



T.C.
MUŞ ALPARSLAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**YEREL ARPA GENOTİPLERİNİN
KARAKTERİZASYONU VE ISSR
MARKÖRLER YARDIMIYLA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ**

Gülistan BALKAYA

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Anabilim Dalı

Haziran-2023
MUŞ
Her Hakkı Saklıdır



T.C.
MUŞ ALPARSLAN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**YEREL ARPA GENOTİPLERİNİN
KARAKTERİZASYONU VE ISSR
MARKÖRLER YARDIMIYLA GENETİK
ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ**

Gülistan BALKAYA

YÜKSEK LİSANS TEZİ

Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Mehmet KARAMAN

Haziran-2023
MUŞ
Her Hakkı Saklıdır

TEZ KABUL ve ONAYI

Gülistan BALKAYA tarafından hazırlanan “Yerel Arpa Genotiplerinin Karakterizasyonu ve ISSR Markörler Yardımıyla Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi” adlı tez çalışması 15/06/2023 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Muş Alparslan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Anabilim Dalı’nda YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

İmza

Başkan

Prof. Dr. Mehmet YILDIRIM
Dicle Üniversitesi, Ziraat Fakültesi,
Tarla Bitkileri Bölümü

Danışman

Doç. Dr. Mehmet Karaman
Muş Alparslan Üniversitesi,
Uygulamalı Bilimler Fakültesi

Üye

Doç. Dr. Fırat KURT
Muş Alparslan Üniversitesi,
Uygulamalı Bilimler Fakültesi

Yukarıdaki sonuç;
Enstitü Yönetim Kurulu/...../..... Tarih ve/..... nolu kararı
ile onaylanmıştır.

Doç. Dr. Sedat BOZARI

Bu tez çalışması Bilimsel Araştırmalar Projesi tarafından BAP-22-UBF-4902-01
nolu proje ile desteklenmiştir.

TEZ BİLDİRİMİ

Bu tezdeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edildiğini ve tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

DECLARATION PAGE

I hereby declare that all information in this document has been obtained and presented in accordance with academic rules and ethical conduct. I also declare that, as required by these rules and conduct, I have fully cited and referenced all material and results that are not original to this work.

İmza

Gülistan BALKAYA

Tarih:

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

YEREL ARPA GENOTİPLERİNİN KARAKTERİZASYONU VE ISSR MARKÖRLER YARDIMIYLA GENETİK ÇEŞİTLİLİĞİN BELİRLENMESİ

Gülistan BALKAYA

Muş Alparslan Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Mehmet KARAMAN

Yerel arpar, varyasyonu artırmaya yönelik ıslah programlarına katkı sağlayan önemli gen kaynaklarımızdandır. Çalışma, yarı kontrollü sera koşullarında 24 yerel arpa genotipi ve 5 kontrol çeşitten oluşan 29 arpa materyali ile yürütülmüştür. Moleküler olarak karakterize edilen arpa genotipleri bazı tarımsal özellikler bakımından da incelenmiştir. ISSR markörler vasıtasıyla moleküler düzeyde karakterize edilen arpa genotipleri arasında önemli seviyede genetik varyasyon olduğu belirlenmiştir. Yerel arpa genotipleri; sap mumsuluğu, başak mumsuluğu, sapın ortadan enine kesitinin kalınlık durumu, bayrak yaprak antosiyanin yoğunluğu, bitki boyu ve karınlanma dönemi klorofil içeriği bakımından yüksek varyasyon göstermiştir.

Arpa genotiplerinin moleküler karakterizasyonunda 6 ISSR markörü kullanılmış ve polimorfik bilgi içeriği (PIC) değerleri 0.85-0.94 olarak belirlenmiştir. Lokusların allel boyları 280-1500 bp arasında değişirken, en küçük allel boyu; UBC-842 en büyük allel boyu; UBC-825 ve UBC-826 primerlerinde gözlenmiştir. Çalışmada kullanılan ISSR primerlerinin allel sayılarının 7-15 arasında değiştiği ve ortalama allel sayısının her bir lokus için 12.6 olduğu gözlenmiştir. Analiz sonucunda oluşan filogenetik ağaç iki ana kümeye ayrılmıştır ve Küme-2' de kendi arasında 3 alt küme oluşturmuştur. Benzerlik matrisine göre kontrol olarak kullanılan 5 arpa çeşidinin 24 yerel genotip ile yakınlık ilişkisi %58.7-%89.5 arasında değişim göstermiştir.

Sonuç olarak, üstün özelliklere sahip genotiplerin belirlenebilme olasılığı dikkate alındığında; genetik olarak birbirine en uzak çeşitlerin veya genotiplerin kullanılması ve ıslah çalışmalarında heterosisin belirlenmesi için bu genotiplerin gen havuzunda koruma altına alınması önem arz etmektedir. Çalışmada yer alan G76 ve G85 yerel arpa genotipleri genetik olarak kontrol çeşitlere en uzak genotipler olduğu ve bu yerel arpa genotiplerinin genetik tabanı genişletmeye katkı sağlamak amacıyla klasik ve modern ıslah programlarında ebeveyn olarak kullanılabilmesi öngörülmektedir.

2023, 78 sayfa

Anahtar Kelimeler: Fizyoloji, ISSR, Moleküler, Yerel Arpa

ABSTRACT

MS THESIS CHARACTERIZATION OF LANDRACES BARLEY AND DETERMINATION OF GENETIC DIVERSITY BY ISSR MARKERS

Gülistan BALKAYA

**Muş Alparslan University
Natural and Applied Science
Department of Plant Production and Technologies**

Assoc. Prof./ Mehmet KARAMAN

Barley landraces genotypes are one of our important gene resources that contribute to breeding programs to increase variation. The study was carried out with 29 barley materials consisting of 24 landraces barley and 5 control cultivars under semi-controlled greenhouse conditions. Barley genotypes characterized molecularly were also investigated in terms of some agricultural characteristics. Significant genetic variation was determined among barley genotypes characterized at the molecular level by ISSR markers. Landraces barley genotypes; in terms of stem waxiness, spike waxiness, thickness of the cross-section from the middle of the stem, flag leaf anthocyanin density, plant height and chlorophyll content showed high variation.

6 ISSR markers were used for molecular characterization of barley genotypes and polymorphic information content (PIC) values were determined as 0.85-0.94. While allele lengths of loci vary between 280-1500 bp, the smallest allele size is; UBC-842 largest allele size; observed in primers UBC-825 and UBC-826. It was observed that the number of alleles of ISSR primers used in the study varied between 7-15 and the average number of alleles was 12.6 for each locus. The phylogenetic tree formed as a result of the analysis was divided into two main clusters and in Cluster-2 it formed 3 sub-clusters among itself. According to the similarity matrix, the affinity of 5 barley cultivars used as control with 24 landraces genotypes between 58.7% and 89.5%.

As a result, considering the possibility of identifying genotypes with superior characteristics, it is important to use the genetically most distant varieties or genotypes and to protect these genotypes in the gene pool in order to determine heterosis in breeding studies. It is predicted that the G76 and G85 landraces barley in the study are the most distant genotypes from the control varieties and these landraces barley can be used as parents in classical and modern breeding programs in order to contribute to broadening the genetic base.

2023, 78 page

Keywords: Physiology, Molecular, ISSR, Landraces Barley

TEŞEKKÜR

Tez çalışmamın her aşamasında beni yönlendiren, yardımlarını esirgemeyen, çalışma konumun belirlenmesinde bana göstermiş olduğu desteklerden dolayı değerli danışman hocam Doç. Dr. Mehmet KARAMAN'a şükranlarımı sunmaktan büyük mutluluk duyarım. Çalışmalarımın her aşamasında istifade ettiğim, bilimsel tecrübelerinden ve yardımlarından dolayı Doç. Dr. Fırat KURT'a sonsuz saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmamı projeye (BAP-22-UBF-4902-01) destekleyen Muş Alparslan Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri (BAP) Birimi' ne teşekkür ederim.

Moleküler çalışmalarım sırasında yardımlarını esirgemeyen, bilgi ve becerisini benimle paylaşan Dr. Öğr. Üye Adnan AYDIN (İğdır Üniversitesi) hocama sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Laboratuvar çalışmalarım sırasında yardımını esirgemeyen Dr. Zeki KOÇAK' a (İğdır Üniversitesi) teşekkür ederim.

Tez çalışmalarım sırasında sera olanaklarından yararlanmamı sağlayan Diyarbakır Ziraai Mücadele Müdürlüğüne, sera çalışmalarım sırasında yardımlarını benden esirgemeyen Ziraat Yüksek Mühendisi Behzat BARAN' a ve Ziraat Yüksek Mühendisi Mehmet BARIŞ' a teşekkür ederim.

Şuan çalışmakta olduğum Başhan Tarımsal Ürünler' e yüksek lisans eğitimim boyunca göstermiş oldukları desteklerinden ötürü teşekkür ederim.

Hayatım boyunca benden maddi-manevi desteğini esirgemeyen ve bana hep güvenen canım annem ve kardeşime sonsuz minnet ve şükranlarımı sunarım.

Gülistan BALKAYA
MUŞ-2023

İÇİNDEKİLER

ÖZET	iv
ABSTRACT	v
TEŞEKKÜR	vi
İÇİNDEKİLER	vii
SİMGELER ve KISALTMALAR	ix
Simgeler:	ix
Kısaltmalar:.....	x
ŞEKİLLER DİZİNİ	xii
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ARAŞTIRMASI	4
2.1. Morfolojik, Fizyolojik ve Fenolojik Çalışmalar	4
2.2. Moleküler Çalışmalar	6
3. MATERYAL ve YÖNTEM	12
3.1. Materyal	12
3.1.1 Sera alanına ait bilgiler	12
3.2. Yöntem.....	13
3.2.1. Materyallerin ekimi, bakımı ve hasadı	13
3.2.2. İncelenen özellikler	14
3.2.2.1. Başak Mumsuluğu	14
3.2.2.2. Sap Mumsuluğu	14
3.2.2.3. Sapın Ortadan Enine Kesitinin Kalınlık Durumu (mm)	14
3.2.2.4. Bayrak Yaprak Kulakçıklarında Antosiyanin Yoğunluğu	14
3.2.2.5. Fizyolojik Olum Süresi (gün)	15
3.2.2.6. Bayrak Yaprak Yeşil Kalma Süresi (gün)	15
3.2.2.7. Klorofil İçeriği (SPAD)	15
3.2.2.8. Bitki Boyu (cm)	15
3.2.2.9. Başaklanma Süresi	15
3.2.3. Moleküler Analizler	15
3.2.3.1. DNA İzolasyonu	15
3.2.4. DNA Kalite ve Miktarının Belirlenmesi	17
3.2.4.1. Nanodrop Yöntemi	17
3.2.4.2. Agaroz Jel Elektroforez Yöntemi	17
3.2.5. Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR)	17
3.2.5.1. PZR Çalışmaları	17
3.2.5.2. PZR Profili	18
3.2.6. Kullanılan Markırlar	19

3.2.7. Moleküler Veri Analizleri.....	19
3.2.7.1. Jellerin Analiz Edilmesi ve Skorlamalar	19
3.2.7.2. Polimorfizm Bilgi İçeriğinin Belirlenmesi	19
3.2.7.3. Verilerin Kümeleme Analizleri	20
3.2.7.4. Temel Konumlandırma Analizi (PCoA).....	20
3.2.8. İstatistiksel Değerlendirmeler	20
4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI ve TARTIŞMA	21
4.1. Morfolojik Gözlemler	21
4.1.1. Başak Mumsuluğu (1-9 skalası)	21
4.1.2. Sap Mumsuluğu (1-9 skalası)	22
4.1.3. Sapın Ortadan Enine Kesitinin Kalınlık Durumu (mm).....	24
4.1.4. Bayrak Yaprak Kulakçıklarında Antosiyanin Yoğunluğu (1-9 skalası).....	25
4.1.5. Bitki Boyu (cm)	26
4.2. Fizyolojik Gözlemler	28
4.2.1. Bayrak Yaprak Yeşil Kalma Süresi (gün)	28
4.2.3. Klorofil İçeriği (SPAD)	29
4.2.3.1. Karınlanma Dönemi Klorofil İçeriği (SPAD)	29
4.2.3.2. Başaklanma Dönemi Klorofil İçeriği (SPAD).....	31
4.2.3.3. Süt Olum Başlangıcı (ZGS 71) Klorofil İçeriği (SPAD).....	32
4.3. Fenolojik Gözlemler	33
4.3.1. Fizyolojik Olum Süresi (gün)	33
4.3.2. Başaklanma Süresi (gün)	35
4.4. Moleküler Bulgular.....	38
4.5. DNA İzolasyonu	38
4.6. DNA Kalitesinin ve Miktarının Belirlenmesi.....	38
4.6.1. Nanodrop ile DNA analizi	38
4.6.2. Agaroz jel elektroforez analizleri	40
4.7. PZR Profili	41
4.8. Çalışmada Kullanılan ISSR Primerleri ile İlgili Bilgiler	41
4.9. Jel Analizleri, Skorlamalar ve PIC Değerleri	41
4.10. Kümeleme Analizleri.....	44
4.11. Jaccard Benzerlik Matrisinin Yorumlanması	46
4.12. Temel Konumlandırma Analizi (PCoA).....	47
5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER.....	49
5.1 Sonuçlar	49
5.2 Öneriler	51
KAYNAKLAR	52
EKLER	60
ÖZGEÇMİŞ	63

SİMGELER ve KISALTMALAR

Simgeler:

%	:Yüzde
Bp	:Baz çifti “Base pair”
CaCO₃	: Kalsiyum Karbonat
dH₂O	: Distile su
Dntp	: Deoksiribonükleotit
HCl	: Hidroklorik asit
K₂O	: Potasyum Oksit
KCl	: Potasyum klorür
Kg	:Kilogram
LiCl	: Lityum klorür
MgCl₂	: Magnezyum klorür
mL	: Mililitre
mM	:Milimolarite
NaAc	: Sodyum asetat
NaCl	: Sodyum klorür
Ng	: Nanogram
nM	: Nanomol
nm	: Nanometre
P₂O₅	: Fosfor pentoksit
pH	: Potentia Hydrogenia
ppm	: Parts per million
rpm	: Rotations per minute (Dakikadaki devir sayısı)
µl	: Mikrolitre

Kısaltmalar:

BB	:Bitki Boyu
BDKİ	:Başaklanma Dönemi Klorofil İçeriği
BM	:Başak Mumsuluğu
BS	:Başaklanma Süresi
BYKAY	:Bayrak Yaprak Kulakçıklarında Antosiyanin Yoğunluğu
BYYKS	:Bayrak Yaprak Yeşil Kalma Süresi
CMD	:“Cotton Marker Database”
CTAB	: “Cetyl trimethyl ammonium bromide”
DNA	: Deoksiribonükleik Asit
EDTA	: “Ethylene di-amin Tetra Acetic Acid”
EST	: “Expressed Sequence Tag”
FO	:Fizyolojik Olum
FAOSTAT	:Food and Agriculture Organization Corporate Statistical Database
ISSR	:Internal Simple Sequence Repeats
KDKİ	: Karınlanma Dönemi Klorofil İçeriği
LA	:Linoleik asit
LB	: “Lysis Buffer” Lezyon Çözültüsü
M	: Molarite
MCMC	: “Markov Chain Monte Carlo”
MVSP	: “Multi Variate Statistical Package”
PCoA	: “Principal Coordinates Analysis” Temel Konumlandırma Analizi
PIC	: “Polymorphic Information Content”
PZR	: Polimeraz Zincir Reaksiyonu
QTL	: “Quantitative Trait Locus”
RFLP	:Randomly Fragment Length Polymorphism
SDKİ	: Süt Olum Dönemi Klorofil İçeriği
SSRs	: “Simple Sequence Repeats”
STS	: Sequence Tagged Site
SOEK	: Sapın Ortadan Enine Kesiti
TBE	: TRIS-Borik asit-EDTA
TE	:TRIS-EDTA
TRIS	: “Tris (hydroxymethyl) aminomethane”
TÜİK	:Türkiye İstatistik Kurumu

UV : “Ultraviolet light”



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. Saksılara arpa genotiplerinin ekimine ilişkin görsel	13
Şekil 3.2. Arpa bitkisine ait ilk çıkışlar (8. gün bitki çıkışı).....	14
Şekil 3.3. Termal Döngü Cihazı (Thermal Cycler)	19
Şekil 3.4. Genotip-özellik ilişkisine ait biplot grafiği	37
Şekil 3.5. Oluşan gruplara ilişkin GGE biplot grafiği	42
Şekil 4.6. DNA izolasyon işlemlerinde doku parçalaması ve DNA çökertme işlemleri	38
Şekil 4.7. gDNA örneklerinin agaroz jel elektroforez sisteminde jele yüklenmesi	40
Şekil 4.8. İzolasyonu gerçekleştirilmiş gDNA'nın agaroz jel elektroforez yöntemiyle görüntülenmesi.....	40
Şekil 4.9. UBC-808 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen amplikonlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü	42
Şekil 4.10. UBC-810 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen amplikonlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü	43
Şekil 4.11. UBC-820 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen amplikonlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü	43
Şekil 4.12. UBC-825 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen amplikonlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü	43
Şekil 4.13. UBC-826 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen amplikonlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü	44
Şekil 4.14. UBC-842 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen amplikonlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü	44
Şekil 4.15. Çalışmada kullanılan arpa genotiplerinin Bayes istatistiği vasıtasıyla oluşturulan konsensus ağacı, polar formatta sunulmuştur. Ağaçta boğumlar Ardıl Olasılık değerlerini temsil etmekte olup, ağacın altındaki bar ise baz değişim skalasını göstermektedir.	45
Şekil 4.16. Jaccard benzerlik indeks değerleriyle oluşturulmuş PCoA grafiği	48

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan arpa genotipleri ve temin edildiği yerler	12
Çizelge 3.2. PZR çalışmalarında kullanılan kimyasal ve miktarları	18
Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan Polimeraz Zincir Reaksiyon (PZR) profili	18
Çizelge 3.4. Çalışmada Kullanılan Markırlar ve Sekans Dizileri.....	19
Çizelge 4.1. Başak mumsuluğuna ilişkin varyans analiz sonuçları	21
Çizelge 4.2. Başak mumsuluğuna ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	21
Çizelge 4.3. Sap mumsuluğu ölçümlerine ait varyans analiz sonuçları	22
Çizelge 4.4. Arpa genotiplerinin ortalama sap mumsuluğu değerleri ve oluşan gruplar	22
Çizelge 4.5. Sapın ortadan enine kesitinin varyans analiz sonuçları.....	24
Çizelge 4.6. Arpa genotiplerinin sapın ortadan enine kesitinin kalınlık durumuna ait ortalama değerler ve oluşan gruplar (mm).....	24
Çizelge 4.7. Bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğuna ait varyans analiz sonuçları.....	25
Çizelge 4.8. Bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğuna ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	25
Çizelge 4.9. Bitki boyuna ait varyans analiz sonuçları.....	26
Çizelge 4.10. Bitki boyuna ait ortalama değerler ve oluşan gruplar	27
Çizelge 4.11. Bayrak yaprak yeşil kalma süresine ilişkin varyans analiz sonuçları	28
Çizelge 4.12. Bayrak yaprak yeşil kalma süresine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	28
Çizelge 4.13. Karınlanma dönemi klorofil içeriğine ait varyans analiz sonuçları	29
Çizelge 4.14. Karınlanma dönemi SPAD verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar	29
Çizelge 4.15. Başaklanma dönemi klorofil içeriğine ait varyans analiz sonuçları.....	31
Çizelge 4.16. Başaklanma dönemi SPAD ölçümlerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	31
Çizelge 4.17. Süt olum dönemi klorofil içeriğine ait varyans analiz sonuçları.....	32
Çizelge 4.18. Süt olum dönemine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	32
Çizelge 4.19. Fizyolojik olum süresine ait varyans analiz sonuçları.....	33
Çizelge 4.20. Fizyolojik olum süresine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar	34
Çizelge 4.21. Başaklanma süresine ait varyans analiz sonuçları.....	35
Çizelge 4.22. Başaklanma süresine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar.....	35
Çizelge 4.23. Nanodrop sonuçlarına göre kalite ve miktarların belirlenmesi	39
Çizelge 4.24. Lokusların bilgi içeriği	41



1. GİRİŞ

İnsanların günlük kalori ihtiyacının %75'ini ve üzerini karşılayan tahıl grubu, dünya genelinde ve Türkiye'de tarım arazilerinin yarısından fazlasında yetiştirilmektedir (Akçura ve ark., 2008). Tahılların bu büyük ölçekte yetiştirilmesinin başlıca nedenleri; yüksek adaptasyon yetenekleri sayesinde kültür bitkileri arasında öne çıkmaları, temel gıda maddesi olarak insan beslenmesinde kullanılmaları, insanlık tarafından ilk defa kültüre alınan bitkiler olmaları, kolay yetiştirilebilir ve taşınabilir olmaları, depolama ve bekletme için uygun olmaları, aynı zamanda hayvan beslenmesinde de kullanılmaları gibi faktörlerden kaynaklanmaktadır (Geçit ve ark., 2009).

Arpa (*Hordeum vulgare* L.), serin iklim tahılları içerisinde yer alan, dünyada ana ve en eski tahıl ürünlerinden biridir. Ayrıca, ülkemiz arpanın önemli gen merkezleri arasında yer almaktadır (Nesbitt ve Samuel, 1996). Arpa, genellikle 2 veya 6 sıralı botanik varyetelere sahip olmakla birlikte elverişsiz iklim ve toprak koşullarına dayanıklıdır ve dünyanın birçok bölgesinde yaygın olarak yetiştirilen tahıl türüdür (Mathre, 1982). Dünya genelinde arpa üretimi, mısır, pirinç ve buğdaydan sonra dördüncü sırada yer almaktadır (FAO, 2021). Önemli arpa üreticisi ülkeler arasında AB, Rusya ve Avustralya bulunmaktadır (FAO, 2021). Dünya çapında arpa ekim alanı yaklaşık 51.15 milyon hektar, üretim miktarı ise 159 milyon tondur ve ortalama verim 310.8 kg/da'dır (Anonim, 2020). Türkiye'de ise son 10 yılda arpa ekim alanı 2.4-3.0 milyon hektar arasında değişmekte ve üretim miktarı 6.3-8.5 milyon ton arasında değişiklik göstermektedir (Anonim, 2020).

