

**KENDİLENMİŞ MISIR HATLARININ
MOLEKÜLER VE MORFOLOJİK
KARAKTERİZASYONU**

Abdurrahman Eşref ÖZBEY

**Yüksek Lisans Tezi
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı
Danışman: Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT**

2019

T.C.
TEKİRDAĞ NAMIK KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**KENDİLENMİŞ MISIR HATLARININ MOLEKÜLER VE
MORFOLOJİK KARAKTERİZASYONU**

Abdurrahman Eşref ÖZBEY

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

DANIŞMAN: PROF. DR. KAYIHAN Z. KORKUT

TEKİRDAĞ-2019

Her hakkı saklıdır

Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT danışmanlığında, Abdurrahman Eşref ÖZBEY tarafından hazırlanan “Kendilenmiş Mısır Hatlarının Moleküler ve Morfolojik Karakterizasyonu” isimli bu çalışma aşağıdaki jüri tarafından Tarla Bitkileri Anabilim Dalı’nda yüksek lisans tezi olarak oy birliği ile kabul edilmiştir.

Juri Başkanı : Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT

İmza :

Üye : Prof. Dr. İsmet BAŞER

İmza :

Üye : Doç. Dr. Fatih KAHRIMAN

İmza :

Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulu adına

Doç. Dr. Bahar UYMAZ
Enstitü Müdürü

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

KENDİLENMİŞ MISIR HATLARININ MOLEKÜLER VE MORFOLOJİK KARAKTERİZASYONU

Abdurrahman Eşref ÖZBEY

Tekirdağ Namık Kemal Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman : Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT

Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından geliştirilmiş olan 30 kendilenmiş mısır hattı morfolojik ve moleküler olarak tanımlanmıştır. Morfolojik tanımlamada 34 özellik (UPOV) ele alınmış ve hatların Kümeleme Analizi sonucunda iki gruba ayrıldığı görülmüştür. Yine Temel Bileşenler Analizi ile yapılan değerlendirmede gözlemlenen 34 karakter yerine 18 karakterin popülasyonu açıklamaya yeterli olacağı görülmüştür. Moleküler analiz çalışmaları 25 SSR markörü ile gerçekleştirilmiştir. Toplam allel sayısı 121, ortalama allel sayısı 4.84 bulunmuş olup, allel sayısı 2 ile 7 arasında değişmiştir. Polimorfizm bilgi içeriği ortalama 0.59 olarak hesaplanmış olup, 0.15 ile 0.78 arasında değişmiştir. Moleküler analizler sonucu yapılan Kümeleme Analizinde hatların üç gruba ayrıldığı görülmüştür. Elde Hatlar arası benzerlik katsayıları 0.08 ile 0.78 arasında değişmiştir. Morfolojik ve moleküler veriler arasında tam bir bağlantı bulunamamıştır. Her iki dendrogram da incelendiğinde birçok hattın farklı gruplar altında dağılım gösterdiğini görmekteyiz. Bu çalışma ile elde edilen veriler, yapılacak melez kombinasyonlarında kullanılarak daha verimli melez kombinasyonlarının oluşturulmasına katkı sağlayabilir. Melez kombinasyonlarında kullanılacak hatların sadece morfolojik olarak değil, artık günümüzde yoğun olarak kullanılan moleküler yöntemlerle de değerlendirilmesi gerekmektedir.

Anahtar kelimeler: Mısır, kendilenmiş hat, SSR, UPOV, Temel Bileşenler Analizi

2019, 58 sayfa

ABSTRACT

MSc. Thesis

MOLECULAR AND MORPHOLOGICAL CHARACTERISATION OF MAIZE INBRED LINES

Abdurrahman Eşref ÖZBEY

Tekirdağ Namık Kemal University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Field Crops

Supervisor : Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT

The 30 inbred maize lines, which were improved by the Sakarya Maize Research Institute, were identified as morphological and molecular. 34 morphological characters (UPOV) were studied and the lines were divided into three groups as a result of clustering analysis. According to the principal component analysis, it was observed that 18 characters would be sufficient to explain the population instead of the 34 characters. Molecular analysis studies were performed with 25 SSR markers. The total number of alleles was 121, the average allele number was 4.84, and the allele number varied between 2 and 7. The polymorphism information content (PIC) was calculated as 0.59 and ranged between 0.15 and 0.78. As a result of molecular analysis, it was seen that the lines were divided into four groups. The similarity coefficients between the lines varied between 0.08 and 0.78. There isn't any significant link between morphological and molecular data. When both dendograms are examined, many lines are distributed under different groups. The data obtained with this study will contribute to more efficient hybrid combinations. The lines to be used in hybrid combinations should be evaluated not only morphologically but also with molecular methods which are used extensively today.

Keywords : Maize, inbred line, SSR, UPOV, principal component analysis

2019, 58 pages

TEŞEKKÜR

Yüksek Lisans eğitimim boyunca, araştırmamın düzenlenmesi, gerçekleştirilmesi ve değerlendirilmesi sırasında bana yol gösteren ve destekleyen, Danışman Hocam Sayın Prof. Dr. Kayıhan Z. KORKUT'a teşekkürlerimi sunarım.

Yüksek Lisans tez çalışmam boyunca her türlü desteği esirgemedi sunan yüksek lisans tez jürimde yer alan hocalarım; Sayın Prof. Dr. İsmet BAŞER'e, Sayın Doç. Dr. Fatih KAHRIMAN'a, Sayın Prof. Dr. Oğuz BİLGİN'e, Sayın Prof. Dr. Mevlüt AKÇURA'ya yaptığı değerli katkılarından dolayı teşekkür ederim.

Moleküler analiz çalışmalarında, Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü laboratuvarlarındaki imkanlardan faydalanmamı sağlayan Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü'nden Sayın Prof. Dr. Ali ERGÜL'e ve yardımlarından dolayı Dr. Canan YÜKSEL'e teşekkür ederim.

Yüksek Lisans Çalışmalarım boyunca her türlü kurumsal desteği sağlayan Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürü Sayın Yavuz AĞI'ya, beraber çalışmaktan onur duyduğum tez çalışmam boyunca her türlü desteğini aldığım Dr. Mesut ESMERAY'a, çalışmalarımda her türlü bilgi birikimini paylaşan ve yol gösteren Islah Genetik Bölüm Başkanı Sayın Dr. Rahime CENGİZ'e ve Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü çalışanlarına ayrıca teşekkür ederim.

Çalışmam süresince manevi desteğini benden esirgemeyen değerli eşim Fatma Zehra'ya, oğlum Ahmet Mirza'ya ve kızım Zeynep Eslem'e teşekkür ederim.

Bu tez çalışması, Tarımsal Arařtırmalar ve Politikalar Genel M¼d¼rl¼ę¼ tarafından TAGEM/TBAD/12/A12/P03/01-001 no'lu proje ile desteklenmiřtir.

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET	i
ABSTRACT	ii
TEŞEKKÜR	iii
İÇİNDEKİLER	v
ÇİZELGELER DİZİNİ	vi
ŞEKİLLER DİZİNİ	vii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	viii
1. GİRİŞ	1
2. KAYNAK ÖZETLERİ	3
3. MATERYAL ve YÖNTEM	8
3.1. Materyal.....	8
3.2. Çalışmada Yapılan Ölçüm ve Analizler	8
3.2.1. Morfolojik ölçümler	8
3.2.2. Moleküler analizler.....	10
3.3. Verilerin Değerlendirilmesi ve İstatistik Analizler	15
3.3.1. Morfolojik ölçüm verilerinin değerlendirilmesi	15
3.3.2. Moleküler analiz sonuçlarının değerlendirilmesi	16
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA	18
4.1. Morfolojik Ölçüm Değerlendirmeleri	18
4.1.1. Morfolojik özellikler bakımından standart hatlar ile mae hatlarının karşılaştırılması ...	18
4.1.1.1. Yaprak ve gövde özellikleri bakımından karşılaştırmalar	18
4.1.1.2. Püskül özelliklerine göre karşılaştırmalar	21
4.1.1.3. Bitki ve koçan özellikleri bakımından karşılaştırmalar	26
4.1.2. Morfolojik özelliklere ilişkin temel bileşen analizi sonuçları	31
4.1.3. Morfolojik ölçümlere ait kümeleme analizi sonuçları.....	35
4.2. Moleküler Analiz Değerlendirmeleri	36
4.2.1. Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları	36
4.2.2. Kullanılan SSR primerleri ile ilgili sonuçlar	37
4.2.3. Moleküler verilerle yapılan kümeleme analizi sonuçları	39
4.3. Morfolojik ve Moleküler Verilerle Elde Edilen Sonuçların Karşılaştırılması	40
5. SONUÇ	42
5.1. Hatlar Arasındaki Farklılığın Morfolojik Özelliklere Göre Değerlendirilmesi	42
5.2. Hatlar Arasındaki Farklılığın Moleküler Özelliklere Göre Değerlendirilmesi	43
6. KAYNAKLAR	45
EKLER	48
ÖZGEÇMİŞ	58

ÇİZELGE DİZİNİ

Sayfa

Çizelge 2.1.	Bitki ıslahında kullanılan markör sistemlerinin karşılaştırılması	6
Çizelge 3.1.	Materyal olarak kullanılan kendilenmiş mısır hatları	8
Çizelge 3.2.	Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme şekilleri	9
Çizelge 3.3.	Kullanılan SSR lokuslarına ait primerlerin bazı özellikleri	14
Çizelge 4.1.	Tüm morfolojik ölçümlere ilişkin TB analizinde yükleme değeri ve boyutlara göre açıklanan varyansın değişimi	32
Çizelge 4.2.	Seçilen 19 morfolojik ölçüm verisi ile gerçekleştirilen TBA analizinde yükleme değeri ve boyutlara göre açıklanan varyansın değişimi	33
Çizelge 4.3.	Standartlar ve MAE hatlarına ait gruplardan elde edilen SSR verilerine ait moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları	37
Çizelge 4.4.	Çalışılan lokuslardaki allel sayıları, allel büyüklükleri (bç), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) değeri, ve polimorfizm bilgi içeriği (PBI) değeri	38

ŞEKİL DİZİNİ

	<u>Sayfa</u>
Şekil 3.1.	DNA izolasyonundan sonra %1'lik agaroz jel görüntüsü 12
Şekil 3.2.	Örnek allel görüntüleri 13
Şekil 4.1.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların yaprak ve gövde özelliklerine (UPOV1, UPOV2, UPOV3, UPOV4) göre kıyaslanması 19
Şekil 4.2.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların yaprak ve gövde özelliklerine (UPOV5, UPOV6, UPOV18, UPOV24) göre kıyaslanması 20
Şekil 4.3.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV7, UPOV8, UPOV9, UPOV10) göre kıyaslanması 23
Şekil 4.4.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV11, UPOV12, UPOV13, UPOV14) göre kıyaslanması..... 24
Şekil 4.5.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV15, UPOV16, UPOV17, UPOV19) göre kıyaslanması..... 25
Şekil 4.6.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV20, UPOV21) göre kıyaslanması 26
Şekil 4.7.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların bitki ve koçan özelliklerine (UPOV22, UPOV23, UPOV25, UPOV26) göre kıyaslanması 28
Şekil 4.8.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların bitki ve koçan özelliklerine (UPOV27, UPOV28, UPOV29, UPOV30) göre kıyaslanması 29
Şekil 4.9.	Denemeye alınan hatlar ile standart hatların bitki ve koçan özelliklerine (UPOV31, UPOV32, UPOV33, UPOV34) göre kıyaslanması 30
Şekil 4.10.	Morfolojik özelliklere ait verilerle oluşturulan PCA-Biplot analiz grafiği 35
Şekil 4.11.	Morfolojik ölçüm verilerine dayalı olarak oluşturulan kümeleme dendogramı 36
Şekil 4.12.	Moleküler analizlerde kullanılan primerlerden elde edilen baz çifti (bp) verilerine dayalı olarak oluşturulan kümeleme dendogramı 40
Şekil 4.13.	UPOV verileri ve moleküler verilerle oluşturulan dendogramların karşılaştırılması 41

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

°C	santigrat derece
A.B.D.	Amerika Birleşik Devletleri
AFLP	Amplified Fragment Length Polymorphism (çoğaltılan parça uzunluğu farklılığı)
bç	baz çifti
bp	base pair (baz çifti)
BSSS	Iowa Stiff Stalk Synthetic
CIMMYT	The International Maize and Wheat Improvement Center
cm	santimetre
CTAB	cetyltrimethylammonium bromide
da	dekar
DNA	deoksiribonükleikasit
dNTP	deoksi-nükleotit trifosfat
dk	dakika
EDTA	ethylenediaminetetraacetic acid
F	forward
FAO	Food Agricultural Organization
g	gram
H ₂ O	su
ha	hektar
K ₂ O	potasyum
kg	kilogram
m	metre
M	molar
MAE	Mısır Araştırma Enstitüsü
MgCl ₂	magnezyum klorür
ml	mililitre
mm	milimetre
mM	milimolar
N	azot
n	the number of alleles (allel sayısı)
ng	nanogram
NTSYSpc	Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System
P ₂ O ₅	fosfor
PCA	Principial Component Analysis
PCR	Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu-PZR)
pH	potansiyel hidrojen
PI	Probability of Identity (tanımlama olasılığı)
PIC	Polymorphism Information Content
pmol	picomole
ppm	parts per million
PVP	polyvinylpyrrolidone
QPM	Quality Protein Maize
QTL	Quantitative Trait Loci
R	reverse
RAPD	Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	Restriction Fragment Length Polymorphisms
RNA	ribonucleic acid

RNase	ribonükleaz
rpm	round per minute (dakikadaki dönüş sayısı)
SNP	Single Nucleotid Polymorphism
SRAP	Sequence-Related Amplified Polymorphism
SSR	Simple Sequence Repeats (basit dizi tekrarları)
TAGEM	Tarımsal Araştırmalar ve Politikalar Genel Müdürlüğü
TB	Temel Bileşenler
TBA	Temel Bileşenler Analizi
TBE	Tris-Borik Asit-EDTA Çözeltisi
TE	Tris-EDTA Çözeltisi
Tm	melting temperature
TRIS	(hydroxymethyl) aminomethane
UPGMA	Unweighted Pair-Group Method With Arithmetical Averages
µl	mikrolitre

1. GİRİŞ

Mısır (*Zea mays* L.; $2n=20$), hem insan ve hayvan beslenmesinde ve hem de endüstride geniş kullanım alanına sahip bir sıcak iklim tahılıdır. Dünya nüfusunun hızla artmasına paralel olarak yem ve gıda sanayinde mısıra olan talep gün geçtikçe artarak devam etmektedir.

Dünya toplam mısır üretimi 2017 yılında 1078.5 milyon ton olarak gerçekleşmiştir. Türkiye'nin, bu üretimdeki payı 6.4 milyon ton olmuştur (Anonim 2017).

Mısır ıslahı çalışmalarında, özellikle 20. yüzyılın ikinci yarısından itibaren, hibrit mısır ıslahına yönelmesiyle verim konusunda büyük aşamalar kaydedilmiştir. Hibrit mısır ıslahı programlarının son yıllarda biyoteknolojik yöntemlerle desteklenmesi, ıslah programının etkinliğini artırmış, süreci kısaltmıştır.

Hibrit mısır ıslahının temeli kendilenmiş mısır hatların geliştirilmesidir. Geliştirilen kendilenmiş hatlardan hangilerinin hibrit mısır elde edilmesinde kullanılacağı o hatların moleküler ve morfolojik açılarından çok iyi tanımlanmasına bağlıdır.

Mısır hatlarının tanımlanması morfolojik ve moleküler olarak yapılabilmektedir. Morfolojik olarak UPOV tarafından belirlenmiş olan özelliklerin gözlemlenmesi ile moleküler olarak da genetik markörlerle (SSR, SNP gibi) taranması bizlere kullanılan materyalle ilgili veriler sağlayabilmektedir.

Hatların özelliklerinin bilinmesi ıslah programlarında melez kombinasyonlarının oluşturulmasında önemli bir adım olsa da, bu hatların heterotik gruplandırılması ve heterotik desenlerinin (paternlerinin) oluşturulması da gerekmektedir. Tüm bu çalışmalarda asıl amaç, özellikle hatlar arasındaki melezlerde heterosisin en yüksek seviyede ortaya çıkarılmasının sağlanmasıdır.

Heterosis mısırdaki yoğun olarak çalışılmaktadır. Çünkü; (i) tane verimi için geniş ifadesi, (ii) hibrit mısır ıslahında yoğun kullanımı ve (iii) geniş çoğaltım faktörü ve hem kendine ve hem de kontrollü melezleme kolaylığı gibi uygun biyolojik önkoşullar heterosis çalışmalarını kolaylaştırmaktadır. Birçok hipotez heterosisi açıkladığını iddia etmesine rağmen; genetik, fizyolojik ve biyokimyasal esasları hala geniş bir şekilde açıklanamamıştır (Reif ve ark. 2005).

Heterosis, hat ıslahı hariç tüm ıslah yöntemlerinde verim üzerine önemli bir etkiye sahiptir (Schnell 1982). Heterosisi sistemli olarak hibrit ıslahında kullanmak için heterotik grup ve desen kavramları öne sürülmüştür. Bir ıslah programının en önemli unsuru heterotik

desenin tanımlanması ve kullanılmasıdır. Bu tanımlama tüm takip eden ıslah faaliyetlerini hem kolaylaştırır ve hem de etkinliğini artırır (Sprague 1984).Melchinger ve Gumber (1998), bir heterotik grubu ve heterotik deseni tanımlamışlardır. Genetik olarak farklı germplasm gruplarından genotipler ile melezlendiğinde, benzer kombinasyon yeteneği ve heterotik yanıt gösteren aynı ya da farklı popülasyonlardan ilişkili ya da ilişkisiz genotipler heterotik gruptur. Buna karşılık, hibritlerinde yüksek heterosis ve dolayısıyla yüksek hibrit performansını ifade eden iki heterotik grubun belirli bir çifti heterotik desen anlamına gelir. Heterotik desenlerin ürün geliştirmede kuvvetli etkileri vardır çünkü bunlar büyük ölçüde uzun bir süre boyunca bir hibrit üretim programında önceden belirlenmiş ve kullanılmış gen kaynaklarıdır.

Bu çalışma ile Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından geliştirilmiş kendilenmiş mısır hatlarının bazılarında; (i) morfolojik ve SSR markörleri ile farklılıklarının ortaya çıkarılması, (ii) bu verilere dayanılarak bu hatların gruplandırılması, hatlar arası genetik uzaklıklar dikkate alınarak, bu materyaller ile yürütülecek ıslah çalışmalarına katkı sağlamak amaçlanmıştır.

2. KAYNAK ÖZETLERİ

Moleküler markör analizleri; gen kaynakları ve genetik benzerlikleri arařtırmak ve nitelendirmek için güçlü bir araçtır (Powell ve ark. 1996). Son 20 yıldan beri çok farklı moleküler markör tekniđi geliřtirilmiř olup bunlardan bazıları RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polimorphic DNAs), AFLP (Amplified Fragment Length Polimorphisms), SSR (Simple Sequence Repeats) ve SNP (Single Nucleotide Polymorphism)'dır. Bu markörler birçok bitki türünde başarıyla kullanılmıřtır. Moleküler markörler çevresel faktörlerden etkilenmemeleri nedeniyle morfoloji ve pedigri bilgileriyle kıyaslandığında, genetik kaynaklarda çeřitliliđi belirlemek için oldukça yararlı araçlardır. Bir moleküler markör, kalıtımı güvenilir şekilde belirlenebilen, bir protein ve DNA deđiřkenidir (Jones ve ark. 1997). Pedigri ve morfolojik bilgilerle kıyaslandığında, moleküler markörler genotipler arasındaki farklılıkları, gen kaynaklarının korunması ve kullanımı için DNA düzeyinde doğrudan güvenilir ve etkili bir araç olarak ortaya koyar. Sonuç olarak, arařtırmacılar moleküler markörler kullanımını genetik çeřitlilik çalışmalarında birçok bitkiye adapte etmiřlerdir.

Mikrosatellitler, ko-dominant kalıtım özelliđi göstermeleri (Beckman ve Soller 1990), lokusa özgü olmaları (Condit ve Hubbel 1991, Röder ve ark. (1995) genom içinde düzgün yayılıř göstermeleri (Liu ve ark. 1996, Taramino ve Tingey 1996, Röder ve ark. 1998) ve genom hakkında diđer moleküler markörlere göre daha fazla bilgi vermeleri yanında PCR'a dayalı bir teknik olmasından dolayı çok arzu edilen ve birçok bitki türünde kullanılan bir DNA markörüdür.

Genetik çeřitliliđin saptanmasında birçok moleküler markör kullanılmasına rađmen, mikrosatellit (SSR) moleküler markörleri mısır bitkisinde alıřılan popölasyonlar hakkında daha detaylı bilgi verdiđi için tercih edilmektedir (Matsuoka ve ark. 2002a). Mikrosatellit (SSR) moleküler markörler mısır bitkisinde bađlılık ve QTL haritalarının ıkarılması (Ragot ve ark. 1999), genetik çeřitliliđin saptanması (Chin ve ark. 1996, Senior ve ark. 1998, Grenier ve ark. 2000, Lu ve Bernardo 2001, Gethi ve ark. 2002) ve mısır bitkisinin evrimi (Matsuoka ve ark. 2002b) üzerinde yapılan alıřmalarda yoğun olarak kullanılmıřtır.

