

T.C.
SİİRT ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

SİİRT YÖRESİ TRABZON HURMALARININ (*Diospyrus kaki* L.) GENETİK
AKRABALIKLARININ TANIMLANMASI

YÜKSEK LİSANS TEZİ
CUMALİ GÜRELİ
173106002

Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

Tez Danışmanı: Prof. Dr. Koray ÖZRENK

Ortak Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Adnan DOĞAN

Eylül- 2019
SİİRT

TEZ KABUL VE ONAYI

Cumali GÜRELLİ tarafından hazırlanan "Siirt Yöresi Trabzon Hurmalarının (*Diospyros kaki* L.) Genetik Akralıklarının Tanımlanması" adlı tez çalışması 16/09/2019 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oybirliği/oyçokluğu ile Siirt Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı'nda YÜKSEK LİSANS TEZİ olarak kabul edilmiştir.

Jüri Üyeleri

Başkan
Prof. Dr. M. Fikret BALTA

Danışman
Prof. Dr. Koray ÖZRENK

Üye
Dr. Öğr. Üyesi Mine PAKYÜREK

İmza



Yukarıdaki sonucu onaylıyorum.



Doç. Dr. Fevzi HANSU
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

Bu tez çalışması Siirt Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Başkanlığı tarafından 2019-SİÜFEB-006 nolu proje ile desteklenmiştir.

TEZ BİLDİRİMİ

Tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu tezin yazılmasında bilimsel ahlak kurallarına uyulduğunu, başkalarının eserlerinden yararlanılması durumunda bilimsel normlara uygun olarak atıfta bulunulduğunu, tezin içerdiği yenilik ve sonuçların başka bir yerden alınmadığını, kullanılan verilerde herhangi bir tahrifat yapılmadığını, tezin herhangi bir kısmının bu üniversite veya başka bir üniversitedeki başka bir tez çalışması olarak sunulmadığını beyan ederim.



İmza
Cumali GÜRELİ

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.

ÖN SÖZ

Ülkemiz içerisinde birçok bitki çeşidinin yetişmesine olanak sağlayan bir ekolojiye sahiptir. Zengin bitki çeşitliliğine sahip olmasına karşın maalesef farklı bölgelerde tüketilen yabancı bitkilerin tanımlanması ve genotiplerinin belirlenmesine yönelik çalışmalar sınırlıdır. Yapılan bu çalışma ile Siirt illindeki trabzon hurması genotiplerinin moleküler karakterizasyonun tespit edilmesi ile elde edilen verilerin literatürdeki boşluğu doldurmaya yönelik bir adım olduğu düşünülmektedir

Yüksek lisansın her aşamasında bilgi ve tecrübesiyle bana yol gösteren danışman hocam Prof. Dr. Koray ÖZRENK 'e teşekkürlerimi sunarım.

Hayata başladığım ilk günden beri hep yanımda olan bu hayattaki en değerlilerim olan annem Ayşe GÜRELİ ve babam Garip GÜRELİ'ye sonsuz teşekkürlerimi sunuyorum.

Laboratuvar çalışmaları sırasında bana her türlü desteği sağlayan Doç. Dr. Mehmet Emre EREZ ve Doç. Dr. Behçet İNAL hocalarıma teşekkürlerimi sunarım.

Hem lisans hem de yüksek lisans eğitimim boyunca her daim yanımda olan Dr. Öğr. Üyesi, Muhammed Ali KARA, Dr. Öğr. Üyesi Mine PAKYÜREK, Doç. Dr. Arzu ÇIĞ ve Dr. Öğr. Üyesi Nazire MİKAIL hocalarıma teşekkürlerimi sunarım

Yüksek lisans tez yazımındaki öneri ve katkılarından dolayı değerli hocam Arş. Gör. Serdar ALTINTAŞ' a teşekkürlerimi sunarım

Tez çalışmam sırasında benden bilgi ve tecrübesini esirgemeyen arkadaşlarım Bahar ÖZDEMİR, Cezmi ÇAĞLAR, Mahmut SARIHAN, Soner ADIYAMAN, Edibe ÇELEBİ, Celil KORKMAZ, Şevin KARAKAŞ, Esra Nur UYAR, Meltem DİNAR, Ahmad NOUREDDİN, Şaban GÜRBÜZER ve Mehmet GÜRELİ' ye teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışmam boyunca gerek arazide örnek toplanmasında, gerek kaynak araştırmasında bana yardımcı olan abim İlyas GÜRELİ ve kardeşlerim Ayatullah GÜRELİ, Muhammed Yusuf GÜRELİ ve Asiye GÜRELİ' ye teşekkürlerimi sunarım.

Cumali GÜRELİ
SİİRT-2019

İÇİNDEKİLER

	<u>Sayfa</u>
ÖNSÖZ	IV
TABLolar LİSTESİ	VII
ŞEKİLLER LİSTESİ	VIII
KISALTMALAR VE SİMGELER LİSTESİ	IX
ÖZET	XI
ABSTRACT	XII
1. GİRİŞ	1
1.1. Trabzon Hurmasının Genel Özellikleri	1
1.2. Trabzon Hurmasının Bitkisel Özellikleri	2
1.3. Dünya ve Türkiye Geneli Trabzon Hurması Yetiştiriciliği.....	3
1.4. Moleküler sistematikte kullanılan yöntemlerden bazıları	5
1.4.1. RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism)	5
1.4.2. RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA)	5
1.4.3. AFLP (Amplified Fragment Length Polimorphism).....	5
1.4.4. CAPS (Cleaved amplified polymorphic sequence).....	6
1.4.5. SSR (Simple Sequence Repeats)	6
1.4.6. ISSR (Inter Simple Sequence Repeats)	6
1.4.7. SNP (Single Nucleotide Polymorphism).....	6
1.5. Moleküler sistematikte kullanılan DNA çeşitleri.....	6
1.5.1. Çekirdek DNA'sı	6
1.5.2. İç Transkribe Olan Boşluklar (Internal Transcribed Spacers).....	7
1.5.3. Kloroplast Genomu	8
1.5.4. Genler arası boşluk (trnL-trnF)	10
1.5.5. Mitokondrial genom	10
1.5.6. Filogenomik.....	11
2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI	13
3. MATERYAL VE METOD	19
3.1. Materyal	19
3.1.1. Genomik DNA İzolasyonunda Kullanılan Kimyasallar	19
3.2. Metod	22
3.2.1. Bitkilerden genomik DNA izolasyonu	22
3.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) Çalışmaları.....	23
3.2.3. Agaroz Jel Elektroforezi	24
3.2.4. Dizi Analizi	24
3.2.5. Filogenetik Analiz	25

4. BULGULAR VE TARTIŞMA.....	26
4.1. DNA ekstraksiyon çalışmaları	26
4.2. PZR Sonuçları	26
4.3. Dizileme analizi	26
4.4. ITS Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi	27
4.5. <i>TrnL-F</i> Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi	30
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	33
5.1. Sonuçlar.....	33
5.2. Öneriler	33
6. KAYNAKLAR	34
EKLER	40
ÖZGEÇMİŞ	46



TABLULAR LİSTESİ

Sayfa

Tablo 2.1. Farklı bölgelere ait D.kaki genotipleri arasındaki genetik farklılık	13
Tablo 3.1. Materyallerin alındığı yerler.....	19
Tablo 3.2. CTAB Metoduyla yapılan DNA izolasyonunda kullanılan kimyasallar	20
Tablo 3.3. PZR'de kullanılan primerler ve özellikleri.....	21
Tablo 3.4. PZR'de kullanılan kimyasallar	21
Tablo 3.5. XTBE Çözeltisinin hazırlanışı	22
Tablo 3.6. ITS primer için kullanılan PZR programı.....	23
Tablo 3.7. <i>trnL-F</i> Primeri için kullanılan PZR programı.....	24

ŞEKİLLER LİSTESİ

Sayfa

Şekil 1.1. Trabzon hurması dünyadaki üretim miktarı	4
Şekil 1.2. Trabzon hurması dünyada üretim yapan ülkeler	4
Şekil 1.3. ITS bölgesi	8
Şekil 1.4. Kloroplast genomu	9
Şekil 1.5. <i>trnL-F</i> Bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan primerlerin şeması.....	10
Şekil 2.1. On <i>Diospyros</i> türünde EcoPV, Hinc 2 ve Dra 1 tekrarlı DNA bölgelerinin analizi.....	14
Şekil 2.2. Ebenecae türlerinin dağılımını gösteren UPGMA dendogramı	15
Şekil 2.3. ITS ve matK bölgelerine ait dizilerin maksimum likelihood ve maksimum parsimonv yöntemleri ile analizi sonucu oluşan filogenetik ağaçlar.....	16
Şekil 2.4. <i>Diospyros</i> cinsine ait türlerin <i>rbcL</i> gen dizilerinin maksimum likelihood analizi ile oluşturulan filogenetik ağaç	17
Şekil 2.5. 30 tane Japom tarbzon genotiplerine ait Neighbour joining dendogramı	18
Şekil 4.1. <i>Diospyros kaki</i> ITS Bölgesine Ait Jel Görüntüsü.....	27
Şekil 4.2. <i>Diospyros kaki</i> 2 nolu örneğe ait <i>trnL-F</i> bölgesinin kromotogram görüntüsünün bir kısmı	27
Şekil 4.3. ClustaIW programında hizalanmış <i>trnL-F</i> dizilerinde bir kısmının görüntüsü..	27
Şekil 4.4. ITS bölgesinin Neighbour-Joining analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap değerlerini göstermektedir)	28
Şekil 4.5. ITS bölgesinin UPGMA analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap değerlerini göstermektedir).....	29
Şekil 4.6. <i>trnL-F</i> bölgesinin Neighbour-Joining analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap değerlerini göstermektedir)	30
Şekil 4.7. <i>trnL-F</i> bölgesinin UPGMA analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap değerlerini göstermektedir).....	30

KISALTMALAR VE SİMGELERLİSTESİ

<u>Kısaltma</u>	<u>Açıklama</u>
FAO	: Food and Agriculture Organization of the United Nations
SÇKM	: Suda Çözünebilir Kuru Madde Miktarı
TEAD	: Titre edilebilir asitlik değeri
TÜİK	: Türkiye İstatistik Kurumu
AFLP	: Amplified Fragment Length Polimorphism
BME	: β -mercaptoethanol
BSA	: Bovine serum albumin
CAPS	: Cleaved amplified polymorphic sequence
CIS	: Cloroform:İzomil alkol
CTAB	: cetyltrimethylammonium bromide
DPPH	: 1,1-difenil-2-pikril-hidrazil
EDTA	: Etilendiamin tetraasetik asit
FRAP	: The ferric reducing ability of plasma
ISSR	: Inter Simple Sequence Repeats
ITS	: Internal Transcribed Spacers
ML	: Maximum likelihood
NJ	: Neighbour Joining
PZR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
PPVP	: polivinilprolidon
RAPD	: Randomly Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction Fragment Length Polymorphism
SLS	: Sodyum lauril sarkosinat
SNP	: Single Nucleotide Polymorphism
SOD	: Süperoksit dismutaz
TBE	: Tris borate EDTA
TE	: Tris EDTA
ROT	: Reaktif oksijen türleri
UPGMA	: Unweighted Pair Group Method Algoritma

<u>Simge</u>	<u>Açıklama</u>
%	: Yüzde
g	: Gram
kg	: Kilogram
kcal	: Kalori
cm	: Santimetre
m	: Metre
mg	: Miligram
mm	: Milimetre
mL	: Hacim
g/mL	: Yoğunluk
°C	: Santigrat Derece
pH	: Hidrojen İyonları
μMol	: Mikromol
EtOAc	: Etil asetat
nm	: Nanometre
Ppm	: Milyonda bir
ml	: Mililitre

μ l : Mikrolitre
mM : Milimolar
° C : Santigrat
M : Molar



ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

SIİRT YÖRESİ TRABZON HURMALARININ (*Diospyros kaki* L.) GENETİK AKRABALIKLARININ TANIMLANMASI

Cumali GÜRELİ

Siirt Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü
Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Koray ÖZRENK

Ortak Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Adnan DOĞAN

2019, 46+XII Sayfa

Bu çalışmada Siirt yöresinde yetişen Trabzon hurması genotiplerinin ITS (Internal transcribed spacer) ve kloroplast DNA'sının *trnL-F* bölgesine dayalı moleküler karakterizasyonu yapılmıştır. Mesafe temelli yöntemlerden NJ (Neighbor Joining) ve UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) yöntemleri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar dış grup dahil olmak üzere her iki bölge için de toplam 3 grup oluşturmuştur. ITS bölgesi göz önünde bulundurulduğunda kullanılan yöntem fark etmeksizin elde edilen filogenetik ağaçlar birebir benzerlik göstermektedir. Her iki yöntemde de 9 nolu genotip tek başına bir grup oluştururken diğer genotipler kendi içinde ayrı bir grup oluşturmuşlardır. *trnL-F* bölgesi kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar incelendiğinde oluşan gruplar birbirinden farklılık göstermektedir. Sonuç olarak, en azından çalışmamızda kullandığımız örnekler için ITS bölgesi daha bilgilendiricidir ve bu bölgeye ait filogenetik ağaçlarda ayrı bir grup oluşturan 9 nolu genotip detaylı şekilde incelenmelidir.

Anahtar Kelimeler: *Diospyros kaki* L., ITS, Moleküler karakterizasyon, cpDNA *trnL-F*., Siirt

ABSTRACT

MS THESIS DEFENETION OF GENETIC RELATIONSHIPS OF TRABZON'S PERSİMMON (*Diospyrus kaki* L.) IN SİİRT REGION

Cumali GÜRELİ

**The Graduate School of Natural and Applied Science of Siirt University
The Degree of Master of Science
Department of Horticulture**

**Supervisor: Prof. Dr. Koray ÖZRENK
Co-Supervisor: Assist. Prof. Adnan DOĞAN**

2019, 46+XII Pages

In this study, molecular characterization of Persimmon genotypes grown in Siirt region was assessed based on ITS (Internal transcribed spacer) and chloroplast DNA trnL-F region. The phylogenetic trees constructed by using distance based methods NJ (Neighbor joining) and UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) methods consisted of 3 groups for both regions including the out group. Regarding the ITS region, the phylogenetic trees obtained regardless of the method used are identical. In both methods, genotype 9 formed a single group while other genotypes formed a separate group. When the phylogenetic trees formed using trnL-F region are examined, the groups formed differ from each other. As a result, at least for the samples we used in our study, the ITS region is more informative and genotype 9, which forms a separate group in the phylogenetic trees of this region, should be examined in detail.

Keywords. : *Dispyros kaki* L., ITS, molecular characterization, cpDNA *trnL-F*. ,Siirt

1.GİRİŞ

1.1. Trabzon Hurmasının Genel Özellikleri

Diospyros cinsi *Ebenaceae* familyasının bir üyesi olup dünyanın tropik ve subtropik bölgelerinde yayılım alanı bulmuş 400 türden oluşmaktadır. Ancak bu türlerden sadece 4 tanesi ticari öneme sahiptir (*Diospyros kaki* L., *Diospyros lotus* L., *Diospyros virginia* L., *Diospyros oleifera* chen). Bu 4 tür içerisinde ise dünya genelinde en fazla tarımı yapılan tür *Diospyros kaki* L.'dir (Tao ve Sugiura, 1992).

Diospyros'un kelime anlamı; *Dios* (Baştanrı, Jupiter) ve *Pyros* (dane) kelimelerinin birleşmesi ile meydana gelmiş olan "tanrıların yiyeceği"dir. Meyvelerinin görünümlerinin güzelliği ve tatlarının mükemmelliğinden dolayı bu ismi almıştır. Anavatanı Çin olan Trabzon hurması çok eski tarihlerde Japonya'dan getirilmiş olup üretimi burada büyük ölçüde yapılmış ve halk arasında "Japon Elması" diye adlandırılmaya başlanmıştır (Matsumoto ve ark., 2001).

Dünya genelinde Çin, Kore, Japonya, Brezilya gibi tropik ve subtropik iklim özelliklerine sahip ülkelerde ekonomik alan da yetiştiriciliği yapılan Trabzon hurması ülkemizde ise Akdeniz, Ege, Doğu Karadeniz, Güneydoğu Anadolu ve Marmara'nın doğusunda ekonomik olarak yetiştirilmektedir (Tuzcu ve Yıldırım, 2000).

Türkiye'ye getirildiğine dair net bir tarih bilinmemekte ama çok eskiden beri yetiştiriciliği yapılmaktadır. Subtropik iklim meyvesi olan Trabzon hurması ülkemizde en çok Akdeniz Bölgesinde yetiştirilmekle birlikte, kışın yapraklarını döken Trabzon hurmasına Karadeniz, Marmara ve Ege bölgelerinde de bu türün yetiştiriciliğine rastlamak mümkündür (Onur, 1990).