Arpa, Türkiye'de genellikle yağışa bağlı koşullarda kuru tarım alanlarında yetiştirilen önemli bir tahıl ürünüdür. Hayvan beslemede, un ve malt sanayinde kullanılan değerli bir hammadde olması hem de tuza dayanıklı olması nedeniyle özellikle sulak tarım alanlarının çoraklaşmasının önlenmesinde kullanılan önemli bir kültür bitkisidir (Kılınç ve ark., 1992). Ülkemizde son yıllarda arpa ekim alanlarında daralma görülmektedir, bu durum hayvan yemi olarak üretilen arpanın %90'ının ülkemizde üretildiği göz önüne alındığında endişe vericidir (Ergün ve ark., 2012; Anonim, 2016). Tarım alanlarının azalması, artan nüfusa karşın arpa verimliliğini artırma ihtiyacını kaçınılmaz hale getirmektedir.

Birim alan başına arpa verimini artırmayı önceleyen klasik ıslah çalışmaları, aşırı masraflı, yoğun emek gerektiren ve zaman alan süreçlerdir. Bu nedenle ıslah programları doğru bir şekilde planlanmalı ve hedeflerin doğru seçilmesi gerekmektedir. Islah programlarına dâhil edilecek bitkilerin genetik yapıları ve bu yapıdaki olumlu

karakterlerin bilinmesi, bu karakterleri döllere aktarabilme yeteneğinin önceden tahmin edilmesi önemli bir faktördür.

Islah çalışmalarının temel amacı, bitkilerin genetik yapılarında oluşturulan farklılıklar ve ortaya çıkan varyasyonlar üzerinden, mevcut çeşitlere kıyasla daha yüksek verim, kalite, hastalık ve zararlılara dayanıklılık ve adaptasyon yeteneği gibi özelliklere sahip bitkiler elde etmektir (Rasmusson, 1991; Akar, 2004). Ancak geliştirilen modern arpa çeşitlerinin genetik tabanları giderek daralmaktadır. Bu nedenle, genetik çeşitliliğe katkıda bulunmak amacıyla, doğal veya yapay yollarla seçilmiş farklı çevre koşullarına uyum sağlayabilen, biyotik ve abiyotik stres faktörlerine (besin elementi eksikliği, kuraklık, soğuk, hastalıklar vb.) toleranslı yerel çeşitler kullanılabilir. Bu yaklaşım, genetik çeşitlilik açısından zenginlik sağlayarak ıslah programlarının daha etkili olmasını sağlayabilir. Böylece, farklı çevre koşullarına uyum sağlayabilen ve stres faktörlerine dayanıklı yeni arpa çeşitlerinin geliştirilmesi mümkün olabilir.

Yerel çeşitlerin bitki ıslahında kullanımını kolaylaştırmak için, genetik tanımlamalarının yapılması önemlidir. Bu hedefe yönelik olarak, çeşit geliştirme çalışmalarında klasik ıslah yöntemlerinin yanı sıra moleküler tekniklerin kullanılması büyük önem taşır. Moleküler teknikler, ıslah sürecini hızlandırabilir, başarı şansını artırabilir ve süreci kısaltabilir. Genetik yapının tanımlanmasında, protein markörleri, morfolojik markörler ve DNA markörleri gibi moleküler markörler kullanılır (Yorgancılar ve ark., 2015). Bu moleküler markörler, bitkilerin genetik yapılarını ve özelliklerini daha hassas bir şekilde analiz etmemizi sağlar. Bu sayede, hedeflenen özelliklere sahip bitkilerin daha hızlı bir şekilde seçilmesi ve ıslah programlarının verimliliğinin artırılması mümkün olur.

Moleküler markörler, genetik materyaller arasındaki farklılıkları DNA düzeyinde doğrudan tespit etmek için kullanılan temel araçlardır. Bu markörler, genellikle morfolojik verilerin tek başına sağlayamayacağı sağlam bir genetik benzerlik tahmini sunarlar (Bahieldin ve ark., 2012). İlk olarak, genetik çeşitliliğin tanımlanmasında RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) yöntemi kullanılmıştır (Tanskley ve ark., 1989; Backmann ve Sollers, 1983). Ancak bu yöntem, çok sayıda örneğin hızlı bir şekilde analiz edilememesi ve çok sayıda laboratuvar işlemine ihtiyaç duyulması nedeniyle tercih edilmemiştir. Daha sonra PCR (Polymerase Chain Reaction) temelli yöntemler, moleküler genetik çalışmalarında umut verici bir teknik olarak ortaya çıkmıştır (Williams ve ark., 1990; Welsh ve ark., 1990). PCR

tabanlı yöntemler, hızlı, hassas ve yüksek kapasiteli analizler yapabilme özellikleriyle arařtırmacılara büyük kolaylık saęlamıřtır.

Çeřitli bitki türlerinde genetik çeřitlilięi belirlemek için kullanılan moleküler DNA yöntemleri arasında RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphisms), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphisms), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), SSR (Simple Sequence Repeat) ve ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) yöntemleri karşılařtırılmıř ve farklı özelliklere sahip oldukları belirlenmiřtir.

Polimorfizm aısından SSR ve AFLP yöntemleri en uygun olanlardır, çünkü genetik çeřitlilik konusunda daha fazla bilgi saęlayabilirler. Maliyet aısından ise RAPD ve ISSR yöntemleri avantajlıdır, çünkü daha ekonomiktirler. Tekrarlanabilirlik bakımından ise RFLP, SSR, ISSR ve AFLP yöntemleri avantajlıdır. Bu özelliklerin yanı sıra, laboratuvar imkanları da dikkate alındığında, radyoaktif madde kullanımı gerektirmeyen ve sınırlı kořullarda rahatlıkla kullanılabilen RAPD ve ISSR yöntemleri tercih edilebilir (Powell ve ark., 1996; Russell ve ark., 1997; Pejic ve ark., 1998).

Zietkiewicz ve ark. (1994) tarafından geliřtirilen ISSR teknięi, hazır üretilmiř dinükleotid, tetranükleotid ve pentanükleotid tekrarlarına dayanan markörlerin kullanıldıęı bir moleküler yöntemdir. Bu yöntem, yüksek genotip ayırım gücüne sahip olmasıyla ve düşük maliyetiyle bilinir. ISSR teknięi; buęday, arpa, çeltik, mısır, pamuk, patates, bezelye gibi birok kültür bitkisinde tür ii ve türler arası genetik çeřitlilięi belirlemek için kullanılmıřtır ve günümüzde de hala yoęun olarak bu alıřma alanlarında kullanılmaya devam etmektedir (Sanchez ve ark., 1996; Nagaoka ve Ogihara, 1997; Pejic ve ark., 1998; Blair ve ark., 1999; Prevost ve Wilkinson, 1999; Metais ve ark., 2000; Qian ve ark., 2001; Liu ve Wendel, 2001; Fernandez ve ark., 2002; Tanyola, 2003).

Bu arařtırmanın amacı, yerel arpa çeřitleri ile modern arpa çeřitlerinin morfolojik, fenolojik ve fizyolojik özelliklerini deęerlendirmek ve aynı zamanda ISSR markörler vasıtasıyla genetik çeřitliliklerini belirlemektir. Ayrıca, klasik ve modern ıřlah programlarına katkı saęlamaktır.

2. KAYNAK ARAŞTIRMASI

2.1. Morfolojik, Fizyolojik ve Fenolojik Çalışmalar

Ceccarelli (1984), yerel çeşitler ile yabancı arpaların agro morfolojik özelliklerini araştırdığı çalışmada yabancı arpa genotiplerinin daha uzun boylu olduğunu ve genel olarak daha geç başaklandığını bildirmiştir.

Yadav (2003), Hindistan'da adaptasyon kabiliyeti yüksek arpa hatlarını belirlemek üzere yaptığı üç yıllık çalışma sonucunda, bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğuna sahip 284 numaralı genotipin sarı pas ve yaprak bitlerine karşı dayanıklı olduğunu bildirmiştir.

Tereshchenko ve ark. (2009), antosiyanin varlığının stres koşullarında bitkinin dayanımı üzerine etkisini belirlemek için buğday, tritikale ve çavdar bitkilerinin koleoptillerinde oluşmuş antosiyanin içeriğinin tuzluluk dayanımındaki etkisini dikkate alarak antosiyaninin bitkinin dayanıklılığını arttırdığını bildirmiştir.

Akgün (2011), Türkiye'nin farklı bölgelerinden toplanmış olan 238 adet yerel arpa çeşitleri ile 2007-2010 yetiştirme sezonlarında Konya koşullarında yaptığı çalışmada; yatık bitki büyüme şeklinin, yatık başak duruşunun, çok uzun bitki boyunun, kısa başak uzunluğunun, başakta yüksek tane sayısının olduğunu, materyalin büyük bir kısmında herhangi bir seviyede yatma olmadığını, genotiplerin çoğunun beyaz renkli kavuza sahip olduğunu, bayrak yaprak kını mumsuluğunun orta seviyede olduğunu bildirmiştir.

Monostori ve ark., (2016), buğdayda genotip ve çevrenin SPAD değeri üzerine etkilerini ve başaklanma döneminde alınan SPAD değerinin tane verimi ile olan ilişkisini belirlemek için arazi koşullarında 3 yıl süreyle yaptıkları çalışmada, tane verimi ve SPAD değeri arasında pozitif yönlü güçlü bir korelasyon olduğunu ve bu korelasyonun çeşitler arasında da farklılaştığını bildirmişlerdir. Çeşitler arasındaki fenotipik varyasyonun %12,50 ve %59,04 arasında değiştiği gözlemlenmiştir. Elde edilen SPAD verilerinin de yetiştirme sezonları arasında farklılık gösterdiği rapor edilmiştir. Çalışma sonucunda, başaklanma döneminde alınan SPAD verilerinin verimi tahminlemede önemli bir araç olduğunu vurgulamışlardır.

Ergün ve ark. (2017), tarafından yapılan araştırmada, Ankara-Gölbaşı bölgesinde yerel arpa popülasyonlarının verim ve tarımsal özelliklerindeki değişim performansları ve üstün özelliklerinin tespiti amaçlanmıştır. Araştırmada, 2012-2013 ekim döneminde yerel arpa çeşitlerinin farklı özellikler üzerindeki değişimi incelenmiştir. Araştırma

sonuçlarına göre, m² başına başak sayısı, tane verimi ve bin tane ağırlığı gibi özelliklerde en yüksek değişim gözlenmiştir. Başaklanma süresi 172-194 gün, olgunlaşma süresi 216-240 gün, bitki boyu 82-134 cm, m² başına başak sayısı 204-796 adet, tane verimi 150.0-742.6 kg/da⁻¹ ve bin tane ağırlığı 31.5-53.2 g arasında değişim göstermiştir. Bu sonuçlar, yerel arpa popülasyonlarının genetik çeşitliliğini ve tarımsal performanslarını göstermektedir. Bu üstün özelliklere sahip olan yerel arpa çeşitlerinin ıslah programlarında kullanılma potansiyeli bulunmaktadır.

Son (2018), Eskişehir ekolojik koşullarında 2014-2015 yılları arasında 12 adet tescilli iki sıralı arpa çeşidi ile fizyolojik ve morfolojik özellikler üzerine yaptığı çalışmada, incelenen özellikler bakımından çeşitler arasında geniş ve önemli ölçüde varyasyon bulunduğunu bildirmiştir.

Beydoğan (2019), Kahramanmaraş ekolojisinin farklı on bölgesinden elde edilen yabani arpa genotipleri ile 5 adet tescilli çeşidi bazı özellikler yönünden incelediği çalışmada; başaklanma zamanının tescilli çeşitlerde daha erken, başakta tane sayısının ise daha fazla olduğu, başak uzunluğu, bitki boyu ve kılçık uzunluğu bakımından kontrol çeşitlerin yabani genotiplere göre düşük değerlerde olduğu, kardeşlenme sayılarında ise önemli bir farkın olmadığını bildirmiştir.

Özdemir (2019), Konya ili koşullarında 2017-2018 yetiştirme yılında 11 adet kavuzsuz arpa hattını kışlık ekim ile değerlendirdiği çalışmada; bitki büyüme şekli için en fazla orta seviyede, bayrak yaprak kınının mumsuluğu özelliğinde en fazla orta, kavuzlardan 8'inin sarı-kahverengi, 3'ünün mavi renkte olduğu, yatma için en fazla yarı yatık genotipin bulunduğu, 10 genotipin kılçık renginin beyaz, 1 tanesinin siyah olduğu, başaklanma gün sayısının 127.68-139.00 gün, bitki boyunun 80.33-99.93 cm, olduğunu bildirmiştir.

Karaman (2022), Muş ili koşullarında 2019-2020 ve 2020-2021 yetiştirme sezonunda 4 adet altı sıralı ve 8 adet iki sıralı olmak üzere 12 adet arpa çeşidi ile yaptığı fizyoloji çalışmasında; geç süt olum dönemi normalize edilmiş vejetasyon indeksi (NDVI) dışındaki tüm fizyolojik özelliklerde çeşitler arasında %1 veya %5 düzeyinde önemli farklılıklar olduğunu vurgulamıştır. Bayrak yaprak klorofil içeriğini belirlemek için SPAD cihazı ile yapılan Infrared Spektral okumaların ıslah programlarına katkı sağlayacağını SPAD ve NDVI cihazlarının tahılların farklı gelişim dönemlerinde kullanılması gerektiğini bildirmiştir.

2.2. Moleküler Çalışmalar

Bernard ve ark. (1997) tarafından yapılan bir arařtırmada, Türkiye, İnan ve İsrail'den temin edilen 20 yabancı arpa (*Hordeum spontaneum*) popülasyonunun genetik çeşitlilięi RAPD moleküler işaretleyicileri kullanılarak incelenmiştir. Arařtırmada, 33 farklı RAPD primeri kullanılmış ve bunlardan 22 primerin iyi bant verdięi (1-11 polimorfik bant) belirlenmiştir. Yapılan analiz sonucunda, 4 genotip dıřındaki popülasyonların DNA parmak izlerinin farklı olduęu tespit edilmiştir. Toplam genetik varyasyonun %75'inin popülasyon içinde, geri kalan %25'inin ise popülasyonlar arasında olduęu belirlenmiştir. Bu sonuçlar, yabancı arpa popülasyonları arasında önemli bir genetik çeşitlilik olduęunu ve bu çeşitlilięin RAPD işaretleyicileri kullanılarak tespit edilebileceęini göstermektedir.

Schut ve ark., (1997) tarafından geręekleřtirilen bir çalışmada, 31 arpa genotipi üzerinde AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) DNA moleküler markörlerini kullanarak genotipler arasındaki genetik benzerlięi arařtırmışlardır. Arařtırmada elde edilen AFLP analizi sonuçlarını üç farklı yöntem kullanarak genetik akrabalıęı hesaplamış ve bu sonuçları pedigrisi (soy geęmiři) ve morfolojik karakterlerle karřılařtırmışlardır. Çalışmanın bulgularına göre, morfolojik ve pedigrisi özelliklerine dayalı olarak hesaplanan genetik benzerlik deęerleri ile AFLP verilerine dayalı olarak hesaplanan genetik benzerlik deęerleri arasında korelasyon olduęu tespit edilmiştir. Bu durum, AFLP analizinin, morfolojik ve pedigrisi bilgilerine dayalı olarak elde edilen genetik benzerlik deęerleriyle uyumlu sonuçlar verdięini ve AFLP markörlerinin arpa genotipleri arasındaki genetik benzerlięin deęerlendirilmesinde kullanışlı bir araç olduęunu ortaya koymaktadır.

Cao ve ark. (1998) tarafından geręekleřtirilen bir çalışmada, RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) moleküler markörler kullanılarak 69 *Triticum spelta* ve 32 *Triticum macha* primitif buęday türünde genetik çeşitlilięi hesaplamak için bir arařtırma yapılmıştır. Çalışmada, 10 adet RAPD primeri kullanılmış ve elde edilen veriler kullanılarak genotipler arasındaki genetik benzerlik Jaccard Genetik Benzerlik Katsayısı formülü ile hesaplanmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, *Triticum spelta* ve *Triticum macha* genotiplerinin coęrafi konumları ile uyumlu bir şekilde genetik benzerlik gösterdięi tespit edilmiştir. *Triticum macha* buęday germplazmasının *Triticum spelta* buędayına göre daha yüksek genetik çeşitlilięe sahip olduęu belirlenmiştir. Ayrıca, bazı genotiplerin duplike olduęu da rapor edilmiştir. Bu çalışmanın sonuçları,

RAPD yönteminin buğday germplazm koleksiyonlarının genetik çeşitliliğini hesaplamak ve duplike örnekleri tanımlamak için kullanılabilir bir araç olduğunu göstermektedir.

Strelchenko ve ark. (1999) tarafından yapılan bir çalışmada, RAPD moleküler markörleri kullanılarak Vavilov gen bankasından elde edilen 33 farklı morfolojik özellik gösteren yerel arpa çeşidinde genetik varyasyon araştırması yapılmıştır. Araştırmada, 33 yerel arpa çeşidinin RAPD markörleri kullanılarak analiz edilmiş ve toplamda 93 polimorfik bant tespit edilmiştir. Yapılan kümeleme analizi sonucunda, üç farklı grup oluştuğu belirlenmiştir. Bu çalışma, yerel arpa çeşitleri arasındaki genetik varyasyonun belirlenmesinde RAPD markörlerinin etkili bir araç olduğunu ve arpa bitkisinin genetik çeşitliliği hakkında önemli bilgiler sağladığını göstermektedir.

Terzi ve ark., (2001) tarafından yapılan bir çalışmada, farklı genomlara sahip olan 15 farklı *Hordeum* türü ve alt türü üzerinde PZR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) temelli DNA moleküler markörleri kullanılarak tür içindeki filogenetik ilişkilerin belirlenmesi amaçlanmıştır. Araştırmada, RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) ve DNA markörleri kullanılarak genetik uzaklık ve filogenetik ağaçların oluşturulmasında analizler yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, *H. vulgare* ssp. *Vulgare* ve *H. vulgare* ssp. *Spontaneum* türleri birincil gen havuzunu temsil ederken, *H. bulbosum* ise ikincil gen havuzunu temsil etmektedir. Amerikan yabancı arpaları ve *H. bogdani* ise üçüncül gen havuzunu temsil etmektedir. Bu gen havuzları arasında belirgin ayrımın olduğu ve birbirlerinden kolaylıkla ayrıldıkları belirlenmiştir. Bu çalışma, farklı *Hordeum* türleri ve alt türleri arasındaki filogenetik ilişkilerin PZR temelli DNA moleküler markörleri kullanılarak belirlenebileceğini ve genetik uzaklık analizleriyle türlerin genetik çeşitliliklerinin anlaşılabilirliğini göstermektedir.

Fernandez ve ark. (2002) tarafından gerçekleştirilen bir çalışmada, RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) ve ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) DNA markörlerini kullanarak farklı ülkelerden temin edilen 16 arpa çeşidinin filogenetik akrabalık ilişkileri incelenmiştir. Araştırmada, 10 RAPD ve 10 ISSR markörü kullanılarak toplamda 353 bant elde edilmiştir. Bu bantlar aracılığıyla çeşitler arasındaki genetik çeşitlilik ve filogenetik ilişkiler belirlenmeye çalışılmıştır. Araştırmacılar, RAPD markörlerinden biri olan S10 ve ISSR markörlerinden dördü (811, 820, 835, 881) sayesinde tüm çeşitlerin ayrıştırılabildiğini tespit etmişlerdir. Dendogram analizlerinde ise RAPD ve ISSR markörlerinin birlikte kullanılmasıyla elde edilen sonuçlarda, arpa çeşitlerinin yazlık/kışlık, altı sıralı ve iki sıralı olarak ayrıldığı

görülmüştür. Bu ayrışma, moleküler markörlerin genetik farklılıkları yansıttığını ve arpa çeşitlerinin morfolojik özelliklerine dayalı olarak yapılan sınıflandırmanın genetik temele dayandığını göstermektedir. Araştırmacılar RAPD ve ISSR markörlerinin parmak izi çıkarmada hızlı, güvenilir ve bilgilendirici DNA markörleri olduğunu belirtmişlerdir. Bu markörler, genetik çeşitlilik çalışmalarında ve filogenetik ilişkilerin anlaşılmasında değerli araçlar olarak kullanılabilirlerdir.

Tanyolaç (2003), tarafından gerçekleştirilen bir çalışmada, Türkiye'nin batısından toplanan 15 yabancı arpa popülasyonu arasındaki genetik uzaklığı belirlemek için ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) ve RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) markörleri kullanılmıştır. Çalışmada, toplamda 65 primer kullanılmıştır, bunlardan 55'i RAPD ve 10'u ISSR markörlerine aittir. Bu primerlerin kullanılmasıyla 55 polimorfik bant elde edilmiştir. Elde edilen verilere göre, popülasyonlar arasında iki farklı küme saptanmıştır. Araştırmacılar, genetik uzaklık hesaplamaları sonucunda en düşük genetik varyasyonun Pınarbaşı ve Bornova popülasyonları arasında ($GU=0.192$), en yüksek genetik varyasyonun ise İçmeler ve Aydın popülasyonları arasında ($GU=0.926$) olduğunu tespit etmişlerdir. Bu sonuçlar, yabancı arpa popülasyonları arasında farklılık ve çeşitlilik olduğunu göstermektedir. Araştırmacılar ayrıca RAPD ve ISSR markörlerinin genetik varyasyonun tespitinde etkili ve umut verici DNA moleküler markörleri olduğunu belirtmişlerdir. Bu markörler, yabancı arpa popülasyonları arasındaki genetik farklılıkları belirlemek ve genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılmak üzere değerli araçlar olarak görülmektedir.