Senior ve ark. (1998) farklı iki orijinli (Mısır Kuřađı Bölgesi ve Güney Mısır Kuřađı Irkları) 94 kendilenmiř mısır hattıyla genetik çeřitliliđi arařtırdıkları alıřmada 70 SSR primeri (mısır genomuna dađılmıř şekilde) kullanmıřlardır. Allel sayısının 2 ile 23 arasında deđiřim gösterdiđini, lokus başına düşen ortalama allel sayısının 5 olduđunu ve toplam allel sayısının ise 365 olduđunu bildirmişlerdir. SSR lokusları için PIC deđerinin 0.17 ile 0.92

arasında deęişim gösterdiğini, ortalama PIC (Polymorphism Information Content) deęerinin 0.59 olduęunu, allel büyüklüęünün ise 74 bç (baz çifti) ile 266 bç arasında deęiştiiğini saptamışlardır. Çalıştıkları materyalde, bilinen pedigrilerle genetik uzaklıęın uygunluk gösterdiğini bulmuşlardır.

Warburton ve ark. (2002), 7 popülasyon ve 57 kendilenmiş mısır hattında, 85 SSR markörü kullanarak yaptıkları moleküler karakterizasyon çalışmasında, ortalama allel sayısını 4.9 ve toplam allel sayısını 416, popülasyonlarda ise sırasıyla 6.3 ve 531 allel elde etmişlerdir. PIC deęerinin 0.46 ile 0.85 arasında deęişim gösterdiğini bulmuşlardır. 85 SSR içinde 53 adedinin mısır genotiplerinde yüksek polimorfizm gösterdiklerini bildirmişlerdir. Yaptıkları Kümeleme Analizinde popülasyonların üç gruba ayrıldığını ve buna ilave olarak, popülasyon içi genetik varyasyonun, popülasyonlar arasındakinden daha yüksek olduęunu açıklamışlardır.

Kozhukhova ve Sivolap (2004), 17 tek melez ve 23 saf mısır hattında 10 SSR primeri kullanmışlardır. Yaptıkları PCR analizlerinde kullanılan lokusların genotipleri ayırmak açısından yeterince bilgi verici olduklarını bildirmişlerdir. SSR lokuslarından elde ettikleri allel sayısının 2 ile 5 arasında deęişim gösterdiğini, ortalama allel sayısının ise 2.8 olduęunu bulmuşlardır. Gen çeşitlilięi (H_e deęeri) 0.40 ile 0.70 arasında deęişim gösterdiğini, ortalamanın ise 0.53 olduęunu saptamışlardır. SSR analizinin, tekli melezler arasında her lokusta heterozigotluęu ortaya çıkardığından ebeveyn tanımlanmasında ve mısır genotiplerinin kataloglanması, korunması ve ıslahta kullanılması açısından etkili bir yöntem olduęunu bildirmişlerdir.

Le Clerck ve ark. (2005) Fransa'da 50 yıldır yetiştirilmekte olan 123 (tek, çift ve üçlü melez) mısır çeşidi ve 10 popülasyondaki genetik çeşitlilięi incelemek amacıyla 51 SSR markörü kullanmışlardır. Çalışmada kullandıkları çeşitleri 4 guruba ayırıp (1975 öncesi, 1976-1985 arası, 1986-1995 arası ve 1996 sonrası çeşitler), allelik zenginlik, genetik çeşitlilik ve genetik farklılıkları bakımından, her grubu kendi içinde deęerlendirmişlerdir. Toplam 239 allel bulmuşlar ve her grubun lokus başına düşen allel sayısının sırasıyla 4.5, 3.6, 3.9 ve 3.6 olduęunu bildirmişlerdir. Gen çeşitlilięinin (H_e) 0.56 ile 0.61 arasında deęişim gösterdiğini ve ortalama gen çeşitlilięinin 0.59 olduęunu bildirmişlerdir. En yüksek genetik çeşitlilięin 1975 öncesi çeşitlerden elde edildiğini, dięer üç grubun birbirine benzerlik gösterdiğini kaydetmişlerdir. Mısır çeşitlerinin genetik çeşitliliklerini giderek kaybettikleri ve var olan çeşitlerin genetik tabanının birbirine yaklaştığı sonucuna varmışlardır.

Hoxha ve ark. (2004), 20 Arnavutluk yerel mısır popülasyonu genetik çeşitlilięini 20 SSR primeri ile deęerlendirmişlerdir. Her SSR lokusu başına düşen ortalama allel sayısını 9.1 olarak belirlemişlerdir. PIC deęerini ortalama 0.71 olarak bulmuşlardır. Moleküler varyans

analizinde popülasyon içinde genetik çeşitliliği %59, popülasyonlar arasında genetik çeşitliliği %41 saptamışlardır. Bu sonuçlara göre Arnavutluk yerel mısır popülasyonlarının yüksek genetik çeşitliliği gösterdikleri ve ıslahçılar tarafından kullanılabilir olduğunu bildirmişlerdir.

Xia ve ark. (2004), CIMMYT tarafından geliştirilmiş 155 tropikal mısır hattı 79 SSR markör ile genetik çeşitliliği araştırmışlardır. Lokus başına ortalama allel sayısını 7.4 ve allel sayılarının 2 ile 18 arasında değiştiğini bulmuşlardır. PIC 0.13 ile 0.87 arasında değişim göstermiş ve ortalama 0.60 olarak tespit etmişlerdir.

Laborda ve ark. (2005) yapmış oldukları bir çalışmada 85 tropik kökenli mısır saf hattında SSR primeri kullanmışlardır. SSR lokuslarını genomu en iyi şekilde temsil edecek biçimde mısır kromozomlarının 10'una da dağılmış bir şekilde uygulamışlardır. Toplam 262 allel ve ortalama 5.2 allel bulmuşlardır. SSR için PIC değeri 0.24 ile 0.90 arasında bulunurken ortalama PIC değerini 0.61 olarak bulmuşlardır. Bu markör tekniklerini kullanarak hatlar arasında çeşitliliğin önemli ve polimorfizmin yüksek olduğunu ortaya koymuşlardır. Kümeleme Analizini kullanarak grupları ve alt grupları belirlemeye çalışmışlar fakat iyi ayrılmış bir grup oluşturamamışlardır. Üç farklı genetik uzaklık katsayısını (Jaccard, değiştirilmiş Roger ve moleküler coancestry katsayısı) kullanarak elde ettikleri gruplarla yine aynı sonucu bulmuşlardır. Farklı araştırmacılar tarafından geliştirilen genetik uzaklık ve genetik yakınlığın hesaplanmasında kullanılan hesap yöntemlerinin Kümeleme Analiz sonuçlarını etkilemediğini bulmuşlar, fakat farklı DNA markör yöntemlerinin genetik benzerliği hesaplamada büyük bir etkiye sahip olduğunu vurgulamışlardır.

Enoki ve ark. (2005) Japonya'nın soğuk bölgelerine adapte olmuş 88 atdışi ve sert mısır saf hattında, daha önce Avrupa mısır saf hatlarında kullanılmış ve sonuç alınmış 60 SSR markörünü kullanarak genetik benzerliği araştırmışlardır. Bunun yanında atdışi ve sert mısır tipleri arasında farklı allel frekansına sahip SSR lokuslarını iki sete ayırıp birinci sette 25 (allel frekansı=0.4) ikinci sette 14 lokus (allel frekansı=0.5) kullanarak çalışmayı yapmışlardır. Set-1 ve Set-2 SSR lokuslarını 88 saf hatta uygulayarak sırasıyla toplam 176 ve 99 allel elde etmişlerdir. Set-1 SSR lokuslarının, kullanılan tüm (60) SSR lokusuyla benzer doğrulukta sonuç elde etmişler ve bu sette var olan SSR lokuslarının mısır ıslahında etkili bir şekilde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Bitki ıslahında kullanılan DNA markör sistemlerinin karşılaştırılması Çizelge 2.1.'de verilmiştir. Seçilecek markör sistemi çalışılacak konunun amacına, laboratuvarında var olan olanaklara bağlıdır. Bu tekniklerin avantaj ve dez avantajları Çizelge.2.1.'de özetlenmiştir.

Çizelge 2.1. Bitki ıslahında kullanılan markör sistemlerinin karşılaştırılması (Beyene 2005)

Özellikler	RFLP	RAPD	AFLP	SSR	SNP
DNA ihtiyacı (μg)	10	0.02	0.5-1.0	0.05	0.05
DNA kalitesi	Yüksek	Yüksek	Orta	Orta	Yüksek
PCR'a dayanması	Hayır	Evet	Evet	Evet	Evet
Polimorfizm düzeyi	Yüksek	Orta	Yüksek	Çok yüksek	Çok yüksek
Kullanım kolaylığı	Kolay değil	Kolay	Kolay	Kolay	Kolay
Otomasyona uygunluk	Düşük	Orta	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Tekrarlanabilirliği	Yüksek	Güvenilir değil	Yüksek	Yüksek	Yüksek
Gelişme maliyeti	Düşük	Düşük	Orta	Yüksek	Yüksek
Analiz başına maliyet	Yüksek	Düşük	Orta	Düşük	Düşük

Legesse ve ark. (2006), Etiyopya ve Zimbabve'deki CIMMYT programlarından elde edilen 56 mısır hattında 27 SSR ile çalışmışlardır. Toplam 104 allel ve ortalama allel sayısını 3.85 olarak tespit etmişlerdir. Ortalama PIC değerini 0.58 bulmuşlardır. Genetik çeşitlilik 0.28 ve 0.73 arasında değişmiş ve ortalama 0.59 olarak hesaplamışlardır. UPGMA metoduna göre yapılan Kümeleme Analizinde hatlar 5 gruba ayrılmıştır.

Sharma ve ark. (2010), Hindistan'ın kuzey doğu Himalayalardaki 48 adet yerel mısır popülasyonunu fenotipik ve moleküler karakterizasyon yapmak üzere ele almışlardır. Kümeleme Analizi ve Temel Bileşen Analizi (TBA) kullanılarak 9 morfolojik ve agronomik karakter popülasyonu ayırma yapmak için yeterli olduğunu bulmuşlardır. TBA iki Temel Bileşenin toplam popülasyonun %90'ını açıklayan özellikler; yüz tane ağırlığı, koçan uzunluğu, koçan çapı, koçandaki tane sayısı ve çiçeklenme olarak bulmuşlardır. 42 SSR lokusunda ortalama allel sayısını 13.0 ve PIC değerini 0.60 olarak tespit etmişlerdir. Mantel Testi'ne göre fenotipik ve moleküler genetik benzemezlik matrisi arasındaki korelasyonun önemli ve pozitif olduğunu belirtmişlerdir.

Cömertpay ve ark. (2012), tarafından yapılan çalışmada 98 Türk yerel mısır popülasyonu, 19 morfolojik ve 28 SSR markörü kullanılarak karakterizasyonunu yapmışlardır. Morfolojik özelliklerden koçan yüksekliği, koçan tane ağırlığı, bitki verimi ve koçan tane sayısı yüksek varyasyon gösterirken; tane oranı, tepe püskülü çıkış süresi ve koçan kalınlığı düşük varyasyon göstermiştir. Her SSR lokusu için ortalama allel sayısı 6.21 bulmuşlardır. Genetik uzaklığı 0.18 ile 0.63 arasında değişmiş ve ortalama 0.35 olarak tespit

etmişlerdir. UPGMA metoduna göre oluşturulan dendogram da popülasyonların iki ana gruba ayrıldığını tespit etmişlerdir.

Zeybekođlu (2012) tarafından yapılan arařtırmada, 96 adet atdıřı mısır hattında 26 SSR moleküler markörleriyle genetik çeřitlilik belirlenmiřtir. Yapılan alıřma sonucunda 70 adet allel üretilmiř olup, lokus bařına düřen allel sayısı 2-4 arasında deđerler almıř ve ortalama her bir SSR lokusu bařına 2.69 allel saptanmıřtır. Bu arařtırmada PIC deđerı 0.04-0.43 arasında deđermiř olup, ortalama PIC deđerı 0.29 olarak bulunmuřtur. UPGMA analizi ile filogenetik ađacı oluşturulmuřtur. Mısır hatlarının 2 grup oluşturduđu gözlemlemiřtir. Aynı zamanda hatlar arasındaki genetik uzaklık deđerini 0.56-1.00 katsayıları arasında ve ortalama deđerinde 0.78 olduđunu tespit etmiřtir.

Li ve ark. (2014), ele aldıkları 67 mısır çeřidinde 11 SSR markör kullanarak genetik akrabalıklarını deđerlendirmişlerdir. Gözlenen ortalama allel sayısını 3.0 ve etkili ortalama allel sayısını 2.45 bulmuşlardır. Beklenen homozigotluk, heterozigotluk ve Nei'nin heterozigotluk ortalama deđerlerini sırasıyla 0.43, 0.56 ve 0.56 saptamışlardır. PIC deđerlerini 0.48 ile 0.93 arasında tespit etmişlerdir. UPGMA metoduna göre yapılan dendogramda üç ana gruba ayrıldığını ve bunun PCA ile de desteklendiđini söylemişlerdir.

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

Bu arařtırmada, Sakarya Mısır Arařtırma İstasyonu tarafından ıslah edilmiř 30 kendilenmiř mısır hattı materyal olarak kullanılmıřtır. Bu hatlardan 26 adedi Mısır Arařtırma Enstitüsü M¼d¼rl¼ę¼ tarafından ıslah edilmiř olan, dięer 4 adedi (FRMo17, FRB73, W182BN, FR632) ise alıřmada standart hat olarak kullanılmıř olan, kullanımı serbest bırakılmıř (public) hatlardır (izelge 3.1.).

izelge 3.1. Materyal olarak kullanılan kendilenmiř mısır hatları

No	Hat adı	No	Hat adı	No	Hat adı
1	ADK-705	11	W182BN	21	ADK-528
2	ADK-720	12	ADK-604	22	ADK-531
3	ADK-721	13	ADK-649	23	ADK-448
4	ADK-726	14	ADK-651	24	ADK-455
5	ADK-727	15	ADK-659	25	ADK-317
6	ADK-729	16	ADK-685	26	FRMo17
7	ADK-730	17	ADK-692	27	FRB73
8	ADK-733	18	ADK-696	28	ADK-818
9	ADK-734	19	ADK-503	29	FR632
10	ADK-739	20	ADK-506	30	MAE-9301

Bu hatlar atdıřı tane yapısında olup, ortalama 500-700 FAO olum grubu ierisindedirler. ADK ve MAE kodlu t¼m kendilenmiř mısır hatları Mısır Arařtırma Enstit¼s¼ M¼d¼rl¼ę¼ tarafından klasik ıslah metodları ile elde edilmiřlerdir.

3.2. alıřmada Yapılan ¼l¼m ve Analizler

3.2.1. Morfolojik ¼l¼mler

Sakarya Mısır Arařtırma Enstit¼s¼ M¼d¼rl¼ę¼ deneme alanlarında izelge 3.1.'deki kendilenmiř hatları ile kurulan g¼zlem bahesinde her hat iin UPOV tarafından mısır iin belirlenmiř 34 farklı ¼zellik hakkında (izelge 3.2.) Ek-1'de sunulan kiriterlere g¼re g¼zlemler yapılmıřtır.

Çizelge 3.2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme şekilleri

No	Özellik	Gözlemlenen dönem
UPOV1	İlk yaprak kınında antosiyanin renkliliği	Bitki iki yapraklı iken
UPOV2	İlk yaprak ucu şekli	Bitki dört yapraklı iken
UPOV3	Gövde ile yaprak arasındaki açı	Anterlerin oluşmaya başlama zamanı
UPOV4	Yaprak ayası duruşu	Anterlerin oluşmaya başlama zamanı
UPOV5	Gövdedeki boğumdan boğuma zigzag derecesi	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV6	Destek köklerde antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV7	Tepe püskülü çıkış zamanı	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV8	Tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV9	Tepe püskülü kavuzlarında antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV10	Anterlerde antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV11	Başakçık yoğunluğu	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV12	Ana eksen ile yan dallar arasındaki açı	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV13	Yan dalların duruşu	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV14	İlk yan dal sayısı	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV15	Püskül çıkış zamanı	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV16	Püskül antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV17	Püskülde antosiyanin yoğunluğu	Anterlerin %50'si oluştuğunda
UPOV18	Yaprak kınındaki antosiyanin renkliliği	Koçanda taneler sulu iken
UPOV19	Tepe püskülü: En alt yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken
UPOV20	Tepe püskülü: En üst yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken
UPOV21	Tepe püskülü: Yan dalların uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken
UPOV22	Bitki boyu (tepe püskülü dahil)	Süt olumu
UPOV23	Üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı	Süt olumu
UPOV24	Yaprak ayası genişliği (üst koçan yaprağı)	Süt olumu
UPOV25	Koçan sapı uzunluğu	Tane yumuşak hamurumsu iken
UPOV26	Koçan uzunluğu (koçan kavuzu hariç)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)
UPOV27	Koçan çapı (orta kısımda)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)
UPOV28	Koçan şekli	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)
UPOV29	Koçandaki sıra sayısı	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)

Çizelge 3.2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme şekilleri (Devam)

UPOV30	Tane tipi (koçan ortası 1/3'lük kısımda)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)
UPOV31	Tane ucu rengi	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)
UPOV32	Tane sırt rengi	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)
UPOV33	Koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliği	Taneler seyrek ve gevşek iken
UPOV34	Koçan kavuzlarında antosiyanin yoğunluğu	Taneler seyrek ve gevşek iken

3.2.2. Moleküler analizler

Moleküler çalışmalar 2011 yılında Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü Merkez Laboratuvarı'nda yürütülmüştür.

Çalışmada uygulanan yöntem aşağıdaki aşamalardan oluşmaktadır;

- DNA izolasyonu ve ölçümleri
- PCR reaksiyonlarının hazırlanması ve PCR
- Kapiler elektroforez
- Allel görüntülerin alınması
- Genetik analizler

Araştırmada çalışılan 30 kendilenmiş mısır hattının genomik DNA izolasyonları CTAB protokolüne göre yapılmıştır (Saghai-Marooft ve ark. 1984, Doebley ve Stec 1991). CTAB protokolü aşağıdaki şekilde gibi uygulanmıştır. DNA kalite ve miktar ölçümleri %1'lik jel ve Nanodrop ND-1000 spektrofotometre kullanılarak yapılmıştır.

DNA izolasyonu aşamaları:

- Genç bitki yaprak örnekleri porselen havanlar içerisinde sıvı azotla dondurulduktan sonra ezilerek toz haline getirilmiştir.
- Toz halindeki yaprak örneği 2 µl ependorf tüplere aktarılmıştır.
- Tüplerin üzerine 1ml DNA ekstraksiyon solüsyonu (CTAB) eklenmiştir.
- Solüsyon eklenen tüpler 65 °C'de belli aralıklarla çalkalanarak 15 dk su banyosunda bekletildi ve oda koşullarında soğutulmuştur.
- Tüplere 0.5 ml kloroform/isoamil alkol (24:1) karışımı eklenerek 20-25 defa çalkalandı ve 30 dk buz üzerinde bekletilmiştir.
- Oda sıcaklığında, 14000 rpm'de 5 dk santrifüj edilmiştir.

- Santrifüj sonrası ortaya çıkan üst sıvı (~0.7ml), temiz 1.5ml'lik ependorf tüpe aktarılmıştır.
- Üzerine ~0.8 ml isopropanol eklenerek DNA'nın çökmesi sağlanmıştır.
- DNA örnekleri, 15-20 dk buz üzerinde tutularak 14000 rpm'de 1dk santrifüj edilerek dibe çöktürülmüştür.
- Üst sıvı atıldıktan sonra,
- Pellet (alt katı) üzerine 1ml %70'lik ethanol eklenerek, 14000 rpm'de 2dk santrifüj edilmiştir.
- Ethanol uzaklaştırılarak pellet kurutulmuştur.
- DNA, 50–100 µl H₂O (nuclease free)'da çözülmüştür.
- Her 100 µl için 1µl RNase-A eklenerek, 37 °C'de 15 dk bekletilerek, RNA uzaklaştırılmıştır.

İzolasyon çözeltisi (50ml için):

- 2 ml TRIS (50 mM, pH 8.0)
- 4 ml EDTA (50 mM, pH 8.0)
- 10 ml LiCl (4M)
- 1 g CTAB (%1)
- 2 g PVP (%2)
- 0.5ml TWEEN 20 (%0.5)
- %0.2β-Mercapto Ethanol
- Kloroform/isoamil alkol; (24:1) (hacim:hacim)
- RNase-A; 100mg/ml

PCR reaksiyonu; 15–200 ng DNA, 5 pmol ileri (forward) primer, 5 pmol floresan işaretlenmiş ters (revers) primer, 0.5 mM toplam dNTP, 0.5 ünite Go Taq DNA Polymerase (1,5 mM MgCl₂ içermekte), 3 µl buffer (5x buffer) olmak üzere 15µl'de gerçekleştirilmiştir.

