

ARAŞTIRMA MAKALESİ

RESEARCH ARTICLE

Bazı *Hordeum* Genotiplerinin *Rhynchosporium commune*'ye Karşı Reaksiyonları ve Dayanıklı Olarak Belirlenen Genotiplerde *Rrs1* Dayanıklılık Lokusunun Moleküler Markörler Kullanılarak Araştırılması*

Reactions of Some *Hordeum* Genotypes to *Rhynchosporium commune* and Investigation of *Rrs1* Resistance Locus in Resistant Genotypes Using Molecular Markers

Şükriye YILDIRIM¹, Arzu ÇELİK OĞUZ^{2*}, Aziz KARAKAYA³, Güray AKDOĞAN⁴

Öz

Rhynchosporium commune fungusu konukçusu olduğu arpa bitkisinde arpa yaprak lekesi hastalığına neden olmaktadır. Bu çalışmada, 27 arpa çeşidinin, 15 yerel arpa çeşidinin, 10 *Hordeum spontaneum*, 8 *Hordeum bulbosum* yabancı arpa genotipinin arpa yaprak lekesi hastalığına karşı reaksiyonları değerlendirilmiş ve 5 çeşit (Avcı 2002, Çetin 2000, Sinanbey, Cirit, Cacabey), 3 adet *H. spontaneum* genotipi (Hs4, Hs8, Hs9) ve 4 adet *Hordeum bulbosum* genotipi (Hb2, Hb3, Hb4, Hb8) dayanıklı olarak belirlenmiştir. On beş arpa yerel çeşidinin hiçbirisi hastalığa karşı dayanıklılık göstermemiştir. Dayanıklı olarak belirlenen arpa genotipleri *Rrs1* lokusuna en yakın bölgeyi işaret eden, CAPS markörleri (11_1476, 11_0010, 11_0823 ve 11_0315) ve arpa yaprak lekesi hastalığı dayanıklılık genleri ile ilişkili markörler (HVS3-SCAR, Bmac209-SSR, Bmac67-SSR, Ebmac871-SSR, Bmag0006-SSR) ile test edilerek *R. commune* etmenine karşı arpa genotiplerinde *Rrs1* dayanıklılık geninin varlığı araştırılmıştır. Bölgeye en yakın olan 11_0823 CAPS marköründe Avcı 2002, Sinanbey, Cirit ve Cacabey çeşitlerinde dayanıklı bant profili belirlenmiştir. HVS3-SCAR marköründe Avcı 2002, Sinanbey, Cirit, Cacabey çeşitlerinde ve Hb2, Hb3, Hb4 *H. bulbosum* genotiplerinde, Ebmac871-SSR ve Bmac209-SSR markörlerinde Avcı 2002 ve Sinanbey çeşitleri ile Hs4, Hs8 ve Hs9 *H. spontaneum* genotipleri, Bmag 0006-SSR marköründe Çetin 2000, Cirit ve Cacabey çeşitleri ile Hs4, Hs8 ve Hs9 *H. spontaneum* genotiplerinde, Bmac67-SSR marköründe ise Çetin 2000, Cirit ve Cacabey çeşitleri ile Hs8 *H. spontaneum* genotiplerinde dayanıklı bant profili saptanmıştır. *Rhynchosporium commune* etmeninin neden olduğu arpa yaprak lekesi hastalığı ile mücadelede etkili ve sürdürülebilir kontrol yöntemi dayanıklı çeşit kullanımıdır. Markör destekli seleksiyon kullanılarak farklı lokusların introgresyonu ve piramitlemesi dayanıklılık ıslahı açısından önemlidir. *Rrs1* arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklılığın etiketlenmesi için kullanılan bu markörlerin ıslah programlarında piramitleme ve markör destekli seçimi kolaylaştıracağı düşünülmektedir.

Anahtar Kelimeler: *Rhynchosporium commune*, Arpa yaprak lekesi hastalığı, *Rrs1*, Arpa, Arpa yerel çeşitleri, Yabancı arpa

¹Şükriye Yıldırım, Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, 06110, Dışkapı, Ankara, Türkiye. E-mail: yildirim-sukriye@hotmail.com 
OrCID: 0009-0007-2169-9729

²*Sorumlu Yazar/Corresponding Author: Arzu Çelik Oğuz, Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, 06110, Dışkapı, Ankara, Türkiye. E-mail: acelik@agri.ankara.edu.tr 
OrCID: 0000-0002-0906-6407

³Aziz Karakaya, Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü, 06110, Dışkapı, Ankara, Türkiye. E-mail: karakaya@agri.ankara.edu.tr 
OrCID: 0000-0003-3019-9009

⁴Güray Akdoğan, Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, 06110, Dışkapı, Ankara, Türkiye. E-mail: gakdogan@agri.ankara.edu.tr 
OrCID: 0000-0002-1192-3615

Atıf: Yıldırım, Ş., Çelik Oğuz, A., Karakaya, A., Akdoğan, G. (2026). Bazı *Hordeum* genotiplerinin *Rhynchosporium commune*'ye karşı reaksiyonları ve dayanıklı bulunan genotiplerde *Rrs1* dayanıklılık lokusunun moleküler markörler kullanılarak araştırılması. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 23(5): 1536-1554.

Citation: Yıldırım, Ş., Çelik Oğuz, A., Karakaya, A., Akdoğan, G. (2026). Reactions of some *Hordeum* genotypes to *Rhynchosporium commune* and investigation of *Rrs1* resistance locus in resistant genotypes using molecular markers. *Journal of Tekirdag Agricultural Faculty*, 23(5): 1536-1554.

*Bu çalışma Şükriye Yıldırım'ın Yüksek Lisans tezinden özetlenmiştir.

©Bu çalışma Tekirdağ Namık Kemal Üniversitesi tarafından Creative Commons Lisansı (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>) kapsamında yayınlanmıştır. Tekirdağ 2026

Abstract

The fungus *Rhynchosporium commune* causes scald in barley. In this study, 27 barley cultivars, 15 barley landraces, 10 *Hordeum spontaneum* and 8 *Hordeum bulbosum* genotypes were evaluated to scald and 5 cultivars (Avcı 2002, Çetin 2000, Sinanbey, Cirit, Cacabey), 3 *Hordeum spontaneum* genotypes (Hs4, Hs8, Hs9) and 4 *Hordeum bulbosum* genotypes (Hb2, Hb3, Hb4, Hb8) were found to be resistant. None of the fifteen barley landraces showed resistance to the disease. The presence of *Rrs1* resistance gene in barley genotypes against *R. commune* was investigated by testing the resistant barley genotypes with CAPS markers (11_1476, 11_0010, 11_0823 and 11_0315) indicating the region closest to the *Rrs1* locus and markers associated with barley leaf scald disease resistance genes (HVS3-SCAR, Bmac209-SSR, Bmac67-SSR, Ebmac871-SSR, Bmag0006-SSR). In the 11_0823 CAPS marker closest to the region, a resistant band profile was observed in Avcı 2002, Sinanbey, Cirit, and Cacabey varieties. In the HVS3-SCAR marker, Avcı 2002, Sinanbey, Cirit, Cacabey varieties and Hb2, Hb3, Hb4 *H. bulbosum* genotypes; in the Ebmac871-SSR and Bmac209-SSR markers, Avcı 2002 and Sinanbey varieties and Hs4, Hs8 and Hs9 *H. spontaneum* genotypes; in the Bmag 0006-SSR marker, Çetin 2000, Cirit and Cacabey varieties and Hs4, Hs8 and Hs9 *H. spontaneum* genotypes; in the Bmac67-SSR marker, Çetin 2000, Cirit and Cacabey varieties and Hs8 *H. spontaneum* genotype resistant band profiles were observed. The best and most sustainable way to control barley leaf scald disease caused by *Rhynchosporium commune* is to utilize resistant varieties. Introgressing and pyramiding different loci through marker-assisted selection is crucial for resistance breeding. These markers used for tagging *Rrs1* barley leaf scald resistance may facilitate pyramiding studies and marker-assisted selection in breeding programs.

Keywords: *Rhynchosporium commune*, Scald, *Rrs1*, Barley, Barley landraces, Wild barley

1. Giriş

Arpa (*Hordeum vulgare* L.), dünyada ve ülkemizde serin iklim tahılları içerisinde buğdaydan sonra en fazla ekilip üretilen tahıldır (TÜİK, 2025). Arpa, çoğunlukla hayvan beslenmesinde kullanılmakta olup aynı zamanda malt sanayiinde de kullanılmaktadır (Geçit, 2016; Aktaş, 2017; Altuner ve ark., 2022). Türkiye, Akdeniz ve Yakın Doğu gen merkezlerinin kesişme noktasında yer almakta olup arpa üretiminin en önemli genetik merkezlerinden birisidir (Kün, 1996).

Yabani arpa genotipleri ve yerel arpa çeşitleri, günümüze kadar süren doğal seleksiyonu sonucu abiyotik ve biyotik streslere yüksek oranda adapte oldukları ve bu nedenle elverişsiz koşulların yaşandığı üretim alanlarında yetiştirdikleri için genetik varyasyon için önemli kaynaklardır (Ceccarelli ve Grando, 2000; Karakaya ve ark., 2016, 2020).

Çiftçiler tarafından yetiştirilen yerel arpa çeşitleri (*Hordeum vulgare* L. subsp. *vulgare*), farklı heterojenisiteye sahip olup doğal ve yapay seçilime maruz kalan popülasyonlardır (Brown, 2000). Yerel arpa çeşitleri, yabani arpa ile karşılaştırıldığında genetik olarak modern çeşitlere daha yakındır (Thomas ve ark., 1998). Bu genotipler yıllık yağışın sınırlı olduğu ve geleneksel arpa üretiminin yapıldığı lokasyonlarda kullanılan başlıca ürün kaynaklarıdır (Ceccarelli ve Grando, 2000).

Arpanın (*H. vulgare*) atası olan yabani arpanın (*Hordeum spontaneum* = *Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) orijini 5.5 milyon yıl öncesi Güneybatı Asya'ya dayanmakta olup yabani arpa Kuzey Afrika, Balkanlar, Doğu Akdeniz, Orta Asya ve Tibet'e kadar yaygınlık göstermektedir (Nevo, 2012). Mezopotamya (Fırat ve Dicle nehirleri arası), Levant bölgesi (Suriye, Lübnan, İsrail, Filistin, Ürdün) ve Güneydoğu Anadolu'yu içine alan, tarımın ilk kez ortaya çıktığı bölgelerden birisi olarak kabul edilen Bereketli Hilal Bölgesi yabani arpanın en çok farklılık gösterdiği bölgedir. Anadolu arpanın gen merkezlerinden birisidir ve Anadolu ve etrafındaki bölgede 2-sıralı yabani arpanın (*H. spontaneum*) çok yaygın olduğu bilinmektedir (Kün, 1996; Ellis ve ark., 2000). *Hordeum spontaneum*'un hastalıklara dayanıklılık gösterdiği rapor edilmiştir (Nevo, 2012; Çelik ve Karakaya, 2017). *Hordeum bulbosum* da arpa yabani türlerinden birisidir. Bu tür yumru şeklindeki kökü ile tanınmakta olup Türkiye'nin de içinde bulunduğu geniş bir coğrafyada doğal yayılış göstermektedir (Cabi ve ark., 2012). *Hordeum bulbosum* da hastalıklara dayanıklılık ve arpa üretiminin geliştirilmesi ve artırılması için bir gen kaynağı olarak değerlendirilmektedir (Pickering ve ark., 2006; Ullrich, 2011; Walther ve ark., 2000; Wendler ve ark., 2015).