Agnese ve ark. (2004), tarafından, Nortik ve Baltik ülkelerinde geçmiş yüzyılda yapılan geleneksel ıslah çalışmalarının arpanın genetik çeşitliliği ve akrabalık seviyesi üzerindeki etkilerini değerlendirmek amacıyla bir çalışma yapılmıştır. Çalışmada, 227 arpa hattı analiz edilmiştir. Bu analizde dört farklı ISSR primeri kullanılarak 47 polimorfik bant elde edilmiştir. Her bir lokusun Shannon-Weaver değerinin 0.012 ile 0.693 arasında değiştiği belirlenmiştir. Çalışmanın sonuçlarına göre, Nortik ve Baltik ülkelerinin güney taraflarından gelen arpa materyalinde genetik çeşitlilikte önemli bir azalma gözlemlenmiştir. Ancak, Kuzey bölgelerinden gelen arpa materyalinde genetik çeşitlilikte bir azalma tespit edilmemiştir. Ayrıca, 20. yüzyılın ortalarında ıslah edilen altı sıralı arpalarda genetik çeşitliliğin düşük olduğu belirlenmiştir. Kümeleme analizi sonuçlarına göre, arpa materyalleri iki gruba ayrılmıştır. Birinci grupta bulunan altı sıralı hatların tamamının %86.5'ini oluşturduğu görülmüştür. İkinci grupta ise iki sıralı arpaların tamamının %97'sini oluşturduğu saptanmıştır. Bu çalışma, Nortik ve Baltik

ülkelerinde yapılan ıslah çalışmalarının arpa genetik çeşitliliği üzerindeki etkilerini ortaya koymaktadır. Özellikle, altı sıralı arpalarda genetik çeşitlilikte bir azalma ve iki sıralı arpaların baskın hale gelmesi gözlemlenmiştir. Bu bulgular, ıslah programlarının genetik çeşitlilik üzerindeki etkilerini anlamamıza ve gelecekteki ıslah çalışmalarının genetik çeşitliliği koruma amacıyla yapılmasına katkı sağlamaktadır.

Hamza ve ark. (2004) tarafından gerçekleştirilen bir çalışmada, Tunus'ta yetiştirilen 26 arpa genotipinde genetik çeşitlilik araştırılmıştır. Araştırmada 17 farklı ISSR primeri kullanılmıştır. Kullanılan 17 ISSR primerinden 15'inin polimorfik olduğu ve ortalama olarak her bir primer için 3.6 polimorfik bant elde edildiği belirlenmiştir. Polimorfizm indeksi ise 0.45 olarak saptanmıştır. Morfolojik ve ISSR sonuçlarına dayalı olarak yapılan kümeleme analizi sonuçlarına göre, arpa çeşit ve hatları kolaylıkla yerel çeşitler, tescilli çeşitler veya kullanım alanlarına göre yemlik veya maltlık olarak ayrılabilir. Kullanılan genetik çeşitlilik analiz yöntemleri birbirleriyle ilişkili bulunmuş ve ayrı ayrı oluşturulan kümeleme grupları, SSR ve morfolojik verilere göre nispeten uyumlu sonuçlar vermiştir. Bu çalışma, Tunus'taki arpa çeşitlerinde geniş bir genetik varyasyonun olduğunu ortaya koymaktadır. ISSR markörlerinin kullanımıyla genetik çeşitlilik belirlenmesi ve arpa çeşitlerinin farklı özelliklere göre sınıflandırılması mümkün olmuştur. Bu bilgiler, arpa ıslah programlarında genetik çeşitliliği koruma ve farklı özelliklere sahip çeşitlerin seçimi açısından değerli olabilir.

Vanhalı ve ark. (2004), İsrail'de 21 yabancı arpa popülasyonundan seçtikleri 72 yabancı arpa genotipinde genotipik ve fenotipik çeşitliliği belirlemek amacıyla yapmış oldukları UPGMA analizleri neticesinde, genetik çeşitliliğin popülasyonlar içerisinde oldukça fazla olduğunu, fenotipik çeşitliliğin ise popülasyon içerisinde oldukça düşük olduğunu bildirmişlerdir.

Hou ve ark. (2005) tarafından gerçekleştirilen bir çalışmada, Batı Çin kökenli *Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*, *H. vulgare* ssp. *spontaneum* ve *H. vulgare* ssp. *agriocrithon* olmak üzere toplamda 46 arpa popülasyonunun genetik çeşitliliği RAPD ve ISSR moleküler markör teknikleri kullanılarak incelenmiştir. Çalışmanın sonuçlarına göre, her iki DNA markörü de yüksek düzeyde polimorfizm göstermiştir. Ortalama polimorfizm değeri RAPD için 0.574, ISSR için ise 0.631 olarak bulunmuştur. RAPD analizinde toplam 109 bandın 84'ü (%77.06) polimorfik olarak belirlenmiştir. Her bir primer için allel sayısı 2 ile 8 arasında değişmiştir. RAPD temelli genetik benzerlik katsayısı ortalama olarak 0.864 olup, 0.753 ile 0.980 arasında değişmektedir. ISSR analizinde ise 107 allelin neredeyse tamamı (105 allel) polimorfik olarak tespit

edilmiştir. Her bir primer için allel sayısı 2 ile 10 arasında değişmektedir ve ortalama allel sayısı 5.94 olarak belirlenmiştir. ISSR temelli genetik benzerlik katsayısı ise ortalama olarak 0.674 olup, 0.212 ile 0.931 arasında değiştiği bildirilmiştir. Bu çalışma, RAPD ve ISSR DNA markörlerinin arpada genetik çeşitlilik çalışmalarında kullanılabileceğini göstermektedir. Her iki markörün de yüksek polimorfizm gösterdiği ve genetik benzerlik değerlerini belirlemede etkili olduğu görülmüştür. Bu markörler, arpa populasyonları arasındaki genetik çeşitliliği incelemek ve farklı genotipleri ayırt etmek için kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Altındal ve Akgün (2017) tarafından gerçekleştirilen çalışmada, Türkiye'de yaygın olarak üretilen dört tritikale çeşidi ve dört tritikale hattı arasındaki genetik uzaklığın belirlenmesi amacıyla 16 adet ISSR primeri kullanılmıştır. Çalışmanın sonuçlarına göre, genotiplerdeki ortalama polimorfizm oranı %42.27 olarak belirlenmiştir. 41'i polimorfik bant olmak üzere toplamda 97 bant elde edilmiştir. Bu polimorfik bantlar, tritikale çeşitleri ve hatları arasındaki genetik farklılıkları göstermektedir. Çalışmada elde edilen sonuçlar, ISSR markörlerinin genetik benzerlik ve farklılıkların tespitinde güvenilir ve faydalı bir teknik olduğunu göstermektedir. ISSR markörlerinin kullanımıyla, tritikale çeşitleri ve hatları arasındaki genetik ilişkilerin anlaşılması ve çeşitler arasındaki farklılıkların belirlenmesi mümkün olmuştur.

Demirel (2018), tarafından gerçekleştirilen tez çalışmasında, Kastamonu'dan temin edilen diploid (*Triticum monococcum*) ve tetraploid (*Triticum dicoccum*) yerel buğday çeşitleri morfolojik ve 54 adet ISSR primeri kullanılarak moleküler özellikler açısından incelenmiştir. Çalışmanın sonuçlarına göre, kullanılan 54 ISSR primerinden 14'ü değerlendirilebilir bantlar üretmiştir. Bu 14 ISSR primeri ile ortalama olarak 10.21 polimorfik bant tespit edilmiştir. Ayrıca, ortalama polimorfizm oranı %95.42 olarak belirlenmiştir. Bu bulgular, moleküler düzeyde *Triticum monococcum* ve *Triticum dicoccum* buğday türlerinin genetik çeşitliliğini göstermektedir. ISSR markörlerinin kullanımıyla, buğday türlerinin genetik farklılıklarını belirlemek ve türler arasındaki ilişkileri anlamak için değerli bilgiler elde edilmiştir.

Demirel (2017), tarafından gerçekleştirilen çalışmada, 14 adet siyez buğdayı (*Triticum monococcum* L.)'nda genetik ilişkileri belirlemek amacıyla 7 adet ISSR markörü kullanılmıştır. Çalışmanın sonuçlarına göre, kullanılan ISSR markörleriyle 68 polimorfik bant elde edilmiştir. Polimorfizm oranı ortalama olarak %97.5 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, polimorfizm bilgi içeriği 0.30-0.37 arasında değişmiş ve ortalama

değer ise 0.34 olarak saptanmıştır. Araştırmacı, ISSR markörlerinin kullanımıyla siyez buğdayları arasındaki genetik çeşitliliğin belirlenmesi ve filogenetik ilişkilerin karakterize edilmesinin mümkün olduğunu belirtmiştir. ISSR markörleri, siyez buğdayı gibi bitki türlerinde genetik analizler için faydalı ve etkili bir araç olarak kullanılabilir.

Çevik (2020), tarafından gerçekleştirilen tez çalışmasında, kuraklığa toleranslı genotiplerin sınıflandırılması için 6 adet SSR ve 9 adet ISSR olmak üzere toplamda 15 moleküler markör kullanılmıştır. Çalışma kapsamında, 27 adet ekmeklik buğday genotipi, 9 adet ISSR markörü kullanılarak genetik karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. Bu analiz sonucunda %53.4 polimorfizm oranı tespit edilmiş ve ortalama PIC (Polimorfizm Bilgi İçeriği) değeri 0.60 olarak hesaplanmıştır. Ayrıca, 6 adet SSR markörüyle yapılan moleküler taramalar sonucunda ortalama PIC değeri 0.77 olarak hesaplanmış ve heterozigotluk oranı 0.79, ortalama allel sayısı ise 6.7 olarak belirlenmiştir. Çalışmanın sonucunda, kuraklığa toleranslı ve hassas genotiplerin sınıflandırılması başarıyla gerçekleştirilmiş ve öne çıkan genotipler belirlenmiştir. Bu genotiplerin daha sonra yapılacak olan ıslah çalışmaları için potansiyel bir kullanım alanına sahip olabileceği belirtilmiştir.

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

Çalışmada; verimli hilal bölgesinden toplanan 24 adet yerel ve 5 adet tescilli arpa genotipi kullanılmıştır. Genotiplerin temin edildikleri/toplanıldığı yerler ve isimleri Tablo 3.1 'de belirtilmiştir.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan arpa genotipleri ve temin edildiği yerler

S.N	Çeşit/Genotip	Kontrol/Yerel	Temin Edilen Yer / Toplanılan Yer
1	Larende	Kontrol	Bahri Dağdaş Uluslararası Tarımsal Araştırma Enstitüsü
2	Hevsel	Kontrol	GAP Uluslararası Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi
3	Barış	Kontrol	GAP Uluslararası Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi
4	Burakbey	Kontrol	Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü
5	Şahin-91	Kontrol	GAP Uluslararası Tarımsal Araştırma ve Eğitim Merkezi
6	Genotip-44	Yerel	Diyarbakır-Çüngüş
7	Genotip-82	Yerel	Adıyaman- Kâhta- Gümüş Köyü
8	Genotip-83	Yerel	Adıyaman- Kâhta- Gümüş Köyü
9	Genotip-43	Yerel	Diyarbakır-Çermik
10	Genotip-45	Yerel	Diyarbakır-Çüngüş
11	Genotip-92	Yerel	Adıyaman-Gerger
12	Genotip-72	Yerel	Mardin-Savur
13	Genotip-47	Yerel	Diyarbakır-Çüngüş
14	Genotip-40	Yerel	Diyarbakır-Çermik
15	Genotip-89	Yerel	Adıyaman-Gerger
16	Genotip-50	Yerel	Adıyaman-Kahta
17	Genotip-85	Yerel	Adıyaman-Gerger
18	Genotip-73	Yerel	Mardin-Savur
19	Genotip-198	Yerel	Diyarbakır- Çermik- Bademli Köyü
20	Genotip-169	Yerel	Diyarbakır- Çermik- Bademli Köyü
21	Genotip-90	Yerel	Diyarbakır- Silvan Merkez
22	Genotip-76	Yerel	Mardin-Savur
23	Genotip-74	Yerel	Mardin-Savur
24	Genotip-41	Yerel	Diyarbakır-Çermik
25	Genotip-42	Yerel	Diyarbakır-Çermik
26	Genotip-75	Yerel	Mardin-Savur
27	Genotip-79	Yerel	Mardin-Savur
28	Genotip-63	Yerel	Mardin-Midyat
29	Genotip-88	Yerel	Adıyaman-Gerger

3.1.1 Sera alanına ait bilgiler

Çalışmanın morfolojik, fizyolojik ve fenolojik gözlem ve incelemeleri; Diyarbakır Ziraî Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nün bilgisayarla kontrol edilen deneme serasında yürütülmüştür.

3.2. Yöntem

Araştırmada, Güneydoğu Anadolu Bölgesinden toplanmış olan yerel arpa genotipleri içerisinde seçilen, morfolojik ve fenotipik olarak birbirinden farklı 24 adet yerel arpa genotipi ile beraber kontrol olarak kullanılan 5 adet modern arpa çeşidi deneme materyalini oluşturmuştur. Toplamda 29 adet arpa genotipinden oluşan deneme materyali, Diyarbakır Zirai Mücadele Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nün yarı kontrollü sera koşullarında tesadüf parselleri deneme desenine göre 3 tekrarlamalı olarak saksı denemesi şeklinde yetiştirilmiştir. Her saksıda en az 5 bitki olacak şekilde ekim yapılarak, saksıya ekilen bitkiler 3-5 kardeş dönemine geldikten sonra genç yapraklar alınmış DNA eldesi yapılarak sonrasında DNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. DNA kalite ve miktarının belirlenmesinde Nanodrop ve Agaroz Jel Elektroforetik yöntemler kullanılmış ve sonrasında moleküler veri analizleri gerçekleştirilmiştir. Son olarak morfolojik, fizyolojik ve fenolojik özellikler yönünden yerel genotipler, kontrol olarak kullanılan 5 adet modern arpa çeşidi ile karşılaştırılmıştır.

3.2.1. Metaryallerin ekimi, bakımı ve hasadı

Çalışmada kullanılan genotipler serada saksılara ekilmiştir. Ekim işlemi 3 Ekim 2022 tarihinde gerçekleştirilmiştir. Saksılar 1 kg ağırlığında olup, içerisinde 1 kg toprak torf karışımı bulunan saksılara her bir saksıya 5 adet tohum gelecek şekilde ekim yapılmıştır.



Şekil 3.1. Saksılara arpa genotiplerinin ekimine ilişkin görsel

Ekimle beraber saf madde üzerinden dekara 6 kg fosfor (P_2O_5) ve 12 kg azot (N) hesabı ile saksılarda gübreleme yapılmıştır. Fosforun tamamı ve azotun yarısı ekim ile beraber, azotun kalan yarısı ise sapa kalkma dönemi öncesinde uygulanmıştır. Bitkilerin

gelişmesi sırasında görülen yaprak biti zararlısına karşı kimyasal mücadele yapılmıştır. Bitkilerin tam olum dönemleri dikkate alınarak hasat yapılmıştır.



Şekil 3.2. Arpa bitkisine ait ilk çıkışlar (8. gün bitki çıkışı)

3.2.2. İncelenen özellikler

Denemede incelenen özellikler için her saksıdan tesadüfi olarak 5 bitki alınmış ve sonrasında ilgili ölçümler ve değerlendirmeler yapılmıştır.

3.2.2.1. Başak Mumsuluğu

Zadoks 60-69 arasındaki dönemde 1-9 skalasına göre başak mumsuluğu belirlenmiştir (1-Yok veya çok zayıf, 3- Zayıf, 5-Orta, 7-Kuvvetli, 9-Çok kuvvetli).

3.2.2.2. Sap Mumsuluğu

Zadoks 60-69'da 1-9 skalasına göre sap mumsuluğu belirlenmiştir (1-Yok veya çok zayıf, 3- Zayıf, 5-Orta, 7-Kuvvetli, 9-Çok kuvvetli).

3.2.2.3. Sapın Ortadan Enine Kesitinin Kalınlık Durumu (mm)

Zadoks 80-92 arasındaki dönemde her saksı için 5 adet bitki seçilerek, birinci boğum ile ikinci boğumun orta noktasından bitki sapı kesilerek enine kesitin kalınlık durumu dijital kumpas cihazı kullanılarak belirlenmiştir.

3.2.2.4. Bayrak Yaprak Kulakçıklarında Antosiyanin Yoğunluğu

Gebecik dönemi sonu ile Zadoks 49-51 arası dönemde 1-9 skalasına göre değerlendirilmiştir (1-Yok veya çok zayıf, 3-Zayıf, 5- Orta, 7-Kuvvetli, 9-Çok kuvvetli).

3.2.2.5. Fizyolojik Olum Süresi (gün)

Ekim tarihi itibariyle her parseli temsil eden bitkilerin >%95'i sarardığı güne kadar geçen toplam süre gün olarak kaydedilerek belirlenmiştir.

3.2.2.6. Bayrak Yaprak Yeşil Kalma Süresi (gün)

Bayrak yaprağın çıkışı itibariyle yüzde % 95 oranında sarardığı döneme kadar geçen toplam süre gün olarak hesaplanmıştır.

3.2.2.7. Klorofil İçeriği (SPAD)

SPAD 502 Chlorophyll-Meter (Minolta, Osaka, Japan) cihazı kullanılarak, karınlanma, başaklanma ve süt olum dönemi olmak üzere üç farklı dönemde ölçümler yapılmıştır.

Ölçüm işlemi için her saksıdaki 5 bitkinin bayrak yaprağının orta noktasından okuma yapılmış ve sonuçların ortalaması alınmıştır (Adamsen ve ark. 1999).

3.2.2.8. Bitki Boyu (cm)

Her parselde, saksıdaki toprak yüzeyi ile başağın en üst başakçığının ucu (kılçıklar hariç) arasındaki mesafenin ölçülmesiyle bitki boyu belirlenmiştir.

3.2.2.9. Başaklanma Süresi

Ekim tarihini dikkate alarak, her parseldeki bitkilerin yarısından fazlasının başaklandığı döneme kadar geçen süre başaklanma süresi olarak belirlenmiştir.

3.2.3. Moleküler Analizler

Çalışmaya ait yaprak örnekleri bitkiler 3-4'üncü gerçek yapraklarını çıkardıktan sonra her genotipten bulk olacak şekilde en genç yapraklar toplanarak DNA izolasyonunun gerçekleştirileceği zamana kadar -80 °C'de korunmaya alınmıştır.

3.2.3.1. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu Karaca ve ark. (2005) ve Aydın ve ark. (2018)'na göre modifiye edilerek ve arpa yaprakları kullanılarak izolasyon gerçekleştirilmiştir. DNA izolasyon protokolü;

- 1- Havan eli yardımı ile ezilmiş arpa dokuları 2 ml'lik ependorf tüpe alınmış 0.2 gr (yaklaşık 200 uL) ezilmiş doku üzerine 1000 uL Ekstraksiyon Buffer (EB) çözeltisi eklenerek 3-5 dk. vortekslendikten sonra 10000 gx'te 10 dk. spinlenmiştir.

- 2- Spinden sonra üst faz dikkatlice dökülerek kalan pellet üzerine 350 uL Laysis Buffer (LB) çözeltisi eklenerek iyice vortexlendikten sonra bunun üzerine 350 uL (8.0 M) LiCl eklenip tekrar vortexlenerek iyice karıştırılması sağlanmıştır.
- 3- İyice vortexlendikten sonra 40 uL %20 SLS çözeltisi eklenip 65 °C' deki su banyosunda 40 dk. bekletilmiştir.
- 4- Su banyosundan alınan örnekleri buz üzerinde soğutulduktan sonra üzerine daha önce hazırlanmış CIS (Cloroform:İzomil alkol-24:1) 1:1 (yaklaşık 740 uL) oranında katılarak hafifçe karıştırıp 10000 gx'te 10 dk. spinlenmiştir.
- 5- Alınan süpernatant kadar üzerine tekrar CIS ekleyip 5000 gx'te 5 dk. spinlenmiştir. Spinden sonra üst faz dikkatlice alınarak, alınan hacim kadar üzerine izopropanol ve final hacmin 1/20'si kadar 5M NaCl eklenip -20 °C' de 18-20 saat bekletilmiştir.
- 6- -20 °C' den alınan örnekler 5000 gx'te 5 dk. spinlendikten sonra üst faz dikkatlice dökülüp pellet 390 uL TE (pH:7.5) çözülüp üzerine 10 uL RNase eklenip 37 °C'de 30 dk. bekletilmiştir.
- 7- Daha sonra örnekler 37 °C'den alınıp üzerine 40 uL 3M lık NaAc (pH:5.2) eklenip bunun üzerine 3 kat % 100 ethanol ekleyerek 5000 gx' te 5 dk. spinlenmiştir.
- 8- Spinden sonra üst faz dikkatlice döküldükten sonra pellet 200 uL TE (pH:8.0, 65 °C) eklenerek pellet iyice çözüldükten sonra bunun üzerine 40 uL 2M'lık KAc (pH:5.5) eklenerek bunun üzerine 660 uL % 100 ethanol ekleyip 10000 gx'te 5 dk. spinlenmiştir.
- 9- Spinden sonra ethanol iyice uzaklaştırılıp pellet 100 uL TE (pH:8.0) çözümlenerek +4 veya -20 °C'de sonraki çalışmalar için saklanmıştır.

EB: {0.35 M sorbitol, 100 mM Tris-HCl (pH: 7.5), 5 mM EDTA (pH:7.5), %2 Tween, %1 Triton-X, %1 BME}

LB: {200 mM Tris-HCl (pH:8.0), 50 mM EDTA (pH:8.0), 2M NaCl, %2 PPVP, %2 CTAB, %2 Triton-X, %2 BME}

3.2.4. DNA Kalite ve Miktarının Belirlenmesi

3.2.4.1. Nanodrop Yöntemi

DNA'nın kalite ve miktarını belirlemek için Nanodrop spektrofotometresi kullanılmıştır. Bu cihaz, DNA'nın saflık derecesini 260/280 nm'deki absorbe değerleriyle, DNA-RNA saflık derecesini ise 260/230 nm'deki absorbe değerleriyle belirlemektedir. Nanodrop spektrofotometresi kullanılarak DNA konsantrasyonu, protein ve polisakkarit varlığı, RNA kalıntısı ve kimyasal kalıntı gibi faktörlerin varlığı yada yokluğu tespit edilmiştir (Aydın, 2018).