Trabzon hurması sahip olduğu vitaminler ve bazı özel besin maddeleri sayesinde insanlarda bağışıklık sisteminin devamlılığında çok önemli roller oynamaktadır. Ayrıca C vitamini, diyet lifi, karotenoidler ve polifenoller açısından zengin bir içeriğe sahip olması sebebiyle çok eski zamanlardan beri hem taze hem de kurutulmuş olarak tüketilmektedir (Luo, 2006). Gıda sanayisinde ise marmelat, kek, püre, çeşitli soslar dondurmalar, krema ve muhallebi yapımı gibi farklı kullanım alanlarına sahiptir. Ayrıca bazı ülkelerde taze ya da kurutulmuş yaprakları çay gibi değerlendirilmektedir (Matsumoto ve ark., 2001).

Ülkemize Karadeniz bölgesinden giriş yapan *Diospyros kaki* L. türü bu nedenle Trabzon hurması olarak adlandırılmakta ayrıca bazı yerlerde de cennet meyvesi hurması, Japon hurması ve amme olarak da bilinmektedir. Günümüzde toplumların tüketim alışkanlıklarında meydana gelen değişimler ve alternatif ürünlere olan talepler nedeniyle subtropik iklim meyvelerine olan ilgide artış görülmektedir. Çoğunlukla tropik ve subtropik iklimlerde yetiştiriciliği yapılan Trabzon hurması yetiştiriciliği ülkemizde de yaygınlaşmaya başlamıştır. Yapılan bu çalışmada Güneydoğu bölgesinde yer alan Siirt ilinin farklı bölgelerinden toplanan Trabzon hurması genotiplerinin genetik akrabalıkların tanımlanması özellikleri ve bu özellikler arasındaki farklar çeşitli parametreler kullanılarak belirlenmeye çalışılmıştır. Çalışma sonucunda Siirt ilinde yetiştiriciliği yapılan Trabzon hurması ağaçlarının çeşitleri belirlenecek ve bunlar sonucunda filogenetik ağaçlar oluşturulacaktır.

1.2. Trabzon Hurmasının Bitkisel Özellikleri

Trabzon hurması ağacında kök sistemi bu ağaç için kullanılacak olan anaç türüne göre değişiklik göstermektedir. Genel anlamda meyveleri yenen *Diospyros kaki* L. 'nin anacı kazık köklü olup az miktarda da saçak kök yapmaktadır.

Trabzon hurması ağacının gövde rengi gridir. Kullanılacak olan anacın çeşidine, yaşına ve kuvvetine göre gövde 12-35 cm çapında olmakta, boyu ise ortalama 5-6 m olmakla birlikte boyları bazen 12 m 'ye kadar ulaşabilmektedir (George ve ark., 1997).

Yaklaşık olarak 400 türden oluşan *Diospyros* cinsinin üyeleri herdem yeşil ya da yapraklarını döken birçoğu tropik birkaç türü de ılıman bölgelere has türlerden meydana gelmektedir. Yapraklar genellikle sürgünlerin karşılıklı tarafından oluşur ve çıkarlar. Meyveleri genellikle üzümsü ve sulu olup her bir meyvede 1 ve 10 arasında tohum bulunur. Bu cinsin üyeleri keresteleri ve yenilebilir meyveleri için yetiştirilmekte, ayrıca bazı türlerden kozmetik sanayinde faydalanılmakta, bazı türler ise süs bitkisi olarak kullanılmaktadır. Bu cinse ait türler arasında en yaygın olanları Kuzey Amerika'ya özgü olan *D. virginia* L. ya da Çin'e özgü olan ancak diğer ılıman bölgelerde de yetiştirilen *Diospyros kaki* L.'dir. *Diospyros virginia* L. türüne ait portakal benzeri meyveler yaklaşık olarak 4 cm 'lik bir çapa sahipken ağaçlar ise yaklaşık olarak 10-12 m uzunluğa erişebilir. *Diospyros kaki* L. türünün meyveleri ise kırmızı-turuncu renge sahip olup yaklaşık 7,5 cm bir çapa sahiptirler. Şimdiye kadar bu türe ait yüzlerce genotip geliştirilmiştir (Tuzcu ve Yıldırım, 2000).

Trabzon hurması ağaçları gelişimi dik, yarı dik veya yayvan olarak değişiklik gösterebilmekte, çeşitlere bağlı olarak dallar orta kuvvette veya kuvvetli bir şekilde gelişmektedir. Dikimin ilk yıllarında görülmeyen obur dallar ikinci ve üçüncü yıllarda çok miktarda görülmektedir. İkinci ve üçüncü yıllarda oluşan bu obur dallar kuvvetli ve dik olarak büyür ve dallanma görülmez. Üçüncü yıldan itibaren azalmaya başlayan obur dallardan birçok sayıda kısa meyve dalcıkları meydana gelir. Dinlenme devresine girildiğinde tomurcuklar daha belirgin ve koyu kahverengidir.

Trabzon hurması ağaçlarının yapraklarının üst yüzü düz, alt yüzü tüylüdür. Yapraklar ilkbaharda sürmeye başladığı zaman parlak açık yeşil renktedir, daha sonra zaman geçtikçe parlak koyu yeşil renk alır. Sonbahara doğru ise yaprakları soluk yeşil-sarı-turuncu-kırmızı renklere dönüşerek güzel bir görünüm kazanırlar. Bundan dolayı peyzaj mimarisi için güzel bir süs bitkisi olarak kullanılmaktadır.

Ebenaceae familyası içerisinde yer alan türleri genellikle ağaç ya da çalı formundaki bitkiler oluştururlar. Yapraklar genellikle her noddan bir yaprağın çıktığı alternat şeklinde ya da bazı türler de her noddan karşılıklı bir çift yaprağın çıktığı oposit şeklinde düzenlenmiştir. Çiçek durumu genel olarak rasemöz ya da bileşik salkım (panicle) şeklindedir. Familyada bulunan birçok tür dioiktir. Her çiçek 3 ila 8 arasında petal bulundurur. Stamenler genellikle tek bazen de çift halde ve korollanın iç duvarına bağlı halde bulunurlar, dişi çiçekler sekizer kadar stigma bulundurabilirler, meyveler genellikle üzüm sü ya da kapsüler formdadır. Bazı türler de olduğu gibi kökler ve kabuk kısmı siyah renkte olabilir (Tuzcu ve Yıldırım, 2000).

Trabzon hurması ağaçlarında üç tip çiçek vardır:

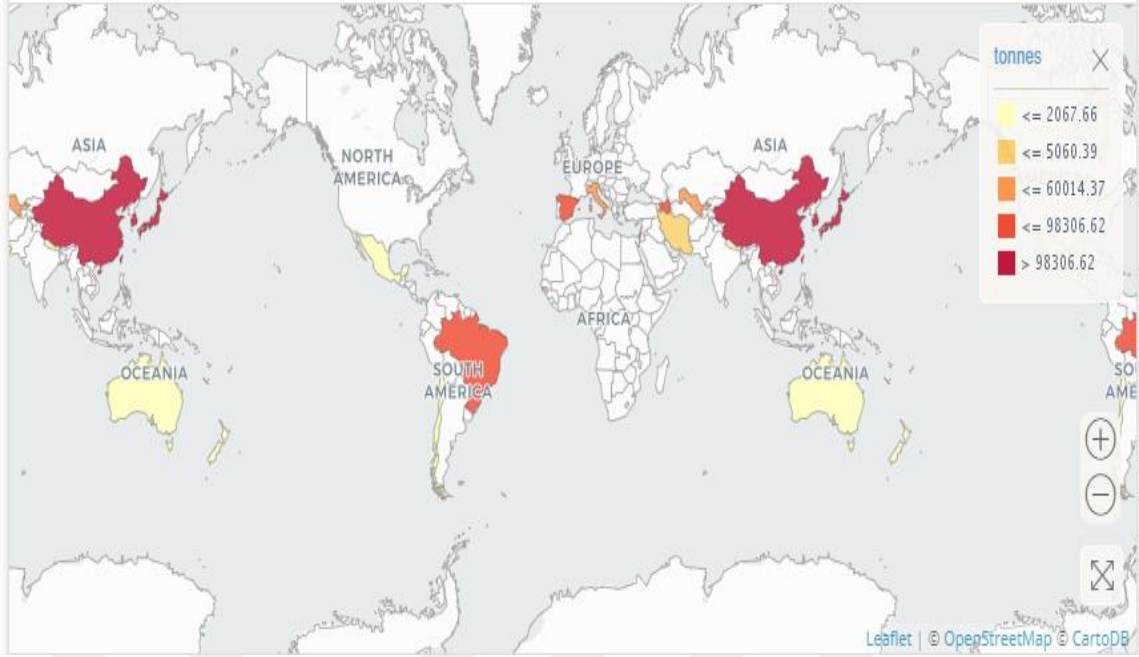
- Erdişi çiçek

- Dişi çiçek

- Erkek çiçek

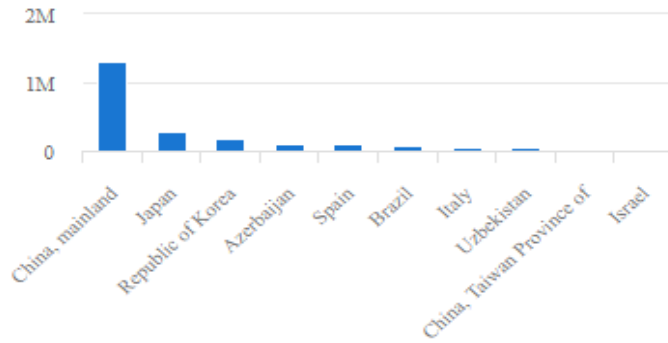
1.3. Dünya ve Türkiye Geneli Trabzon Hurması Yetiştiriciliği

Trabzon hurması dünyanın tropik ve subtropik bölgelerinde yayılım alanı bulmuş bundan dolayı da birçok farklı yerde yetişme alanı bulmuştur. Dünyada Çin, Kore, Japonya, Brezilya gibi ülkelerde yetişme alanı bulmuş ve burada ekonomik olarak yetiştiricilik yapılmaktadır.



Şekil 1.1. Trabzon hurması dünyadaki üretim miktarı

Dünya genelinde toplam Trabzon hurması üretimi 5.750.368 ton iken Çin 1.317.790 tonluk üretimle ilk sırada yer almaktadır. Bu ülkeyi 293.340 tonla Japonya, 166.979 ton ile Kore, 98.306 ton ile Azerbaycan ve 94.219 ton ile İspanya takip etmektedir.



Şekil 1.2. Trabzon hurması dünyada üretim yapan ülkeler (Anonim, 2019a)

Ülkemize ne zaman getirildiğine dair bir bilgi olmamasına karşın ilk olarak Trabzon üzerinden ülkemize giriş yaptığından dolayı Trabzon hurması olarak halk arasında bilinmektedir. Ülkemizde iklim koşullarının uygunluğundan dolayı en çok Akdeniz bölgesinde özellikle Hatay, Mersin ve Adana da yoğun olarak yetiştiriciliği yapılp bölge halkının ekonomik yönden kazanç sağladığı bir meyvedir.

1.4. Moleküler Sistemikte Kullanılan Yöntemlerden Bazıları

1.4.1. RFLP (Restriction fragment length polymorphism)

DNA belirteçleri (markırları/işaretleyicileri) arasında ilk keşfedilene RFLP'dir (Saiki ve ark., 1988). RFLP tekniğinde ilk basamak varyasyon taşıyan parçanın (fragment) çoğaltılmasıdır. Daha sonra çoğaltılan kısım uygun bir kesim enzimiyle kesilir ve agaroz jelde yürütülür. DNA'lar southern blot tekniğiyle naylon membranlara aktarılır, işaretleyici olarak kullanılan DNA parçacıkları çeşitli maddelerle işaretlendikten sonra membranda bulunan DNA'larla eşleşmeye tabi tutulur (Tanksley ve ark., 1992). RFLP tekniğinin önemli avantajları ucuz olması ve gelişmiş alet ve ekipmana gerek duyulmamasıdır. RFLP analizlerini kurmak kolaydır ve genellikle kolayca bulunabilecek programlarla birlikte kullanılabilir. Spesifik endonükleazlara ihtiyaç duyulması ve varyasyonun tam olarak tanımlanmasındaki zorluklar ise dezavantajlı taraflarını oluşturmaktadır (Rasmussen, 2012).

1.4.2. RAPD (Randomly amplified polymorphic DNA)

RAPD PZR (Polimeraz zincir reaksiyonu) tabanlı bir tekniktir. Rastgele nükleotid dizilimine sahip primerler kullanılarak DNA amplifikasyonu yapılmaktadır. Daha sonra bu DNA parçaları jelde yürütülmekte ve etidyum bromür ile boyandıktan sonra görünür hale gelmektedirler. Amplifikasyon ürünlerinden her biri primerlerle benzer dizilime sahip iki kısa segment içeren genom bölgelerinden elde edilir. Polimorfizm primerlerin bağlanma noktalarındaki amplifikasyon bantlarının varlığı ya da yokluğuyla tespit edilir. RAPD yönteminde kullanılan primerlerin dominant olması bu tekniğin dezavantajlı kısmını oluşturmaktadır (Rafalski ve Tingey, 1993).

1.4.3. AFLP (Amplified fragment length polymorphism)

AFLP tekniği restriksiyon enzimleri ile kesilen DNA parçalarının seçici PZR amplifikasyonuna dayanmaktadır. Teknik üç aşamadan oluşmaktadır: (i) DNA restriksiyonu ve kesilen DNA parçalarının oligonükleotid adaptörlerle bağlanması (ligasyon), (ii) Kesilen parçaların seçici amplifikasyonu, (iii) çoğaltılan parçaların jelde analiz edilmesi. En önemli avantajı tek bir reaksiyonda 30-150 bölge tanımlanabilmesi ve sonuçların tekrarlanabilir olmasıdır. Pahalı olması, laboratuvar ekipmanına gereksinim duyulması, ayrıca dominant markör olması ise dezavantajını oluşturmaktadır (Ridout ve Donini, 1999).

1.4.4. CAPS (Cleaved amplified polymorphic sequence)

CAPS genetik polimorfizmin tespit edilmesinde kullanılan basit ve güvenilir bir yöntemdir. PZR ürünleri restriksiyon enzimleriyle kesilerek elektroforez yapılır. Bu metotta kullanılan primerlerin genlerin ekzon sekanslarına spesifik olması, amplifikasyonun farklı çalışmalarda oldukça stabil olmasını sağlar (Tanaka ve ark., 2010).

1.4.5. SSR (Simple sequence repeats)

Mikrosatellitler ya da basit dizili tekrarlar (SSRs) arka arkaya dizilmiş, tekrar eden ve 1-6 baz çifti uzunluğundaki birimlerden oluşan DNA parçalarıdır. Bu belirteçlerin önemi; genomun geniş bir bölümüne yayılmaları, bolca bulunmaları, multiallel doğaları ve kodominant yapıya sahip olmaları, ayrıca PZR yöntemiyle basitçe tespit edilmesinden kaynaklanmaktadır (Powell ve ark., 1996).

1.4.6. ISSR (Inter simple sequence repeats)

ISSR tekniği zıt yönlere yönelmiş iki tipik mikrosatellit tekrar bölgesi arasındaki çoğaltılabilir mesafede bulunan DNA segmentlerinin çoğaltılmasını içeren PZR tabanlı bir yöntemdir. Bu teknikte genellikle 16-25 baz çifti uzunluğundaki mikrosatellitler kullanılır. Bu teknikte primer olarak kullanılan mikrosatellit tekrarlar dinükleotid, trinükleotid, tetranükleotid ve pentanükleotid olabilir (Gupta ve ark., 1994).

1.4.7. SNP (Single nucleotide polymorphism)

SNP, DNA sekansındaki tek bir nükleotid değişikliğidir. Bitkilerin de dâhil olduğu pek çok canlıda meydana gelen bir varyasyondur. Transisyon ve transversiyon SNP oluşmasına sebep olan spontan baz değişimleridir. Bir popülasyondaki tek baz değişim frekansı % 1 'den büyükse SNP olarak, % 1'den küçük ise mutasyon olarak nitelendirilir.

1.5. Moleküler Sistematikte Kullanılan DNA Çeşitleri

1.5.1. Çekirdek DNA'sı

Temel olarak genleri kodlayan ekzon ve kodlanmayan diziler olan intronlardan oluşmaktadır. Bunun yanında düzenleyici diziler, düşük kopya dizileri ve tekrar dizileri bulunmaktadır. Bitki genomunda özellikle tekrar dizileri bitki genom ve fonksiyonlarının anlaşılmasında büyük önem taşımaktadır. Evrimsel süreçte büyük

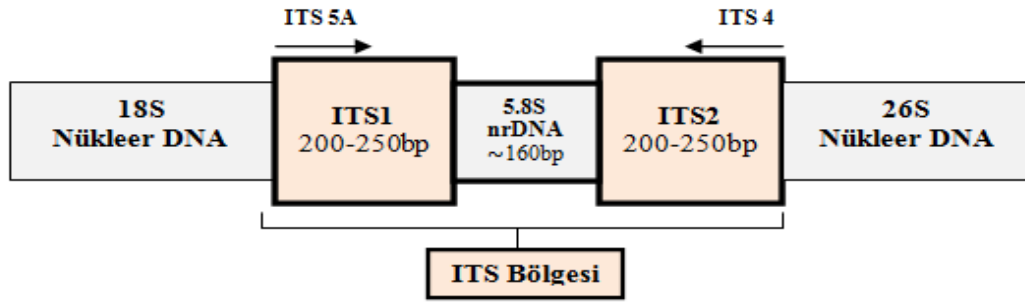
ölçüde korundukları için yüksek polimorfik özelliğe sahip olan SSR' lar özellikle bitki tanımlama ve diğer genomik çalışmalarda önemli avantajlar sağlamaktadır. Çekirdek SSR (nuclear SSR=nSSR) ve Kloroplast SSR (chloroplast SSR =cpSSR)'lara ek olarak bitki genom projeleri çerçevesinde oluşturulan EST (Express Sequence Tags) verilerinin transkripsiyona giren ve girmeyen bölgelerden (UTR=Untranslated Region) tespit edilen EST kökenli, son yıllarda yeni nesil dizileme teknolojileri ile elde edilen SSR'lar bitkilere ait geniş SSR veri tabanları oluşturulmaktadır.

