

Hekzaploid Tritikalede Karyotip Analizi

Metin TOSUN

Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi, Tarla Bitkileri Bölümü, Erzurum-TÜRKİYE

Geliş Tarihi: 05.02.1998

Özet: Bu araştırmada CIMMYT kaynaklı hekzaploid ($2n=42$) tritikalenin Nutria 7272 hattında karyotip ve idiogram analizleri yoluyla kromozomların morfolojik yapıları belirlenmeye çalışılmıştır. Yapılan incelemeler sonucunda kromozomlar, satellitin bulunup bulunmaması durumuna ve kol oranına göre satellitli, median, submedian ve subterminal olmak üzere dört grupta incelenmiştir. Denemede kullanılan Nutria 7272 hattında 42 kromozomdan 4 tanesinin satellitli, 14 tanesinin median, 18 tanesinin submedian ve 6 tanesinin de subterminal olduğu saptanmıştır. Kromozom uzunluğu 4.844μ (M_7) - 8.066μ (SM_1), kol oranı ise 1.091 (M_7) - 2.125 (SM_1) arasında değişmiştir. Satellit uzunluğu SAT_1 ve SAT_2 kromozomlarında sırasıyla 0.878 ve 0.823μ olmuştur.

Karyotype Analysis in Hexaploid Triticale

Abstract: In this study, morphology of chromosomes was determined via karyotype and idiogram analysis in Nutria 7272 line of hexaploid ($2n=42$) triticale obtained from CIMMYT. On the bases of the presence or absence of satellites and the arm ratio, the chromosome complement was divided into four groups; satellited, median, submedian and subterminal chromosomes. Of the 42 chromosomes present in Nutria 7272 karyotype, 4 were satellited, 14 median, 18 submedian and 6 subterminal. The chromosome length and the arm ratio were 4.844μ (M_7) - 8.066μ (SM_1) and 1.091 (M_7) - 2.125 (SM_1), respectively. The satellite length of SAT_1 and SAT_2 chromosomes were 0.878 and 0.823μ , respectively.

Giriş

Son 50 yıldan beri fazla sayıda amphiploid bitki sentezlenmiş olmakla birlikte, tritikale (*X Triticosecale* Wittmack) genellikle bu yolla geliştirilmiş başarılı yapay ürünlerin tek örneği olarak dikkate alınmaktadır (1). Son 20 yıldır tritikale ıslahı konusunda çok önemli ilerlemeler kaydedilmiştir. Tritikalenin tetraploid ($2n=28$), hekzaploid ($2n=42$) ve oktoploid ($2n=56$) formları bulunmaktadır. Bunlar arasında başlangıçta oktoploidler önemli iken, 1950'li yılların başından beri ilgi hekzaploid seviyeye doğru kaymıştır. Tritikalenin ıslahı yoğun sitogenetik araştırmaları da beraberinde getirmiştir (2).

Tritikalenin elde edilmesindeki amaç buğdayın verim ve kalitesi ile çavdarın gümrahlık ve ekstrem koşullarda yetişebilme özelliklerinin birleştirilmesidir. Tritikale kurak ve kışları çok sert geçen bölgelerde, yüksek yaylalık yerlerde, taşlı ve meyilli arazilerde buğday ve arpada daha verimlidir (3,4,5). Yine, asitli ve serbest alüminyumlu topraklara buğdaydan daha iyi uyum gösterebilmektedir (6,7,8). Bu nedenle, böyle alanlarda tritikalenin yetiştirilmesi önerilmektedir. Tritikalenin dünyada toplam ekim alanı yaklaşık 1.694 bin hektardır

(9). Ülkemizde ise ticari anlamda ekimi henüz yapılmamaktadır.

Buğday ve çavdarın melezlenmesiyle elde edilen ilk melez primer tritikale olarak adlandırılmakta olup, genellikle bu şekilde doğrudan kullanılmayıp değişik ıslah yöntemleri uygulanarak iyileştirilmeye çalışılmaktadır. Bu işlemler sonunda geliştirilen tritikaleler ise sekonder tritikale olarak adlandırılmaktadır (10,11). Hekzaploid tritikalelerin ıslahında en önemli kaynak hekzaploid buğday olup, şu amaçlar için kullanılmaktadır; 1) tetraploid buğdayın sitoplazması ile hekzaploid buğdayın sitoplazmasını yer değiştirmek, 2) tetraploid ve hekzaploid buğdayın aynı kaynaktan gelen A ve B genomlarına ait kromozomlar arasında rekombinasyon sağlamak ve 3) hekzaploid tritikalenin çavdar veya buğday genomlarında bulunan kromozom ya da kromozom kollarından bir veya birkaçını çıkararak yerine hekzaploid buğdayın D genomu kromozom ya da kromozom kollarını yerleştirmektir (2).

