



1. BİTKİ ISLAHI VE GENETİĞİ ÖĞRENCİ KONGRESİ

25-26 NİSAN 2018/NİĞDE

ÖZET KİTABI

Ayrıntılı Bilgi İçin
www.ohu.edu.tr/bigok2018

ONURSAL BAŐKAN

Prof. Dr. Muhsin KAR

NiĐde Ömer Halisdemir Üniversitesi Rektörü

DÜZENLEME KURULU BAŐKANI

Prof. Dr. Mehmet Emin ÇALIŐKAN

Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakóltesi Dekanı

DÜZENLEME KURULU

Dr. Öğr. Üyesi Emre AKSOY

Arş. Gör. Ayten Kübra YAĐIZ

Arş. Gör. İlknur TINDAŐ ÇAYLI

Arş. Gör. Caner YAVUZ

Arş. Gör. Orkun GENCER

Ramazan İlhan AYTEKİN

Esra KARAKAŐ

Ali ONARAN

Samed KONUCUK

Hümeyra YILDIZ

Gamze ALAGÖZ

Müge DOĐANER

Oktay ŞAHİN

BİLİM KURULU

Prof. Dr. Ali ERGÜL

Ankara Üniversitesi, Ankara

Prof. Dr. Bülent UZUN

Akdeniz Üniversitesi, Antalya

Prof. Dr. Hakan ÖZKAN

Çukurova Üniversitesi, Adana

Prof. Dr. Hülya İLBİ

Ege Üniversitesi, İzmir

Prof. Dr. Mehmet ARSLAN

Erciyes Üniversitesi, Kayseri

Prof. Dr. Mehmet Emin ÇALIŐKAN

NiĐde Ömer Halisdemir Üniversitesi, NiĐde

Prof. Dr. Metin TUNA

Namık Kemal Üniversitesi, TekirdaĐ

Prof. Dr. Nermin GÖZÜKIRMIZI

İstanbul Üniversitesi, İstanbul

Prof. Dr. Sedat SERÇE

NiĐde Ömer Halisdemir Üniversitesi, NiĐde

Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĐLU

Kastamonu Üniversitesi, Kastamonu

I. Bitki Islahı ve Genetiđi Öğrenci Kongresi
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi
Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi

Sevgili öğrenciler;

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi olarak 25-26 Nisan 2018'de Niğde'de düzenleyeceğimiz **I. Bitki Islahı ve Genetiđi Öğrenci Kongresi'ne** sizleri davet etmekten büyük kıvanç duymaktayız.

Bitki ıslahı ve genetiđi alanındaki güncel gelişmelerin ve arařtırmaların ele alınacağı kongremizin, ülkemizde bu alanlarda tez çalışmalarını yürüten lisansüstü öğrenciler başta olmak üzere bitki ıslahı ve genetiđine ilgi duyan tüm gençlere yaptıkları/yapmayı planladıkları çalışmalarını sunacakları, dünyadaki gelişmeleri bilimsel bir ortamda tartışacakları ve kariyer gelişimleri için yeni fırsatlar elde edecekleri bir ortam sağlaması amaçlanmaktadır.

Genetik ve ıslah çalışmalarının tüm yönleriyle ele alınacağı kongremizde başlıca Bitki Islahı, Bitki Moleküler Teknikleri, Bitki Biyoteknolojisi, Bitki Islahında Biyoinformatik, Bitki Islahında Tarımsal Gen Kaynakları, Çeşit Islahı ve Fenotipleme, Bitki Islahında Doku Kültürü, Islahçı Hakları ve Etik gibi ana başlıklar altında sözlü ve poster sunumları yapılacaktır. Kongreye katılan öğrencilere ayrıca sınırlı bir kontenjan dahilinde Biyoinformatik kursu da verilecektir. Türk tarımının dışa bağımlılıktan kurtulabilmesi için en fazla yetişmiş eleman ve AR-GE ihtiyacı duyduğumuz bitki ıslahı ve genetiđi alanında çalışan/çalışmayı düşünen siz değerli öğrencilerimizi, akademik camia ve özel sektörle bir araya getirerek bir farkındalık ve sinerji yaratmak amacıyla düzenlediğimiz kongremizde aramızda görmekten büyük mutluluk duyacağız.

Prof.Dr. Mehmet Emin ÇALIŞKAN

Dekan

Kongre Programı

1. GÜN - 25.04.2018

08:30-12:00	Kayıt masası
10:00-10:30	Açılış Konuşmaları
10:30-12:00	1. OTURUM: Bitki Islahı
	Oturum Başkanı: Doç. Dr. Ahmet Latif TEK
10:30-11:15	Çağrılı Bildiri - Prof. Dr. Metin TUNA, Namık Kemal Üniversitesi <i>Bitki Genetiği ve Islahında Flow Sitometri</i>
11:15-11:30	1. Konuşmacı - Duygu KAYA, Erciyes Üniversitesi <i>Bitkilerde Genotyping by Sequencing Teknolojisi ve Uygulama Alanları</i>
11:30-11:45	2. Konuşmacı - İsmail YAMAN - Mustafa Kemal Üniversitesi <i>Pamukta Kuraklığa Toleranslı Melez Kombinasyonların Elde Edilmesi</i>
11:45-12:00	3. Konuşmacı - Tuğbanur SARI, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi <i>Islah Çalışmalarında Diallel Melezleme Uygulamalarının Önemi</i>
12:00-13:15	ÖĞLE ARASI
13:15-14:45	2. OTURUM: Bitki Islahında Biyoinformatik
	Oturum Başkanı: Dr. Öğr. Üyesi Emre AKSOY
13:15-14:00	Çağrılı Bildiri - Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU, Kastamonu Üniversitesi <i>Bitki Islahında Biyoinformatik</i>
14:00-14:15	4. Konuşmacı - Saffet TEBER, Erciyes Üniversitesi <i>Hacıhaliloğlu kayısı (Prunus armeniaca) çeşidinin tüm kloroplast genom analizi</i>
14:15-14:30	5. Konuşmacı - İlhom RAHAMKULOV, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi <i>Herbisitlere Karşı Dirençli İnnovator Patates Çeşidinin Geliştirilmesi</i>
14:30-14:45	6. Konuşmacı - Necati ÇETİNSAĞ, Erciyes Üniversitesi <i>Yerel Kayısı (Prunus armeniaca) Popülasyonlarında plum pox virüsü Dayanıklılığı ve Kendine Uyuşmazlığın Moleküler Markörler ile Belirlenmesi</i>
14:45-15:00	Kahve arası
15:00-16:30	3. OTURUM: Bitki Islahında Tarımsal Gen Kaynakları
	Oturum Başkanı: Prof. Dr. Sedat SERÇE
15:00-15:45	Çağrılı Bildiri - Prof. Dr. Hakan ÖZKAN, Çukurova Üniversitesi <i>Bitki Islahında Markörler Yardımıyla Seleksiyon- Akıllı Bitki Islahı</i>
15:45-16:00	7. Konuşmacı - Esra ÇAKIR, Çukurova Üniversitesi <i>Verimli Hisal Bölgesinden Toplanmış Olan Yabani Gernik (Triticum dicoccoides) Genotiplerinin Agro-morfolojik Özelliklerinin Belirlenmesi</i>
16:00-16:15	8. Konuşmacı - Nazlı AYBAR, Mustafa Kemal Üniversitesi <i>Pamukta Verticillium Solgunluğu Hastalığına Dayanıklı F1 Melez Kombinasyonlarının Geliştirilmesi</i>
16:15-16:30	9. Konuşmacı - Buket ŞAHİN, Namık Kemal Üniversitesi <i>Korunga Genetik Kaynaklarının Flow Sitometri ile Karakterizasyonu</i>
16:30-17:30	Poster sunumları / Kahve ikramı
17:30-18:30	Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi gezisi
18:30-20:00	Gala Yemeği - Kokteyl - Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi
20:00-20:45	Kongre Açılış Konseri – 1923 numaralı salon

Kongre Programı

2. Gün - 26.04.2018

09:30-10:30	Eğitim Paneli - Konu: "Bitki Islahı ve Genetiği Eğitimi Nasıl Olmalıdır?" Moderatör: Prof. Dr. Mehmet Emin ÇALIŞKAN, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi Prof. Dr. Nermin GÖZÜKIRMIZI, İstanbul Üniversitesi Prof. Dr. Hakan ÖZKAN, Çukurova Üniversitesi Prof. Dr. Bülent UZUN, Akdeniz Üniversitesi Dr. Ali ÜSTÜN, Tohum Sanayicileri ve Üreticileri Alt Birliği
10:30-10:45	Kahve arası
10:45-12:15	4.OTURUM: Bitki Moleküler Genetiği ve Biyoteknolojisi Oturum Başkanı: Dr. Öğr. Üyesi Ali Fuat GÖKÇE
10:45-11:30	Çağrılı Bildiri - Prof. Dr. Nermin GÖZÜKIRMIZI, İstanbul Üniversitesi <i>Bitki Islahında Doku Kültürü</i>
11:30-11:45	10. Konuşmacı - Onur CANBULAT, Erciyes Üniversitesi <i>Goji berry'de İn Vitro Bitki Rejenerasyon Protokolünün Oluşturulması</i>
11:45-12:00	11. Konuşmacı - Seher ÖMEZLİ, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi <i>Yüksek Sıcaklığa Toleranslı Patates Genotiplerinin Doku Kültürü Koşullarında Belirlenmesi</i>
12:00-12:15	12. Konuşmacı - Esra DURU, Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi <i>Türkiyede Yetiştirilen Yerel Pamuk Çeşitlerinin Genetik Transformasyon Çalışmalarında Seçme Amacıyla Optimum Glufosinat Amonyum Konsantrasyonun Saptanması</i>
12:15-13:30	ÖĞLE ARASI
13:30-15:00	5.OTURUM: Moleküler Bitki Islahı Oturum Başkanı: Dr. Öğr. Üyesi Ufuk DEMİREL
13:30-14:15	Çağrılı Bildiri - Prof. Dr. Bülent UZUN, Akdeniz Üniversitesi <i>Yağ ve Enerji Bitkilerinde Moleküler Bitki Islahı ve Uygulamaları</i>
14:15-14:30	13. Konuşmacı - Feyyaz CAYMAZ, Erciyes Üniversitesi <i>Kültürel miras ekşi karadut (Morus nigra) ağaçlarının keşfe ve moleküler karakterizasyonları</i>
14:30-14:45	14. Konuşmacı - Muhammed Ali KÖSE, Erciyes Üniversitesi <i>Pakistan Kayısları (Prunus armeniaca) S lokusu allelerinin Türkiye kayısları ile karşılaştırılması</i>
14:45-15:00	15. Konuşmacı - Şehriban DEMİR, Erciyes Üniversitesi <i>Mercimek'te (Lens culinaris M.) AG/AC Tekrarları ile Zenginleştirilmiş Kütüphanelerin Farklı Tekrarlar ile Taranarak Yeni SSR Markörlerin Geliştirilmesi</i>
15:00-15:15	Kahve arası
15:15-17:15	Biyoinformatik Eğitimi - Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU ve Necdet Mehmet ÜNEL, Kastamonu Üniversitesi
17:15-17:30	Kahve arası
17:30-18:00	Kapanış ve Ödül Töreni

İçindekiler

	Sayfa
Kongre Programı 1. Gün	2
Kongre Programı 2. Gün	3
ÇAĞRILI BİLDİRİLER	
Prof. Dr. Metin TUNA - Namık Kemal Üniversitesi, Bitki Genetiđi ve Islahında Flow Sitometri	8
Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU - Kastamonu Üniversitesi, Bitki Islahında Biyoinformatik	9
Prof. Dr. Hakan ÖZKAN - Çukurova Üniversitesi, Bitki Islahında Markörler Yardımıyla Seleksiyon Akıllı Bitki Islahı	10
Prof. Dr. Nermin GÖZÜKIRMIZI - İstanbul Üniversitesi, Bitki Islahında Doku Kültürü	11
Prof. Dr. Bülent UZUN - Akdeniz Üniversitesi, Yağ ve Enerji Bitkilerinde Moleküler Bitki Islahı ve Uygulamaları	13
SÖZLÜ BİLDİRİLER	
Duygu KAYA - Erciyes Üniversitesi, Bitkilerde Genotyping by Sequencing Teknolojisi ve Uygulama Alanları	15
İsmail YAMAN - Mustafa Kemal Üniversitesi, Pamukta Kuraklığa Toleranslı Melez Kombinasyonların Elde Edilmesi	16
Tuğbanur SARI - Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Islah Çalışmalarında Diallel Melezleme Uygulamalarının Önemi	17
Saffet TEBER - Erciyes Üniversitesi, Hacıhalilođlu kayısı (<i>Prunus armeniaca</i>) çeşidinin tüm kloroplast genom analizi	18
İlhom RAHAMKULOV - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Herbisitlere Karşı Dirençli İnnovator Patates Çeşidinin Geliştirilmesi	19
Necati ÇETİNSAĞ - Erciyes Üniversitesi, Yerel Kayısı (<i>Prunus armeniaca</i>) Popülasyonlarında plum pox virüsü Dayanıklılığı ve Kendine Uyuşmazlığın Moleküler Markörler ile Belirlenmesi	20
Esra ÇAKIR - Çukurova Üniversitesi, Verimli Hisal Bölgesinden Toplanmış Olan Yabani Gernik (<i>Triticum dicoccoides</i>) Genotiplerinin Agro-morfolojik Özelliklerinin Belirlenmesi	21
Nazlı AYBAR - Mustafa Kemal Üniversitesi, Pamukta <i>Verticillium</i> Solgunluğu Hastalığına Dayanıklı F1 Melez Kombinasyonlarının Geliştirilmesi	22