3.2.4.2. Agaroz Jel Elektroforez Yöntemi

Agaroz jel elektroforez yöntemi, izolasyonu tamamlanmış olan DNA'nın kalitesini belirlemek için kullanılan diğer bir yöntemdir. Agaroz jeli hazırlanırken, 10 mg/mL stoktan 0,5 µg/mL konsantrasyonda etidyum bromid ilave edilmiştir. DNA örnekleri, 500 ng miktarda hazırlanmış ve 6x DNA yükleme çözeltisiyle 1/6 hacminde karıştırılmıştır. Hazırlanan örnekler jel kuyucuklarına yüklenmiş ve polimorfizimler yakalanana kadar 5V/cm elektrik akımı kullanılarak 1X TBE çözeltisinde jel üzerinde hareket ettirilmiştir.

Elektroforez işlemi tamamlandıktan sonra, DNA-etidyum bromit kompleksi UV aracılığıyla görüntülenmiş ve jel görüntüsü, UVpro programı kullanılarak bilgisayar ortamında kaydedilmiştir. Bu kaydedilen görüntüler, skorlama ve fotoğraflama aşamalarında kullanılmak üzere depolanmıştır (Aydın, 2018).

3.2.5. Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR)

3.2.5.1. PZR Çalışmaları

Polimeraz zincir reaksiyonu işlemleri sırasında kullanılacak enzim ve kimyasallar moleküler biyoloji çalışmalarına uygun olup Thermo Fisher, Bioshop, Sigma Aldrich, Merck, Intron firmalarından temin edilmiştir. PZR işlemlerinde SimpliAmp marka Termal Döngü Cihazı (Thermal Cyclers) kullanılmıştır.

PZR analizinde toplam hacmi 25 µL'ye ayarlayarak içerisine; 85 nanogram toplam gDNA, 0,5 µM kullanılan primer çifti, 12 mM Tris-HCl (pH: 9.1), 60 mM KCl, % 0.012 Triton X-100, 0.28 mM her bir dNTP, 2-3 mM MgCl₂ ve 1 ünite Taq DNA polimeraz (Thermo Fisher) içeren solüsyonda gerçekleştirilmiştir. PZR çalışmalarında aşağıda Çizelge 3.2' de kullanılan kimyasal ve miktarları verilmiştir.

Çizelge 3.2. PZR çalışmalarında kullanılan kimyasal ve miktarları

Kullanılan Kimyasallar		Stok	Miktar	Final
Genomik DNA			8.5 µl	85 ng
Steril-H ₂ O			5.1 µl	
Primer		100 µM	0.5 µl	2.0 µM
Steril-H ₂ O			6.0 µl	
10X Reaksiyon Çözeltisi	TRIS-HCl (pH 9.1)	100 mM	2.5 µl	12 mM
	KCl	500 mM		60 mM
	Triton X-100	%0.1		%0.012
MgCl ₂		50 mM	1.5 µl	3 mM
dNTP		10 mM	0.7 µl	0.28 mM
Taq DNA Polimeraz		5 ünite/ µl	0.2 µl	1 ünite
Toplam Hacim			25 µl	

3.2.5.2. PZR Profili

ISSR lokuslarının çoğaltımında kullanılmış olan PZR profili Çizelge 3.3'te verilmiş olup "Touch-Down" PZR yöntemi kullanılmıştır (Aydın, 2018).

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan Polimeraz Zincir Reaksiyon (PZR) profili

PZR Profili	Zaman	Döngü Sayısı	Aşama	
Hot Start	94°C	4 dakika	1 döngü	Ön-denatürasyon
Ön PZR	94°C	30 saniye	10 döngü	Denatürasyon
	56°C→51°C	45 saniye		Renatürasyon
	72°C	2 dakika		Sentez
PZR	94°C	30 saniye	30 döngü	Denatürasyon
	51°C	45 saniye		Renatürasyon
	72°C	2 dakika		Sentez
Final	72°C	10 dakika	1 döngü	Final Sentez
	4°C	1 saat		

Polimeraz zincir reaksiyon (PZR) profili için sıcaklık 56 °C olacak şekilde renatürasyon sıcaklığı uygulanarak her primer seti için renatürasyon sıcaklıkları optimize edilmiştir. ISSR lokuslarının çoğaltımı için PZR profilinde spesifik olmayan amplifikasyonların oluşumunu önlemek amacı ile indirgemeli PZR ("touch-down PCR") profili kullanılmıştır. Oluşturulmuş bu yöntemle başlangıçtaki 10 döngüde asıl reaksiyonun devam ettiği renatürasyon sıcaklığından en az 5°C yüksek sıcaklıkla primer çiftinin çoğaltılan DNA sarmallarına bağlanması sağlandıktan sonra her döngü için renatürasyon sıcaklığı 0.5°C düşürülmüştür. İndirgemeli PZR profilleri uygulamaları ile PZR işlemlerinde spesifik olmayan bölgelerin amplifikasyonları önlenmeye çalışılmıştır (Aydın, 2018).



Şekil 3.3. Termal Döngü Cihazı (Thermal Cycler)

3.2.6. Kullanılan Markırlar

Çalışmada kullanılacak ISSR primerlerinin sekans dizileri Çizelge 3.4’ de verilmiştir.

Çizelge 3.4. Çalışmada Kullanılan Markırlar ve Sekans Dizileri

No	Primer	Sekans dizisi (5'→3')
1	UBC-826	ACACACACACACACACC
2	UBC-810	GAGAGAGAGAGAGAGAT
3	UBC-808	AGAGAGAGAGAGAGAGC
4	UBC- 820	GTGTGTGTGTGTGTGTC
5	UBC-842	GAGAGAGAGAGAGAGAYG
6	UBC- 825	ACACACACACACACACT

3.2.7. Moleküler Veri Analizleri

3.2.7.1. Jellerin Analiz Edilmesi ve Skorlamalar

PZR sonucunda, örneklerde belirtilen primerler tarafından oluşan ampliconların varlık durumuna göre skorlamalar yapılmıştır. Varlık durumunda bir (1) olarak skorlanırken, yokluk durumunda (0) olarak skorlanmıştır. Bu skorlamalar Jel Elektroforez Yöntemi kullanılarak elde edilmiştir.

3.2.7.2. Polimorfizm Bilgi İçeriğinin Belirlenmesi

Her bir markır genotipler arasında oluşturmuş olduğu paterne göre Polimorfik Bilgi İçeriği (“Polymorphic Information Content” (PIC)) Smith vd. (1997)’ye göre aşağıdaki formül ile hesaplanmıştır.

$$PIC = 1 - \sum f_i^2$$

f_i = i markırının frekansı.

3.2.7.3. Verilerin Kümeleme Analizleri

Elde edilen varlık (1), yokluk (0) skorları, Jaccard'ın genetik benzerlik indeksleri ve kümeleme çalışmaların hesaplamasında kullanılmıştır. Kümeleme analizleri MrBayes programı ile Bayes istatistiği kullanılarak genotiplerin düzlemsel ilişkileri ortaya konmuştur.

3.2.7.4. Temel Konumlandırma Analizi (PCoA)

MVSP yazılım programı kullanılarak temel koordinat analizi ("Principal coordinate analyses" (PCoA)) ile çalışmada kullanılan arpa genotipleri arasındaki konumsal ilişkileri ortaya konulmuştur. PCoA analizinin sonuçlandırılmasında Jaccard benzerlik indeksi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Jaccard benzerlik indeksinin formülü aşağıda gösterilmiştir.

$$Jc_{ij} = \frac{a}{(a + b + c)}$$

i, j, farklı örnekler, örneğin iki arpa çeşidi

a= i ve j örneğindeki varlık skorlarının sayısı (1)

b= i örneğindeki varlık skorlarının sayısı (1) j örneğindeki yokluk skorlarının sayısı (0)

c= i örneğindeki yokluk skorlarının sayısı (0) j örneğindeki varlık skorlarının sayısı (1).

3.2.8. İstatistiksel Değerlendirmeler

Çalışmada kullanılan arpa genotipleri için incelenen her özelliğe elde edilen sonuçların değerlendirilmesi için, genotiplerin ortalamaları arasında fark olup olmadığını ortaya koyan bağımsız örneklem için varyans analizi yapılmıştır. Bu analiz için J.M.P 5.0.1 paket programı kullanılmıştır. İncelenen özellikler arasındaki ilişkiyi, özellik bazında öne çıkan genotipleri ve aynı grupta yer alan özellik ve/veya genotipleri görselleştirmek amacıyla GenStat programı kullanılmıştır. Kümeleme analizleri için Bayes istatistiği MrBayes v.3.1.2 programı kullanılmıştır. Ayrıca, temel konumlandırma analizi (PCoA) için MVSP v.3.13 programı kullanılarak sonuçlar elde edilmiştir.

4. ARAŞTIRMA SONUÇLARI ve TARTIŞMA

4.1. Morfolojik Gözlemler

Bu çalışmada tescilli modern ve yerel arpa çeşitleri morfolojik gözlem materyalini oluşturmuştur. Çalışmada morfolojik özellik olarak; başak mumsuluğu, sap mumsuluğu, sapın ortadan enine kesitinin kalınlık durumu (mm), bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğuna ait verilerin varyans analizleri yapılmıştır.

4.1.1. Başak Mumsuluğu (1-9 skalası)

Başak mumsuluğu bakımından genotipler arasında $p < 0.01$ düzeyinde önemli farklılık olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.1.).

Çizelge 4.1. Başak mumsuluğuna ilişkin varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	24.03	0.858187	11.2151**
Hata	58	4.44	0.076521	
Genel Toplam	86	28.46		
C.V (%)	13.62			

** %1 seviyesinde önemli.

Çizelge 4.2. Başak mumsuluğuna ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama
Larende	1.90 e-g
Hevsel	2.07 d-f
Barış	2.07 d-f
Burakbey	1.90 e-g
Şahin-91	1.90 e-g
G84	1.00 ı
G82	2.20 c-e
G83	2.24 c-e
G43	2.07 d-f
G45	1.73 fg
G92	1.24 hı
G72	2.37 b-d
G47	2.63 a-c
G40	2.37 b-d
G89	2.37 b-d
G50	1.00 ı
G85	2.37 b-d
G73	2.76 ab
G198	2.88 a
G169	2.07 d-f

G90	2.37	b-d
G76	1.90	e-g
G74	2.37	b-c
G41	1.24	hı
G42	2.65	a-b
G75	2.07	d-f
G79	1.00	ı
G63	1.49	gh
G88	2.63	a-c
Minimum değer	1.00	
Maksimum değer	2.88	
Genel Ortalama	2.03	
LSD Değeri	0.45	

Çalışmada, arpa genotiplerinin başak mumsuluğuna ilişkin ortalama değeri 2.03 olup en düşük değer 1.00 ile G44, G50, G79 genotiplerinde, en yüksek değer ise 2.88 ile G198 genotipinde belirlenmiştir (Çizelge 4.2). Ayrıca, G198 (2.88) genotipinin mumsuluk değerinin deneme ortalamasının (2.03) üzerinde olduğu tespit edilmiştir.

Mumsuluk, bitkinin radyasyona maruz kalmasını önleyerek buharlaşma oranını düşürerek kuraklığın zararlarını azaltır. Ancak, aşırı miktarda mumsuluk bulunması durumunda, radyasyon aktivitesini düşürerek verim kayıplarına neden olabileceği ifade edilmiştir. Bu nedenle, bitkide mumsuluğun dengeli bir şekilde bulunmasının önemli olduğu vurgulanmıştır (Reynolds ve ark., 2000).

4.1.2. Sap Mumsuluğu (1-9 skalası)

Arpa genotipleri arasında sap mumsuluğu bakımından $p \leq 0.01$ düzeyinde önemli farklıklar bulunmuştur (Çizelge 4.3).

Çizelge 4.3. Sap mumsuluğu ölçümlerine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	17.148	0.612	6.034**
Hata	58	5.886	0.101	
Genel Toplam	86	23.034		
C.V(%)	14.431			

** %1 seviyesinde önemli.

Çizelge 4.4. Arpa genotiplerinin ortalama sap mumsuluğu değerleri ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama
Larende	2.63 a-d
Hevsel	2.63 a-d
Barış	2.51 a-e

Burakbey	2.07	ef
Şahin91	1.90	f
G44	2.07	ef
G82	1.90	f
G83	2.37	b-f
G43	1.90	f
G45	2.07	ef
G92	2.07	ef
G72	2.20	d-f
G47	2.88	ab
G40	2.24	d-f
G89	2.63	a-d
G50	2.63	a-d
G85	2.34	c-f
G73	2.37	b-f
G198	3.00	a
G169	2.20	d-f
G90	2.24	d-f
G76	1.90	f
G74	2.76	a-c
G41	1.24	g
G42	2.51	a-e
G75	1.90	f
G79	1.24	g
G63	1.24	g
G88	2.37	b-f
Minimum Değer	1.24	
Maksimum Değer	3.00	
Genel Ortalama	2.21	
LSD Değeri	0.52	

Araştırmada, genotipler sap mumsuluğu bakımından değerlendirildiğinde; G198 (3.00) ve G47 (2.88) en yüksek sap mumsuluğunu veren genotipler olarak ön sırada yer alırken, G41 (1.24), G79 (1.24) ve G63 (1.24) en düşük sap mumsuluğu değerleri ile son sıralarda yer almıştır (Çizelge 4.4).

Tahıllarda mumsuluğun bitkinin bazı bölgelerinde oluşan bir tabaka olduğu belirtilmiştir. Bu mumsuluk tabakası, çevre şartlarından ve genotipler arasındaki değişikliklerden etkilenebilmektedir. Yani, bitkide mumsuluk oluşumu hem çevresel faktörlerden kaynaklanan değişimlere hem de genetik farklılıklara bağlı olarak değişebilir. Bu durum, tahılların büyüme ve gelişme süreçlerinde mumsuluğun çeşitlilik gösterebileceğini ve farklı tahıl türleri veya çeşitler arasında farklı mumsuluk düzeyleri olabileceğini göstermektedir (Dönmez ve ark., 2008).

4.1.3. Sapın Ortadan Enine Kesitinin Kalınlık Durumu (mm)

Sapın ortadan enine kesitinin kalınlık durumu bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.5).

Çizelge 4.5. Sapın ortadan enine kesitinin varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	44.15	1.57664	124.4718**
Hata	58	0.73	0.01267	
Genel Toplam	86	44.88		
C.V (%)	3.81			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.6. Arpa genotiplerinin sapın ortadan enine kesitinin kalınlık durumuna ait ortalama değerler ve oluşan gruplar (mm)

Genotip	Ortalama
Larende	2.67 ij
Hevsel	3.15 g
Barış	3.49 ef
Burakbey	3.54 ef
Şahin91	2.96 h
G44	2.82 hi
G82	2.46 k
G83	2.17 lm
G43	2.62 jk
G45	3.53 ef
G92	2.96 h
G72	2.03 m
G47	2.05 m
G40	2.25 l
G89	3.59 ef
G50	4.43 a
G85	2.61 jk
G73	2.48 k
G198	3.77 cd
G169	3.65 de
G90	1.49 n
G76	2.11 lm
G74	2.56 jk
G41	4.09 b
G42	3.89 c
G75	3.80 cd
G79	3.41 f
G63	2.71 ij
G88	2.44 k
Minimum Değer	1.49
Maksimum Değer	4.43

Genel Ortalama	2.96
LSD Deęeri	0.18

Çalıřmada, en yüksek sap kalınlıęı deęerine sahip genotip G50 (4.43) olurken, G90 (1.49) genotipinin en düşük deęere sahip olduęu tespit edilmiřtir (Çizelge 4.6). Arpa genotiplerinde sap kalınlıęı ile ilgili pek fazla çalıřma bulunmamakla birlikte Karaman (2017) durum buędayında sap kalınlıęı ile ilgili yaptıęı çalıřmada sap kalınlıęının ortalama deęerini 2.60 olduęunu bildirmiřtir.

4.1.4. Bayrak Yaprak Kulakçıklarında Antosiyanin Yoęunluęu (1-9 skalası)

Bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoęunluęu bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuřtur (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. Bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoęunluęuna ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Deęeri
Genotip	28	30.71	1.10	10.35**
Hata	58	6.15	0.11	
Genel Toplam	86	36.86		
C.V (%)	16.97			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.8. Bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoęunluęuna ait ortalama deęerler ve oluřan gruplar

Genotip	Ortalama
Larende	1.24 c
Hevsel	1.24 c
Barıř	1.24 c
Burakbey	1.24 c
řahin91	1.90 b
G44	1.24 c
G82	1.24 c
G83	2.37 ab
G43	1.90 b
G45	1.24 c
G92	2.76 a
G72	2.37 ab
G47	1.24 c
G40	1.90 b
G89	2.37 ab
G50	1.24 c
G85	1.90 b
G73	1.24 c
G198	2.37 ab
G169	1.90 b

G90	1.24	c
G76	1.90	b
G74	2.37	ab
G41	2.88	a
G42	2.76	a
G75	2.76	a
G79	2.37	ab
G63	2.37	ab
G88	2.76	a
Minimum Değer	1.24	
Maksimum Değer	2.88	
Genel Ortalama	1.92	
LSD Değeri	0.53	

Çalışmada kullanılan genotipler, bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğu bakımından değerlendirildiğinde; G41 genotipi en yüksek değer ile ön sırada yer almıştır. Modern arpa genotiplerinin ortalama bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğu değerlerinin yerel genotiplerden daha düşük olduğu gözlemlenmiştir (Çizelge 4.8.).

Antosiyanin yoğunluğu, bitkilerin çeşitli bölgelerinde meydana gelen renk pigmentleri olduğu, genotipler arası antosiyanin oluşturabilme yeteneğinin farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğu bitkilerin gruplandırmasında kullanılarak çeşit tanıma testlerinde ayırt edici özellik olarak kullanılmaktadır (Demir, 1983). Antosiyanin yoğunluğu bitkinin sap, yaprak, kulakçık gibi bölgelerinde olduğu bu özellik ile stres durumlarında koruyucu rol oynadığı bildirilmiştir (Akgün 2011; Karaman 2017).

4.1.5. Bitki Boyu (cm)

Çalışmada, bitki boyu bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.9).

Çizelge 4.9. Bitki boyuna ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	15239.26	544.26	309.48**
Hata	58	102.00	1.76	
Genel Toplam	86	15341.26		
C.V (%)	1.53			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.10. Bitki boyuna ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama	
Larende	62.00	p
Hevsel	74.33	kl
Barış	82.00	hı
Burakbey	86.00	g
Şahin91	90.00	f
G44	77.33	j
G82	90.00	f
G83	104.67	b
G43	81.67	ı
G45	96.00	d
G92	110.33	a
G72	91.00	f
G47	80.33	ı
G40	84.00	gh
G89	92.00	ef
G50	99.33	c
G85	72.00	mn
G73	65.00	o
G198	104.00	b
G169	94.00	de
G90	73.33	lm
G76	70.00	n
G74	75.67	jk
G41	101.33	c
G42	104.00	b
G75	100.67	c
G79	106.00	b
G63	81.00	ı
G88	72.33	lm
Minimum Değer	62.00	
Maksimum Değer	110.33	
Genel Ortalama	86.91	
LSD Değeri	2.16	

Genotipler içerisinde G92 (110.33 cm) en uzun bitki boyu değerine, Larende (62.00 cm) modern arpa çeşidi ise en düşük bitki boyuna sahip olmuştur. Çalışmada kullanılan yerel arpa genotiplerin ortalama boy uzunluklarının kontrol çeşitlerine göre daha fazla olduğu gözlemlenmiştir (Çizelge 4.10.).

Arpa ıslah çalışmalarında bitki boyu, bitkinin morfolojik özelliklerinden biri olup, verim üzerinde dolaylı bir etkisi bulunmaktadır. Bu nedenle araştırmacılar, çeşitli amaçlar doğrultusunda bitki boyu üzerine yapılan çalışmalar gerçekleştirmişlerdir. Yapılan çalışmalarda, bitki boyunun çevre şartlarına ve arpa çeşidine bağlı olarak

değiştirdiği bildirilmiştir. Farklı ekolojik bölgelerde gerçekleştirilen arpa ıslah çalışmalarında, farklı arpa hat veya çeşitlerinde bitki boyu değerlerinin 46.8 cm ile 128.1 cm arasında değiştiği belirtilmiştir (Akdeniz ve ark., 2004; Kandemir, 2004; Erkul ve Ünay, 2007; Kendal ve ark., 2010). Bu çalışmalar, arpa bitkisinin farklı koşullarda büyüme potansiyelini ve bitki boyunun çeşitlilik aralığını göstermektedir. Bitki boyu, arpa ıslah programlarında verim ve adaptasyon gibi önemli özelliklerin değerlendirilmesinde dikkate alınan bir parametre olarak kullanılmaktadır.

4.2. Fizyolojik Gözlemler

4.2.1. Bayrak Yaprak Yeşil Kalma Süresi (gün)

Bayrak yaprak yeşil kalma süresi bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.11.)

Çizelge 4.11. Bayrak yaprak yeşil kalma süresine ilişkin varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	11090.62	396.09	984.58**
Hata	58	23.33	0.40	
Genel Toplam	86	11113.95		
C.V (%)	0.80			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.12. Bayrak yaprak yeşil kalma süresine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama
Larende	80.00 j
Hevsel	110.33 b
Barış	114.33 a
Burakbey	68.33 o
Şahin91	76.33 l
G44	80.33 ij
G82	84.33 f
G83	76.33 l
G43	78.33 k
G45	83.33 fg
G92	68.33 o
G72	82.33 gh
G47	78.33 k
G40	83.33 fg
G89	86.00 e
G50	69.33 no
G85	68.33 o
G73	76.33 l
G198	94.33 c

G169	81.33	h ₁
G90	69.33	no
G76	70.33	n
G74	87.33	d
G41	78.33	k
G42	75.33	l
G75	79.33	jk
G79	76.33	l
G63	60.00	p
G88	73.33	m
Minimum Değer	60.00	
Maksimum Değer	114.00	
Genel Ortalama	79.64	
LSD Değeri	1.04	

Genotipler ortalama bayrak yaprak yeşil kalma süresi bakımından değerlendirildiğinde (Çizelge 4.12.); Barış (114.00) modern arpa çeşidinin en uzun süre bayrak yaprağı yeşil kalan genotip olduğu, G63 (60.00) genotipinin ise tüm genotipler arasında en kısa süre bayrak yaprağı yeşil kaldığı belirlenmiştir.