Hekzaploid ($2n=42$) ve aneuploid ($2n=41$) tritikalelerde yapılan karyotip analizlerinde kromozomlar kol oranları ve satellitler gibi morfolojik özellikleri dikkate

alınarak satellitli, median, submedian ve subterminal olmak üzere 4 gruba ayrılarak incelenmiştir (12,13). Bu gruplarda yer alan kromozomların sayısı uygulanan ıslah yöntemlerine bağlı olarak genotiplere göre değişebilmektedir. Örneğin, hekzaploid tritikalede çavdar genomuna ait herhangi bir R kromozomu veya tetraploid buğdayın A genomu kromozomlarından herhangi biri ile ekmeclik buğdayın D genomuna ait herhangi bir kromozomun yer değiştirmesine (substitusyon) bağlı olarak karyotipte farklılıklar ortaya çıkabilmektedir (14,15,16). Böyle değişiklikler fenotipik görünüşe de yansımaktadır.

Monozomik ve trizomik gibi eksik ya da fazla kromozom sayısına sahip bitkilerde hangi kromozomun eksik veya fazla olduğu bilindiğinde, bunun sonucunda ortaya çıkan fenotipik değişikliklere bakarak, sözkonusu kromozomlar üzerinde bulunan genlerin hangi fenotipik özellikleri idare ettiği kısmen de olsa belirlenebilir. Bu yönde elde edilecek bulgular özellikle ıslahçılara ve genetikçilere oldukça yararlı bilgiler sunmaktadır. Bu durum, farklı iki cinsin melezlenmesiyle elde edilen tritikalenin ıslahında da önem arz etmektedir. Ancak, bunun için kromozomların karyotip analizi yoluyla morfolojik olarak tanımlanmaları gerekmektedir. Bu araştırmanın amacı, hekzaploid tritikalenin Nutria 7272 hattında karyotip ve idiogram analizi yapmak ve böylece her bir kromozomun morfolojik yapısını ve büyüklüğünü belirlemektir.

Materyal ve Yöntem

Denemede, Erzurum ekolojik koşulları için tavsiye edilen (17) ve sitolojik stabilitesi iyi olan (18) Nutria 7272 tritikale hattı kullanılmıştır. Bu hat CIMMYT kaynaklı olup, hekzaploid ($2n=42$)'dir.

Kök ucu örnekleri ve preparatların hazırlanmasında Shigenega ve Larter (12) ve Sağsöz (19) tarafından uygulanan yöntem kullanılmıştır. Bu amaçla 50 tohum petri kutusuna konularak çimlendirilmiş ve kök uzunlukları 1-1.5 cm'ye ulaştıklarında pensle kopararak, içerisinde α -monobromonaftalinin su ile doyurulmuş solusyonu bulunan tüplere konularak buzdolabında ($2-4^{\circ}\text{C}$ 'de) 22 saat süreyle ön işleme tabi tutulmuştur. Bu işlemin ardından kök ucu örnekleri Carnoy solusyonunda (6:3:1 oranında alkol, glisial asetik asit ve kloroform karışımı) oda sıcaklığında 2 saat süreyle fikse edilmiş ve 1 N HCl'de 60°C 'de 20 dakika bekletilerek hidroliz edilmiştir. Daha sonra Feulgen ile boyanmıştır.

Boyanmış kök ucu örneklerinden preparatlar hazırlanarak mikroskopta incelenmiştir. Bunlar içerisinde kromozomların morfolojik yapıları net olarak görülebilen ve kromozomları aynı düzlemde bulunan 15 hücrenin (15 fide ve her fideden birer hücre) resimleri mikroskobun 100 büyütme objektifi kullanılarak çekilmiştir. Aşırı derecede büzülmüş kromozomlarda satellit gibi yapıları tam olarak belirlemek zor olduğundan, farklı büyüklüklerde ve çok büzülmemiş kromozomlara sahip hücreler seçilmiştir. Bu hücrelerin resimleri çekilmiş ve negatif filmler 18×24 cm boyutlarında fotoğraf kartına basılmıştır. Aynı şekilde, gerçek büyütmenin ne kadar olduğunu saptamak için objekt mikrometrenin de fotoğrafı çekilmiş ve bu negatif film yine 18×24 cm'lik fotoğraf kartına agridizör hiç değiştirilmeden tabedilmiş ve böylece 1 μ 'un ne kadar büyütüldüğü hesaplanmıştır. Bu çalışmada, kromozomlar gerçek büyüklüklerinin 2800 katı büyütülmüştür. Büyük boy (18×24 cm) fotoğraf kartına basılan kromozomların boyları 0.05 mm hassasiyetli kompasla ölçülmüş ve elde edilen değerler mikrona (μ) çevrilmiştir. Kromozomların morfolojik yapıları olarak aşağıda belirtilen özellikler Shigenega ve Larter (12), Sağsöz (19) ve Elçi (20) tarafından uygulanan esaslara göre incelenmiştir.