RDNA, cpDNA'daki sınırlamaları ortadan kaldırmak, bağımsız ve ilave tahminlerde bulunmak için bitki sistematğinde sık sık kullanılmaktadır. Düşük taksonomik seviyelerde iç ve dış intergenik bölgeler kullanılırken, yüksek taksonomik seviyelerde yavaşça evrimleşen rRNA kullanılmaktadır. rDNA'nın yüksek kopya sayısına sahip olması, hem restriksiyon hem de PZR temelli yaklaşımlarla değerlendirilmesini kolaylaştırmaktadır. Organel genomundaki sekanslara göre daha hızlı evrimleşmesi, biparental kalıtımı, çoklu bağımsız lokusların varlığı nükleer genlerin avantajları arasında gösterilebilir. Nükleer genlerin karmaşık yapısı ve evrimsel dinamikleri, ortolog genlerin izolasyonu ve tanımlanması rDNA'nın dezavantajlarını oluşturmaktadır (Small ve ark., 2004).

1.5.2. İç transkribe olan boşluklar (Internal transcribed spacers)

Nükleer ribozomal DNA'nın ITS bölgesi 1990'lardan beri kapalı tohumlularda filogenetik çalışmalar için kullanılmaktadır. ITS bölgesinde bulunan ITS1 ve ITS2 bölgeleri PZR ile kolaylıkla çoğaltılabilir ve evrensel primerler kullanılarak dizilenebilir (Şekil 1.3).

ITS1 ve ITS2 bölgelerinin varyasyon dereceleri bitki grupları arasında farklılık göstermektedir. ITS bölgesi rDNA'nın iç ve dış transkribe olan bölgelerine kıyasla daha fazla korunmuş bir bölgedir (Baldwin ve ark., 1995).



Şekil 1.3. ITS bölgesi (White ve ark., 1990)

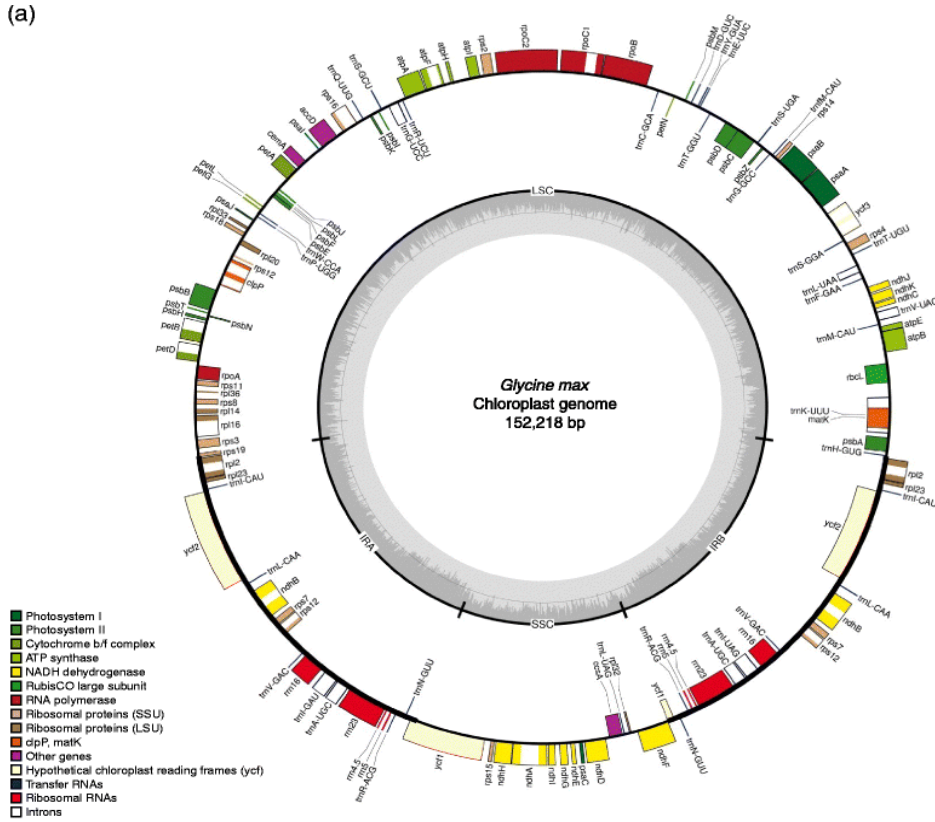
Filogenetik çalışmalarda ITS bölgesinin sağladığı avantajlar;

- Bitki çekirdek genomunda oldukça fazla tekrar edilirler.
- Yüksek sayıdaki kopya sayısından dolayı nrDNA'nın (Nükleer ribozomal DNA) tespiti, çoğaltılması, klonlanması ve sekanslaması kolaydır.
- ITS bölgesinin nispeten küçük boyutlarda olması ve oldukça korunaklı olan bölgeler arasında yer alması bu bölgenin çoğaltılmasını kolaylaştırır.
- rDNA bölgelerine göre daha hızlı varyasyon gösterirler.
- ITS bölgesine ait sekansların elde edilmeleri ve yorumlanmaları kolaydır.
- rDNA alt birimlerinin oluşum sürecinde görev alırlar.
- Filogenetik çalışmalarda sağlıklı sonuçlar verebilecek uzunluktadır.

1.5.3. Kloroplast Genomu

Kloroplast; plastid ailesinin bir üyesidir. Sadece bitkilerde ve bazı protistalarda bulunur. Bir bitki hücresinde 10-100 adet kloroplast bulunmaktadır. Kloroplast fotosentezin gerçekleştiği organel olup çift zarla çevrilmiştir. Tilakoid zar adı verilen 3. bir zar sistemine sahiptir. Bu zar tilakoid olarak adlandırılan yassı keselerin oluşturduğu bir ağ sistemini meydana getirir. Bu yassı keseler 5- 10 µm uzunluğunda mitokondriye benzer şekilde 2 zarla çevrelenmiş halde bulunmaktadır. Bu 3. zar sistemlerinden dolayı kloroplastlar iç düzeni mitokondrilere göre daha kompleks organellerdir. Kloroplast DNA'sı çift iplikli halkasal yapıda ve yarı korunumludur. Kloroplastlarda "stroma" adı verilen ve içinde DNA, RNA, ribozomlar ve fotosentez için gerekli olan enzimleri barındıran bir de sıvı bulunur. Nükleer DNA gibi proteinlerle fazla ilişkili değildir, histon içermezler. Genler içinde ve arasında intronlar bulunmaktadır. Hücre DNA'sının %10-20'sini oluşturur ve G-C içeri nükleus DNA'sına göre azdır. Kloroplast DNA'sı mitokondriyal DNA'dan daha büyüktür. Kloroplastlar sahip oldukları bu DNA ve

ribozomlar sayesinde hem kendilerini çoğaltırlar hem de bazı proteinlerin üretimini gerçekleştirirler. Hemen hemen tüm kara bitkilerinde Kloroplast DNA gen sayısı (yaklaşık 100) benzerdir ve bu genler hemen hemen aynı sırada bulunmaktadır (Anonim, 2015).



Şekil 1.4. Kloroplast Genomu (Sasaki ve ark., 2005)

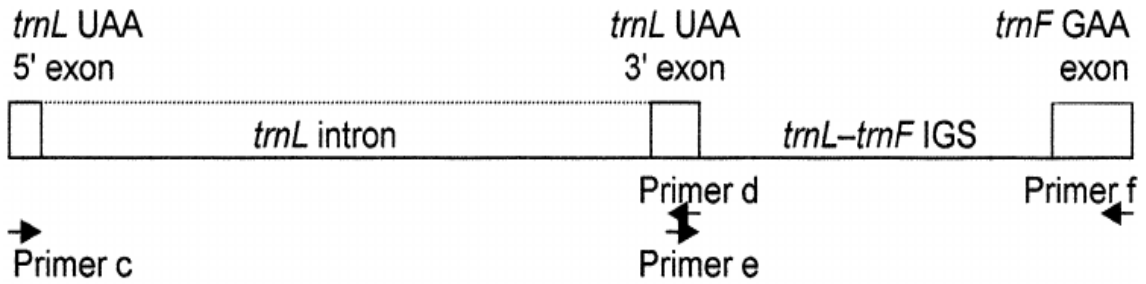
Göreceli olarak küçük ve sabit boyutu, korunumlu evrimi kloroplast DNA'sını bitki türlerinin evrimsel geçmişini izlemeye ideal bir molekül haline getirmektedir. Düşük taksonomik seviyelerde, cpDNA varyasyonları, restriksiyon ilişkileri kıyaslanarak kolaylıkla analiz edilebilirken, yüksek taksonomik seviyelerde DNA sekanslaması ve ters çözüm analizleri, kloroplast genomunun kıyaslanmasında kullanılan seçme yöntemlerindedir. Kloroplast genomu temel bitki gruplarından biri olan kapalı tohumluların filogenetik ilişkilerini açığa çıkarmada sıklıkla kullanılmaktadır. Bitki mitokondriyal ve nükleer genomunun sekansların düzenlenmesinde göreceli olarak hızlı olması, genomların orta ölçekli büyüklükte olan kısımlarının evriminin açıklanmasında zorluklar oluşturmaktadır. Kloroplast genomları

temel olarak; duplikasyon, delesyon, korunumlu evrim, psödogen oluşumu gibi evrimsel süreçlerden bağımsızdır. Filogenetik olarak bitki çekirdek DNA'sını; geniş ve değişken boyutu, korunumlu evrimi ve düzenlenmesindeki kompleks formlar gibi çeşitli nedenlerden dolayı kloroplast DNA'sı ile kıyaslamak çok zordur. Ancak Nüklear DNA iki özelliğinden dolayı tür içi ve daha düşük taksonomik seviyelerde çok kullanışlıdır; ilki, rDNA'nın transkribe olmayan belirli bölgelerindeki sekansların kloroplast DNA'sındaki herhangi bir bölgeye göre daha hızlı evrimleşmesi, ikincisi ise evrimsel açıdan cpDNA ve nüklear DNA farklı şekillerde aktarılmasıdır. CpDNA maternal olarak aktarılırken, nüklear genom biparental olarak aktarılır (Palmer, 1985).

1.5.4. Genler arası boşluk (*trnL-trnF*)

TrnL intron grubu ve *trnL* ile *trnF* arasındaki bölge bitki sistematiğinde en sık kullanılan ve kodlanmayan DNA bölgeleri arasında yer almaktadır (Quandt ve ark., 2004). Genler arası boşluk *trnL* (UAA) 3' ekzonu ve *trnF* (GAA) geni arasında yer alır (Şekil 1.4).

trnL-F bölgesi özel primerler vasıtasıyla PZR tekniği ile çoğaltılarak baz polimorfizimine bakılır ve türler arasındaki filogenetik ilişki belirlenir.



Şekil 1.5. *trnL-F* Bölgesinin çoğaltılmasında kullanılan primerlerin şeması (Anonim, 2019b)

1.5.5. Mitokondrial genom

Mitokondriler ATP sentezi ve fotofosforilasyondan sorumlu hücresel organellerdir. Halkasal yapıdadır (200-2500 kb), Histon proteinleri içermez ve kalıtımı genelde uniparental'dir. Az korunmuştur bu nedenle yüksek düzeyde rekombinasyon göstermektedir. Bitkilerde, hayvanlarda ve mantarlar âleminde bulunurlar. Mitokondriyal DNA büyüklük ve yapı bakımında Kloroplast DNA'dan daha fazla varyasyon göstermektedir.

Bitki mitokondriyal genomları diğer ökaryotik mitokondri genomlarına göre daha büyük ve daha kompleksdir. Bitki mitokondriyal genomları aktif rekombinasyon sistemleri ve çok parçalı genom organizasyonu içermektedir. Kendileri için gerekli olan bazı proteinleri kodlayan DNA'ya sahiptirler ve kendilerini replike edebilirler. Protein kodlama kapasiteleri hayvan ve fungal sistemlere göre hayli düşüktür. Birçok mitokondriyal fonksiyon alt ünit kompleksleri, tRNA, 26S, 18S ve 5S rRNAs bitkisel mitokondriyal genom tarafından kodlanmaktadır. Genel olarak çift zincirli, sirküler ve kovalent durumda bulunurlar. Mitokondrial DNA maternal olarak aktarılır ve heteroplazmi durumuna nadiren rastlanır. Nüklear genoma göre yaklaşık 5-10 kat daha hızlı evrimleşirler. Nüklear ve mitokondrial genom fonksiyonel olarak birbirine bağlıdırlar. Mitokondrial proteinlerin birçoğu nüklear genler tarafından kodlanırlar. Mitokondrial DNA tarafından kodlanıldığı bilinen 2 rRNAs, 20-35 tRNA ve 13 tane protein bulunmaktadır. Bu komplekslerin geri kalan alt birimleri çekirdekdeki genler tarafından kodlanmaktadır. Mitokondrial olarak kodlanan bütün proteinler bir kısmı nüklear olarak kodlanmış enzim komplekslerini ve metabolik bileşenlerini oluştururlar. Bu durumda sitokrom c oksidaz, ATP sentetaz ve NADH dehidrogenaz gibi alt birimleri nüklear olarak kodlanan mitokondrial kompleksleri söz konusu olmaktadır (Şekil 1.5). mtDNA farklı boyutlarda bulunabilir, örneğin Metazoa: *Ascaris suum*, 14.5 kb; *Drosophila subobscura*, 15.8 kb. Maya: *Saccharomyces cerevisiae*, 78 kb. Mantar: *Neurospora crassa*, 60 kb. Bitkiler: *Zea mays*, 570 kb (Castro ve ark., 1998).

1.5.6. Filogenomik

Tohumlu bitki grupları arasındaki filogenetik ilişkinin anlaşılmasına yönelik çabalar genomu tamamen dizilenen az sayıdaki gruptan dolayı sekteye uğramaktadır. Moleküler verilerden elde edilen filogenetik tezler analizde kullanılan tür veya gen gruplarının sayıca az olmasından dolayı genellikle tartışmalı olmuştur (Lee ve ark., 2011).

Bitkilerin genom dizilerinin tamamının bilinmesi gelişimsel ve evrimsel sürecin anlaşılmasına yönelik farklı bakış açıları sağlamaktadır. Evrimsel mekanizmayla birlikte bitki genomlarının dizilenmesi, genlerin ve/veya dizi ifadesindeki modifikasyonların bitkide meydana gelen temel değişimler üzerindeki etkisinin anlaşılmasında yararlı olacaktır (Conte ve ark., 2008).

Genel anlamda bitki moleküler filogenetiđi plastid genomuna dayalıdır (Barkman ve ark., 2007; Burleigh ve Mathews, 2004; Zhu ve ark., 2007). Gelişen DNA teknolojileri sayesinde son 20 yıl içinde toplam 190 plastid genomu dizilenmiştir. Plastid genomlarının nispeten kısa olması ve çok sayıda tekrar içermesi plastit genomlarını nükleer genoma göre daha makul hale getirmektedir. Karşılaştırmalı çalışmalar plastid genomunun önemli deđişiklikler geçirdiđini ve evrimsel süreç sırasında önemli gen kayıpları yaşadığını göstermiştir. Bazı genler veya fonksiyonel olarak bağlantılı gen grupları birbirinden bağımsız olarak kaybolmuştur. Bu genlerin karakterize ettiđi karakterler filogenetik olarak bilgi verici markırlar olarak bilinirler. Plastid genomları arasında kloroplast genomu bitkilerde filogenetik ilişkilerin açığa çıkarılmasında etkili bir yaklaşım olarak ortaya çıkmaktadır (Gao ve ark., 2010). Plastid genomuna dayalı filogenetik çalışmalarda önemli ilerlemeler kaydedilirken, nükleer genom-ölçekli çalışmalar hala başlangıç aşamasındadır (Burleigh ve ark., 2011; Sanderson ve McMahon, 2007).

2. LİTERATÜR ARAŞTIRMASI

Çin, Japonya ve Amerika orijinli 133 Trabzon hurması (*Diospyros kaki* L.) genotipi arasındaki genetik farklılık ve ilişkilere SSR markörler kullanılarak belirlemeye yönelik yapılan bir çalışmada 17 lokustan toplam 158 allel ve 610 genotip elde edilmiştir. Genetik varyasyon analizleri hem Çin hem de Japon genotiplerinin yüksek SSR polimorfizimi gösterdiğini ortaya koymuştur.