Sıcaklık stresinin problem olduğu bölgelerde fizyolojik olumunu erken tamamlayıp strese maruz kalmayan genotipler çok önemlidir. Bu bağlamda bayrak yaprak yeşil kalma süresi mevcut genotipler içerisinde en uzun fakat fizyolojik olum süresi en kısa olan Barış çeşidi dikkate değerdir. Çünkü tane dolum süresinin diğer genotiplere göre daha uzun olduğu anlaşılmaktadır (Çakmak 2010; Karaman 2017).

4.2.3. Klorofil İçeriği (SPAD)

4.2.3.1. Karınlanma Dönemi Klorofil İçeriği (SPAD)

Karınlanma dönemi klorofil içeriği bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13. Karınlanma dönemi klorofil içeriğine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	884.51	31.59	12.16**
Hata	58	150.73	2.60	
Genel Toplam	86	1035.24		
C.V (%)	4.08			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.14. Karınlanma dönemi SPAD verilerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama
---------	----------

Larende	41.63	b-d
Hevsel	42.77	a-c
Barış	40.80	b-e
Burakbey	44.80	a
Şahin91	40.20	c-f
G44	40.43	c-e
G82	36.53	ı-k
G83	31.57	l
G43	35.67	jk
G45	40.67	c-e
G92	38.90	e-ı
G72	34.77	k
G47	39.67	d-h
G40	43.33	ab
G89	41.60	b-e
G50	40.60	c-e
G85	43.33	ab
G73	39.13	d-ı
G198	44.57	a
G169	40.13	c-g
G90	37.63	f-j
G76	36.80	ı-k
G74	37.23	h-k
G41	40.03	d-g
G42	36.90	ı-k
G75	37.03	h-k
G79	37.50	g-j
G63	44.83	a
G88	35.60	jk
Minimum Değer	31.57	
Maksimum Değer	44.83	
Genel Ortalama	39.47	
LSD Değeri	2.63	

Ortalama değerler üzerinden karınlanma dönemi klorofil içeriği incelendiğinde; G63 (44.83) en yüksek klorofil içeriğine sahip iken, G83 (31.57) en düşük değere sahip olmuştur (Çizelge 4.14.).

Bayrak yaprak klorofil içeriği; Yapraktaki fotosentez kapasitesi, kloroplast gelişimi, azot içeriği hakkında bilgi verir. Ayrıca bitki sağlığının bir göstergesi olarak bitkinin genel durumu hakkında bilgi verdiği için yaygın olarak ölçülen bir parametredir. (Ling ve ark., 2011, Kızıılgeçti ve ark., 2018).

4.2.3.2. Başaklanma Dönemi Klorofil İçeriği (SPAD)

Başaklanma dönemi klorofil içeriği bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.15.).

Çizelge 4.15. Başaklanma dönemi klorofil içeriğine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	1106.47	39.52	7.10**
Hata	58	322.70	5.56	
Genel Toplam	86	1429.17		
C.V (%)	5.14			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.16. Başaklanma dönemi SPAD ölçümlerine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama
Larende	50.87 ab
Hevsel	42.00 h1
Barış	41.53 h1
Burakbey	48.23 a-f
Şahin91	51.70 a
G44	49.83 a-d
G82	41.93 h1
G83	44.10 gh
G43	46.00 d-g
G45	47.17 b-g
G92	49.60 a-d
G72	46.93 c-g
G47	46.17 d-g
G40	38.57 ı
G89	50.20 a-c
G50	50.83 ab
G85	39.43 ı
G73	43.57 gh
G198	43.97 gh
G169	48.43 a-f
G90	44.97 e-h
G76	49.63 a-d
G74	43.93 g-h
G41	46.60 c-g
G42	48.60 a-e
G75	48.17 a-f
G79	42.00 h1
G63	44.70 f-h
G88	41.70 h1
Minimum Değer	38.57
Maksimum Değer	51.70

Genel Ortalama	45.91
LSD Değeri	3.85

Ortalama değerler üzerinden başaklanma dönemi klorofil içeriği değerlendirildiğinde; Şahin-91 (51.70) modern arpa çeşidi en yüksek klorofil içeriğine sahipken, en düşük değere sahip genotip ise G40 (38.57) genotipi olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.16.). Çalışmada kullanılan kontrol çeşitlerinin, ortalama karınlanma dönemi klorofil içeriği değerlerinin yerel genotiplerden daha yüksek olduğu gözlemlenmiştir.

Yapraklardaki toplam klorofil miktarını temsil eden klorofil içeriği bitki ıslah programlarında önemli bir hedef haline gelmiştir. Klorofil içeriğini arttırmaya yönelik çalışmalar, bitkilerin verim potansiyelini arttırmak ve daha iyi tarım sonuçları elde etmek için önemli bir adım olarak görülmektedir (Yıldırım ve ark., 2009).

4.2.3.3. Süt Olum Başlangıcı (ZGS 71) Klorofil İçeriği (SPAD)

Süt olum başlangıcı klorofil içeriği bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.17.).

Çizelge 4.17. Süt olum dönemi klorofil içeriğine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	803.35	28.69	4.31**
Hata	58	386.10	6.66	
Genel Toplam	86	1189.45		
C.V (%)	8.14			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.18. Süt olum dönemine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama
Larende	37.13 a
Hevsel	24.13 ı
Barış	28.17 g-1
Burakbey	30.00 e-g
Şahin91	31.53 c-g
G44	28.67 f-h
G82	27.90 g-1
G83	32.80 b-f
G43	32.57 b-f
G45	32.43 b-f
G92	33.87 a-e
G72	35.07 a-c
G47	33.67 a-e

G40	33.40	a-e
G89	30.43	d-g
G50	28.73	f-h
G85	34.30	a-d
G73	33.03	a-e
G198	32.97	a-e
G169	36.13	ab
G90	31.17	c-g
G76	25.77	hı
G74	31.00	c-g
G41	30.57	d-g
G42	33.33	a-e
G75	34.13	a-e
G79	34.50	a-d
G63	27.83	g-ı
G88	34.50	a-d
Minimum Değer	24.13	
Maksimum Değer	37.13	
Genel Ortalama	31.71	
LSD Değeri	4.21	

Çalışmada, kontrol olarak kullanılan Larende (37.13) modern arpa çeşidi en yüksek klorofil içeriğine sahip iken, en düşük değere sahip genotip ise yine kontrol olarak denemede yer alan Hevsel (24.13) modern arpa çeşidi olduğu tespit edilmiştir. Yerel çeşitler içerisinde ise G169 (36.13)'un ZGS71 dönemi süt olum dönemi klorofil içeriği bakımından öne çıktığı görülmüştür (Çizelge 4.18.).

Yapılan araştırmalar, SPAD metreyle yapılan okumaların bayrak yaprağın klorofil içeriğiyle doğru orantılı olduğunu göstermiştir. Bu nedenle, SPAD metreyle yapılan klorofil ölçümleri, bitkilerin fotosentez kapasitesi hakkında bilgi edinmek ve bitki sağlığıyla ilgili değerlendirmeler yapmak için yaygın olarak kullanılan bir yöntemdir. Yüksek SPAD değerleri, genellikle yüksek klorofil içeriği ve daha iyi fotosentez kapasitesiyle ilişkilendirilirken, düşük SPAD değerleri düşük klorofil içeriği ve olası fotosentez sorunlarına işaret edebilir (Fischer, 2001).

4.3. Fenolojik Gözlemler

4.3.1. Fizyolojik Olum Süresi (gün)

Fizyolojik olum süresi bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.19.).

Çizelge 4.19. Fizyolojik olum süresine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon	Serbestlik	Kareler	Kareler	F
-----------	------------	---------	---------	---

Kaynakları	Derecesi	Toplamı	Ortalaması	Değeri
Genotip	28	21087.01	753.11	770.83**
Hata	58	56.67	0.98	
Genel Toplam	86	21143.68		
C.V (%)	0.48			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.20. Fizyolojik olum süresine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar

Genotip	Ortalama
Larende	228.00 a
Hevsel	168.00 r
Barış	173.33 q
Burakbey	225.00 b
Şahin91	223.67 b
G44	204.67 ı
G82	195.33 l
G83	191.67 m
G43	203.00 j
G45	207.00 h
G92	209.33 g
G72	205.67 hi
G47	203.00 j
G40	202.33 jk
G89	201.00 k
G50	227.33 a
G85	212.33 f
G73	203.00 j
G198	211.67 f
G169	222.00 c
G90	192.00 m
G76	189.33 n
G74	187.33 o
G41	220.00 d
G42	220.33 d
G75	220.33 d
G79	216.67 e
G63	220.00 d
G88	185.00 p
Minimum Değer	168.00
Maksimum Değer	228.00
Genel Ortalama	205.80
LSD Değeri	1.61

Denemede kullanılan arpa genotiplerinin fizyolojik olum sürelerinin incelenmesi sonucunda; Larende (228.00 gün) kontrol çeşidi en geç fizyolojik olumunu tamamlayan genotip olurken, en erken tamamlayan genotipin ise Hevsel (168.00) olduğu

belirlenmiştir. Çalışmada, deneme ortalaması ise 205.80 gün olarak belirlenmiştir (Çizelge 4.20.). Yerel genotipler kendi içerisinde değerlendirildiğinde; G88 (185.00) en erken fizyolojik olumu tamamlayan, (227.33) G50 ise en geç tamamlayan genotip olduğu belirlenmiştir.

Ergün ve ark., (2017) tarafından yapılan çalışmada, yerel arpa çeşitlerinin fizyolojik olgunluk süresi üzerinde durulmuştur. Çalışmada yerel arpa çeşitlerinin fizyolojik olgunluk süresi 216-240 gün arasında değiştiği belirlenmiştir. Ortalama olarak, bu yerel arpa çeşitlerinin fizyolojik olgunluk süresi 228 gün olarak hesaplanmıştır.

4.3.2. Başaklanma Süresi (gün)

Başaklanma süresi bakımından genotipler arasındaki farklılık $p < 0.01$ düzeyinde önemli bulunmuştur (Çizelge 4.21.).

Çizelge 4.21. Başaklanma süresine ait varyans analiz sonuçları

Varyasyon Kaynakları	Serbestlik Derecesi	Kareler Toplamı	Kareler Ortalaması	F Değeri
Genotip	28	47532.74	1697.60	5274.68**
Hata	58	18.67	0.32	
Genel Toplam	86	47551.40		
C.V (%)	0.36			

** %1 seviyesinde önemli

Çizelge 4.22. Başaklanma süresine ait ortalama değerler ve oluşan gruplar (gün)

Genotip	Ortalama
Larende	183.67 d
Hevsel	90.67 x
Barış	93.67 w
Burakbey	189.00 b
Şahin91	176.67 e
G44	151.00 o
G82	147.67 q
G83	139.33 t
G43	151.33 no
G45	162.33 j
G92	169.00 g
G72	152.00 mn
G47	152.67 lm
G40	153.67 k
G89	146.67 r
G50	191.33 a
G85	170.67 f
G73	153.00 kl

G198	150.00	p
G169	169.00	g
G90	151.33	no
G76	145.33	s
G74	127.33	v
G41	170.67	f
G42	167.00	ı
G75	168.00	h
G79	170.00	f
G63	187.67	c
G88	136.67	u
Minimum Değer	90.67	
Maksimum Değer	191.33	
Genel Ortalama	155.77	
LSD Değeri	0.92	

Çalışmada, ortalama başaklanma süresinin 155.77 gün olduğu, kontrol olarak yer alan Hevsel modern arpa çeşidinin 90.67 gün ile en erkenci, G50 (191.33 gün) yerel arpa genotipinin ise en geçici olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.22.).

Başaklanma süresi, bitkinin çeşidine, yetiştirme tekniğine ve iklim koşullarına bağlı olarak değişiklik gösteren bir özelliktir. Bu nedenle yapılan çalışmalarda farklı başaklanma sürelerinin gözlemlendiği bildirilmektedir. Örneğin, Kıran (1997) çalışmasında 123-141 gün, Kaydan ve Yağmur (2007) çalışmasında ise 179.3-189.7 gün, Karahan ve Sabancı (2010) çalışmasında 110-115 gün, Kendal (2012) çalışmasında 102-118 gün, Öztürk ve ark. (2014) çalışmasında 109.3-120 gün, Ergün ve ark. (2017) tarafından yapılan bir çalışmada, arpa çeşitlerinin başaklanma süresinin 172-194 gün arasında değiştiği belirtilmiştir. Benzer şekilde, Öztürk ve ark. (2017) çalışmasında 107.8-119.3 gün ve Yüksel ve ark. (2017) çalışmasında 104-111 gün, gibi farklı başaklanma süreleri rapor edilmiştir. Bu çalışmalar, arpa çeşitlerinin farklı başaklanma sürelerine sahip olabileceğini ve bu sürenin çeşitli faktörlere bağlı olarak değişebileceğini göstermektedir. Başaklanma süresinin belirlenmesi, bitki yetiştiriciliği ve ıslah çalışmaları açısından önemli bir bilgi sağlamaktadır.

görülmüştür. Aynı grupta yer alan özelliklerin birbiri ile ilişkili olduğu söylenebilir (Kendal ve ark., 2016).

4.4. Moleküler Bulgular

Çalışmada 24 adet yerel ve 5 adet modern arpa çeşidi ile moleküler analizler yapılmıştır.

4.5. DNA İzolasyonu

DNA izolasyonu daha önceden toplanmış ve -80 derece saklanmış arpa genotiplerinin yaprak dokuları üzerinden gerçekleştirilmiştir. Yaprak dokuları havanda ezilerek izolasyon işlemi yapılmıştır (Şekil 4.6).



Şekil 4.6. DNA izolasyon işlemlerinde doku parçalaması ve DNA çökertme işlemleri

Çalışmada kullanılan DNA izolasyon yönteminde sıvı azot kullanılmamıştır (Karaca ve ark., 2005). Sıvı azot doku parçalamada kullanılırken örnekler arasında kontamine riskini arttırabilmekte ve çalışan kişilerde deformasyonlara sebep olabilmektedir (Aydın ve ark., 2018). Bu sebeple DNA izolasyonlarında sıvı azotun kullanılmaması faydalıdır.

Aydın ve ark., (2018) tarafından geliştirilen DNA izolasyon protokolü, tohum ve bitki doku parçasında başarılı bir şekilde kullanım olanağı sağladığından dolayı bu tez çalışmasında da kullanılmıştır.

4.6. DNA Kalitesinin ve Miktarının Belirlenmesi

DNA'nın kalite ve miktarını belirlemek amacıyla selektroforetik yöntemler kullanılmıştır. DNA'ların enzimlere uygunluğu PZR çalışmasıyla doğrulanmıştır.

4.6.1. Nanodrop ile DNA analizi

İzolasyonu tamamlanmış olan DNA'nın kalite ve miktarının belirlemek için Nanodrop spektrofotometre kullanılarak ölçülmüştür. Bu cihazda 260/280 nm' deki absorbe değerleri DNA saflık derecesini, 260/230 nm' deki absorbe değerleri ise DNA-RNA saflık derecesini belirlemektedir. Bu nedenle DNA konsantrasyonu, protein ve

polisakkaritlerin varlığı, RNA kalıntısı ve kimyasal kalıntı olup olmadığı 260/230 nm’deki absorpsiyon oranına göre belirlenmiştir (Aydın, 2018). A_{260}/A_{280} absorpsiyon oranı nükleik asidin proteince saflığını ifade etmekte ve bu oranın 1.8-2.0 arasında olması istenmektedir (Karaca ve ark 2005).

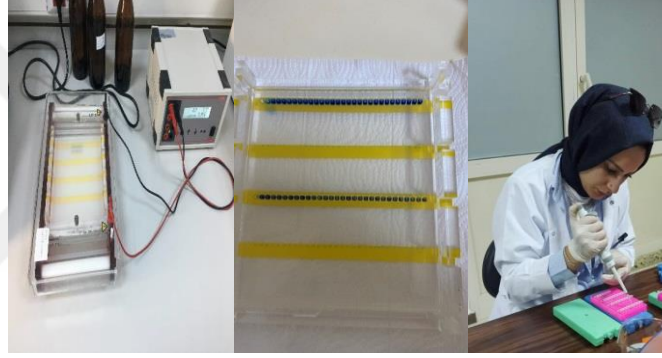
Çalışmada Polimeraz Zincir Reaksiyonları (PZR) işleminin yapılabilmesi ve sonuçların doğru alınabilmesi için DNA miktarının bilinmesi gerekmektedir. Bu nedenle DNA izolasyonu yapılmış olan örneklerin tamamında DNA konsantrasyonlarını belirlemek için farklı dalga boylarında ($A_{260/280}$) okumalar yapılmıştır (Aydın ve ark., 2018). Çalışmada kullanılan örneklerin $A_{260/280}$ değerleri Çizelge 4.23’ de verilmiştir.

Çizelge 4.23. Nanodrop sonuçlarına göre kalite ve miktarların belirlenmesi

Genotip	$A_{260/280}$	$A_{260/230}$	Konsantrasyon (ng/uL)
Larende	1.79	1.87	750.0
Hevsel	1.84	1.94	803.5
Barış	1.83	1.79	550.8
Burakbey	1.86	1.91	672.3
Şahin91	1.81	1.78	630.4
G44	1.79	1.85	765.9
G82	1.80	1.89	489.7
G83	1.92	1.90	740.8
G43	1.85	1.95	489.5
G45	1.86	1.97	725.7
G92	1.81	1.89	865.7
G72	1.87	1.75	941.3
G47	1.88	1.79	346.1
G40	1.89	1.84	871.6
G89	1.75	1.90	482.9
G50	1.78	1.88	621.8
G85	1.90	1.79	389.4
G73	1.85	1.83	765.8
G198	1.83	1.84	602.7
G169	1.89	1.79	816.1
G90	1.80	1.86	761.8
G76	1.85	1.80	745.8
G74	1.87	1.79	406.9
G41	1.88	1.72	704.3
G42	1.91	1.91	652.1
G75	1.88	1.92	742.5
G79	1.79	1.70	641.8
G63	1.89	1.87	1002.5
G88	1.81	1.84	954.8

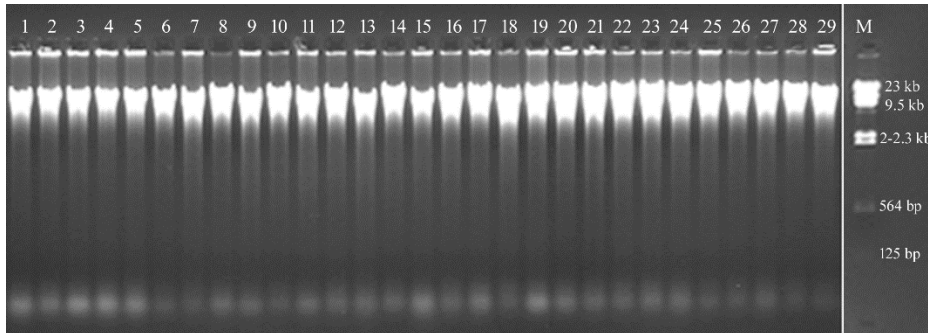
4.6.2. Agaroz jel elektroforez analizleri

Yapılan analizde genomik DNA örneklerinin kalite ve miktarı, agaroz jel elektroforez yöntemi kullanılarak belirlenmiştir. %1' lik agaroz jel hazırlanmış ve içerisine 1x TBE çözeltisi eklenmiştir. Jel içerisine 0.5 µg/mL konsantrasyonunda etidium bromit eklenerek DNA örneklerinin kalitesi ve miktarı belirlenmiştir. Etidium bromit, DNA' nın UV ışığı altında flüoresan özelliği göstermesini sağlar. Genomik DNA örnekleri, 500 ng miktarında hazırlanmış ve 1/6 hacminde 6x DNA yükleme çözeltisi ile karıştırılmıştır. Hazırlanan DNA örnekleri jel kuyucuklarına yüklenmiştir. 1x TBE çözeltisi kullanılarak 5V/cm akım uygulanmış ve polimorfizimler yakalanana kadar 120 dakika boyunca elektroforez gerçekleştirilmiştir (Aydın, 2018). Bu elektroforetik yöntem sayesinde genomik DNA örneklerinin moleküler ağırlıkları, parçalanma durumu ve RNA kalıntısı gibi özellikleri belirlenerek analiz edilmiştir.



Şekil 4.7. gDNA örneklerinin agaroz jel elektroforez sisteminde jele yüklenmesi

Çalışmada kullanılan genotiplere ait gDNA agaroz jel elektroforez görüntüsü Şekil 4.8' de verilmiştir. Şekilde görüldüğü gibi örneklere ait genomik DNA'nın RNA'dan, proteinlerden, polisakkaritlerden arı olduğu aynı zamanda örneklerin yüksek moleküler ağırlığa sahip olduğu saptanmıştır (Aydın ve ark., 2018)



Şekil 4.8. İzolasyonu gerçekleştirilmiş gDNA'nın agaroz jel elektroforez yöntemiyle görüntülenmesi

4.7. PZR Profili

Bu çalışmada Aydın (2018)' in belirttiği ISSR protokolü kullanılmıştır. Hacmi 25 µl' ye ayarlanmış amplifikasyon reaksiyonlarda 0.5 µM her bir primer çifti, 12 mM Tris-HCl (pH: 9.1), 60 mM KCl, %0.012 Triton X-100, 0.28 mM her bir dNTP, 3 mM MgCl₂ ve 1 ünite Taq DNA Polimeraz enzimi ve 8.5 µl genomik DNA kullanılmıştır. Sıcaklık ve döngü koşulları olarak ön denatürasyon safhası 94°C' de 4 dk boyunca sürdürülmüştür. Denatürasyon aşaması 94°C' de 30 s' de 10 döngü halinde, primer yapışma safhası 56°C-51°C' de 45 s, DNA sentez aşaması ise 72°C' de 2 dk.' da tamamlanmıştır. Denatürasyon aşaması 94°C' de 30 s boyunca 30 döngüde tamamlanmış ve primerlerin DNA'ya yapışma safhası 51°C' de 45 s, uzama safhası 72°C' de 2 dk ve son uzama safhası 72°C' 10 dk.' da tek döngü halinde gerçekleştirilmiştir.