I. Bitki Islahı ve Genetiği Öğrenci Kongresi
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi
Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi

Buket ŞAHİN - Namık Kemal Üniversitesi, Korunga Genetik Kaynaklarının Flow Sitometri ile Karakterizasyonu	24
Onur CANBULAT - Erciyes Üniversitesi, Goji berry'de in vitro Bitki Rejenerasyon Protokolünün Oluşturulması	25
Seher ÖMEZLİ - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Yüksek Sıcaklığa Toleranslı Patates Genotiplerinin Doku Kültürü Koşullarında Belirlenmesi	26
Esra DURU - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Türkiye'de Yetiştirilen Yerel Pamuk Çeşitlerinin Genetik Transformasyon Çalışmalarında Seçme Amacıyla Optimum Glufosinat Amonyum Konsantrasyonunun Saptanması	27
Feyyat CAYMAZ - Erciyes Üniversitesi, Kültürel miras ekşi karadut (<i>Morus nigra</i>) ağaçlarının keşfe ve moleküler karakterizasyonları	28
Muhammed Ali KÖSE - Erciyes Üniversitesi, Pakistan Kayısıları (<i>Prunus armeniaca</i>) S lokusu allellerinin Türkiye kayısıları ile karşılaştırılması	29
Şehriban DEMİR - Erciyes Üniversitesi, Mercimek'te (<i>Lens culinaris</i> M.) AG/AC Tekrarları ile Zenginleştirilmiş Kütüphanelerin Farklı Tekrarlar ile Taranarak Yeni SSR Markörlerin Geliştirilmesi	31
POSTER BİLDİRİLERİ	
Özgür ALTUNDAŞ - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Bitki Islahının Önemi ve Islah Tekniklerin Geliştirilmesi	33
Nurefşan CIRIK - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, GDO'ların Genetik Çeşitliliğe Etkisi	34
Müge DOĞANER- Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Bitki Islahında Doku Kültürü Çalışmalarında Virüs ile Arındırma	35
Saime Buse ÇAVUŞOĞLU - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Sorunları DNA'sından Çözen Yöntem: CRISPR	36
İlyas KILINÇER - Erciyes Üniversitesi, Şakayık (<i>Paeoniamascula</i>) Bitkisinin Tohum, Rizom Sürgünlerle ve in vitro Çoğaltılması	37
Uğur SESSİZ - Çukurova Üniversitesi, Farklı Orijinli Bazı Siyez Buğday (<i>Triticum monococcum</i> ssp. <i>monococcum</i>) Genotiplerinin Morfolojik Karakterizasyonu	38
Cehibe TARIM - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Patates (<i>Solanum tuberosum</i> L.) Genotiplerinin Tuz Stresine Tepkilerinin Sera ve Laboratuvar Koşullarda Karşılaştırılması	39
Ainura Adylbek KYZY - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Kapari (<i>Capparis spinosa</i>) türündeki ribozomal 45S genlerinin biyoinformatik analizi	40

I. Bitki Islahı ve Genetiđi Öğrenci Kongresi

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi

Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi

Hümevra YILDIZ - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Glycine soya türlerinde sentromerik histone H3 (CenH3) geninin biyoinformatik analizi	41
Kübra YILDIZ - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Bitki Virüslerine Karşı Genetik Dayanıklılığın Geliştirilmesinde Kullanılan Stratejiler	42
Ainiwaer ZINAİTİGULİ - Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, <i>Cephalaria syriaca</i> 'da Mayoz Karakterizasyonu	43
BİYOİNFORMATİK EĞİTİMİ – Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU, Necdet Mehmet ÜNEL, Kastamonu Üniversitesi	45

I. Bitki Islahı ve Genetiđi Öğrenci Kongresi
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi
Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi

Çağrılı Bildiriler

Bitki Genetiđi ve Islahında Flow Sitometri

Metin TUNA

Tarla Bitkileri Bölümü, Ziraat Fakültesi, Namık Kemal Üniversitesi, Tekirdağ, Türkiye

mtuna@nku.edu.tr

Özet

Flow sitometri kan hücrelerinin sayımı amacıyla 1956 yılında geliştirilmiş bir metottur. Yöntem 1983 yılında ilk defa bitki hücrelerinin analizinde başarılı bir şekilde kullanılmıştır. Bilim ve teknolojiye kaydedilen gelişmeler sayesinde flow sitometri son yıllarda biyoloji, taksonomi, evrim, genetik ve bitki ıslahı ile ilgili bilimsel arařtırmalarda kullanılan rutin analiz yöntemlerinden biri haline gelmiştir.

Sunum, flow sitometri yöntemi, örnek hazırlama, örneğın analizi, sonuçların yorumlanması ve bitki ıslahında en yoğun olarak kullanıldığı alanları kapsamaktadır.

Anahtar Kelimeler: flow sitometri, bitki genetiđi, ıslah

Bitki Islahında Biyoinformatik

Mehmet Cengiz BALOĞLU

Genetik ve Biyomühendislik Bölümü, Mühendislik ve Mimarlık Fakültesi, Kastamonu Üniversitesi, Kastamonu, Türkiye

mcbaloglu@kastamonu.edu.tr

Özet

Bitki ıslahında, geleneksel araçlar ve metotlar kullanılarak çeşitlerin geliştirilmesinde son yüz yılda insanoğlu çok başarılı olmuştur. Buna bağlı olarak genişleyen insan nüfusu için yeterli gıda sağlamıştır. Aslında, bu dikkate değer büyüme, gelişmiş tarımsal uygulamaların ve germplazmdaki ilerlemelerin bir birleşimi ile sağlanmıştır. Geçtiğimiz yirmi yılın genomik devrimi, canlı organizmaların ve özellikle de bitkilerin genetik yapısını anlamamızı büyük ölçüde geliştirmiştir. Tarımsal alanda ekonomik öneme sahip bitkilerin genomlarının diziliminin belirlenmesi, yeni genlerin, düzenleyici dizilerin, çeşitli agronomik özelliklerle ilişkili moleküler belirteçlerin ve bunların konumlarının keşfedilmesine olanak tanımıştır. Ayrıca, genom çapında gen ifade çalışmaları, ıslahçılara karmaşık özelliklerin moleküler temelini anlamalarını sağlamaktadır. Mutant ve germplazm koleksiyonlarında, hedef genlerdeki allelik varyantlar taramak için TILLING ve EcoTILLING genomik yaklaşımları da sıklıkla kullanılan yöntemlerdendir. Genomların yeniden dizilimi, SSR' ler ve SNP' ler gibi yüksek verimli genotipleme platformları ya da yüksek yoğunluklu genetik haritaların yapımı için uygun olan markörlerin genom çapında belirlenmesinde çok faydalıdır. Ayrıca genom dizileri, toplu ayrıştırma analizi, ince genetik haritalama ve ilişkilendirme haritaları gibi çeşitli tekniklerin kullanımına olanak sağlayarak, genlere ve QTL' lere bağlı moleküler belirteçlerin tanımlanmasında ve markör destekli seçimde önemli rol oynarlar. Genom dizileme bilgisinin mevcudiyeti, yetiştiriciler tarafından arzulanan özellikleri taşıyan bitkilerin geliştirilmesi için Crispr/Cas9 yöntemiyle genom düzenlemesini de mümkün kılmaktadır. Biyoinformatik, genomikle kombine edildiğinde, bitkilerin genomik tabanlı ıslahını hızlandırma potansiyeline sahiptir. Omiks teknolojilerindeki bu ilerlemeler, bitki ıslahçı ve yetiştiricilere, bitkilerin mükemmelleşmesi ve karmaşık özellikler için genetik diseksiyon ve üreme dâhil olmak üzere, bitki ıslahında büyük bir sıçrama sağlayan yeni araçlar ve metodolojiler sunmaktadır.

Anahtar Kelimeler: Biyoinformatik, Genomik, Genom Dizileme, Bitki Islahı

Bitki Islahında Markörler Yardımıyla Seleksiyon Akıllı Bitki Islahı

Hakan ÖZKAN, Esra ÇAKIR, Uğur SESSİZ

Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, 01330 ADANA

hozkan@cu.edu.tr

Özet

Dünya nüfusunun 2025 yılında, yaklaşık olarak 8 milyar olacağı öngörülmektedir. Aynı zamanda küresel iklim değişikliği nedeni ile tarımsal üretimin sürdürülebilirliği de önem arz etmektedir. Bu faktörler göz önüne alındığında ilerleyen yıllarda gıda güvenliğinde ciddi problemlerin ortaya çıkması beklenmektedir. Bu bağlamda gıda güvenliğinin sürdürülebilirliğini devam ettirmek için birim alandan elde edilen verimin arttırılması gerekmektedir. Yeni tarım alanlarının tarıma kazandırılması mümkün olmadığı için kültür bitkilerinde birim alandan elde edilen verimi arttırmanın en etkili yolu Bitki Islahı'dır. Ancak Bitki Islahı uzun soluklu bir süreçtir. Bu bağlamda bitki ıslahı sürecini kısaltacak önemli bazı araçlara ihtiyaç vardır. Özellikle son 20 yılda gelişen DNA markör tekniklerinin bitki ıslahında amaca uygun kullanılması, bitki ıslah sürecini oldukça kısaltmış hem zaman hem de maddi açıdan olumlu katkılar yapmıştır. Bu bildiride, gelişen DNA teknolojisinin bitki ıslahında nasıl kullanıldığı, diğer bir ifade ile ıslahçıların bu teknikleri kullanarak nasıl "Akıllı Bitki Islahı" yaptıkları, "buğday" bitkisi örnek verilerek anlatılacaktır.

Anahtar Kelimeler: Islah, buğday, markör

Bitki Islahında Doku Kültürü

Nermin GÖZÜKIRMIZI

İstanbul Üniversitesi, Fen Fakültesi, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü, 34134, Vezneciler-İstanbul

nermin@istanbul.edu.tr

Özet

Son 30 yılda, tarımda bitki biyoteknolojisinden (doku kültürü ve gen transferleri) kaynaklı bir devrim yaşanmaktadır. Bitki biyoteknolojisinin tahıl üretimine, biyoteknoloji endüstrisinin geliştirilmesine ve dünya çapında bio-tabanlı ekonominin gelişmesine büyük etkileri olmuştur. Özellikle, yeni genom düzeltme tekniklerinin ortaya çıkışı bitki ıslahında ve yetiştiriciliğinde büyük bir potansiyel gelecek sunmaktadır. Bitki biyoteknolojisi totipotensi ilkesinin üstüne kurulmuştur. Vasil ve Hildebrandt (1965) tek bir hücreden bütün bir tütün bitkisini elde edebilmiştir. Bitki biyoteknolojisinin gelişmesindeki önemli çalışmalar arasında besiyerlerinin geliştirilmesi ve bitki büyüme düzenleyicilerinin belirlenmesi yer alır. Besiyerleri üstüne en detaylı ve sistematik çalışmalar 1960'lı yıllarda yapılmış ve en uygun besiyeri Wisconsin Üniversitesinde Folke Skoog'un laboratuvarında çalışan Toshio Murashige tarafından White besiyerinin üstüne tütün yaprak ekstraktlarının küllerinin eklenmesi ya da büyük miktarlarda amonyum, nitrat, fosfat ve potasyum tuzlarının eklenmesi ile elde edilmiştir. Bu yeni bileşim daha sonrasında Murashige ve Skoog (1962) ya da MS besiyeri olarak da tanımlanmıştır. Daha sonraları, MS besiyerine myo-inositol ve dört vitamini içeren bir karışım ile birlikte ömrünü uzatmak için şelatlanmış demir de eklenmiştir. Bitki doku kültürü, aseptik koşullarda yapay bir besi ortamında, ekplant adı verilen hücre, doku ya da organ gibi çeşitli bitki parçalarından kontrollü sıcaklık ve ışık koşullarında yeni doku, bitki ya da bitkisel ürünlerin elde edilmesini kapsayan bir süreçtir. Bitki doku kültürü aşamaları; uygun bir laboratuvar düzeninin kurulması, kullanılacak bitki parçalarının ve besin ortamlarının seçimi, hazırlanması ve sterilizasyonu, kallus veya hücre süspansiyonlarının oluşturulması, kallus veya hücre süspansiyonlarından veya doğrudan somatik veya gametik hücrelerden bitki rejenerasyonunun uyarılması, oluşan sürgünlerin çoğaltılması ve boylarının uzatılması, somatik embriyoların oluşturulması, uzayan sürgünlerin köklendirilmesi, köklenen bitkilerin dış ortama alıştırılması olarak özetlenebilir. Bu sistem gen aktarım çalışmalarında temel olmuştur. Gen aktarım ve gen düzeltme çalışmalarının % 90'ı doku kültürü sistemleri kurulmuş bitkilerde gerçekleştirilmektedir. Teorik olarak her bitkinin doku kültürü sistemi kurulabilir fakat bazı bitkilerin kültürde yanıtları zor olmaktadır. Her bitkinin ve eksplantının doku kültürü gereksinimleri farklı olduğu için doku kültüründe en

I. Bitki Islahı ve Genetiđi Öğrenci Kongresi

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi

Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi

büyük zorluk optimizasyon aşamasındadır. Haploid, diploid hatta triploid dokuların kültürleri kurulabilir. Bitki hücrelerinin protoplastları kültürde çoğaltılabilir ve farklı türler füsyona uğratılabilir. Mikroüretimle çok kısa sürelerde çok sayıda bitki elde edilebilir. Kültürde kendiliğinden oluşan varyasyon somaklonal varyasyon olarak tanımlanır. Bu sunumda bitki doku kültürünün gelişimi, bitki ıslahında ve sekonder metabolit üretiminde kullanımı, somaklonal varyasyonun önemi kendi çalışmalarımızdan örneklerle anlatılacaktır.

