

Markör Destekli Seleksiyonun Buğday Islahında Kullanımı

Özlem Ateş Sönmezoğlu¹ Ahmet Yıldırım² Tuğba Eserkaya Güleç¹ Nejdet Kandemir¹

1- Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, 60240 Tokat

2- Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi, Kamil Özdağ Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, 70100 Karaman

Özet: Temel besin maddesi olan buğday, Dünya’da ve Türkiye’de en fazla yetiştirilen kültür bitkisidir. Ekim alanlarını daha fazla genişletmenin mümkün olmadığı günümüzde, artan nüfusun besin ihtiyacını karşılamanın en etkili yolu, birim alan verimini artırmaktır. Buğdayda verimdeki artış ancak hastalık ve zararlılara dayanıklı, stabilitesi yüksek ve her yönenin kendi ekolojik koşullarına uygun çeşitlerin geliştirilmesi ile sağlanabilir. Uzun yıllar süren seleksiyonlarla genlerin belirli yönde seçilmesi ve melezlemelerde ortak anaçların kullanılması buğdayda genetik varyasyonu daraltmış ve istenen özellikleri taşıyan çeşitlerin klasik bitki ıslahıyla geliştirilmesini zorlaştırmıştır. Markör destekli seleksiyon (MAS) klasik bitki ıslahında karşılaşılan sorunları çözmek için kullanılan alternatif ve yardımcı bir tekniktir. Markör destekli seleksiyon agronomik olarak önem arz eden ve birden fazla gen veya lokus tarafından kontrol edilen karakterlerin hızlı bir şekilde aktarılmasını sağlamaktadır. Bu teknik klasik ıslahı tamamlayıcı, oldukça hızlı, etkin, doğru ve ekonomik bir seleksiyon yöntemidir.

Anahtar Kelimeler: Buğday, Bitki Islahı, Markör Destekli Seleksiyon, MAS

Using Marker Assisted Selection in Wheat Breeding

Abstract: Wheat is a basic nutrition and is the most widely grown crop in the world and Turkey. Since further expansion of cultivated area is not possible, the most efficient way of supplying necessary nutrition for increasing population is to increase yield per area. Increases in wheat yield can be achieved through improvement of varieties which are resistant to disease and insect pests, which have stability across different environments. Selections toward specific purposes during long breeding programs and use of common parents in crosses made the genetic base of cultivated wheat narrow and made it difficult to develop new varieties through classical plant breeding. Marker assisted selection (MAS) is a alternative and helpful method to solve problems of classical plant breeding. Marker assisted selection facilitates transfer of traits are agronomically important and controlled by one or more gene/locus. This technique is a rapid, efficient, reliable and economical selection method and is complement of classical breeding.

Key Words: Wheat, Plant Breeding, Marker Assisted Selection, MAS

1. Giriş

Bitki ıslahında kantitatif karakterleri etkileyen genlerin klasik ıslah metotlarıyla aktarılmasında özellikle bağlantı sürüklenmesi (linkage drag) gibi birçok problemle karşılaşmaktadır. Buğday ıslahında markör destekli seleksiyon (MAS) ve embriyo kültürü ile ısı-ışık kontrollü seraların kullanılması klasik bitki ıslahına oldukça yardımcı olan modern teknolojik yaklaşımlardır. Geleneksel veya klasik ıslah metotlarının başarısını ve hızını artırıcı tekniklerin başında MAS gelmektedir.

Markör destekli seleksiyon agronomik olarak önem arz eden ve birden fazla gen veya lokus tarafından kontrol edilen karakterlerin etkin bir şekilde aktarılmasını sağlar. Günümüzde markör destekli ıslah çalışmaları çoğunlukla geriye melezleme yönteminde uygulanmaktadır (Yıldırım, 2005). Klasik ıslaha kıyasla, moleküler markörlerin kullanımı

geri melez ıslahının etkinliğini ve güvenilirliğini artırmaktadır (Francia ve ark., 2005).

Moleküler markörlerin geliştirilmesinden sonra markör destekli seleksiyon hız kazanmıştır. Özellikle tahıllarda verim, kalite ile hastalık ve zararlılara dayanıklılık gibi konularda yapılan çalışmalar giderek artmakta ve başarılı sonuçlar elde edilmektedir. MAS yardımıyla buğdayda uzun yıllar sürecektir olan ıslah çalışmaları çok daha kısa sürede tamamlanarak sarı pas (Yıldırım ve ark., 2004), yaprak pası (Kolmer, 1996) ve külleme (Huang ve ark., 2003a) gibi önemli hastalıklara dayanıklılık genlerinin yeni çeşitlere aktarımı sağlanmıştır. Francia ve ark. (2005) ise birbiriyle çok sıkı bağlantılı olan düşük sıcaklığa toleranslılıkla ilgili iki kantitatif karakter bölgesini (QTL) Polimeraz Zincir Reaksiyonuna (PZR) dayalı markörlerin

yardımıyla transfer etmişlerdir. Li ve ark. (2009) yaptıkları çalışmada, geri melezleme ıslahıyla markör destekli seleksiyon yöntemini kombine bir şekilde kullanarak yeni bir külemeye dayanıklılık genini (*pm41*) ekmeçlik buğdaya aktarmayı başarmışlardır. Buğdayda, ekmeç (Zamani ve ark., 2009) ve makarna yapma kalitesi (Watson, 2008) ile ilgili markör destekli ıslah çalışmaları da yapılmaktadır.