Rhynchosporium commune Zaffarano, McDonald & Linde (daha önceki isimlendirilmesi, *Rhynchosporium secalis*), arpa, diğer *Hordeum* türleri ve *Bromus diandrus*'ta yaprak lekeli hastalığına neden olan haploid bir fungusdur (Zaffarano ve ark., 2011). King ve ark., (2013) bu patojeni İtalyan çavdarından (*Lolium multiflorum*) da rapor etmiştir.

Arpa yaprak lekeli hastalığı, genellikle serin ve nemli iklime sahip bölgelerde arpa bitkisinde zararlı hastalıklardan birisidir. *Rhynchosporium commune* Orta ve Batı Asya, Kuzey Afrika, Avrupa, Amerika ve Avustralya'da ekonomik açıdan dikkat çekici bir yaprak patojenidir. Ortalama verim kayıpları genellikle % 1 ile % 19 arasında değişmekte olup bazı üretim alanlarında bu oran % 40'a kadar çıkabilmektedir. Hastalık ülkemizde ve dünyada arpa yetiştirilen tüm bölgelerde değişen düzeylerde verim kayıplarına ve kalitede azalmalara neden olmaktadır (Kavak, 1998; Crome, 2004; Turkington ve ark., 2004; Karakaya ve ark., 2014).

Arpa yaprak lekeli hastalığı genellikle kültürel uygulamalar, kimyasal kontrol yöntemleri ve genetik bitki dayanıklılığı yoluyla kontrol edilmektedir (Avrova ve Knogge, 2012). Hastalığın sorun olduğu Kuzey Avrupa ülkelerinde hastalık ile mücadele için temel olarak fungusit uygulamaları yapılmaktadır, ancak Avrupa Birliği'nin pestisit kullanımının azalmasına yönelik olan baskısı patojen kontrolünü sınırlandırmıştır (Hillocks, 2012). Fungisit uygulamalarının temel dezavantajı ise *R. commune* etmeninin oldukça değişken bir patojen olması ve fungusitlere karşı hızlı bir şekilde direnç geliştirebilmesidir (Xi ve ark., 2000; Zhan ve ark., 2008; Avrova ve Knogge, 2012). Hastalık ile mücadelenin sürdürülebilir ve uygun maliyetli yolu hastalığa dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi ve üretim alanlarında ekiminin artırılması ile mümkündür. Hastalığa dayanıklılık ıslahı çalışmaları açısından en büyük zorluk ise patojenin yetiştirilme alanındaki tek gen direnci üzerine etkin olabilme olasılığıdır. *Rhynchosporium commune* etmeninin bilinen bir eşeyli (cinsel) evresinin olmamasına rağmen fungusun patojenik olarak oldukça değişken olduğu farklı araştırmalarla rapor edilmiştir (Williams ve ark., 2003; Wallwork ve Grcic,

2011; Hofmann ve ark. 2013). Bu nedenle arpa yaprak lekesi hastalığına karşı dayanıklılık genlerinin piramitlenmesi ile yani, hastalığa dayanıklılık reaksiyonu için birkaç farklı lokusun tek bir arpa çeşidinde birleştirilmesi sonucu dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi önerilmektedir (Sayed ve Baum, 2018).

Arpa yaprak lekesi ile mücadelede dayanıklılık genlerini taşıyan dayanıklı çeşitlerin kullanımı tüm dünyada ön plana çıkmaktadır. Arpa bitkisinin patojene dayanıklılığı, genellikle gene karşı gen etkileşimi tarafından kontrol edilmekte olup bu durum patojendeki avirulent bir gene karşılık bitkide dayanıklılık için bir gen bulunmasına karşılık gelmektedir (Dodds, 2023). Günümüze kadar arpa yaprak lekesi hastalığına karşı çeşitli dayanıklılık genleri rapor edilmiş olup bunlardan 14'ü adlandırılmış ve 9'u kromozomlara lokalize edilmiştir. Arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklılık oluşturduğu bilinen genlerin çoğunun kromozom 3H'nin uzun kolundaki kompleks bir lokustaki alleller (*Rrs1*) olduğu bildirilmiştir (Dyck ve Schaller; 1961a; b; Habgood ve Hayes, 1971; Bockelman ve ark., 1977; Barua ve ark., 1993; Graner ve Tekauz, 1996). Diğerleri ise kromozom 7H'nin (*Rrs2*) (Dyck ve Schaller, 1961a; Schweizer ve ark., 1995) ve kromozom 4H'nin (*Rrs3*) (Bockelman ve ark., 1977) kısa kolu ile eşleştirilmiştir. *Rrs1* lokusu ilk kez belirlenmesi ve sonraki tekrar eden tüm haritalama çalışmalarında 3H kromozomu ile eşleştirilmiştir (Thomas ve ark., 1995; Graner ve Tekauz, 1996; Grønnerød ve ark., 2002; Genger ve ark., 2003a). Bununla birlikte, *Rrs1*'in birbirine yakın birkaç dayanıklılık geni mi yoksa aynı genin birkaç alleli mi olduğu hala kesinleştirilememiştir (Hofmann ve ark., 2013).

Farklı araştırmacılar tarafından farklı moleküler markörler arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklılık sağlayan farklı genler ile ilişkilendirilmiştir. Bir moleküler markörün dayanıklılığı etiketlemesi, dayanıklı arpa genotiplerini taramayı basitleştirecek ve DNA seviyesinde seçim yapılabilmesine imkan verecektir (Sayed ve Baum, 2018). Hofmann ve ark., (2013) tarafından geliştirilen iki duble haploid haritalama popülasyonu dayanıklılık modelini belirlemek için arpa yaprak lekesi hastalığı dayanıklılığı bilinen ebeveynler ve referans arpa hatları *R. commune* izolatlarından oluşan bir panel ile fenotiplenmiştir. Daha sonra bu bitkiler, Illumina GoldenGate™ SNP testi ile genotiplendirilmiş ve her iki popülasyonda birkaç yaprak lekesi dayanıklılık genini ve / veya allelini barındırdığı bilinen 3H kromozomunun sentromerik bölgesinde büyük bir QTL belirlenmiştir. Araştırmacılar, QTL'e en yakın beş SNP markörünü CAPS markörlerine dönüştürmüşlerdir. Bulunan etkili *Rrs1* alleli ve geliştirilen yakından bağlantılı markörler, moleküler ıslah programları için halen aday genlerin tanımlanmasına yönelik yararlı araçlar olarak düşünülmektedir. Sayed ve Baum (2018), Tadmor/Sel160 arpa melezinin F7 popülasyonundan 10 homozigot dayanıklı ve 10 homozigot hassas bitki ve Uluslararası Kurak Alanlarda Tarımsal Araştırma Merkezi (ICARDA) yetiştirme programında rutin olarak kullanılan 23 arpa çeşidinden oluşan bir çalışma setinde arpa kromozomlarında arpa yaprak lekesi hastalığına karşı dayanıklılık gen(ler)ine çok yakın bulunan 25 DNA markörü kullanarak arpa yaprak lekesi hastalığı dayanıklılık taraması gerçekleştirmişlerdir. Bu markörlerden sadece beşinin (HVS3-SCAR, Bmac209-SSR, Bmac67-SSR, Ebmacc871-SSR, Bmag0006-SSR) dayanıklı ve hassas bitkiler arasında eş-baskın olarak açıkça ayırım yapabildiği rapor edilmiştir. Bu 5 markör 3H kromozomunda bulunmaktadır. Bu markörlerden dördü *Rrs1* genini (HVS3-SCAR, Bmac209-SSR, Bmac67-SSR, Ebmacc871-SSR) işaret ederken biri (Bmag0006-SSR) *Rh* genini işaret etmektedir.

Hordeum vulgare'nin farklı gen havuzlarındaki dayanıklılık kaynaklarının belirlenmesi arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklılık için ıslah programlarının iyileştirilmesini sağlayacaktır. Türk çeşit koleksiyonları arpa üretimi açısından önemli birçok özellik için geniş genetik çeşitlilik içeren değerli kaynakları temsil etmektedir. Bu amaçla Türkiye'de yeni tescil edilen veya yaygın olarak ekilen bazı arpa çeşitlerinin arpa yaprak lekesi hastalığına karşı reaksiyonlarının belirlenmesi ve çeşitlerimizde önemli dayanıklılık lokusu olan *Rrs1*'in varlığının araştırılması önemlidir. Ek dayanıklılık kaynakları olarak *H. spontaneum* ve *H. bulbosum* genotipleri de kullanılmaktadır (Çelik ve Karakaya, 2017; Ruge-Wehling ve Wehling, 2014).

Bu çalışmada, Türkiye'de yaygın olarak yetiştirilen bazı arpa çeşitleri, yerel arpa çeşitleri ve yabani arpa (*H. spontaneum*, *H. bulbosum*) genotiplerinin *R. commune* tarafından meydana getirilen arpa yaprak lekesi hastalığına karşı reaksiyonları değerlendirilmiş ve *Rrs1* dayanıklılık lokusu ile yakından ilişkili moleküler markörler kullanılarak dayanıklı arpa genotiplerinde *Rrs1* dayanıklılık geninin varlığı araştırılmıştır.

2. Materyal ve Metot

2.1. 1. Fenotipik çalışmalar

Arpa yaprak lekesi hastalığına karşı dayanıklı ve hassas olduğu bilinen kontrol çeşitleri dahil olmak üzere Türkiye'de yaygın olarak ekilen 27 arpa çeşidi, 15 yerel arpa çeşidi ve 18 yabani arpa genotipi (10 adet *H. spontaneum* genotipi ve 8 adet *H. bulbosum* genotipi), virulent bir *R. commune* izolatu kullanılarak kontrollü koşullarda fide döneminde fenotipik olarak test edilmiştir. Yerel arpa çeşitleri Osman Tosun Gen Bankasından (Ankara) temin edilmiştir. Denemeler tesadüf parselleri deneme deseni kullanılarak 3 tekerrürlü olarak yürütülmüştür. Avcı 2002 çeşidi dayanıklı kontrol, Bülbül 89 ve Efes 3 çeşitleri ise hassas kontrol olarak kullanılmıştır.

Ön çalışma ile virulent olduğu tespit edilen ve Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bitki Koruma Bölümü Mikoloji laboratuvarında muhafaza edilen bir adet *R. commune* tek spor izolatu (H13, Ankara-Haymana), Fasulye Agar ortamında (140 g taze fasulye, 20 g dekstroze, 18 g agar, 1 litre saf su) 23-25°C'de 10 gün geliştirilmiştir. Hastalık inokulasyonu Mert ve Karakaya (2003, 2004)' e göre yapılmıştır. Her bir genotip için beş tohum %1'lik çamaşır suyu ile yıkanmış ve saf su ile durulanmış ve steril toprak içeren 7 cm çapındaki plastik birleşik saksılara ekilmiş ve bitkiler hastalık inokulasyonundan önce ve sonra gece/gündüz sıcaklığı 10±2-22±2°C olan bir serada tutulmuştur. İnokulasyon Zadoks 11-12 büyüme aşamasında (Zadoks ve ark., 1974) 5x10⁵ spor/ml spor yoğunluğu kullanılarak yapılmıştır. İnokulasyondan sonra bitkiler sera yetiştirilme ortamına aktarılmadan önce 48 saat süre ile 15°C'de % 90 nemli ve karanlık bir ortamda tutulmuşlardır. Hastalık reaksiyon değerlendirmeleri inokulasyondan 14 gün ve 21 gün sonra 0-4 ıskalasını kullanarak yapılmıştır (El-Ahmed, 1981; Jackson ve Webster, 1976; Xue ve ark., 1991). İskala değerleri 0: yüksek derecede dayanıklı (YD), 0,1-1,0 dayanıklı (D), 1,1-2,0 orta derecede dayanıklı (OD), 2,1-3,0 hassas (H) ve 3,1-4,0 yüksek derecede hassas (YH) olarak sınıflandırılmaktadır. Bu çalışmada 0-2 ıskala değerleri dayanıklı, 2,1-4 ıskala değerleri hassas olarak kabul edilmiştir (Mert ve Karakaya, 2004; Azamparsa ve Karakaya, 2020). Değerlendirmede ikinci değerlendirme sonuçları kullanılmıştır. Hastalık skorları tekerrürler ve üç tekerrürün ortalaması olarak verilmiştir.

