127, 2695-2709.
- Kim, W. & Johnson, J., (2004). Agronomic effect of wheat-rye translocation carrying rye chromatin (1R) from different sources. *Crop Sci* 1254-1258.
- Koyuncu, M. (2009). Yerel durum buğday çeşitlerinin makarnalık kalitelerini etkileyen önemli parametreler bakımından taranması. (Master's thesis, Gaziosmanpaşa Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü).
- Lee, J. H., Graybosch, R. A., & Peterson, C. J., (1995). Quality and biochemical effects of a 1BL/1RS wheat-rye translocation in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 90, 105-112.
- Li, B., Zheng, Y., Pan, Z. & Hartsough, B., (2009). Improved properties of medium-density particleboard manufactured from saline Creeping Wild Rye and HDPE plastic. *Industrial Crops and products*, 30(1), 65-71.
- Li, J., Han, C., Zhen, S., Li, X. & Yan, Y., (2014). Characterization of HMW glutenin subunit Bx7OE and its distribution in common wheat and related species. *Plant Genetic Resources*, 12(2), 191-198.
- Lopes, M. & Reynolds, M.P. (2010). Partitioning of assimilates to deeper roots is associated with cooler canopies and increased yield under drought in wheat. *Functional Plant Biology* 37: 147-156.
- Lopes, M., Reynolds, M. P. & Manes, Y., (2012). Genetic yield gains ve changes in associated traits of CIMMYT spring bread wheat in a 'Historic' set representing 30 years of breeding. *Crop Sci.*, 52, 1123–1131.
- Lopes, M. S., El-Basyoni, I., Baenziger, P. S., Singh, S., Royo, C., Ozbek, K. & Vikram, P., (2015). Exploiting genetic diversity from landraces in wheat breeding for adaptation to climate change. *Journal of experimental botany*, 66(12), 3477-3486.
- Ma, F., Kim, J., Cho, E., Brown-Guedira, G., Park, C. S. & Baik, B. K., (2019). HMW-GS composition and rye translocations of US eastern soft winter wheat and their associations with protein strength. *Journal of Cereal Science*, 89, 102799.
- Marchylo, B.D., Lukow, O.M. & Kruger, J.E., (1992). Quantitative variation in high molecular weight subunit 7 in some Canadian wheats. *J Cereal Sci* 15: 29–38.
- Masci, S., D'ovidio, R., Lafiandra, D., Kasarda, D. D. (2000). A 1B-coded low-molecular-weight glutenin subunit associated with quality in durum wheats shows strong similarity to a subunit present in some bread wheat cultivars. *Theoretical Applied Genetics*, 100.