Markör destekli seleksiyon ile ıslah çalışmaları daha kısa sürede ve daha az işgücü ile tamamlanabilmekte ve bunların yanısıra gereksinim duyulan populasyon büyüklüğü de klasik ıslaha nazaran çok daha küçük olmaktadır (Gupta ve Rustgi, 2004).

2. Moleküler Markörler

Markör destekli seleksiyonda kullanılan markör tipleri morfolojik, biyokimyasal (protein) ve moleküler olmak üzere üç ana gruba ayrılmaktadır. Morfolojik belirleyiciler (markörler); çiçek rengi ve tohum şekli gibi görsel olarak karakterize edilebilen analizleri oldukça kolay olan fenotipik karakterlerdir (Yıldırım ve Kandemir, 2001). Ancak sayılarının az oluşu yanında çevreden ve diğer lokuslardan etkilenmeleri nedeniyle günümüzde fazla kullanılmamaktadırlar. Bunların yanısıra birbirine oldukça yakın genotipler arasında sınırlı düzeyde polimorfizm göstermeleri ve dominant özellikte olmalarından dolayı sadece dominant fenotipi (AA ve Aa) resesif fenotipten (aa) ayırmaları da morfolojik markörlerin diğer dezavantajlarıdır (Mohan ve ark., 1997).

Moleküler belirleyiciler diğer belirleyicilere göre daha güvenilir olmaları, çevreden etkilenmemeleri, bitkilerin gelişmelerinin her aşamasında kullanılabilmesi, bitkinin olgunlaşmasının beklenmesine gereksinim olmaması ve geniş bir varyasyon göstermeleri gibi avantajları nedeniyle son yıllarda yaygın olarak kullanılmaktadırlar. Bu belirleyiciler farklı genotiplere ait DNA nükleik asit diziliş farklılığını çeşitli şekillerde ortaya koyarlar. Ayrıca bu belirleyicilerin DNA polimorfizmi klasik morfolojik veya biyokimyasal belirleyicilerden çok daha fazladır (Özcan ve ark., 2001).

Moleküler DNA belirleyicilerden buğday ıslahında kullanılanların en önemlilerini hibridizasyona dayalı olan restriksiyon parça uzunluğu polimorfizmi (RFLP) (Bolstein ve

ark., 1980) ve PZR'ye dayalı olan rasgele çoğaltılmış polimorfik DNA (RAPD) (Welsh ve McClelland, 1990), basit dizi tekrarları (mikrosatelitler veya SSR) (Hamada ve ark., 1982), çoğaltılmış parça uzunluğu polimorfizmi (AFLP) (Vos ve ark., 1995), dizisi etiketlenmiş alanlar (STS) (Talbert ve ark., 1994) ve tek nükleotid farklılıkları (SNP) (Ravel ve ark., 2007) gibi belirleyiciler oluşturmaktadır.

DNA belirleyicileri son yıllarda kuramsal ve uygulamalı genetik çalışmalarda, bitki ve hayvan türlerinde çok çeşitli alanlarda kullanılmaktadır. Bu alanların en önemlileri genetik ve fiziksel kromozom haritaları ve markör destekli seleksiyondur (Yıldırım ve ark., 2004). Bunlara ek olarak moleküler markörler bitkiler aleminde genetik materyalin karakterizasyonu, genetik teşhis, transformantların karakterize edilmesi ve filogenetik analizlerde de yaygın bir biçimde kullanılmaktadır (Rafalski ve ark., 1996). Bu belirleyiciler kullanılarak genetik varyasyon araştırılmakta ve türlerin taksonomik tanımlaması yapılarak, filogenetik akrabalıkları saptanabilmektedir (Lowe ve ark., 1996; Ateş Sönmezoğlu, 2006; Dede, 2007). Moleküler belirleyiciler, bitkilerin DNA parmak izlerinin çıkarılması ve çeşit tanımlamasında da yoğun bir şekilde kullanılmaktadır. Parmak izi analizleri kullanılarak tescile sunulan çeşit adaylarının genetik özellikleri belirlenebildiği gibi çeşit adayının elde edilmesinde kullanılan anaçlar da saptanabilmektedir. Bu durum, ekonomik açıdan önemli genetik kaynakların belirlenmesi ve Türkiye gibi bir çok bitkinin gen merkezi durumunda olan ülkelerde, yabani gen kaynaklarının korunması açısından son derece önemlidir.

Moleküler markörler agronomik olarak önem arz eden tek (major) bir genin geri melezleme yöntemiyle hızlı ve etkin bir şekilde aktarımını sağlarlar. Geri melezleme ıslahında tekrarlanan anacın mümkün olan en yüksek oranda tekrar geri elde edilmesinde de kullanılırlar. Fenotipik gözleme gerek kalmaksızın geni taşıyan geri melez hatlarının doğru seleksiyonunda moleküler markörler oldukça etkilidirler. Ayrıca farklı karakterlere etki eden birden fazla genin eş zamanlı aktarılmasını da mümkün kılarlar (Yıldırım, 2008).