Anahtar kelimeler: Biyoteknoloji, doku kültürü

Yağ ve Enerji Bitkilerinde Moleküler Bitki Islahı ve Uygulamaları

Bülent UZUN, Engin YOL, Rüstem ÜSTÜN, Birgül GÜDEN

Akdeniz Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Antalya/Türkiye

bulentuzun@akdeniz.edu.tr

Özet

Bitki ıslahında çok temel iki aşama bulunmaktadır. Birincisi varyasyonu çok geniş yeni popülasyonlar oluşturmak, ikincisi ise bu genetik çeşitlilik içerisinde amaca uygun bireyleri seçmektir. Çok basit gözükse de bu iki temel iş aşamalı bitki ıslahı programları görünene aksine kompleks, uzun zaman gerektiren ve maliyetli bir bilim ve sanat alanıdır. Donanımlı alt yapı ve personel ihtiyacı en üst seviyededir. Moleküler marker teknolojilerinin bitki ıslahı programlarına entegre edilmesi ile birlikte yukarıda açıklanan zorluklar ve uzun süre gereksinimi azaltılabilmektedir. DNA düzeyinde yüksek verimli, kararlı ve doğru analiz yapma imkanı sunan bu tekniklerin bitki ıslahı programlarına yedirilmesi ve bu programlarda kullanılması moleküler bitki ıslahı olarak adlandırılmaktadır. Bu sunuda yağ ve enerji bitkileri olarak soya, susam, yarfıstığı ve şeker sorgumda gerçekleştirdiğimiz ve halen yürütmekte olduğumuz moleküler bitki ıslahı uygulamaları anlatılmıştır. Sunuda yer alan konulardan birkaçı bu özete örneklenmiştir. Soyada yüksek oleik asit karakteri *FAD2-1A* ve *FAD2-1B* genleri tarafından kontrol edilmektedir. Aynı şekilde yarfıstığında yüksek oleik asit *ahFAD2A* ve *ahFAD2B* genleri tarafından idare edilmektedir. Her iki allelin bir bireyde toplanması neticesinde soyada da yarfıstığında da %80 oleik asit miktarına ulaşılmaktadır. Bu genler marker destekli olarak yerli çeşitlerimize aktarılmaktadır. Geliştirdiğimiz bazı şeker sorgum çeşit adaylarında şeker içeriği %17 seviyelerine ulaşmış bulunmaktadır. Şekere insanoğlu gibi böceklerde ilgi gösterdiğinden, bu tip hatlarda afit zararı daha da etkin olmaktadır. Marker teknolojisi kullanılarak sorgum afiti (*Melanaphis sacchari* L.) dayanıklı hatlar belirlenebilmiştir. Herhangi bir hastalığın varlığı, miktarı ve hat dayanıklılığı yine moleküler marker teknolojileri ile ortaya konulabilmektedir. Geliştirmiş olduğumuz real time qPCR yöntemi ile susamda fitoplazma varlığını, ırk teşhisini ve hastalık yoğunluğunu tek bir analiz ile anlık olarak belirleyebiliyoruz. Bu sayede adına doğru dayanıklı hat tespiti yapabildiğimizden iki ayrı susam aksesyonu dayanıklı olarak belirlenmiştir.

Anahtar kelimeler: qPCR, moleküler markerler, QTL, dayanıklılık, moleküler ıslah

Sözlü Bildiriler

Bitkilerde Genotyping by Sequencing Teknolojisi ve Uygulama Alanları

Duygu KAYA*, Melike BAKIR*

*Erciyes Üniversitesi, Seyrani Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Kayseri/Türkiye

duygukaya407@gmail.com

Özet

Genotype-by-Sequencing (GBS), yeni nesil sekanslama teknolojisi (NGS) kullanarak bitki ıslahı ve genetik çalışmalarında kullanılan yeni bir uygulamadır. Yaklaşım, genomik DNA'nın restirksiyon enzimleri ile kesilmesi, barkodlu adaptörler ile ligasyonu, PCR amplifikasyonu ve amplifiye olan DNA'nın sekanslanmasını içermektedir. Bu teknoloji, bitki ıslahı ve bitki genetiđi çalışmalarında, bağlantı haritaları, fiziksel haritalar, QTL haritalama, genomik seçim, genetik çeşitlilik ve filogenetik çalışmaları gibi pek çok çalışmada kullanılmaktadırlar. Ayrıca, kolay uygulanması, kısa sürede sonuç alınması ve maliyetinin düşük olması yöntemin avantajları arasında yer almaktadır. Bu özellikleri, GBS'i, tek gen analizinden tüm genom profillemeye analizlerine kadar pek çok çalışma için ideal bir araç haline getirmektedir.

Anahtar kelimeler: GBS Teknolojisi, Bitki ıslahı, SNP, NGS

Pamukta Kuraklığa Toleranslı Melez Kombinasyonların Elde Edilmesi

İsmail YAMAN* Yaşar AKIŞCAN**

*Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Hatay\Türkiye

**Mustafa Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Hatay\Türkiye

ismail.yaman@tarim.gov.tr

Özet

Birçok kültür bitkisinin tarımını sınırlayan önemli abiyotik stres faktörlerinden biri olan kuraklık, pamuk üretiminde de önemli verim kayıplarına neden olmakta ve lif kalitesini olumsuz yönde etkilemektedir. Bu nedenle, kuraklığa dayanıklı ve geniş adaptasyon yeteneğine sahip çeşitler geliştirmek pamuk ıslahının temel hedeflerinden biridir. Kuraklığa dayanıklı pamuk genotiplerinin geliştirilmesi ile kuraklık sorunu yaşanan pamuk üretim alanlarında verim ve kalitede meydana gelen kayıplar minimize edilebilir. Islah programının başarısını etkileyen en önemli faktörlerden biri ıslah amacına uygun anaçların seçimidir. Konu ile ilgili olarak daha önce yapılan çalışmalarda kuraklığa dayanıklı olduğu belirlenmiş ve farklı özellikleri ile öne çıkan genotipler belirlenerek temin edilecek ve çalışmanın yürütüleceği bölgede sulu ve kuru koşullar altında test edilerek çeşitli özellikler yönünden üstünlük gösteren genotipler anaç olarak seçilecektir. Sonraki sezonda, seçilen anaçların melezleme programına alınarak F₁ melezlerinin oluşturulması planlanmaktadır. Melezlemelerde farklı zamanlarda çiçek açan genotipler arasındaki melezlemelerin sorunsuz bir şekilde yapılabilmesi için 15 gün arayla iki farklı melez bahçesi kurulması planlanmaktadır. Melezleme çalışmalarında aktif çiçeklenme döneminin başlangıcından sonuna kadar ihtiyaç duyulan tohumun en az iki katı tohum elde edecek kadar çiçeğin melezlenmesi amaçlanmaktadır. Elde edilen F₁ melezleri ve kendilenmiş anaçlara ilişkin tohumlar takip eden sezonda tesadüf bloklarında bölünmüş parseller deneme deseni uyarınca ana parsellere kuraklık konusu alt parsellere ise genotipler gelecek şekilde üç tekerrürlü olacak ekilecektir. Çalışma sonucunda, kuru ve sulu koşullar altında anaç ve F₁ melez kombinasyonlarına ait tarımsal ve teknolojik özelliklere ilişkin değerler elde edilmiş olacaktır. Buradan anaçlara ilişkin genel uyum yetenekleri ve F₁ melez kombinasyonlarına ait özel uyum yetenekleri ve heterosis değerleri hesaplanarak kurak koşullarda minimum verim ve kalite kaybı gerçekleşen melez kombinasyonlar üstün kombinasyon olarak belirlenecektir.

Anahtar kelimeler: Pamuk, Kuraklık, Kütlü verimi, Lif kalitesi

Islah Çalışmalarında Diallel Melezleme Uygulamalarının Önemi

Tuğbanur SARI*, Mustafa YILDIRIM*

*Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Kahramanmaraş/Türkiye

tuqbanuursari.001@gmail.com

Özet

Bitki ıslahı, tecrübe ve bilgi yanında uzun zaman alan ve yüksek maliyet gerektiren bir bilim dalıdır. Melezleme ıslahı, bitki türüne bağlı olmakla birlikte 8-10 yıllık bir zaman dilimini almaktadır. Ayrıca, melezleme ıslahı ile geliştirilen materyallerden çeşit çıkarma garantisi de yoktur. Tesadüfi seçilen ebeveynler ile yapılan melezlemelerin sonucu da şansa bağlı olacaktır. Bu bakımdan, ıslah hedefi doğrultusunda sonuca gidecek ebeveynleri bilinçli olarak seçmek gerekir. Ebeveynlerin hedeflenen özellikler açısından kombinasyon yeteneklerinin önceden belirlenmesi için diallel melezleme yöntemi kullanılır. Diallel melezleme işlemi, ebeveynlerin melezlemelerde tekrarlanma düzeyine ve çaprazlama şekline göre farklı isimler alır. Bunlar tam-diallel, yarım-diallel, resiprokal veya dizi analizi şeklinde olabilir. Diallel analiz yöntemi, incelenen karakter açısından her bir ebeveynin genel ve özel kombinasyon yeteneği değerleri yanında, kalıtım derecesi ve gen etkileşimleri konusunda da bize bilgi verir. Diallel melezleme sonuçlarının analizleri elle hesaplanabileceği gibi diallel analiz yazılım programları da kullanılabilir. Diallel verilerin hesaplanmasından önce ön varyans analizinin yapılıyor olması; denemenin hassasiyeti ve melez kombinasyonları ile ebeveynlerin birlikte kıyaslanması fırsatını da verir. Sonuç olarak, ıslah çalışmalarında zaman ve maliyet kaybını önlemek açısından yapılacak melezlemelerde ebeveynlerin kombinasyon yeteneklerinin belirlenmesi için diallel melezleme çalışmaları önem arz etmektedir. Dolayısıyla, diallel analiz sonuçlarına göre istenen özellik açısından kombinasyon yeteneği bilinen ebeveynlerin ıslahta bilinçli olarak kullanımının önü açılmış olacaktır.