Kromozom Uzunluğu: Kromozomun mikron (μ) cinsinden toplam uzunluğu olup, sentromerler gibi boyanmayan ve satellitler ile kollar arasındaki uzunluk hesaba katılmamıştır.

Kol Oranı: Kromozomun uzun kol boyu kısa kol boyuna bölünerek hesaplanmıştır (10,11).

Satellit Uzunluğu: Satellitli kromozomlarda satellitin uzunluğu ölçülerek belirlenmiştir.

Onbeş hücrede her bir kromozom için ayrı ayrı hesaplanan kromozom uzunlukları, kol oranları ve satellit uzunluklarının ortalaması alınarak homolog kromozomlar belirlenmiş ve yan yana getirilmiştir. Böylece bir kromozomun kromozom uzunluğu hesaplanırken, 30 kromozomun (15 hücre x 2 homolog kromozom = 30 kromozom) ortalaması alınmıştır. Bu değerlerden yararlanılarak, kromozomların idiogramları da çizilmiştir. Karyotipte kromozomlar homologları ile birlikte yan yana getirilerek sıralanmış, idiogramda ise homolog kromozomlardan bir tanesi gösterilmiştir. Satellitin bulunup bulunmamasına ve kol oranına (sentromerin yerine) göre kromozomlar 4 gruba ayrılmıştır (12).

1. Satellitli kromozomlar (SAT).

2. Median kromozomlar (M). Kol oranı 1.000-1.250 arasında olan kromozomlar.

3. Submedian kromozomlar (SM). Kol oranı 1.251-1.750 arasında olan kromozomlar.

4. Subterminal kromozomlar(ST). Kol oranı 1.750'den büyük olan kromozomlar.

Her bir grup içerisinde yer alan kromozomlar uzunluklarına göre büyükten küçüğe doğru sıralanmıştır.

Araştırma Sonuçları

Kromozomların uzunlukları, kol oranları ve satellitli kromozomlarda satellit uzunlukları ile ilgili değerler Tablo 1'de sunulmuştur.

1. Satellitli Kromozomlar (SAT)

Denemede kullanılan hekzaploid tritikale hattında 42 kromozomdan 4 tanesi (2 homolog kromozom çifti) bu

grupta yer almıştır (SAT₁ ve SAT₂). Bunlardan SAT₁ kromozomu 6.306 μ (4.967-7.693 μ) uzunlukta olup, 1.440 (1.089-1.759) kol oranına ve 0.878 μ (0.582-1.146 μ) uzunlukta satellit sahiptir. Aynı özellikler SAT₂ kromozomu için sırasıyla 5.615 μ (4.060-7.125 μ), 1.471 (1.169-1.915) ve 0.823 μ (0.561-1.321 μ) olmuştur. SAT₁ ve SAT₂ kromozomları sentromerin yeri bakımından submedian durumdadırlar (Tablo 1; Şekil 1 ve 2).