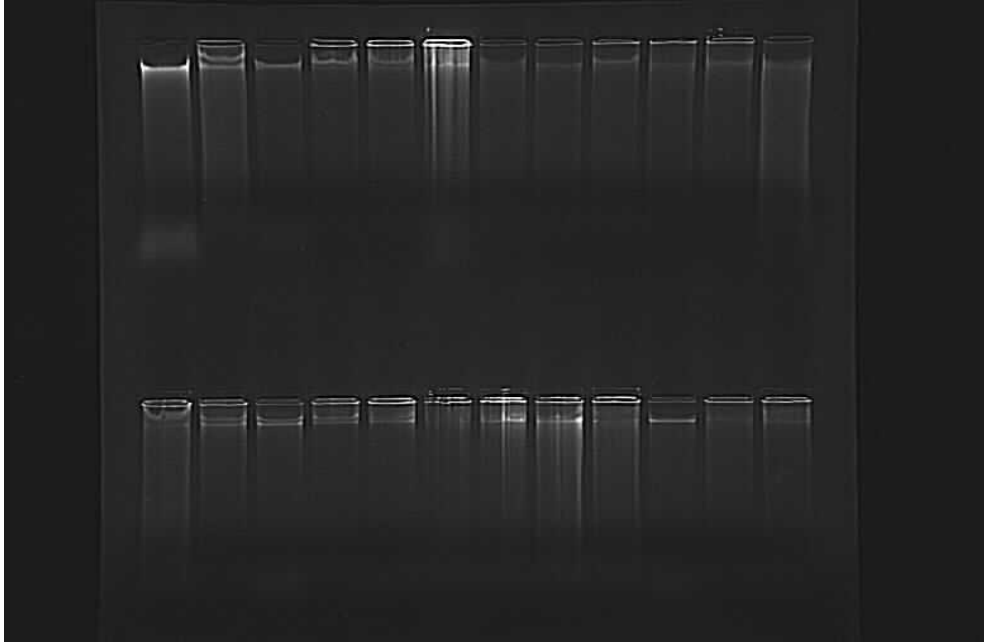
PCR reaksiyonu için kullanılan PCR programı:

1. 94 °C'de 3dk,
2. 94 °C'de 1dk,
3. 48–66 °C'de 1dk,
4. 72 °C'de 2dk,
5. 72 °C'de 10dk olmak üzere toplam 35 döngü olarak uygulanmıştır.

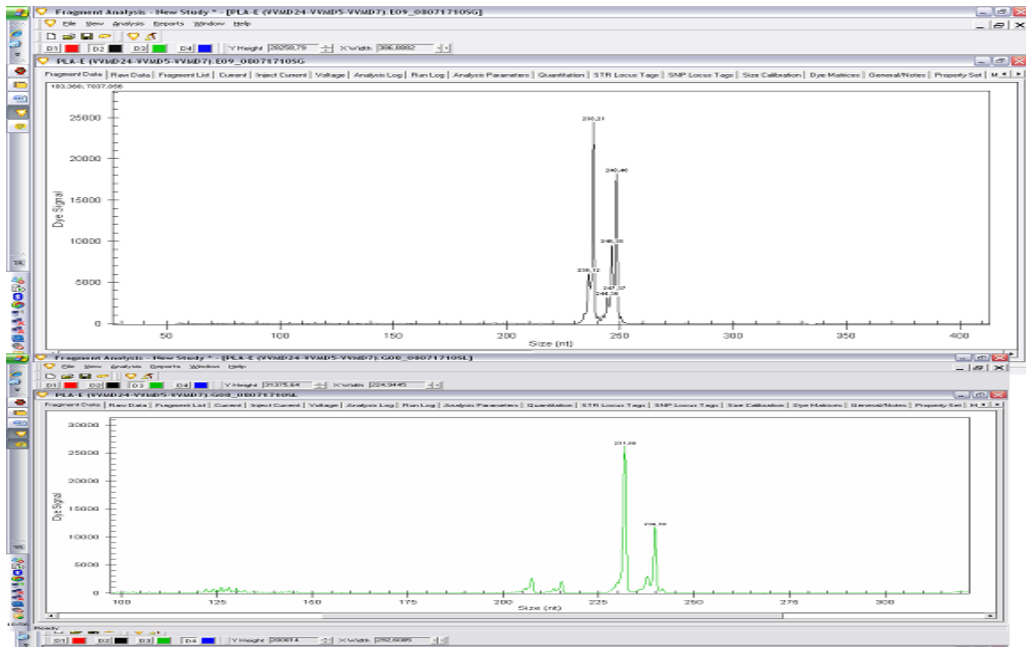
PCR sonrası lokuslara ait PCR ürünleri %2'lik agaroz jelde kontrol edildikten sonra, amplifikasyonu gerçekleşmiş örneklerde kapiler elektroforez aşaması gerçekleştirilmiştir.

Bu çalışmada toplam 25 adet SSR primeri kullanılmıştır. Bu primerler daha önceki çalışmalarda kullanılmış ve polimorfizm göstermiş primerlerdir. Bu primerlere ait baz dizileri www.maizegdb.org adresinden alınmıştır. Her forward primer D4 (mavi), D3 (yeşil) ve D2 (siyah) floresan renklerde işaretlenmiştir. Primerlere ait baz dizileri, kullanılan floresan boya ve Tm değerleri Çizelge 3.3'de verilmiştir.

Bu çalışmada kapillar elektroforez amacıyla Beckman CEQ™ 8800 Genetik Analiz Sistemi kullanılmıştır. Kendilenmiş mısır hatlarına ait PCR ürünleri işaretlemede kullanılan floresan (Proligo, Wellred işaretli primerler, Fransa) boyalara göre değişik oranlarda (1:5, 1:10 gibi) 20 µl SLS (Sample Loading Solution) ile seyreltilmiştir. Üzerlerine 0.2-0.4 µl size standart-400 eklendikten sonra CEQ™ 8800 Genetik Analiz Sistemi'nde elektroforez edilmiştir. Daha sonra her bir lokusa ait pikler, tipleri ve renkleri göz önüne alınarak heterozigot ve homozigot olarak görüntülenmiştir (Şekil 3.2.). Verilerin doğruluğundan emin olmak için reaksiyonlar iki kez tekrar edilmiştir.



Şekil 3.1. DNA izolasyonundan sonra %1'lik agaroz jel görüntüsü



Şekil 3.2. Örnek allel görüntüleri

Çizelge 3.3. Kullanılan SSR lokuslarına ait primerlerin bazı özellikleri

No	Primer adı	İleri	Ters	Tekrar bölgesi	Bulunduğu kromozom	İşaretleme boyası	Tm (°C)
1	phi002	CATGCAATCAATAACGATGGCGAGT	TTAGCGTAACCCTTCTCCAGTCAGC	AACG	1.07	D4 (mavi)	65
2	phi011	TGTTGCTCGGTCACCATAACC	GCACACACACAGGACGACAGT	AGC	1.09	D2 (siyah)	65
3	phi033	ATCGAAATGCAGGCGATGGTTCTC	ATCGAGATGTTCTACGCCCTGAAGT	AAG	9.01	D3 (yeşil)	65
4	phi034	TAGCGACAGGATGGCCTCTTCT	GGGAGCACGCCTTCGTTCT	CCT	7.02	D3 (yeşil)	55
5	phi041	TTGGCTCCCAGCGCCGCAAA	GATCCAGAGCGATTTGACGGCA	AGCC	10.00	D4 (mavi)	58
6	phi213984	GTGACCTAAACTTGGCAGACCC	CAAGAGGTACCTGCATGGC	ACC	4.01	D4 (mavi)	65
7	phi085	AGCAGAACGGCAAGGGCTACT	TTTGGCACACCACGACGA	AACGC	5.06	D2 (siyah)	58
8	phi053	CTGCCTCTCAGATTCAGAGATTGAC	AACCCAACGTACTCCGGCAG	ATAC	3.05	D2 (siyah)	60
9	phi070	GCTGAGCGATCAGTTCATCCAG	CCATGGCAGGGTCTCTCAAG	AGCTG	6.07	D4 (mavi)	63
10	phi109642	CTCTCTTTCCTTCCGACTTTC	GAGCGAGCGAGAGAGATCG	ACGG	2.03-2.04	D4 (mavi)	65
11	phi402893	GCCAAGCTCAGGGTCAAG	CACGAGCGTTATTCGCTGT	AGC	2.00	D4 (mavi)	63
12	phi420701	GATGTTTCAAACCACCCAGA	ATGGCACGAATAGCAACAGG	CCG	8.00	D2 (siyah)	63
13	phi328175	GGGAAGTGCTCCTTGACAG	CGGTAGGTGAACGCGGTA	AGG	7.04	D2 (siyah)	60
14	phi299852	GATGTGGGTGCTACGAGCC	AGATCTCGGAGCTCGGCTA	AGC	6.07	D3 (yeşil)	65
15	phi233376	CCGGCAGTCGATTACTCC	CGAGACCAAGAGAACCCTCA	CCG	8.09	D4 (mavi)	55
16	phi015	ACGCTGCATTCAATTACCGGGAAG	GCAACGTACCGTACCTTTCCGA	AAAC	8.08	D3 (yeşil)	55
17	phi032	CTCCAGCAAGTGATGCGTGAC	GACACCCGGATCAATGATGGAAC	AAAG	9.04	D2 (siyah)	55
18	phi050	TAACATGCCAGACACATACGGACAG	ATGGCTCTAGCGAAGCGTAGAG	AAGC	10.03	D2 (siyah)	60
19	phi064	CCGAATTGAAATAGCTGCGAGAACCT	ACAATGAACGGTGGTTATCAACACGC	ATCC	1.11	D4 (mavi)	55
20	phi072	ACCGTGCATGATTAATTTCTCCAGCCTT	GACAGCGCGCAAATGGATTGAACT	AAAC	4.01	D3 (yeşil)	55
21	phi093	AGTGCGTCAGCTTCATCGCCTACAAG	AGGCCATGCATGCTTGCAACAATGGATACA	AGCT	4.08	D3 (yeşil)	55
22	phi96100	AGGAGGACCCAACTCCTG	TTGCACGAGCCATCGTAT	ACCT	2.00	D2 (siyah)	55
23	phi96342	GTAATCCCACGTCCTATCAGCC	TCCAACCTGAACGAACTCCTC	ATCC	10.02	D4 (mavi)	55
24	phi109188	AAGCTCAGAAGCCGGAGC	GGTCATCAAGCTCTCTGATCG	AAAG	5.03	D4 (mavi)	55
25	phi109275	CGGTTATGCTAGCTCTGC	GTTGTGGCTGTGGTGGTG	AGCT	1.03	D2 (siyah)	58

3.3. Verilerin Değerlendirilmesi ve İstatistik Analizler

3.3.1. Morfolojik ölçüm verilerinin değerlendirilmesi

Çalışmanın tarla denemesinden elde edilen ve UPOV değerlendirme kriterlerine göre kayıt altına alınan morfolojik veriler iki farklı analize tabi tutulmuştur. Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından geliştirilen hatlar ile standart hatlarda morfolojik veriler bakımından kıyaslanması amacıyla Kruskal-Wallis testinden yararlanılmıştır.

Kendilenmiş mısır hatları arasında morfolojik özelliklere bağlı gruplandırmaların yapılması ve birbirleri arasındaki genetik yakınlık düzeylerinin belirlenmesi amacıyla birbirini tamamlayan iki farklı istatistik analiz paket programından yararlanılmıştır. Öncelikle alınan morfolojik özellikler (34 özellik) yönünden değerlendirilmeler yapılmış ve genotip gruplar oluşturulmuştur. Her iki programda da her bir morfolojik özellik için UPOV tarafından verilen puanlama sistemi esas alınarak veri girişi yapılmıştır.

Popülasyonu temsil eden özellikleri ön plana çıkartmak ve karakterize edilen özelliklere göre popülasyonları 2 boyutlu olarak gruplandırmak amacıyla Temel Bileşen Analizi (Principle Component Analysis) yapılmıştır. Temel Bileşen Analizi, çok boyutlu alan içinde tipler arasındaki ilişkiyi en iyi temsil edecek bir eksen ya da eksenler dizisi üzerindeki tip izdüşümlerinin görüntülenmesi temeline dayanmaktadır.

Temel Bileşen Analizinin 3 temel amacı vardır:

1. Verilerin boyutunu azaltmak,
2. Tahminleme yapmak,
3. Veri setini, bazı analizler için görüntülemek.

Temel Bileşen Analizi Yapılarak bu p boyutlu uzayın gerçek boyutu belirlenir. Bu gerçek boyuta Temel Bileşenler adı verilir.

Temel Bileşenlerin üç özelliği vardır:

1. Korelasyonsuzlardır.
2. Birinci temel bileşen toplam değişkenliği en çok açıklayan değişkendir.
3. Bir sonraki Temel Bileşen kalan değişkenliği en çok açıklayan değişkendir.

Temel Bileşenler Analizinde değişkenlerdeki değişim yapısı korelasyon ya da kovaryans matrisleri üzerinden incelenir. Analizin hangi matris üzerinden yapılacağı değişkenlerde birim farklılığı olup olmamasına ve değişken varyanslarının yakın değerler alıp almamasına bağlıdır. Bu çalışma korelasyon matrisleri üzerinden incelenmiştir.

Ana bileşenler çevresinde dağılan örneklerin varyansları her bir bileşen için ayrı ayrı hesaplanmaktadır. Bunlara da yüklenme değeri (eigen değeri) adı verilmektedir. Yüklenme değerinin 1'den büyük olması ele alınan ana bileşen ağırlık değerlerinin güvenilir olduğunu göstermektedir (Mohammadi ve Prasanna 2003). 1'den büyük yüklenme değerine sahip bileşenler için toplam varyans oranları ve eklemeli gen etkisi varyans değerleri belirlenmiş ve yorumlamalar bu değerler kullanılarak yapılmıştır (Mohammadi ve Prasanna 2003, Ferriol ve ark. 2003, Karaağaç 2006). Bu çalışmada Temel Bileşen eksenleri içinde (TBE=PCo) mutlak değerce vektör katsayısı 0.50 ve 0.50'den büyük olan değerlerin popülasyonu temsil ettiği kabul edilmiştir. Temel Bileşen Analizi ve kümeleme R paket programında “ggpubr paketi” kullanılarak gerçekleştirilmiştir.

Elde edilen verilere dayanarak kullanılan hatların sınıflandırılması amacıyla Kümeleme Analizi kullanılmıştır. Kümeleme Analizinde “Euclidian Fark Matrisin”e oluşturulan benzerlik verisi UPGMA yöntemi kullanılmak suretiyle “akrabalık ağacı”na dönüştürülmüştür. Akrabalık ağaçları R paket programının (R Core Team 2018) ape paketi (Paradis ve Schliep 2018) kullanılarak oluşturulmuştur.

3.3.2. Moleküler analiz sonuçlarının değerlendirilmesi

Çalışmadan elde edilen moleküler veriler R istatistik paket programında (R Core Team, 2018) analiz edilmiştir. Moleküler veriler iki farklı analize tabi tutulmuştur.

İlk olarak SSR primerlerinin ürettiği ürünlerin baz çifti sayılarına göre moleküler verilerde allel sayıları belirlenmiştir (0= yok, 1=tek allel, 2=iki allel). Bu dönüştürme işleminin ardından standart hatlar ve çalışmada kullanılan kendilenmiş hatlar iki ayrı grup olacak şekilde moleküler varyans analizine (AMOVA) tabi tutulmuştur. AMOVA analizleri R programının GenAlex Makrosu kullanılarak gerçekleştirilmiştir (Peakall ve Smouse 2012).

Kullanılan primerlerin genotipleri ayırım potansiyelleri ve primerlerle ilgili değerlendirmelerin yapılabilmesi için, her bir primere ait allel sayısı, allel büyüklüğü (bç), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) değeri ve polimorfizm bilgi içeriği (PBİ) değerleri hesaplanmıştır. Araştırmadaki toplam 30 kendilenmiş mısır hatlarına ait genetik analizleri Şelli ve ark. (2007)'de belirtildiği şekilde gerçekleştirilmiştir. Buna göre; genetik parametreler (her lokusa ait allel sayısı, allel frekansı, beklenen ve gözlenen heterozigotluk oranı, allel frekansı ve tespit olasılığı (PI, Probability of Identity) IDENTITY 1.0 Wagner ve Sefc (1999) yazılım programı ile, benzerlik oranı indeksi ise Microsat Minch ve ark. (1995) programı kullanılarak tespit edilmiştir.

Moleküler verilerle oluşturulan akrabalık ağacı R programında ape paketi (Paradis ve Schliep 2018) kullanılarak oluşturulmuştur. Akrabalık ağacı oluşturulurken “ayrım matrisi”ni oluşturmak amacıyla Euclidian Ayrım Yöntemi kullanılmıştır. Akrabalık Ağacı UPGMA yöntemine göre oluşturulmuştur.

4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

4.1. Morfolojik Ölçüm Değerlendirmeleri

Çalışmada UPOV kriterlerine göre yapılan morfolojik gözlemler üç ayrı başlık altında incelenmiştir. Toplam 34 UPOV kriterinden 7 adedi yaprak ve gövde karakterleri, 14'ü ise tepe püskülü ve koçan püskülü özellikleri ve 13 adedi bitki ve koçan karakterleri ile ilişkilidir. Bu özellik gruplarına göre başlıklar halinde standart hatlardan elde edilen sonuçlar ile Mısır Araştırma Enstitüsü tarafından geliştirilen hatlar karşılaştırılmıştır.

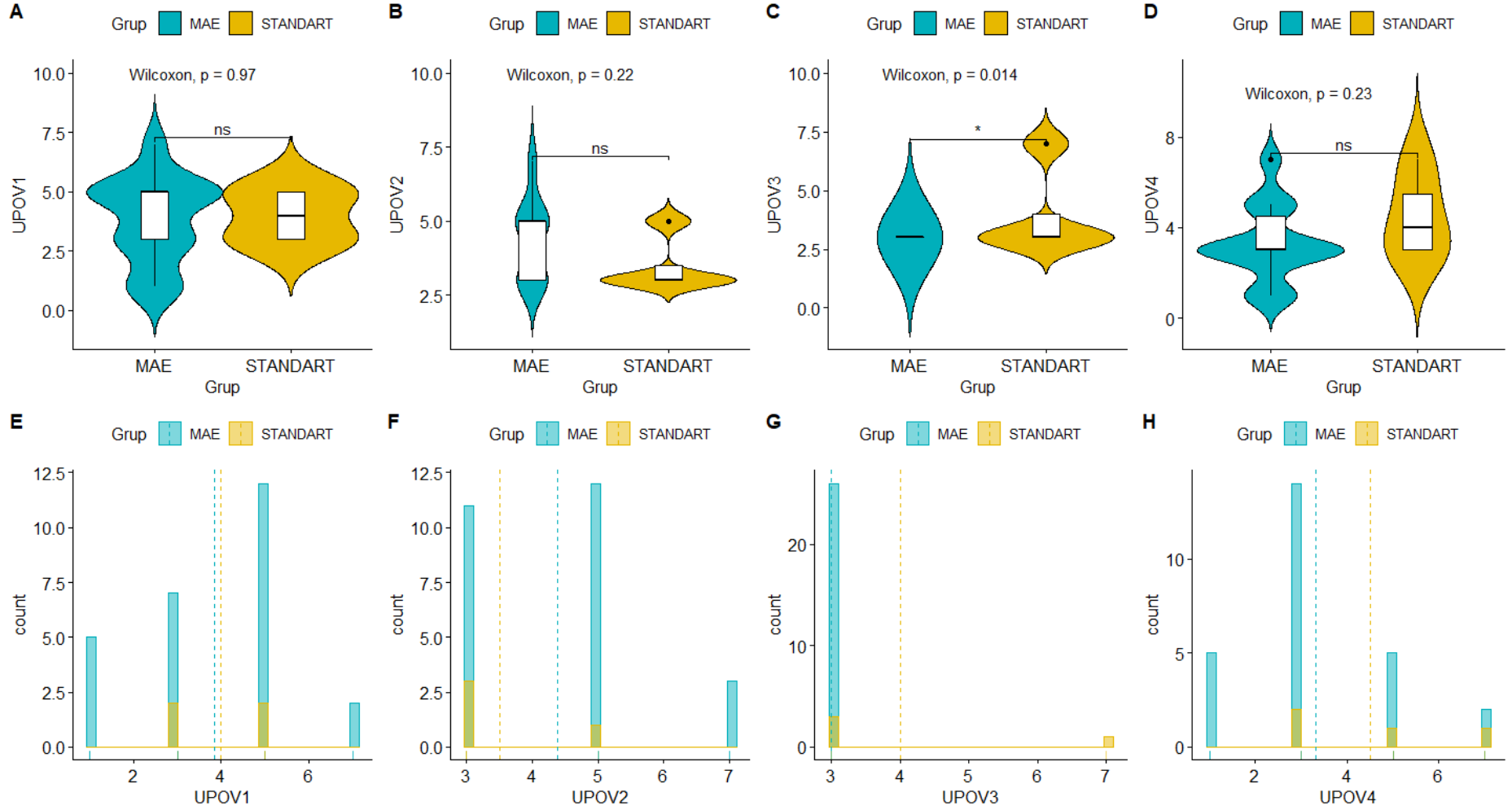
4.1.1. Morfolojik özellikler bakımından standart hatlar ile MAE hatlarının karşılaştırılması