Tablo 2.1. Farklı bölgelere ait D.kaki genotipleri arasındaki genetik farklılık (N: örnek sayısı, N2:toplam allel sayısı, Np: polimorfik allel oranı, PIC: polimorfizim bilgi içeriği, I:Shannon bilgi indeksi) (Liang ve ark., 2015)

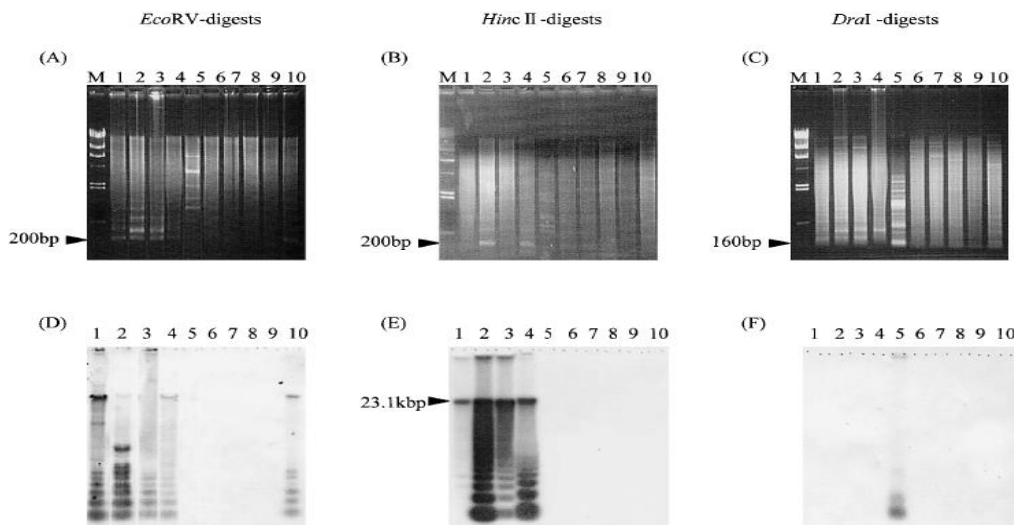
No.	Region	N	N _a	N _p	P	PIC	I
1	Taihangshan Mountain	7	89	76	85.39%	0.6687	1.3300
2	Western area of Qinling Mountain	26	123	120	97.56%	0.7903	2.0801
3	Eastern area of Qinling Mountain	19	111	104	93.69%	0.7815	2.0211
4	Taishan Mountain	8	102	93	91.18%	0.7242	1.5480
5	Dabieshan Mountain	12	80	62	77.50%	0.2745	0.5376
6	Huangshan Mountain	9	102	96	94.12%	0.7698	1.6262
7	Yunnan-Guizhou Plateau	6	95	81	85.26%	0.7631	1.4502
8	Nanling Mountain	14	118	111	94.07%	0.8031	1.9527
9	Japan	18	115	108	93.91%	0.7569	1.8664
	Mean	13.2	95.2	86.8	90.30%	0.7036	1.6014
	Total	119	152				

Qinling bölgesindeki varyatelerin en yüksek genetik farklılığa sahip olduğu bulunurken en düşük genetik farklılık Dabieshan bölgesindeki varyateler arasında bulunmuştur. Çalışmada kullanılan bütün genotipler toplamda 17 SSR markörle ayrışan akraba türlerle farklı bir noktada gruplanmıştır. Çalışma sonucunda tozlanmaya göre değişmeyen ve buruk olmayan çin varyetelerinin tozlanmaya göre değişmeyen buruk olan varyetelerle yakın akraba oldukları ve bu özellikleri açısından Japon genotiplerinden kısmi olarak ayrıştıkları belirlenmiştir (Liang ve ark., 2015).

Suptropikal bölgelerde yayılma alanı bulan *Diospyros* cinsine ait türler arasındaki bio coğrafik ve filogenetik ilişkileri belirlemek amacıyla yapılan bir

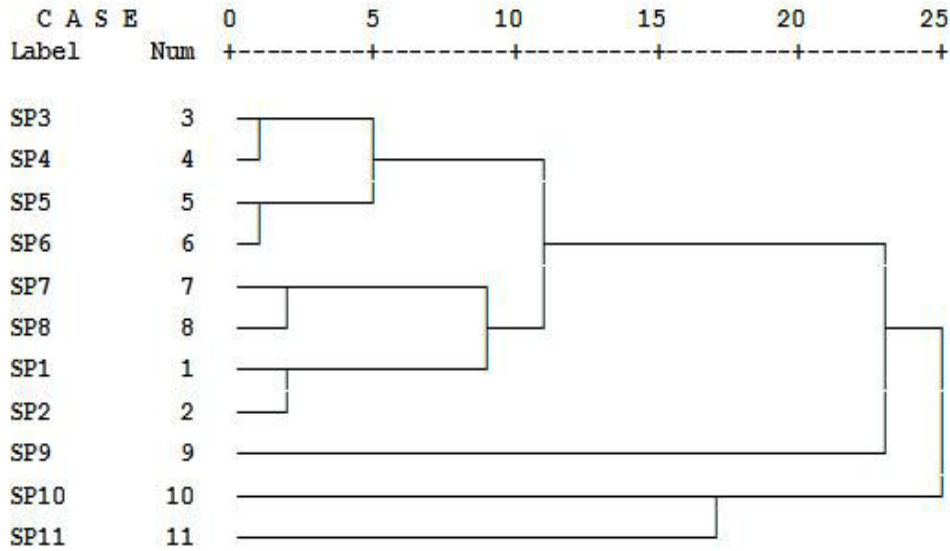
çalışmada materyal olarak 119 türe ait toplam 149 genotip kullanılmış olup filogenetik çalışmalar 8 tane plastit genomuna ait 8 bölge kullanılarak yürütülmüştür. Çalışmadan elde edilen sonuçlar bu cinse ait üyelerin kökeninin monofiletik olduğunu gösterirken bu sonuçlar daha önceki çalışma sonuçlarıyla benzerlik göstermiştir. Filogenetik analizlerden elde edilen kanıtlar bu cinse ait genotiplerin materyalin elde edildiği bölgede farklı zamanlarda kolonize olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca bu genotipler arasındaki farklılaşma seviyeleride değişiklik göstermiştir. Moleküller veriler bu genotiplerin kimisinin Avustralya kökenli olduğunu ortaya koyarken kimisinin Güney Asya kökenli olduğunu ortaya koymuştur (Duangjai ve ark., 2009).

Farklı ploidi seviyelerine sahip *Diospyros* türlerinin genomik organizasyonunu anlamak için yapılan bir çalışmada 3 farklı tekrarlayan DNA bölgesi klonlanmış ve bu bölgelerin 10 tane *Diospyros* türündeki genomik dağılımları karşılaştırılmıştır. Genomik Southern hibridizasyon çalışması EcoRV- tekrarlı DNA bölgesinin *D.glandulosa* ($2n=2x=30$), *D.olifera* ($2n=2x=30$), *D. Lotus* ($2n=2x=30$), *D.virginiana* ($2n=6x=90$) ve *D.kaki* ($2n=6x=90$) türlerinde bulunduğunu göstermiştir. Ayrıca *D.virginiana* hariç diğer tüm türlerde HincII- tekrarlı DNA bölgeleri bulunmuştur. Florosensin situ hibridizasyon analizleri bu bölgelerin ağırlıklı olarak kromozomların proksimal ve sentromerik bölgelerinde bulunduğunu ortaya koymuştur. *D. Ehretioides* türünden klonlanan DraI- tekrarlı dizisi test edilen diğer *Diospyros* türlerinde bulunmamıştır. Bu durum *D. Ehretioides* türünün genomik organizasyon açısından diğer türlerden farklılık gösterdiğini ortaya koymaktadır (Choi ve ark., 2003).



Şekil 2.1. On *Diospyros* türünde EcoRV, Hinc 2 ve Dra 1 tekrarlı DNA bölgelerinin analizi

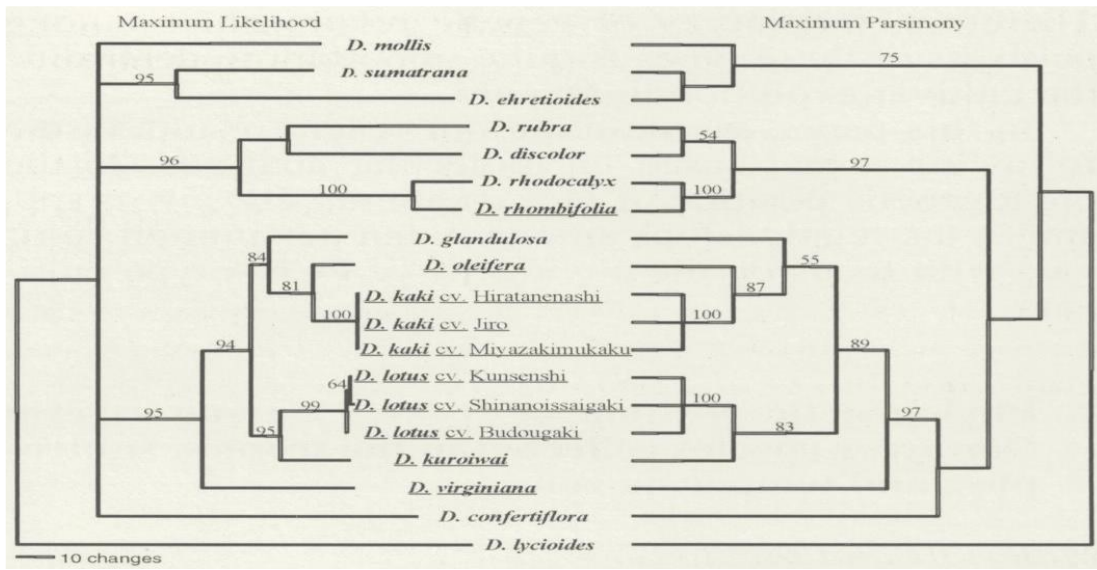
Mısır da bulunan *Ebenaceae* familyasına ait türlerin taksonomisine yönelik yapılan bir çalışmada materyal olarak toplam 10 tane tarımı yapılan (*Diospyros chloroxylon* Roxb; *Diospyros discolor* Willd; *Diospyros ebenum* J.Koenig, *Diospyros malabarica* (Desr.) Kostel., *Diospyros mespiliformis* Hochst.ex A. DC, *Diospyros kaki* Thunb. *Diospyros lotus* L., *Diospyros montana* Rob., *Diospyros malabarica pseudebenus* E. Mey. ex A. DC. *Euclea polyandra* (L.f.)E.Mey. ex Hiern) ve 1 tane yabancı takson (*Euclea racemosa* subsp. schimperii (A.DC.) F. White) kullanılmıştır. Morfolojik karakterlere dayalı numerik analizler sonucu çalışılan taksonlar 5 farklı kümeye ayrılmış olup taksonlar arasında önemli ölçüde benzerlikler görülmüştür. 1.Grupta *Diospyros discolor* ve *Diospyros montana* yer alırken, 2.Grupta *Diospyros kaki* ve *Diospyros lotus*, 3.Grupta *Diospyros ebenum* ve *Diospyros mespiliformis*, 4.Grupta *Diospyros discolor* ve *Diospyros malabarica*, 5.Grupta *Euclea racemosa* ve *Euclea pseudebenus* yer almaktadır. Çalışılan taksonlar arasında benzerlik derecesine dayalı olarak (*Diospyros chloroxylon*& *Diospyros montana*); (*Diospyros kaki* & *Diospyros lotus*); (*Diospyros ebenum* & *Diospyros mespiliformis*) ve (*Diospyros discolor* & *Diospyros malabarica*) gruplarında benzerlik oranı sırasıyla %85, %83,3, %82.4 ve %82 olarak bulunmuştur. Çalışma sonucunda morfolojik karakterlerin taksonomideki tamamlayıcı rolü vurgulanmıştır (Abd El Halim ve ark., 2014).



Şekil 2.2. *Ebenaceae* türlerinin dağılımını gösteren UPGMA dendogramı (Abd El Halim ve ark.)

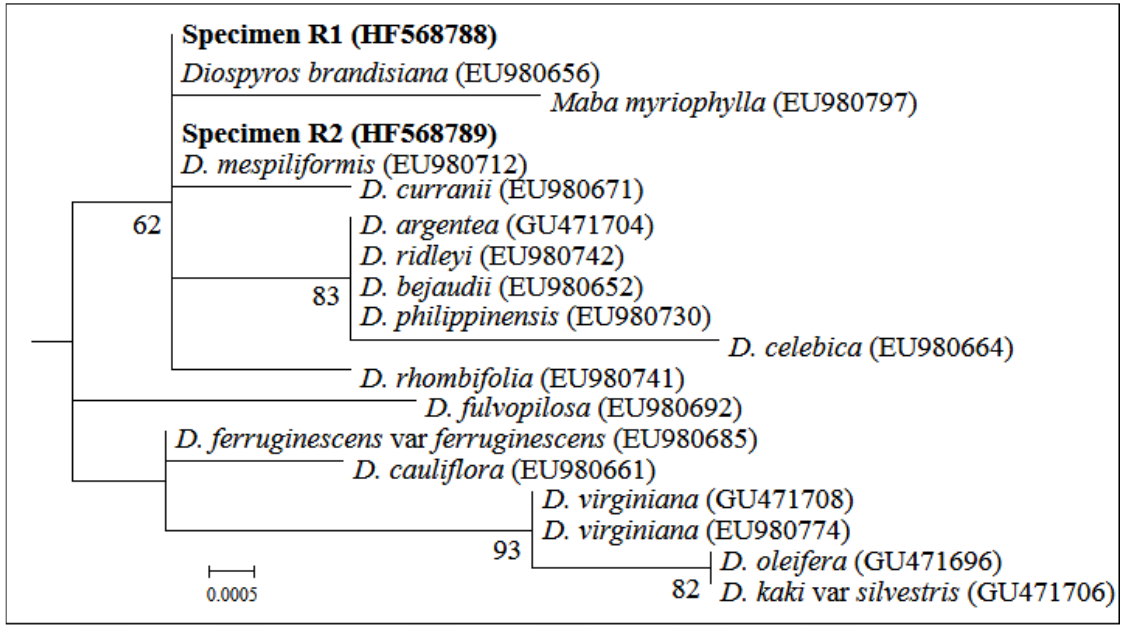
Trabzon hurması (*Diospyros kaki* L.) 'nin diğer 14 akraba türle filogenetik ilişkisini ortaya koymak üzere yapılan bir çalışmada Genomik DNA (ITS) ve plastid

DNA (matK) bölgeleri kullanılmıştır. Maksimum parsimony, maksimum likelihood ve Neighbor joining yöntemleri kullanılarak yapılan analizler Çin'e özgü *Diospyros oleirefa*'nın *Diospyros kaki* ile diğer türlere göre daha yakın akraba tür olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca *Diospyros kaki* türünün Asya kıtasındaki gelişimini incelemek için bu türe ait 20Kore, 102 Japon ve 24 Çin genotipi kullanılıp bu genotipler 496 AFLP markırıla taranmıştır. Neighbor joining analizi sonucu oluşan köksüz dendrogram bu genotiplerin bağımsız gelişimlerini ortaya koymuştur. Ayrıca sürekli tozlanan ve buruk olmayan Japon genotiplerinin sürekli tozlanmayan genotiplerden ayrıştığı bulunmuştur (Yonemori ve ark., 2008).



Şekil 2.3. ITS ve matK bölgelerine ait dizilerin maksimum likelihood ve maksimum parsimonv yöntemleri ile analizi sonucu oluşan filogenetik ağaçlar (Yonemori ve ark., 2008)

Soyu yok olma tehlikesiyle karşı karşıya olan Suudi Arabistan'daki *Diospyros mespiliformis* türü plastid genomuna ait rbcL bölgesi kullanılarak moleküler tanımlanması yapılmıştır. Gu gen bölgesinin filogenetik analizi sonucu *Diospyros mespiliformis* türünün *Diospyros brandisian* ile yakın akraba olduğunu ortaya koymuştur. Bu gen bölgesine ait kısmi diziler *Diospyros mespiliformis* türünün diğer yakın akraba türlerden ayırmada yetersiz kalmıştır. Ancak bu gene ait daha uzun primerler kullanılarak yapılan dizi analizi *Diospyros mespiliformis* türünü başarıyla yakın akraba türlerden ayırmıştır. *Diospyros mespiliformis* ve *Diospyros brandisian* 99,45 % benzerlik oranı ile yakın akraba oldukları görülmüştür (Alaklabi ve ark., 2014).