4.8. Çalışmada Kullanılan ISSR Primerleri ile İlgili Bilgiler

Bu çalışmada toplam altı lokus kullanılmıştır. Bu lokusların hepsi genomik primerlerden oluşmaktadır. UBC-808 ve UBC-810 kuraklık toleransına dayanıklılığı veren primerler olarak daha önceki çalışmalarda kullanılmıştır. Diğer primerler tohum şekli ve büyüklüğü ile ilişkilendirilen çalışmalarda kullanılmıştır. PIC değeri oluşturduğu patern sayısı ve toplam allel büyüklükleri Çizelge 4.26' de verilmiştir.

4.9. Jel Analizleri, Skorlamalar ve PIC Değerleri

Çalışmada kullanılan 29 genotipin PZR analizleri yapılmış ve daha sonra bütün örnekler elektroforez yöntemi ile belirlenmiş olan lokuslarda ampikonların varlık (1) ve yokluk (0) durumuna göre skorlamaları yapılmıştır. Çalışma materyali her bir lokus için tek bir jelde görüntülenmiştir.

Lokus düzeyine göre skorlanan jel görüntüleri bilgisayarda yapılacak analizlere uygun formatlar haline dönüştürülmüştür.

Çizelge 4.24. Lokusların bilgi içeriği

Primer	PIC	Allel	Patern	Baz çifti aralığı (bç)
UBC-808	0.94	14	22	~300-1500
UBC-810	0.91	7	14	~300-1100
UBC_820	0.92	11	19	~470-1400
UBC_825	0.89	15	15	~500-1400
UBC_826	0.85	15	11	~500-1400
UBC_842	0.89	14	10	~280-1150

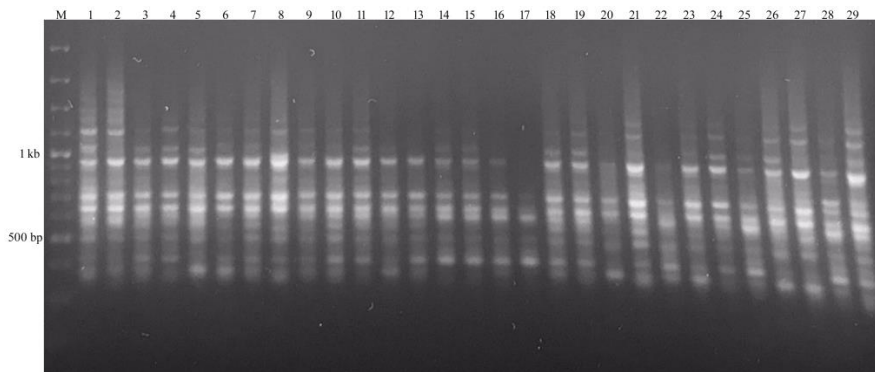
Çizelge 4.24.'de görüldüğü gibi lokuslara ait allel boyları 280-1500 bp arasında değişmektedir. En küçük allel boyu UBC-842 primerinde gözlenirken, en büyük allel boyu UBC-825 ve UBC-826 lokuslarında gözlenmiştir.

Çalışmada kullanılan ISSR primerlerinin allel sayılarının 7-15 arasında değiştiği gözlenmektedir. Ortalama allel sayısı her bir lokus için 12.6 olarak belirlenmiştir. UBC-825 ve UBC-826 lokuslarında en yüksek allel sayısı tespit edilirken UBC-810 en az allel sayısının tespit edildiği primer olmuştur.

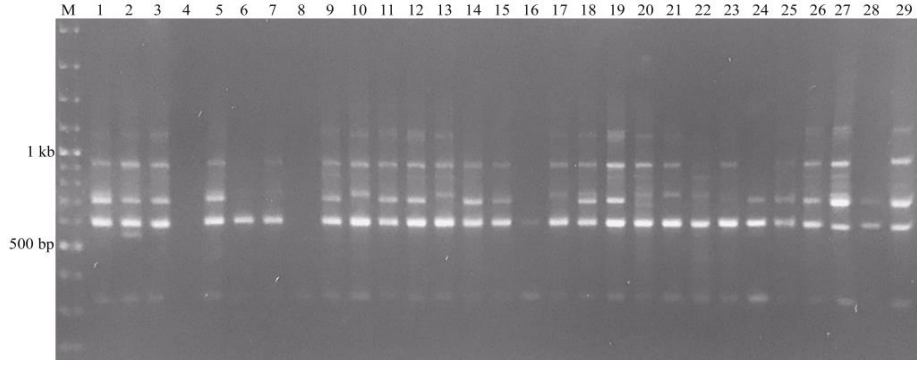
Çizelge 4.24'de görüldüğü gibi lokusların allel frekansı 10-22 arasında değişmektedir. Çalışma materyalinin poliploid olması ve kodominant skorlama ile allel frekansının hesaplanamaması nedeni ile allel frekansı patern sayısına göre yorumlanmıştır. Buna göre allel frekansı en düşük primer UBC-842 olarak bulunurken en yüksek allel frekansı UBC-808 olarak bulunmuştur. Ortalama allel frekansı her bir lokus için 15.166 olarak hesaplanmıştır.

Her bir lokus için ortalama heterozigotluk parametresi kullanılarak bir popülasyondaki genetik değişiklik hesaplanmaktadır (Nei ve Roychoudhury 1973). Popülasyondaki genetik çeşitliliğin hesaplanmasında PIC değeri kullanılmaktadır. PIC değeri ile markırların birbirlerinden farklılıkları belirlenmekte ve markırların frekans dağılımına ve allel sayılarına bağlı olarak PIC değeri değişiklik göstermektedir (Aydın 2017).

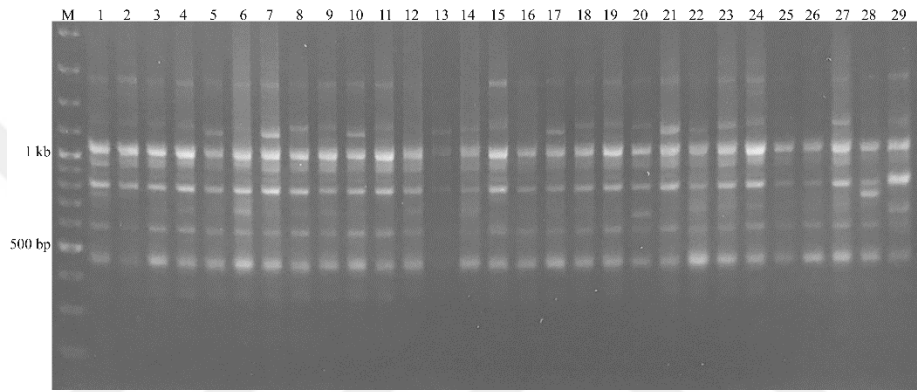
Çalışmada, primerler için PIC değerleri Çizelge 4.24'de görüldüğü gibi 0.85-0.94 arasında değişmektedir. En yüksek PIC değeri UBC-808 primerinden elde edilmiştir. En düşük PIC değeri ise UBC-826'da gözlemlenmiştir.



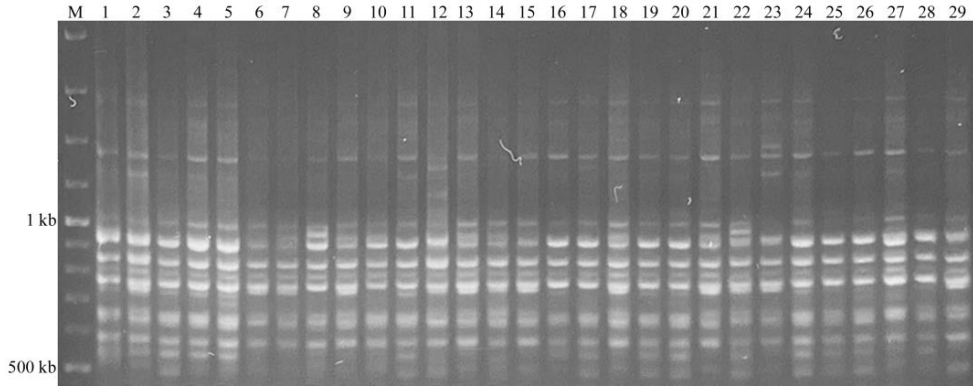
Şekil 4.9. UBC-808 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen ampliconlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü



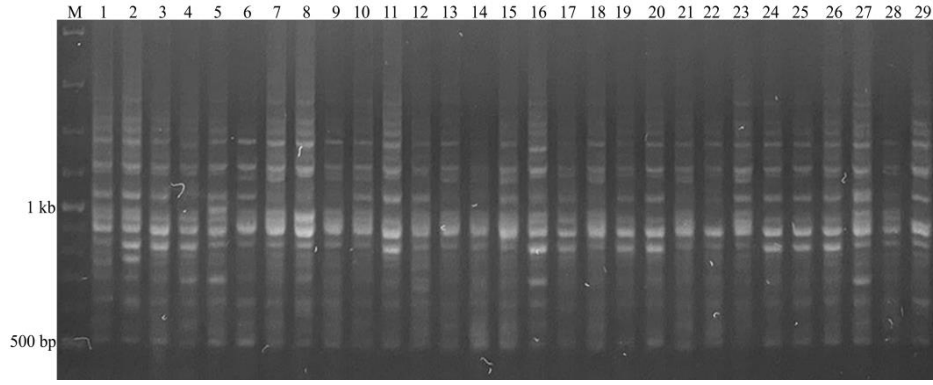
Şekil 4.10.UBC-810 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen ampliconlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü



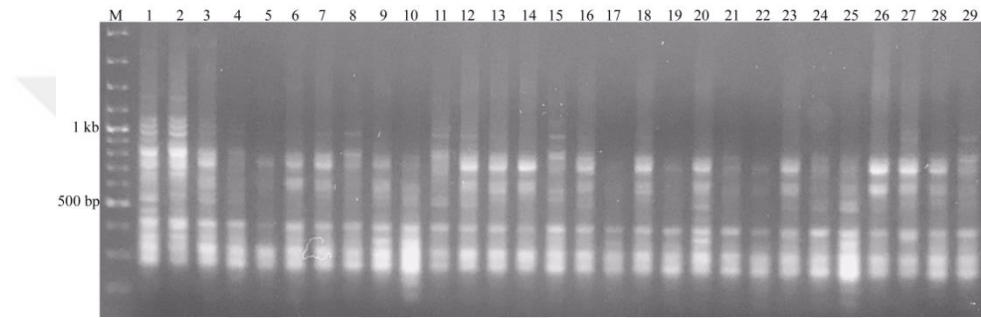
Şekil 4.11.UBC-820 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen ampliconlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü



Şekil 4.12.UBC-825 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen ampliconlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü



Şekil 4.13. UBC-826 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen ampliconlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü



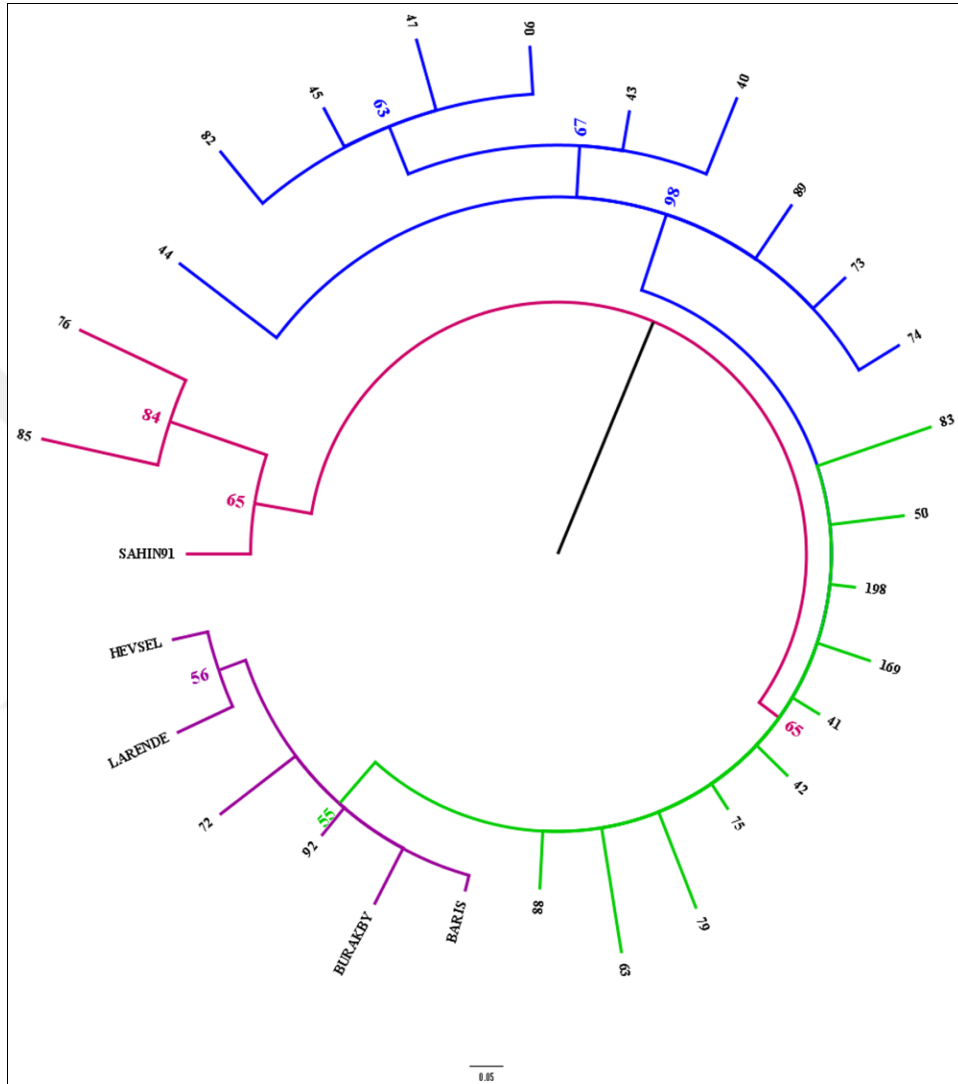
Şekil 4.14. UBC-842 Primeri kullanılarak yapılan PZR işleminden elde edilen ampliconlar, 4 saatlik jel elektroforez görüntüsü

4.10. Kümeleme Analizleri

MrBayes, filogenetik ve evrimsel model alanlarında örnekler ya da popülasyon arasındaki ilişkiyi ortaya koyan bir programdır. Program, Bayes istatistiğine Ardıl Olasılık (post probability) tahminlerini dâhil etmektedir. Kullanılan bu yöntemde analizler olasılığı en yüksek olan (*a priori*) topoloji ile başlar ve ağaç Markov Zinciri Monte Carlo (MCMC) yöntemi örnek alınarak simüle edilerek en iyi topolojiler yakalanarak olasılıkları yüksek olan ağaçlar seçilir (İnal, 2011; Koçak, 2022). Kullanılan bu istatistik programında filogenetik ağaçların sonraki olasılığı analitik olarak belirlemek zordur. Bunun yerine MCMC, “posterior” dağılımından örnekler çizilerek oluşturulan ağaçlar ile elde olan veriler kullanılarak sonraki olasılık hesabı yapılmaktadır (Aydın, 2021).

MrBayes programı kullanılarak yapılan analiz yaklaşık olarak 2 saat 10 dakika sürmüştür. Analiz sonucunda bölünmüş frekansın ortalama standart sapması 0.05128 olarak saptanmıştır. Ortalama standart sapmanın düşük değerli çıkması analizinin güvenilir olduğunu göstermektedir (Aydın, 2018). Yapılan analiz ile oluşturulmuş

kümeleme analizi (filogenetik ağaç) 29 çeşit/genotip arasında *Hordeum vulgare* L. Çeşit ve genotiplerinin birbirinden olan farklılıklarını %100 ortaya koyarak filogenetik ağacı 2 ana kümeye ayırmıştır. Ayrıca, Küme-2' de kendi arasında 3 alt küme oluşturmuştur (Şekil 4.15).



Şekil 4.15. Çalışmada kullanılan arpa çeşit/genotiplerinin Bayes istatistiği kullanılarak oluşturulan konsensus ağacı, polar formatta sunulmuştur. Ağaçta boğumlar Ardıl Olasılık değerlerini temsil etmekte olup, ağacın altındaki bar ise baz değişim skalasını göstermektedir.

Kullanılan genotipler şekilde görüleceği üzere iki temel kümeye ayrılmıştır. Küme-1; Şahin-91, G85, G76 genotiplerinden oluşmaktadır. G85 ve G76 genotiplerinde ise %84 oranında genetik benzerliğin bulunduğu gözlemlenmiştir.

Küme-2' yi ise diğer 26 çeşit/genotip; Hevsel, Larende, G72, G92, Burakbey, Barış, G88, G63, G79, G75, G42, G41, G169, G198, G50, G83, G74, G73, G89, G40, G43, G90, G47, G45, G82, G44 oluşturmuştur. Ayrıca, küme-2 üç alt kümeye ayrılmıştır.

Küme-2.1; Hevsel, Larende, G72, G92, Burakbey ve Barış çeşit/genotiplerden oluşmaktadır ve bu genotipler arasındaki benzerlik oranı %55'tir. Bununla birlikte Larende ve Hevsel çeşitleri genetik olarak birbirine daha yakındır ve benzerlik oranı %56 olarak gözlemlenmiştir.

Küme-2.2' de; G63, G79, G75, G42, G41, G169, G198, G50, G83 genotipleri bulunmaktadır ve bunların genetik benzerlik oranının %65 olduğu tespit edilmiştir.

Küme-2.3' de ise G74, G73, G89, G40, G43, G90, G47, G45, G82, G44 genotiplerinden oluşmaktadır ve genetik benzerlik oranı %98'dir. Bununla birlikte G82, G45, G47 ve G90 genotipleri arasındaki benzerlik oranı %63 olarak belirlenmiş olup bu genotiplerin genetik olarak birbirine daha benzer olabileceği söylenebilir.

4.11. Jaccard Benzerlik Matrisinin Yorumlanması

Bu çalışmada kullanılan 29 genotip arasındaki ilişkiler Jaccard genetik benzerlik indeksi kullanılarak hesaplanmıştır. Kullanılmış olan bütün genotiplerin benzerlik matrisleri ekler bölümünde Çizelge EK.2'de verilmiştir.

Benzerlik matrisine göre kontrol olarak kullanılan 5 modern arpa çeşidinin (Larende, Hevsel, Barış, Burakbey ve Şahin-91) 24 genotipe olan yakınlık ilişkisi %58.7 ile %89.5 arasında değişim göstermiştir. Larende modern arpa çeşidinin yerel genotiplerle yakınlık ilişkisi %58.9-%83.3 arasında olduğu saptanmıştır. G76 genotipi, %58.7 benzerlik katsayısıyla Larende ile en uzak ilişkiye sahipken; %83.3 benzerlik katsayısı ile G92 genotipi Larende ile en yakın ilişkiye sahip genotip olarak belirlenmiştir. Hevsel modern arpa çeşidi ile yerel genotipler arasındaki yakınlık ilişkisi %59 ile %86.2 arasında değişmektedir. G85 genotipi %59 oranında Hevsel ile en uzak ilişkili genotip olarak tespit edilirken; G92, %86.2 benzerlik katsayısı ile Hevsel ile en yakın ilişkili genotip olarak bulunmuştur. Barış modern arpa çeşidinin yerel genotipler ile olan yakınlık ilişkisi ise %59 ile %89.5 arasında değişmektedir. Barış çeşidiyle en uzak ilişkili genotip %59 benzerlik katsayısıyla G85 olarak belirlenirken, en yakın ilişkili genotip %89.5 ile G92 olarak tespit edilmiştir. Burakbey modern arpa çeşidi ile yakınlık ilişkilerine bakıldığı zaman diğer genotipler ile arasındaki benzerlik matrisi %58.9 ile %81.1 olarak saptanmıştır. Burakbey ile en uzak ilişkili olan genotip %58.9 ile G85 olurken, G41 genotipi %81.1 oranıyla en yakın ilişkili genotip olarak tespit edilmiştir. Şahin-91 modern arpa çeşidiyle ilişkili genotiplerin benzerlik katsayılarının %64.9 ile %79.2 arasında değiştiği saptanmıştır. Bu bağlamda, G44 genotipi Şahin-91 genotipiyle en uzak, G41 genotipi ise en yakın ilişkili genotip olarak belirlenmiştir.

Genel bir değerlendirme yapıldığında, modern arpa çeşitleriyle en uzak ilişkili yerel genotipin G76 olduğu belirlenirken, en yakın ilişkili yerel genotipin ise G92 olduğu saptanmıştır. Bu sonuç, G92 yerel arpa genotipinin modern arpa çeşitlerinin (Larende, Hevsel, Barış, Burakbey, Şahin-91) elde edilmesinde kullanılan ebeveynlerle genetik olarak bağlantılı olabileceğini göstermektedir. Söz konusu bilgileri teyit eden benzerlik matrisleri ekler kısmındaki tabloda verilmiştir.

Yerel genotiplerin (G44, G82, G83, G43, G45, G92, G72, G47, G40, G89, G50, G85, G73, G198, G169, G90, G76, G74, G41, G42, G75, G79, G63, G88) kendi aralarındaki ilişkisi değerlendirildiğinde; %53.6 ile %88.0 arasında farklılık gösterdiği görülmüştür. En uzak ilişki G44 ile G85 arasında %53.6 oranında saptanırken en yakın ilişki G42 ile G75 arasında %88.0 olarak belirlenmiştir. Ayrıca, yerel genotiplerden G43 ile G45 %85.2 arasında yüksek benzerlik ilişkisi olduğu tespit edilmiştir. Çalışmada yer alan genotipler Türkiye orijinli genotipler olduğundan dolayı aralarında yakın benzerlik ilişkisinin bulunması beklenen bir durumdur.