4.1.1.1. Yaprak ve gövde özellikleri bakımından karşılaştırmalar

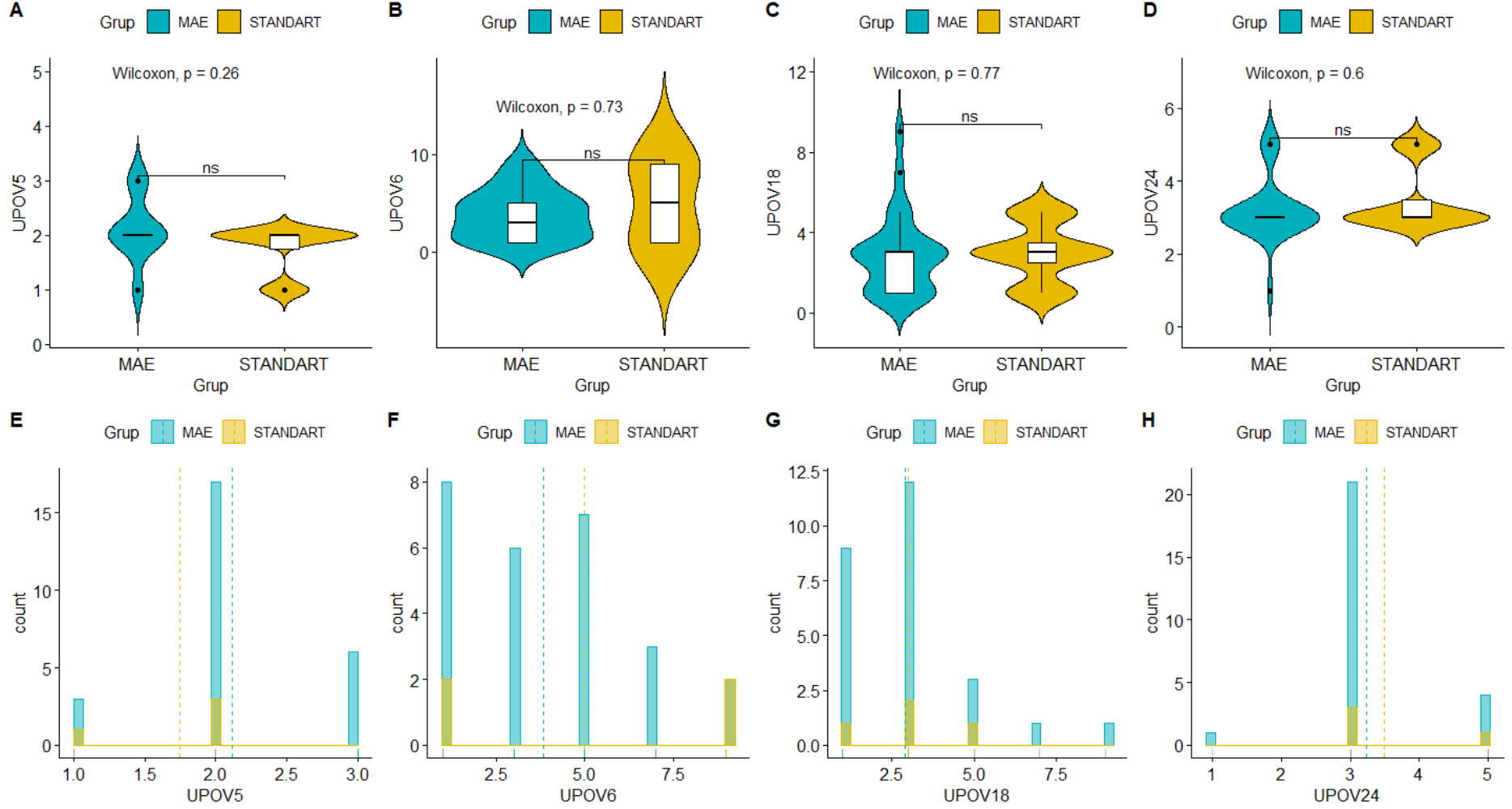
Yaprak ve gövde özelliklerine göre MAE hatları ile standart hatların karşılaştırılmasını içeren grafikler Şekil 4.1., Şekil 4.2.'de sunulmuştur. Bu özellikler içerisinde “gövde ile yaprak arasındaki açı” (UPOV3) bakımından MAE hatları ile standart olarak kullanılan hatlar arasında istatistiki açıdan önemli bir fark olduğu ($p=0.014$), diğer özellikler bakımından bu gruplar arasında önemli bir farkın olmadığı görülmüştür (Şekil 4.1., Şekil 4.2.). “Gövde ile yaprak arasındaki açı” bakımından MAE hatlarının tamamının çok dar (skala puanı 3) olduğu görülmüştür. Bu özellik mısır ıslahında özellikle sık ekim için ve bitkinin maksimum olarak gün ışığından faydalanmasını sağlayan bir özelliktir. Bu durumdan yola çıkarak MAE hatlarının fotosentetik kapasitesinin yüksek olabileceği söylenebilir.

Her ne kadar istatistiki olarak önem arzemesine de “ilk yaprak ucu şekli” (UPOV2) ve “gövdedeki boğumdan boğuma zigzag derecesi” (UPOV5) bakımından MAE hatlarına ait ortalama, standart çeşitlerden yüksek bulunmuştur. “Gövdedeki boğumdan boğuma zigzag derecesi” (UPOV5) bitkinin gün ışığı ihtiyacını karşılaması yönünden önemli bir özelliktir. Bu özellik, çalışmada kullanılan materyalin çoğunluğunda hafif olarak belirlenmiş olmakla beraber %20'si kuvvetli zigzag dercesine sahiptir. Gün ışığının verime olan katkısı düşünüldüğünde hafif ve kuvvetli olan materyalle ıslah çalışmalarını yürütmenin daha isabetli olacağı görülmektedir.

UPOV24 (yaprak ayası genişliği), UPOV1 (ilk yaprak kımında antosiyanin renkliliği), UPOV4 (yaprak ayası duruşu), yaprak kımındaki antosiyanin renkliliği (UPOV18) ve “destek köklerde antosiyanin renkliliği” (UPOV6) bakımından ise MAE tarafından geliştirilen hatlar ile standart hatlara ait skala değerleri yakın bulunmuştur (Şekil 4.1., Şekil 4.2.).



Şekil 4.1. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların yaprak ve gövde özelliklerine (UPOV1, UPOV2, UPOV3, UPOV4) göre kıyaslanması



Şekil 4.2. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların yaprak ve gövde özelliklerine (UPOV5, UPOV6, UPOV18, UPOV24) göre kıyaslanması

4.1.1.2. Püskül özelliklerine göre karşılaştırma

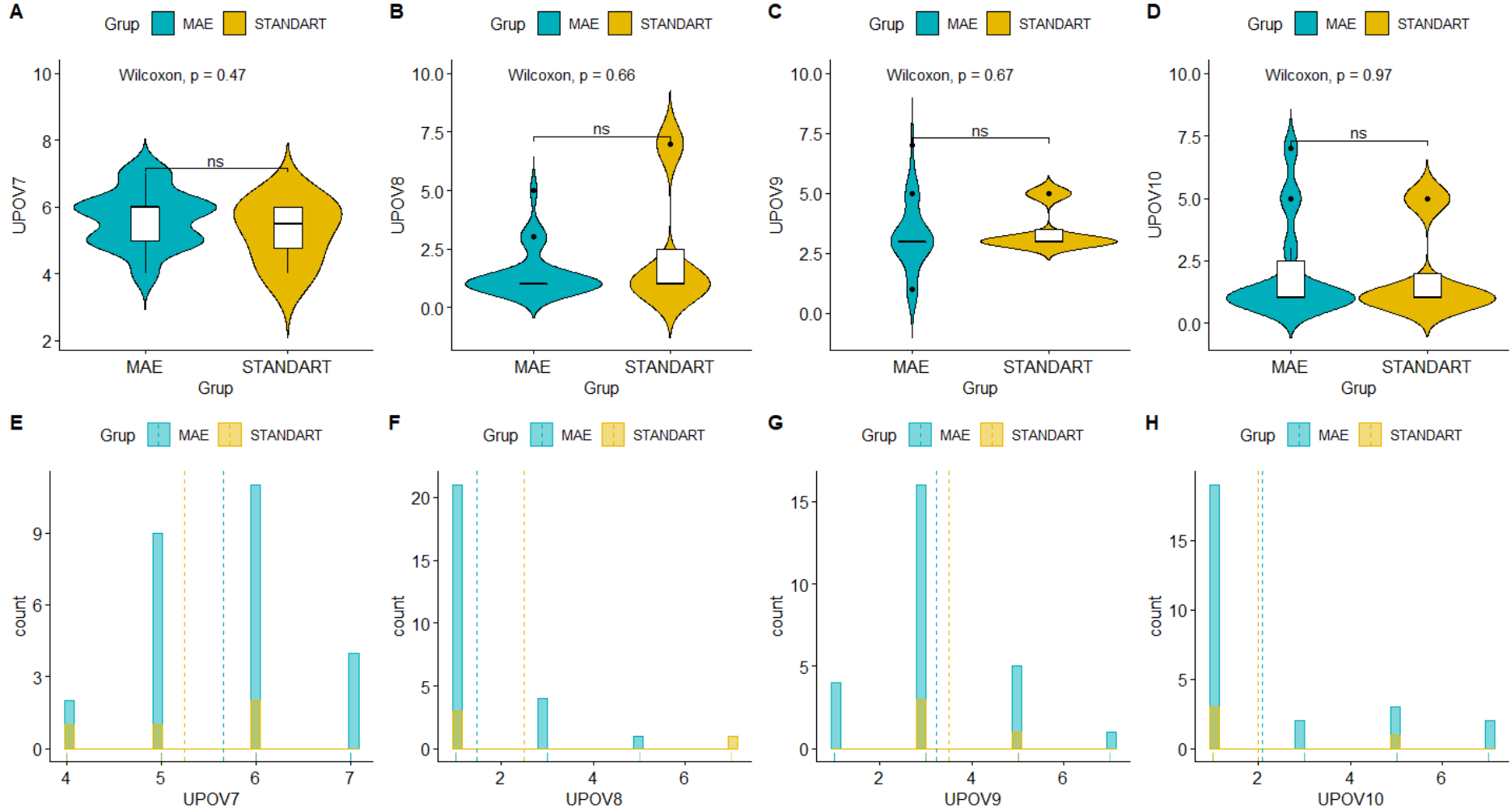
Püskül özelliklerine göre MAE hatları ile standart hatların karşılaştırılmasını içeren grafikler Şekil 4.3., Şekil 4.4., Şekil 4.5., Şekil 4.6.'da sunulmuştur. Tepe püskülü ve koçan püskülü ile ilgili gözlemlenen özelliklerden yalnızca “tepe püskülünün alt yan daldan itibaren eksen uzunluğu” (UPOV19) bakımından MAE hatları ile standart hatlar arasında istatistiki açıdan önemli bir fark olduğu saptanmıştır. Diğer özelliklerin tamamı için MAE hatları ile standart hatlar arasında önemli bir fark olmadığı gözlenmiştir.

Bu grupta incelenen özelliklerden en önemlileri tepe ve koçan püskülü gösterme tarihlerine ilişkin özelliklerdir. “Tepe püskülü çıkış zamanı” (UPOV7) incelendiğinde materyal daha çok orta-geç, geç ve geç-çok geç olarak tanımlanmıştır. Ülkemiz yoğun mısır ekimi alanları dikkate alındığında, daha çok FAO 600-750 arası olum grubu mısır çeşitleri kullanıldığından, incelenen materyalin de bu grup aralığında toplanmış olduğu görülmektedir. “Koçan püskülü çıkış zamanı” (UPOV15) incelendiğinde, materyal “tepe püskülü çıkış zamanı”nda olduğu gibi orta-geç, geç ve geç-çok geç olarak tanımlanmıştır. Bu özellik bakımından MAE hatları ve standart hatlar FAO 600-750 arası olum gruplarında yer almışlardır.

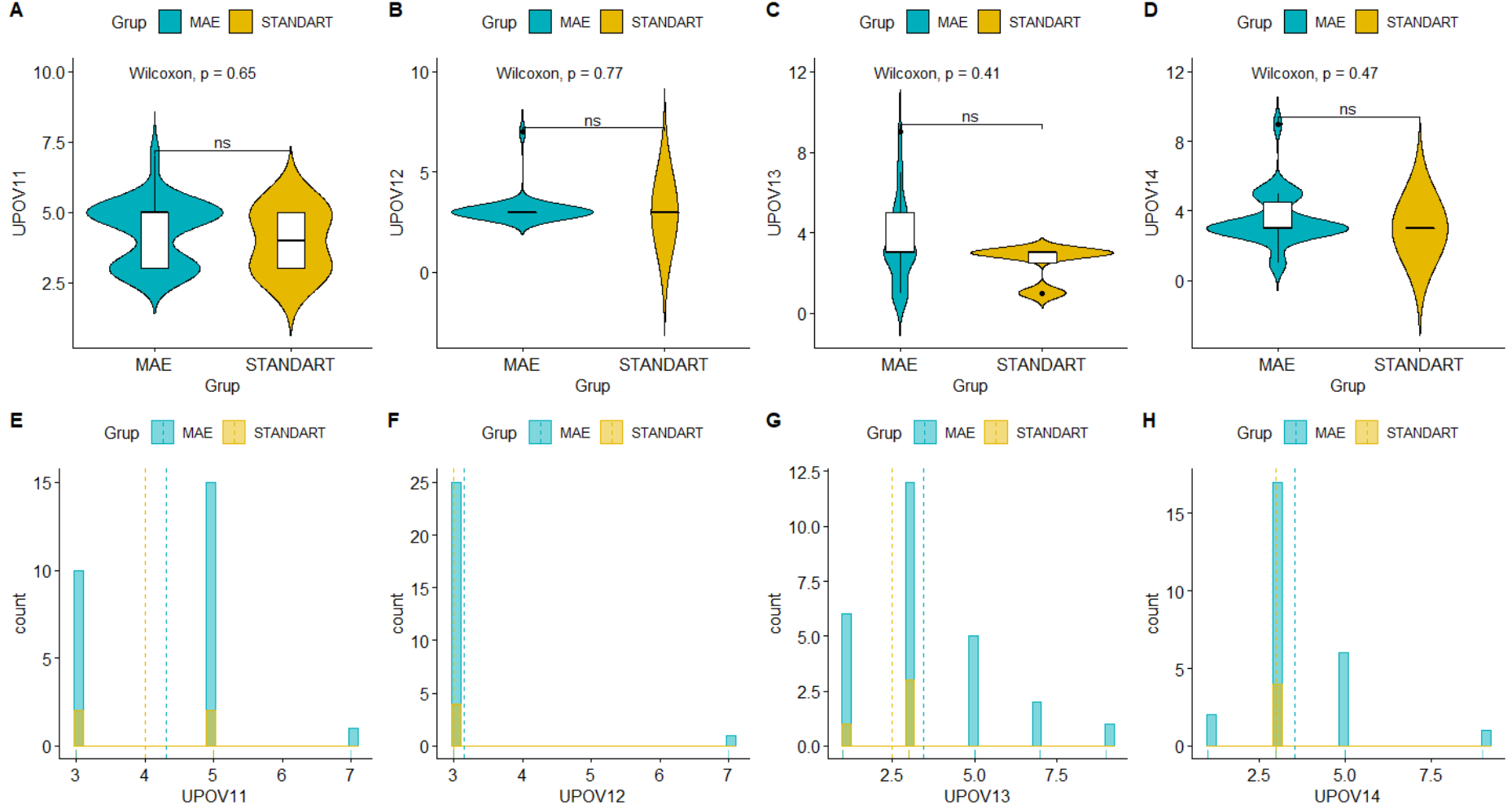
Karakteristik özellik kabul edilen püsküllerde antosiyanin reklenmesine ilişkin MAE hatları ile standart hatlarda dikkate değer bir varyasyon olduğu görülmüştür. “Tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliği” (UPOV8) ve “tepe püskülü kavuzlarında antosiyanin renkliliği” (UPOV9) bakımından standart hatların MAE hatlarına göre daha yoğun renklenmeye sahip oldukları söylebilir. “Anterlerde antosiyanin renkliliği” (UPOV10) MAE hatları ve standart hatların büyük kısmının düşük renklenmeye sahip olduğu (<2) görülmektedir (Şekil 4.3.). “Püskül antosiyanin renkliliği” (UPOV16) ve “püskülde antosiyanin yoğunluğu” (UPOV17) bakımından dikkate değer sayıda MAE hatlarının yüksek skala değerine sahip olduğu izlenmiştir.

Diğer püskül özellikleri bakımından her ne kadar MAE hatları ile standart hatlar arasında istatistiki açıdan önemli bir fark olmasa da, “başakçık yoğunluğu” (UPOV11), “ana eksen ile yan dallar arasındaki açı” (UPOV12), “yan dalların duruşu” (UPOV13), “ilk yan dal sayısı” (UPOV14), “tepe püskülünde en üst yan daldan itibaren eksen uzunluğu” (UPOV20) ve “tepe püskülünde yan dalların uzunluğu” (UPOV21) bakımından standart hatlara üstünlük sağlayan MAE hatlarının olduğu dikkat çekmiştir. Çiçek tozu verme kapasitesini olumlu

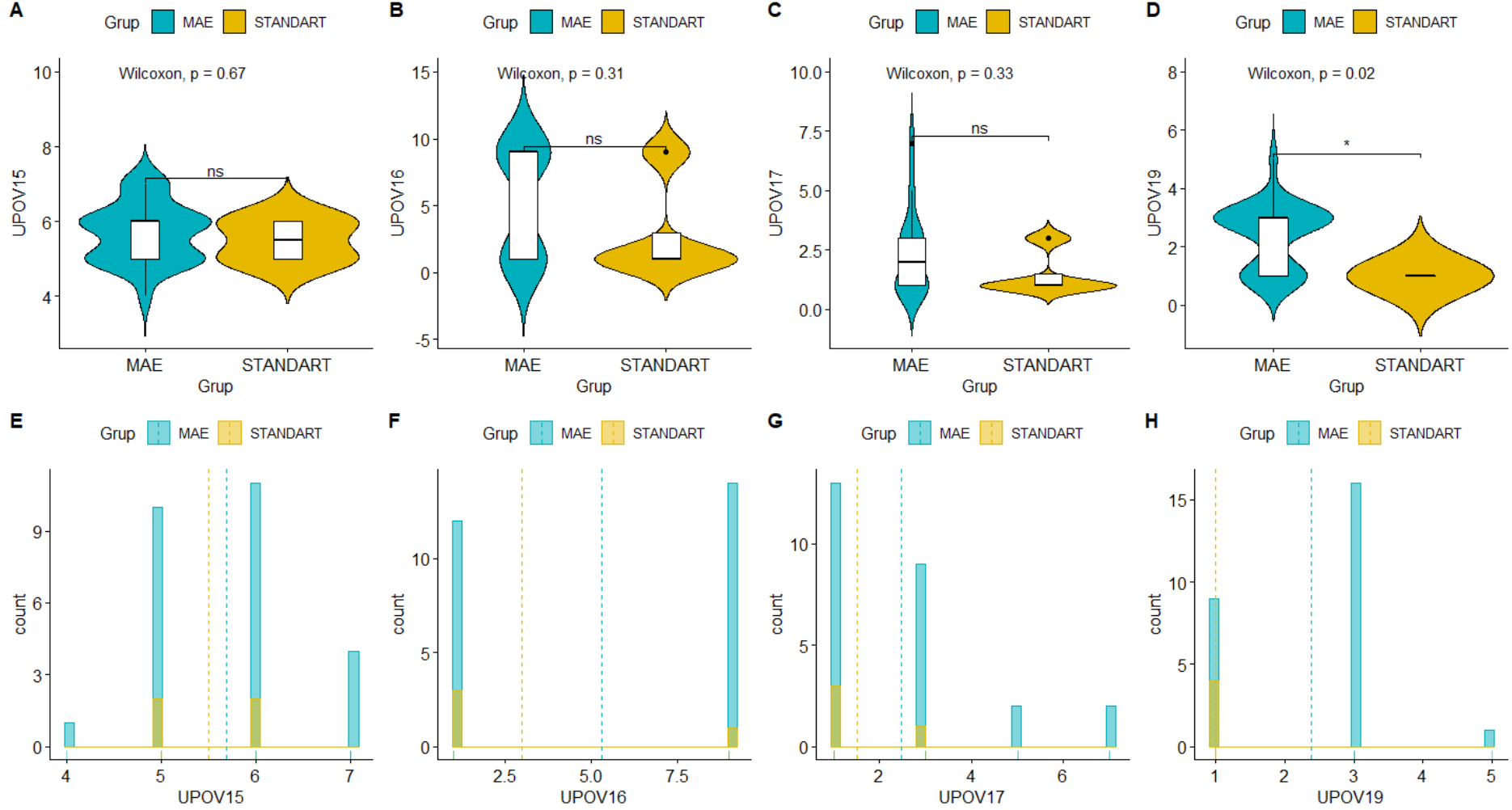
yönde etkileyecek bu özellikler bakımından söz konusu hatların ıslah çalışmalarında değerlendirilmesinde yarar olduğu düşünülmektedir.