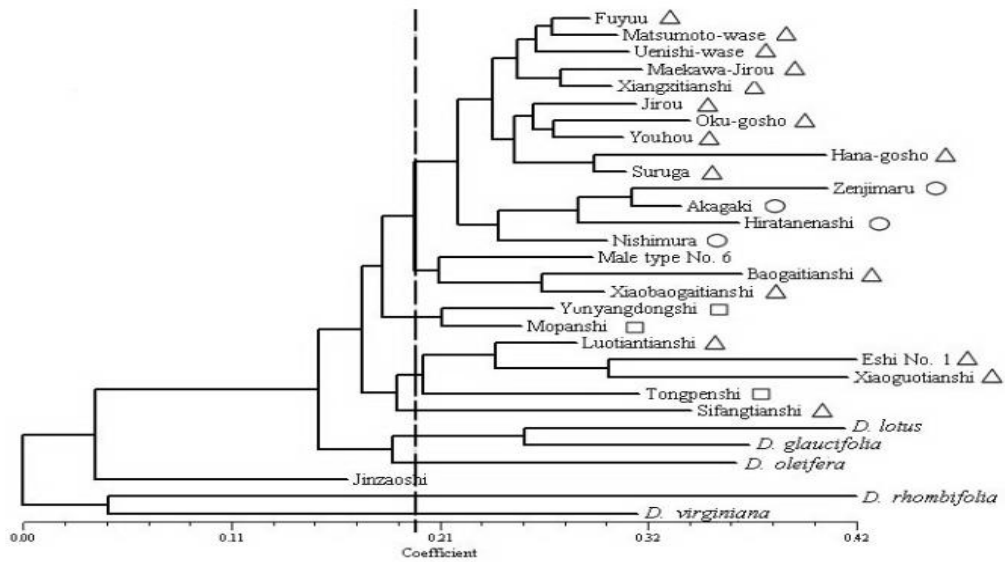
Şekil 2.4. Diospyros cinsine ait türlerin rbcL gen dizilerinin maksimum likelihood analizi ile oluşturulan filogenetik ağaç (Alaklabi ve ark., 2014)

Ericales takımı içindeki filogenetik ilişkileri belirlemek amacıyla yapılan bir çalışmada *rbcL*, *ndhF*, *atpB* ve mitokondriyel genomuna ait *atp1* ve *matR* bölgelerine diziler tek başına ya da kombinasyonlar halinde değerlendirilmiştir. Çeşitli iyi tanımlanmış gruplar tanımlanmışsa da dizilerin hiçbiri tek başına ya da kombinasyonlar halinde gruplar arasındaki ilişkiyi tam olarak açıklayamamıştır. *Theaceae* familyası hariç çalışılan bütün familyaların monofiletik oldukları bulunmuştur. *Marcgraviaceae*, *Balsaminaceae*, *Pelliceraceae* ve *Tetrameristaceae* familyaları geri kalan familyalarla kardeş olan monofiletik bir grup oluşturmuşlardır. *Fouquieriaceae* ve *Polemoniaceae* familyaları aralarındaki ilişki tam olarak açıklanmamış olan sekiz grupta ayrı bir grup oluşturan familyaların çoğunluğuyla kardeş olan bir grup oluşturmuştur. Çalışma sonunda familyaların oluşturmuş oldukları gruplar sırasıyla; (1) *Ficalhoa*, *Sladenia* ve *Pentaphylacaceae*; (2) *Theaceae-Theoideae*; (3) *Ebenaceae* ve *Lissocarpaceae*; (4) *Symplocaceae*; (5) *Maesaceae*, *Theophrastaceae*, *Primulaceae*, ve *Myrsinaceae* (6) *Styracaceae* ve *Diapensiaceae* (7) *Lecythidaceae* ve *Sapotaceae* (8) *Actinidiaceae*, *Roridulaceae*, *Sarraceniaceae*, *Clethraceae*, *Cyrillaceae*, ve *Ericaceae* (Anderberg ve ark., 2002).

Toplam 29 genotip içeren 7 *Diospyros* L. Türünün kloroplast genomuna ait kodlanmayan bölgelerini çoğaltmak için 10 evrensel primer kullanılmış ve kloroplast

genomunun yaklaşık % 12.6'lık kısmı analiz edilmiştir. Çoğaltılan ürünler yedi restriksiyon enzimi kullanılarak kesilmiştir. Sonuçlar türler arası cpDNA bölgesinde polimorfizm varlığına işaret ederken “Male strain” isimli genotip hariç test edilen diğer 22 genotipte tür içi varyasyona rastlanmamıştır. Ayrıca Trabzon hurmasının *Diospyros lotus* ve *Diospyros glaucifolia*, ile yakın akraba olduğunu ancak *Diospyros virginiana* ve *Diospyros rhombifolia* ile kısmen ayrıştığını göstermiştir. Çalışma sonunda farklı kesim paternlerine sahip olan Jinzaoshi genotipinin diğer genotiplerden farklı olduğu ve yeni bir *Diospyros* türü olabileceği belirtilmiştir (Hu ve ark., 2008).

Japon Trabzon hurması örnekleri arasındaki genetik ilişkileri ortaya koymak amacıyla SSR markırların kullanıldığı bir çalışmada toplam 18 primer kullanılmıştır. (*Diospyros kaki*) türüne ait 14 japon ve 10 Çin genotipi ile 6 akraba türden (*D. lotus*, *D. glaucifolia*, *D. oleifera*, *D. rhombifolia*, *D. Virginiana* ve Jinzaoshi (Tam olarak tanımlanmamış ve daha önce (*Diospyros kaki*) olarak bilinmektedir) toplamda 262 bant elde edilmiştir. *D.kaki*'den geliştirilen bütün SSR markırları diğer türler arasındaki genetik ilişkileri açığa çıkarmak için başarıyla kullanılmıştır. Kullanılan primerlerin çoğunun 0.66 değerine eşit ya da daha yüksek bir değerle oldukça polimorfik oldukları belirlenmiştir. Çalışma sonunda Neighbor joining ve temel bileşen analizleri ile elde edilen sonuçların aynı oldukları bildirilmiştir (Guo ve Luo, 2011).



Şekil 2.5. 30 tane Japon tarbzon genotiplerine ait Neighbor joining dendogramı (Guo ve Luo, 2011)

3. MATERYAL VE METOD

3.1. Materyal

Bu çalışma 2018-2019 yılları arasında Siirt Merkez, Şirvan, Erüh, ilçeleri ve bağlı köylerde yürütülmüştür. Araştırmanın materyalini, yörede uzun yıllardır yetiştiriciliği yapılan Trabzon hurması çeşitlerinden doğal olarak tohumdan yetişmiş genotiplerine ait çok sayıdaki Trabzon hurması ağacı ve meyveleri oluşturacaktır.

Tablo3.1. Materyallerin alındığı yerler

Genotip	İl/İlçe	Alındığı Yerin Sahibi veya Köy/Mahalle Adı
<i>Diospyros kaki</i> 1	Merkez1	Çakmak Mah.
<i>Diospyros kaki</i> 2	Merkez3	Çakmak Mah.
<i>Diospyros kaki</i> 3	Merkez2	Çakmak Mah.
<i>Diospyros kaki</i> 4	Şirvan2	Pirinçli köyü/ Mehmet Yıldırım
<i>Diospyros kaki</i> 5	Şirvan 1	Pirinçli köyü/ Mehmet Yıldırım
<i>Diospyros kaki</i> 6	Şirvan 3	Pirinçli köyü/ Mehmet Yıldırım
<i>Diospyros kaki</i> 7	Erüh	Sarı gül Mah.
<i>Diospyros kaki</i> 8	Erüh	Dih Mah. Eski Cad.
<i>Diospyros kaki</i> 9	Erüh	İsmail Erdemci

3.1.1. Genomik DNA izolasyonunda kullanılan kimyasallar

3.1.1.1. CTAB yöntemi ile yapılan DNA izolasyonu kimyasalları

DNA izolasyonu, Doyle ve Doyle (1987) taraflarından geliştirilen, Karaca ve ark. (2005) tarafından modifiye edilen CTAB (cetyltrimethylammonium bromide) metodu uyarlanarak yapılmıştır. DNA İzolasyonunda kullanılan tüm kimyasallar tablo 3.2 'de gösterilmiştir.

Tablo 3.2. CTAB Metoduyla yapılan DNA izolasyonunda kullanılan kimyasallar

Çözelti	Kompozisyonu
Ekstraksiyon tamponu	0.35 M sorbitol, 100 mM Tris-HCl (pH: 7.5), 5 mM EDTA (pH:7.5), %2 Tween, %1 Triton-X, %1 BME
Lizis tamponu	200 mM Tris-HCl (pH:8.0), 50 mM EDTA (pH:8.0), 2M NaCl, %2 PPVP, %2 CTAB, %2 Triton-X, %2 BME
LiCl	8.0 M
SLS	%20
CIS	Cloroform:İzomil alkol-24:1
İzopropanol	%100
NaCl	5.0 M
TE (Tris-EDTA)	pH:7.5
RNase	10 mg / mL
NaAc	3.0 M, (pH:5.2)
KAc	2.0 M, (pH:5.5)
Etanol	%100
TE (Tris-EDTA)	pH:8.0

3.1.1.2. PZR'de kullanılan kimyasallar ve özellikleri

Tablo 3. 3. PZR'de kullanılan primerler ve özellikleri

Primer	Nükleotid Dizisi	Tm Değeri
ITS-4	CCTTATCATTTAGAGGAAGGAG	52.1 °C
ITS-5A	TCCTCCGCTTATTGATATGC	49.9 °C
<i>trnLf</i>	ATTTGAACTGGTGACACGAG	52.8 °C
<i>trnLe</i>	GGTTCAAGTCCCTCTATCCC	54.4 °C

Tablo 3.4. PZR'de kullanılan kimyasallar

Kimyasalın adı	Miktarı	Konsantrasyon
Kalıp	4 µL	
Primer F	1.2 µL	pmol/ml
Primer R	1.2 µL	pmol/ml
dNTP	1 µL	10 mM
Taq	0.7 µL	
Taq Tampon	5 µL	10 X
MgCl ₂	6 µL	25 mM
BSA	2 µL	
dH ₂ O	29,3 µL	
Toplam	50 µL	

3.1.1.3. Agaroz jel elektroforezinde kullanılan kimyasallar

Agaroz jel elektroforezinde 1X'lik TBE kullanılır. 1X'lik TBE hazırlamak için 5X TBE tamponu seyreltilir. 5X TBE Tamponun hazırlanışı Tablo 3.5'te verilmiştir.

Tablo 3.5. XTBE Çözeltisinin hazırlanışı

Kimyasalın Adı	Miktarı
Tris-Baze	108 g
Borik Asit	55 g
0.5M pH:8 EDTA	40 ml
Saf Su	1 L

3.2. Metod

3.2.1. Bitkilerden genomik DNA izolasyonu

3.2.1.1. CTAB protokolü

1. Yaklaşık olarak 0.5 g yaprak örneği sıvı azot kullanılarak porselen havanlarda ezildi.
2. 2 ml'lik tüpe alınmış 0,2 gr (yaklaşık 200 µl) ezilmiş doku üzerine 1000 µl EB çözeltisi eklenerek 3-5 dk vortekslendikten sonra 10000 rpm de 10 dk çöktürüldü.
3. Çöktürme işleminden sonra üst faz dikkatlice dökülerek kalan pellet üzerine 350 ul LB çözeltisi eklenerek iyice vortexlendikten sonra bunun üzerine 350 ul (8.0 M) LiCl eklenip tekrar vortexlenerek iyice karıştırılması sağlandı.
4. İyice vortexlendikten sonra 40 ul %20 SLS çözeltisi eklenip 65 °C deki su banyosunda 40 dk bekletildi (her 10 dk da bir 45 sn vortex yapıldı).
5. Su banyosundan alınan örnekleri buz üzerinde soğuttuktan sonra üzerine daha önce hazırlanmış CIS (Cloroform:İzomil alkol-24:1) 1:1 (yaklaşık 740 ul) oranında katılarak hafifçe karıştırıp 10000g de 10 dk spinlendi. (Bu aşamada 3 faz oluştu en üst faz dikkatlice alına bildiği kadar alındı (yaklaşık 450-600 ul).
6. Alınan süpernatant kadar üzerine tekrar CIS ekleyip 10000g de 5 dk spinlendi. Spinden sonra üst faz dikkatlice alınıp, alınan hacim kadar üzerine izoproponol ve final hacmin 1/20 si kadar 5M NaCl ekleyip -20 °C de 18-20 saat bekletildi (bu aşamada Nükleik asit görüldü).

7. -20 °C den alınan örnekler 10000 g de 5 dk spinlendikten sonra üst faz dikkatlice dökülüp pellet 390 ul TE (pH:7.5) çözülüp üzerine 10 ul RNase ekleyip 37 °C de 30 dk bekletildi.
8. Daha sonra örnekler 37 °C den alınıp üzerine 40 ul 3M lık NaAc (pH:5.2) ekleyip bunun üzerine 3 kat (1320 ul) % 100 etanol ekleyerek 10000g de 5 dk spinlendi.
9. Spinden sonra üst faz dikkatlice döktükten sonra pellet 200 ul TE (pH:8.0, 65 °C) ekleyerek pellet iyice çözüldükten sonra bunun üzerine 40 ul 2M lık KAc (pH:5.5) ekleyerek bunun üzerine 660 ul % 100 etanol ekleyerek 10000g de 5 dk spinlendi.
10. Spinden sonra etanol iyice uzaklaştırılıp pellet 100 ul TE (pH:8.0) çözülerek +4 veya -20 °C de sonraki çalışmalar için saklandı.

3.2.2. Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) Çalışmaları

PZR Toplam reaksiyon hacmi 50 ul olacak şekilde hazırlanmıştır. Bu amaçla 25 mM MgCl₂'den 6 µL, 10 mM dNTP' den 1 µL, 50 pmol/µ,lik primerlerden 2 µL, Taq DNA Polimeraz'dan 0.7 µL, Taq tamponundan 5 µL, BSA'dan 2 µL, kalıp DNA'dan 4 µL, dH₂O'dan 29,3 µL alınarak toplam hacim 50 µL olarak ayarlandı. Çalışma boyunca PZR bileşenleri buz üzerinde muhafaza edildi. Ayrıca PZR çalışmaları boyunca kontaminasyon olup olmadığını kontrol etmek için negatif kontroller kullanıldı.

Tablo 3.6. ITS primer için kullanılan PZR programı

Basamak	Sıcaklık	Zaman	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95 °C	10 dk	1 döngü
Denatürasyon	94 °C	1 dk	35 döngü
Bağlanma	51 °C	1 dk	35 döngü
Uzama	72 °C	2 dk	35 döngü
Final Uzama	72 °C	10 dk	1 döngü
Final Hold	4 °C	25 sa	

Tablo 3.7 *trnL-F* Primeri için kullanılan PZR programı

Basamak	Sıcaklık	Zaman	Döngü Sayısı
Ön Denatürasyon	95 °C	7 dak	1 döngü
Denatürasyon	94 °C	1 dak	35 döngü
Annealing	52 °C	1 dak	35 döngü
Extension	72 °C	2 dak	35 döngü
Final Extension	72 °C	10 dak	1 döngü
Final Hold	4 °C	25 sa	

3.2.3. Agaroz jel elektroforezi

PZR sonucunda oluşan bantları gözlemlemek ve genomik DNA izolasyonu sonuçlarına bakmak amacıyla sırasıyla %1,5'luk ve %1'lik agaroz jel elektroforezi hazırlanmıştır. Bu amaçla sırasıyla 0,6 gr ve 0,8 gr agaroz jel tartıldı ve 40 ml 1 X TBE tamponu içinde, mikrodalga fırında kaynatılarak çözüldü. Karışım 50°C'ye soğutularak içerisine 3 µL Etidyum Bromür boyası ilave edildi. Tampon, daha önceden hazırlanmış olan jel kâsesi içine dökülüp polimerleşmesi için yaklaşık 15 dk beklendi. Ardından taraklar yerinden çıkarılıp elektroforez tankına yerleştirildi. 10 µL PZR ürünü ve 3 µL yükleme boyası karıştırılarak mikropipet yardımıyla kuyucuklara yüklendi. Oluşan bant büyüklüğünü gözlemlemek için 7 µL su, 3 µL yükleme boyası ve 1,5 µL DNA markırı karıştırılarak kuyucuğa yüklendi. Örnekler 90 voltta 30 dk yürütüldü. Daha sonra jel görüntüleme cihazına alınıp UV ışığı altında bilgisayar programı yardımıyla görüntülendi ve fotoğrafı çekilip kaydedildi.

3.2.4. Dizi analizi

Çeşitli primerler kullanılarak çoğaltılan bölgelerin DNA dizilerini elde etmek için PZR ürünleri MEDSANTEK firmasına gönderildi. Dizilerin işlenmesi için BioEdit sequencher bilgisayar programı kullanıldı. DNA dizileri bu programda işlenerek konsensüs dizileri oluşturuldu. Daha sonra bu diziler Word'e kopyalandı ve fasta formatına getirilerek dizi hizalanması için hazır hale getirildi. Dizilerin hizalanması

amacıyla ClustalW programı kullanıldı. Word'e kopyalanan diziler ClustalW programına yapıştırıldı ve dizi hizalaması gerçekleştirildi.