İstatistik testler JMP yazılımı (sürüm 11; SAS Enstitüsü) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. İstatistik analiz için, arpa genotiplerinden elde edilen hastalık değerlendirmelerine ait ıskala değerleri varyans analizinden (ANOVA) önce normallik ve varyans homojenliği varsayımlarını sağlamak amacıyla Bock ve ark., (2024)'ın belirttiği şekilde karekök transformasyonuna tabi tutulmuş ve varyans analizi bu değerlere göre yapılmıştır. Çeşitler arasındaki farkların anlamlılık düzeyleri F testi ile belirlenmiş ve çeşitlerin ortalamaları P<0,05 anlamlılık düzeyinde Tukey çoklu karşılaştırma testi ile gruplandırılmıştır (Montgomery 2013).

2.2. Arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklı genotiplerde *Rrs1* dayanıklılık lokusunun moleküler markörler kullanılarak araştırılması

Fenotipik testlemeler sonucu *R. commune* izolatına dayanıklı olduğu tespit edilen arpa genotiplerinin DNA ekstraksiyonları DNA izolasyon kiti (EURX-GeneMATRIX® (Polonya) kullanılarak yapılmıştır.

Fenotipik testlemeler sonucu dayanıklı olarak belirlenen arpa genotipleri *Rrs1* lokusuna en yakın bölgeyi işaret eden, Hoffmann ve ark. (2013) tarafından belirlenmiş olan SNP tabanlı CAPS markörleri (11_1476, 11_0010, 11_0823 ve 11_0315) ile ve bu markörlere ek olarak Sayed ve Baum (2018) tarafından kullanılan, polimorfik olduğu bulunan ve arpa yaprak lekesi hastalığı dayanıklılık genleri ile ilişkili markörler (HVS3-SCAR, Bmac209-SSR, Bmac67-SSR, Ebmac871-SSR, Bmag0006-SSR) kullanılarak *R. commune* tarafından meydana getirilen arpa yaprak lekesi hastalığına karşı arpa genotiplerinde dayanıklılık lokusu taraması yapılmıştır. İlgili markörlerin baz dizileri, arpa kromozomundaki yerleri, markör tipi ve ilgili dayanıklılık geni Tablolar 1, 2 ve 3'te gösterilmiştir.

Tablo 1. Çalışmada kullanılan CAPS markörleri (Hoffmann ve ark., 2013).

Table 1. CAPS markers used in this study (Hoffmann et al., 2013).

Markör	Forward primer	Reverse primer	Restriksiyon enzimi
11_0010	CGACGAGGAAGATGATGACC	TCAGCACACCACTCCAATGT	<i>HpaII</i>
11_0823	CAGTCACCCAAACCTTCGAG	TACATGCGCATCTTGTGATG	<i>TaqI</i>
11_0315	GGACAAGTTCAGCACACAGC	ACGAAGTCATGGCAAGCTCT	<i>AclI</i>
11_1476	CATCGGCAAAGATAACTCCTG	GCAGAGGAGACAATGGGCTA	<i>AclI</i>

CAPS markörleri PCR reaksiyonu için Touchdown yöntemi kullanılmıştır. Reaksiyon fungal genomik DNA, 1xMytaq reaksiyon tamponu (15 mM MgCl₂ ve 5 mM dNTP'ler), 1 µM primer, ve 0.125 birim Taq DNA Polimeraz (Bioline®, ABD) içeren 25 µL toplam reaksiyon hacminde gerçekleştirilmiştir. PCR amplifikasyon koşulları 94°C'de 5 dakika ilk denatürasyon sonrasında 94°C'de 1 dakika, 65°C'de 30 saniye, 72°C'de 45 saniye olmak üzere 10 döngü (her bir döngüde bağlanma sıcaklığı 1°C azaltılmıştır) sonrasında 30 döngü 94°C'de 1 dakika, 55°C'de 30 saniye ve 72°C'de 45 saniye olup son olarak 72°C'de 5 dakika son uzama basamağı ile reaksiyon tamamlanmıştır.

PCR tamamlandıktan sonra *Tablo 3'* te bildirilen ilgili markörün enzim kesimi yapılmıştır. 12 µl'de 1,2 µl enzim buffer 10,8 µl steril su ve 0,1 µl (1U) enzim olacak şekilde reaksiyon oluşturulmuş ve *HpaII* ve *AcII* 37°C'de, *TaqI* 65°C'de inkübe edilmiştir.

Tablo 2. Sayed ve Baum (2018) tarafından kullanılan ve polimorfik olduğu bildirilen arpa yaprak lekesi hastalığı dayanıklılık genleri ile ilişkili markörler, kromozomdaki yerleri, markör tipi ve ilgili dayanıklılık geni ve referansları.

Table 2. Markers associated with scald resistance genes reported by Sayed and Baum (2018), including their chromosomal locations, marker types, and the associated resistance genes, along with references.

Markör	Kromozom	Markör Tipi	Gen	Referans
HVS3	3HL	SCAR	<i>Rrs1</i>	Genger ve ark. (2003a); Sayed ve ark.(2006)
Bmac209	3HL	SSR	<i>Rrs1</i>	Ramsay ve ark.(2000); Genger ve ark. (2003a);
Bmac67	3HS	SSR	<i>Rrs1</i>	Karakousis ve ark. (2003)
Ebmac871	3HS	SSR	<i>Rrs1</i>	Karakousis ve ark. (2003)
Bmag0006	3H	SSR	<i>Rh</i>	Sayed ve ark. (2004); Sayed ve ark. (2006)

Tablo 3. Çalışmada kullanılan SCAR ve SSR markörleri (Sayed ve Baum, 2018).

Table 3. SCAR and SSR markers used in the study (Sayed and Baum, 2018).

Markör	Forward primer	Reverse primer
HVS3	AATCCTACCTATCCACCTT	TATTTTCAGCCTTGTTTCGGC
Bmac209	CTAGCAACTTCCCAACCGAC	ATGCCTGTGTGTGGACCAT
Bmac67	AACGTACGAGCTCTTTTCTA	ATGCCAACTGCTTGTTTAG
Ebmac871	TGCCTCTGTTGTGTTATTGT	CCCCAAGTGAACATTGAC
Bmag0006	TTAAACCCCCCCTCTAG	TGCAGTTACTATCGCTGATTAGC

SCAR ve SSR markörleri için reaksiyonlar fungal genomik DNA, 1xMytaq reaksiyon tamponu (15 mM MgCl₂ ve 5 mM dNTP'ler), 1 µM primer, ve 0.125 birim Taq DNA Polimeraz (Bioline®, ABD) içeren 25 µL toplam reaksiyon hacminde olacak şekilde yürütülmüştür.

Reaksiyonlar HVS3-SCAR ve Bmac209-SSR markörleri için PCR 94°C'de 2 dakika, 52 °C'de 30 saniye, 72 °C' de 30 saniye sonrasında 30 döngü 94 °C'de 30 saniye, 52 °C'de 30 saniye, 72 °C' de 30 saniye ve 72 °C'de 5 dakika olacak şekilde gerçekleştirilmiştir.

Reaksiyonlar Bmac67 ve Ebmac 871 SSR markörleri için PCR 94°C'de 1 dakika, 55 °C'de 1 dakika, 72 °C' de 1 dakika sonrasında 30 döngü 94 °C'de 1 dakika, 55 °C'de 1 dakika, 72 °C'de 1 dakika ve 72 °C'de 5 dakika olacak şekilde gerçekleştirilmiştir.

Bmag0006 SSR markörü için reaksiyon PCR amplifikasyonu 94 °C'de 3 dakika, 58 °C'de 1 dakika, 72 °C' de 1 dakika sonrasında 30 döngü 94 °C'de 30 saniye, 58 °C'de 30 saniye, 72°C'de 30 saniye ve 72 °C'de 5 dakika olacak şekilde gerçekleştirilmiştir.

PCR ürünleri, 0.5 x Tris-borat-EDTA (TBE) içinde 0.1 µg mL konsantrasyonunda etidyum bromür içeren %2 agaroz jelleri üzerinde 100 V'de 3 saat elektroforez yapılarak ayrılmıştır. Jellerin UV ışığı altında fotoğrafları çekilerek (Quantum ST4, Montreal Biotech®, Kanada) jeldeki bant boyutları, GeneRuler 100 bp DNA Ladder Plus (MBI Fermentas®, ABD) ile karşılaştırılmıştır.

3. Araştırma Sonuçları ve Tartışma

3.1. Fenotipik çalışmalar

Fenotipik çalışmalar için 27 arpa çeşidi, 15 yerel arpa çeşidi ve 18 yabancı arpa genotipinin (10 adet *H. spontaneum* ve 8 adet *H. bulbosum*) ekimleri yapılmıştır. Ekimi yapılan Hb6 ve Hb7 *H. bulbosum* genotiplerinde bitki çıkışı gözlenmemiştir. Etmen ile inokule edilen 58 arpa genotipinin hastalık belirtileri inokulasyondan 8 gün sonra görülmeye başlanmış olup inokulasyondan 14 ve 21 gün sonra 0-4 ıskalasına göre hastalık değerlendirmeleri yapılarak fide dönemi reaksiyonları tespit edilmiştir. Varyans analizi hastalığa tepki açısından arpa ve yabancı arpa genotipleri arasında anlamlı farklılıklar olduğunu ortaya koymuştur ($P<0,05$). Genotiplerin tepkisi dayanıklı (ıskala değeri 1) ve yüksek derecede hassas (ıskala değeri 4) arasında değişmiştir (Tablo 4).

Tablo 4. Arpa yaprak lekesi hastalığına karşı test edilen 58 arpa genotipinin fide dönemi reaksiyonları (0-4 ıskala) (El-Ahmed, 1981, Jackson ve Webster, 1976, Xue ve ark., 1991).

Table 4. Reactions of 58 barley genotypes to scald at the seedling stage using a 0-4 disease rating scale (El Ahmed, 1981; Jackson and Webster, 1976; Xue et al., 1991).