- Moiraghi, M., Vanzetti, L., Pflüger, L., Helguera, M. & Perez, G.T., (2013). Effect of high molecular weight glutenins and rye translocations on soft wheat flour cookie quality. *Journal of Cereal Sci* 58:424-430.
- Moose, S. P., & Mumm, R. H., (2008). Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. *Plant physiology*, 147(3), 969-977.
- Moreno-Sevilla, B., Baenziger, P.S., Peterson, C.J. & Graybosch, R.A., (1992). Comparison of 1B and 1BL/1RL lines derived from wheat cultivar 'Rawhide'. *Agron Abstr*: 107.
- Moreno-Sevilla, B., Baenziger, P.S., Peterson, C.J., Graybosch, R.A. & McVey, D.V., (1995). The 1BL/1RS translocation: agronomic performance of F3-derived lines from a winter wheat cross. *Crop Sci* 35:1051-1055.
- Payne, P.I., (1987). The genetical basis of breadmaking quality in wheat. *Aspects Appl Biol* 15:79-90.
- Payne, P.I., Nightingale, M.A., Krattiger, A.F. & Holt L.M., (1987). The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties. *J Sci Food Agric* 40. 51-65.
- Rabinovich, S. V., (1998). Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivar of *Triticum aestivum* L. *Euphytica*, 100(1), 323-340.
- Ragupathy, R., Naeem, H. A., Reimer, E., Lukow, O. M., Sapirstein, H. D. & Cloutier, S., (2008). Evolutionary origin of the segmental duplication encompassing the wheat GLU-B1 locus encoding the overexpressed Bx7 (Bx7OE) high molecular weight glutenin subunit. *Theoretical and Applied Genetics*, 116(2), 283-296.
- Rakszegi M., Bekes F, Lang L., Tamas L., Shewry P.R. & Bedo Z., (2005). Technological quality transgenic wheat expressing an increased amount of HMW glutenin subunit. *J Cereal Sci* 42:15-23.
- Rasheed, A., Jin, H., Xiao, Y., Zhang, Y., Hao, Y., Zhang, Y. & He, Z., (2019). Allelic effects and variations for key bread-making quality genes in bread wheat using high-throughput molecular markers. *Journal of cereal science*, 85, 305-309.
- Sharma, S., Bhat, P.R., Ehdaie, B., Close, T.J., Lukaszewski, A.J. & Waines, J.G., (2009). Integrated genetic map and genetic analysis of a region associated with root traits on the short arm of rye chromosome 1 in bread wheat. *Theor Appl Genet* 119:783-793.
- Sharma, S., Xu, S., Ehdaie, B., Hoops, A., Close, T.J., Lukaszewski, A.J. & Waines, J.G., (2011). Dissection of QTL effects for root traits using a chromosome arm-specific mapping population in bread wheat. *Theor Appl Genet* 122:759-769.
- Shewry, P. R. & Hey, S. J., (2015). The contribution of wheat to human diet ve health. *Food ve Energy Security*, 4(3), 178–202.
- Singh, N.K., Shepherd, K.W., Cornish, G.B. 1991. A simplified SDS-PAGE procedure for separating LMW subunits of glutenin. *Journal of Cereal Science*, 14:203-208.
- Villareal, R.L., Banuelos, O., Mujeeb-Kazi, A. & Rajaram, S., (1998). Agronomic performance of chromosomes 1B and T1BL.1RS near-isolines in the spring bread wheat Seri M82. *Euphytica*. 103: 195-202.

- Wang, C. & M.I.P, Kovacs. (2002). Glutenin testinin şişme indeksi. I. Sedimentasyon, Jel-Protein ve Çözünmeyen glutenin testleri ile yöntem ve karşılaştırma. *Tahıl Kimyası* 79(2):183–189.
- Watson, A. & Hickey, LT., (2018). Speed breeding is a powerful tool to accelerate crop research and breeding. *Nature Plants*. 4: 23-29.
- Yediay, F. E., Baloch, F. S., Kilian, B. & Özkan, H., (2010). Testing of rye-specific markers located on 1RS chromosome and distribution of 1AL. RS and 1BL. RS translocations in Turkish wheat (*Triticum aestivum* L., T. durum Desf.) varieties and landraces. *Genetic resources and crop evolution*, 57(1), 119-129.
- Zeller, F.J. & Hsam, S.L.K., (1984). Broadening the genetic variability of cultivated wheat by utilizing rye chromatin. *Proc 6th Int Wheat Genetic Symp, Kyoto, Japan* pp. 161-173.
- Zheng, S., Byrne, P. F., Bai, G., Shan, X., Reid, S. D., Haley, S. D. & Seabourn, B. W., (2009). Association analysis reveals effects of wheat glutenin alleles and rye translocations on dough-mixing properties. *Journal of cereal science*, 50(2), 283-290.

Yazar Katkıları

Çalışmanın her aşamasında tüm yazarlar ortak katkı sağlamıştır.

Çıkar Çatışması

Yazarlar çıkar çatışması olmadığını beyan ederler.

Fonlama

Bu makale, Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü tarafından desteklenen 01-D-20 nolu proje kapsamında elde edilen verilerden üretilmiştir.

Etik Bildirim

Çalışma için etik kurul izni gerekmemektedir.