3.2.5. Filogenetik analiz

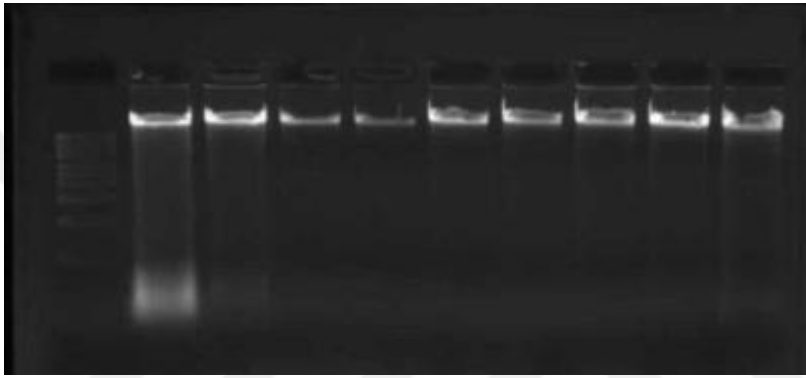
Dizileri hizalanan *Diospyros* cinsine ait türlerin akrabalık ilişkilerini öğrenebilmek için MEGA6 bilgisayar programı kullanıldı. Phylogeny penceresi açılarak Construct/Test Neighbor-joining Tree sekmesi seçildi ve istenilen ağaç kriterleri oluşturularak MEG formatındaki verilerden filogenetik ağaç oluşturuldu. Filogenetik ağaç oluşturmada mesafe temelli yöntemlerden Neighbour Joining (NJ) yöntemi kullanıldı.



4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. DNA Ekstraksiyon Çalışmaları

DNA ekstraksiyonu, Doyle ve Doyle (1987) taraflarından geliştirilen CTAB (cetyltrimethylammonium bromide) metoduna göre yapılmıştır. Elde edilen DNA'ların kaliteleri agaroz-jel ile belirlenmiş olup PZR (polimeraz zincir reaksiyonu) için gerekli ve yeterli DNA 'nın elde edildiği belirlenmiştir. Çalışma materyaline ait gDNA'ların (genomik DNA) agaroz jeldeki görüntüsü Şekil 4.1 'de sunulmuştur.



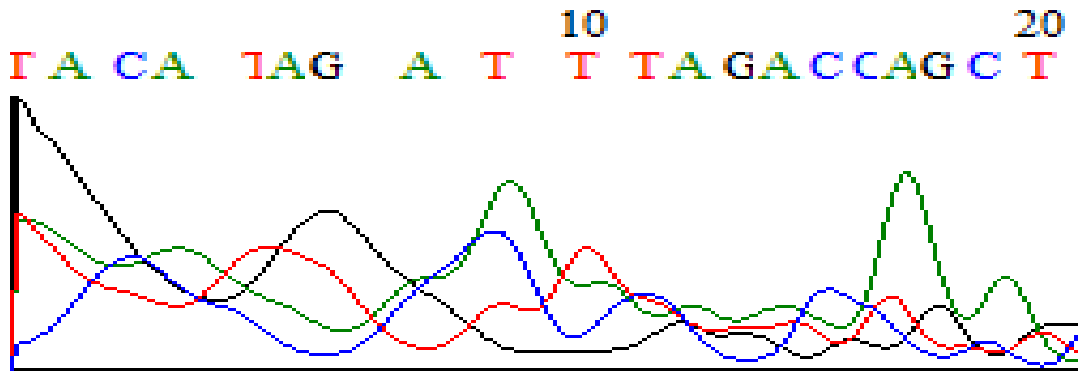
Şekil 4.1. *Diospyros kaki* ITS bölgesine ait jel görüntüsü

4.2. PZR Sonuçları

Ekstraksiyon sonucu elde edilen genomik DNA'ların ITS bölgelerini çoğaltmak amacıyla ITS4 ve ITS5 primerleri kullanılırken, *trnL-F* bölgelerinin amplifikasyonu amacıyla *trnL-Ff* ve *trnLe* primerleri kullanılmıştır..PZR verimini artırmak ve polimeraz aktivitesini optimum hale getirmek amacıyla reaksiyondaki konsantrasyonu 1 mg/ml olacak şekilde BSA (Bovin serum albümin) eklenmiştir.

4.3. Dizileme Analizi

PZR reaksiyonu sonucu amplifiye edilen ürünler dizileme amacıyla MEDSANTEK firmasına gönderilmiştir. PZR ürünleri tek yönlü okutulmuş olup elde edilen diziler çeşitli programlarla (Bioedit sequencher ve MEGA-X) analiz edilmiştir.



Şekil 4.2. *Diospyros kaki* 2 nolu örneğe ait tmlf bölgesinin kromotogram görüntüsünün bir kısmı

Çalışmada kullanılan bölgelere ait dizi verileri ClustalX programı kullanılarak hizalanmıştır.

Species/Abbrv	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*																							
1. <i>Diospyros_kaki_1</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
2. <i>Diospyros_kaki_2</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
3. <i>Diospyros_kaki_3</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
4. <i>Diospyros_kaki_4</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
5. <i>Diospyros_kaki_5</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
6. <i>Diospyros_kaki_6</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
7. <i>Diospyros_kaki_7</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
8. <i>Diospyros_kaki_8</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
9. <i>Diospyros_kaki_9</i>	T	T	T	T	C	A	A	A	A	G	G	A	A	A	A	C	T	T	T	G	T	A	A	G	T	T	T	C	A	G	T	A	T	G	G	A	T	A	A	T
10. <i>Euclea_crispa</i>	T	G	T	T	C	T	A	A	C	A	A	A	T	G	G	A	G	T	T	G	A	C	T	G	C	G	T	T	G	T	A	G	A	G	G	A	A	T	C	

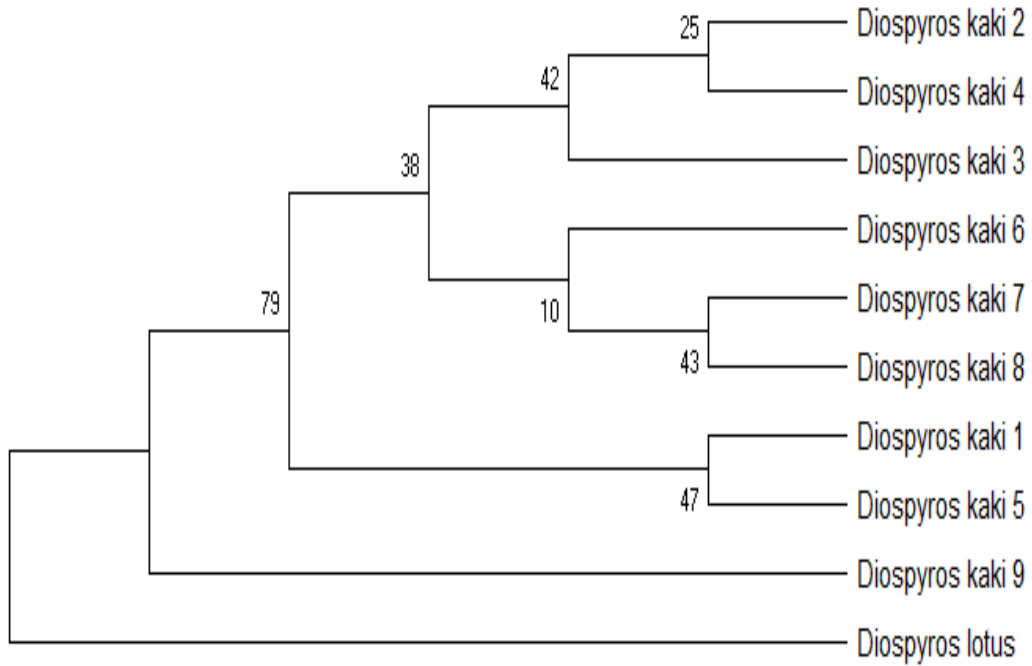
Şekil 4.3. ClustalW programında hizalanmış tmlf dizilerinde bir kısmının görüntüsü

4.4. ITS Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi

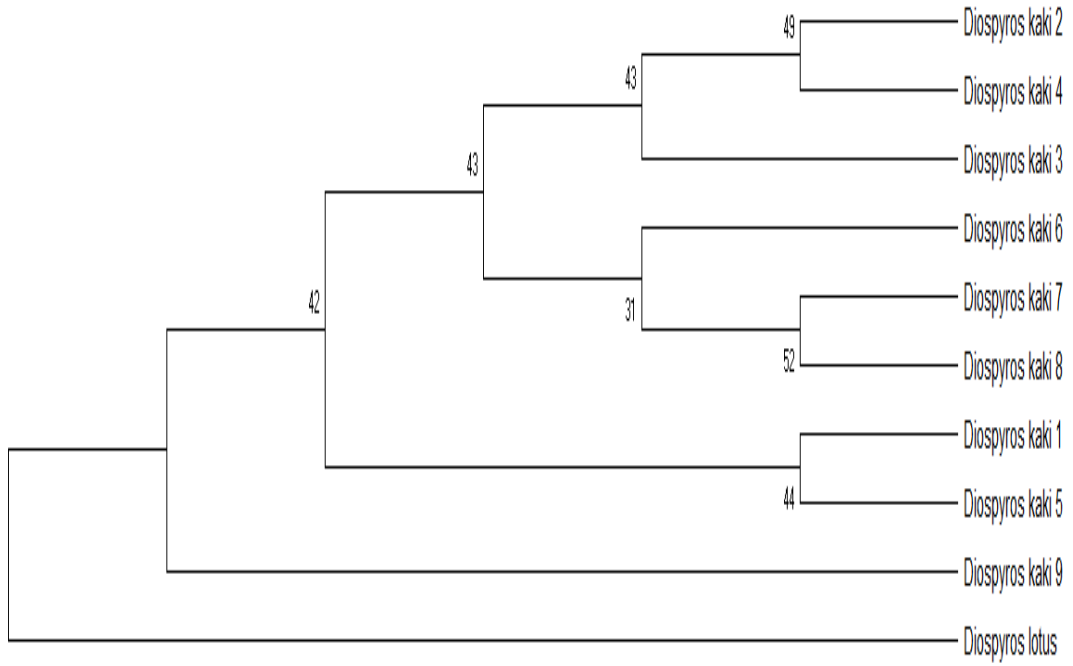
Tür seviyesindeki moleküler sistematik araştırmalar için en çok kullanılan bölgelerden biri rDNA'nın ITS (internal transcribed spacer) bölgesidir. ITS bölgesi; ITS1, 5.8S ve ITS2 bölgelerinden oluşmaktadır (25). Bu bölge özellikle fotosentetik canlılar ve funguslar için sıklıkla kullanılmakta ve bitkiler için muhtemel bir barkod olduğu yapılan çalışmalarla doğrulanmıştır (26). Ayrıca yapılan birçok çalışmada tür seviyesindeki ayırım gücünün yüksek olduğu belirtilmiştir. Veri tabanlarında farklı türlere ait 36000'den fazla ITS dizi verisinin olması bu bölgenin yararlılığını artırmaktadır. ITS bölgesinin avantajlarından biri 5.8S lokusuna komşu olan ITS1 ve ITS2 şeklinde çoğaltılabilmesidir ki bu durum özellikle de grede olmuş örnekler için önemlidir. Aslında oldukça korunmuş olan 5.8S bölgesi şube ve takım seviyesindeki ayırmlar için yeterince bilgi sağlamaktadır (29). Filogenetik çalışmaların aksine,

homoloji deęerlendirmeleri için ITS veya hızlıca evrimleşmiş olan ve kodlanmayan bölgeler kompleks dizi analizleri gerektirmektedir. Bu bağlamda daha düşük taksonomik seviyelerde iç ve dış intergenik bölgeler kullanılırken, daha yüksek olan taksonomik gruplar için evrimleşme süreci daha yavaş olan rDNA bölgesi tercih edilmektedir.

Bu çalışmada Trabzon hurması genotiplerinin ITS ve *trnL-F* bölgeleri PZR ile amplifiye edilerek kullanılmıştır. Dizi verileri incelendiğinde ITS bölgesine ait dizilerin uzunluğunun 773-782 bç, *trnL-F* bölgesine ait dizilerin 416-463 bç arasında deęiştii bulunmuştur. Filogenetik ağaç oluşturmak amacıyla mesafe temelli yöntemlerden UPGMA (Unweighted Pair Group Method Algoritm) ve NJ (Neighbour-Joining) yöntemleri kullanılmıştır. Mesafe temelli yöntemler dizilerin hizalanması temeline dayanmakta ve hesaplanan diziler arasındaki farklılıkların miktarı benzerlik ya da farklılık ilişkisini ortaya koymaktadır.



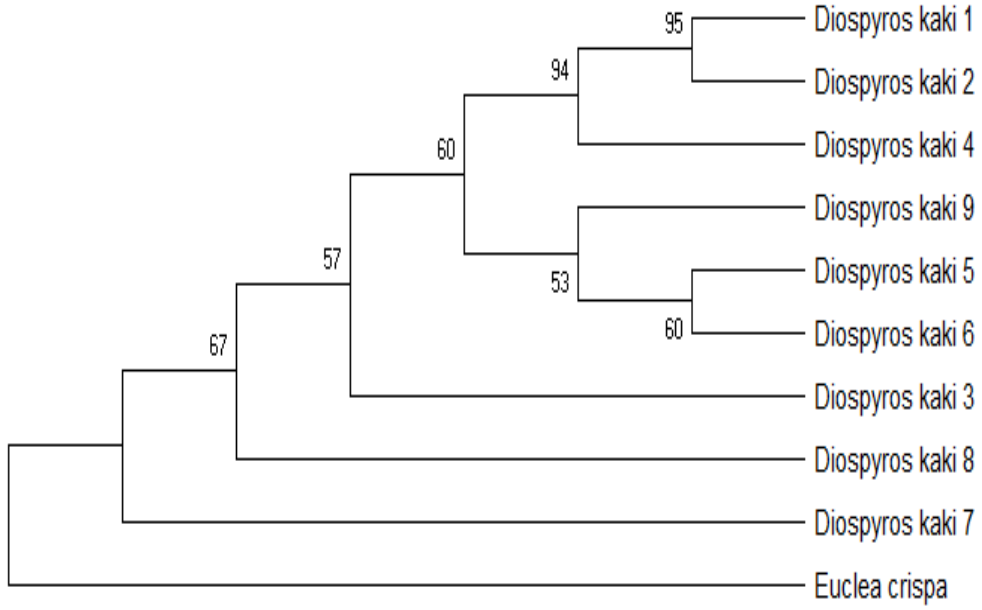
Şekil 4.4. ITS bölgesinin Neighbour-Joining analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap deęerlerini göstermektedir)



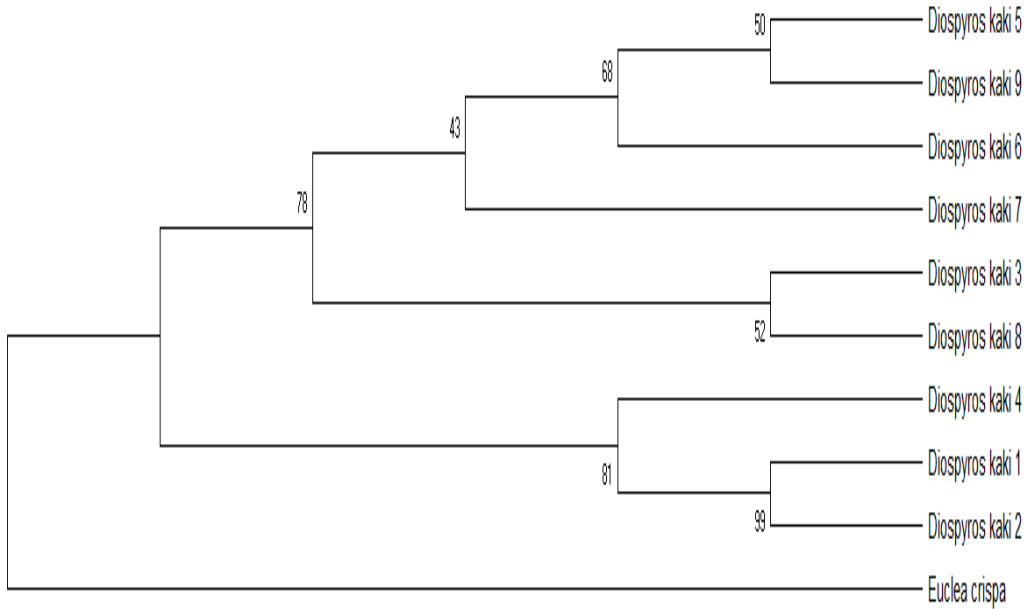
Şekil 4.5. ITS bölgesinin UPGMA analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap değerlerini göstermektedir)

NJ ve UPGMA yöntemleri kullanılarak oluşturulan örneklerin ITS bölgelerine ait filogenetik ağaçlar, bu yöntemlerin farklı algoritmalar kullanmasına rağmen farklı lokasyonlara ait örneklerin gruplandırılmasında oldukça benzer sonuçlar vermişlerdir. Örneğin 9 nolu örnek her iki ağaçta da başlı başına bir grup oluştururken, diğer genotipler ayrı bir grup oluşturmuştur. Dış grup olarak kullanılan *Diospyros lotus* ise ayrı bir grup oluşturmuştur. Bütün genotipler düşünüldüğünde 2, 3 ve 4 nolu örnekler bir grup oluştururken 6, 7 ve 8 nolu örnekler kendi içinde ayrı bir grup oluşturmuş, 1 ve 5 nolu örnekler de diğer bir grup oluşturmuştur.