Genotip	Çeşit/Lokasyon	Başak Tipi	1. Değerlendirme			Ortalama*	2. Değerlendirme			Ortalama*
Ç1	Avcı 2002	6 sıralı	1	1	2	1.33 de	1	1	2	1.33 ef
Ç2	Bülbül 89	2 sıralı	3	3	2	2.67 abcd	3	3	3	3 abcd
Ç3	Efes 3	2 sıralı	2	3	3	2.67 abcd	3	3	4	3.33 abc
Ç4	Çetin 2000	6 sıralı	1	1	2	1.33 de	2	2	2	2 cdef
Ç5	Aydanhanım	2 sıralı	2	2	1	1.67 cde	2	3	3	2.67 abcd
Ç6	Larende	2 sıralı	2	3	3	2.67 abcd	2	3	3	2.67 abcd
Ç7	Kalaycı 97	2 sıralı	3	3	3	3 abc	3	3	4	3.33 abc
Ç8	Martı	6 sıralı	2	2	3	2.33 abcde	2	2	3	2.33 bcde
Ç9	Sinanbey	6 sıralı	1	1	2	1.33 de	1	2	2	1.67 def
Ç10	Ayrancı	2 sıralı	2	2	2	2 bcde	3	3	3	3 abcd
Ç11	Beşparmak	6 sıralı	2	2	3	2.33 abcde	2	3	3	2.67 abcd
Ç12	Bilgi 91	2 sıralı	3	3	3	3 abc	3	3	4	3.33 abc
Ç13	Beyşehir	2 sıralı	2	2	3	2.33 abcde	2	3	3	2.67 abcd
Ç14	Cirit	2 sıralı	1	1	2	1.33 de	2	2	2	2 cdef
Ç15	Tarm 92	2 sıralı	3	3	2	2.67 abcd	3	3	4	3.33 abc
Ç16	Yüksel	2 sıralı	3	2	2	2.33 abcde	3	3	3	3 abcd
Ç17	Tosunpaşa	2 sıralı	2	2	2	2 bcde	3	3	2	2.67 abcd
Ç18	Cacabey	2 sıralı	1	2	2	1.67 cde	1	2	2	1.67 def
Ç19	Hilal	2 sıralı	2	2	3	2.33 abcde	2	2	3	2.33 bcde
Ç20	Azizbey	6 sıralı	2	3	3	2.67 abcd	2	3	3	2.67 abcd
Ç21	İnce 04	2 sıralı	4	4	4	4 a	4	4	4	4 a
Ç22	Çıldır 02	2 sıralı	2	2	3	2.33 abcde	3	3	2	2.67 abcd
Ç23	Baykara	2 sıralı	3	3	3	3 abc	3	3	4	3.33 abc
Ç24	Sur 93	2 sıralı	2	2	3	2.33 abcde	3	3	3	3 abcd
Ç25	Melikşah	2 sıralı	1	2	2	1.67 cde	2	2	3	2.33 bcde
Ç26	Bayrak	6 sıralı	2	3	3	2.67 abcd	2	3	3	2.67 abcd
Ç27	Balkan 96	2 sıralı	2	2	2	2 bcde	2	2	3	2.33 bcde
Hb1	Keçiören-Kampüs	-	3	3	3	3abc	3	3	3	3 abcd
Hb2	Keçiören-Fatih 1	-	1	1	2	1.33 de	1	2	2	1.67 def
Hb3	Keçiören-Fatih 2	-	1	1	1	1 e	1	1	1	1 f
Hb4	Keçiören-Fatih 3	-	1	1	2	1.33 de	2	2	2	2 cdef
Hb5	Elazığ	-	2	2	2	2 bcde	2	2	3	2.33 bcde
Hb6	Ceylanpınar	-	Bitki çıkışı gözlenmemiştir.							
Hb7	Cilvegözü sınır kapısı	-	Bitki çıkışı gözlenmemiştir.							

*Farklı harflerle gösterilen ortalamalar istatistiki olarak anlamlıdır ($P<0,05$).

Tablo 4. Arpa yaprak lekeli hastalığına karşı test edilen 58 arpa genotipinin fide dönemi reaksiyonları (0-4 ıskalası (El-Ahmed, 1981, Jackson ve Webster, 1976, Xue ve ark., 1991) (devamı).

Table 4. Reactions of 58 barley genotypes to scald at the seedling stage using a 0–4 disease rating scale (El Ahmed, 1981; Jackson and Webster, 1976; Xue et al., 1991) (continued).

Genotip	Çeşit/Lokasyon	Başak Tipi	1. Değerlendirme			Ortalama*	2. Değerlendirme			Ortalama*
Hb8	Akçakale	-	1	1	2	1.33 de	1	2	2	1.67 def
Hs1	Elazığ	-	2	2	3	2.33 abcde	3	3	3	3 abcd
Hs2	Elazığ	-	2	2	2	2 bcde	2	2	3	2.33 bcde
Hs3	Elazığ	-	2	2	3	2.33 abcde	2	2	3	2.33 bcde
Hs4	Elazığ	-	2	1	1	1.33 de	1	2	2	1.67 def
Hs5	Elazığ	-	2	3	3	2.67 abcd	2	3	3	2.67 abcd
Hs6	Elazığ	-	2	2	2	2 bcde	2	2	3	2.33 bcde
Hs7	Elazığ	-	2	2	2	2 bcde	2	2	3	2.33 bcde
Hs8	Elazığ	-	1	1	2	1.33 de	1	2	2	1.67 def
Hs9	Elazığ	-	1	1	2	1.33 de	1	2	2	1.67 def
Hs10	Elazığ	-	2	2	2	2 bcde	2	3	2	2.33 bcde
L1	578-Diyadin	-	4	4	3	3.67ab	4	4	3	3.67 ab
L2	613-Kastamonu	-	3	3	3	3 abc	4	4	3	3.67 ab
L3	640-Amasya	-	2	3	3	2.67 abcd	3	3	3	3 abcd
L4	655-Kırklareli	-	3	3	4	3.33ab	3	4	4	3.67 ab
L5	669-Kırşehir	-	2	2	3	2.33 abcde	3	3	3	3 abcd
L6	671-Çorum	-	2	3	3	2.67 abcd	3	3	4	3.33 abc
L7	685-Hatay	-	3	3	4	3.33ab	3	4	4	3.67 ab
L8	688-Sivas	-	3	3	4	3.33ab	3	3	4	3.33 abc
L9	707-Malazgirt	-	2	2	1	1.67 cde	3	3	3	3 abcd
L10	710-Niğde	-	2	2	2	2 bcde	2	2	3	2.33 bcde
L11	733-Sivas-Hafik	-	3	3	2	2.67 abcd	3	3	4	3.33 abc
L12	749-Konya-Çumra	-	2	3	2	2.33 abcde	3	3	2	2.67 abcd
L13	752-Niğde-Bor	-	3	3	3	3 abc	3	4	4	3.67 ab
L14	758-Van-Erciş	-	2	2	2	2 bcde	2	2	3	2.33 bcde
L15	Ardahan-Çıldır	-	2	3	2	2.33 abcde	2	4	4	3.33 abc

*Farklı harflerle gösterilen ortalamalar istatistiki olarak anlamlıdır (P<0,05).

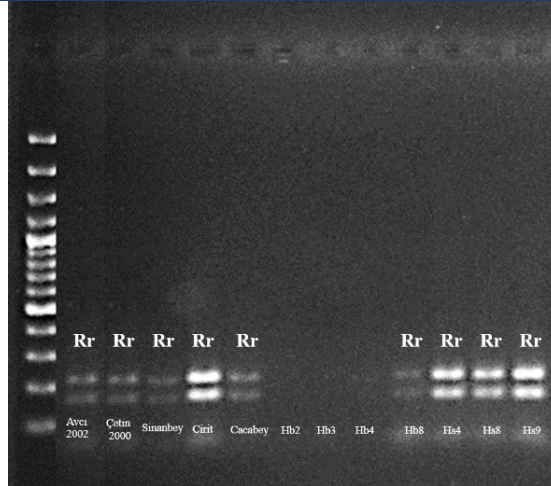
Arpa çeşitlerinden Avcı 2002, Çetin 2000, Sinanbey, Cirit ve Cacabey çeşitleri, *H. bulbosum* genotiplerinden Hb2, Hb3, Hb4, Hb8, *H. spontaneum* genotiplerinden Hs4, Hs8, Hs9 dayanıklı reaksiyon göstermiştir. Yerel arpa çeşitlerinin hepsi arpa yaprak lekeli hastalığına hassas reaksiyon göstermiştir.

3.2. Arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı genotiplerde *Rrs1* dayanıklılık lokusunun moleküler markörler kullanılarak araştırılması

Rhynchosporium commune etmenine karşı dayanıklılık reaksiyonu verdiği belirlenen 12 adet arpa genotipinin DNA ekstraksiyonu sonrasında, *Rrs1* lokusuna en yakın bölgeyi işaret eden ve Hoffmann ve ark. (2013) tarafından belirlenmiş olan SNP tabanlı CAPS markörleri (11_1476, 11_0010, 11_0823 ve 11_0315) ile Touchdown yöntemi kullanılarak PCR işlemi gerçekleştirilmiş olup bu uygulamayı takiben Tablo 3.' de verilen ilgili restriksiyon enzimi ile enzim kesimi yapılmıştır. Jel görüntüleme sonuçları Şekiller 1, 2, 3 ve 4' de verilmiştir.

11_0010 CAPS markörünün *HpaII* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda, Avcı 2002, Çetin 2000, Sinanbey, Cirit, Cacabey çeşitleri ile Hb8, Hs4, Hs8 ve Hs9 yabancı arpa genotiplerinde heterojen bant profili olduğu görülürken, Hb2, Hb3 ve Hb4 yabancı arpa genotiplerinde ise amplifikasyon görülemedi.

11_0823 CAPS markörünün *TaqI* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda, Avcı 2002, Sinanbey, Cirit, Cacabey çeşitlerinin dayanıklılık lokusu bant profiline sahip olduğu ve Çetin 2000 çeşidi ile Hs4, Hs8 ve Hs9 yabancı arpa genotiplerinin heterojen karakterde olduğu görülmüştür. Hb2, Hb3, Hb4 ve Hb8 yabancı arpa genotiplerinde amplifikasyon görülemedi.



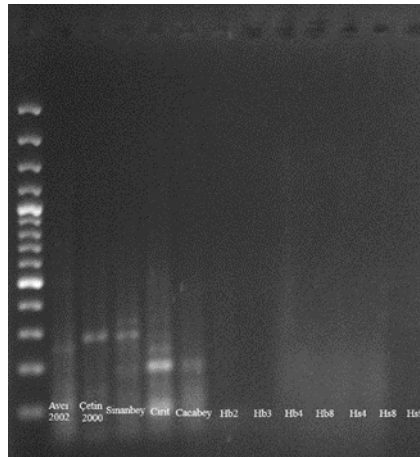
Şekil 1. 11_0010 CAPS markörünün *HpaII* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda oluşan bant profilleri.

Figure 1. Banding patterns generated by digestion of the 11_0010 CAPS marker with the *HpaII* restriction enzyme.



Şekil 2. 11_0823 CAPS markörünün *TaqI* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda oluşan bant profilleri.

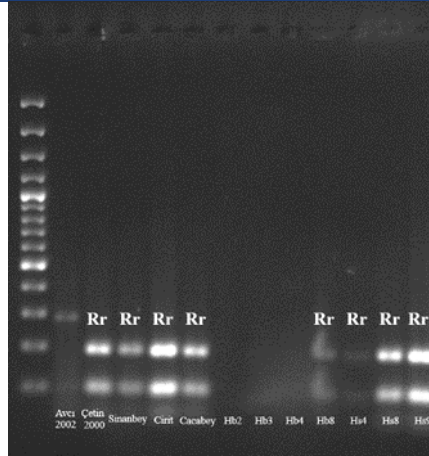
Figure 2. Banding patterns generated by digestion of the 11_0823 CAPS marker with the *TaqI* restriction enzyme.



Şekil 3. 11_0315 CAPS markörünün *AciI* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda oluşan bant profilleri.

Figure 3. Banding patterns generated by digestion of the 11_0315 CAPS marker with the *AciI* restriction enzyme.

11_0315 CAPS markörünün *AciI* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda oluşan bant profilinde arpa ve yabani arpa genotiplerinin hiçbirisinden anlamlı bant profilleri elde edilememiştir.



Şekil 4. 11_1476 CAPS markörünün *AciI* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda oluşan bant profilleri.

Figure 4. Banding patterns obtained after digestion of the 11_1476 CAPS marker with the *AciI* restriction enzyme.