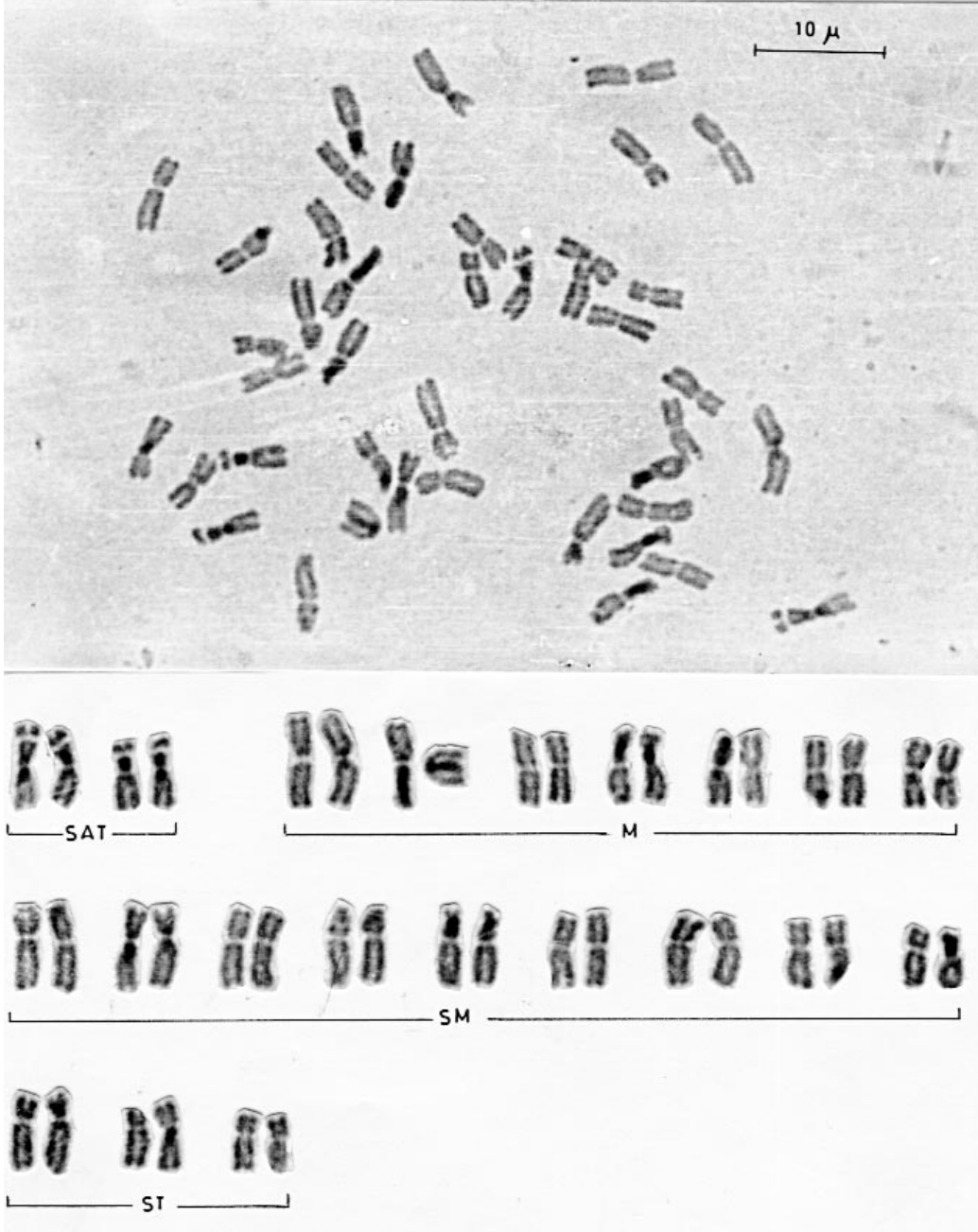
2. Median Kromozomlar (M)

İncelenen kromozomlardan 14 tanesi (7 homolog kromozom çifti) kol oranına göre median durumda olup, ortalama kromozom uzunluğu 7.791 μ (M₁) ile 4.844 μ (M₇) arasında değişmiştir. Diğer taraftan, median kromozomların en kısası olan M₇ aynı zamanda tüm genomun da en küçük kromozomudur. Minimum ve maksimum değerler incelendiğinde yine en kısa (M₇, 3.628 μ) ve en uzun (M₁, 10.489 μ) kromozomların bu grupta yer aldığı görülmektedir. Median kromozomlarda

Tablo 1. Hekzaploid Tritikalenin Nutria 7272 Hattında Kromozom Uzunlukları, Kol Oranları ve Satellit Uzunlukları.

Kromozomlar*	Kromozom Uzunluğu (μ)			Kol Oranı			Satellit Uzunluğu (μ)		
	Ortalama	Min.	Mak.	Ortalama	Min.	Mak.	Ortalama	Min.	Mak.
SAT ₁	6.306	4.967	7.693	1.440	1.089	1.759	0.878	0.582	1.146
SAT ₂	5.615	4.060	7.125	1.471	1.169	1.915	0.823	0.561	1.321
M ₁	7.791	6.542	10.489	1.127	1.105	1.226			
M ₂	7.070	5.564	8.850	1.138	1.085	1.249			
M ₃	6.602	5.260	8.296	1.105	1.000	1.221			
M ₄	6.292	5.178	7.184	1.114	1.052	1.246			
M ₅	5.927	4.950	7.389	1.113	1.004	1.199			
M ₆	5.528	4.385	6.560	1.242	1.000	1.247			
M ₇	4.844	3.628	6.196	1.091	1.056	1.194			
SM ₁	8.066	6.475	9.832	1.488	1.354	1.725			
SM ₂	7.495	6.314	8.971	1.491	1.368	1.747			
SM ₃	7.163	6.039	8.346	1.506	1.353	1.737			
SM ₄	6.791	5.710	7.964	1.469	1.280	1.673			
SM ₅	6.546	5.392	7.807	1.519	1.384	1.740			
SM ₅	6.205	5.153	7.518	1.382	1.300	1.620			
SM ₇	5.966	5.060	7.421	1.468	1.295	1.590			
SM ₈	5.536	4.564	7.039	1.510	1.407	1.693			
SM ₉	5.014	4.232	6.189	1.553	1.389	1.629			
ST ₁	7.436	5.542	10.068	2.125	1.966	2.340			
ST ₂	6.213	4.414	8.328	2.093	1.989	2.363			
ST ₃	5.235	3.954	6.714	1.993	1.766	2.177			