4.5. *trnL-F* Bölgesine Ait Filogenetik Ağaçlar ve Analizi



Şekil 4.6 *trnL-F* bölgesinin Neighbour-Joining analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap değerlerini göstermektedir)



Şekil 4.7. *trnL-F* bölgesinin UPGMA analizi sonucu oluşan ağacı (Filogenetik ağacın nodlarında yer alan rakamlar bootstrap değerlerini göstermektedir)

trnL-f bölgesinin mesafe temelli yöntemlerden NJ ve UPGMA yöntemleri kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçları farklı özellikler göstermiştir. Örneğin NJ yöntemiyle elde edilen ağaçta 7 nolu örnek başlı başına bir grup oluştururken UPGMA yöntemiyle oluşturulan ağaçta 3, 5, 6, 8 ve 9 nolu örneklerle birlikte bir grup oluşturmuştur. Bütün örnekler göz önünde bulundurulduğunda NJ yöntemiyle oluşturulan ağaçta 1, 2, 3, 4, 5, 6, 8 ve 9 nolu örnekler bir grup oluştururken 7 nolu örnek tek başına bir grup oluşturmuş ve dış grup olarak kullanılan *Euclea crispa* ayrı bir grup oluşturmuştur. UPGMA yöntemiyle oluşturulan ağaçta; 1, 2 ve 4 nolu örnekler bir grupta toplanırken 3, 5, 6, 7, 8 ve 9 nolu örnekler ayrı bir grupta toplanmış, dış grup olarak kullanılan *Euclea crispa* ise ayrı bir grup oluşturmuştur.

Her iki gen bölgesi karşılaştırıldığında ITS bölgesine ait diziler kullanılarak oluşturulan filogenetik ağaçlar kendi içinde daha tutarlı sonuçlar vermiştir. ITS bölgesine ait dizi verileri ve NJ ile UPGMA yöntemleri kullanılarak elde edilen ağaçlar bootstrap değerleri hariç birebir benzerlik göstermektedir. Ancak bootstrap değerleri göz önünde bulundurulduğunda elde edilen sonuçlar ITS bölgesi için genotipler arasındaki akrabalık ilişkilerini açıklamakta farklılık göstermektedir. Örneğin NJ ağacı grupları %79 oranında ayırırken bu değer UPGMA ağacı için % 42 olarak bulunmuştur. *trnL-F* bölgesi için bootstrap değerleri NJ ve UPGMA ağaçları için sırasıyla % 67 ve % 78 olarak hesaplanmıştır.

Bootstrap analizi filogenetik ilişkilerin güvenilirlik derecelerini istatistiksel olarak ortaya koyan çok sayıda analizden biridir. Bu analiz, elde edilen ağaçların dalları üzerinden parsimoni kriteri kullanılarak istatistiksel anlamda en güvenilir dalların belirlenmesinde kullanılmaktadır (Felsenstein, 1985). % 0-100 arasında değişen bootstrap değerleri % 85'den büyükse çok güçlü, % 70-85 arası güçlü, % 50-70 arası zayıf ve % 50'den küçükse çok zayıf şeklinde tanımlanmaktadır (Kress, 2005). Bu çalışmada ITS bölgesi için her iki yöntem kullanılarak elde edilen sonuçların kendi içinde daha tutarlı olması çeşitli nedenlere bağlanabilir. DNA barkodlama çalışmalarında *rbcL*, *atpB*, *ndhF* ve *matK* gibi ekzon bölgeleri ile kodlanmayan *trnL* intron ve *trnL-F* intergenik bölgeleri sıklıkla kullanılmaktadır. Ancak plastit genomuna ait olan bu bölgelerin filogenetik açıdan kısıtlı sayıda bilgi veren bölgelere sahip olmaları bu bölgelerin barkod olarak kullanılmasını sınırlandırmaktadır (Chase ve ark., 2005). Bu sınırlandırmaları ortadan kaldırmak için *rbcL* ve *matK* bazı bölgelerin kombine halinde kullanılması önerilmiştir (Group ve ark., 2009). Ancak bu çalışmalarda

kullanılan tür sayıları oldukça sınırlıdır. Group ve ark. (2011) tarafından yapılan bir çalışmada *rbcL*, *matK*, *trnH-psbA* ve ITS primerlerinin etkinliğini incelemek amacıyla 75 familyadan 1757 tür kullanılmıştır. Çalışma sonucunda ITS primerlerinin en yüksek ayırım gücüne sahip olduğu bildirilmiştir. Ayrıca plastit genomuna ait bölgeler ile ITS bölgesinden elde edilen sonuçların bazı örnekler için uyumsuz oldukları belirtilmiştir.



5. SONUÇ VE ÖNERİLER

5.1. Sonuçlar

Bu tez çalışmasında materyal olarak kullanılan genotiplerin moleküler karakterizasyonu amacıyla plastit genomuna ait *trnL-F* ve çekirdek DNA'sına ait ITS bölgeleri kullanılmıştır. Filogenetik ağaçların oluşturulmasında mesafe temelli yöntemlerden NJ ve UPGMA yöntemleri kullanılmıştır.

Elde edilen sonuçlar karşılaştırıldığında kullanılan gen bölgelerinden ITS bölgesinin kendi içinde daha tutarlı sonuçlar verdiği görülmüştür. *trnL-F* bölgesinden elde edilen sonuçlar kullanılan yöntemlere göre önemli farklılıklar göstermiştir. Bootstrap analizi sonucu en yüksek değer % 79 ile ITS bölgesinin NJ yöntemiyle elde edilen ağacına aitken en düşük değer ise yine aynı bölgenin UPGMA yöntemiyle elde edilen ağacına aittir (% 42). *trnL-F* bölgesinde ise bu değerler NJ ve UPGMA yöntemleri için sırasıyla % 67 ve % 78 olarak hesaplanmıştır. Ağaç topolojisi incelendiğinde her iki bölge için de oluşturulan filogenetik ağaçlar çalışmada kullanılan örnekleri dış grupta dahil olmak üzere toplam 3 grupta toplamıştır. ITS bölgesinden elde edilen sonuçlar incelendiğinde 9 nolu örnek tek başına bir grup oluştururken dış grup ayrı bir grup oluşturmuş ve diğer örnekler kendi içinde bir grup oluşturmuşlardır. Ancak kullanılan yöntemlere göre dallar farklı bootstrap değerleriyle desteklenmiştir. *trnL-F* bölgesi içinde örnekler dış grupta dahil olmak üzere toplam 3 grupta toplanmışlardır. Ancak ITS bölgesinden farklı olarak örneklerin gruplanması kullanılan yöntemlere göre önemli farklılıklar göstermektedir. Ayrıca kullanılan yöntemlere göre hesaplanan bootstrap değerlerinin de farklı oldukları görülmüştür.

5.2. Öneriler

Yapılan bu tez çalışmasında elde edilen veriler Siirt yöresinden toplanan Trabzon hurması genotiplerinin moleküler düzeyde karşılaştırılması ve karakterize edilmesine olanak tanımıştır. Çalışma sonucunda elde edilen veriler ışığında 9 nolu genotip hariç toplanan genotipler arasında önemli farklılıklar görülmemiştir. Bu çalışmanın farklı gen bölgeleri kullanılarak tekrarlanmasının daha sağlıklı sonuçlar sağlayacağı düşünülmektedir.

6. KAYNAKLAR

- Abd El Halim, A.M., Hafeez, R.H., Safwat, A.A., 2014. Taxonomic Revision of *Ebenaceae* in Egypt. *Current Science International* 3(4): 414-425.
- Alaklabi, A., Arif, I.A., Bafeel, S.O., Alfarhan, A.H., Ahamed, A., Thomas, J., Bakir, M.A., 2014. Nucleotide based validation of the endangered plant '*Diospyros mespiliformis*' (*Ebenaceae*) by evaluating short sequence region of plastid *rbcl* gene. *Plant Omics* 7, 102.
- Anderberg, A.A., Rydin, C., Källersjö, M., 2002. Phylogenetic relationships in the order Ericales s.l: analyses of molecular data from five genes from the plastid and mitochondrial genomes. *American Journal of Botany* 89, 677-687.
- Anonim, 2015. <http://tr.wikipedia.org/wiki/Kloroplast> (Ziyaret tarihi: 09.11.2018).
- Anonim, 2018. *Maps of World*. <https://www.mapsofworld.com/world-top-ten/persimmon-producing-countries.html> (Ziyaret tarihi: 18.010.2018).
- Anonim, 2019a. *Food and Agriculture Organization of the United Nations*. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC> (Ziyaret Tarihi: 18.06.2019).
- Anonim, 2019b. *ResearchGate*. https://www.researchgate.net/figure/trnL-F-region-and-primers-This-figure-shows-the-coding-and-non-coding-portions-of-the_fig1_8346824 (Ziyaret tarihi: 17.07.2019).
- Baldwin, B.G., Sanderson, M.J., Porter, J.M., Wojciechowski, M.F., Donoghue, M.J., 1995. The ITS region of nuclear ribosomal DNA: A valuable source of evidence on Angiosperm phylogeny. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 82, 247.
- Barkman, T.J., McNeal, J.R., Lim, S.H., Coat, G., Croom, H.B., Young, N.D., 2007. Mitochondrial DNA suggests at least 11 origins of parasitism in angiosperms and reveals genomic chimerism in parasitic plants. *BMC Evolutionary Biology* 7, 248.
- Burleigh, J.G., Bansal, M.S., Eulenstein, O., Hartmann, S., Wehe, A., Vision, T.J., 2011. Genome-scale phylogenetics: inferring the plant tree of life from 18,896 gene trees. *Systematic Biology* 60, 117-125.
- Burleigh, J.G. and Mathews, S., 2004. Phylogenetic signal in nucleotide data from seed plants: implications for resolving the seed plant tree of life. *American Journal of Botany* 91, 1599-1613.
- Castro, A.J., Picornell, A., Ramon, M., 1998. Mitochondrial DNA: a tool for populational genetics studies, *International Microbiology: the Official Journal of the Spanish Society for Microbiology*, 1, 324-332.
- Chase, M.W., Salamin, N., Wilkinson, M., Dunwell, J.M., Kesanakurthi, R.P., Haidar, N., Savolainen, V., 2005. Land plants and DNA barcodes: short-term and long-

- term goals. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1889-1895.
- Choi, Y.A., Tao, R., Yonemori, K., Sugiura, A., 2003. Genomic distribution of three repetitive DNAs in cultivated hexaploid *Diospyros* spp. (*D. kaki* and *D. virginiana*) and their wild relatives. *Genes & Genetic Systems* 78, 301-308.
- Conte, M.G., Gaillard, S., Droc, G., Perin, C., 2008. Phylogenomics of plant genomes: a methodology for genome-wide searches for orthologs in plants. *BMC Genomics* 9, 183.
- Daniell, H., Lin, C., Yu, M., Chang, W.J., 2016. Chloroplast genomes: diversity, evolution, and applications in genetic engineering. *Genom Biology*, 23;17(1):134.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L., 1987. CTAB DNA extraction in plants. *Phytochemical Bulletin* 19, 11-15.
- Duangjai, S., Samuel, R., Munzinger, J., Forest, F., Wallnöfer, B., Barfuss, M.H., Fischer, G., Chase, M.W., 2009. A multi-locus plastid phylogenetic analysis of the pantropical genus *Diospyros* (*Ebenaceae*), with an emphasis on the radiation and biogeographic origins of the New Caledonian endemic species. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 52, 602-620.
- Felsenstein, J., 1985. Confidence Limits on Phylogenies: an Approach using the Bootstrap, *Evolution*. 39: 783-791.
- Gao, L., SU, Y.J., Wang, T., 2010. Plastid genome sequencing, comparative genomics, and phylogenomics: current status and prospects. *Journal of Systematics and Evolution* 48, 77-93.
- George, A., Mowat, A., Collins, R., Morley-Bunker, M., 1997. The pattern and control of reproductive development in non-astringent persimmon (*Diospyros kaki* L.): A review. *Scientia Horticulturae* 70, 93-122.
- Guo, D. and Luo, Z., 2011. Genetic relationships of the Japanese persimmon *Diospyros kaki* (*Ebenaceae*) and related species revealed by SSR analysis. *Genetics and Molecular Research* 10, 1060-1068.
- Gupta, M, Chyi, Y.S., Romero-Severson, J., Owen, J.L., 1994. Amplification of DNA markers from evolutionarily diverse genomes using single primers of simple-sequence repeats. *Theoretical and Applied Genetics* 89: 998–1006.
- Group, C.P.W., Hollingsworth, P.M., Forrest, L.L., Spouge, J.L., Hajibabaei, M., Ratnasingham, S., Erickson, D.L., 2009. A DNA barcode for land plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(31), 12794-12797.
- Group, C.P.B., Li, D.Z., Gao, L.M., Li, H.T., Wang, H., Ge, X.J., Chen, S.L., 2011. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer

- (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(49), 19641-19646.
- Hu, D., Zhang, Q., Luo, Z., 2008. Phylogenetic analysis in some *Diospyros* spp.(*Ebenaceae*) and Japanese persimmon using chloroplast DNA PCR-RFLP markers. *Scientia horticulturae* 117, 32-38.
- Karaca, M., İnce, A.G., Elmasulu, S.Y., Onus, A.N., Turgut, K., 2005. Coisolation of genomic and organelle DNAs from 15 genera and 31 species of plants. *Analytical Biochemistry* 343, 353-355.
- Kress W.J., 2005. The Molecular Phylogeny of *Alpinia* (*Zingiberaceae*): A Complex and Polyphyletic Genus of Ginger. *American Journal of Botany* 92/1: 167-178.
- Lee, E.K., Cibrian-Jaramillo, A., Kolokotronis, S.O., Katari, M.S., Stamatakis, A., Ott, M., Chiu, J.C., Little, D.P., Stevenson, D.W., McCombie, W.R., 2011. A functional phylogenomic view of the seed plants. *PLoS Genetics* 7, e1002411.
- Liang, Y., Han, W., Sun, P., Liang, J., Wuyun, T., Li, F., Fu, J., 2015. Genetic diversity among germplasms of *Diospyros kaki* L. based on SSR markers. *Scientia Horticulturae* 186, 180-189.
- Luo, Z., 2006. Extending shelf-life of persimmon (*Diospyros kaki* L.) fruit by hot air treatment. *European Food Research and Technology* 222, 149-154.
- Matsumoto, T., Mochida, K., Itamura, H., Sakai, A., 2001. Cryopreservation of persimmon (*Diospyros kaki* Thunb.) by vitrification of dormant shoot tips. *Plant Cell Reports* 20, 398-402.
- Onur, S., 1990. Trabzon hurması. *Derim* 7, 4-47.
- Palmer, J.R., 1985. Chloroplast DNA and Molecular Phylogeny. *BioAssay*, 2 (6), 263-267.
- Powell, W., Machray, G.C., Provan, J., 1996. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Trends in Plant Science*, 1:215-222.
- Quandt, D., Müller, K., Stech, M., Frahm, J.P., Frey, W., Hilu, K.W., Borsch, T., 2004. Molecular Evolution of the Chloroplast TRNL-F region in Land Plants, *Monographs in Systematic Botany from the Missouri Botanical Garden*, 98, 13-37.
- Rafalski, J.A. and Tingey, S.V., 1993. Genetic diagnostic in plant breeding: RAPDs, microsatellites and machines. *Trends in genetics* 9 (8), 275-280.
- Rasmussen, H.B., 2012. Restriction Fragment Length Polymorphism Analysis of PZR-Amplified Fragments (PZR-RFLP) and Gel Electrophoresis-Valuable Tool for Genotyping and Genetic Fingerprinting. *Institute of Biological Psychiatry, Mental Health Centre Sct. Hans, Copenhagen University Hospitals, Roskilde, Denmark* , 315-334.