Anahtar kelimeler: Islah, diallel, melezleme, kombinasyon yeteneği, kalıtım

Hacıhaliloğlu Kayısı (*Prunus armeniaca*) Çeşidinin Tüm Kloroplast Genom Analizi

Saffet TEBER*, Kahraman GÜRCAN**

*Erciyes Üniversitesi Betül Ziya Eren Genom ve Kök Hücre Merkezi, Kayseri, Türkiye

**Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kayseri, Türkiye

saffetteber@gmail.com

Özet

Bitki kloroplast genomu oldukça korunmuş olup evrimsel ve sistematik araştırmalar için faydalı polimorfizm kaynağı oluşturmaktadır. Halihazırda yeni nesil dizileme (NGS) sistemleri ile sayısız tüm kloroplast genomu dizilenmiştir. Ancak kayısının kültür türü olan *Prunus armeniaca*'da daha önceden rapor edilen tüm kloroplast genomu bulunmamaktadır. Bu amaçla, Türkiye'nin en önemli kurutmalık çeşidi olan 'Hacıhaliloğlu' kayısında TruSeq DNA kitleri kullanılarak çift uçlu kütüphane oluşturulmuş ve Illumina NextSeq 550 (Erciyes Üniversitesi Genom ve Kök Hücre Merkezi) platformu kullanılarak, 150 bp uzunluğunda okumalar yapılmıştır. Toplamda 308,939,342 okumadan 46,649,840,642 baz nükleotid elde edilmiştir. Geneious algoritması kullanılarak phredQ \geq 20, Uzunluk \geq 50 kalitesindeki okumalar, *Prunus mume* kloroplast referans genomu (KF765450) ile eşleştirilmiş, toplam DNA içinden kloroplast parçaları çıkartılmıştır. Kloroplast parçaları Velvet 1.2.10 (Zerbino ve Birney, 2008) yazılımı kullanılarak *de novo* olarak birleştirmiş, 158,267bp büyüklüğünü kloroplast genomu elde edilmiştir. Kloroplast genomu anotasyonu GeSeq programı kullanılarak gerçekleştirilmiş, toplam gen sayısı 132 olarak tahmin edilmiştir. 87 adet protein kodlayan bölge (CDS), 38 adet tRNA ve 12 adet rRNA bölgesi tespit edilmiştir. Kloroplast genomunda Gramene SSR Tool yazılımı kullanılarak tekrar sayısı 5 üzerinde 13 tane dinükleotid, 3 adet trinükleotid mikrosatalit lokusu bulunmuştur. Ayrıca tekrar sayısı 4+4 olup aralarında 20'den daha az nükleotid olan 9 bileşik dinükleotid mikrosatalit lokusu belirlenmiştir. Burada rapor edilen 'Hacıhaliloğlu' kayısı kloroplast genomunun mevcudiyeti, *Prunus* cinsinin genetik çeşitliliği, taksonomisi ve filogenetik evrimi ile ilgili kapsamlı çalışmalar için değerli bir genetik kaynak oluşturmaktadır. Ayrıca, tespit edilen SSR lokusları bu cinsteki türlerin filogenetik ve popülasyon çalışmaları için değerli moleküler kaynaktırlar.

Anahtar Kelimeler: Prunus, moleküler genetik, ıslah, yeni nesil dizileme (NGS)

Herbisitlere Karşı Dirençli İnnovator Patates Çeşidinin Geliştirilmesi

İlhom RAHAMKULOV*, Allah BAKHSH*

*Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü, Niğde/Türkiye

ilhom.raham@gmail.com

Özet

Transgenik bitkilerin geliştirilmesi ile son 20 yılda birçok bitkiye çeşitli özelliklerin kazandırılması amaçlanmaktadır. Yapılan çalışmalar arasında en yaygın olanı herbisitlere karşı dirençli transgenik bitkilerin geliştirilmesidir. Herbisitler, diğer bitkilerde olduğu gibi patates bitkisinde de verimi olumsuz yönde etkilemektedir. Bu çalışmada, İnnovator patates çeşidine (*Solanum tuberosum* L.) CP4-EPSPS geni *Agrobacterium tumefaciens* aracılığıyla aktarılmıştır. Gen transformasyonunda LBA4404 *A. tumefaciens* hattı, vektör olarak pCAMHE-EPSPS plazmidi kullanılmıştır. CP4-EPSPS geninin promotörü pCAMB1A-1301 plazmidinde olan CaMV-35S promotörü ile “İnnovator” patates bitkisinin yaprak ve boğum aralarına transformasyon yapılmıştır. Transgenik aday bitkilerin seçiminde plazmidin T-DNA bölgesinde bulunan gusA geni bitkiye transforme olduğundan histokimyasal GUS analizi ile belirlenmiştir. Bu transgenik bitkilerden alınan örnekler ile DNA izolasyonu yapılmıştır. gusA geni ve CP4-EPSPS genine spesifik primerler kullanılarak PCR yöntemiyle doğrulanmıştır. Transformasyonu gerçekleştirilen CP4-EPSPSP geninin protein analizi yapılmıştır. Transgenik bitkilere N-(Phosphonomethyl) glycine glifosat potasyum sprey sonucu dayanıklı çeşitler hayatta kalmıştır. Geliştirilmiş “İnnovator” patates çeşidi herbisitlere karşı dirençli hale getirilmiştir. Yapılan bu çalışma ile önemli bir besin kaynağı olan patateste, yabancı otlardan ve onlara karşı uygulanan herbisitlerden kaynaklanan kayıpların önüne geçilebilir.

Anahtar kelimeler: Patates (*Solanum tuberosum* L.), herbisit, *Agrobacterium tumefaciens*, transgenik bitkiler

I. Bitki Islahı ve Genetiği Öğrenci Kongresi
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi
Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi
Yerel Kayısı (*Prunus armeniaca*) Popülasyonlarında plum pox virüsü
Dayanıklılığı ve Kendine Uyuşmazlığın Moleküler Markörler ile Belirlenmesi

Necati ÇETİNSAĞ, Onur CANBULAT, Muhammed Ali KÖSE, Saffet TEBER, Feyyat CAYMAZ, Kahraman GÜRCAN

Erciyes Üniversitesi Betül Ziya Eren Genom ve Kök Hücre Merkezi, Kayseri, Türkiye
Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kayseri, Türkiye

uanecati@gmail.com

Özet

Kayısı (*Prunus armeniaca*) sosyal ve ekonomik açıdan Türkiye’de önemli bir meyve türüdür. Çalışmada, 192 kayısı ağacında kendine uyumsuzluk ve plum pox virüsü (Şarka hastalığı) dayanıklılık lokusları moleküler markörlerle incelenmiştir. Örnekler; Adıyaman(30), Ankara(2), Bitlis(3), Edirne(23), İstanbul(7), Kırıkkale(3), Kırklareli(45), Konya(11), Tekirdağ(50), Urfa(18) il Merkezlerinden, ilçelerinden ve köylerinden alınmıştır. Örneklerden DNA izolasyonu yapıldıktan sonra kendine uyumsuzluktan sorumlu S allelerini, kendine uyusurluktan sorumlu Sc allelini belirlemek için S-RNase, SFB genlerine spesifik 4 primer çifti (SRc-F ve SRc-R, EM-PC2consFD, EM-PC3consRD, AprSC8-R, PaConsl-F, AprFBC8-F ve AprFBC8-R) kullanılarak PCR yapılmıştır. S-RNase geninin ilk intronunda allel uzunluklarını tam belirlemek için fragman analizi yapılmıştır. Diğer üç lokusda ise PCR ürünleri agaroz jelde koşturularak kodlanmıştır. Avrupa kayısılarında tanımlanan 21 S allelinden, Trakya Bölgesinden aldığımız örneklerde; SC(%40), S8(%9), S2(%9), S6(%9), S13(%9), S7(%6), S3(%4), S11(%4), S9(%2), S12(%2), S19(%2), S20(%1) olmak üzere 12 S alleli belirlenmiştir. Ancak allelerin %3’ü özgün olup, Avrupa S alleli sınıflandırması dışında kalmıştır. Urfa, Adıyaman bölgelerindeki örneklerimizde ise; S9(%23), S19(%15), S13(%13), S8(%12), S7(%9), S3(%7), S2(%6), S11(%5), S12(%3), S6(%2), S20(%2) olmak üzere 11 allel belirlenmiştir. Bu grupta ise allelerin %3’ü Avrupa kayısılarında belirlenen 21 S allelinden farklı çıkmıştır. Sonuçlar, Trakya kayısılarında kendine uyusurluğu kodlayan SC ve öncül SC alleli olan S8’in yüksek oranda olduğunu, Anadolu örneklerinde ise SC allelinin olmadığı tespit edilmiştir. Kayısı moleküler haritasında 1. Bağlantı grubunun (LG1) üst kolunda yer alan *PPVres* olarak adlandırılan lokusun, Stark Early Orange (SEO) / Harlayne tipi PPV dayanıklılığın % 70’ini kodladığı bulunmuştur. *PPVres* ile bağlantılı üç SSR markörü (PGS1.21 PGS1.23 ve PGS1.24) daha önce keşfedilmiştir (Soriano ve diğerleri, 2012). SEO / Harlayne tipi PPV dayanıklılığı belirlemek için yerel kayısılarımız, üç SSR markörü ve ZP002 (Decroocq ve ark., 2014) olarak adlandırılan markör ile taranmıştır. Allel boyları fragman analizi yapılarak elde edilmiştir. Sonuç olarak örneklerde, *PPVres* lokusu ile bağlantılı markörlerin Türkiye kayısı popülasyonlarında bulunmadığı görülmüştür.

Anahtar Kelimeler: Genetik çeşitlilik, *Prunus*, moleküler karakterizasyon, islah

Verimli Hilal Bölgesinden Toplanmış Olan Yabani Gernik (*Triticum dicoccoides*) Genotiplerinin Agro-Morfolojik Özelliklerini Belirlenmesi

Esra ÇAKIR, Emine BOLAT, Uğur SESSİZ, Mehmet Alper GÖKÇE, Hakan ÖZKAN

Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, 01330 ADANA

hozkan@cu.edu.tr

Özet

Dünyada buğday üretim ve verimliliğini sınırlayan en önemli faktörün abiyotit ve biyotik stres faktörler olduğu bilinmektedir. Özellikle bu stres faktörlerine dayanıklılığı sağlayan yeni gen kaynaklarına ihtiyaç vardır. Yabani gernik buğday (*T. dicoccoides*), buğday ıslahında bu amaçla kullanılabilir en önemli yabancı gen kaynağıdır. Bu çalışmanın amacı; Verimli Hilal kuşağı içinde bulunan farklı ülkelerden temin edilmiş olan 250 adet yabancı gernik genotipleri Çukurova Üniversitesi Araştırma ve Uygulama alanında iki tekerrürlü olarak ekilmiştir. Bu tek yıllık çalışmada, başaklanma gün sayısı, çiçeklenme gün sayısı, bitki boyu, bayrak yaprak ayası eni, bayrak yaprak ayası boyu, bayrak yaprağı alanı, çıplak üst boğum arası uzunluğu, bayrak yaprağın klorofil içeriği, başak sayısı, başak uzunluğu, başakta başakçık sayısı, yabancı gernik buğday (*T. dicoccoides*) popülasyonlarında yer alan karakterler incelenmiştir. Yürütülen çalışma sonunda; hem genotipler hem de genotiplerinin orjinlerine göre incelenen özellikler bakımından genetik varyasyonun olduğu belirlenmiştir. Çalışma sonucunda elde edilen veriler kullanılarak ileride farklı amaçlar için kullanılacak NAM popülasyonlarının geliştirilmesine başlanmıştır.

Anahtar Kelimeler: Verimli hilal, buğday, stres

Pamukta *Verticillium* Solgunluğu Hastalığına Dayanıklı F₁ Melez Kombinasyonlarının Geliştirilmesi

Nazlı AYBAR*, Yaşar AKIŞCAN**

*Mustafa Kemal Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Hatay\Türkiye

**Mustafa Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Hatay\Türkiye

nazli.aaybar63@hotmail.com

Özet

Pamuk bitkisinde büyük verim kayıplarına neden olan *Verticillium* solgunluğu hastalığının pamuk üretiminin yapıldığı geniş alanlarda herhangi bir kimyasal mücadelesi yoktur. Hastalıkla mücadelede en etkili yol dayanıklı çeşit elde etmek ve bu dayanıklı çeşitlerin geliştirilerek üretime alınmasıdır. Çalışmada, 2016-2017 yıllarında *Verticillium* solgunluğuna karşı dayanıklı genotipler elde etmek amacıyla Amik Ovası koşullarında yürütülmüştür. Çalışmada, *Verticillium* solgunluğu hastalığına dayanıklılığın yanında farklı özellikler (kütü verimi, lif kalitesi, çırçır randımanı vs.) yönünden üstün olan 6 pamuk genotipi ve bunların Yarım Diallel melez yöntemi uyarınca oluşturulan 15 melez kombinasyonu materyal olarak kullanılmıştır. Çalışmanın birinci yılında (2016) denemeye alınan genotipler, her melez kombinasyon ve kendilenen anaç için 10 metre uzunluğunda 1'er sıra olacak şekilde parseller oluşturulmuş ve 15 gün ara ile 2 melez bahçesi kurulmuştur. Melezleme işlemi, çiçeklenmenin başlangıcından çiçeklenme dönemi sonuna kadar bir sonraki gün açacak olan çiçeklerin öğleden sonra 14:30-18:00 saatleri arasında emaskülasyon yapıp, takip eden günün sabah saatlerinde polenlerin patlamasına takiben (9:00-12:00 saatleri arasında) tozlanma yapılarak gerçekleştirilmiştir. Anaçlara ilişkin parsellerde ise çiçekler izole edilerek kendileme yapılmıştır. Melezleme işlemi yapılan ve kendilenen çiçekler etiketlenerek normal gelişim seyrine bırakılmıştır. Böylelikle, ikinci yıl çalışmaları için gerekli miktarda F₁ ve anaç genotiplere ilişkin kendilenmiş tohum elde edilmiştir. İkinci yıl (2017) çalışmaları kapsamında 15 F₁ melez kombinasyonuna ilişkin tohumlar, anaçları ile birlikte tek sıralı 10 m uzunluğundaki parsellere 3 tekkürlü olarak Tesadüf Blokları Deneme Deseni uyarınca ekilmiştir. Genotiplerin *Verticillium* solgunluğu hastalığına dayanıklılık durumlarını belirlemek amacıyla, T₁ patotipine ilişkin spor solüsyonu laboratuvar koşullarında hazırlanarak bitkiler yaklaşık 25-30 cm boya ulaştıklarında gövdeye inokülasyon tekniği uyarınca uygulanmış sonrasında bitkiler normal gelişim seyrine bırakılmıştır. Hasat döneminde denemeye alınan genotiplerin 0-4 skalası kullanılarak yaprak ve gövde semptomlarına göre hastalık indeksleri

I. Bitki Islahı ve Genetiđi Öğrenci Kongresi

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi

Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi

hesaplanmıştır. Böylelikle genotiplere ilişkin olarak anılan hastalığa dayanıklılık durumları ile hastalık yönünden anaçların genel, F₁ melez kombinasyonlarının ise özel uyum yetenekleri belirlenmiştir.