* SAT: Satellitli, M: Median, SM: Submedian, ST: Subterminal.



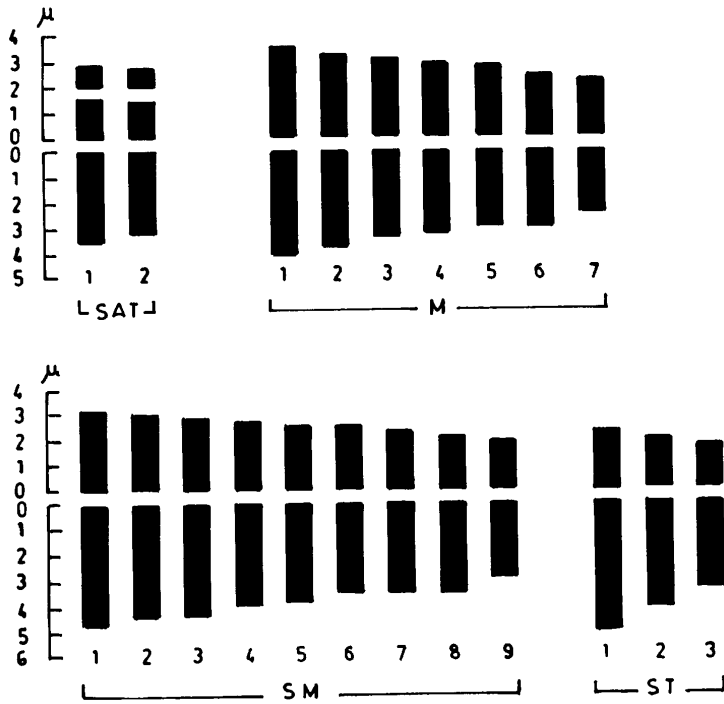
Şekil 1. Hekzaploid tritikalenin Nutria 7272 hattında mitotik metafaz kromozomları ve karyotip.

kol oranı 1.091 (M_7) ile 1.242 (M_6) arasında olup, bu grupta hesaplanan en küçük kol oranı 1.000, en yüksek kol oranı ise 1.249 olmuştur (Tablo 1; Şekil 1 ve 2).

3. Submedian Kromozomlar (SM)

Tablo 1'in incelenmesinden de anlaşılacağı gibi, kol oranları 1.382 (SM_6) - 1.553 (SM_9) arasında değişen 18

kromozom (9 çift homolog kromozom) submedian olarak sınıflandırılmıştır (Şekil 1 ve 2). Bu grubun en uzun kromozomunda (SM_1) kromozom uzunluğu 8.066 μ (6.475-9.832 μ) iken, en kısa kromozomunda (SM_9) kromozom boyu 5.014 μ (4.232-6.189 μ) olmuştur. Araştırmada kullanılan Nutria 7272 hattında tüm genomun en uzun kromozomu (SM_1) bu grupta



Şekil 2. Hekezaploid tritikalenin Nutria 7272 hattında idiogram.

belirlenmiş ancak, bu kromozom ile M_1 kromozomu arasındaki fark küçük olmuştur (Tablo 1).

4. Subterminal Kromozomlar (ST)

Ölçümü yapılan 42 kromozomdan 6 tanesi (3 homolog kromozom çifti) kol oranı yönünden subterminal grupta yer almıştır (Tablo 1; Şekil 1 ve 2). Subterminal kromozomlardan ST_1 , ST_2 ve ST_3 'ün uzunlukları sırasıyla 7.436 μ (5.542-10.068 μ), 6.213 μ (4.414-8.328 μ) ve 5.235 μ (3.954-6.714 μ), kol oranları ise yine aynı sıra ile 2.215 (1.966-2.340), 2.093 (1.989-2.363) ve 1.993 (1.766-2.177) olmuştur.