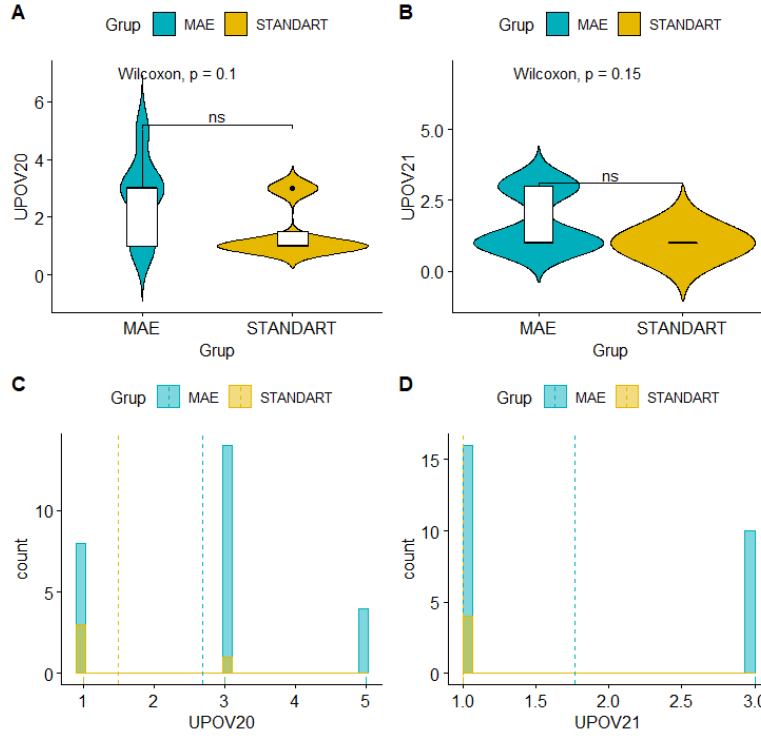
Şekil 4.3. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV7, UPOV8, UPOV9, UPOV10) göre kıyaslanması



Şekil 4.4. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV11, UPOV12, UPOV13, UPOV14) göre kıyaslanması



Şekil 4.5. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV15, UPOV16, UPOV17, UPOV19) göre kıyaslanması



Şekil 4.6. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların püskül özelliklerine (UPOV20, UPOV21) göre kıyaslanması

4.1.1.3. Bitki ve koçan özellikleri bakımından karşılaştırma

Bitki ve koçan özelliklerine göre MAE hatları ile standart hatların karşılaştırılmasını içeren grafikler Şekil 4.7., Şekil 4.8. ve Şekil 4.9.'da sunulmuştur. Bitki ve koçan özellikleri bakımından “koçan sapı uzunluğu”nun (UPOV25) standart hatlarda MAE hatlarından daha yüksek olduğu görülmüştür (Şekil 4.7.). Diğer özellikler bakımından standart hatlar ile MAE hatları arasında önemli bir farklılığın olmadığı belirlenmiştir.

Bununla birlikte bitkisel özelliklerden bazıları bakımından MAE hatlarının önemli bir varyasyonsa sahip oldukları görülmüştür. MAE hatlarından bazılarının standart hatlardan daha uzun boylu oldukları dikkat çekmiştir. Özellikle silajlık mısır ıslahında uzun boylu materyallerin kullanılması bitki biyokütlesini (biyomas) arttırması yönüyle fayda sağlayacağından, bu materyallerin aynı zamanda silajlık mısır ıslahı çalışmalarında da kullanılabilceği anlamına gelmektedir.

“Üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı” (UPOV23) bakımından MAE hatlarının büyük kısmının standart hatlardan düşük değere sahip oldukları

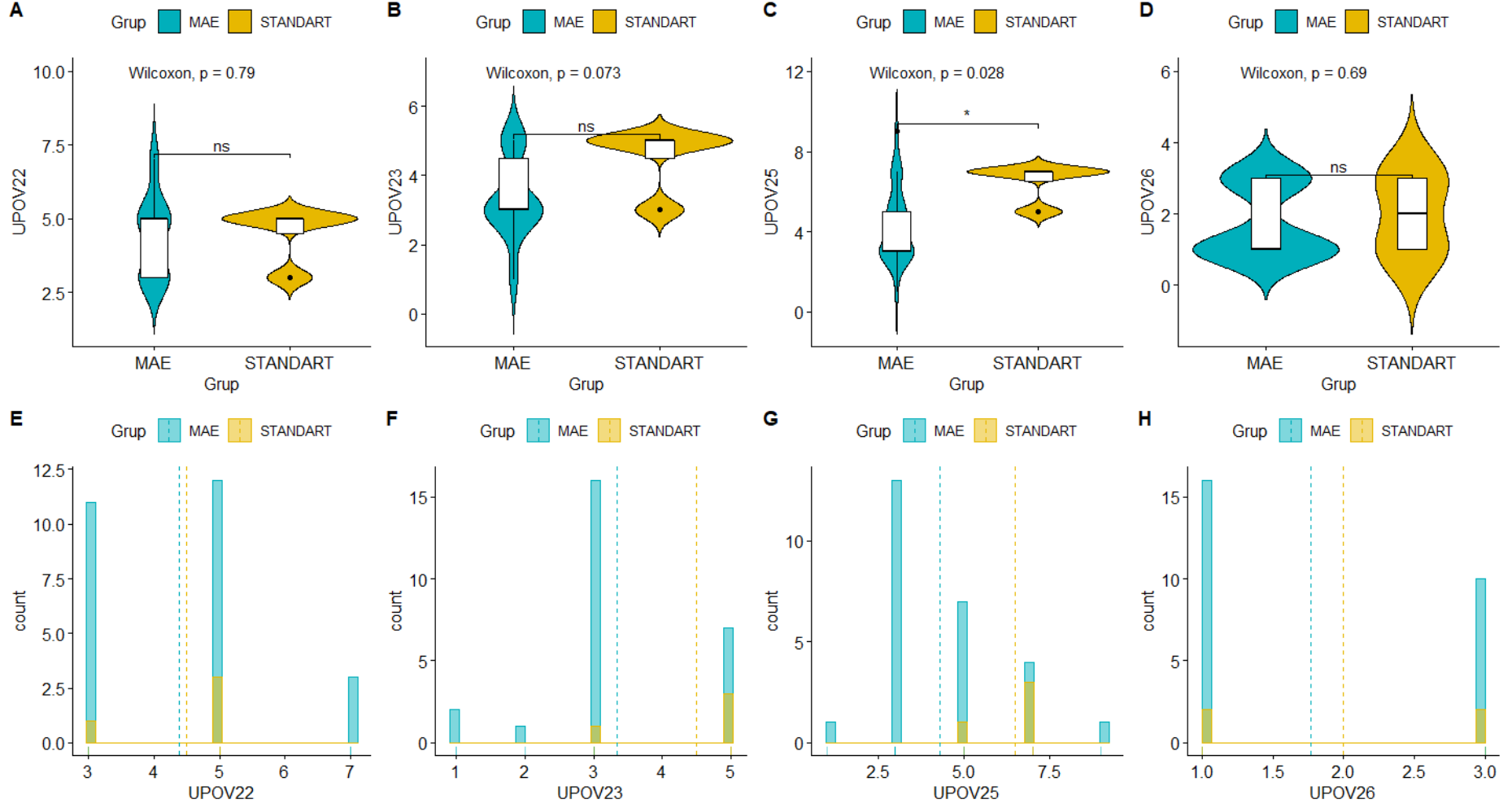
görülmektedir. “Üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı” tane mısır ve silajlık mısırdaki bitkilerin makineli hasada uygunluğu açısından ve bitkilerde yatmaya dayanıklılık ile ilgili etkisi ıslahçılar tarafından bilinmektedir. Bu bakımdan MAE hatları içerisinde makineli hasata uygun ve yatmaya karşı mukavim olabilecek materyaller olduğu söylenebilir.

“Koçan uzunluğu” (UPOV26) bakımından MAE hatlarından bazılarının ve standart hatların yüksek değere sahip olduğu görülmektedir. Koçan uzunluğu hatları arası melezleme çalışmalarında verimlilik açısından oldukça önemli bir özelliktir. İncelenen MAE hatları içerisinde koçan uzunluğu popülasyon ortalamasının üzerinde olan hatların melezleme çalışmalarında kullanılması uygun olacaktır.

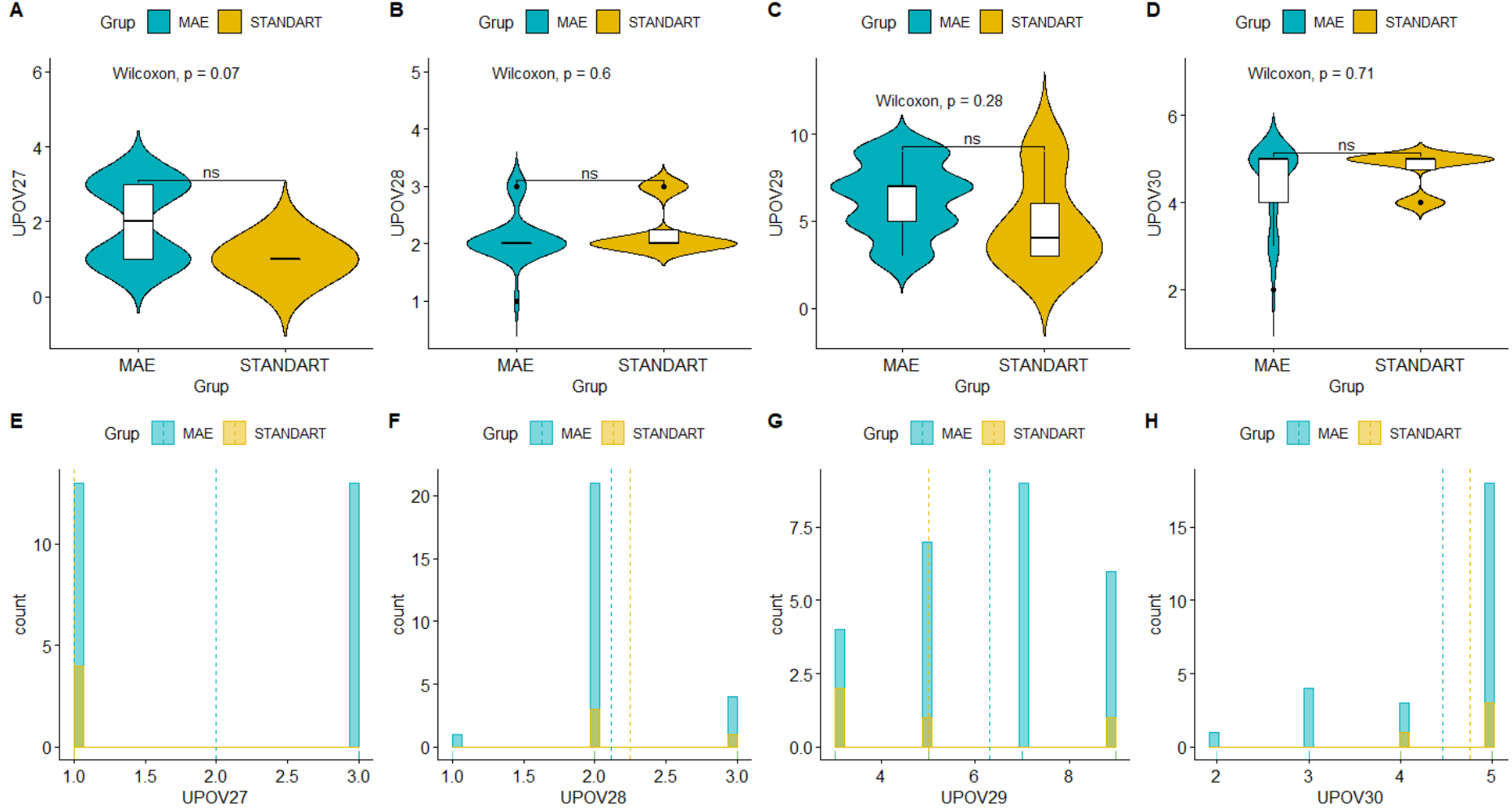
“Koçan çapı” (UPOV27) bakımından 12 kadar MAE hattının, standart hatlardan daha yüksek skala değerine sahip olduğu belirlenmiştir. Koçan çapı da koçan uzunluğu özelliği gibi verim açısından etkili bir karakterdir. Yüksek verimli melez hedefinde incelenen mısır hatları arasında koçan çapının popülasyon ortalamasının üzerinde olan hatların melezleme çalışmalarında kullanılması daha uygun olacaktır.

“Koçandaki sıra sayısı” (UPOV29) için MAE hatları ile standart hatlardan bazılarının koçanlarında 15-16 adet sıra sayısına sahip oldukları gözlenmiştir. Bu karakter bakımından gerek MAE hatları içerisinde gerekse standart hatlarda dikkate değer bir varyasyon olduğunu söylemek mümkündür.

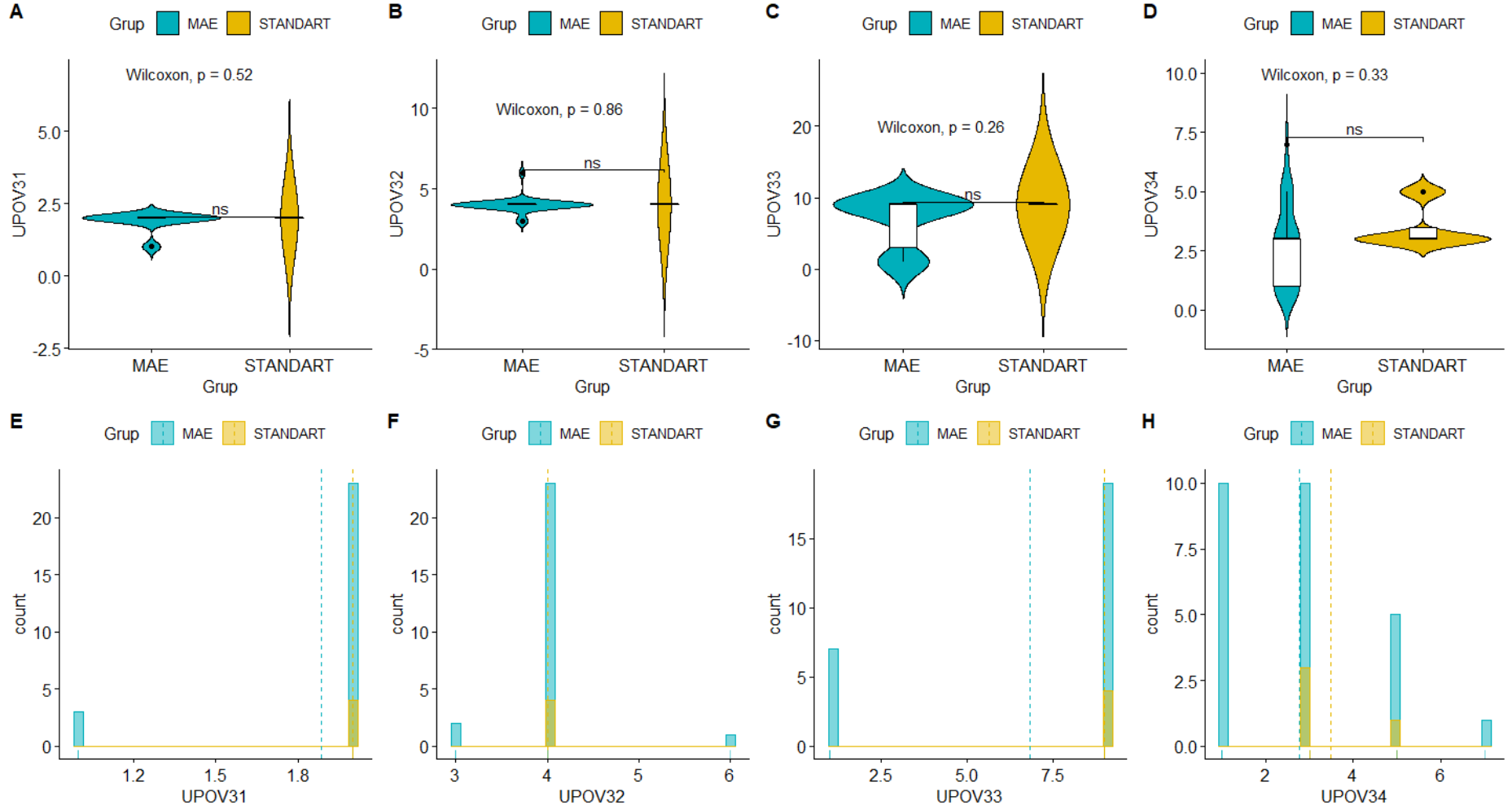
Yukarıda belirtilen özellikler dışında kalan bitki ve koçan özellikleri ise daha çok çeşit karakterleri ile ilişkilidir. Özellikle belirgin karakterlerden olan “tane tipi” (UPOV30) bakımından MAE hatlarının atdişi gibi, at dişi grubunda yer aldıklarını göstermiştir. Diğer özelliklerden “koçan şekli” (UPOV28), “tane ucu rengi” (UPOV31), “tane sırt rengi” (UPOV32), “koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliği” (UPOV33) ve “koçan kavuzlarında antosiyanin yoğunluğu” (UPOV34) bakımından standart hatlar ile benzer değerlere sahip MAE hatlarının olduğu izlenmiştir.



Şekil 4.7. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların bitki ve koçan özelliklerine (UPOV22, UPOV23, UPOV25, UPOV26) göre kıyaslanması



Şekil 4.8. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların bitki ve koçan özelliklerine (UPOV27, UPOV28, UPOV29, UPOV30) göre kıyaslanması



Şekil 4.9. Denemeye alınan hatlar ile standart hatların bitki ve koçan özelliklerine (UPOV31, UPOV32, UPOV33, UPOV34) göre kıyaslanması

4.1.2. Morfolojik özelliklere ilişkin temel bileşen analizi Sonuçları

UPOV kriterlerine göre toplanan morfolojik verilere ilişkin Temel Bileşen Analizi sonuçları Çizelge 4.1.'de sunulmuştur. Bu analiz sonuçlarına göre UPOV gözlemlerine ilişkin tüm veriler kullanıldığında toplam 29 bileşen kullanılarak verilerdeki tüm varyasyonun açıklanmasının mümkün olduğu belirlenmiştir. Ancak bileşen sayısının çok yüksek olması analiz sonuçlarının gösterimini güçleştirmektedir. Temel Bileşen Analizinde kabul edilebilir boyut sayısını belirlemek amacıyla iki farklı değerden yararlanılmaktadır. Kaiser (1961)'in bildirdiğine göre yükleme değeri (Eigen value) 1'in üzerinden olan Temel Bileşenlerin standardize edilmiş verideki değişimi açıklamada göz önünde bulundurulması gerektiği vurgulanmıştır. Temel Bileşen sayısının belirlenmesi amacıyla ikinci kontrol edilebilecek değer ise açıklanan toplam varyansın kaç Temel Bileşen tarafından açıklandığıdır. Toplam varyansın %70'i ve üzerinin açıklandığı Temel Bileşenlerin bu analizde kullanılması durumunda, analiz edilen verideki mevcut değişimin yeterli düzeyde açıklandığı belirtilmiştir. Daha önce de belirtildiği gibi Temel Bileşen Analizi (TBA), çok boyutlu alan içinde tipler arasındaki ilişkiyi en iyi temsil edecek bir eksen ya da eksenler dizisi üzerindeki tip izdüşümlerinin görüntülenmesi temeline dayanmaktadır. Temel Bileşenler çevresinde dağılan örneklerin varyansları her bir bileşen için ayrı ayrı hesaplanmaktadır. Yükleme (eigen) değerlerinin 1'den büyük olması ele alınan Temel Bileşen ağırlık değerlerinin güvenilir olduğunu göstermektedir (Mohammadi ve Prasanna 2003). Yükleme değeri 1'den büyük değere sahip bileşenler için toplam varyans oranları ve kümülatif (eklemeli) varyans değerleri belirlenmiş ve yorumlamalar bu değerler kullanılarak yapılmıştır (Mohammadi ve Prasanna 2003, Düzyaman 2005, Karaağaç 2006). TBA sonucunda genotiplerde hesaplanan yükleme değerleri, varyans, toplam varyans oranları, incelenen özellikler bazında ortaya çıkan Temel Bileşen (TB) eksenleri ve bunlara karşılık gelen faktör katsayıları Çizelge 4.1.'de verilmiştir. İncelenen özellikler yönünden yükleme değerleri 1'den büyük birbirinden bağımsız 12 adet TB eksenini elde edilmiştir. İlk 12 adet TB ekseninin yükleme değerleri 1.00 - 4.75 arasında değişmekte olup, genotiplere ait toplam varyasyonun %83.9'unu tanımlamaktadır.

Bu sınır değerlerden yükleme değeri dikkate alındığında toplam 12 Temel Bileşen kullanıldığında analiz sonucunda verideki mevcut değişimin yeterli düzeyde açıklanabileceği görülmektedir (Çizelge 4.1.). Temel Bileşen Analizi ile açıklanabilen toplam varyans değeri dikkate alındığında ise 8 Temel Bileşene ait varyans açıklama oranının (%69,7) kabul edilebilir düzeye ulaştığı tespit edilmiştir (Çizelge 4.1.).