11_1476 CAPS markörünün *AciI* restriksiyon enzimi ile kesimi sonucunda, Çetin 2000, Sinanbey, Cirit, Cacabey çeşitleri ile Hb8, Hs4, Hs8 ve Hs9 yabancı arpa genotiplerinin heterojen karakterde olduğu görülmüştür. Avcı 2002 çeşidi ile Hb2, Hb3 ve Hb4 yabancı arpa genotiplerinde amplifikasyon görülemedi.

Bu markörlere ek olarak fenotipik çalışma sonucunda dayanıklı olarak belirlenen genotipler Sayed ve Baum (2018) tarafından kullanılan ve polimorfik olduğu rapor edilen markörler (HVS3-SCAR, Bmac209-SSR, Bmac67-SSR, Ebmac871-SSR, Bmag0006-SSR) ile de test edilerek dayanıklılık lokusunun varlığı taranmıştır. Jel görüntüleme sonuçları Şekiller 5, 6 ve 7’de verilmiştir.

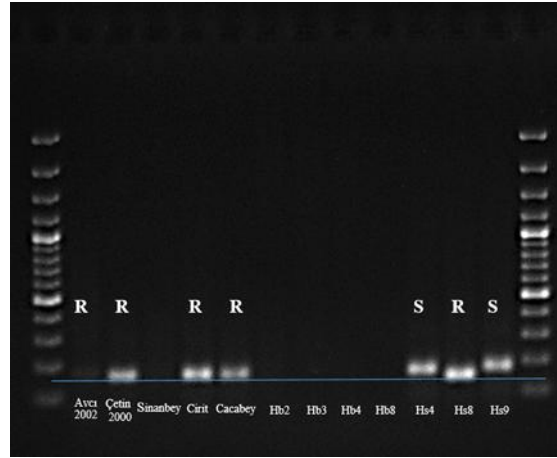


Şekil 5. HVS3-SCAR ve Bmac209-SSR markörleri kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profilleri.

Figure 5. Band profiles obtained by PCR amplification using the HVS3-SCAR and Bmac209-SSR markers.

Sayed ve Baum (2018)’un bildirdiğine göre HVS3-SCAR markörü kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profili sonucu dayanıklı genotiplerin 250 bp’de bant verdikleri belirlenirken hassas olanların 575 bp’de bant verdikleri gözlenmiştir. Çalışmamızda Avcı 2002, Sinanbey, Cirit, Cacabey, Hb2, Hb3, Hb4 genotiplerinde dayanıklı bant profilleri görülürken Çetin 2000 çeşidinde ve Hs4, Hs8 ve Hs9 yabancı arpa genotiplerinde hassas bant profilleri izlenmiştir. Hb8 yabancı arpa genotipinde amplifikasyon görülemedi. Bmac209-SSR markörü kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profilinde ise 192 bp’lik bant hassas genotipleri gösterirken 172 bp’lik bant dayanıklı genotipleri göstermiştir. Dayanıklı ve hassas genotiplere ait bantların bp büyüklükleri arasındaki farkın çok sınırlı olması nedeniyle, bantların değerlendirilmesi jel elektroforezindeki konumlarına göre yapılmıştır. Üstte yer alan bant hassas, altta yer alan bant ise dayanıklı bant profili olarak tanımlanmıştır. Avcı 2002 ve Sinanbey çeşitleri ile Hs4, Hs8 ve Hs9 yabancı arpa genotiplerinde dayanıklı bant profilleri görülürken Çetin 2000,

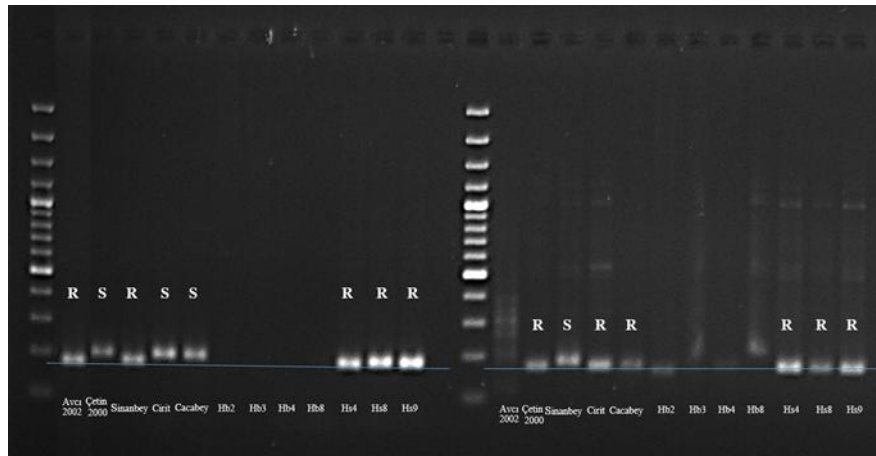
Cirit ve Cacabey çeşitlerinde hassas bant profilleri görülmüştür. Hb2, Hb3, Hb4 ve Hb8 genotiplerinde amplifikasyon belirlenmemiştir.



Şekil 6. Bmac67-SSR markörü kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profilleri.

Figure 6. Band profiles obtained by PCR amplification using the Bmac67-SSR marker.

Bmac67-SSR markörü kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profilinde 220 bp'in hassas genotipleri 175 bp'in dayanıklı genotipleri gösterdiği rapor edilmiştir (Sayed ve Baum, 2018). Çalışmamızda referans çalışmaya uygun olarak, üst pozisyondaki bant hassas, alt pozisyondaki bant ise dayanıklı bant profili olarak değerlendirilmiştir. Çetin 2000, Cirit ve Cacabey çeşitleri ve Hs8 yabani arpa genotipi dayanıklı bant profilleri sergilerken Hs4 ve Hs9 yabani arpa genotipleri hassas bant profilleri sergilemişlerdir. Avcı 2002 ve Sinanbey çeşitleri ile Hb2, Hb3, Hb4 ve Hb8 yabani arpa genotiplerinde amplifikasyon belirlenmemiştir.



Şekil 7. Ebmac871-SSR ve Bmag0006-SSR markörleri kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profilleri.

Figure 7. Band profiles obtained by PCR amplification using the Ebmac871-SSR and Bmag0006-SSR markers.

Ebmac871-SSR markörü kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profilinde 199 bp hassas bant profili olarak değerlendirilirken 182 bp dayanıklı bant profili olarak değerlendirilmiştir (Sayed ve Baum 2018). Dayanıklı ve hassas bantların bp büyüklükleri birbirine çok yakın olduğundan, çalışmamızda üst bant hassas, alt bant dayanıklı olarak değerlendirilmiştir. Avcı 2002 ve Sinanbey çeşitleri ile Hs4, Hs8 ve Hs9 yabani arpa genotiplerinde dayanıklı bant profilleri izlenirken, Çetin 2000, Cirit ve Cacabey çeşitlerinin hassas bant profilleri sergilediği değerlendirilmiştir. Hb2, Hb3, Hb4 ve Hb8 yabani arpa genotiplerinde amplifikasyon görülemedi. Bmag0006-SSR markörü kullanılarak yapılan PCR reaksiyonu bant profili değerlendirmesinde 210 bp hassas bant profili olarak değerlendirilirken 179 bp dayanıklı bant profili olarak değerlendirilmiştir (Sayed ve Baum 2018). Bantlara ait bp değerleri arasındaki farkın düşük olması sebebiyle çalışmamızda bantların konumuna göre değerlendirme yapılmış olup üst bant hassas, alt bant dayanıklı olarak sınıflandırılmıştır. Çetin 2000, Cirit ve Cacabey çeşitleri

ile Hs4, Hs8 ve Hs9 yabancı arpa genotipleri dayanıklı bant profilleri sergilerken Sinanbey çeşidinde hassas bant profili izlenmiştir. Avcı 2002 çeşidi ile Hb2, Hb3, Hb4 ve Hb8 yabancı arpa genotiplerinde amplifikasyon görülebilmiştir.

Arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı olduğu belirlenen arpa genotiplerinin *Rrs1* dayanıklılık geni ile ilişkili markörler kullanarak yapılan testlemeleri sonucunda dayanıklılık lokusu taraması yapılmış olup sonuçlar Tablo 5’de verilmiştir.

Tablo 5. *Rhynchosporium commune* etmenine dayanıklı olarak belirlenen arpa çeşit ve yabancı arpa genotiplerinin *Rrs1* dayanıklılık geni ile ilişkili markörler kullanarak yapılan testleme sonuçları.

Table 5. Marker analysis of barley cultivars and wild barley genotypes resistant to *Rhynchosporium commune* using markers linked to the *Rrs1* resistance gene.

Markör	11_0010	11_0823	11_0315	11_1476	Bmac209	HVS3	Bmac67	Ebmac871	Bmag0006
Genotip									
Avcı 2002	Rr	R	-	-	R	R	-	R	-
Çetin 2000	Rr	Rr	-	Rr	S	S	R	S	R
Sinanbey	Rr	R	-	Rr	R	R	-	R	S
Cirit	Rr	R	-	Rr	S	R	R	S	R
Cacabey	Rr	R	-	Rr	S	R	R	S	R
Hb2	-	-	-	-	-	R	-	-	-
Hb3	-	-	-	-	-	R	-	-	-
Hb4	-	-	-	-	-	R	-	-	-
Hb8	Rr	-	-	Rr	-	-	-	-	-
Hs4	Rr	Rr	-	Rr	R	S	S	R	R
Hs8	Rr	Rr	-	Rr	R	S	R	R	R
Hs9	Rr	Rr	-	Rr	R	S	S	R	R

Hb: *Hordeum bulbosum*, Hs: *Hordeum spontaneum*, R: dayanıklı bant profili, S: hassas bant profili, Rr: heterojen bant profili

Çalışmamızda 27 arpa çeşidi, 15 yerel arpa çeşidinin, 10 *H. spontaneum* ve 8 *H. bulbosum* yabancı arpa genotipinin arpa yaprak lekeli hastalığına karşı reaksiyonları değerlendirilmiş ve 12 arpa ve yabancı arpa genotipi dayanıklı olarak belirlenmiştir. Yirmi yedi çeşitten 5 çeşit (Avcı 2002, Çetin 2000, Sinanbey, Cirit, Cacabey), 10 *H. spontaneum* genotipinden 3 adet (Hs4, Hs8, Hs9) ve 8 *H. bulbosum* genotipinden 4 adet (Hb2, Hb3, Hb4, Hb8) genotip dayanıklı olarak değerlendirilmiştir. On beş arpa yerel çeşidinin hiçbirisi test edilen izolata karşı dayanıklılık göstermemiştir.