Anahtar kelimeler: Pamuk, Yarım Diallel, *Verticillium* Solgunluğu Hastalığı, T₁ Patotipi

Korunga Genetik Kaynaklarının Flow Sitometri ile Karakterizasyonu

Buket ŞAHİN*, Elbi Cansu YILMAZ*, Seda ÖZER*, Nazlı ULUTAŞ*, Gülrü YÜCEL**, Taner GÜVENİR*, Gülsemin
SAVAŞ TUNA***, Metin TUNA*

*Namık Kemal Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Tekirdağ

**Namık Kemal Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Tekirdağ

***Milli Eğitim Bakanlığı, Tekirdağ Anadolu Lisesi, Tekirdağ

buket.sahinn@windowslive.com

Özet

Korunga (*Onobrychissativa* L.) ülkemizin en önemli çok yıllık baklagil yem bitkilerinden biridir. Bitki 10 metre derinliğe kadar inebilen kök sistemiyle toprağı islah etme özelliğine sahip olup, soğuğa ve kurağa oldukça dayanıklıdır. Bu özelliği nedeniyle yoncanın yetişmediği kıraç bölgelerin vazgeçilmez bitkisidir. Yonca ve diğer bazı baklagillerin hayvanlarda sebep olduğu şişme sorunu korungada gözlenmez. Hayvanlar tarafından yoncaya göre daha fazla tercih edilir ve besleme değeri yüksektir. Tüm bu iyi özelliklerine ilave olarak korunganın arılar için çok değerli bir polen ve nectar kaynağı olduğu ve hayvanlarda gözlenen bazı sindirim sistemi problemlerine iyi geldiği de bilinmektedir. Bu çalışmanın amacı bölümümüzde yürütülen korunga islah programında kullanmak üzere yurt dışı kaynaklardan (gene bankası) temin edilmiş olan korunga genetik kaynak koleksiyonunu oluşturan, ve yaklaşık 20 türe ait 200 aksesyonun 2C ortalama çekirdek DNA içeriklerini flow sitometri ile ilk defa belirlemek ve elde edilen bilgiyi aksesyonların ploidy düzeylerini saptamak, etiket bilgilerini teyit etmek ve safiyetleri hakkında bilgi sahibi olmak için kullanmaktır. Çalışmadan elde edilen sonuçlara göre korunga türlerinin ortalama 2C çekirdek DNA içerikleri 2.70 pg ile 0.70pg arasında değiştiği belirlenmiştir. Çekirdek DNA içeriği değerleri ile aksesyonların kromozom sayıları ilişkilendirildiğinde aksesyonların bazılarının diploid iken bazılarının tetraploid olduğu bununla birlikte diploidlerde kromozom sayısının $2n = 14$ ile $2n = 16$ arasında değişim gösterdiği saptanmıştır. Çalışma kapsamında elde edilmiş olan sonuçlar daha önce mevcut olmadığı için korunga genomlarının yapısı hakkında yeni bilgiler sağlayarak literatürde mevcut olan bir boşluğun doldurulmasına katkı sağlayacak ve bu materyalleri kullanacak olan araştırmacıların işlerini kolaylaştıracaktır.

Anahtar kelimeler: *Onobrychis*, genome, flowsitometri, çekirdek DNA analizi, ploidy

Goji berry 'de in vitro Bitki Rejenerasyon Protokolünün Oluşturulması

Onur CANBULAT, Necati ÇETİNSAĞ, Muhammed Ali KÖSE, Saffet TEBER, Feyyat ÇAYMAZ, Kahraman GÜRCAN

Erciyes Üniversitesi Betül Ziya Eren Genom ve Kök Hücre Merkezi Kayseri/ Türkiye

onurcanbulat38@gmail.com

Özet

Goji berry *solanaceae* familyasına ait olan çok yıllık bir bitki olup, Çin, Kanada, Amerika ve Orta Doğu ülkelerinde uzun yıllardır yetiştirilmektedir. Yüksek antioksidan özelliği ile gojiberi Türkiye'de de son yıllarda pazar bulmuş ve yetiştirilmeye başlanmıştır. Bu çalışmada, doku kültürü yoluyla Goji beri de sürgün çoğaltımı, yapraktan rejenerasyon ve köklendirme çalışılmıştır. Bitkisel materyal olarak *Lycium ruthenicum* (Siyah) ve *Lycium chinense* (Chinese) türlerinden birer genotip, *Lycium barbarum* L. (yaygın gojiberi) türünden ekonomik olarak yoğun yetiştiriciliği yapılan "Lifeberry", "Sweet Lifeberry" ve "Big Lifeberry" çeşitleri kullanılmıştır. Literatürde bu üç çeşit için sırasıyla "Ning Qi No.1" (NQ1), "Ning-qi No.2" (NQ2) ve "Ning-qi No.3" (NQ3) isimleri de kullanılmaktadır. Hem sürgün kültürü ve hem de rejenerasyon için MS (Murashige ve Skoog) besin ortamında BAP (benzil amino pürin)'in farklı konsantrasyonları (0.00, 0.10, 0.20, 0.30, ve 0.40 µM /L) uygulanmıştır. 16 saat aydınlık, 8 saat karanlık ve 25 ± 2°C sıcaklıkta eksplantlar kültüre alınmıştır. Tüm uygulamalarda sürgün gelişimi yüzde yüz gerçekleşmiştir. Kardeşlenme miktarı 0.30 ve 0.40 µM /L konsantrasyonlarda yüksek olsa da bu konsantrasyonlarda vitrifikasyon sorunu gözlenmiştir. Rejenerasyon denemesinde in vitro sürgün yaprakları kullanılmış ve 0.40 µM /L konsantrasyonda siyah gojiberi yaprak eksplantlarının %75'inde, NQ.2 eksplantlarının ise %5'inde adventif sürgün gelişmiştir. Köklendirme için 0.00, 0.05 ve 0.10 µM/L konsantrasyonlar denenmiş, Tüm genotiplerde BAP eklenmeyen MS ortamının yoğun kök oluşumu için yeterli olduğu tespit edilmiştir.

Anahtar kelimeler: Goji berry (*Lycium barbarum* L.), *Lycium ruthenicum*(Siyah), *Lycium chinense*(Chinese)

Yüksek Sıcaklığa Toleranslı Patates Genotiplerinin Doku Kültürü Koşullarında Belirlenmesi

Seher ÖMEZLİ*, Özlem GÜNDOĞDU ERKİN*

*Ömer Halisdemir Üniversitesi, Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü, Niğde/ Türkiye

Seher_yss51@hotmail.com

Özet

Patates, yüksek verimli ve yumrularının karbonhidrat, protein, vitamin ve mineral içeriği bakımından yüksek besleme değerine sahip olması nedeniyle, yetersiz beslenmeyle mücadelede başlıca gıda olarak nitelendirilmektedir. Çoğu patates çeşidinin ılıman iklim bölgelerinde ıslah edilmiş olması sebebiyle, ılıman iklim bölgelerinde yüksek verim oluşturmaktadır. Ancak Türkiye'nin de yer aldığı, sıcaklıkların yüksek olduğu birçok ülkede patates tarımı sulamaya dayalı olarak yapılmaktadır. Bu gerekçelerle değişen her çevre koşulunda patates üretiminin sürdürülebilirliği, gıda güvenliği ve toplumsal sürdürülebilirlik için çok önemlidir. İklim değişim tahminleri doğrultusunda, patates tarımının geleceğini güvence altına almak için hem gelişmiş hem de gelişmekte olan ülkelerde kullanılmak üzere temel abiyotik stres etmenlerine toleranslı patates çeşitlerine acilen ihtiyaç duyulmaktadır. Son yıllarda patateste abiyotik stres çalışmaları artmış olsa da, araştırmaların büyük bir çoğunluğu kuraklık veya yüksek sıcaklık gibi tek bir abiyotik stres etmeni üzerine odaklanmıştır. Bilimsel literatür, kuraklık ve yüksek sıcaklığın patates için önemli bir sorun olduğunu ortaya koymakta fakat patatesin bu stres etmenlerine tepkisinin anlaşılması konusunda şu anda sınırlı bir bilgi birikimi mevcuttur. Bunun yanında, ıslah programında kolay uygulanabilecek ve hızlı sonuç verecek güvenilir tarama yöntemlerinin geliştirilmesine acilen ihtiyaç duyulmaktadır. Bitki ıslahı programlarında seleksiyon amaçlı olarak fizyolojik karakterlerin kullanılması her ne kadar ümit var görünse de, çoğu fizyolojik karakterlerin ölçümü için fazla işgücü gerekirken ve bitki sayısı fazla olduğunda uygulanabilirliği zayıflamaktadır. Hatta yüksek sıcaklık koşullarda verimle ilişkili bazı fizyolojik karakterlerin ölçümü pahalıdır. Bu nedenle ölçümü kolay olan tarama yöntemlerinin acilen belirlenmesi gerekmektedir. Sonuç olarak, önerilen projenin amacı; yüksek sıcaklığa toleranslı patates genotiplerinin belirlenmesi için ıslah programında kullanılacak doku kültürü koşullarında bir tarama yönteminin geliştirilmesidir.

Anahtar kelimeler: Patates, yüksek sıcaklık, tarama yöntemi, doku kültürü, ıslah

Türkiyede Yetiştirilen Yerel Pamuk Çeşitlerinin Genetik Transformasyon Çalışmalarında Seçme Amacıyla Optimum Glufosinat Amonyum Konsantrasyonunun Saptanması

Esra DURU, Nurefşan CIRIK, Allah BAKHSH

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü , Niğde/Türkiye

esraduru10@gmail.com

Özet

Transgenik teknolojinin tarımsal alanda gelişmesiyle birlikte böcek ve yabancı ot öldürücü kimyasallara karşı dirençli mahsül çeşitliliği düzenli bir şekilde artmıştır. Herbisit dirençli ekinler ticari bir şekilde 1995'ten beri yetiştirilmektedir. Yabani otlar pamuk üretiminde %30'dan daha fazla kayba yol açmaktadır. Herbisitlere dirençli ekinlerin yetiştirilmesi verimin büyük ölçüde artmasına olanak sağlamaktadır. Bitki genomuna herbisite dirençli nitelik kazandırmak için, bitki seçilebilir işaretleyicinin optimize konsantrasyonu in vitro deneyler için ön koşuldur. Bu çalışma pamuğun optimal glufosinat amonyum konsantrasyonunu araştırmak için yapılmıştır. Pamuk Özbek-100 ve GSN-12 çeşitlerinin yaprak örnekleri standart büyüme koşullarında iki haftalık kontrol ile birlikte 0,5 mg/L , 1,0 mg/L , 1,5 mg/L , 2,0 mg/L 2,5 mg/L , 5,0 mg/L konsantrasyonlarda glufosinat amonyum MS ortamına kültüre alınmıştır. İki hafta kültür süresi sonunda , Özbek-100 çeşidinden kontrol olarak seleksiyon kültürlerde yapraklar sağlıklı bir büyüme gösterirken, artan konsantrasyonla doğru orantılı şekilde yapraklarda belirgin kararmalar ve nekroz gözlenmiştir. Özbek-100 çeşidinin genetik transformasyon çalışmaları için uygun glufosinat amonyum konsantrasyonunun 1,0 mg/L ve 1,5 mg/L arasındaki değerlerde olduğu saptanmıştır. Benzer şekilde kontrol ortamlarda, GSN-12 çeşidinde kontrol ortamında kültürlenmiş yapraklar yeşilliğini ve tazeliğini korumuşlardır. Glufosinat amonyum içeren MS ortamında kültürlenmiş yapraklarda artan konsantrasyon ile birlikte kloroz ve nekroz aynı anda gözlemlenmiştir. GSN-12 çeşidinin genetik transformasyon çalışmaları için uygun glufosinat amonyum konsantrasyonunun 0 ve 0.5 mg/L değerleri arasında olduğu saptanmıştır.