Modern arpa çeşitlerinden Hevsel ve Barış'ın benzerlik matriksinde (Çizelge ek 6.1) %90 benzerlik katsayısı ile en yakın ilişkiyi göstermiş olması; bu iki genotipin pedigrilerinde aynı ebeveynlerin yer alma ihtimalini güçlendirmektedir.

4.12. Temel Konumlandırma Analizi (PCoA)

Yapılan çalışmada PCoA kullanılmasındaki amaç arpa genotiplerinin aralarındaki mesafe ilişkilerini koruyarak genotiplerin belirli bir koordinat düzleminde konumlanmasını sağlamak ve genotiplerin arasındaki benzerliği yorumlamaktır. Bu çalışmada PCoA analizi, toplam 29 genotipe ait varlık (1) yokluk (0) skorları Jaccard benzerlik indeksi kullanılarak yapılmıştır. Bu amaçla MVSP v.3.13 programı kullanılmıştır.

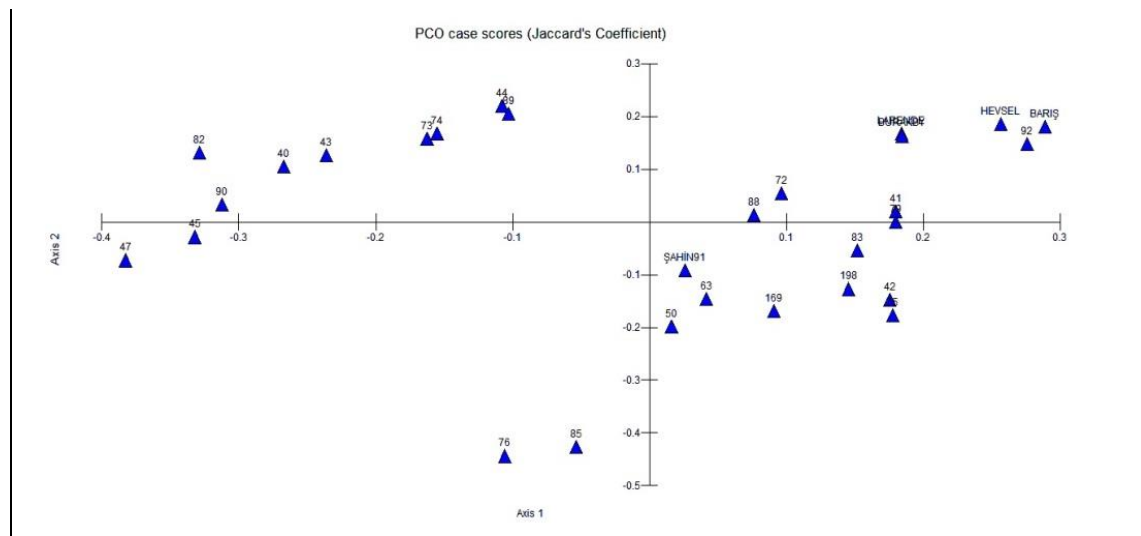
PCoA analizi sonucunda çalışmada kullanılan modern arpa çeşitleri ve yerel genotipleri Bayes istatistiğinin yapıldığı kümeleme analizindeki sonuçlara benzer çıktılar vererek PCoA analizi Bayes istatistiğini desteklemiştir. Eksen 1 ve Eksen 2 sırasıyla 14.382, 25.347 düzeyinde varyasyonu göstermektedir. Analiz sonucunda oluşan PCoA görüntüsü Şekil 4.16.' da verilmiştir. Buna göre PCoA görüntüsünde toplamda 4 grup görülmektedir.

Grup-1'de 9 genotip (Larende, Burakbey, Hevsel, Barış, G92, G88, G72, G41, G79) bulunmaktadır. Bu grup içerisinde Hevsel, Barış, G92 daha fazla benzerlik göstermektedir.

Grup-2'de 8 genotip (G44, G89, G74, G73, G43, G40, G82, G90) bulunmaktadır. Bu grup içerisinde G44 ile G89 ve G74 ile G73 arasındaki benzerlik ilişkisi, grup-2'de bulunan diğer genotiplere göre daha yüksektir.

Grup-3'te toplam 4 genotip (G45, G47, G76 ve G85) bulunmaktadır. Bu gruptaki genotipler arasında diğer gruplarda olduğu gibi yakın benzerlik ilişkisi görülmemektedir.

Grup-4'te toplam 8 genotip (Şahin-91, G50, G63, G169, G198, G83, G42, G75) bulunmaktadır. Bu grupta G42 ile G75 arasındaki benzerlik ilişkisi Grup-4'te bulunan diğer genotiplere göre daha fazladır (Şekil 4.16.).



Şekil 4.16. Jaccard benzerlik indeks değerleriyle oluşturulmuş PCoA grafiği

5. SONUÇLAR ve ÖNERİLER

5.1 Sonuçlar

Küresel ısınma ve iklim değişikliği, gıda güvenliğini tehdit etmektedir. Özellikle, arpa gibi bitkiler iklim değişikliğinden en çok etkilenmektedir. Bu nedenle, arpa tarımında çevresel etkileri en aza indirmek için adaptasyonu yüksek, çevresel streslere dayanıklı ve stresi tolere edebilen genotiplerin geliştirilmesi önemlidir. Bu hedefe ulaşabilmek için, yerel arpa popülasyonların toplanması, genetik çeşitliliklerinin belirlenmesi ve bitkisel özelliklerinin agronomik ve moleküler genetik yöntemlerle karakterize edilmesi gibi adımlar, gelecekte yapılacak arpa ıslah çalışmalarının başarısı için kritik öneme sahiptir.

Bu çalışmada daha önceden toplanmış olan yerel arpa genotipleri ile tescilli arpa çeşitlerinin morfolojik, fizyolojik, fenolojik ve moleküler karakterizasyonu gerçekleştirilmiştir. 24 yerel arpa genotipi 5 kontrol çeşidi ile kıyaslanmıştır. Araştırma sonucunda elde edilen bulgular:

- Arpa genotiplerinde yapılan morfolojik, fizyolojik ve fenolojik analizler sonucunda yerel arpa genotipleri; başak mumsuluğu, sap mumsuluğu, sapın ortadan enine kesitinin kalınlık durumu, bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğu, bitki boyu ve karınlanma dönemi klorofil içeriği özellikleri yönünden ön plana çıktıkları gözlemlenmiştir. Modern arpa çeşitlerinin ise bu özelliklerde daha sınırlı genetik varyasyona sahip olduğu belirlenmiştir.
- Hevsel ve Barış kontrol çeşitlerinin yerel arpa genotiplerine göre fizyolojik olum sürelerinin kısa ve bayrak yaprak yeşil kalma sürelerinin uzun olduğu belirlenmiştir. Bu durumun, uzun tane dolum süresine vesile olması sebebi ile yüksek tane verimini desteklediği düşünülmektedir.
- Elde edilen veriler doğrultusunda oluşturulan GGE biplot grafiğinde 5 farklı grup olduğu belirlenmiştir. 1.grupta; bayrak yaprak kulakçıklarında antosiyanin yoğunluğu, süt olum dönemi klorofil içeriği, ve bitki boyu 2.grupta; sapın ortadan enine kesitinin kalınlık durumu, fizyolojik olum, başaklanma süresi ve başaklanma dönemi klorofil içeriği 3. Grupta; fizyolojik olum, başaklanma süresi, başaklanma süresi ve başaklanma dönemi klorofil içeriği ve karınlanma dönemi klorofil içeriği 4.grupta; sap mumsuluğu ve bayrak yaprak yeşil kalma süresi 5.grupta

başak mumsuluğu tek başına yer almıştır. Aynı grupta yer alan özelliklerin birbiriyle ilişkili olduğu dikkate alındığında ıslah programlarında iş gücü ve zaman tasarrufu amacıyla aynı grupta yer alan özelliklerden sadece 1 veya 2'sini incelemenin yeterli olacağı düşünülmektedir.

- Ayrıca, bu tez çalışmasında 29 genotip 6 ISSR markörü (UBC-808, UBC-810, UBC-820, UBC-825, UBC-826, UBC-842) ile taranarak moleküler karakterizasyon çalışmaları yapılmıştır. Genetik çeşitliliğin hesaplanmasında ise PIC değeri kullanılmıştır. Primerler için PIC değerleri 0.85-0.94 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Çalışmada kullanılan ISSR primerleri aracılığıyla arpa genotiplerinde genetik çeşitlilik ve farklılık belirlenmiştir. Allel boyları, allel sayıları, allel frekansları ve PIC değerleri gibi parametreler, arpa ıslah programlarında genetik kaynakların belirlenmesi ve genetik çeşitlilik için önemli bilgiler sağlamaktadır. ISSR verileri kullanılarak çizilen filogenetik ağaçta Küme-1 ve Küme-2 olmak üzere iki ana grup oluşmuştur. Küme-2 kendi arasında Küme-2.1, Küme-2.2 ve Küme-2.3 olmak üzere 3 alt gruba ayrılmıştır. Küme-2'de varyasyonun daha yüksek olduğu tespit edilmiştir.
- Jaccard Benzerlik Matrisine göre kontrol olarak kullanılan 5 modern arpa çeşidinin (Larende, Hevsel, Barış, Burakbey ve Şahin-91) 24 genotipe olan yakınlık ilişkisi %58.7 ile %89.5 arasında değişim göstermiştir. Bu bağlamda; Larende kontrol çeşidi, G76 genotipi ile en uzak ilişkiye sahipken, G92 genotipi ile en yakın ilişkiye sahip olduğu tespit edilmiştir. Hevsel kontrol çeşidi, G85 ile uzak ilişkili G92 genotipiyle en yakın ilişkiye sahip olduğu belirlenmiştir. Barış kontrol çeşidi, G85 ile en uzak ilişkiye sahipken G92 genotipi ile en yakın ilişkiye sahip olduğu gözlenmiştir. Burakbey ile en uzak ilişkili genotip G85 olurken, G41 en yakın ilişkili genotip olarak tespit edilmiştir. Şahin-91 kontrol çeşidi, G44 ile en uzak, G41 ile en yakın ilişkiye sahip olmuştur.
- G76 ve G85 yerel arpa genotiplerinin genetik olarak kontrol çeşitlerinden en farklı genotipler olduğu aynı zamanda bazı morfolojik, fizyolojik ve fenolojik özellikler yönünden öne çıktığı belirlenmiştir. Bu yerel

genotiplerin genetik tabanı genişletmeye katkı sağlamak amacıyla klasik ve modern ıslah programlarında ebeveyn olarak kullanılabilceđi öngörülmektedir.

- Aynı zamanda, üstün özelliklere sahip genotiplerin ortaya çıkma olasılığı dikkate alındığında, genetik olarak birbirine en uzak çeşitlerin veya genotiplerin kullanılması ve ıslah çalışmalarında heterosisin belirlenmesi için bu genotiplerin genitor olarak gen havuzunda koruma altına alınması önem arz etmektedir.

5.2 Öneriler

Bu çalışmanın sonuçlarına göre:

- Genetik kaynakların korunması ve çeşitliliğin sürdürülmesi için yerel arpa genotiplerine yönelik in-situ (yerinde) koruma ve iyileştirme çalışmaları yapılmalıdır.
- Çalışmada öne çıkan yerel arpa genotipleri daralan genetik tabanı genişletmeye katkı sağlamak amacıyla klasik ve/veya modern ıslah programlarında ebeveyn olarak kullanılmalıdır.
- Gelecekte yapılacak olan çalışmalarda yerel arpa genotiplerinden daha verimli ve daha fazla genetik bilgi elde etmek amacıyla çeşitli sayıda markör ve yüksek bilgi içeriđine sahip olan kapilari agaroz tekniđinin kullanılması tavsiye edilmektedir. Bu yöntemin kullanılması, mevcut yerel arpa genotiplerinin yorumlanmasına ilave katkı sağlayacağı düşünülmektedir.
- Çalışmanın sonuçlarından elde edilen bilgiler, tarım sektörüne yönelik politika ve stratejilerin geliştirilmesinde kullanılmalıdır. Özellikle verimlilik, kalite, adaptasyon, biyotik ve abiyotik stres faktörleri göz önünde bulundurularak ıslah programları oluşturulmalıdır.

Bu öneriler, gelecekte yapılacak olan çalışmalarda daha iyi sonuçlar elde edilmesini ve tarımsal gelişimi desteklemeyi amaçlamaktadır.

KAYNAKLAR

- Adamsen, F. J. Pinter, P. J. Barnes, E. M. Lamorte, R. L. Wall, G. W. Leavitt, S. W. Kimball, B.A. 1999. Measuring wheat senescence with a digital camera. *Crop Ecology, Production and Management. Crop. Sci.* 39: 719-724.
- Agnese K. B., Bothmer R. V., Dayteg C., Rashal I., Tuveesson S., & Weibul J. 2004 Inter simple sequence repeat analysis of genetic diversity and relationships in cultivated barley of Nordic and Baltic origin. *Hereditas* 141: 186-192.
- Akar, T., Sayim, I., Ergun, N., Aydoğan, S., Sipahi, H., Avci, M., Dusunceli, F., Guler, S., Sanal, T., Ayrancı, R., Kahraman, T., Ince, T., Aydın, N., Kendal, E., Engin, A., 2008, Proceedings of the 10th International Barley Genetics Symposium, 5-10 April 2008, Alexandria, Egypt, Improvement of candidate malting barley cultivars for diverse agro-ecologies of Turkey, 443-446.
- Akçura, M., Topal, A., 2008. Türkiye Kışlık Yerel Ekmeklik Buğday Çeşitlerinde Fenotipik Çeşitlilik, *Bitkisel araştırma Dergisi*, 2:8-16.
- Akgün, N., (2011), Türkiye kışlık arpa genetik kaynaklarının bazı agronomik ve kalite özellikleri yönünden karakterizasyonu, Doktora tezi ,Selçuk Üniversitesi *Fen Bilimleri Enstitüsü*,.
- Akdeniz, H., Keskin, B., Yılmaz, İ. ve Oral, E., 2004, Bazı Arpa çeşitlerinin verim ve verim unsurları ile bazı kalite özellikleri üzerinde bir araştırma, *Yüzüncü Yıl Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 14 (2), 119-125.
- Altındal, D. ve Akgün, İ., 2017. U. Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi, Cilt 31, Sayı 1, 89-102
- Anonim, 2020. TÜİK.” <https://www.tuik.gov.tr/>” (Erişim Tarihi: 11.05.2023).
- Aydın, A., Ince, A.G., Uygur Gocer, E., and Karaca, M. 2018. Single Cotton Seed DNA Extraction without the Use of Enzymes and Liquid Nitrogen. *Fresenius Environmental Bulletin*, 27, 6722-6726.
- Aydın, A., Özden, E., 2021. Bazı Tef Genotiplerinde RAPD Markırları Kullanılarak Genetik Varyasyonun Belirlenmesi, *Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 11(Özel Sayı): 3496-3506.
- Backman J.S., and Sollers M. 1983. Restriction Fragment Length Polymorphisms in Genetik Improvement Methodologies Mapping and Costs. *Theor. Appl. Genet* 67: 35-43.
- Bahrman, N., Le Gouis, J., Hariri, D., Guilbaud, L., Jestin, L. 1999. Genetic Diversity of Old French Six-Rowed Winter Barley Varieties Assessed With Molecular,

- Biochemical And Morphological Markers And its Relation to BaMMW Resistance. *Heredity* 83: 568-574.
- Bahieldin, A., Ramadan, A.M., Gadalla, N.O., Alzohairy, A.M., 2012. Molecular markers for salt tolerant wild barley *Hordeum spontaneum*, *Life Science Journal*, 9(4).
- Bernard, R.B., Nevo, E., Douglas, A.J., and Beiles, A., 1997. Genetic Diversity in Wild Barley (*Hordeum spontaneum* C. Koch) in the Near East: a Molecular Analysis Using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 44: 147-157
- Blair, M.W., Panaud O. and Mccouch S.R. 1999. Intersimple Sequence Repeat (ISSR) Amplification for Analysis of Microsatellite Motif Frequency and Fingerprinting in Rice (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet.* 98: 780-792.
- Cao, W., Hucl, P., Scoles, G., Chibbar, R.N. 1998. Genetic Diversity Within Spelta and Macha Wheats Based on RAPD Analysis. *Euphytica* 104 (3): 181-189.
- Ceccarelli S., and Grando S., 2000. Barley landraces from the Fertile Crescent: a lesson for plant breeders. In: Brush, S.B (Ed). *Genes in the field, on farm conservation of crop diversity*. IPGRI Rome, IDRC Ottawa, Lewis Boca Raton
- Çakmak, M. 2010 Ekmeklik buğday (*T.aestivum* L.) genotiplerinde başaklanma sonrası bazı fenolojik, fizyolojik ve bitkisel özellikler ile verim, kalite unsurları arasındaki ilişkinin belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi Selçuk Üniversitesi, *Fen Bilimleri Enstitüsü*.
- Çevik, S.E., (2020), “Ekmeklik Buğdayda Kuraklığa Tolerans Bakımından Markör Destekli Seleksiyon”, Yüksek Lisans Tezi, *Fen Bilimleri Enstitüsü*, Karamanoğlu Mehmetbey Üniversitesi, Karaman, 83.
- Demir, İ. 1983. Tahıl Islahı. Ege Üniversitesi. Ziraat Fakültesi. Yayınları., No: 235, İzmir.
- Demirel, F. (2018), “Türkiye’nin Farklı Bölgelerinden Toplanmış Yerel Buğday Genotiplerinin Morfolojik Ve Moleküler Karakterizasyonu”, Doktora Tezi, *Fen Bilimleri Enstitüsü*, Iğdır Üniversitesi, Iğdır, 112.
- Demirel, F., 2020. Bazı Siyez Buğdaylarının ISSR Markörleri İle Karakterizasyonu, *Journal of Agriculture*, 3(2): 33-39.
- Dönmez, Ö., Aydemir, T. ve Aktaş, B., 2008, Arpada çeşit tanımlaması, Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Tohumluk Tescil ve Sertifikasyon Merkezi Müdürlüğü, Ankara.

- Ergün N., Aydoğan S., and Sarı A.O., 2012. Cereal production and agronomic innovation in Turkey. *Watch Letter*, 23: 36-39.
- Erkul, A. and A. Unay, 2009. Üç ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) melezinde kantitatif özelliklerin kalıtımı I. Verim ve Verim Ögeleri, *ADÜ Ziraat Fak. Dergisi*, 6: 57-62
- FAO 2021. Food and Agriculture Organization. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize> Date of access: 03.03.2023.
- Fernandez M.E., Figueiras A.M., and Benito C. 2002. The Use of ISSR and RAPD Markers for Detecting DNA Polymorphisms, Genotype Identification and Genetic Diversity Among Barley Cultivars with Known Origin. *Theor. Appl. Genet.* 104: 845-851.
- Fischer, R. A. 2001. Selection traits for improving yield potential. *Application of Physiology in Wheat Breeding*, Chapter-13, p. 148-159.
- Geçit, H.H., Çiftçi, C.Y., Emeklier, H.Y., İkincikarakaya, S., Adak, S., Kolsarıcı, Ö., Ekiz, H., Altunok, S., Sancak, C., Sevimay, C.S., Kendir, H. 2009. *Tarla Bitkileri*. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yay.: 1569, Ders Kitabı: 521. Ankara
- Hamza, S., Hamıda, B.W., Rebaı, A., Harrabı, M. 2004. SSR-based Genetic Diversity Assessment Among Tunisian Winter Barley and Relationship with Morphological Traits. *Euphytica* 135: 107-118.
- Harlan J.R., 1975. Our vanishing genetic resources. *Science*, 188: 618-621
- Karaca, M., Ince, A.G., Elmasulu, S.Y., Onus, A.N. and Turgut, K. 2005. Coisolation of Genomic and Organelle DNAs from 15 Genera and 31 Species of Plants. *Analytical Biochemistry*, 343, 353-355.
- Kandemir, N., Sönmezoğlu, Ö.A., Yıldırım, A. ve Güleç, T.E., 2004. Markör Destekli Seleksiyonun Buğday Islahında Kullanımı, *GOÜ. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 27(1), 105-112.
- Karahan, T. ve Sabancı, C. O., 2010, Güneydoğu Anadolu ekolojik koşullarında bazı arpa (*Hordeum vulgare* L.) çeşitlerinin verim ve verim öğelerinin belirlenmesi, *Batı Akdeniz Tarımsal Araştırma Enstitüsü Derim Dergisi*, 27 (1), 1-11.
- Karaman, M., Akıncı, C., Yıldırım, M., 2015, Ekmeklik Buğdayda Morfolojik Özellikler İle Tane Verimi Arasındaki İlişkinin Biplot Analiz Yöntemi İle İncelenmesi, *Tarım Bilimleri Dergisi*, 8(2): 12-15

- Karaman, M., (2017), “Makarnalık Buğdayda Fizyolojik ve Morfolojik Parametrelerin Verim ve Kalite ile Olan İlişkinin Belirlenmesi”, Doktora Tezi, *Fen Bilimleri Enstitüsü*, Dicle Üniversitesi, Diyarbakır, 149.
- Karaman, M., 2022. Relationship Between Physiological Characteristics And Grain Yield Of Barley (*Hordeum Vulgare* L.) Cultivars, *Bangladesh J.*, 51(4): 737-745.
- Kaydan, D. ve Yağmur, M., 2007, Van ekolojik koşullarında bazı iki sıralı arpa çeşitlerinin (*Hordeum vulgare* L. conv. distichon) verim ve verim öğeleri üzerine bir araştırma, *Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarım Bilimleri Dergisi*, 13 (3), 269-278.
- Katntey R. V., Zeng X.P., and Bennetzen J.L. 1995. Assessment of Genetic Diversity in Dent and Popcorn (*zea mays* L.) Inbred Lines Using Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Amplification. *Mol. Breeding* 1: 365-373.
- Kendal, E., 2012, İcarda Orjinli Yazlık Arpa Genotiplerinin Bazı Özellikleri Yönünden Seleksiyonu, *Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi*, 5 (1), 107-111.
- Kendal, E., Sayar, M.S., Tekdal, S., Aktaş, H., ve Karaman, M., 2016, Assesment Of The Impact Of Ecological Faktors On Yield And Quality Parameteres İn Triticale Using GGE Biplot And AMMI Analysis, *Pak. J. Bot.*, 48(5): 1903-1913.
- Khlestkina E.K., and Salina E.A., 2006. SNP Markers: Methods of Analysis, Ways of Development and Comparison on an Example of Common wheat. *Russian J Genet.* 42: 585 594
- Kıran, A. K., 1997, Güneydoğu Anadolu Bölgesinden Toplanan Arpa (*Hordeum vulgare* L.) Genetik Kaynakları Materyalinin Karakterizasyonu, *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 7 (2), 121-135.
- Kılınç, M., Kırtok, Y. ve Yağbasanlar, T., 1992. Çukurova Koşullarına Uygun Arpa Çeşitlerinin Geliştirilmesi Üzerinde Araştırmalar. 2.Arpa-Malt Semineri, 25-27 Mayıs, 205-218, Konya.
- Kızılgeci F, Yıldırım M, Akıncı C, Albayrak O, Sesiz U and Tazebay N 2018. Evaluation of relationships between yield and yield components with physiological parameters in barley (*Hordeum vulgare* L.) genotypes. *DUFED* 7(2): 61-66
- Koçak, M. Z., (2021), Türkiye’ nin Fraklı Lokasyonlarından Elde Edilen Keten (*Linum usitatissimum* L.) Çeşit ve Genotiplerinin Morfolojik ve Moleküler Karakterizasyonu, Doktora Tezi, *Fen Bilimleri Enstitüsü*, Iğdır Üniversitesi, Iğdır, 191.