Çizelge 4.1. Tüm morfolojik ölçümlere ilişkin TB Analizinde yükleme değeri ve boyutlara göre açıklanan varyansın değişimi

Boyut	Yükleme değeri	Açıklanan varyans	Kümülatif varyans
TB.1	4,76	13,99	14,0
TB.2	4,11	12,08	26,1
TB.3	3,50	10,29	36,4
TB.4	2,75	8,10	44,5
TB.5	2,59	7,62	52,1
TB.6	2,46	7,25	59,3
TB.7	1,92	5,66	65,0
TB.8	1,59	4,67	69,7
TB.9	1,53	4,51	74,2
TB.10	1,24	3,64	77,8
TB.11	1,06	3,13	80,9
TB.12	1,01	2,97	83,9
TB.13	0,87	2,57	86,5
TB.14	0,83	2,43	88,9
TB.15	0,73	2,14	91,1
TB.16	0,56	1,64	92,7
TB.17	0,54	1,60	94,3
TB.18	0,45	1,33	95,6
TB.19	0,32	0,94	96,6
TB.20	0,27	0,80	97,4
TB.21	0,24	0,72	98,1
TB.22	0,18	0,54	98,6
TB.23	0,17	0,50	99,1
TB.24	0,10	0,29	99,4
TB.25	0,08	0,25	99,6
TB.26	0,04	0,11	99,8
TB.27	0,04	0,11	99,9
TB.28	0,03	0,08	100,0
TB.29	0,02	0,05	100,0

TBA'nin etkin kullanılabilmesi ve doğru yorumlanabilmesi için toplam varyasyonun ilk iki veya üç bileşen oranının %25'den büyük olması gerekir (Mohammadi and Prasanna 2003). Elde ettiğimiz bileşen eksenlere ait ilk iki eksen değeri %25'den büyük olup, toplam varyansın %26.07'sini tanımlamıştır. Ancak ilk üç bileşen değeri (%36.36) toplam varyansın %50'sini (%41.95) açıklamaya yeterli olmadığı görülmüştür. Dolayısıyla Temel Bileşen sayısını belirlemede ilk üç bileşen değeri yerine, toplam varyansın 2/3'ü esas alınmıştır (Özdamar 2004). Bu sonuçlara göre çalışmada kullanılan tüm UPOV karakterlerinin Temel Bileşen Analizine tabi tutulması yerine tüm veri üzerinden yapılan analizi sonucunda bu analizde kullanılması uygun olan boyutların ve bu boyutlarla ilgili olan özellikleri kullanmak suretiyle morfolojik karakterizasyonun ve hatların sınıflandırılmasının mümkün olduğu anlaşılmıştır. Bu kapsamda özellikle Temel Bileşenlerle ilgili olan özelliklerin belirlenmesi ve bilhassa ilk iki boyutla ilişkili olan özelliklerin tespit edilmesinin gerekli olduğu anlaşılmıştır. Bu amaçla boyutlarla incelenen özellikler arasındaki korelasyonlar incelenmiş ve boyutlarla önemli ilişkilere sahip olan özellikler tespit edilmiştir. Yapılan analiz sonucunda ilk boyutla ilişkili olan özelliklerin UPOV19, UPOV22, UPOV21, UPOV20, UPOV2, UPOV26, UPOV10, UPOV31, UPOV23, UPOV33, UPOV34 kodlu özellikler olduğu; ikinci boyutla ise UPOV17, UPOV1, UPOV18, UPOV9, UPOV16, UPOV6, UPOV33, UPOV5, UPOV13 kodlu özelliklerin istatistiki açıdan önemli bir ilişkiye sahip oldukları tespit edilmiştir. Toplamda 19 farklı özellik kullanılarak Temel Bileşen Analizi tekrar edilmiştir.

Tüm UPOV özellikleri kullanılarak yapılan Temel Bileşen Analizi sonrasında elde edilen bulgulara dayalı olarak seçilen 19 özellikte tekrar edilen TBA analizi sonuçları Çizelge 4.2.'de sunulmuştur. İlk iki boyutta toplam varyasyonun %43.2'sinin açıklandığı gözlenmektedir. Kullanılan verideki tüm varyasyonun açıklanması için ise 18 Temel Bileşene ihtiyaç olduğu belirlenmiştir.

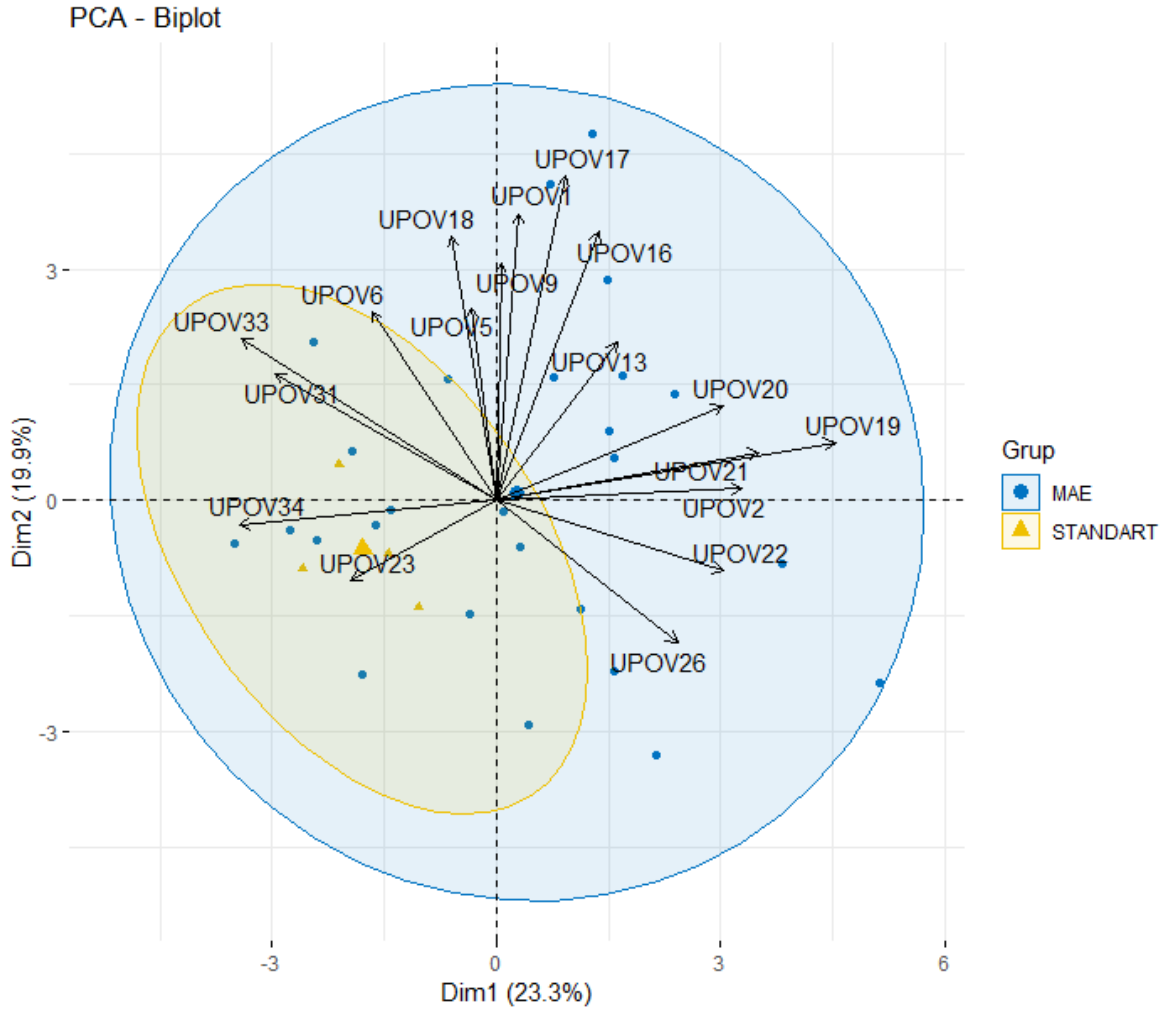
Çizelge 4.2. Seçilen 19 morfolojik ölçüm verisi ile gerçekleştirilen TBA analizinde yükleme değeri ve boyutlara göre açıklanan varyansın değişimi

	Yükleme değeri	Açıklanan varyans	Kümülatif varyans
PCA.1	4,19	23,29	23,3
PCA.2	3,59	19,93	43,2
PCA.3	1,68	9,33	52,5
PCA.4	1,42	7,91	60,5

Çizelge 4.2. Seçilen 19 morfolojik ölçüm verisi ile gerçekleştirilen TBA analizinde yükleme değeri ve boyutlara göre açıklanan varyansın değişimi (Devam)

PCA.5	1,24	6,89	67,3
PCA.6	1,15	6,36	73,7
PCA.7	1,01	5,59	79,3
PCA.8	0,92	5,11	84,4
PCA.9	0,60	3,31	87,7
PCA.10	0,49	2,74	90,5
PCA.11	0,46	2,55	93,0
PCA.12	0,37	2,04	95,1
PCA.13	0,28	1,58	96,6
PCA.14	0,20	1,14	97,8
PCA.15	0,18	0,97	98,7
PCA.16	0,13	0,74	99,5
PCA.17	0,06	0,36	99,8
PCA.18	0,03	0,16	100,0

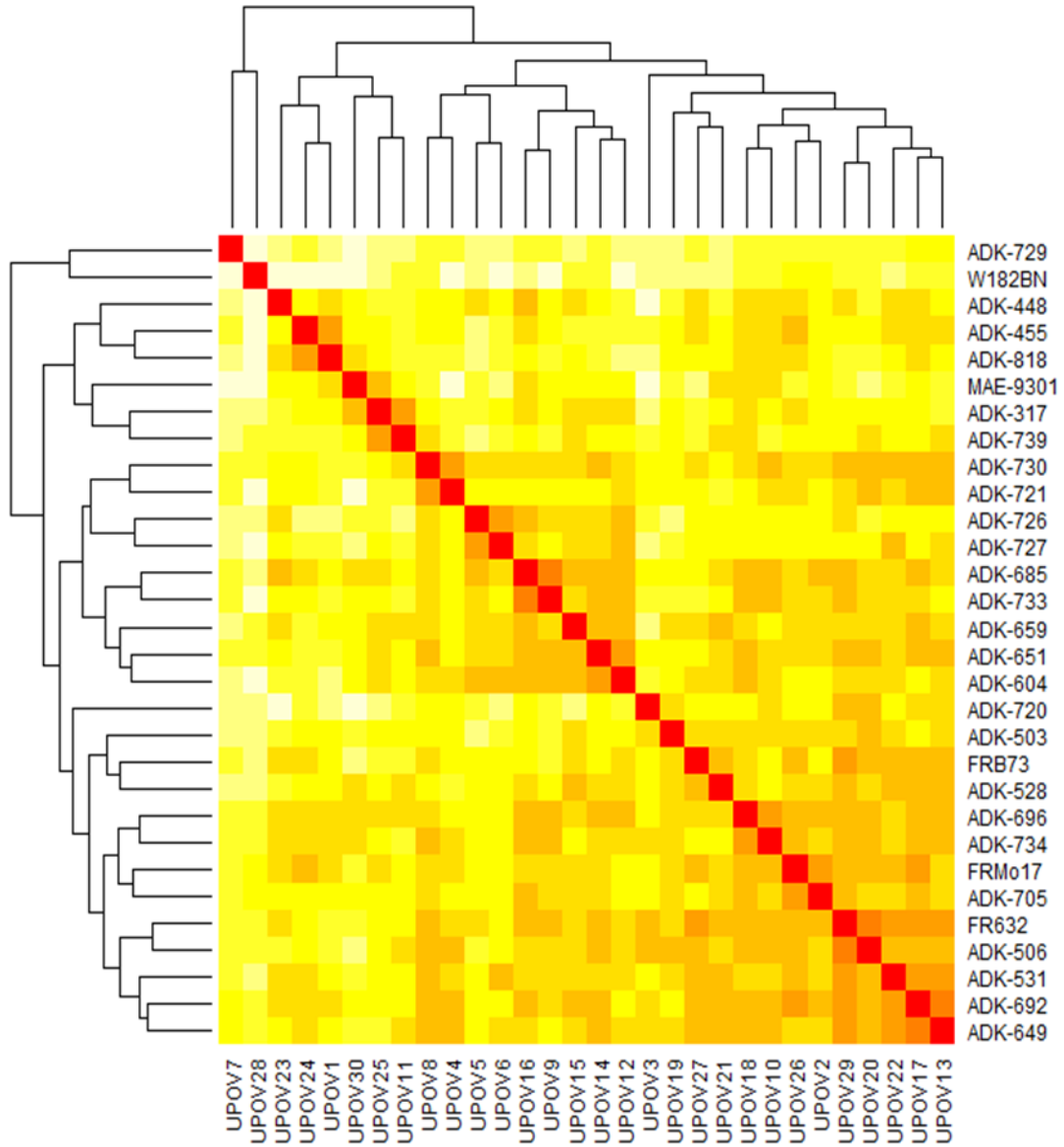
İlk iki boyutla ilişkili olduğu saptanan morfolojik özelliklerle yapılan Temel Bileşen Analizine ilişkin grafik Şekil 4.10.'da sunulmuştur. İlgili grafikte MAE hatlarının UPOV özellikleri bakımından geniş bir varyasyona sahip oldukları görülmektedir. UPOV21, UPOV23, UPOV33 ve UPOV34 ile ilgili gözlemler bakımından standart hatlar ile benzerlik gösteren 14 farklı MAE hattının olduğu belirlenmiştir. Kalan 12 MAE hattının ise diğer UPOV karakteri bakımından standart hatlardan farklılık gösterdiği anlaşılmaktadır (Şekil 4.10.).



Şekil 4.10. Morfolojik özelliklere ait verilerle oluşturulan PCA-Biplot analiz grafiği

4.1.3. Morfolojik ölçümlere ait kümeleme analizi sonuçları

UPOV kriterlerine göre yapılan morfolojik ölçüm verileri kullanılarak oluşturulan Kümeleme Ağacı Şekil 4.11.'de sunulmuştur. Kümeleme Analizi sonuçlarına göre kullanılan hatlar iki ayrı ana sınıfta gruplanmıştır. Sınıfta bulunan hat sayısına göre birinci sınıfta 2, ikinci sınıfta 28 hattın gruplandığı görülmektedir (Şekil 4.11.).



Şekil 4.11. Morfolojik ölçüm verilerine dayalı olarak oluşturulan kümeleme dendrogramı

4.2. Moleküler Analiz Değerlendirmeleri

4.2.1. Moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları

Moleküler varyans analizi sonuçları Çizelge 4.3.'de sunulmuştur. Bu analizde standart hatlar (n=4) ile MAE tarafından geliştirilen hatlar (n=26) ayrı iki grup olarak kabul edilmiş ve moleküler verilerdeki değişim incelenmiştir. Gruplar arasında %2'lik bir farklılık olduğu gözlenirken tüm hatlar arasında %8'lik bir varyasyon olduğu saptanmıştır. Allel verilerindeki varyasyon bakımından en yüksek farklılık hat içinde olduğu (%91) belirlenmiştir. Bu

bulgulara dayanarak standart hatlar ile MAE hatları arasındaki moleküler farklılıklardan ziyade hatlar içerisinde kullanılan primerlerin verdikleri allel sayıları ve allel büyüklüklerindeki varyasyonun daha ön plana çıktığını söylemek mümkündür.

Çizelge 4.3. Standartlar ve MAE hatlarına ait gruptan elde edilen SSR verilerine ait moleküler varyans analizi (AMOVA) sonuçları

Varyans Kaynağı	Serbestlik Derecesi	KT	KO	Hesaplanan Varyans	%
Gruplar Arası	1	204,136	204,136	2,668	2%
Hatlar Arası	28	4679,731	167,133	12,167	8%
Hatlar İçi	30	4284,000	142,800	142,800	91%
Toplam	59	9167,867		157,635	100%
R-İstatistikleri	Değer	P(rand >= data)			
Rst	0,017	0,290			
Ris	0,079	0,292			
Rit	0,094	0,269			

4.2.2. Kullanılan SSR primerleri ile ilgili sonuçlar

Çalışmada 30 kendilenmiş mısır hattını moleküler olarak karakterizasyonu ve genotipler arası genetik ilişkiyi tanımlamak için DNA moleküler markörü olarak mikrosatellitler (SSRs) kullanılmıştır. Toplam 25 adet SSR primeri kullanılmış ve bu primerler <http://www.maizegdb.org> (Maize Genome Data Bank) internet sitesinden seçilmiştir. SSR primerlerinin mısır genomunun tamamını temsil etmesi için 10 kromozomunun her birinden SSR lokuslarına ait SSR primerleri seçilmiş ve kullanılmıştır.

Çalışılan lokuslardaki allel sayıları, allel büyüklükleri (baz çifti, bç) (base pair, bp), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) (probability of identity, PI) değeri, ve polimorfizm bilgi içeriği (PBI) (polymorphism information content, PIC) değerleri Çizelge 4.4.'de verilmiştir. İncelenen 30 kendilenmiş mısır hattı için kullanılan 25 SSR primeri toplam 121 allel üretmiş olup, ortalama SSR lokusu başına 4.84 allel saptanmıştır. Çizelge incelendiğinde en az allelin 2 allel ile phi002 ve phi213984 lokuslarından, en fazla allelin ise 7 allel ile phi064 ve phi085 lokuslarından elde edildiği

görülmektedir. Kullanılan SSR primerlerinde allel uzunluğu, 71 bp (phi002) ile 305 bp (phi213984) arasında değişmektedir.

Çizelge 4.4. Çalışılan lokuslardaki allel sayıları, allel büyüklükleri (bç), genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ), heterozigotluk oranı (HtO), tespit olasılığı (TO) değeri, ve polimorfizm bilgi içeriği (PBi) değeri

Sıra no	SSR lokus	Allel sayıları	Allel büyüklüğü (bç)	Genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ)	Heterozigotluk oranı (HtO)	Tespit olasılığı (TO) değeri	PBi değeri
1	phi402893	6	207-231	0,75	0,03	0,32	0,73
2	phi420701	6	290-316	0,73	0,60	0,30	0,71
3	phi328175	6	99-131	0,74	0,03	0,30	0,72
4	phi299852	6	108-130	0,73	0,03	0,37	0,71
5	phi23376	5	136-148	0,64	0,03	0,53	0,62
6	phi085	7	222-258	0,78	0,13	0,25	0,78
7	phi053	5	167-193	0,72	0,03	0,32	0,70
8	phi070	4	75-81	0,71	0,03	0,35	0,68
9	phi109642	3	133-147	0,51	0,03	0,48	0,42
10	phi002	2	71-75	0,47	0,20	0,60	0,36
11	phi041	5	195-203	0,58	0,27	0,60	0,55
12	phi011	4	207-227	0,49	0,10	0,67	0,46
13	phi033	4	249-261	0,15	0,03	0,92	0,15
14	phi034	3	120-140	0,55	0,03	0,58	0,51
15	phi213984	2	287-305	0,48	0,00	0,50	0,38
16	phi050	5	77-93	0,56	0,13	0,58	0,51
17	phi032	4	233-245	0,57	0,13	0,57	0,52
18	phi072	6	138-160	0,65	0,10	0,52	0,64
19	phi064	7	73-105	0,76	0,07	0,35	0,76
20	phi093	4	279-287	0,62	0,03	0,48	0,58
21	phi96100	6	251-295	0,75	0,07	0,27	0,74
22	phi015	6	83-105	0,66	0,10	0,45	0,63
23	phi96342	3	241-249	0,64	0,07	0,40	0,59
24	phi109275	6	120-154	0,73	0,03	0,35	0,71
25	phi109188	6	147-175	0,51	0,03	0,65	0,49
Ortalama		4,84		0,62	0,09	0,47	0,59

Cömertpay (2012), 13 SSR primeri ile incelenen 20 yerel mısır popülasyonunda ortalama allel sayısını 4.03 bulmuş ve allel sayıları 2 ile 5 arasında değişim göstermiştir. Senior ve ark. (1998) 94 saf hatta 70 SSR kullanarak yapmış oldukları çalışmada toplam bant sayısının 365 olduğunu, lokus başına düşen allel sayısının 2 ile 23 arasında değiştiğini ve ortalama allel sayısının 5 olduğunu bildirmişlerdir. Laborda ve ark. (2005) yapmış oldukları çalışmada 85 tropik kökenli mısır hattında 50 SSR primeri kullanarak, toplam 262 bant ve ortalama 5.2 allel bulmuşlardır.