Tartışma

Buğday ve çavdar kromozomlarının bir araya getirilmesiyle sentezlenen amphiploid tritikaide kromozomların morfolojik yapıları ebeveynlerinden farklılık gösterebilmektedir. Bu durumun en azından çavdar kromozomlarında meydana geldiği bilinmektedir. Çavdar kromozomları buğdayın genetik zeminine aktarıldığında kromozom uzunluklarında azalmalar olabilmektedir. Bu nedenle tritikalenin karyotipi iki ebeveyn karyotipinin benzeri olarak düşünülmez. Dolayısıyla, kromozomların morfolojilerine bakarak tritikaide genomunda yer alan çavdar ve buğday

kromozomları kolayca ayırt edilemez (12,21,22,23). Merker (24) tritikaideki SM_2 kromozomunun çavdarın nucleolar kromozomu olduğunu, tritikaide genomuna dahil edilmesinden dolayı, submedian kromozomu meydana getirmek için satellitin kısa kol ile kaynaştığını ileri sürmüştür. Kromozom kolu ile satellitin kaynaşması veya bu kol üzerinde sekonder yapıların oluşumu hem hekezaploid ve oktoploid ($2n=56$) tritikalelerde (25), hem de buğday-çavdar adisyon (buğdaya çavdar kromozomu ilave edilmiş hatlar) hatlarında (23,26) kaydedilmiştir. Bu veriler göstermektedir ki, buğday sitoplazmasında buğday ve çavdar kromozomlarının birlikte bulunmaları kromozomların morfolojik yapılarında değişikliklere, özellikle çavdar nucleolar kromozomunda satellitin kısa kol ile birleşmesine neden olmaktadır. Nitekim, Heneen (27) kendilemeye bağlı olarak, çavdar kromozomlarının morfolojisinin tritikaide olduğu gibi değişikliğe uğradığını bildirmiştir. Bunların aksine Shigenega ve Larter (12), çavdar kromozomlarının morfolojilerinde bazı modifikasyonlar meydana gelmekle birlikte, bir grup olarak, buğdayın A ve B genomu kromozomlarından belirgin bir şekilde ayırdedilebileceğini ifade etmişlerdir.

Shigenega ve Larter (12) ve Shigenega ve ark. (13) hekezaploid tritikalenin Rosner çeşidinde idiogramı oluşturan 21 kromozomdan 5 tanesinin satellitli

olduğunu saptamışlar ve bunlardan üçünün çavdar genomuna ait olduğunu bildirmişlerdir. Buna karşın, diploid çavdarda (*Secale cereale* L.) yapılan bazı karyotip analizlerinde satellitli kromozomun 1 çift olduğu (1R kromozomu) kaydedilmiştir (20,28). Aynı şekilde Merker (24), hekzaploid tritikalede çavdar kromozomlarını gruplandırmaya dahil etmemiş, buğday genomunda ise 2 çift satellitli kromozom bulunduğunu saptamıştır. Bu araştırmada da satellitli kromozomun 2 çift olduğu tespit edilmiştir. Bunların ikisinin de buğday genomuna ait olduğu tahmin edilmektedir. Çavdar genomuna ait bir çift satellitli kromozomun ya Merker (24) tarafından belirtildiği gibi satellit ile kromozomun kısa kolunun kaynaşması sonucunda morfolojik yapı olarak değiştiği veya bu kromozom (1R) ile hekzaploid buğdayın 1D kromozomu arasındaki substitusyona bağlı olarak genomdan çıkarılmış olabileceği düşünülmektedir. Nitekim, denemede kullandığımız hekzaploid tritikale hattının pedigrisi incelendiğinde sekonder tritikale olduğu görülmektedir. Diğer bir ifadeyle, buğday ve çavdarın melezlenmesinden sonra elde edilen ilk melez (primer tritikale) ıslah amacıyla ileriki aşamalarda hekzaploid buğday ile melezlemelere tabi tutulmuştur. Buna bağlı olarak, R ve D genomları arasında substitusyon (1R/1D) olabileceği, dolayısıyla çavdarın satellitli kromozomunun tritikale (Nutria 7272) genomundan çıkarılmış olabileceği düşünülmektedir. Substitusyonlar genellikle 1R/1D, 2R/2D, 4R/4D ve 7R/7D veya 6A/6D kromozomları arasında yapılmaktadır. Bunlardan en yaygın olanı 2R/2D substitusyonudur (2,29).