Moleküler markörler, agronomik olarak önem arz eden ve birden fazla gen veya lokus

tarafından kontrol edilen karakterlerin etkin bir şekilde aktarılmasını da sağlamaktadırlar. Çevre şartlarından oldukça fazla etkilenen karakterlerin, fenotipik gözlem zorluklarını aşarak doğru bir şekilde seçilmelerine yardımcı olmaktadır.

3. Protein Markörleri

Biyokimyasal markörler depo proteinleri ve enzim proteinleri olarak iki ana grupta incelenmektedirler. Buğday tohumunda bulunan iki depo protein grubu olan gliadin ve glutenin, depo protein markörleri amacıyla yaygın olarak kullanılmaktadır. Depo proteinleri bir jel üzerinde hareket ettirilip boyandıklarında genotipler arasında ortaya çıkan farklılıklar genetik belirleyici olarak kullanılabilir. Bu markörlerin temel avantajları analizlerinin çabuk, ucuz, güvenilir ve tekrarlanabilir olmasıdır. Çevreden ve diğer lokuslardan etkilenmezler. En büyük dezavantajları sayılarının çok az olması ile yalnızca özel dokularda ve belli bir gelişme döneminde gözlenebilir olmalarıdır (Yıldırım ve Kandemir, 2001).

Biyokimyasal markörlerin buğday kalite ıslahında kullanımı oldukça yaygındır. Buğdayda bu alanda en çok kullanılan depo proteini glutendir. Bu proteinlerden en önemlileri yüksek gluten kuvveti ile ilişkili olan γ -45 gliadin ile zayıf gluten ve viskoelastik özellik ile ilişkili olan γ -42 gliadindir. Benzer şekilde LMW-2 glutenin alt ünitesinin durum buğdayının gluten kuvvetini ve kalitesini (Pogna ve ark., 1990; Clarke ve ark., 1998), HMW glutenin alt ünitelerinin ise ekmek yapma kalitesini (Bustos ve ark., 2001) olumlu yönde etkilediği tespit edilmiştir.

Biyokimyasal markörlerden izoenzimler buğdayda çoğunlukla geliştirilen yeni çeşit ile anaçların tanımlanmasında ve çeşitlerin saflıklarının muhafazasında kullanılmaktadırlar (Sipahi, 2004). Depo proteinleri ise buğday ıslahında genellikle seleksiyon amaçlı kullanılmaktadır. Depo protein markörlerinde gözlenen farklılıklar ile kalite ve diğer bazı özelliklerin ilişkilendirilmesi ve erken generasyonlarda hat seçimi yapılabilmektedir.

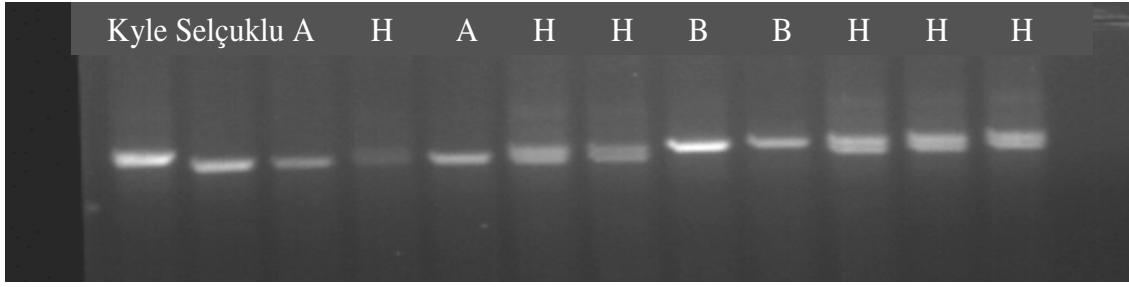
Bu alanda en çok kullanılan markör sistemlerinden biri HMW ve LMW gluteninlerdir. Uluslararası Tohumculuk Test Kuruluşu (ISTA) morfolojik özelliklerin yanısıra buğday çeşitlerinin tanımlanmasında gliadini, arpa çeşitlerinin tanımlanmasında ise hordeini kullanmaktadır (Cooper, 1987).

Abdel-Hady ve Naggat (2007), protein ve moleküler markörler yardımıyla yapılan seleksiyon ile geri melez ıslah yönteminin yapılacak ıslah çalışmalarında kombine bir şekilde başarıyla kullanılabileceğini bildirmişlerdir. Markör destekli seleksiyon yardımıyla yapılan ıslah çalışmalarında farklı markör tiplerinin kombinasyonunun çalışmanın güvenilirliğini ve etkinliğini artırdığı da saptanmıştır.