Anahtar Kelimeler: herbisit, in vitro, nekroz, kloroz, gen transferi

I. Bitki Islahı ve Genetiği Öğrenci Kongresi
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi
Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi
Kültürel miras ekşi karadut (*Morus nigra*) ağaçlarının keşfe ve moleküler karakterizasyonları

Feyyaz CAYMAZ*, Necati ÇETİNSAĞ, Kahraman GÜRÇAN

Erciyes Üniversitesi Betül Ziya Eren Genom ve Kök Hücre Merkezi, Kayseri, Türkiye
Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kayseri, Türkiye

FeyyazCaymaz@gmail.com

Özet

Ekşi karadut (*Morus nigra*) Moraceae ailesinde yer alıp, diploid kromozom sayısı inanılmaz bir şekilde $2n=308$ 'dir. Ilıman iklim kuşağına adapte olan siyah dutun anavatanı tam olarak bilinmemekle beraber Mezapotamya ve İran bölgesi olduğu belirtilir. Türkiye'de önemli bir genetik merkezidir. Son yıllarda yapılan karadut çalışmalarının birçoğu Türkiye'den çıkmakta olup, İranın ekşi karadut potansiyeli bilinmemektedir. Bazı makalelerde Türkiye'de ekşi karadutun çok olduğunu belirtilse de, rapor edilen değerler, Türkiye'de değerli ekşi karadut ağacının çok az olduğunu, belki de 400-500 adeti geçmeyeceğini göstermektedir. Bu çalışmada öncelikle Kayseri'de ki Cumhuriyet öncesinden kalma eski taş evlerin bahçe ve bağlarında günümüze kadar korunmuş ekşi karadutlar aranmıştır. Kimisi anıtsal olmuş, yaşları kimse tarafından bilinmeyen ama en az 200-300 yıllık olduğu tahmin edilen 38 adet devasa karadut ağacı bulunmuştur. Asırlık ağaçlar Cumhuriyet öncesi yerleşim yerleri olan Talas, Erkilet, Hisarcık, Hacılar, Gesi, Efkere, Endürlük, ve Taşhan'da bulunmuştur. Bir sonraki aşamada 38 adet ekşi karadut, ve 10 adet *Morus alba* türüne ait beyaz ve siyah dut genotipinde akrabalık ilişkileri 10 adet polimorfik SSR (basit sekans tekrarları) lokusu taranarak çalışılmıştır. Floresan işaretli PCR ürünleri ABI 3500 cihazı kullanılarak parça analizine tabi tutulmuş, 10 lokusta 52 allel tespit edilmiştir. Beklenen heterozigotluk (He), gözlenen heterozigotluk (Ho) ve PIC (Polymorphism information content) değerleri sırasıyla 0.61, 0.86, ve 0,54 bulunmuştur. Kayseri'de ekşi karadutun aşı veya daldırma yöntemi ile vegetatif olarak çoğaltıldıkları bilinmektedir. Buna rağmen, moleküler polimorfizm, Kayseri'de yetişen tüm ekşi karadutların birbirinin klonu olmadığını, oldukça fazla sayıda özgün genotipin olduğunu göstermiştir. UPGM (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) kümeleme analizinde genotiplerin bir kısmı birbirine benzer bulunurken, ilginç olarak bazı ekşi karadutlar, beyaz dutlar (*Morus alba*) ile aynı grupta yer almıştır. Bu durum daha fazla lokus kullanarak bu olgunun detaylı çalışılması gerektiğini işaret etmektedir. Tarihi ekşi karadut ağaçlarının sayılarının her geçen gün çok azaldığı göz önünde tutulduğunda keşfedilen özgün genotiplerin ıslah çalışmaları için önemli olduğu görülmektedir.

Anahtar Kelimeler: Genetik çeşitlilik, basit sekans tekrarları (SSR), mikrosatellite

Pakistan Kayısları (*Prunus armeniaca*) S lokusu allelerinin Türkiye kayısları ile karşılaştırılması

Muhammed Ali KÖSE, Necati ÇETİNSAĞ, Kahraman GÜRCAN

Erciyes Üniversitesi Betül Ziya Eren Genom ve Kök Hücre Merkezi, Kayseri, Türkiye
Erciyes Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Kayseri, Türkiye

muhammedkoseali@gmail.com

Özet

Kayısları (*Prunus armeniaca*), bir erkek determinant (F-box proteinleri; SFB'ler) ve bir dişi determinant (ribonükleaz, S-RNaz) olmak üzere, çok lokuslu ve çok alleli kontrol mekanizmasına sahip gametofitik kendine uyumsuzluk (SI) sergiler. Avrupa kayıslarında toplamda 21 S-RNaz alleli tanımlanmış, bunlardan 20'si S1 – S20 kodlu olup kendine uyumsuzluk allelidir. Diğer bir allel ise kendine uyusurluk (SC) için tanımlanmıştır. SC haplotipinin, SF8 genine 358 bp'lik DNA parçası eklenmesiyle oluşan bir erkek determinant mutanlığı olduğu belirlenmiştir. Pakistan Hunza vadisi çok değerli kurutmalık kayısı genotiplerine ev sahipliği yapmaktadır. Bu çalışmada Hunza vadisinde yetişen 63 kayısı genotipinin SI allellerini ve kendine uyusurluktan sorumlu SC allelini belirlemek için S-RNaz ve SFB genlerine spesifik 4 primer çifti (SRC-F ve SRC-R, EM-PC2consFD ve EM-PC3consRD, AprSC8-R ve PaConsl-F, AprFBC8-F ve AprFBC8-R) kullanılarak PCR yapılmıştır. S-RNase geninin ilk intronunda allel uzunluklarını tam belirlemek için fragman analizi gerçekleştirilmiştir. Diğer üç lokusta ise PCR ürünleri direk agaroz jelde koşturularak kodlanmıştır. Aynı şekilde Erciyes Üniversitesi Biyoteknoloji Bölümü Kayısı Koleksiyon parselinde bulunan 241 çeşit ve tipin S lokusu moleküler olarak belirlenmiştir. Sonuç olarak, 241 Türkiye kayısı genotipinde 13 farklı S alleli tespit edilmiş [SC (%16), S2 (%10), S3 (%10), S6 (%7), S7 (%10), S8 (%11), S9 (%7), S11 (%5), S12 (%5), S13 (%7) , S19 (%3), S20 (%3) ve S22 (%1)], S allellerinin % 5'i ise Avrupa kayıslarında tanımlanan 20 adet S allelinden farklı olduğu için tanımlanamamıştır. Pakistan kayıslarında ise S2 (%16), S3 (%6), S6 (%9), S7 (%2), S9 (%19), S12 (%25), S13 (%6) ve S20 (%4) toplamda 8 farklı S alleli belirlenmiş, % 13'nün ise S alleli tanımlanamamıştır. Türkiye ve Pakistan kayısı genotiplerinin bir çok ortak S allelini buldukları belirlenmiştir. Avrupa kayıslarının kendine uyusur oldukları, Türkiye kayıslarının ise uyumsuzluk ve uyusurluk allellerinin taşıdığı da literatürde rapor edilmiştir. Bununla beraber Pakistan kayıslarının SC allelini taşımadığı ilk defa bu çalışma ile rapor edilmektedir. Elde edilen sonuçlar Türkiye ve Pakistan kayısları arasında yapılacak melezlenme ve ıslah çalışmalarında kullanılacaktır.

I. Bitki Islahı ve Genetiđi Öğrenci Kongresi

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi

Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi

Anahatar Kelimeler: Genetik çeşitlilik, kendine uyumsuzluk (Self Incompatibility), kendine uyusurluk (Self compatibility).

Mercimek'te (*Lens culinaris* M.) AG/AC Tekrarları ile Zenginleştirilmiş Kütüphanelerin Farklı Tekrarlar ile Taranarak Yeni SSR Markörlerin Geliştirilmesi

Şehriban DEMİR*, Melike BAKIR*

*Erciyes Üniversitesi, Seyrani Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü Kayseri/Türkiye

shrbn@hotmail.com

Özet

SSRs (Simple Sequence Repeats) markörler, DNA markörleri arasında oldukça önemli bir yere sahiptirler ve genetik ve genomik çalışmalarda yaygın olarak kullanılmaktadırlar. İçerdiği yüksek protein oranı (%28) ile insan beslenmesi açısından oldukça önemli bir protein kaynağı olan mercimekte (*Lens culinaris* Medik.) geliştirilen SSRs markörlerin azlığı, genetik ve genomik analizlerin yapılması için yetersiz kalmıştır. Bu çalışmada, *Lens culinaris* cv Kafkas. çeşidi kullanılarak AC ve AG tekrarlarınca oluşturulan zenginleştirilmiş kütüphanelere ait 288 klon TG ve TC primerleri ile taranarak ek olarak yeni 15 adet SSR markörü geliştirilmiştir. Geliştirilen primerlerin polimorfizm analizleri 23 yerli kültür çeşidi kullanılarak test edilmiştir. Yeni geliştirilen bu SSR markörler, genotiplerin tanımlanması, germplasm muhafazası, moleküler ıslah araştırmaları, genetik çeşitlilik ve populasyon genetiđi çalışmaları için oldukça kullanışlı ve yararlı olacaktır.

Anahtar Kelimeler: *Lens culinaris* Medik., Mercimek, Microsatellitler, SSRs

Poster Bildirileri

Bitki Islahının Önemi ve Islah Tekniklerin Geliştirilmesi

Özgür ALTUNDAŞ

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü, Niğde/Türkiye

ozguraltundas.2@gmail.com

Özet

Islah: Doğada birlikte bulunması mümkün olmayan bazı özelliklerin karışımının, belirli bitki çeşitlerinde toplanmasını sağlayan doğal seçilimin yerine bitki ıslahçıları tarafından suni seçilimin konulmasıdır. En basit şekliyle ıslah belli anaçların çaprazlanması ve atanın seçilmesi ya da terkedilmesidir. Burada ki temel amaç daha kısa sürede istenilen özelliklere sahip bitkiye ulaşmaktır. Islah çalışmalarını gerçekleştirebilmek üst düzeyde öğrenme ve uygulama deneyimi istemektedir. Her bir kültür bitkisi türünün ıslahında ki amacın farklı olması bu çalışmaları daha özel kılmakta ve uzmanlık gerektirmektedir. Islah çalışmaları ürün verimi, zararlılara karşı direnç, boy, çiçek açma zamanı, tohum gücü, tohum boyutu, bakla başına tohum sayısı, hasat edilen ürünün bileşimi veya içeriği; yağ, nişasta ve proteinin nispi oranları gibi birçok özelliğin incelenmesiyle en iyi çeşidin elde edilmesini amaçlamaktadır. 2016 yılı TİM verilerine göre tarım sektörü GSYH'nin %7,1 gibi önemli bir kısmını oluşturmaktadır. Bu miktarın artırılması için ıslah çalışmaları hayati önem arz etmektedir. Bu çalışma ıslah programlarının verimini artırmak için kullanılacak katlamalı haploidi, markör destekli seçim, mutasyon ıslahı ve apomiksi gibi önemli teknikleri açıklamaktadır. Bu sayede ıslah çalışmalarının verimliliğinin artırılarak, tarımsal ekonominin büyümesi hedeflenmektedir.