Denemede incelenen kromozomlardan kol oranına göre 7 çiftinin median, 9 çiftinin submedian, 3 çiftinin ise subterminal olduğu belirlenmiştir. Aynı şekilde, hekzaploid tritikalenin monozomik bitkileri kullanılarak yapılan çalışmalarda (12,13) 5 kromozomun median, 9 kromozomun submedian ve 2 kromozomun subterminal tipte olduğu tespit edilmiştir. Araştırmacılar, kromozom

uzunluğunun 5.55-9.53 μ , kol oranının ise 1.05-2.76 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Çalışmada elde ettiğimiz sonuç ile sözkonusu araştırmacıların (12) bulguları arasında küçük farklılıklar bulunmaktadır. Bu varyasyonun kullanılan genotiplerin ve incelenen hücrelerde kromozomların kısalma derecelerinin farklı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Nitekim, Gupta (30) hekzaploid buğdayda kromozom uzunluğu yönünden elde edilen değerlerin genotiplere göre değiştiğini bildirmiştir. Bu araştırmada, kromozom uzunluğu yönünden gerçek değeri elde edebilmek için morfolojik yapıları belirgin ancak, kısaltmaları (büzülmeleri) farklı derecede olan kromozomlar kullanılmıştır. Bu nedenle, özellikle kromozom uzunluğu yönünden minimum ve maksimum değerler arasında belirgin bir fark vardır (Tablo 1). Bu verilerden anlaşılacağı gibi incelemede kullanılan kromozomların kısalma durumları kromozom uzunluğunda önemli bir faktördür. Dolayısıyla, Shigenega ve Larter (12)'in bulguları ile çalışmada elde ettiğimiz sonuçlar arasındaki küçük farklılıkların, büyük oranda, incelenen hücrelerdeki kromozomların büzülme derecesinden kaynaklanmış olabileceği düşünülmektedir.

Sonuç olarak, hekzaploid tritikalenin Nutria 7272 hattında 2 çift kromozomun satellitli, 7 çift kromozomun median, 9 çift kromozomun submedian, 3 çift kromozomun ise subterminal olduğu saptanmıştır. Karyotip analizi konusunda yapılan çalışmalardan elde edilen sonuçlar genotiplere ve incelenen hücrelerdeki kromozomların kısalma derecelerine göre değişebilmektedir. Bu nedenle, yalnızca karyotip analizleri sonuçlarına bakarak, tritikale genomunda yer alan buğday ve çavdar kromozomlarını ayırt etmek oldukça zordur. Bu araştırmadan elde edilen bulguların tritikalenin ıslahı konusunda ileride yapılması düşünülen çalışmalarda yararlı olacağı düşünülmektedir.

Kaynaklar

1. Dewey, D.R., Some applications and misapplications of induced polyploidy to plant breeding, In: Polyploidy-Biological Relevance (ed. Lewis W.H.), New York, Plenum Press, pp. 445-470, 1980.
2. Gupta, P.K., Reddy, V.R.K., Cytogenetics of triticale-A man-made cereal, In: Chromosome Engineering in Plants: Genetics, Breedings, Evolution, Part A. (eds. Gupta P.K., Tsuchiya, T.), New York, Elsevier Press, pp. 335-359, 1991.
3. Gregory, R.S., Commercial production of triticale. Span. 18, 65-66, 1975.
4. Barrier, A.C., Dias, J.A., Nedel, J.L., Triticale research, Annual Wheat Newsletter, 26, 46-47, 1980.
5. Yağbasanlar, T., Çukurovanın Taban ve Kırac Koşullarında Farklı Ekim Tarihlerinde Yetiştirilen Değişik Kökenli Yedi Tritikale Çeşidinin Başlıca Tarımsal ve Kalite Özellikleri Üzerinde Araştırmalar, Doktora Tezi, Çukurova Üniv. Fen Bil. Enst., Adana, 1987.