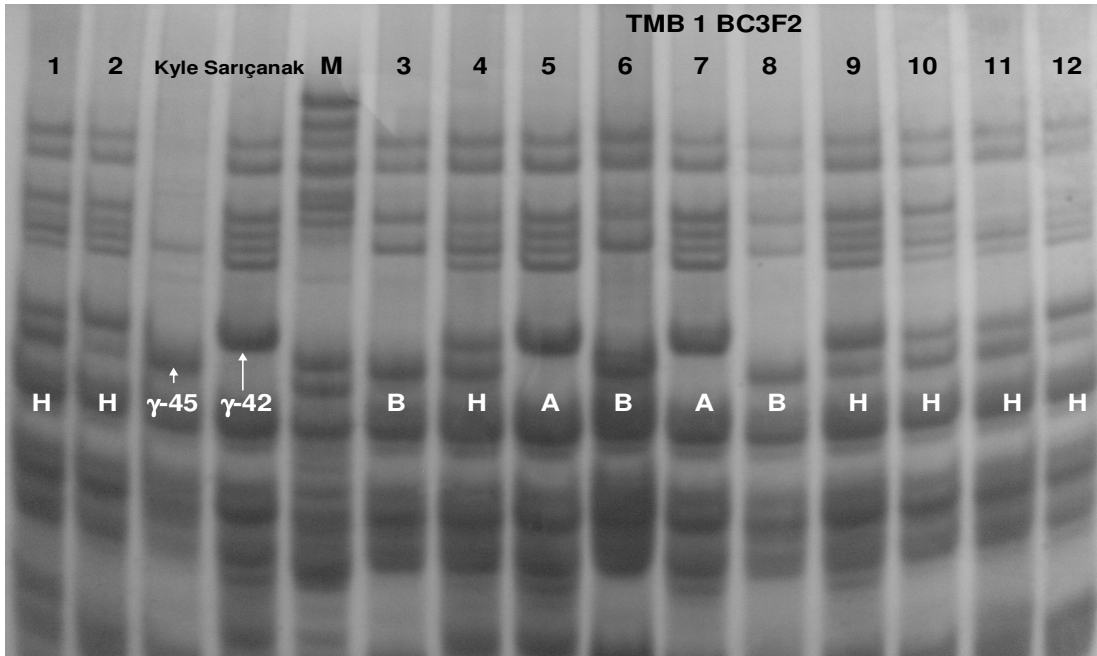
4. Markör Destekli Seleksiyonun Buğday Islahındaki Uygulama Alanları

Son 15 yılda araştırmacılar buğdayda 3000'den fazla moleküler markörü kapsayan detaylı genetik haritalar ve 16000 lokusdan fazlasını içeren fiziksel haritalar geliştirmişlerdir (Cenci ve ark., 2003; Dubcovsky, 2004). Haritalama çalışmalarına ilave olarak 1,109,486 buğday EST'si de sekanslanmıştır (Anonymous, 2009). Bu araştırmalar buğdayda bölgesel klonlama çalışmalarına ait başarılı sonuçlar getirmiştir (Feuillet ve ark., 2003; Huang ve ark., 2003b; Yahiaoui ve ark., 2004; Yan ve ark., 2004).

MAS ile buğday ıslahında klasik yöntemlerle seleksiyonun zor veya mümkün olmadığı karakterlerin seleksiyonu yapılabilmektedir. Geleneksel ıslah çalışmalarında karşılaşılan en büyük zorluklardan biri istenilen özellikle ilişkili dominant genleri taşıyan bireylerin heterozigot bireylerden ayrılmasıdır. Yürütülen bir başka çalışmamızda (Yıldırım ve ark., 2009) MAS tekniği sayesinde gerek moleküler gerekse biyokimyasal markörler kullanılarak istenen geni/karakteri taşıyan homozigot ve heterozigot bireylerin kolaylıkla ayırt edilebildiği tespit edilmiştir (Resim 1 ve 2).



Resim 1. Selçuklu melez ailesine ait GM3F2 bitkilerinin moleküler markörler ile taramaları (A: Transfer edilen gen bölgesini taşımayan anaç tip geri melez bitkilerini, B: Transfer edilen gen bölgesini taşıyan homozigot geri melez bitkilerini, H: Transfer edilen gen bölgesini taşıyan heterozigot geri melez bitkilerini göstermektedir.)



Resim 2. Sarıçanak melez ailesine ait GM3F2 bitkilerinin biyokimyasal markörler ile taramaları

Genel olarak markör destekli seleksiyonun buğday bitkisindeki uygulama alanları genotip tanımlama, çeşit tescili, ıslah hatlarının tanımlanması, tohum saflık testleri, hibrit çeşit saflık testleri, genetik çeşitliliğin belirlenmesi, gen kaynaklarının genetik kökeninin araştırılması, tarımsal performansın ve adaptasyon yeteneğinin tahmini, basit karakterlerin kalıtımı, kantitatif karakterlerin (QTL) aktarımı ve gen piramitlerinin oluşturulması şeklinde özetlenebilir. MAS teknolojisinin buğday ıslahında kullanımına ilişkin çok farklı örnekler mevcuttur. Bunlardan

bazıları aktarımı yapılan karakter veya gen belirtilerek Tablo 1’de verilmiştir. Gelişen markör teknolojisi sayesinde buğdayda gluten sağlamlığı (Watson, 2008), nişasta özellikleri (waxy genleri) (Briney ve ark., 1998), tane sertliği (puroindoline genleri) (Beecher ve ark., 2002), vernalizasyon (Yan ve ark., 2003; 2004), yarı cücelik (Peng ve ark., 1999), yaprak pasına (*Lr10* ve *Lr2*) (Feuillet ve ark., 2003) ve külemeye (Huang ve ark., 2003a) dayanıklılık gibi agronomik açıdan önemli genlerin aktarımı mümkün olmuştur.