Çalışmamızda yabancı arpalar (*H. spontaneum* ve *H. bulbosum*), yerel çeşitlerle karşılaştırıldığında, arpa yaprak lekeli hastalığına karşı daha fazla sayıda genotipin dayanıklı olarak bulunduğu görülmüştür. Benzer şekilde Türkiye’den 198 yerel arpa çeşidinin ve 104 yabancı arpa (*H. spontaneum*) genotipinin 6 adet *R. commune* izolatu ile fide dönemi reaksiyonlarının test edildiği çalışmada yalnızca 1 adet yerel arpa çeşidinin test edilen izolatların tümüne dayanıklılık reaksiyonu gösterdiği, 27 adet *H. spontaneum* genotipinin ise test edilen izolatların tümüne karşı dayanıklılık reaksiyonunun belirlendiği rapor edilmiştir (Azamparsa ve ark., 2019). Rehman ve ark. (2021), ICARDA Gen Bankasından elde edilen *H. spontaneum* genotiplerinin % 71.6’ sının arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı ve orta dayanıklı olduğunu bildirmişlerdir. Yürütülen çalışma kapsamında Osman Tosun Gen Bankasından elde edilen hiçbir yerel çeşit arpa genotipi arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklı olarak belirlenmemiştir. Türkiye, arpanın kökenlerinin bulunduğu Bereketli Hilal içerisinde yer alan ve önemli bir gen merkezi olmasına karşın, bu çalışmada değerlendirilen yerel çeşit sayısının sınırlı olması, dayanıklı genotiplerin belirlenmemesinde etkili olmuş olabilir. Dünyada farklı bölge yerel çeşitlerinde bu hastalığa karşı reaksiyon testleri rapor edilmiştir. Etiyopya yerel arpa çeşitlerinde ve genotiplerinde arpa yaprak lekeli hastalığına karşı dayanıklılık olduğu ortaya rapor edilmiştir (Yitbarek, 1998). Diğer bir çalışmada Suriye ve Ürdün’den toplanmış yerel çeşitlerin %13’ünün dayanıklı olduğu değerlendirilmiş ve dikkat çekici olarak serin yetiştirme alanlarından toplanan materyalde daha yüksek oranda dayanıklı genotipler tespit edilmiştir (Van Leur ve ark., 1989). İspanyol arpa koleksiyonundaki örneklerin %26’sının arpa yaprak lekeli hastalığına karşı dayanıklı olduğu bildirilmiştir (Silvar ve ark., 2010).

Türkiye’de farklı arpa çeşit ve genotiplerinin *R. commune*’ye karşı reaksiyonlarının değerlendirildiği çalışmalar mevcuttur. Mert ve Karakaya (2004), sera koşullarında 37 çeşit ve iki aday arpa hattını *Rhynchosporium secalis*’in beş

izolatına ve bu izolatlardan oluşan karışıma karşı test ettikleri çalışmada Şahin 91, Erginel 90, Kral 97, Çetin 2000, Akhisar 98 Çumra 2001, Avcı 2002 çeşitlerinin ve bir hattın (aday 4) dayanıklı reaksiyon gösterdiğini tespit etmişlerdir. Düşünceli ve ark. (2008), 36 arpa çeşidi ve 683 arpa genotipinin *R. secalis*'e karşı sera (fide) ve tarla (ergin) koşullarında reaksiyonlarını incelenmişlerdir. Akhisar 98, Avcı 2002, Kaya 7794, Erginel 90, Çetin 2000, Kral 97, Zafer 160 ve Yeşilköy 387 çeşitlerinin hem sera hem de tarla koşullarında dayanıklı reaksiyonlar gösterdiği tespit edilmiştir. Çıldır 02, Vamıkhoça ve Quantum çeşitleri sera şartlarında hassas, tarla koşullarında dayanıklı reaksiyonlar göstermiştir. Azamparsa ve ark. (2015), 25 ileri arpa hattı ve 5 arpa çeşidini sera koşullarında *Rhynchosporium commune*'nin virulent bir izolatına karşı değerlendirdikleri çalışmada, Avcı 2002 çeşidinin yüksek derecede dayanıklı, Kalaycı 97 ve Bülbül 89 çeşitlerinin hassas, Karatay 94 ve Efes 3 arpa çeşitlerinin ise *R. commune*'ye karşı yüksek derecede hassas olduğunu tespit etmişlerdir. İleri hatlar arasında 9 numaralı genotip en dayanıklı olarak bulunmuştur. Hekimhan ve ark. (2021), 63 çeşit ve 46 arpa hattının tarla koşullarında reaksiyonlarının değerlendirdikleri çalışmada Sabribey ve Avcı 2002 çeşitlerinin dayanıklı reaksiyon gösterdiklerini bildirmişlerdir. Oz ve ark. (2023), Türkiye'de tescil edilmiş 55 arpa çeşidini *Rhynchosporium commune*'ye karşı değerlendirdikleri çalışmada Erginel-90 çeşidini immun, Avcı-2002, Akhisar 98, Kendal, Ocak, Şahin-91, Yüksel ve Hevsel tescilli arpa çeşitlerini dayanıklı olarak Yesevi-93, Tarm-92, Orza-96, Larende, Bülbül-89, Karatay-94, ve Ayrancı çeşitlerini hassas olarak rapor etmişlerdir.

Çalışmamızda da benzer olarak Çetin 2000 ve Avcı 2002 çeşitlerinin dayanıklı reaksiyon gösterdiği, Ayrancı çeşidinin ikinci değerlendirmede, Bülbül 89, Efes 3, Larende, Tarm-92 ve Kalaycı 97 çeşitlerinin ise her iki değerlendirmede de hassas reaksiyon gösterdiği tespit edilmiştir.

Arpa yaprak lekesi hastalığı kontrolüne yönelik alternatif bir yaklaşım, doğal olarak oluşan arpa yaprak lekesi dayanıklılık genlerinin kullanılmasıdır. Arpada hastalığa neden olan patojene karşı dayanıklılık genellikle gene karşı gen etkileşimi ile açıklanabilmekte ve bitkideki dayanıklılık (R) geni, patojendeki avirülenslik (Avr) genine karşılık gelmektedir (Dodds, 2023). *Rhynchosporium commune* etmenine karşı dayanıklılığın genetik analizi, bazı majör ve minör dayanıklılık genlerinin tanımlanmasına yol açmıştır. Arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklılık için ıslah çalışmalarında karşılaşılan en büyük zorluk, üretim alanlarında tek gen dayanıklılık mekanizmasının göreceli olarak hızla etkinliğini kaybetmesidir. *Rhynchosporium commune* etmeninin bilinen bir eşeyli evresinin olmamasına rağmen, etmen fungus patojenik olarak oldukça yüksek çeşitlilik göstermekte olup genetik olarak kontrol edilen bir dizi başka karaktere sahiptir (Tekauz 1991; Zhang ve ark., 1992; Salamatı ve Tronsmo 1997; Williams ve ark., 2003; Hofmann ve ark., 2013). Bu yüksek patojenisite varyasyonu ve yeni belirlenen dayanıklılık genlerinin etkinliğini kaybedebilecek olması patotiplerin hızla seleksiyonu ve değişen düzeylerde çok fazla inokulum üretebilmesine yol açabilir (McDonald ve ark., 1999; Genger ve ark., 2003b). Piramidal prensibe uygun olarak arpa yaprak lekesi dayanıklılık genlerine sahip çeşitlerin daha fazla dayanıklılık reaksiyonu gösterme olasılığı yüksektir.

Bir moleküler markörün her bir dayanıklılık genini etiketlemesi dayanıklılık reaksiyonu taramasını basitleştirmektedir. Mikrosatellitler veya Basit Dizi Tekrarları (SSR) ve Dizi Karakterize Amplifiye Bölge (SCAR) markörleri ilgilenilen genlerin haritalanması veya harita tabanlı klonlama için kullanılmasına rağmen geçmişte Markör Destekli Seçimde (MAS) uygulamaları sınırlı olmuştur.

Dayanıklılık genlerinin varlığını belirlemek için arpa yaprak lekesi hastalığına dayanıklılık reaksiyonunu belirten *Rrs1* lokusu ile yakından bağlantılı moleküler markörler kullanarak markör destekli seleksiyon çalışması ülkemizde daha önce yapılmamıştır. Bu yönü ile bu çalışma ilk olma niteliğindedir.

Hofmann ve ark., (2013) çalışmalarında SNP tabanlı 5 adet CAPS markörü (11_0010, 11_0823, 11_0205, 11_0315 ve 11_1476) tasarlamışlardır. *Rrs1* ve onu çevreleyen markörler arasındaki genetik mesafe 11_0010 CAPS markörü için proksimalde 1,2 cM iken 11_0823 CAPS markörü için distalde 0,9 cM'dır. Çalışmamızda 11_0010, 11_0823, 11_0315 ve 11_1476 CAPS markörleri kullanılmış ve 11_0010 CAPS marköründe Hb2, Hb3 ve Hb4 genotipleri amplifikasyon oluşturmamış olup diğer 9 arpa genotipinin hepsi heterojen bant profili göstermiştir. Bölgeye en yakın olan 11_0823 CAPS marköründe ise Hb2, Hb3, Hb4 ve Hb8 yabani arpa genotiplerinde amplifikasyon belirlenemezken, Çetin 2000, Hs4, Hs8 ve Hs9 genotiplerinde heterojen bant profili görülmüş, Avcı 2002, Sinanbey, Cirit ve Cacabey çeşitlerinin dayanıklı bant profili oluşturduğu değerlendirilmiştir.

Hofmann (2015), CAPS markörü 11_0205'in GenomeZipper'da veya fiziksel haritada yer almadığını, markör 11_0315'in ise Bowman ve Barke arpa çeşitlerinin fiziksel haritalarında 55.15 cM, 389321560 bp konumuna karşılık gelmekte olduğunu ve daha detaylı haritalama için güvenli bir dış yan konum olarak kullanılabileceğini belirtmiştir.

Çalışmamızda CAPS markörü 11_0205 kullanılmamıştır. Sayed ve Baum (2018), ICARDA ıslah programında rutin olarak kullanılan 23 arpa çeşidini beş markör (HVS3, Bmac209, Bmac67, Ebmac871 ve Bmag0006) kullanarak markör destekli seleksiyon (MAS) amacı ile arpa yaprak lekeli dayanıklılık geni *Rrs1*'in varlığını tanımlamak için test etmişlerdir. Yürütülen çalışmamızda da ilgili markörlerin her birisinin Sayed ve Baum (2018) raporuna uygun bant profili ve bant büyüklükleri tespit edilmiştir.

HVS3-SCAR, Ebmac871-SSR, Bmag 0006-SSR markörleri 3H arpa kromozomunun farklı kollarında yer almaktadır. Ebmac871, 3H'nin kısa kolunda, HVS3-SCAR ve Bmag0006 ise uzun kolunda lokalize olmuştur. Bu sonuç, etiketledikleri arpa yaprak lekeli dayanıklılık genlerinin/allellerinin muhtemelen 3H kromozomunun sentromerik bölgesinde olduğunu göstermektedir. Çeşitli kaynaklardan gelen arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklılığı, 3H kromozomunun uzun kolunun proksimal bölgesiyle eşleşerek karmaşık *Rrs1* lokusu oluşturmaktadır. Bu lokus, birbirine sıkıca bağlı birkaç arpa yaprak lekeli dayanıklılık geninden oluşabilir veya birden fazla allele sahip tek bir gen içerebilir (Sayed ve Baum, 2018). Çalışmamızda HVS3-SCAR marköründe Avcı 2002, Sinanbey, Cirit, Cacabey çeşitlerinde ve Hb2, Hb3 ve Hb4 *H. bulbosum* genotiplerinde dayanıklı bant profili izlenmiştir. Ebmac871-SSR markörü bant profiline göre Avcı 2002 ve Sinanbey çeşitleri ile Hs4, Hs8 ve Hs9 *H. spontaneum* genotiplerinin, Bmag 0006-SSR markörü bant profilinde ise Çetin 2000, Cirit ve Cacabey çeşitleri ile Hs4, Hs8 ve Hs9 *H. spontaneum* genotiplerinin dayanıklı bant profilleri sergiledikleri değerlendirilmiştir. Bmac209-SSR markörünün Ebmac871-SSR markörü ile aynı bant profilini oluşturduğu belirlenmiştir. Bmac67-SSR markörü ile gerçekleştirilen çalışmada ise Çetin 2000, Cirit ve Cacabey çeşitleri ile Hs8 *H. spontaneum* genotiplerinde dayanıklı bant profilleri belirlenmiştir. Arpa yaprak lekeli direncinin yer aldığı *Rrs1* lokusu, 3H kromozomunun uzun kolunun proksimal bölgesinde lokalize olan ve birden fazla sıkı bağlantılı direnç geni ya da çok allelli tek bir geni içerebilen karmaşık bir lokus olarak tanımlanmıştır (Sayed ve Baum, 2018). Bu nedenle, çalışmada kullanılan farklı markörlerin söz konusu lokusun farklı alt bölgelerini veya farklı allellerini etiketlemesi olasıdır. Ayrıca, kullanılan markörler direnç geninin kendisi olmayıp direnç genine bağlı (linked) markörler olup markör ile gen arasındaki genetik mesafe ve olası rekombinasyon olayları bazı genotiplerde markör-fenotip uyumsuzluklarını açıklayabilmektedir.