6. Kolding, M.F., Metzger, R.J., Triticale in Oregon. Proc. of A Symp., 6 August 1979, in Fort Collins Colorado. Crop Sci.Soc. of America, Special Publ., Number 9, p71-82, 1985.
7. Demir, İ., Korkut, K.Z., Altınbaş, M., Akdemir, H., Dutlu, C., Yazlık tritikale ıslahı çalışmaları, Bitki Islahı Simpozyumu, 15-17 Ekim 1986. İzmir, s 131-139, 1986.
8. Muntzing, A., Triticale Today, National Academic Press, Washington D.C., p 14-29, 1989.
9. Varughese, G., Saari, E., Abdalla, D.S., Two decades of triticale breeding and research at CIMMYT, Proc. Intern. Triticale. Symp., Sydney 1986. Occasional publ. No.14, Australian Inst. of Agric. Sci., Sydney, Australia, p148-169, 1986.
10. Scoles G.J., Kaltsikes, P.J., The cytology and cytogenetics of triticale, Z. Pflanzencüchtg. 73, 13-43, 1974.
11. Dodge, B.S., Breeding triticale, In: Triticale- A promising Addition to the world's Cereal Grains, Washington D.C., National Academy Press, pp. 35-41, 1989.
12. Shigenega, S., Larter, E.N., Karyotype analysis of hexaploid triticale, Can. J. Genet. Cytol. 13, 585-591, 1971.
13. Shigenega, S., Larter, E.N., McGinnis, R.C., Identification of chromosomes contributing to aneuploidy in hexaploid triticale, cultivar Rosner, Can. J. Genet. Cytol. 13, 592-596, 1971.
14. Skovmand, B., Fox, P.N., Villarreal, R.I., Triticale in commercial agriculture: Progress and promise, Adv. Agric. 37, 1-45, 1984.
15. Abdalla O.S., Varughese, G., Saari, E.E., Braun, H., Spring triticale: Names, parentage, pedigrees, origins, CIMMYT Report, 1986, pp.1-42, 1986.
16. Lukaszewski, A.J., J.P. Gustafson, Cytogenetics of triticale. Plant Breeding Rev. 3, 41-93, 1987.
17. Akgün, İ., Tosun, M., Sağsöz, S., Erzurum ekolojik koşullarında bazı tritikale hat ve çeşitlerinin verim ve verim unsurlarının belirlenmesi üzerine bir araştırma, Atatürk Üniv. Zir. Fak. Der. 28, 103-119, 1997.
18. Tosun, M., Hekzaploid Tritikale Çeşit/Hatlarında Tane Verimini Etkileyen Bazı Sitolojik ve Morfolojik Özelliklerin Belirlenmesi, Doktora Tezi, Atatürk Üniv. Fen Bil. Ens., Erzurum, 1995.
19. Sağsöz, S., Diploid İngiliz çiminden (*Lolium perenne* L.) tetraploid İngiliz çiminin elde edilmesi imkanları, bu bitkilerde mitoz ve meioz kromozomlar ile bazı morfolojik özelliklerin belirlenmesi, Atatürk Üniv. Yay. No 325, Zir. Fak. Yay. No 159, Araş. Serisi No 95, Erzurum, 1974.
20. Elçi, Ş., Diploid çavdar (*Secale cereale* L.) ile tetraploid çavdarda karyotiplerin analizi ve mukayesesi, Başnur Matbaası, Ankara, s. 20, 1965.
21. Evans, L.E., Jenkins, B.C., Individual *Secale cereale* chromosomes additions to *Triticum aestivum*. I. The addition of individual 'Dakold' fall rye chromosomes to 'Kharkov' winter wheat and their subsequent identification, Can. J. Genet. Cytol. 2, 205-215, 1960.
22. Pieritz, W.J., Elimination von chromosomen in amphidiploiden Weizen-Roggen-Basterden (Triticale), Z. Pflanzencüchtg. 64, 90-109, 1970.
23. Gupta, P.K., Variability in the morphology of rye (*Secale cereale* L.) chromosomes when placed in wheat (*Triticum aestivum*) background, Phytion (Austria) 14, 9-13, 1970.
24. Merker, A., Identification of aneuploids in a line of hexaploid triticale, Hereditas 8, 1-6, 1973.
25. Tarkowski, C., Stefanowska, G., Chromosome morphology in the genome of rye *Secale cereale* L. and in triticale 6x and 8x, Genet. Polon. 13, 83-89, 1972.
26. Bhattacharyya, N.K., Evans, L.E., Jenkins, B.C., Karyotype analysis of the individual 'Dakhold' fall rye chromosome addition to 'Kharkov' winter wheat, Nucleus 4, 25-38, 1961.
27. Heneen, W.K., Chromosome morphology in inbred rye, Hereditas 48, 182-200, 1962.
28. Giraldez, R., Cermeno, M.C., Orellana J., Comparison of C-banding pattern in the chromosomes of inbred lines and open pollinated varieties of rye, Z. Pflanzencüchtg. 83, 40-48, 1979.
29. Lukaszewski, A.J., Chromosome constitution of hexaploid triticale lines in the recent international yield trials, Plant Breed. 100, 268-272, 1984.
30. Gupta, P.K., Cytogenetics of wheat and its close wild relatives-*Triticum* and *Aegilops*. In: Chromosome Engineering in Plants: Genetics, Breedings, Evolution, Part A. (eds. Gupta P.K., Tsuchiya, T.). New York, Elsevier Press, pp. 335-359, 1991.