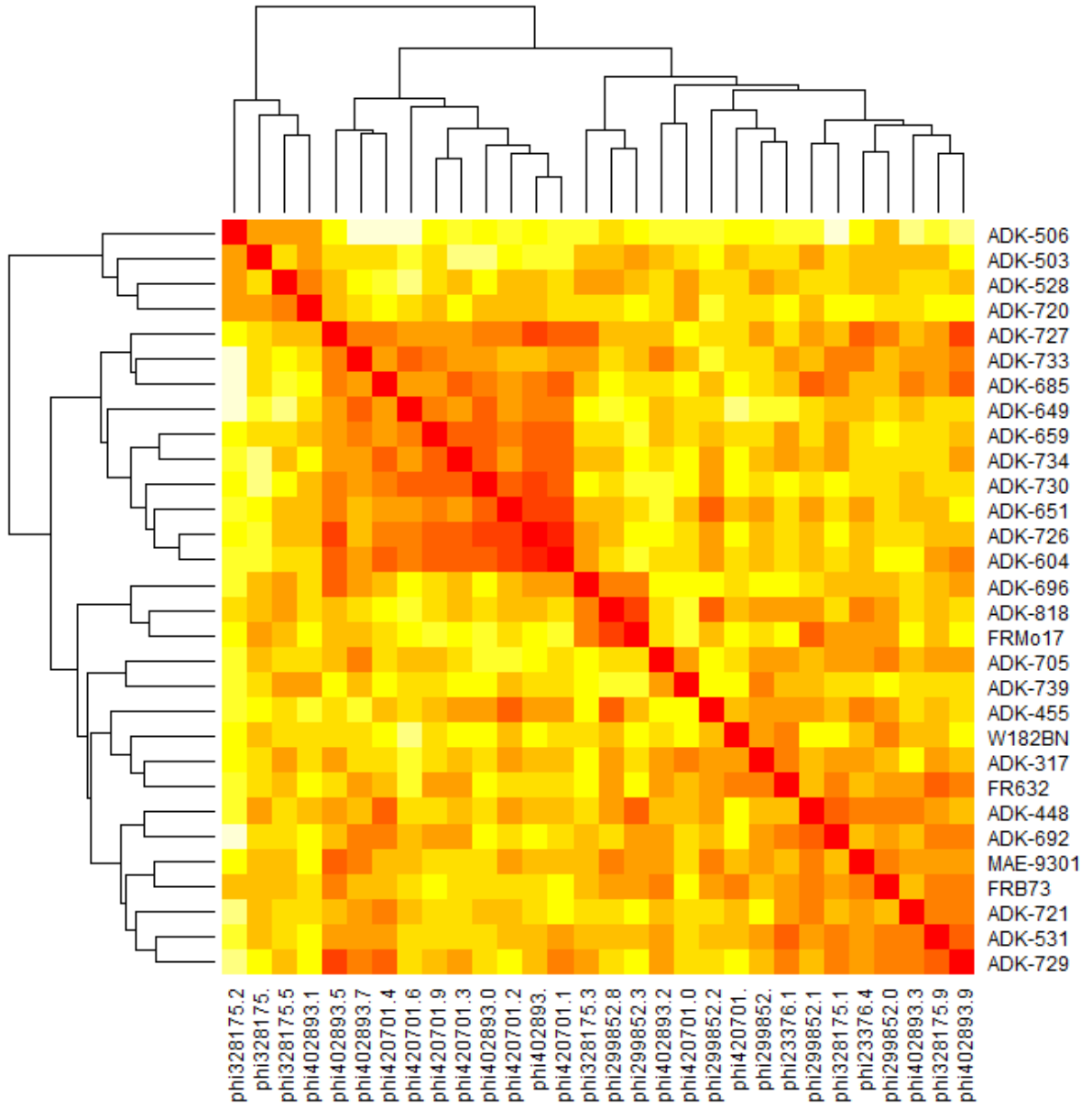
PBİ değeri genellikle farklı moleküler markörlerin karşılaştırılmasında kullanılan etkin bir parametre olmakla beraber herhangi bir DNA marköründe kullanılan primerlerin etkinlik derecelerinin saptanmasında da kullanılabilir değerlendirme kriteridir (Hongtrakul ve ark. 1997, Lübberstedt ve ark. 2000, Manifesto ve ark. 2001, Garcia ve ark. 2004). Bu çalışmada ortalama PBİ değeri 0.59 olup, en düşük $\phi 033$ (0.15) lokusundan, en yüksek ise $\phi 085$ (0.78) lokusundan elde edilmiştir. En yüksek PBİ değerine sahip lokuslar aynı zamanda sırasıyla 0.78, 0.76 ve 0.75 ile en yüksek GCİ'ne sahip olan primerlerdir.

Senior ve ark. (1998) 70 SSR kullandıkları çalışmada, PBİ değerinin 0.17 ile 0.92 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PBİ değerinin 0.59 olduğunu bildirmişlerdir. Warburton ve ark. (2002) 85 SSR lokusu kullandıkları araştırma sonucunda, PBİ değerinin 0.46 ile 0.85 arasında değişim gösterdiğini saptamışlardır. Laborda ve ark. (2005) 50 SSR primeri kullandıkları çalışmada PBİ değerinin 0.24 ile 0.90 arasında değişim gösterdiğini ve ortalama PBİ değerinin 0.61 olduğunu saptamışlardır.

Tespit olasılığı (TO) değeri en düşük $\phi 085$ (0.25) ve en yüksek $\phi 033$ (0.92) primerlerinde tespit edilmiştir.

4.2.3. Moleküler verilerle yapılan kümeleme analizi sonuçları

Moleküler verilerle oluşturulan kümeleme ağacı Şekil 4.12.'de sunulmuştur. Kümeleme Analizi sonuçlarına göre, kullanılan 30 hat 3 ayrı sınıfa ayrılmıştır. Bu sınıflarda sırasıyla 4, 10 ve 16 hat gruplanmıştır. İlk grupta ADK-506, ADK503, ADK-528 ve ADK720 kodlu hatlar sınıflanmıştır. Bu hatlar $\phi 328175$ primeri bakımından birbirine en fazla benzerlik gösteren hatlar olmuştur.

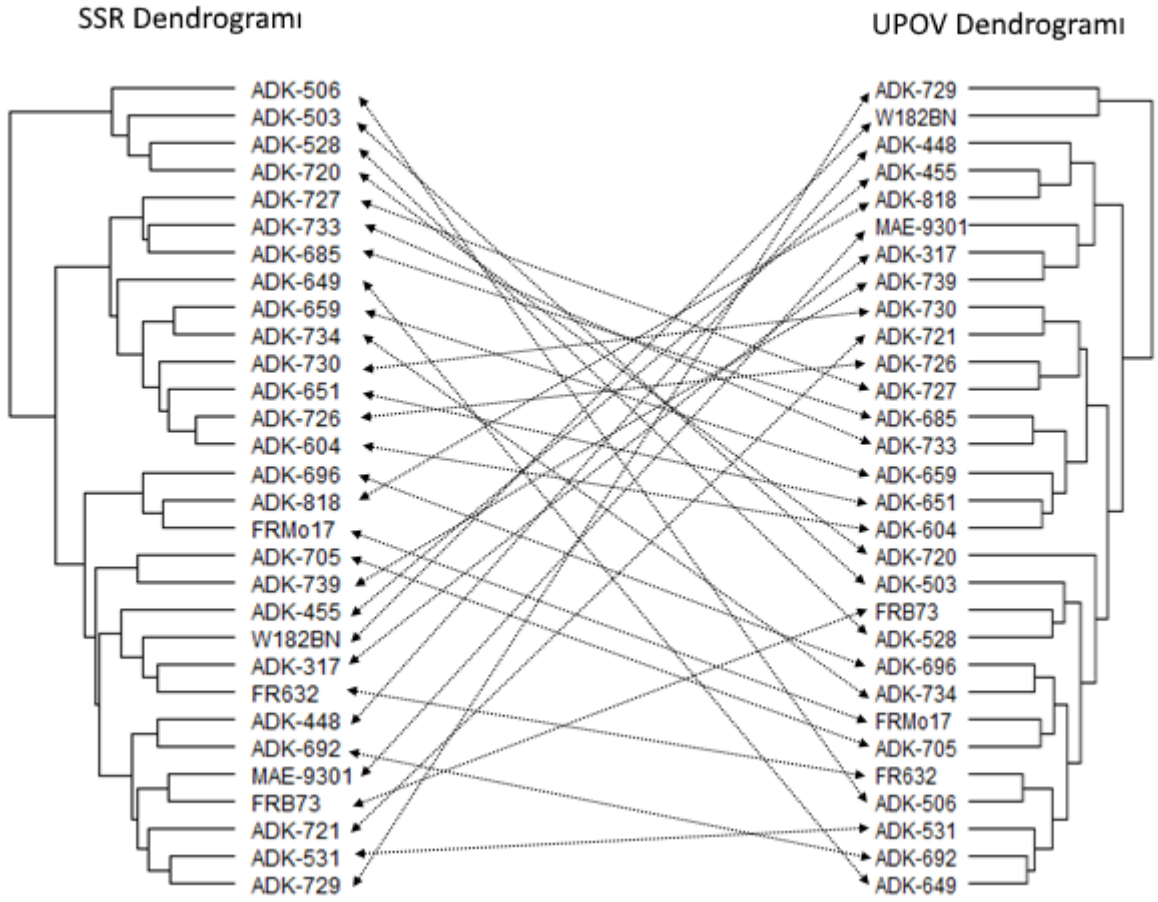


Şekil 4.12. Moleküler analizlerde kullanılan primerlerden elde edilen baz çifti (bp) verilerine dayalı olarak oluşturulan kümeleme dendrogramı

4.3. Morfolojik ve Moleküler Verilerle Elde Edilen Sonuçların Karşılaştırılması

Morfolojik ve moleküler verilerle oluşturulan akrabalık ağaçlarının karşılaştırılması amacıyla oluşturulan tanelgram grafiği Şekil 4.13.'de sunulmuştur. Şekilde de görüleceği üzere morfolojik ve moleküler verilerle oluşturulan akrabalık ağaçları birebir örtüşmemiştir. Bununla birlikte bazı hatların oluşturulan dendrogramlarda aynı alt sınıfta yer aldığı da dikkat çekmiştir. Örneğin ADK-696 ve FRMo17 nolu hatlar aynı farklı dendrogramlarda aynı alt

sınıfta yer alan hatlar olmuştur. Benzer şekilde FRMo17 ve ADK-705; ADK-503 ve ADK-528; ADK-727, ADK-685 ve ADK-733, ADK-730 ve ADK-726; ADK-651 ve ADK-604 hatları da farklı kümeleme dendogramlarında yakınlık gösteren hatlar olmuştur. ADK-705 ve ADK-696 hatlarının da farklı dendogramlarda aynı sınıfta yer alan hatların olduğu belirlenmiştir. En uzak hatların ise ADK-506, ADK-649, ADK-729, ADK-721 ve ADK-448 hatlarının olduğunu söylemek mümkündür. Zira bu hatlar farklı dendogramlar arasında oldukça farklı sınıflarda yer almışlardır.



Şekil 4.13. UPOV verileri ve moleküler verilerle oluşturulan dendogramların karşılaştırılması

5. SONUÇ

Bu çalışma ile Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından mısır ıslah çalışmaları sonucunda elde edilmiş olan 30 kendilenmiş mısır hattında, morfolojik ve moleküler markörler kullanarak tanımlanması, mevcut varyasyonun belirlenmesi ve bu bilgiler ile halen yürütülmekte olan ıslah programlarına bir veri oluşturulması amaçlanmıştır.

5.1. Hatlar Arasındaki Farklılığın Morfolojik Özelliklere Göre Değerlendirilmesi

Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne ait 30 adet kendilenmiş mısır hattında, UPOV kriterlerine göre 34 özellik gözlemlenmiş ve bu özelliklere ait veriler değerlendirmeye alınmıştır. Materyal olarak kullanılan kendilenmiş mısır hatları arasında geniş bir varyasyonun olduğu görülmektedir. Bu da bize Enstitü tarafından geliştirilmiş olan bu hatların geldiği genetik kaynaklarının farklı olduğunu göstermektedir.

Gözlemlenen özellikler incelendiğinde;

“Gövde ile yaprak arasındaki açı” tüm hatlarda dar olarak gözlemlenmiştir. Bu özellik mısır ıslahında özellikle sık ekim için ve bitkinin maksimum olarak gün ışığından faydalanmasını sağlayan bir özelliktir. Son zamanlarda bitki sıklığının artırılarak verimin de artırılması yönündeki ıslah çalışmalarında tercih edilen bir özelliktir. Araştırmada kullanılan materyalin de bu özellikte olması bu yöndeki ıslah çalışmalarının yapılabileceği anlamına gelmektedir.

“Tepe püskülü çıkış zamanı” incelendiğinde, materyal daha çok orta, orta-geç ve geç olarak tanımlanmıştır. Ülkemiz yoğun mısır ekimi alanları dikkate alındığında yaklaşık FAO 600-750 grubu mısır çeşitleri kullanıldığından, incelenen materyalin de bu grup aralığında toplanmış olduğunu görmekteyiz. Son yıllarda ülkemiz mısır alanlarının genişlemiş olmasından dolayı iklim olarak daha kısa dönemlerde yetiştirilebilen yani FAO olum grubu düşük melez mısır çeşitlerine ihtiyaç duyulmaktadır. Bu yönde yapılacak ıslah çalışmaları için FAO olum grubu daha düşük olan kendilenmiş hatlara ihtiyaç duyulacağından, ıslah programında daha düşük olum grubuna ait genetik materyale de önem verilmesi gerektiği düşünülebilir.

“Bitki boyu”; kısa, orta ve uzun olarak gözlemlenmiştir. Özellikle silajlık mısır ıslahında uzun boylu materyallerin kullanılması bitki biyokütlesini (biyomas) arttırması yönüyle fayda sağlayacağından, bu materyaller ile aynı zamanda silajlık mısır ıslahı çalışmalarında da kullanılabileceği anlamına gelmektedir.

“Koçandaki sıra sayısı”nın; orta, fazla ve çok fazla gruplarında toplanması tane verimi ile ilgili yapılacak hibrit çalışmalarında daha fazla ümitvar hibritlerin elde edilebileceği düşünülebilir.

“Tane tipi” özelliğine baktığımızda, materyalin at dişi grubunda yoğunlaştığını görmekteyiz. “Tane sırt rengi”nin de yoğun olarak sarı-portakal grubunda yer alması, ıslah çalışmalarında sarı at dişi ağırlıklı çalışıldığı hakkında da bilgi vermektedir.

Morfolojik karakterizasyon çalışmaları sonucunda elde edilen verileri kullanarak popülasyonu temsil eden özellikleri öne çıkartmak ve karakterize edilen özelliklere göre gruplandırmak amacıyla istatistik analizlerden Temel Bileşenler Analizi gerçekleştirilmiştir. Genotiplerin benzerlik ve farklılık düzeylerinin belirlenmesi amacıyla veriler çoklu karşılaştırma analizlerinden “Kümeleme Analizi” kullanılarak gruplandırılmış ve popülasyondaki genotiplerin birbirlerine yakınlık ve uzaklık dereceleri de değerlendirilmiştir.

Temel Bileşenler Analizi sonucunda, genetik çeşitliliğin açıklanabilmesi için 19 morfolojik özelliğin, 34 morfolojik özellik kadar başarılı olduğu görülmüştür. Bu 19 özellik genetik çeşitliliğin %59.3’ünü açıklayabileceği görülmektedir. Morfolojik olarak yapılacak tanımlama çalışmalarında belirlenen 19 özelliğin yeterli olacağı düşünülmektedir. Bu hem zaman hem de pratiklik olarak işimizi kolaylaştıracağı düşünülmektedir.

Morfolojik özelliklere göre oluşturulan dendogram incelendiğinde öncelikle iki gruba ayrılmış olduğu görülmektedir. 1. grubun altında bulunan 2 hat, 2. grubun altında da 28 hat yer almıştır.

5.2. Hatlar Arasındaki Farklılığın Moleküler Özelliklere Göre Değerlendirilmesi

30 kendilenmiş mısır hattı 25 SSR primeri ile yapılan genetik analizleri sonucu toplam 121 allel elde edilirken, ortalama allel sayısı 4.84 olarak tespit edilmiştir. 25 SSR primeri değerlendirildiğinde; en az allelin 2 allel ile phi002 ve phi213984 lokuslarından, en fazla allelin ise 7 allel ile phi064 ve phi085 lokuslarından elde edildiği görülmektedir. Kullanılan SSR primerlerinde allel uzunluğu, 71 bp (phi002) ile 305 bp (phi213984) arasında değişmektedir. Ortalama PBİ değeri 0.59 olup, en düşük phi033 (0.15) lokusunda, en yüksek ise phi085 (0.78) lokusundan elde edilmiştir. En yüksek PBİ değerine sahip lokuslar aynı zamanda sırasıyla 0.78, 0.76 ve 0.75 ile en yüksek GÇİ’ne sahip olan primerlerdir.

Genetik çeşitlilik indeksi (GÇİ) ve heterozigotluk oranı (HtO) ortalamaları sırasıyla 0.62 ve 0.09 olarak bulunmuştur.

Moleküler veriler yardımıyla UPGMA yöntemine göre oluşturulan dendogram incelendiğinde hatların üç gruba ayrıldığını görmekteyiz. Bu gruplarda sırasıyla 4, 10 ve 16 hattın yer aldığını görmekteyiz.

Moleküler veriler yardımıyla oluşturulan dendogram üzerinde, benzerlik matrisi kullanılarak bir hattın diğer hatlara olan uzaklıkları hesaplanmış olup benzerlik katsayıları 0.08 ile 0.78 arasında değişmiştir.

Morfolojik ve moleküler veriler arasında tam bir bağlantı bulunamamıştır. Her iki dendogram da incelendiğinde birçok hattın farklı gruplar altında dağılım gösterdiğini görmekteyiz. Ancak UPOV dendogramında farklı grupta yer alan ADK 503, ADK 506, ADK 528 ve ADK 720 hatları SSR dendogramında aynı grupta yer aldıkları belirlenmiştir. ADK 729 hattı her iki dendogramda uç bölümde yer almakta, ADK 506 hattı; UPOV dendogramında ADK 729 hattının en uzağında yer almakla beraber SSR dendogramında ADK 729 hattının en uzağındaki grubunu içerisinde yer almaktadır.

Literatürlere göre heterosis birbirine uzak materyallerin melezlenmesi ile ortaya çıkmaktadır. Yukarıda belirtildiği üzere her iki dendogramda birbirine en uzak olan materyaller ADK 729 VE ADK 506 hatlarıdır. İkisi arasında yapılacak melez ön plana çıkabilir.

Bitki verimine etki eden morfolojik karakterlerden; bitki boyu, koçan uzunluğu, koçan çapı, tepe püskülü çıkış zamanı ve koçan püskülü çıkış zamanı değerleri göz önünde bulundurulduğunda öne çıkan hatlar ADK 818, ADK 651, ADK 720, ADK 729, ADK 455, ADK 448, MAE 9301 ve FRMo 17 kendilenmiş hatlarıdır. Bu hatlar arasında moleküler uzaklıklara bakılarak melezler yapılması uygun olacaktır.

Sonuç olarak; yapılacak mısır ıslah çalışmalarında başarılı olabilmenin şartlarından biri de öncelikle ıslah materyalinin iyi tanımlanabilmesi ile mümkündür. Bu tanımlama hem morfolojik ve hem de moleküler düzeyde olması ıslah materyalinin daha etkin kullanılmasını sağlayacaktır. Yapılacak melez kombinasyonlarında hem morfolojik ve hem de moleküler düzeyde yapılacak olan tanımlamalar ıslah programlarının daha etkili bir şekilde yürütülmesini sağlayacaktır.

6. KAYNAKLAR

- Anonim (2017). <http://faostat3.fao.org/download/Q/QC/E>, (erişim tarihi:10.05.2019).
- Beckman JS, Soller M (1990). Toward a unified approach to genetic mapping of eukaryotes based on sequence tagged microsatellite sites. *Biotech.* 8: 930-932.
- Beyene Y (2005). Genetic Analysis of Traditional Ethiopian Highland Maize (*Zea mays* L.) Using Molecular Markers Morphological Traits: Implication For Breeding and Conservation. Philosophiae of Doctorate Thesis, Forestry and Agric. Biotech.Inst. (FABI), Depart.of Genetics, Univ. of Pretoria.
- Chin EC, Senior ML, Shu H, Smith JS (1996). Maize simple repetitive DNA sequences: abundance and allele variation. *Genome*, 39(5): 866-73.
- Condit R, Hubbel SP (1991). Abundance and DNA sequence of two-base repeat regions in tropical tree genomes. *Genome*, 34: 66-71.
- Cömertpay G, Baloch FS, Kilian B, Ülger AC, Özkan H (2012). Diversity assessment of Turkish maize landraces based on fluorescent labelled SSR markers. *Plant Mol. Biol. Rep.* 30: 261-274
- Doebley JF, Stec A (1991). Genetic analysis of morphological differences between maize and teosinte. *Genetics*, 129: 285-295.
- Düzyaman E (2005). Phenotypic diversity within a collection of distinct okra (*Abelmoschus esculentus*) cultivars derived from Turkish land races. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52: 1019-1030.
- Enoki H, Miki K, Koinuma K (2005). Selection of SSR sets in assignment to dent and flint groups of maize inbred lines derived from European hybrids. *Breeding Sci.* 55: 135-140.
- Ferriol M, Picó B, Nuez F (2003). Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucurbita pepo* using SRAP and AFLP markers. *Theor. Appl. Genet.*, 107: 271-282.
- Gethi JG, Labate JA, Lamkey KR, Smith ME, Kresovich S. (2002). SSR variation in important U.S. maize inbred lines. *Crop Sci.*, 42: 951-957.
- Grenier C, Deu M, Kresovich S, Bramel Cox PJ, Hamon P (2000). Assesment of genetic diversity in three subsets constituted from ICRISAT sorghum collection using random vs non-random sampling procedures: B. Using molecular markers. *Theor. and Appl. Genet.*, 101(1/2): 197-202.
- Hoxha S, Shariflou M, Sharp P (2004). Evaluation of genetic diversity in Albanian maize using SSR markers. *Maydica*, 49: 97-104.
- Jones N, Ougham H, Thomas H (1997). Markers and mapping: We are all geneticists now. *New Phytologist*, 137: 165-177.
- Kaiser, Henry F. 1961. "A Note on Guttman's Lower Bound for the Number of Common Factors." *British J. of Statistical Psychology*, 14: 1-2.
- Karaağaç O (2006). Bafra Kırmızı Biber Gen Kaynaklarının (*Capsicum annuum* var. *conoides* mill.) Karakterizasyonu ve Değerlendirilmesi. Yüksek Lisans Tezi, Ondokuz Mayıs Üniv. Fen. Bil. Enst., Samsun.
- Kozhukhova NE, Sivolap IuM (2004). Identification and registration of corn genotypes using molecular markers. *Genetika*, 40(1): 59-66.