11_0315 marköründe ise *Acil* restriksiyon enzimi ile kesim sonucunda anlamlı bir bant profili oluşmamıştır. 11_0315 markörünün *Rrs1* lokusuna olan genetik uzaklığının göreceli olarak yüksek olması, markör-gen mesafesi veya arpa genotiplerindeki olası farklı allellerin varlığı, rekombinasyon olayları sonucunda markör-lokus bağlantısının zayıflamış olabileceğini ve bu nedenle bant oluşmadığını düşündürmektedir. Bununla birlikte kullanılan diğer tüm markörler referans yayınlarına uygun bant profili sergilemişlerdir (Hoffmann ve ark., 2013; Sayed ve Baum, 2018).

Kromozom 3H üzerindeki *Rh-Rh3-Rh4* (önceki isimleri) lokus kompleksi (Dyck ve Schaller, 1961a; Wells ve Skoropad, 1963) birkaç allele sahip tek bir gen olarak kabul edilmiştir (Habgood ve Hayes, 1971). Bazı araştırmacılar ise en az iki farklı ancak yakından bağlantılı genin var olduğunu öne sürmektedir (Dyck ve Schaller, 1961b). Hofmann ve ark., (2013), *Rrs1*/3H bölgesi için QTL'in sentromere yakın olmasına ve düşük rekombinasyon göstermesine rağmen, yaklaşık 30 genin bulunduğu bu bölgede rekombinantlarının belirlenmesi için büyük bir popülasyonun geliştirilmesi yoluyla gelecekte bir aday genin tanımlanmasının mümkün görüldüğünü bildirmiştir. Karakous ve ark., (2003) özelliğin etkin bir şekilde izlenmesi için lokusa bağlı birden fazla markörün bulunmasının önemli olduğunu vurgulamıştır. Özellik lokusu başına üç adet yüksek düzeyde bilgi verebilecek olan SSR markörünün kullanılmasının MAS çalışmaları için iyi olacağı bildirilmiştir (Sayed ve Baum, 2018). Çalışmamızda, dört adet CAPS markörü, 1 adet SCAR markörü ve 4 adet SSR markörü kullanılmış olup HVS3 SCAR, Bmac209, Ebmac871, Bmac67 ve Bmag0006 SSR markörleri ve 11_0823CAPS markörü MAS çalışmalarında kullanılmak üzere tavsiye edilebilir (Tablo 5). Özellikle HVS3 SCAR markörü *H. bulbosum* genotiplerinde, Bmac209, Ebmac871 ve Bmag0006 SSR markörleri ise *H. spontaneum* genotiplerinde genotip-fenotip uyumu sağlamışlardır. Çalışmamızda ülkemizde yaygın olarak yetiştirilen bazı arpa çeşitleri, yerel arpa çeşitleri ve yabancı arpa genotiplerinin *R. commune*'ye karşı reaksiyonları değerlendirilmiş ve *Rrs1* dayanıklılık lokusu ile yakından ilişkili moleküler markörler kullanılarak ilgili bölge dayanıklılığının mevcut olduğu doğrulanmıştır.

4. Sonuç

Rhynchosporium commune'un neden olduğu arpa yaprak lekeli hastalığı ile mücadelede etkili ve sürdürülebilir yöntem dayanıklı çeşit kullanımıdır. Etmen, halen üretim deseninde yer alan çeşitlerde kullanılabilen dayanıklılık genlerine karşı yeni virulent genotiplerini geliştirme yeteneğine sahiptir (Azamparsa ve Karakaya, 2020). Bu nedenle, markör destekli seleksiyon yolu ile farklı lokusların (niteliksel veya niceliksel) introgresyonu ve piramitlenmesi

dayanıklılık ıslahı açısından önemlidir. Bugüne kadar arpa bitkisinde 150'den fazla dayanıklılık lokusu tespit edilmiştir (Zhang ve ark., 2020). *Rhynchosporium commune* etmeninin orjininin Kuzey Avrupa olduğu ve buradan dünyaya yayıldığı görüşüne göre (Brunner ve ark., 2007), Avrupa germplazmı, *R. commune* hastalık reaksiyonlarını taramak için kullanılan birincil kaynak olmuştur. Yabani arpalar (*H. spontaneum* ve *H. bulbosum*) ve yerel arpa çeşitleri ise yeterince araştırılmamıştır. Bu çalışmada arpa çeşitlerimizde ve yabani arpalarda hem fenotipik olarak hem de markör genotipleme sonucu dayanıklı genotipler belirlenmiştir.

Bulunan etkili *Rrs1* lokusu ve kullanılan yakından bağlantılı markörlerin, moleküler dayanıklılık ıslah programları için yararlı araçlar olduğu ve aday genlerin tanımlanmasına yönelik iyi bir uygulama olabileceği düşünülmektedir. Bu çalışma ile MAS için dayanıklılık genine bağlı DNA markörlerinin kullanışlılığı da ortaya konulmuştur.

Çalışmamızda fenotipik ifade (hastalık reaksiyonu) sonucu bazı markörlerin genotipleme sonucuyla örtüşmüştür. Her iki testlemede de dayanıklı olarak reaksiyonları belirlenen genotipler ıslah çalışmalarında kullanılabilir. Avustralya'daki bir çalışmada Hindmarsh arpa çeşidinin *Rrs1* genini taşıdığı ancak arpa yaprak lekeli hastalığına karşı hassas olduğu rapor edilmiştir (Wallwork ve ark., 2014). Bu durum, *Rrs1* geninin Batı Asya ve Kuzey Afrika bölgesindeki yarı kurak ve kurak alanlarda arpa yaprak lekeli hastalığına dayanıklılıkta sorumlu olabileceğini, ancak diğer ortamlarda değişebildiğini gösterebilir. *Rrs1* arpa yaprak lekeli dayanıklılık genlerinin etiketlemesi için kullanılan bu markörlerin yarı kurak ve kurak üretim alanlarında oldukça değerli olduğu ve bağlantılı markörlerin ıslah programlarında piramitleme ve markör destekli hastalığa dayanıklı genotiplerin seçimini kolaylaştıracağı düşünülmektedir.

Etik Kurul Onayı

Bu çalışma için etik kuruldan izin alınmasına gerek yoktur.

Çıkar Çatışması Beyanı

Makale yazarları olarak aramızda herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan ederiz.

Yazarlık Katkı Beyanı

Planlama: Çelik Oğuz, A.; Materyal ve Metot: Yıldırım, Ş., Çelik Oğuz, A., Karakaya, A., Akdoğan, G.; Veri toplama ve İşleme: Yıldırım, Ş., Çelik Oğuz, A., Karakaya, A., Akdoğan, G.; Literatür Tarama: Çelik Oğuz, A., Karakaya, A.; Makale Yazımı, İnceleme ve Düzenleme: Çelik Oğuz, A., Karakaya, A.

Kaynakça

- Aktaş, H. (2017). Türkiye’de yoğun ekim alanına sahip arpa (*Hordeum vulgare* L.) çeşitlerinin destek sulamalı ve yağışa dayalı şartlarda değerlendirilmesi. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 14(3): 86-97.
- Altuner, F., Oral, E. ve Baran, İ. (2022). Bazı arpa (*Hordeum vulgare* L.) çeşitlerinde tuz (NaCl) stresinin çimlenme özellikleri üzerine etkilerinin belirlenmesi. *Tekirdağ Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19(1): 39-50.
- Avrova, A. and Knogge, W. (2012). *Rhynchosporium commune*: a persistent threat to barley cultivation. *Molecular Plant Pathology*, 13:986–997.
- 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.
- Azamparsa, M. R. and Karakaya, A. (2020). Determination of the pathotypes of *Rhynchosporium commune* (Zaffarona, McDonald & Linde) in some regions of Turkey. *Bitki Koruma Bülteni*, 60 (3): 5-14.
- Azamparsa, M. R., Mert, Z., Karakaya, A., Sayim, İ., Ergün, N. and Aydoğan, S. (2015). Determination of the seedling reactions of some barley cultivars and advanced barley lines to *Rhynchosporium commune*. *Plant Protection Bulletin*, 55(3):247-252.
- Barua, U. M., Chalmers, K. J., Hackett, G. 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.
- Bock, C. H., Ponte, E. M. D. and Chiang, K. S. (2024). The nuances of plant disease severity estimation using quantitative ordinal scales—lessons learned over four decades. *Phytopathology*, 114(6): 1157-1160.
- 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.
- Brown A. H. D. (2000). The Genetic Structure of Crop Landraces and The Challenge to Conserve Them *in situ* on Farms. In: Genes in The Field, on Farm Conservation of Crop Diversity, Eds: Brush, S.B. IPGRI/IDRC/Lewis Publishers. Boca Raton, London, New York, Washington, D. C., U. S. A.
- Brunner, P. C., Schürch, S. and McDonald, B. A. (2007). The origin and colonization history of the barley scald pathogen *Rhynchosporium secalis*. *Journal of Evolutionary Biology*, 20(4): 1311-1321.
- Cabi, E., Doğan, M., Güner, A., Aslan, S., Ekim, T., Vural, M. ve Babaç, M. T. (ed.) (2012) Türkiye Bitkileri Listesi. Nezahat Gökyiğit Botanik Bahçesi ve Botanik Bahçesi ve Flora Araştırmaları Derneği Yayını. İstanbul. s. 690–756.
- Ceccarelli, S. and Grando S. (2000). Barley Landraces From The Fertile Crescent. A Lesson for Plant Breeders. In: Genes in The Field, on Farm Conservation of Crop Diversity, Ed(s): Brush, S. B., IPGRI/IDRC/Lewis Publishers. Boca Raton, London, New York, Washington, D. C, U. S. A.
- Cromey, M. G. (2004). Integrated Management of Scald in New Zealand Barley Crops. 2nd International Workshop on Barley Leaf Blights, 7-11 April 2002, Aleppo, Syria.
- Çelik, E. ve Karakaya, A. (2017). Yabani arpa (*Hordeum spontaneum*) ve hastalıklara dayanıklılık. *Mustafa Kemal Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 22(1): 65-86.
- Dodds, P. N. (2023). From gene-for-gene to resistosomes: Flor’s enduring legacy. *Molecular Plant Microbe Interactions*, 36(8): 461-467.
- Düşünceli, F., L. Çetin, S. Albustan, Z. Mert, K. Akan. and A. Karakaya. (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. (1961a). Inheritance of resistance in barley to several physiologic races of the scald fungus. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 3: 153–164.
- Dyck P.L. and Schaller C.W. (1961b). Association of two genes for scald resistance with a specific barley chromosome. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 3(2): 165–169.
- El- Ahmed, A. M. (1981). Seedling Reaction of The 7th IBON to *R. secalis* in The Green house and Source of Resistance. Barley Diseases and Associated Breeding Methodology Workshop. Rabat, Morocco.
- Ellis, R. P., Forster, B. P., Robinson, D., Handley, L. L., Gordon, D. C., Russell, J. R. and Powell, W. (2000). Wild barley: a source of genes for crop improvement in the 21st century?. *Journal of Experimental Botany*, 51(342): 9-17.
- Geçit, H. H. (2016). Tarla Bitkileri. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları. Yayın no: 1640, Ders Kitabı: 591, Ankara, Türkiye.
- 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., Williams, K. J., Raman, H., Read, B. J., Wallwork, H., Burdon, J. J. et al. (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.