Tablo 1. Buğdayda yapılan markör destekli seleksiyon çalışmaları örnekleri

KARAKTER/GEN	KULLANILAN MARKÖR	KAYNAK
Yaprak pasına dayanıklılık (<i>Puccinia recondita</i> f.sp. <i>tritici</i>) / <i>Lr35</i> geni	STS ve CAPS	Seyfarth ve ark. (1999)
Yaprak ve sap pasına dayanıklılık / <i>Lr57</i> ve <i>Yr40</i> genleri	SSR	Kuraparthi ve ark. (2009)
Sarı pasa dayanıklılık (<i>Puccinia striiformis</i> f.sp. <i>tritici</i>) / <i>Yr15</i> geni	RAPD ve SSR	Chague` ve ark. (1999)
Sarı pasa dayanıklılık / <i>Yr26</i> geni	SSR	Yıldırım ve ark. (2004)
Tepe yanıklığına dayanıklılık (<i>Fusarium graminearum</i>) / <i>3BS</i> geni	RFLP	Anderson ve ark. (2001)
Buğday sineğine dayanıklılık (<i>Sitodiplosis mosellena</i>) / <i>Sm1</i> geni	SCAR	Thomas ve ark. (2001)
Rusya buğday afidine dayanıklılık / <i>Dn2</i> geni	SSR	Miller ve ark. (2001)
Sap pasına dayanıklılık (<i>Puccinia graminis</i> f.sp. <i>tritici</i>) / <i>Sr31</i> geni	STS	Mago ve ark. (2002)
Sarı pasa dayanıklılık (<i>Puccinia striiformis</i> f.sp. <i>tritici</i>) / <i>YrMoro</i> geni	SSR	Smith ve ark. (2002)
Yaprak pasına dayanıklılık (<i>Puccinia recondita</i> f.sp. <i>tritici</i>) / <i>Lr34</i> geni	SSR	Suenaga ve ark. (2003)
Yaprak pasına dayanıklılık (<i>Puccinia triticina</i>) / <i>Lr19</i> geni	Endopeptidase (protein markörü)	Slikova ve ark. (2003)
Küllemeye dayanıklılık	SSR	Tucker (2005)
Tepe yanıklığına dayanıklılık / <i>3BS</i> kromozomundaki ilgili genler	SSR	Nishio ve ark. (2008)
Küllemeye dayanıklılık (<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>tritici</i>) / <i>Pm5e</i> geni	SSR	Huang ve ark. (2003a)
Küllemeye dayanıklılık (<i>Blumeria graminis</i> f.sp. <i>tritici</i>) / <i>Pm4a</i> geni	CAPS	Ma ve ark. (2004)
Yaprak pası ve kahverengi pasa dayanıklılık / <i>Lr34</i> , <i>Yr18</i> genleri	STS	Lagudah ve ark. (2006)
Fusarium head blight'a dayanıklılık/ <i>Fhb1</i> geni	SSR ve SNP	Anderson (2007)
Septoria yaprak lekesi (<i>Septoria tritici</i>) hastalığına dayanıklılık	SSR	Botez ve ark. (2009)
Vernalizasyon / <i>VRN1</i> geni	PZR'ye dayalı markörler	Yan ve ark. (2003)
Kuraklığa tolerans	SSR	Ciucă ve ark. (2009)
Bor elementine dayanıklılık / <i>Bo-1</i> geni	SSR	Jefferies ve ark. (2000)
Kalite özellikleri	SSR	Watson (2008)
Hamur gücü / <i>Glu1BX</i> geni	STS	Juhász ve ark. (2003)
γ -45 gliadin ve LMW-2 glutenin için kalite ıslahı	SSR, A-PAGE, SDS-PAGE	Yıldırım ve ark. (2009)
Buğday tane protein içeriği	SSR	Berzonsky (2006)
Ekmek yapma kalitesi ile ilgili HMW glutenin allelleri	STS, SDS-PAGE	Zamani ve ark. (2009)
HMW glutenin proteinleri	AFLP, RAPD,	Bustos ve ark. (2001)
Ekmek yapma kalitesi ile ilgili HMW glutenin proteinlerini geliştirmek	PZR markörleri ve SDS-PAGE	Ahmad (2000)
Ekmek yapma kalitesi ile ilgili HMW-GS glutenin proteinlerini geliştirmek	PZR'ye dayalı markörler	Abdel-Mawgood (2008)

(* Bu tabloda verilen referanslar kaynak kısmına alınmamıştır)