- Laborda PR, Oliveira KM, Garcia AAF, Paterniani ME, Souza AP (2005). Tropical maize germplasm: what can we say about its genetic diversity in the light of molecular markers? *Theor. and Appl. Genet.*, 111(7): 1288-1299.
- Le Clerck V, Bazante F, Baril C, Guiard J, Zhang D (2005). Assessing temporal changes in genetic diversity of maize varieties using microsatellite markers. *Theor. and Appl. Genet.*, 110: 294-302.
- Legesse BW, Myburg AA, Pixley KV, Botha AM (2006) Comparative genetic analysis of highland maize inbred lines using AFLP and SSR markers. *South African J. of Plant and Soil*, 23(2): 99-104.
- Liu KD, Zhou ZQ, Xu CG, Zhang Q, Saghai Maroof MA (1996). An analysis of hybrid sterility in rice using a diallel cross of 21 parents involving indica, japonica and wide compatibility varieties. *Euphytica*, 90: 275-280.
- Lu H, Bernardo R (2001). Molecular marker diversity among current and historical maize inbreds. *Theor. and Appl. Genet.*, 103: 613-617.
- Matsuoka Y, Vigouroux Y, Goodman MM, Sanchez J, Buckler E, Doebley J (2002a). A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 99: 6080-6084.
- Matsuoka Y, Mitchell SE, Kresovich S, Goodman M, Doebley J (2002b). Microsatellite in *Zea*-variability, patterns of mutations and use for evolutionary studies. *Theor. Appl. Genet.*, 104: 436-450.
- Melchinger AE, Gumber RK (1998). Overview of heterosis and heterotic groups in agronomic crops. *Concepts and Breeding of Heterosis in Crop Plants*, Larnkey KR, Staub JE (ed.). CSSA, Madison, WI, p. 29-44.
- Minch E, Ruiz-Linares A, Goldstein DB, Feldman M, Cavalli-Sforza LL (1995). Microsat (version 1.4d): a computer program for calculating various statistics on microsatellite allele data. Stanford Univ., Stanford, California.
- Mohammadi SA, Prasanna BM (2003). Analysis of genetic diversity in crop plants-salient statistical tools and considerations. *Crop Sci.* 43: 1235-1248.
- Paradis, E., Schliep K., 2018. ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R. *Bioinformatics* 35: 526-528.
- Peakall, R. and Smouse P.E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – an update. *Bioinformatics*, 28: 2537-2539.
- Powell W, Morgante M, Andre C, Hanafey M, Vogel J, Tingey S, Rafalski A (1996). The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Mol. Breed.*, 2: 225-238.
- Prasanna BM, Ramesh B (2010). Analysis of phenotypic and microsatellite-based diversity of maize landraces in India, especially from the North East Himalayan Region Lata Sharma. *Genetica*, 138: 619-631.
- R Core Team (2018). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>

- Ragot M, Gay G, Muller JP, Durovray J (1999). Efficient selection for adaptation to the environment through QTL mapping and manipulation in maize. Workshop on Molecular Approaches for the Genetic Improvement of Cereals for Stable Production in Water-Limited Environments, CIMMYT, Mexico, June 21-25, 1999 Preliminary papers.
- Reif JC, Hallauer AR, Melchinger AE (2005). Heterosis and heterotic patterns in maize. *Maydica*, 50: 215-223
- Röder MS, Plaschke J, König SU, Börner A, Sorrells ME, Tanksley SD, Ganai MW (1995). Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat. *Mol. Genet.*, 246: 327-333.
- Röder MS, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier MH, Leroy P, Ganai MW (1998). A microsatellite map of wheat. *Genet.*, 149: 2007-2023.
- Saghai-Marouf MA, Soliman KM, Jorgensen RA, Allard RW (1984). Ribosomal DNA Spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, Chromosomal location, and population Dynamics. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 81: 8014-8018.
- Schnell FW (1982). A synoptic study of the methods and categories of plant breeding. *Z. Pflanzenzüchtung*, 89: 1-18.
- Senior ML, Murphy JP, Goodman MM, Stuber CW (1998). Utility of SSRs for determining genetic similarities and relationships in maize using an agarose gel system. *Crop Sci.*, 38(4): 1088-1098.
- Sharma L, Prasanna BM, Ramesh B (2010). Analysis of phenotypic and microsatellite-based diversity of maize landraces in India, especially from the North East Himalayan region. *Genetica*, 138(6): 619-631.
- Sprague GF (1984). Organization of breeding programs. Illinois Corn Breeders School, 16: 20-31.
- Taramino G, Tingey S (1996). Simple sequence repeats for germplasm analysis and mapping in maize. *Genome*, 39: 277-287.
- Wagner HW, Sefc KM (1999). Identity 1.0. Centre for Applied Genetics, Univ. of Agric. Sci., Vienna.
- Warburton ML, Xia XC, Crossa J, Franco J, Melchinger AE, Frisch M, Bohn M, Hoisington D (2002). Genetic characterization of CIMMYT maize inbred lines and open-pollinated populations using large scale fingerprinting methods. *Crop Sci.*, 42: 1832-1840.
- Xia XC, Reif JC, Hoisington DA, Melchinger AE, Frisch M, Warburton ML (2004). Genetic diversity among CIMMYT maize inbred lines investigated with SSR markers: I. lowland tropical maize. *Crop Sci.*, 44(6): 2230-2237.
- Zeybekoğlu B (2012). Mısırdaki SSR Moleküler Markörler ile Genetik Çeşitliliğin Belirlenmesi. Yüksek Lisans Tezi, Selçuk Üniv. Fen Bil. Enst. Tarla Bitkileri Ana Bilim Dalı, Konya.

EKLER

Ek-1. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme şekilleri

No	Özellik	Gözlemlenen dönem	Değerler	
MORFOLOJİK ÖZELLİKLER				
1	İlk yaprak kınında antosiyanin renkliliği	Bitki iki yapraklı iken	Yok veya çok az Az Orta Koyu Çok koyu	1 3 5 7 9
2	İlk yaprak ucu şekli	Bitki dört yapraklı iken	Sivri Sivri-yuvarlak Yuvarlak Yuvarlak-kaşık Kaşık	1 3 5 7 9
3	Gövde ile yaprak arasındaki açı	Anterlerin oluşmaya başlama zamanı	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	<5° 5°-50° 50°-75° 75°-90° >90°
4	Yaprak ayası duruşu	Anterlerin oluşmaya başlama zamanı	Düz Hafifçe aşağı doğru Aşağı doğru Kuvvetlice aşağı doğru Çok kuvvetli aşağı doğru	1 3 5 7 9
5	Gövdedeki boğumdan boğuma zigzag derecesi	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Hafif Kuvvetli	1 2 3
KARAKTERİSTİK ÖZELLİKLER				
6	Destek köklerde antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9
7	Tepe püskülü çıkış zamanı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok erken Çok erken-erken Erken Erken-orta Orta Orta-geç Geç Geç-çok geç Çok geç	<45 45-50 51-55 56-60 61-65 66-70 71-75 76-80 >80
8	Tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9
9	Tepe püskülü kavuzlarında antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9

Ek-1. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme şekilleri (Devam)

10	Anterlerde antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9	
11	Başakçık yoğunluğu	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Seyrek Orta Yoğun	3 5 7	
12	Ana eksen ile yan dallar arasındaki açı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	<5° 5°-50° 50°-75° 75°-90° >90°	1 3 5 7 9
13	Yan dalların duruşu	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Düz Hafif aşağı doğru Aşağı doğru Kuvvetlice aşağı doğru Çok kuvvetli aşağı doğru	1 3 5 7 9	
14	İlk yan dal sayısı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok veya çok az Az Orta Fazla Çok fazla	0-3 4-10 11-15 16-20 >20	1 3 5 7 9
15	Püskül çıkış zamanı	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok erken Çok erken-erken Erken Erken-orta Orta Orta-geç Geç Geç-çok geç Çok geç	<45 45-52 53-57 58-62 63-67 68-72 73-77 78-82 >83	1 2 3 4 5 6 7 8 9
16	Püskül antosiyanin renkliliği	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Yok Var	1 9	
17	Püskülde antosiyanin yoğunluğu	Anterlerin %50'si oluştuğunda	Çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9	
18	Yaprak kınındaki antosiyanin renkliliği	Koçanda taneler sulu iken	Yok veya çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9	
19	Tepe püskülü: En alt yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<30cm 30-35cm 36-40cm 41-45cm >45cm	1 3 5 7 9
20	Tepe püskülü: En üst yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<20cm 20-25cm 26-30cm 31-35cm >35cm	1 3 5 7 9

Ek-1. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme şekilleri (Devam)

21	Tepe püskülü: Yan dalların uzunluğu	Koçanda taneler sulu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<15cm 15-20cm 21-25cm 26-30cm >30cm	1 3 5 7 9
22	Bitki boyu (tepe püskülü dahil)	Süt olumu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<120cm 120-160cm 160-200cm 200-240cm >240cm	1 3 5 7 9
23	Üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı	Süt olumu	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	<0.30 0.31-0.40 0.41-0.50 0.51-0.60 >0.60	1 3 5 7 9
24	Yaprak ayası genişliği (üst koçan yaprağı)	Süt olumu	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	<5cm 6-8cm 9-11cm 12-14cm >14cm	1 3 5 7 9
25	Koçan sapı uzunluğu	Tane yumuşak hamurumsu iken	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<3cm 4-6cm 7-9cm 10-12cm >12cm	1 3 5 7 9
26	Koçan uzunluğu (koçan kavuzu hariç)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	<15cm 16-19cm 20-23cm 24-27cm >27cm	1 3 5 7 9
27	Koçan çapı (orta kısımda)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	<4cm 4.1-5cm 5.1-6cm 6.1-7cm >7cm	1 3 5 7 9
28	Koçan şekli	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Konik Konik-silindirik Silindirik		1 2 3
29	Koçandaki sıra sayısı	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Çok az Az Orta Fazla Çok fazla	<10 10-12 13-14 15-16 >16	1 3 5 7 9
30	Tane tipi (koçan ortası 1/3'lük kısımda)	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Sert Sert gibi Orta At dişi gibi At dişi Tatlı Cin mısır		1 2 3 4 5 6 7

Ek-1. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümler ile değerlendirme şekilleri
(Devam)

31	Tane ucu rengi	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Beyaz Sarımsı beyaz Sarı Sarı-portakal Portakal Kırmızı-portakal Kırmızı Koyu kırmızı Mavi siyah	1 2 3 4 5 6 7 8 9
32	Tane sırt rengi	Tanelerin tam olumu (taneler tırnakla çizilemez)	Beyaz Sarımsı beyaz Sarı Sarı-portakal Portakal Kırmızı-portakal Kırmızı Koyu kırmızı Mavi siyah	1 2 3 4 5 6 7 8 9
33	Koçan kavuzlarında antosiyenin renkliliği	Taneler seyrek ve gevşek iken	Yok Var	1 9
34	Koçan kavuzlarında antosiyenin yoğunluğu	Taneler seyrek ve gevşek iken	Çok zayıf Zayıf Orta Kuvvetli Çok kuvvetli	1 3 5 7 9

Ek-2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümlerin sonuçları ve MAE hatları ile standart hatların dağılımı

No	Özellik	Değerler	Genotip sayısı	Oran (%)	MAE hatları	Standart hatlar
1	İlk yaprak kınında antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	5	17	5	0
		Az	9	30	7	2
		Orta	14	47	12	2
		Koyu	2	7	2	0
		Çok koyu	0	0	0	0
2	İlk yaprak ucu şekli	Sivri	0	0	0	0
		Sivri-yuvarlak	14	47	11	3
		Yuvarlak	13	43	12	1
		Yuvarlak-kaşık	3	10	3	0
		Kaşık	0	0	0	0
3	Gövde ile yaprak arasındaki açı	Çok dar	0	0	0	0
		Dar	29	97	26	3
		Orta	0	0	0	0
		Geniş	1	3	0	1
		Çok geniş	0	0	0	0
4	Yaprak ayası duruşu	Düz	5	17	5	0
		Hafifçe aşağı doğru	16	53	14	2
		Aşağı doğru	6	20	5	1
		Kuvvetlice aşağı doğru	3	10	2	1
		Çok kuvvetlice aşağı doğru	0	0	0	0
5	Gövdedeki boğumdan boğuma zigzag derecesi	Yok veya çok az	4	13	3	1
		Hafif	20	67	17	3
		Kuvvetli	6	20	6	0
6	Destek köklerde antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	10	33	8	2
		Az	6	20	7	0
		Orta	7	23	7	0
		Kuvvetli	3	10	3	0
		Çok kuvvetli	4	13	2	2

Ek-2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümlerin sonuçları ve MAE hatları ile standart hatların dağılımı (Devam)

7	Tepe püskülü çıkış zamanı	Çok erken	0	0	0	0
		Çok erken-erken	0	0	0	0
		Erken	0	0	0	0
		Erken-orta	3	10	2	1
		Orta	10	33	9	1
		Orta-geç	13	43	11	2
		Geç	4	13	4	0
		Geç-çok geç	0	0	0	0
		Çok geç	0	0	0	0
8	Tepe püskülü kavuzu tabanındaki antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	24	80	21	3
		Az	4	13	4	0
		Orta	1	3	1	0
		Kuvvetli	1	3	0	1
		Çok kuvvetli	0	0	0	0
9	Tepe püskülü kavuzlarında antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	4	13	4	0
		Az	19	63	16	3
		Orta	6	20	5	1
		Kuvvetli	1	3	1	0
		Çok kuvvetli	0	0	0	0
10	Anterlerde antosiyanin renkliliği	Yok veya çok az	22	73	19	3
		Az	2	7	2	0
		Orta	4	13	3	1
		Kuvvetli	2	10	2	0
		Çok kuvvetli	0	0	0	0
11	Başakçık yoğunluğu	Seyrek	12	40	10	2
		Orta	17	57	15	2
		Yoğun	1	3	1	0
12	Ana eksen ile yan dallar arasındaki açı	Çok dar	0	0	0	0
		Dar	29	97	25	4
		Orta	0	0	0	0
		Geniş	1	3	1	0
		Çok geniş	0	0	0	0

Ek-2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümlerin sonuçları ve MAE hatları ile standart hatların dağılımı (Devam)

13	Yan dalların duruşu	Düz	7	23	6	1
		Hafif aşağı doğru	15	50	12	3
		Aşağı doğru	5	17	5	0
		Kuvvetlice aşağı doğru	2	7	2	0
		Çok kuvvetli aşağı doğru	1	3	1	0
14	İlk yan dal sayısı	Yok veya çok az	2	7	2	0
		Az	21	70	17	4
		Orta	6	20	6	0
		Fazla	0	0	0	0
		Çok fazla	1	3	1	0
15	Püskül çıkış zamanı	Çok erken	0	0	0	0
		Çok erken-erken	0	0	0	0
		Erken	0	0	0	0
		Erken-orta	1	3	1	0
		Orta	12	40	10	2
		Orta-geç	13	43	11	2
		Geç	4	13	4	0
		Geç-çok geç	0	0	0	0
16	Püskül antosiyanin renkliliği	Yok	15	50	12	3
		Var	15	50	14	1
17	Püskülde antosiyanin yoğunluğu	Çok zayıf	16	53	12	3
		Zayıf	10	33	9	1
		Orta	2	7	2	0
		Kuvvetli	2	7	2	0
		Çok kuvvetli	0	0	0	0
18	Yaprak kımındaki antosiyanin renkliliği	Yok veya çok zayıf	10	33	9	1
		Zayıf	14	47	12	2
		Orta	4	13	3	1
		Kuvvetli	1	3	1	0
		Çok kuvvetli	1	3	1	0

Ek-2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümlerin sonuçları ve MAE hatları ile standart hatların dağılımı (Devam)

19	Tepe püskülü: En alt yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	13 16 1 0 0	43 53 3 0 0	11 16 1 0 0	4 0 0 0 0
20	Tepe püskülü: En üst yan daldan itibaren eksen uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	11 15 4 0 0	37 50 13 0 0	8 14 4 0 0	3 1 0 0 0
21	Tepe püskülü: Yan dalların uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	20 10 0 0 0	63 37 0 0 0	16 10 0 0 0	4 0 0 0 0
22	Bitki boyu (tepe püskülü dahil)	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	0 12 15 3 0	0 40 50 10 0	0 11 12 3 0	0 1 3 0 0
23	Üst koçanın bitkiye bağlandığı yerin bitkinin toplam yüksekliğine oranı	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	2 18 10 0 0	7 60 33 0 0	2 17 7 0 0	0 1 3 0 0
24	Yaprak ayası genişliği (üst koçan yaprağı)	Çok dar Dar Orta Geniş Çok geniş	1 24 5 0 0	3 80 17 0 0	1 21 4 0 0	0 1 3 0 0
25	Koçan sapı uzunluğu	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	1 13 8 7 1	3 43 27 23 3	1 13 7 4 1	1 13 1 3 0

Ek-2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümlerin sonuçları ve MAE hatları ile standart hatların dağılımı (Devam)

26	Koçan uzunluğu (koçan kavuzu hariç)	Çok kısa Kısa Orta Uzun Çok uzun	18 12 0 0 0	60 40 0 0 0	16 10 0 0 0	2 2 0 0 0
27	Koçan çapı (orta kısımda)	Çok küçük Küçük Orta Büyük Çok büyük	17 13 0 0 0	53 47 0 0 0	13 13 0 0 0	4 0 0 0 0
28	Koçan şekli	Konik Konik-silindirik Silindirik	1 24 5	3 80 17	1 21 4	0 3 1
29	Koçandaki sıra sayısı	Çok az Az Orta Fazla Çok fazla	0 6 8 9 7	0 20 27 30 23	0 4 7 9 6	0 2 1 0 1
30	Tane tipi (koçan ortası 1/3'lük kısımda)	Sert Sert gibi Orta At dişi gibi At dişi Tatlı Cin mısır	0 1 4 4 21 0 0	0 3 13 13 70 0 0	0 1 4 3 18 0 0	0 0 0 1 3 0 0
31	Tane ucu rengi	Beyaz Sarımsı beyaz Sarı Sarı-portakal Portakal Kırmızı-portakal Kırmızı Koyu kırmızı Mavi siyah	3 27 0 0 0 0 0 0 0	10 90 0 0 0 0 0 0 0	3 23 0 0 0 0 0 0 0	3 4 0 0 0 0 0 0 0

Ek-2. Kendilenmiş mısır hatlarında yapılan gözlem ve ölçümlerin sonuçları ve MAE hatları ile standart hatların dağılımı (Devam)

32	Tane sırt rengi	Beyaz	0	0	0	0
		Sarımsı beyaz	0	0	0	0
		Sarı	2	7	2	0
		Sarı-portakal	27	90	23	4
		Portakal	0	0	0	0
		Kırmızı-portakal	1	3	1	0
		Kırmızı	0	0	0	0
		Koyu kırmızı	0	0	0	0
		Mavi siyah	0	0	0	0
		33	Koçan kavuzlarında antosiyanin renkliliği	Yok	7	23
Var	23			77	19	4
34	Koçan kavuzlarında antosiyanin yoğunluğu	Çok zayıf	10	33	10	0
		Zayıf	13	43	10	3
		Orta	6	20	5	1
		Kuvvetli	1	3	1	0
		Çok kuvvetli	0	0	0	0

ÖZGEÇMİŞ

1980 yılında Adıyaman'da doğdu. İlkokulu, ortaokulu ve liseyi Adıyaman'da tamamladı. 1999 yılında Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitkisel Üretim Bölümünü kazandı. 2004 yılı Şubat ayında mezun oldu. 2004–2005 yılları arasında askerliğini yedek subay olarak yaptı. 2006 yılında o zamanki adı Sakarya Tarımsal Araştırma Enstitüsü şimdiki adı Sakarya Mısır Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nde Ziraat Mühendisi olarak göreve başladı. 2016 yılından beri İstanbul Büyükşehir Belediyesi Tarım ve Su Ürünleri Müdürlüğü'nde çalışmaktadır. Evli ve iki çocuk babasıdır.