- Graner, A. and Tekauz, A. (1996). RFLP mapping barley of a dominant gene conferring to scald (*Rhynchosporium secalis*). *Theoretical and Applied Genetics*, 93(3): 421–425.
- Grønnerød, S., Marøy, A. G., MacKey, J., Tekauz, A., Penner, G. A. and Bjørnstad, A. (2002). Genetic analysis of resistance to barley scald (*Rhynchosporium secalis*) in the Ethiopian line Abyssinian' (CI668). *Euphytica*, 126(2): 235–250.
- Habgood, R. M. and Hayes, J. D. (1971). The inheritance of resistance to *Rhynchosporium secalis* in barley. *Heredity*, 27:25–37.
- 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, McDonalds & Linde) arpa yaprak yanıklığı hastalığına karşı reaksiyonlarının belirlenmesi. *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 31(1): 47-60.
- Hillocks, R. J. (2012). Farming with fewer pesticides: EU pesticide review and resulting challenges for UK agriculture. *Crop Protection*, 31: 85–93.
- Hofmann, K., Silvar, C., Casas, A. M., Herz, M., Buttner, B., Gracia, M. P., Contreras-Moreira B., Wallwork H., Igartua E. and Schweizer, G. (2013). Fine mapping of the *Rrs1* resistance locus against scald in two large populations derived from Spanish barley landraces. *Theoretical and Applied Genetics*, 126 (12): 3091–3102.
- Hofmann, K. (2015). *Phenotypic assessment and genetic mapping of genes conferring resistance to leaf scald (Rhynchosporium commune) in barley (Hordeum vulgare)*. (Ph.D. Thesis) Justus Liebig University, Germany.
- Jackson, L.F. and Webster, R. K. (1976). Race differentiation, distribution, and frequency of *Rhynchosporium secalis* in California. *Phytopathology*, 66: 719–725.
- Karakaya, A., Mert, Z., Çelik Oğuz, A., Azamparsa, M. R., Çelik, E., Akan, K. and Çetin, L. (2014). Current Status of Scald and Net Blotch Diseases of Barley in Turkey. *IWBLD-1st International Workshop On Barley Leaf Diseases*, 03-06 June, Salsomaggiore, Terme, Italy.
- Karakaya, A., Mert Z., Çelik Oğuz A., Ertaş M. N. and Karagöz A. (2016). Determination of the diseases occurring on naturally growing wild barley (*Hordeum spontaneum*) field populations. *Works of the Faculty of Agriculture and Food Sciences University of Sarajevo*. Vol. LXI, 66(1): 291–295.
- Karakaya, A., Çelik Oğuz, A. and Saraç Sivrikaya, I. (2020). Diseases occurring on *Hordeum bulbosum* field populations at Bingöl province of Turkey. *Works of the Faculty of Agriculture and Food Sciences University of Sarajevo*, Vol. LXV, 70: 75-81.
- Karakousis, A., Barr, A. R., Chalmers, K. J., Ablett, G.A., Holton, T.A., Henry, R. J., Lim, P. and Langridge, P. (2003). Potential of SSR markers for plant breeding and variety identification in Australian barley germplasm. *Australian Journal of Agricultural Research*, 54(12): 1197–1210.
- Kavak, H. (1998). *Şanlıurfa yöresinde ekimi yapılan bazı arpa çeşitlerinin arpa yaprak lekesine (Rhynchosporium secalis (Oudem.) JJ Davis) karşı reaksiyonları ve hastalık şiddeti ile verim arasındaki ilişkinin belirlenmesi*. (Doktora Tezi) Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki Koruma Ana Bilim Dalı. Tokat, Türkiye.
- King, K. M., West, J. S., Brunner, P. C., Dyer, P. S. and Fitt, B. D. (2013). Evolutionary relationships between *Rhynchosporium lolii* sp. nov. and other *Rhynchosporium* species on grasses. *PLoSOne*, 8(10): e72536.
- Kün E. (1996). Tahıllar-1 (Serin İklim Tahılları). Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Yayın No:1451, Ankara, Türkiye.
- McDonald, B. A., Zhan, J. and Burdon, J. J. (1999). Genetic structure of *Rhynchosporium secalis* in Australia. *Phytopathology*, 89(8): 639–645.
- Mert, Z. and Karakaya, A. (2004). Assessment of the seedling reactions of Turkish barley cultivars to scald. *Journal of Phytopathology*, 152 (3): 190-192.
- Mert, Z. and Karakaya, A. (2003). Determination of the suitable inoculum concentration for *Rhynchosporium secalis* seedling assays. *Journal of Phytopathology*, 151: 699-701.
- Montgomery, D.C (2013). Design and analysis of experiments, 8th edn. Wiley, New York, U. S. A.
- Nevo E. (2012). Evolution of Wild Barley and Barley Improvement. In: Advance in Barley Sciences, Ed(s): Li, C., Zhang, G., Liu, X., Eglinton, J., *Proceedings of 11th Int. Barley Genetics Symposium*. Zhejiang University Press, Springer, 1-16.
- Oz, M. N. E., Turgay, E. B., Bülbül, S. and Ergün, N. (2023). Screening of some registered Turkish barley cultivars reactions against *Rhynchosporium commune*. *Anadolu Tarım Bilimleri Dergisi*, 38(2): 421-430.
- 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(6): 576-579.
- Ramsay, L., Macaulay, M., Degli Ivanisovich, S., Maclean, K., Carsle, L., Fuller, J., Edwards, K. J., Tuvevsson, S., Morgante, M., Massari, A., Maestri, E., Marmiroli, N., Sjakste, T., Ganai, M., Powell, W. and Waugh, R. (2000). A simple sequence repeat-based linkage map of barley. *Genetics*, 156(4): 1997–2005.

- 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.
- Ruge-Wehling, B. and Wehling, P. (2014). The secondary gene pool of barley (*Hordeum bulbosum*): Gene introgression and homoeologous recombination. In: J. Kümlehn, N. Stein (eds.), *Biotechnological approaches to barley improvement*. Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 331-343.
- Salamati, S. and Tronsmo, A. M. (1997). Pathogenicity of *Rhynchosporium secalis* isolates from Norway on 30 cultivars of barley. *Plant Pathology*, 46: 416-424.
- Sayed, H., Backes, G., Kayyal, H., Yahyaoui, A., Ceccarelli, S., Grando, S., Jahoor, A. and Baum, M. (2004). New molecular markers linked to qualitative and quantitative powdery mildew and scald resistance genes in barley for dry areas. *Euphytica*, 135(2): 225-228.
- Sayed, H., Yahyaoui, A., Grando, S., Ceccarelli, S. and Baum, M. (2006). Marker-Assisted Selection for Scald (*Rhynchosporium secalis*) Resistance in a Barley Breeding Program. *3rd International Workshop on Barley Leaf Blights (IWBLB)*, 23-27 July, 182-183, University of Alberta Conference Centre, Edmonton, Alberta, Canada.
- 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(4):335-344.
- Schweizer, G. F., Baumer, M., Daniel, G., Rugel, H. and Roder, M.S. (1995). RFLP markers linked to scald (*Rhynchosporium secalis*) resistance gene Rh2 in barley. *Theoretical and Applied Genetics*, 90 (7-8): 920-924.
- 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.
- Tekauz, A. (1991). Pathogenic variation in *Rhynchosporium secalis* on barley in Canada. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 13 (4): 298-304.
- Thomas, W.T.B., Baird, E., Fuller, J.D., Lawrence, P., Young, G.R. and Powell, W. (1998). Identification of a QTL decreasing yield in barley linked to Mlo powdery mildew resistance. *Molecular Breeding*, 4: 381-393.
- Thomas, W.T.B., Powell, W., Waugh, R., Chalmers, K.J., Barua, U.M., Jack, P., Lea, V., Forster, B.P., Swanston, J.S., Ellis, R.P., Hanson, P.R. and Lance, R.C.M. (1995). Detection of quantitative trait loci for agronomic, yield, grain and disease characters in spring barley (*Hordeum vulgare* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 91:1037-1047.
- TUİK, 2025. <https://data.tuik.gov.tr/Bulten/Index?p=Bitkisel-Uretim-Istatistikleri-2025-53939>
- Turkington, T. K., Clayton, G. W., Harker, K. N., Xi, K., Tewari, J. P., Tekauz, A. and Hartman, M. (2004). Management of Barley Leaf Diseases in Western Canada. *2nd International Workshop on Barley Leaf Blights*, 7-11 April 2002, Aleppo, Syria.
- Ullrich, S. E. (2011). *Barley: Production, Improvement, Anduses*. Wiley-Blackwell. 656 pp.
- 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.
- Wallwork, H. and Grcic, M. (2011). The use of differential isolates of *Rhynchosporium secalis* to identify resistance to leaf scald in barley. *Australasian Plant Pathology*, 40 (5): 490-496.
- Wallwork H. and Grcic M. (2014). Use of specific differential isolates of *Rhynchosporium commune* to detect minor gene resistance to leaf scald in barley. *Australasian Plant Pathology*, 43 (2): 197-203.
- Walther, U., Rapke, H., Proeseler, G. and Szgat, G. (2000). *Hordeum bulbosum*-a new source of disease resistance-transfer of resistance to leaf rust and mosaic viruses from *H. bulbosum* into winter barley. *Plant Breeding*, 119(3): 215-218.
- Wells, S. A. and Skoropad, W. P. (1963). Inheritance of reaction to *Rhynchosporium secalis* in barley. *Canadian Journal of Plant Science*, 43: 184-187.
- Wendler, N., Mascher, M., Himmelbach, A., Johnston, P., Pickering, R., and Stein, N. (2015). *Bulbosum* to go: a toolbox to utilize *Hordeum vulgare/bulbosum* introgressions for breeding and beyond. *Molecular Plant*, 8(10): 1507-1519.
- Williams, K., Donellan, S., Smyl, C., Scott, L. and Wallwork, H. (2003). Molecular variation in *Rhynchosporium secalis* isolates obtained from hotspots. *Australasian Plant Pathology*, 32 (2): 257-262.
- Xi, K., Xue, A. G., Burnett, P. A., Helm, J. H. and Turkington, T. K. (2000). Quantitative resistance of barley cultivars to *Rhynchosporium secalis*. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 22:221-227.
- 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 net blotch, *Plant Breeding*, 117: 419-423.
- Zadoks, J. C., Chang, T. T. and Konzak, C. F. (1974). A decimal code for the growth stages of cereals. *Weed Research*, 14: 415-421.

- Zaffarano, P. L., McDonald, B., A. and Linde, C. C. (2011). Two new species of *Rhynchosporium*. *Mycologia*, 103(1): 195-202.
- 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.
- Zhang, Q. F., Webster, R. K., Crandall, B. A., Jackson, L. F. and Maroof, M. A. S. (1992). Race composition and pathogenicity associations of *Rhynchosporium secalis* in California. *Phytopathology*, 82: 798–803.
- Zhang, X., Ovenden, B. and Milgate, A. (2020). Recent insights into barley and *Rhynchosporium commune* interactions. *Molecular Plant Pathology*, 21(8): 1111-1128.