Buğday ıslahında markör destekli seleksiyonun yaygın kullanım alanlarından biri de özellikle pasa dayanıklılık ve herbisitlere tolerans genleri için gen pramitlerinin oluşturulmasıdır. Üç pas hastalığının herbirine dayanıklı etki gösteren genlerin bir bitkide toplanması buğday ıslahında istenen temel hedeflerden biridir (Cakir ve ark., 2008). Geri melezleme ıslahında markör destekli seleksiyon aracılığı ile yaprak (*Puccinia recondita* f. sp. *tritici*) ve sap pasına (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) dayanıklılık genleri (*Lr21*, *Lr34*, *Lr37*, *Yr5*, *Yr15* ve *Yr26*) ile gen pramidinin oluşturulması sayesinde bu dayanıklılık genlerinin tek bir genotipte toplanması sağlanmıştır (Chen ve ark., 2005). Farklı bir çalışmada da benzer şekilde yaprak pasına dayanıklı buğday hatları geliştirmek amacıyla MAS tekniği yardımıyla gen piramitleri oluşturulmuştur (Hudcovicová ve ark., 2008). Moullet ve ark. (2009) SSR markörleri kullanarak iki yaprak pasına dayanıklılık genini (*Lr9* ve *Lr24*) buğday hatlarında toplamayı başarmışlardır. Araştırmacılar MAS'ın hastalıklara dayanıklılık konusunda yürütülen ıslah çalışmalarında çok etkili bir araç olduğunu bildirmişlerdir.

Markör destekli seleksiyon buğdayda yürütülen geleneksel veya klasik ıslah metodlarının başarısını ve hızını artırıcı bir tekniktir. MAS tekniği sayesinde buğdayda yılda iki veya daha fazla generasyon alınarak uzun yıllar sürecek bir ıslah çalışması çok daha kısa sürede tamamlanabilmektedir. Böylece zaman ve işgücü açısından tasarruf edilerek hem ıslah etkinliği artırılabilir hem de yeni çeşitlerin geliştirilmesi veya mevcut çeşitlerin iyileştirilmesi hızlandırılmaktadır. International Triticeae Mapping Initiative (ITMI) tarafından başlatılan 80 adet MAS projesi kapsamındaki 350 adet geri melezleme programı yılda ortalama iki generasyon ilerlenerek klasik ıslah metodundan çok daha kısa bir sürede

tamamlanmıştır (Dubcovsky, 2004). Fenotipik seleksiyon yapan bir ıslahçı MAS'ı kullanan bir ıslahçıya göre yaklaşık 16.7 kat daha fazla generasyon elde etmek zorundadır (Francia ve ark., 2005). Davies ve ark. (2006) buğday ıslahında fenotipik ve moleküler seleksiyonu birlikte kullandıkları çalışma sonucunda geri melez ıslahında moleküler markörler ile seleksiyonun daha avantajlı olduğunu ve sonuca çok daha kısa bir sürede ulaşıldığını tespit etmişlerdir. MAS yöntemi yardımıyla ıslah süresinin kısalması yanında ıslahın etkinliği de artırılmaktadır. Babu ve ark. (2004) mısır bitkisinde protein kalitesi ile ilgili yürüttükleri ıslah çalışmasında MAS yöntemini kullanarak BC2F1 generasyonunda tekrarlanan anaç genomunun yüzdesinin %83.7-94.8 arasında olduğunu bildirmişlerdir.

5. Sonuç

Markör destekli seleksiyon tekniğinin başta buğday olmak üzere tahıllarda kullanım alanı oldukça geniştir. Bu teknik oldukça hızlı, etkin, doğru ve ekonomik bir seleksiyon yöntemidir. Ancak tek başına klasik ıslah metodlarının yerine kullanılabilir bir yöntem değil, aksine klasik ıslahın başarısını arttıran tamamlayıcı ve yardımcı bir tekniktir.

Markör destekli seleksiyon buğdayda geri melez ıslahında, gen piramitlerinin oluşturulmasında, resesif genlerin seleksiyonunda, çevre faktörlerinin ekstrem olduğu, karakterin bitki gelişiminin geç dönemlerinde gözlemlenebildiği durumlarda, zaman ve ekonomik avantajlar sağlayarak ıslah etkinliğini artıran ve yeni çeşitlerin geliştirilmesini hızlandıran bir tekniktir. Gelişen markör teknolojisi ve markör destekli seleksiyon tekniği sayesinde yapılacak olan buğday ıslahı çalışmaları daha etkili bir şekilde yürütülebilmekte ve klasik ıslaha oranla çok daha kısa bir sürede başarılı ve güvenilir sonuçların elde edilmesi mümkün olmaktadır.

Kaynaklar

- Abdel-Hady, M.S. and Naggar, M.H., 2007. Wheat genotypic variation and protein markers in relation with *in vitro* selection for drought tolerance. Journal of Applied Sciences Research, 3(10), 926-934.
- Anonymous, 2009. Biotechnology Information (NCBI, Bethesda, MD) GenBank dbEST database. <http://wheat.pw.usda.gov/genome>.
- Ateş Sönmezoğlu, Ö., 2006. Mikrosatelit DNA belirleyicileri kullanılarak yerel makarnalık buğday

- çeşitlerinin tanımlanması (Yüksek Lisans Tezi). Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Tokat.
- Babu, E.R., Mani, V.P. and Gupta, H.S., 2004. Combining high protein quality and hard endosperm traits through phenotypic and marker assisted selection in maize. 4th International Crop Science Congress. Brisbane, Australia.