Anahtar kelimeler: Bitki ıslahı, apomiksi, markör destekli seçim, mutasyon ıslahı, katlamalı haploidi

GDO'ların Genetik Çeşitliliğe Etkisi

Nurefşan CIRIK, Kübra YILDIZ

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü, Niğde/Türkiye

nurefsancirik@hotmail.com, kbr_yldz_97@hotmail.com

Özet

Milyonlarca yıllık bir birikimin sonucu olan, canlıların genetiğinin geniş çeşitliliği bugün gördüğümüz birçok farklı canlı popülasyonunun temel nedenidir. Genetik çeşitlilik, farklı çevre koşullarına adapte olmak ve neslin devamını sağlamak açısından büyük önem arz etmektedir, zira genomlarda bulunan varyasyon, zor koşullara dayanacak olumlu özelliklere sahip bir popülasyonun devamını sağlar. Öte yandan, popülasyonda bulunan düşük genetik çeşitlilik sebebiyle, değişen çevre koşullarına uyumu zorlaştırdığı gibi, devamı konusunda da problemler yaratabilir. DNA'nın keşfi ve onu takip eden süreçte gen mühendisliği (rekombinant DNA teknolojisi) çalışmalarıyla DNA molekülünün farklı parçaları birleştirilerek yeni özellikler kazandırılmış organizmalar elde edilmeye başlandı. En yaygın kullanılan tanımı ile GDO; “genetik malzemeyi, yani organizmanın DNA dizisinin ve yapısının çaprazlama veya doğal yeniden birleşme gibi doğal yolların dışında, laboratuvarında değiştirilmiş insan dışındaki organizmalardır”. Diğer bir ifadeyle GDO'lar; canlıların mevcut gen dizilimlerinin değiştirilerek yeni özellikler kazandırılması ile elde edilen organizmalardır. GDO'ların çevre üzerinde oluşturabileceği en önemli risk olarak görülen gen kaçıışı, genetiği değiştirilmiş bitki polenlerinin rüzgar, kuş ve böcekler ile taşınarak diğer aynı tür bitki ya da yabancı bitkilere geçmesidir. Gen kaçıışı ile diğer türlere geçen genler, bu türlerin özgün genetik özelliklerini zamanla yitirmesine ve uzun vadede biyolojik çeşitliliğin ciddi şekilde azalması sonucunu ortaya çıkarmaktadır. Bu sorunun temelinde GDO'lu bitkilerin kültüründe gerekli önlemlerin alınmamasından kaynaklanmaktadır. Yapılan çalışmalarla araştırmacılar genetik mühendisliği hakkında daha iyi bir anlayışa sahip olduklarından, laboratuvar ortamında canlılara genetik modifikasyonlar getirerek evrimi atlamak mümkün hale gelmiştir. Bu durum, genetik olarak modifiye edilmiş organizmalar, daha hızlı mahsul üretiminde, böcek direncinde katkıda buldukları için avantajlıdır. GDO'ların bu faydalarına rağmen, ihmaller sebebiyle oluşan riskler nedeniyle GDO'ların üretilmesi sonucu oluşabilecek bazı riskleri almak gereklidir.

Anahtar kelimeler: Evrim, genetik çeşitlilik, GDO

Bitki Islahında Doku Kültürü Çalışmalarında Virüs ile Arındırma

Müge DOĐANER

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Bitkisel Üretim ve Teknolojileri Bölümü, Niğde/Türkiye

muqe1293@gmail.com

Özet

Bu derlemede bitki islahında doku kültürü çalışmalarında virüsle enfekteli materyallerin arındırılması ve saf bitkiler elde edilmesinde kullanılan yeni yöntemler incelenmiştir. Sağlıklı üretim materyalinin elde edilmesinde, virüsten ari olduđu bilinen bitkiler veya doku kültürü teknikleriyle virüsten arındırılan stok bitkilere gereksinim duyulmaktadır (Lizarraga et al. 1991). Bitki karantina ve tohum sertifikasyonunda kullanmak üzere yeni ve gelişmiş tekniklere ihtiyaç duyulmaktadır. Bunlardan biri olan meristem kültürü, izole edilen meristematik dokunun virüsten ari tam bitkilere dönüştürülmesi için kullanılmaktadır (Sanchez et al. 1991). Doku kültürü ve termoterapi ile virüssüz bitki elde etmeye yönelik yapılan çalışmalar sonucunda başarılı sonuçlar alındığı görülmektedir. Sürgün ucu meristem in vitro kültürler, genetik stabiliteyi sağlaması nedeni ile tercih edilmektedir (NunezPalenius et al. 2006). Sürgün ucu-meristem kültürü ve termoterapi yöntemleri, sağlıklı bir üretim materyali elde edilmesinde kullanılabilir. Bu yöntemlerle elde edilen üretim materyallerine virüs testlemeleri de yapılması ayrıca önemlidir. Sürgün ucu-meristem kültürü ve termoterapi uygulamaları ile sağlıklı, hastalık etmeninden temiz bir üretim materyalinin elde edilmesi ve bu materyalin hem üretimde hem de tüketimde kullanılması ulusal ekonomiye kayda değer hizmet verecektir. Virüsten temiz ve virüs testleri yapılmış olan üretim materyalleri dış satımda ülkemize bir ayrıcalık kazandıracak ise öncelikle bunu sağlamak amacımız olmalıdır.

Anahtar kelimeler: meristem kültürü, virüs, termoterapi

Sorunları DNA'sından Çözen Yöntem: CRISPR

Saime Buse GÜVEN

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü, Niğde/Türkiye

sbusequven@gmail.com

Özet

Geriyeye dönüp bugüne baktığımızda bazı şeylerin farkına varıyoruz. Dünya geliyor, insanlar değişiyor, nüfus katlanarak yükseliyor, talepler artıyor. Tamamen tüketim toplumu haline gelen insanlar sınırsız istekleriyle doyumsuzlaşıyor. Üreticiler her geçen gün yeni şeyler üretmek zorunda kalıyorlar ki en önemlisi de beslenme ihtiyacı. Dünyadaki var olan gıdaların kaynakları insanların tüketim hızına yetişemiyor. Daha fazla üretmek yetmediği gibi tüketicinin istekleri de göz önünde bulunduruluyor. Şeklinden rengine, tadından vitaminine, raf ömrüne kadar her şey dikkat edilerek tüketiciye sunulmaya çalışılıyor. Bu yüzden tüm bu isteklere ve sorunlara karşılık biyoteknolojik yöntemlerle üretim devreye giriyor ve günden güne biyoteknolojik alanda çalışmalar artıyor. Son olarak bilime damgasını vuran CRISPR (düzenli aralıklarla bölünmüş palindromik tekrar kümeleri) yöntemi sorunların DNA'sına inerek çözüm bulacağına inanılıyor. CRISPR / Cas9 sisteminin, bitkiler de dahil olmak üzere çeşitli organizmalarda etkili bir şekilde hedeflenen gen düzenlemesine neden olduğu gösterilmiştir. Temelinde, Cas9 genomun belirli yerlerinden iki DNA iplikçliğini kesebilen “moleküler bir makas” görevi görür. Böylece DNA parçaları eklenebilir veya çıkarılabilir. Rehber RNA (İng. *guide RNA* – *gRNA*) denilen bir RNA parçası: Daha uzun bir RNA iskeletin içindeki, önceden tasarlanmış küçük (yaklaşık 20 bazlık) bir RNA diziliminden oluşur. Uzun RNA iskeleti DNA'ya bağlanır ve önceden tasarlanmış dizilim Cas9'un genomun doğru noktasına gitmesine rehberlik eder. Böylece Cas9 enzimi doğru yerleri keser. CRISPR iki temel amacı vardır: 1- Düzgün çalışmayan ya da hastalıklara sebep olacak genlerin ve işlevsizleştirmek ve protein sentezini durdurmak. 2- Organizmaya yeni özellikler kazandıracak genler eklemek ya da mevcut genlerin yerine daha sağlıklı, dayanıklı, vb. istenilen özellikteki genleri organizmaya embriyodan olmak üzere yerleştirebilmek. Kullanım amacı sapmadıktan sonra tüketicinin ihtiyaçlarına çözüm bulacak etkili bir yöntem.

Anahtar kelimeler: CRISPR, Biyoteknoloji, Genetik Mühendisliği, Bitki Islahı

Şakayık (*Paeoniamascula*) Bitkisinin Tohum, Rizom Sürgünlerle ve in vitro Çoğaltılması

İlyas KILINÇER, Onur CANBULAT, Kahraman GÜRCAN

Erciyes üniversitesi, Genom ve Kök Hücre Merkezi, Talas, Kayseri
Erciyes üniversitesi, Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Talas, Kayseri

ilyaskilincer@gmail.com

Özet

Paeoniaceae familyasına ait olan ve ülkemizde bazı bölgelerde doğal şartlarda yetişen şakayık(*Paeoniamascula*), otsu veya odunsu bir gövdeye sahip ve 60-80cm boylarında, çok yıllık bir bitkidir. Kesme çiçekçilikte kullanılmaya potansiyeli olan oldukça güzel çiçekli bir süs bitkisidir. Ayrıca tıbbi bitki olarak da değerlidir. Şakayık, yurtdışında uzun yıllardır profesyonel olarak çoğaltılırken, ülkemizde yetiştiriciliği ve çoğaltılması son yıllarda başlamıştır. İnsan baskısı nedeniyle şakayığın doğal yayılış alanı gün geçtikçe azalmaktadır. Bu genetik kaynağın korunması gerekmektedir. Bu çalışmada öncelikle Kayseri Erciyes dağı taranmış ve şakayıkların doğal yayılış gösterdiği üç farklı bölge keşfedilmiştir. Bu bölgelerin şakayığı kullanılarak a) doku kültürü yolu ile in vitro mikroçoğaltım, b) tohum ile generatif çoğaltım c) rizomları kullanarak vegetatif çoğaltım yöntemlerinin çalışılması planlanmıştır. Nihai hedef şakayık bitkisinin çoğaltımını stabilize ederek ve bu bitkiyi kültürel koşullarda muntazam olarak artırabilmektir. 2017 Temmuz-Ağustos aylarında, doğal yayılış alanlarında tohumlar toplanmış, farklı sürelerde sülfürik asit, GA3(Giberalik asit) ve kabuk aşındırma uygulamaları yapılmıştır. Sonra torf içerisine ekilmiş, soğuklama ihtiyacını gidermek için +4°C'de 90 gün bekletilmiştir. Mart 2018'de çimlendirmek için seraya taşınmıştır. Aynı şekilde, 2017 Ekim-Kasım ayında toplanan rizomlar ayrılarak, saksılara dikilmiş, vernalizasyon amacıyla +4°C'de 90 gün tutulmuş, 2018 Mart ayında seraya taşınmıştır. Oluşacak sürgün uçları in vitro koşullarda sterilizasyonu yapıldıktan sonra BA(benzyladenin), GA3(Giberalik asit) ve NAA(Naftalen asetik asit) içeren ortamlarda (0,5 BA + 1 GA,1 BA + 1 GA,1 BA + 0,1 NAA + 1 GA, 1 BA + 0,1 NAA + 1 GA,2 BA,1 BA + 0,5 GA + 0,1 IAA,3 BA +0,3 GA +0,3 IBA mg/L) in vitro kültüre alınacaktır. Çoğaltma yöntemlerinin başarı ile sonuçlanması durumunda, doğal genetik kaynakları korunacak, kitlesel şakayık üretimine olanak sağlanacaktır.

Anahtar kelimeler: Şakayık, doku kültürü, mikroçoğaltım, tohumla çoğaltım, rizomdan çoğaltım

Farklı Orijinli Bazı Siyez Buğday (*Triticum monococcum* ssp. *monococcum*) Genotiplerinin Morfolojik Karakterizasyonu

Uğur SESSİZ, İbrahim KARAHAN, Mehmet Alper GÖKÇE, Esra ÇAKIR, Hakan ÖZKAN

Çukurova Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarla bitkileri Bölümü, Adana

hozkan@cu.edu.tr

Özet

Siyez buğdayı, (*Triticum monococcum* L. ssp. *monococcum*) tarımın başlamasında rol oynayan önemli bir bitkidir. Yaklaşık 10.000 yıl önce kültüre alınmış olup, yerini kademeli olarak makarnalık ve ekmeçlik buğdaya bırakmıştır. Günümüzde çok sınırlı sayıda olmasına rağmen halen bazı ülkelerde tarımına devam edilmektedir. Sağlıklı gıda kültürünün yaygınlaşmasıyla birlikte yüksek besin içeriğine sahip Siyez buğdayı tüketiciler tarafından yeniden talep görmeye başlamıştır. Siyez buğdayının danesi hem kırık olarak hem de tüm olarak Türkiye, Ortadoğu ve Balkan ülkelerinde “bulgur” yapımında kullanılmaktadır. Özellikle Türkiye'nin bazı bölgelerinde halen Siyez buğdayının tarımının yapılmasının ana nedenlerinden birisinin siyez buğdayından yapılan ekmeğin kendine has ekşimsi tadından kaynaklanmaktadır. Bunun yanısıra biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı yüksek toleransa sahip olması ıslah çalışmaları için genetik kaynak teşkil etmektedir. 1925-1927 yılları arasında bazı araştırmacılar tarafından yapılan çalışmalarda siyez buğday ekim alanlarının Türkiye'nin buğday ekim alanlarının %1-2'lik kısmını oluşturduğu rapor edilmiştir. Günümüzde ise Siyez buğday tarımı ülkemizde yoğunlukla Kastamonu ili olmak üzere, Bolu, Sinop, Balıkesir, Bilecik ve Çankırı illerinde yapılmaktadır. Bu çalışma, Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümünde 136 adet siyez (*T. monococcum* ssp. *monococcum*) genotipi arasındaki morfolojik ve tarımsal farklılıkların saptanması amacıyla yürütülmüştür. Araştırmada sonucunda; genotipler arasında bitki boyu, başak uzunluğu, başak ağırlığı, başakta başakçık sayısı, başakta dane sayısı, bindane ağırlığı, tohum uzunluğu ve tohum ağırlığı gibi morfolojik ve tarımsal özellikler bakımından varyasyonun olduğu, bu varyasyonun ülkesel siyez buğday ıslah programlarında amaca göre kullanılabilmesi sonucuna varılmıştır.