- Kün E., 1996. Serin İklim Tahılları (III Basım). Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları:1451 Ders Kitabı:322 s., A.Ü. Basımevi, Ankara
- Ling Q, Huan, W and Jarvis P 2011. Use of a SPAD502 meter to measure leaf chlorophyll concentration in *Arabidopsis thaliana*. *Photosynthesis Res.* 107(2): 209-214.
- Liu B. and Wendel J.F., 2001. Inter- Simple Sequence Repeat (ISSR) Polymorphisms as a Genetic Marker System in Cotton. *Molec. Ecol. Not.*1(3): 205-208.
- Metais I., Aubry C., Hamon B., and Jalouzot, R. 2000. Description and Analysis of Genetic Diversity Between Commercial Bean Lines (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theor. Appl. Genet.*, 101: 1207-1214.
- Monostori, L., 2016. “Real-time, cooperative enterprises for customised mass production”, *International Journal of Computer Integrated Manufacturing*, 22(1), ss. 55–68. doi: 10.1080/09511920802369324.
- Nagaoka T. and Ogihara Y. 1997. Applicability of İnter-Simple Sequence Repeat Polymorphism in Wheat for Use As DNA Markers in Comparison to RFLP and RAPD Markers. *Theor. Appl. Genet.* 94: 597- 602.
- Nei, M., Roychoudhury, A. K., 1973. Sampling Variances Of Heterozygosity And Genetic Distance, *Center for Demographic and Population Genetics University of Texas, Houston, Texas 77025*.
- Nesbitt, M., ve Samuel, D., 1996. From staple crop to extinction. The archaeology and history of the hulled wheats. Pp. 41-100, Italy.
- Nishikawa, T., Salomon, B., Komatsuda, T., von Bothmer, R., Kadowaki, K., 2002, Molecular phylogeny of the genus *Hordeum* using three chloroplast DNA sequences, *Genome* 45:1157-1166.
- Öztürk, İ., Avcı, R., Kaya, R., Vulchev, D., Popova, T., Valcheva, D. ve Dimova, D., 2014, Bazı Arpa (*Hordeum vulgare* L.) Genotiplerinin Edirne Koşullarında Verim Ve Bazı Tarımsal Özelliklerinin İncelenmesi, *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 23 (2), 41-48.
- Öztürk, İ., Girgin, V., Avcı, Ç., Kahraman, R., Çiftçigil, T., Tülek, T. H. ve Tuna, B., 2017, Arpada (*Hordeum vulgare* L.) Fizyolojik Parametrelerin Verim ve Agronomik Karakterlere Etkisi, *Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 26, 1-6.
- Pejic I, Ajmone-Marsan P., Morgante M., Kozumplick V., Castiglioni P., Taramino G., and Motto M. 1998. Comparative Analysis of Genetic Similarity Among Maize

- Inbred Lines Detected by RFLPs, RAPDs, AFLPs. *Theor. Appl. Genet.* 97: 1248-1255.
- Prevost A. and Wilkinson M.J. 1999. A New System of Comparing PCR Primers Applied to ISSR Fingerprinting of Potato Cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 98: 107-112.
- Powell R.A, Single H.M and Lloyd K. 1996. Focus groups and mental health research: enhancing the validity of existing questionnaires. *Int. J. Soc. Psychiat* 42: 193-206.
- Reynolds, M., Skovmand, B., Trethowan, R. ve Pfeiffer, W., 2000, Evaluating a conceptual model for drought tolerance, *Molecular approaches for genetic improvement of cereals for stable production in waterlimited environments*, 49-53.
- Russell, J.R., Ellis, R.P., Thomas, W.T.B., Waugh, R., Provan, J., Booth, A., Fuller, J., Lawrence, P., Young, G., and Powell, W., 2000. A retrospective analysis of spring barley germplasm Development from “foundation genotypes” to currently successful cultivars. *Mol. Breed.* 6: 553–568.
- Qian W., Ge S., and Hong D.Y. 2001. Genetic Variation Within and Among Populations of A Wild Rice *Oryza granulata* from China Detected by RAPD and ISSR Markers. *Theor. Appl. Genet.* 102: 440-449.
- Sanchez De La Hoz M.P., Davila J.A., and Loarce Y. 1996. Simple Sequence Repeat Primers Used in Polymerase Chain Reaction Amplifications to Study Genetic Diversity. *Genome* 39: 112-117.
- Schut, J.W., Qi, X., Stam, P. 1997. Association Between Relationship Measures Based on AFLP Markers, Pedigree Data and Morphological Traits in Barley. *Theor. Appl. Genet.* 95: 1161-1168.
- Son, B. (2018), “Eskişehir Koşullarında Bazı Arpa Çeşitlerinde Fizyolojik ve Morfolojik Parametrelerin Belirlenmesi”, Yüksek Lisans Tezi, *Fen Bilimleri Enstitüsü*, Eskişehir Osmangazi Üniversitesi, Eskişehir, 49.
- Strelchenko, P., Kovalyova, O., Okuno, K. 1999. Genetic Differentiation and Geographical Distribution of Barley Germplasm Based on RAPD Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 46: 193-205.
- Tanksley, S.D., Young, N.D., Paterson, A.H., Bonierbale, M.W. 1989. RFLP Mapping in Plant Breeding: New Tools for An Old Science. *Biotechnology* 7: 257-264.

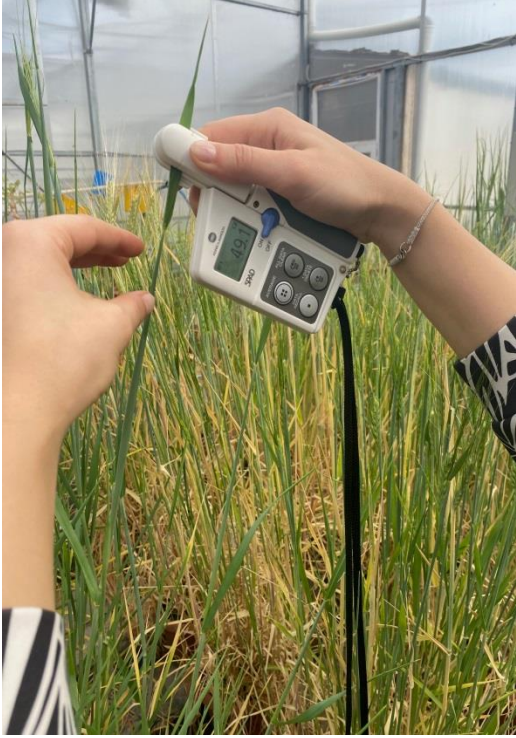
- Tanyolac, B. 2003. Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) and RAPD Variation Among Wild Barley (*Hordeum vulgare* subsp. *spontaneum*) Populations from West Turkey. *Genetic Resources and Crop Evolution* 50: 611-614.
- Terzi, V., Pecchioni, N., Faccioli, P., Kucera, L. And Stanca, A.M. (2001). Phyletic Relationships Within the Genus *Hordeum* Using PCRBased Markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 00:1-0.
- Welsh J., and McClelland J. 1990. Fingerprinting Genomes Using PCR with Ağabeytrary Primers. *Nucleic Acids Res.* 18: 7213-7218.
- Williams J.G.K., Kubelik A.R., Livak K.J., Rafalski J.A., and Tingey S.V. 1990. DNA Polmorphisms Amplified by Arbitrary Primers Are Useful As Genetic Markers *Nucleic Acids Res.* 18: 6531-6535
- Vanhala, T.K. 2004. Exploring And Mapping Genetic Variationin Wild Barley, *Hordeum Spontaneum*, Wageningen University, Postdoktora Tezi, Amsterdam, 4-5.
- Yadav, V., Kumar, P. ve Goyal, M., 2018. Evaluation of Genetic Diversity in Drought Tolerant and Sensitive Varieties of Wheat Using ISSR Markers. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 9(1), 146-153.
- Yan, W., Tinker, N. A. (2005): An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting, and exploring genotype \times environment interaction. – *Crop Science* 45(3): 1004-1016.
- Yıldırım, M. Akıncı, C. Koç, M. Barutçular, C. 2009. Bitki örtüsü serinliği ve klorofil miktarının makarnalık buğday ıslahında kullanım olanakları. *Anadolu Tarım Bilim. Dergisi*, 24(3):158-166.
- Yong-Cui Hou, Ze-Hong Yan, Yu-Ming Wei, You-Liang Zheng. 2005. Genetic Diversity in Barley from West China Based on RAPD and ISSR Analysis. *Barley Genetics Newsletter* 35: 9-22.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., Erkoyuncu, M.T., 2015. Moleküler Markörlerin Bitki Islahında Kullanımı, *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 4 (2):1-12.
- Yüksel, S., İkincikarakaya, S. Ü., Sönmez, A. C., Belen, S. ve Yıldırım, Y., 2017, Eskişehir Ekolojik Koşullarında Bazı Arpa (*Hordeum vulgare* L.) Hat ve Çeşitlerinin Verim ve Verim Ögeleri Üzerine Bir Araştırma, *KSÜ Doğa Bilimleri Dergisi*, 20, 252-257.
- Zadoks, J.C., Chang, T.T., Konzak, C.F. 1974. A Decimal Code for the Growth Stages of Cereals. *Weed Res.*, 14: 415-421.

Zietkiewicz E., Antoni R., and Labuda D. 1994. Genome Fingerprinting by Simple Sequence Repeat (SSR) Anchored Polymerase Chain Reaction Amplification. *Genomics* Vol: 20, Issue 2, 176-183.



EKLER

EK-1. Arpa Bitkisine Ait Sera Fotoğrafları



EK-2 Jaccard Benzerlik İndeksi

	LARENDE	HEVSEL	BARİŞ	BURAKBY	ŞAHİN91	44	82	83	43	45	92	72	47	40	89	50	85
LARENDE	1.000	0.129	0.129	0.258	0.217	0.306	0.302	0.302	0.281	0.286	0.167	0.210	0.349	0.371	0.267	0.333	0.403
HEVSEL	0.871	1.000	0.100	0.203	0.220	0.311	0.306	0.306	0.286	0.344	0.138	0.183	0.355	0.350	0.241	0.281	0.410
BARİŞ	0.871	0.900	1.000	0.172	0.250	0.254	0.306	0.279	0.258	0.317	0.105	0.183	0.381	0.350	0.271	0.310	0.410
BURAKBY	0.742	0.797	0.828	1.000	0.298	0.273	0.298	0.268	0.305	0.339	0.214	0.288	0.407	0.375	0.291	0.269	0.411
ŞAHİN91	0.783	0.780	0.750	0.702	1.000	0.351	0.255	0.316	0.322	0.298	0.263	0.246	0.309	0.333	0.278	0.288	0.340
44	0.694	0.689	0.746	0.727	0.649	1.000	0.226	0.351	0.298	0.304	0.328	0.339	0.375	0.308	0.283	0.294	0.464
82	0.698	0.694	0.694	0.702	0.745	0.774	1.000	0.373	0.232	0.204	0.350	0.333	0.212	0.302	0.278	0.321	0.400
83	0.698	0.694	0.721	0.732	0.684	0.649	0.627	1.000	0.350	0.356	0.322	0.333	0.424	0.393	0.368	0.321	0.429
43	0.719	0.714	0.742	0.695	0.678	0.702	0.768	0.650	1.000	0.148	0.300	0.254	0.222	0.212	0.255	0.327	0.404
45	0.714	0.656	0.683	0.661	0.702	0.696	0.796	0.644	0.852	1.000	0.361	0.317	0.226	0.250	0.259	0.302	0.321
92	0.833	0.862	0.895	0.786	0.737	0.672	0.650	0.678	0.700	0.639	1.000	0.224	0.373	0.339	0.189	0.327	0.345
72	0.790	0.817	0.817	0.712	0.754	0.661	0.667	0.667	0.746	0.683	0.776	1.000	0.268	0.291	0.236	0.309	0.414
47	0.651	0.645	0.619	0.593	0.691	0.625	0.788	0.576	0.778	0.774	0.627	0.732	1.000	0.294	0.302	0.314	0.365
40	0.629	0.650	0.650	0.625	0.667	0.692	0.698	0.607	0.788	0.750	0.661	0.709	0.706	1.000	0.187	0.340	0.453
89	0.733	0.759	0.729	0.709	0.722	0.717	0.722	0.632	0.745	0.741	0.811	0.764	0.698	0.813	1.000	0.314	0.396
50	0.667	0.719	0.690	0.731	0.712	0.706	0.679	0.679	0.673	0.698	0.673	0.691	0.686	0.660	0.686	1.000	0.312
85	0.597	0.590	0.590	0.589	0.660	0.536	0.600	0.571	0.596	0.679	0.655	0.586	0.635	0.547	0.604	0.688	1.000
73	0.800	0.767	0.738	0.661	0.764	0.727	0.764	0.702	0.818	0.782	0.754	0.741	0.808	0.750	0.808	0.667	0.618
198	0.783	0.780	0.780	0.672	0.778	0.649	0.627	0.745	0.768	0.732	0.800	0.754	0.691	0.667	0.722	0.745	0.692
169	0.726	0.750	0.780	0.732	0.778	0.621	0.655	0.714	0.737	0.764	0.737	0.724	0.691	0.636	0.661	0.712	0.660
90	0.698	0.667	0.694	0.617	0.778	0.709	0.811	0.627	0.768	0.830	0.678	0.695	0.788	0.765	0.722	0.618	0.600
76	0.587	0.581	0.607	0.579	0.712	0.554	0.618	0.618	0.614	0.667	0.586	0.661	0.686	0.596	0.593	0.673	0.688
74	0.738	0.705	0.763	0.745	0.727	0.788	0.759	0.667	0.815	0.811	0.719	0.707	0.704	0.745	0.769	0.692	0.554
41	0.738	0.793	0.825	0.811	0.792	0.722	0.667	0.759	0.750	0.684	0.849	0.737	0.614	0.745	0.769	0.760	0.642
42	0.710	0.763	0.825	0.684	0.727	0.691	0.638	0.667	0.690	0.684	0.782	0.737	0.614	0.712	0.673	0.725	0.673
75	0.738	0.733	0.793	0.655	0.759	0.661	0.638	0.696	0.690	0.684	0.750	0.800	0.643	0.679	0.673	0.725	0.611
79	0.810	0.778	0.806	0.733	0.746	0.656	0.661	0.717	0.710	0.705	0.767	0.783	0.667	0.617	0.667	0.684	0.583
63	0.733	0.645	0.672	0.621	0.691	0.655	0.603	0.661	0.655	0.679	0.655	0.672	0.607	0.673	0.667	0.755	0.604
88	0.767	0.733	0.793	0.714	0.696	0.691	0.667	0.727	0.750	0.745	0.815	0.737	0.643	0.712	0.769	0.660	0.673

EK-2.Devami

	LARENDE	HEVSEL	BARIŞ	BURAKBY	ŞAHİN91	73	198	169	90	76	74	41	42	75	79	63	88
LARENDE	1.000	0.129	0.129	0.258	0.217	0.200	0.217	0.274	0.302	0.413	0.262	0.262	0.290	0.262	0.190	0.267	0.233
HEVSEL	0.871	1.000	0.100	0.203	0.220	0.233	0.220	0.250	0.333	0.419	0.295	0.207	0.237	0.267	0.222	0.355	0.267
BARIŞ	0.871	0.900	1.000	0.172	0.250	0.262	0.220	0.220	0.306	0.393	0.237	0.175	0.175	0.207	0.194	0.328	0.207
BURAKBY	0.742	0.797	0.828	1.000	0.298	0.339	0.328	0.268	0.383	0.421	0.255	0.189	0.316	0.345	0.267	0.379	0.286
ŞAHİN91	0.783	0.780	0.750	0.702	1.000	0.236	0.222	0.222	0.222	0.288	0.273	0.208	0.273	0.241	0.254	0.309	0.304
44	0.694	0.689	0.746	0.727	0.649	0.273	0.351	0.379	0.291	0.446	0.212	0.278	0.309	0.339	0.344	0.345	0.309
82	0.698	0.694	0.694	0.702	0.745	0.236	0.373	0.345	0.189	0.382	0.241	0.333	0.362	0.362	0.339	0.397	0.333
83	0.698	0.694	0.721	0.732	0.684	0.298	0.255	0.286	0.373	0.382	0.333	0.241	0.333	0.304	0.283	0.339	0.273
43	0.719	0.714	0.742	0.695	0.678	0.182	0.232	0.263	0.232	0.386	0.185	0.250	0.310	0.310	0.290	0.345	0.250
45	0.714	0.656	0.683	0.661	0.702	0.218	0.268	0.236	0.170	0.333	0.189	0.316	0.316	0.316	0.295	0.321	0.255
92	0.833	0.862	0.895	0.786	0.737	0.246	0.200	0.263	0.322	0.414	0.281	0.151	0.218	0.250	0.233	0.345	0.185
72	0.790	0.817	0.817	0.712	0.754	0.259	0.246	0.276	0.305	0.339	0.293	0.263	0.263	0.200	0.217	0.328	0.263
47	0.651	0.645	0.619	0.593	0.691	0.192	0.309	0.309	0.212	0.314	0.296	0.386	0.386	0.357	0.333	0.393	0.357
40	0.629	0.650	0.650	0.625	0.667	0.250	0.333	0.364	0.235	0.404	0.255	0.255	0.288	0.321	0.383	0.327	0.288
89	0.733	0.759	0.729	0.709	0.722	0.192	0.278	0.339	0.278	0.407	0.231	0.231	0.327	0.327	0.333	0.333	0.231
50	0.667	0.719	0.690	0.731	0.712	0.333	0.255	0.288	0.382	0.327	0.308	0.240	0.275	0.275	0.316	0.245	0.340
85	0.597	0.590	0.590	0.589	0.660	0.382	0.308	0.340	0.400	0.312	0.446	0.358	0.327	0.389	0.417	0.396	0.327
73	0.800	0.767	0.738	0.661	0.764	1.000	0.170	0.268	0.204	0.421	0.222	0.255	0.316	0.316	0.267	0.321	0.222
198	0.783	0.780	0.780	0.672	0.778	0.830	1.000	0.154	0.316	0.352	0.273	0.173	0.208	0.173	0.224	0.245	0.208
169	0.726	0.750	0.780	0.732	0.778	0.732	0.846	1.000	0.255	0.288	0.241	0.208	0.208	0.208	0.193	0.368	0.241
90	0.698	0.667	0.694	0.617	0.778	0.796	0.684	0.745	1.000	0.352	0.208	0.304	0.273	0.273	0.311	0.368	0.273
76	0.587	0.581	0.607	0.579	0.712	0.579	0.648	0.712	0.648	1.000	0.370	0.340	0.340	0.308	0.373	0.407	0.340
74	0.738	0.705	0.763	0.745	0.727	0.778	0.727	0.759	0.792	0.630	1.000	0.226	0.291	0.291	0.271	0.327	0.226
41	0.738	0.793	0.825	0.811	0.792	0.745	0.827	0.792	0.696	0.660	0.774	1.000	0.192	0.226	0.271	0.296	0.192
42	0.710	0.763	0.825	0.684	0.727	0.684	0.792	0.792	0.727	0.660	0.709	0.808	1.000	0.120	0.271	0.264	0.226
75	0.738	0.733	0.793	0.655	0.759	0.684	0.827	0.792	0.727	0.692	0.709	0.774	0.880	1.000	0.179	0.264	0.226
79	0.810	0.778	0.806	0.733	0.746	0.733	0.776	0.807	0.689	0.627	0.729	0.729	0.729	0.821	1.000	0.333	0.241
63	0.733	0.645	0.672	0.621	0.691	0.679	0.755	0.632	0.632	0.593	0.673	0.704	0.736	0.736	0.667	1.000	0.327
88	0.767	0.733	0.793	0.714	0.696	0.778	0.792	0.759	0.727	0.660	0.774	0.808	0.774	0.774	0.759	0.673	1.000

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Gülistan BALKAYA

EĞİTİM

Derece	Adı, İlçe, İl	Bitirme Yılı
Lise	: Muş Cumhuriyet Lisesi Merkez, Muş	2010
Üniversite	: Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Van	2014
Yüksek Lisans	: Muş Alparslan Üniversitesi, Muş	2023

İŞ DENEYİMLERİ

Yıl	Kurum	Görevi
2016-2017	Van Ticaret Borsası	Ziraat Mühendisi
2019- Halen	Başhan Tarımsal Ürünler	Ziraat Mühendisi

UZMANLIK ALANI

Bitki Koruma

YAYINLAR

Baran, N., Karaman, M., Balkaya, G. 2022. Buğdayda Kullanılan Moleküler Markör Yöntemleri ve Çalışma Prensipleri. Tarla Bitkilerinde Ekonomik Öneme Sahip Stratejik Ürünlerin Araştırılması, Bölüm 8, İksad Yayınevi, ISBN: 978-625-8246-53-7 Ankara.