- Beecher, B., Bettge, A., Smidansky, E. and Giroux, M.J., 2002. Expression of wild-type pinB sequence in transgenic wheat complements a hard phenotype. *Theor. Appl. Genet.*, 105, 870-877.
- Bolstein, D., White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W., 1980. Construction of A Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphism. *American Journal Human Genetics*, 32, 314-331.
- Briney, A., Wilson, R., Potter, R.H., Barclay, I., Crosbie, G. and Appels, R., 1998. A PCR-based marker for selection of starch and potential noodle quality in wheat. *Mol. Breed.*, 4, 427-433.
- Bustos, A., Rubio, P., Soler, C., Garcia, P. and Jouve, N., 2001. Marker assisted selection to improve HMW-glutenins in wheat. *Euphytica*, 119, 69-73.
- Cakir, M., Drake-Brockman, F., Ma, J., Jose, K., Connor, M., Joe Naughton, J., Bussanich, J., Naisbitt, M., Shankar, M., McLean, R., Barclay, I., Wilson, R., Moore, C. and Loughman, R., 2008. Applications and challenges of marker-assisted selection in the Western Australian Wheat Breeding Program. Ses.library.usyd.edu.au/bitstream.pdf.
- Cenci, A., Chantret, N., Xy, K., Gu, Y., Anderson, O.D. and Fahima, T., 2003. Construction and characterization of a half million clones: Bacterial Artificial Chromosome (BAC) library of durum wheat. *Theor. Appl. Genet.*, 107, 931-939.
- Chen, Z., Johnson, J., Bland, D. and Wang, M., 2005. Pyramiding Genes for Coliar Disease Resistance in Red Soft Winter Wheat Using DNA Marker Assisted Selection (MAS). *American Society of Agronomy Abstracts*.
- Clarke, J.M., Marchylo, B.A., Kovacs, M.I.P., Noll, J.S., McCaig, T.N. and Howes, N.K., 1998. Breeding durum wheat for pasta quality in Canada. *Wheat: Prospects for Global Improvement*, Eds: Braun, H.J. Kluwer Academic Publishers, 229-236, New York.
- Cooper, S.R., 1987. Report of the rules committee. *Seed Science and Technology*, 15, 555-575.
- Davies, J., Berzonsky, W.A. and Leach, G.D., 2006. A comparison of marker-assisted and phenotypic selection for high grain protein content in spring wheat. *Euphytica*, 152(1), 117-134.
- Dede, B., 2007. Mikrosatelit DNA belirleyicileri kullanılarak yerel ekmeçlik buğday çeşitlerinin tanımlanması (Yüksek Lisans Tezi). *Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Tokat*.
- Dubcovsky, J., 2004. Symposium on genomics and plant breeding: the experience of the initiative for future agricultural and food systems. *Crop Science*, 44, 1895-1898
- Feuillet, C., Travella, S., Stein, N., Albar, L., Nublait, A. and Keller, B., 2003. Map-based isolation of the leaf rust disease resistance gene *Lr10* from the hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) genome. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 100, 15253-15258.
- Francia, E., Tacconi, G., Crosatti, C., Barabaschi, D., Bulgarelli, D., Dall'Aglio, E. and Valè, G., 2005. Marker assisted selection in crop plants. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 82, 317-342.
- Gupta, P.K. and Rustgi, S., 2004. Molecular markers form the transcribed/expressed region of the genome in higher plants. *Funct Integr Genomics*, 4, 139-162.
- Hamada, H., Petrino, M.G. and Kakunaga, T., 1982. A Novel Repeated Element with Z-DNA-Forming Potential is Widely Found Evolutionary Diverse Eucaryotic Genomes. *Proceedings of National Academy of Science*, 79, 6465-6469, USA.
- Huang, X.Q., Wang, L.X., Xu, M.X. and Röder, M.S., 2003a. Microsatellite mapping of the powdery mildew resistance gene *Pm5e* in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl. Genet.*, 106, 858-865.
- Huang, L., Brooks, S.A., Li, W.L., Fellers, J.P., Trick, H.N. and Gill, B.S., 2003b. Map-based cloning of leaf rust resistance gene *Lr21* from the large and polyploid genome of bread wheat. *Genetics*, 164, 655-664.
- Hudcovicová, M., Šudyová, V., Šliková, S., Gregová, E., Kraic, J., Ordon, F., Mihálik, D., Horevaj, V. and Šramková, Z., 2008. Marker-assisted selection for the development of improved barley and wheat lines. *Acta Agronomica Hungarica*, 56(4), 385-392.
- Kolmer, J.A., 1996. Genetics of resistance to wheat leaf rust. *Annu. Rev. Phytopathol.*, 34, 435-455.
- Li, G., Fang, T., Zhang, H., Xie, C., Li, H., Yang, T., Nevo, E., Fahima, T., Sun, Q. and Liu, Z., 2009. Molecular identification of a new powdery mildew resistance gene *Pm41* on chromosome 3BL derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*). *Theor Appl Genet.*, 119 (3), 531-539.
- Lowe, A.J., Hinotte, O. and Guarino, L., 1996. Standardization of Molecular Genetic Techniques for The Characterization of Germplasm Collections: The Caase of Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Plant Genetic Resources Newsletter*, 107, 50-54.
- Mohan, M., Nair, S., Bhagwat, A., Krishna, T.G., Yano, M., Bhatia, C.R. and Sasaki, T., 1997. Genome mapping, moleküler markers and marker-assisted selection in crop plants. *Mol. Breed.*, 3, 87-103.
- Moulet, O., Fossati, D., Mascher, F., Guadagnolo, R. and Schori, A., 2009. Use of marker-assisted selection (MAS) for pyramiding two leaf rust resistance genes, (*Lr9* and *Lr24*) in wheat. (www.agroscope.admin.ch/data/publikationen.pdf)
- Özcan, S., Gürel, E. ve Babaoğlu, M., 2001. *Bitki Biyoteknolojisi II. Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları*, Konya.
- Peng, J.R., Richards, D.E., Hartley, N.M., Murphy, G.P., Devos, K.M. and Flinham, J.E., 1999. 'Green revolution' genes encode mutant gibberellin response modulators. *Nature*, 400, 256-261.
- Pogna, N.E., Autran, J.C., Mellini, F., Lafiandra, D. and Feuillet, P., 1990. Chromosome 1B-encoded gliadins and glutenin subunits in durum wheat: Genetics and relationship to gluten strength. *Journal of Cereal Science*, 11, 15-34.
- Rafalski, A., Morgante, M., Powell, W., Vogel, J.M. and Tingey, S.V., 1996. Generating and Using DNA Markers in Plants. In: Birren B., Lai E. (Eds.): *Analysis of Non-Mammalian Genomes - A Practical Guide*. Academic Pres., New York.