Anahtar kelimeler: Buğday, morfoloji, tohum, siyez

Patates (*Solanum tuberosum* L.) Genotiplerinin Tuz Stresine Tepkilerinin Sera ve Laboratuvar Koşullarda Karşılaştırılması

Cehibe TARIM, Mehmet Emin ÇALIŞKAN

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü, Niğde/Türkiye

cehibe@hotmail.com

Özet

Patates, Dünya’da en fazla üretimi yapılan bitkilerden biridir. Patates tek yıllık bir bitki olup endüstri bitkileri arasında yer almaktadır. Ülkemizin büyük bir kısmında yetiştiriciliği yapılmaktadır. Patates tuz stresine hassas bir bitki olup tuz stresine bağlı olarak bitki gelişimi ve yumru verimi önemli ölçüde azalmaktadır. Aşırı sulamaya bağlı olarak birçok patates üretim alanında tuzluluk sorunu ortaya çıkmıştır. Abiyotik stres, kuraklık, yüksek sıcaklık, tuzluluk vb. çevresel faktörlerden kaynaklanan bir stres türüdür. Tuzluluk stresi, NaCl ve diğer çözülebilir tuz miktarının artışına paralel olarak bitkilerin büyüme ve gelişimlerinde olumsuz etkilere sebep olmaktadır. Tuz stresi bitkilerde fizyolojik, metabolik, ürünlerde kalite ve nicelik yönünden olumsuz etkilerken aynı zamanda da hücre ve doku ölümlerine neden olmaktadır. Bu çalışmada 25 farklı patates genotipinin sera ve laboratuvar koşullarında tuz stresine tepkisi incelenerek, stres uygulanan genotiplerde meydana gelen morfolojik, fizyolojik ve agronomik değişiklikler gözlemlenmiştir. Bu çalışma sera ve laboratuvar koşullarında iki ayrı deneme olarak yürütülmüştür. Her iki denemede de Uluslararası Patates Merkezi’nden temin edilen ve tuzluluğa tolerans düzeyleri farklı 11 genotip, patates ıslah programından gelen 9 ıslah hattı, ülkemizde yaygın olarak kullanılan 5 standart çeşit olarak toplam 25 genotip kullanılmıştır. Doku kültüründe genotipler 5-6 boğuma gelene kadar besi ortamında büyütülmüştür. Elde edilen bitkicikler sera ortamındaki torf-perlit karışımı içeren saksılara aktarılmıştır. Bir aylık gelişimini tamamlamış bitkilere 120mM NaCl uygulanmaya başlanmıştır. NaCl stres uygulaması bitkilerin hasada gelmesiyle son bulmuştur. Laboratuvar çalışmasında ise doku kültüründe yetiştirilen bitkicikler NaCl içeren besi ortamına tek boğum olacak şekilde transfer edilip, akabinde 7 haftalık gelişim süreci izlenmiştir. Bu çalışmanın sonucunda hem doku kültüründe hem de sera koşullarında tuzluluğa dayanıklı genotipler belirlenmiştir.

Anahtar kelimeler: Patates, tuzluluk, abiyotik stres, sera, doku kültürü

Kapari (*Capparis spinosa*) türündeki ribozomal 45S genlerinin biyoinformatik analizi

Ainura Adylbek KYZY, Ahmet L. TEK

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliđi Bölümü,
Niğde/Türkiye

lightainur@gmail.com, altek2@gmail.com

Özet

Yeryüzünde yaşayan tüm organizmaların genomlarında ribozomal DNA (rDNA) ardışık olarak tekrarlanmakta ve yüksek derecede korunmuşluk göstermektedir. Sitogenetik anlamda çekirdekçik olarak tanımlanan rDNA ve protein kompleksi ayırtedici bir yapıya sahiptir. Moleküler anlamda 45S rDNA genom içerisinde 18S-5.8S-26S genlerine kodlamaktadır. Bitki genom çalışmalarında tür içi ve türler arası tanımlanmalarında rutin olarak kullanılmaktadır. Buradaki çalışmamızda, 250’den fazla türe sahip Capparidaceae familyasında tarımsal üretim potansiyeli en fazla olan kapari (*Capparis spinosa*) kullanılmıştır. Kapari’de 45S rDNA lokusunun daha iyi anlaşılması amacıyla bir araya getirdiğimiz DNA dizi verileri, nükleotit dizi benzerlik ve farklılıklarının gösterildiđi biyoinformatik analiz yöntemleriyle karşılaştırılacaktır. Ayrıca, 45S rDNA klonlama çalışmalarımızda kullanacağımız ön araştırma sonuçları paylaşılacaktır.

Anahtar kelimeler: *Capparis spinosa*, ribozomal genler, 45S, 5S, IGS

Glycine soya türlerinde sentromerik histone H3 (CenH3) geninin biyoinformatik analizi

Hümevra YILDIZ, Bilge Şevval YILDIRIM, Ahmet L. TEK

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliđi Bölümü

altek2@gmail.com

Özet

Tüm ökaryotlarda yapısal ve işlevsel korunmuş olarak bulunan sentromer, kromozomun doğru bir şekilde dağılımında önemlidir. Ökaryot sentromerlerinde sentromere özgü histon H3 (CENH3) proteini işlevsel özelliđi sağlamada bir işaret olarak kabul edilmektedir. Birçok farklı organizma da ayrıntılı olarak tanımlanan CenH3 geninin türe özgünlüğü, yüksek derecede deđişken özellikleri ön plana çıkmıştır. CenH3 geninin sentromerler üzerindeki önemi düşünöldüğünde, tüm Glycine türlerini temsil edecek şekilde kültür ve yabancı formları üzerinde CenH3 geninin moleküler yapısının incelenmesi ihtiyacı vardır. Bu çalışmada bu hedefe ulaşmak amacıyla yaptığımız ön bilgiler ve çalışma stratejisi paylaşılacaktır.

Anahtar kelimeler: CenH3, biyoinformatik

Bitki Virüslerine Karşı Genetik Dayanıklılığın Geliştirilmesinde Kullanılan Stratejiler

Kübra YILDIZ, Nurefşan CIRIK

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliği Bölümü, Niğde/Türkiye

kbr_yldz_97@hotmail.com, nurefsancirik@hotmail.com

Özet

Bitkilerde meydana gelen patojenik hastalıkların büyük bir kısmında virüsler yer almaktadır. Bu hastalıklar ürün kalitesinde ve verimde düşüğe neden olmakta; dolayısıyla ciddi ekonomik kayıplara yol açmaktadır. Bitkilerde virüslere karşı enfeksiyon öncesi ve sonrası olmak üzere üretilen biyokimyasal ve fizyolojik olarak meydana gelen yapısal mücadele mekanizmaları bulunmaktadır. Fakat bu mekanizmaların yetersiz olması genetik çalışmaları da beraberinde getirmiştir. Son zamanlarda bu çalışmalar arasında en çok dikkat çeken CRISPR/Cas9 sistemi, çığır açan bir genom-mühendislik platformu olarak ortaya çıkmıştır. Genomik mühendislik, tek-baz seviyesinde ökaryotik genomları hassas bir şekilde değiştirmek için kullanılmıştır. CRISPR/Cas9 sistemi, çeşitli özellikleri geliştirmek, bitkiye biyotik ve abiyotik stres toleransı kazandırmak ve verim artışı sağlamak için kullanılmıştır. Bu sistem, tekli ve çoklu virüs kökenli enfeksiyonları etkin bir şekilde hedefleyebilmekte ve bitki bağışıklığını sağlayabilmektedir. Ayrıca, CRISPR/Cas9 sistemi, çoklu genomik hedefleri eşzamanlı olarak düzenlemek için kullanılabilir. Son çalışmalar, bitkilerde genom mühendisliği için DNA ve RNA virüsleri geliştirmiştir. Virüslerin dağıtım vektörleri olarak kullanılmasına ek olarak, genom mühendisliği reaktifleri istila edici DNA virüslerini bozunmaya yönelik olarak hedeflemekte ve virüs enfeksiyonlarına karşı bitki moleküler bağışıklığını tesis etmek için kullanılabilir. Genel olarak bu stratejiler, GDO yönetmeliklerine alternatif olacak bir çeşit geliştirme sistemi tasarlamak için kullanılabilir. Bununla birlikte, genomik mühendisliğin gerçekleştirdiği çalışmalardan kesin bir sonuç alınıp alınmayacağı hala tartışılmaktadır.

Anahtar kelimeler: Genomik mühendislik, virüs, CRISPR/Cas9 sistemi

***Cephalaria syriaca*'da Mayoz Karakterizasyonu**

Ainiwaer ZINAITIGULI, Ahmet L. TEK

Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi, Ayhan Şahenk Tarım Bilimleri ve Teknolojileri Fakültesi, Tarımsal Genetik Mühendisliđi Bölümü, Niğde/Türkiye

zinnetay0521@gmail.com

Özet

Mayoz, tüm eşeyli olarak üreyen organizmaların yaşam döngülerinde merkezi bir rol oynayan, ökaryotlarda oldukça korunmuş bir süreçtir. Bu çalışmada, kromozom evrelerinin hazırlanması için bitki materyali olarak düşük kromozom sayısı ($2n = 10$) ve nispeten büyük boyutlu kromozomları nedeniyle *Cephalaria syriaca* kullanılmıştır. *Cephalaria syriaca*, Güney Avrupa, Batı ve Orta Asya, Kuzey ve Güney Afrika'ya özgü, Caprifoliaceae ailesindeki yaklaşık 65 türden birisidir. Bu çalışmadaki amacımız, *Cephalaria syriaca*'daki mayoz bölünmenin, rutin tarama prosedürlere uygun basit ışık mikroskopik teknikleri kullanarak kesin bir tanımını sağlamaktır. Burada, *Cephalaria syriaca*'daki yüksek safhasal dinamizme sahip mayoz bölünme sürecindeki metodolojik bulgularımız, tanımlayıcı bölünme aşamaları ile paylaşılacaktır.

Anahtar kelimeler: *Cephalaria syriaca*, mayoz, kromozom, ışık mikroskobu, sitogenetik

BİYOİNFORMATİK EĞİTİMİ

BIYOİNFORMATİK EĞİTİMİ

MEHMET CENGİZ BALOĞLU, NECDET MEHMET ÜNEL

Genetik ve Biyomühendislik Bölümü, Mühendislik ve Mimarlık Fakültesi, Kastamonu Üniversitesi, Kastamonu, Türkiye

Özet

Biyoinformatik; biyo-moleküllerle ilgili ham verilerin düzenlenmesi, analiz edilmesi ve saklanması sürecinde matematik, istatistik ve bilgi teknolojilerinden faydalanan disiplinler arası bir bilim dalı olarak tanımlanabilir. Birçok farklı uygulama alanına sahip olan biyoinformatik, özellikle büyük hacimli biyolojik verilerin depolanması, analiz edilmesi ve geri çağırılması konusunda büyük kolaylık sağlayarak dirsek temasında bulunduğu tüm bilimlere büyük katkı sağlamaktadır. Değişen iklim ve artan küresel nüfus, insanlığın yeterli yiyecek üretme kabiliyeti üzerindeki baskıyı artıracaktır. Yeni bitkilerin geliştirilerek yetiştirilmesi ve mevcut bitkilerin yeni çevreye adaptasyonu, devam eden gıda üretimini sağlamak için elzem hale gelmiştir. Biyoinformatik yöntemleri kullanan bütüncü bir yaklaşım, bitki verimliliğini artırmak için gerekli moleküler sistemleri aydınlatmak açısından etkili bir stratejidir. Biyoinformatik yöntemlerin desteği ile gerçekleştirilen çalışmalar, bitkiler hakkında daha önce sahip olmadığımız bilgileri bize sunmuşlardır. Bu eğitim kapsamında; bitki genomlarında gen ailelerinin tanımlanması, bu genlerin ve ürünlerinin karakteristik özelliklerinin belirlenmesi, gen ailesinin sahip olduğu korunmuş dizi motiflerinin aydınlatılması, genler arasındaki evrimsel ilişkilerin filogenetik ağaçlar kullanılarak incelenmesi, ilgili gen ailesini hedefleyen miRNA' ların *in silico* olarak saptanması, ilgili proteinlerin gen ontoloji analizleri ile fonksiyonlarının ve hücresel yerleşimlerinin belirlenmesi, gen ürünü proteinlerin üç boyutlu yapılarının tahminlenmesi gibi biyoinformatik analizler salatalık bitkisine (*Cucumis sativus* L.) ait genom verisi ve Hsp70 (Isı Şoku Protein) gen ailesi model alınarak açıklanmıştır.

Anahtar Kelimeler: Gen Ailelerinin Belirlenmesi ve Moleküler Karakterizasyonu.