Markör Destekli Seleksiyonun Buğday Islahında Kullanımı

- Ravel, C., Praud, S., Canaguier, A., Dufour, P., Giancola, S., Balfourier, F. and Charret, G., 2007. DNA sequence polymorphisms and their application to bread wheat quality. *Euphytica*, 158, 331-336.
- Sipahi, H., 2004. Türkiye’de tescili yapılan arpa çeşitlerinin hordein elektroforegramlarının belirlenmesi ve bunların malt kalitesi ile ilişkisinin saptanması (Doktora Tezi). Ankara Üniversitesi, Gıda Mühendisliği Anabilim Dalı, Ankara.
- Talbert, T.E., Blake, N.K., Chee, P.W., Blake, T.K. and Magyar, G.M., 1994. Evaluation of Sequence-Tagged-Site PCR Products As Molecular Markers in Wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 87, 789-794.
- Vos, P., Hogers, M., Bleeker, M., Reijans, M., Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Pelemen, J., Kuiper, M. and Zabeau, M., 1995. AFLP; A New Technique for DNA Fingerprinting . *Nucleic Acid Research*, 23, 4407-4414.
- Watson, B., 2008. Use of Marker Assisted Selection for the Introgression of Quality Traits from Australian into Chinese Wheats. University of Southern Queensland. Master of Science thesis (PhD).
- Welsh, J. and McClelland, M., 1990. Fingerprinting Genomes Using PCR with Arbitrary Primers. *Nucleic Acids Research*, 18, 7313-7318.
- Yahiaoui, N., Srichumpa, P., Dudler, R. and Keller, B., 2004. Genome analysis at different ploidy levels allows cloning of the powdery mildew resistance gene *Pm3b* from hexaploid wheat. *Plant J.*, 37, 528-538.
- Yan, L., Loukoianov, A., Tranquilli, G., Helguera, M., Fahima, T. and Dubcovsky, J., 2003. Positional cloning of wheat vernalization gene *VRN1*. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, 100, 6263-6268.
- Yan, L., Loukoianov, A., Tranquilli, G., Blechl, A., Khan, I.A. and Ramakrishna, W., 2004. The wheat *VRN2* gene is a flowering repressor down-regulated by vernalization. *Science*, 303, 1640-1644.
- Yıldırım, A. ve Kandemir, N., 2001. Genetik Markörler ve Analiz Metotları. *Bitki Biyoteknolojisi II.*, Bölüm 23, 334-363.
- Yıldırım, A., 2005. Molecular marker facilitated pyramiding of resistance genes for fungal diseases of wheat. Workshop on Genomics and Marker Assisted Selection (MAS) in Plant Breeding. 3-7 Ekim 2005 (Sunulu Bildiri), İzmir.
- Yıldırım, A., 2008. Bitki Islahında Markörler Yardımıyla Seleksiyon. (googlepages.com/AY-MarkörlerYardımiylaSeleksiyon.pdf).
- Yıldırım, A., Karadağ, Y., Sakin, M.A., Gökmen, S., Kandemir, N., Akkaya, M.S. and Yıldırım, F., 2004. Transfer of stripe rust resistance gene *Yr26* to Turkish wheats using microsatellite markers. *Cereal Research Communications*, 32(1), 25-30.
- Yıldırım, A., Ateş Sönmezoğlu, Ö., Eserkaya, T., Kandemir, N. ve Sayaslan, A., 2009. Makarnalık Buğdayda Modern Teknolojik Yöntemlerle Hızlandırılmış Kalite Islahı. Türkiye VIII. Tarla Bitkileri Kongresi, 19-22 Ekim 2009. Hatay. Sunulu Bildiri.
- Zamani, M.J., Bihanta, M.R., Naserian, B., Hallajian, M.T. and Shu, Q.Y., 2009. Selection of Wheat Mutant Genotypes Carrying HMW Glutenin Alleles Related to Baking Quality by Using PCR (STS method). *Induced Plant Mutations in the Genomics Era. Food and Agriculture Organization of the United Nations*, 436-438, Rome.