- Ridout, C.R. and P.Donini., 1999. Use of AFLP in cereals research, *Trends in Plant Science* 4:76-79.
- Saiki, R.K., Gelfand, D.H., Stoffel, S., Scharf, S.J., Higuchi, R., Horn, G.T., Mullis, K.B., Erlich, H.A., 1988. Primer directed enzymatic amplification of DNA with a thermostable DNA polymerase, *Science*, 239, 487-491.
- Saski, C., Lee, S.B., Daniell, H., Wood, T.C., Tomkins, J., Kim, H.G., Jansen, R.K., 2005. Complete chloroplast genome sequence of Glycine max and comparative analyses with other legume genomes. *Plant Molecular Biology*, 59:309–22.
- Sanderson, M.J. and McMahon, M.M., 2007. Inferring angiosperm phylogeny from EST data with widespread gene duplication. *BMC Evolutionary Biology* 7, 1.
- Small, R.L., Cronn, R.C., Wendel, J.F., 2004. Use of nuclear genes for phylogeny reconstruction in plants, *Australian Systematic Botany*, 17, 145-170.
- Tanaka, M., Takahata, Y., Nakayama, H., Yoshinaga, M., Kumagai, T., Nakatani, M., 2010. Development of cleaved amplified polymorphic sequence (CAPS)-based markers for identification of sweetpotato cultivars, *Scientia Horticulturae*, 123, 436-442.
- Tao, R. and Sugiura, A., 1992. Micropropagation of Japanese persimmon (*Diospyros kaki* L.), High-Tech and Micropropagation II. *Springer*, pp. 424-440.
- Tez, C., 2012. Türkiye’de Yayılış Gösteren *Sideritis* L. (*Lamiaceae*) Cinsinin *Empedoclia* Seksiyonuna Ait Taksonların Its Çekirdek Ribozomal DNA Dizilerine Dayalı Filogenetik Analiz, *Bahkesir Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoloji Anabilim Dal*, Yüksek lisans tezi, 31-33.
- Tanksley, S.D., Ganai, M.V., Prince, J.P., de Vicente, M.C., Bonierbale, M.W., Broun, P., Fulton, T.M., Giovannoni, J.J., Grandillo, S., Martin, G.B., Messeguer, R., Miller, J.C., Miller, L., Peterson, A.H., Pineda, O., Roder, M.S., Wing, R.A., Wu, W., Young, N.D., 1992. High density molecular maps of the tomato and potato genomes, *Genetics*, 132:1141- 1160.
- Tuzcu, Ö. ve Yıldırım, B., 2000. Trabzon Hurması (*Diospyros kaki* L.) ve Yetiştiriciliği. *TÜBİTAK TARP Yayınları*, Adana.
- White, T.J., Bruns, T., Lee, S., Taylor, J., 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribozomal RNA genes for phylogenetics. *Academic Press Inc Elsevier Science*, San Diego, USA.
- Yonemori, K., Kanzaki, S., Honsho, C., Akagi, T., Parfitt, D., 2008. Phylogeny and cultivar development of *Diospyros kaki*: a survey based on molecular analyses. *Advances in Horticultural Science*, 261-268.
- Zhu, X.Y., Chase, M.W., Qiu, Y.L., Kong, H.Z., Dilcher, D.L., Li, J.H., Chen, Z.D., 2007. Mitochondrial matR sequences help to resolve deep phylogenetic relationships in rosids. *BMC Evolutionary Biology* 7, 1.

Zhu, X.Y., 2007. Mitochondrial matR sequences help to resolve deep phylogenetic relationships in rosids, *BMC Evolutionary Biology*, **7**(1): 1.



EKLER

EK-1 Çalışılan Türlerin ITS Bölgesine Ait Diziler

Diospyros kaki 1

TCCGGGCAGCGCGGATCTCTGTGTGACTGCGGAGGATCATTGTCAAGCCCT
ATAAGAGCAGAACGACCCGCGAACCCTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGC
AGCCCTTGCGGTGCCCTTTCCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCAC
GGCAATGGATTGTCGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAACACCGATGCAGG
ACGTGCCAAGGAAACGAAACAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATA
GCAACGGGGCATCGCGTCTTTCACTTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACG
GATATCTCGACTCGCATCAATGAAGAACGTAGCAAAATGTGATATTTGG
TGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCC
CGAAGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCG
CCCCCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATGAGGGATGGGCGTGTGGGC
GATGGGGTAAACTTGGCCCCACGTGCCCCGTGAGGGCACGATAGGCCAAA
AAAAGGATCTCAGTGGTGGCGGTCATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACC
TTCGTGCCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCC
TCTGCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAGGGCATAACACACAACGT
GACCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTAAGCATATCAATAAGCG
GAGGAA

Diospyros kaki 2

CCGCGGATCTTCTGTGGTACCCTGCGGAGGATCATTGTCAAGCCCTATAAGA
GCAGAACGACCCGCGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGCAGCCCT
TGCGGTGCCCTTTCCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCACGGCAA
TGGATTGTCGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAACACCGATGCAGGACGTG
CCAAGGAAACGAAACAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATAGCAA
CGGGGCATCGCGTCTTTCACTTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACGGATA
TCTCGACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATATTTGGTGTG
AATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCCCGA
AGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCGCC
CCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGTGGGCGAT
GGGGTAAACTTGGCCCCACGTGCCCCGTGAGGGCACGATAGGCCAAAAAA
AAGGATCTCAGTGGTGGCGGTCATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACCTTC
GTGCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCCTCT
GCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAGGGCATAACACACAACGTGA
CCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTAAGCATATCAATAAGCCGG
GAGGAA

Diospyros kaki 3

CCCTGGCCCCATCTGCCGTACCCTGCGGAGGATCATTGTCAAGCCCTATAAG
AGCAGAACGACCCGCGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGCAGCCC
TTGCGGTGCCCTTTCCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCACGGCA
ATGGATTGTCGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAACACCGATGCAGGACGT
GCCAAGGAAACGAAACAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATAGCA
ACGGGGCATCGCGTCTTTCACTTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACGGAT

ATCTCGACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATATTTGGTGT
GAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCCCG
AAGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCGCC
CCCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGTGGGCGA
TGGGGTAAAACCTTGGCCCCACGTGCCCGTGAGGGCACGATAGGCCAAAAA
AAAGGATCTCAGTGGTGGCGGTCATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACCTT
CGTGCCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCCTC
TGCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAAGGGCATAACACACAACGTG
ACCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTTAAGCATATCAATAAGC
GGAGGAA

Diospyros kaki 4

GCCCTTAGTCGCCTGGGTACCCTGCGGAGGATCATTGTCAAGCCCTATAAGA
GCAGAACGACCCGCGGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGCAGCCC
TTGCGGTGCCCTTTCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCACGGCA
ATGGATTGTGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAACACCGATGCAGGACGT
GCCAAGGAAACGAAACAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATAGCA
ACGGGGCATCGCGTCTTTCACCTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACGGAT
ATCTCGACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATATTTGGTGT
GAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCCCG
AAGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCGCC
CCCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGTGGGCGA
TGGGGTAAAACCTTGGCCCCACGTGCCCGTGAGGGCACGATAGGCCAAAAA
AAAGGATCTCAGTGGTGGCGGTCATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACCTT
CGTGCCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCCTC
TGCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAAGGGCATAACACACAACGTG
ACCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTTAAGCATATCAATAAGCCG
GAGGAAAATGGGA

Diospyros kaki 5

ATTTGTTCTCTGCAGATCTCTGTGTGCACTGCGGAGATCATTGTCAAACCCT
AGTAAGAGCAGAACGACCCGCGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGGAGGG
GGCAGCCCTTGCGGTGCCCTTTCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCC
TCACGGCAATGGATTGTGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAACACCGATG
CAGGACGTGCCAAGGAAACGAAACAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAA
CTATAGCAACGGGGCATCGCGTCTTTCACCTTACGTATAAAATGACTCTCGA
CAACGGATATCTCGACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATA
TTTGGTGTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTT
GCGCCCGAAGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACAT
CGTCGCCCCCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGT
GGGCGATGGGGTAAAACCTTGGCCCCACGTGCCCGTGAGGGCACGATAGGCC
CAAAAAAAGGATCTCAGTGGTGGCGGTCATAGCTGGTGGTGGTTGTCAA
AACCTTCGTGCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCG
ACCCTTGCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAAGGGCATAACACAC
AACGTGACCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTTAAGCATATCAAT
AAGCCGGAGGAA

Diospyros kaki 6

GCCGGCAGGCGCCCTGCGGTACCCTGCGGAGGATCATTGTCAAGCCCTAGT
AAGAGCAGAACGACCCGCGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGCA
GCCCTTGCGGTGCCCTTTCCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCACG
GCAATGGATTGTGCGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAAACACCCGATGCAGGA
CGTGCCAAGGAAACGAAACAAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATAG
CAACGGGGCATCGCGTCTTTCACTTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACGG
ATATCTCGACACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATATTTGGT
GTGAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCCC
GAAGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCGC
CCCCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGTGGGCG
ATGGGGTAAAACCTTGGCCCCACGTGCCCGTGAGGGCACGATAGGCCCAAAA
AAAAGGATCTCAGTGGTGGCGGTACATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACCT
TCGTGCCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCCT
CTGCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAAGGGCATAACACACAACGTG
ACCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTAAGCATATCAATAACCCG
GAGGAT

Diospyros kaki 7

CCGGTGTTCCTTCCGGTGCCCTGCGGAGGATCATTGTCAAGCCCTATAAG
AGCAGAACGACCCGCGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGCAGCCC
TTGCGGTGCCCTTTCCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCACGGCA
ATGGATTGTGCGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAAACACCCGATGCAGGACGT
GCCAAGGAAACGAAACAAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATAGCA
ACGGGGCATCGCGTCTTTCACTTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACGGAT
ATCTCGACACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATATTTGGTGT
GAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCCCCG
AAGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCGCC
CCCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGTGGGCGA
TGGGGTAAAACCTTGGCCCCACGTGCCCGTGAGGGCACGATAGGCCCAAAA
AAAGGATCTCAGTGGTGGCGGTACATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACCTT
CGTGCCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCCTC
TGCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAAGGGCATAACACACAACGT
GACCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTAAGCATATCAATAAGCG
GAGGAAA

Diospyros kaki 8

CCGGGAGTTTCTGCTGTGCCCTGCGGAGGATCATTGTCAAAGCCCTATAAGA
GCAGAACGACCCGCGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGCAGCCCT
TGCGGTGCCCTTTCCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCACGGCAA
TGGATTGTGCGAGCCTTCCTTCAACAAACAACAAACACCCGATGCAGGACGTG
CCAAGGAAACGAAACAAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATAGCAA
CGGGGCATCGCGTCTTTCACTTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACGGATA
TCTCGACACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATATTTGGTGTG
AATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCCCCG
AGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCGCC
CCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGTGGGCGAT

GGGGTAAACTTGGCCCCACGTGCCCCGTGAGGGCACGATAGGCCCAAAAAA
AAGGATCTCAGTGGTGGCGGTCATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACCTTC
GTGCCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCCTCT
GCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAGGGCATAACACACAACGTGA
CCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTAAGCATATCAATAAGCCGG
AGGAAGATAAGGA

Diospyros kaki 9

GCCGTCAGTTACCGTGCGTGCACCTGCGGAGGATCATTGTCAAGCCCTATAA
GAGCAGAACGACCCGCGAACCAGTAACTCTCCACATCAGGAGGGGGCAGC
CCTTGCGGTGCCCTTTCCACCACAGCCGGCACGAGACTACGGCCTCACGGC
AATGGATTGTCGAGCCTTCCCTTCAACAAACAACAAACACCGATGCAGGACG
TGCCAAGGAAACGAAACAAATGAGCGCGCCCCAACCCCGCAACTATAGCA
ACGGGGCATCGCGTCTTTCACTTTACGTATAAAATGACTCTCGACAACGGAT
ATCTCGACACTCGCATCAATGAAGAACATAGCAAAATGTGATATTTGGTGT
GAATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTAAACATAAGTTGCGCCCG
AAGCCATTCGGCTAGGGGCACGTCTACCTGGGCGTCACGCACATCGTCGCC
CCCTCGACTCGCGCCATCCATCCCCTAAATAAGGGATGGGCGTGTGGGCGA
TGGGGTAAACTTGGCCCCACGTGCCCCGTGAGGGCACGATAGGCCCAAAAA
AAAGGATCTCAGTGGTGGCGGTCATAGCTGGTGGTGGTTGTCAAAAACCTT
CGTGCCCCGACAAGTGCCCTTCCACCAATGGGTGTGCCCTCAAGCGACCCTC
TGCGATTATCCTATCTATCTTTTAGAAAAAAGGGCATAACACACAACGTG
ACCCTAGGTCAGGCGGGACTACCTGCTGAGTTTAAGCATATCAATAGCCGG
GAGGAAAAACAGGA

Diospyros lotus (D1ş Grup)

TTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTGTGCGAGCCCCGCAAGAGCAG
AACGACCCGCGAACCAGTAAGACCCACGCCGGGAGGGGGCGGCCCTCCGT
GGTGCCCCGCCCTTCCCGTCGCGGGGGGCGCGCGGCCGCGGCCCTTCGGT
CGCGTCGCGCCCCCTCCCGCGACGAACAACAAACACCGGCGCAGGACGCGCC
AAGGAAAACGAAACGAACGAGCGTGCCCCGACCCCGCAGCGGGTGCGA
CGGGGCGTCGCCTCTTTCACCGACGCAAAAACGACTCTCGGCAACGGATAT
CTCGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGTAGCGAAATGCGATACTTGGTGTGA
ATTGCAGAATCCCGTGAACCATCGAGTCTTTGAACGCAAGTTGCGCCCGAA
GCCATCCGGCCGAGGGCACGTCTGCCTGGGCGTCACGCACGCCGTGCCCC
ATCCCGCCCCGCGTCTTCCCCAGGGGACGGGCGCGCGCGGGGGTGGGG
CGAACTGGCCCCCGTGCCCGCGAGGGCGCGGTTCGGCCCGAAAAGAGGG
ATTCCGGTGGCAGCGGTCACGGCCGGCGGTGGTTGTACCCAAAGCACATTC
GCGTCCCGGCGAGTGCCCTTACCAGGTAGGAGTGCCCCCGCGACCCTCG
AGCGACGCCCGAGGGCGCCGCCACGACGCGACCCAGGTCAGGCGGGACT
ACCCGCTGAGTTTAA

EK-2 Çalışılan Türlerin trnL-F Bölgesine Ait Diziler

Diospyros kaki 1

GTCAATGACATCATTGTGCTCTATCACACACCATTCCCGAGTGGCATCTTCC
TCATTTTACTAGGATGACTTGGGTTCGATGTCAATTAATAAATGAAAGGGTAT
TACAAAGTTTTATTTCAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAAAGGAAAAC
TTGTAAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGA
GATTCCTTGCTTAAAGATGTTTCATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACT
TGTGATAAGAGAAAAGCATTTCGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAA
TGAATGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGA
TAAATAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGGGACTTGAACCC
AATATATT

Diospyros kaki 2

GACATGACATCGTTCAGCTCTATCACACACCATTCCCGATGGCATACTTCC
TCATTTTACTAGGATGACTTGGGTTCGATGTCAATTAATAAATGAAAGGGTAT
TACAAAGTTTTATTTCAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAAAGGAAAAC
TTGTAAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGA
GATTCCTTGCTTAAAGATGTTTCATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACT
TGTGATAAGAGAAAAGCATTTCGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAA
TGAATGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGA
TAAATAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGGGACTTGAACCC
AATATATTTGAACTGGTGACACGAGGGATAGAGGGACTTGAACCATATTT

Diospyros kaki 3

TACATAGATTTAGACCAGCTCTATCACAGACCATTCCCGATGCATCATCCTC
ATTTTACTAGGATGACTTGGGTTCGATGTCAATTAATAAATGAAAGGGTATT
ACAAAGTTTTATTTCAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAAAGGAAAAC
TGTAAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGAG
ATTCCTTGCTTAAAGATGTTTCATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACTT
GTGATAAGAGAAAAGCATTTCGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAAT
GAATGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGAT
AAATAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGGACCCTTGAACCC
AATAATTTGA

Diospyros kaki 4

AAAATGACATCATTTCGTGCTCTATGACAGACCATTCCCGATGCATCATCCTC
ATTTTACTAGGATGACTTGGGTTCGATGTCAATTAATAAATGAAAGGGTATT
ACAAAGTTTTATTTCAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAAAGGAAAAC
TGTAAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGAG
ATTCCTTGCTTAAAGATGTTTCATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACTT
GTGATAAGAGAAAAGCATTTCGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAAT
GAATGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGAT
AAATAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGACCCTTGAACACA
AAATATTTGAACTGGTGACACGAGGGATAGAGGGACTTGAACCATATT

Diospyros kaki 5

CACAAGAATTGTA CTGATCTATCACCACCATTCCCGATGCATCATCCTCATT
TTACTAGGATGACTTGGGTCGATGTCAATTA AAAAATGAAAGGGTATTACA
AAGTTTTATT CAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAA AAGGAAAAC TTTGT
AAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGAGATT
CCTTGCTTAAAGATGTTCAATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACTTGTG
ATAAGAGAAAAGCATTTC CGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAATGAA
TGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGATAAA
TAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGAACTTTGAACCAAAA
TAATTTGAACTGGTGACACGAGGGATAGAGGGACTTGAACAATATATCAAG

Diospyros kaki 6

GACATGATTTCGTACGTGCTCTATGACAGACCATTCCCGATGCATACATCCTC
ATTTTACTAGGATGACTTGGGTCGATGTCAATTA AAAAATGAAAGGGTATT
ACAAAGTTTTATT CAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAA AAGGAAAAC TTT
TGTAAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGAG
ATTCCTTGCTTAAAGATGTTCAATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACTT
GTGATAAGAGAAAAGCATTTC CGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAAT
GAATGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGAT
AAATAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGAACTTTGAACCA
AAATAATTTGA

Diospyros kaki 7

GACATGGAATTGTTCTGATCTATCACGACCATTCCCGATGCATCATCCTCAT
TTTACTAGGATGACTTGGGTCGATGTCAATTA AAAAATGAAAGGGTATTAC
AAAGTTTTATT CAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAA AAGGAAAAC TTTG
TAAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGAGAT
TCCTTGCTTAAAGATGTTCAATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACTTGT
GATAAGAGAAAAGCATTTC CGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAATGA
ATGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGATAA
ATAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGAAACTTTGAACCCAA
AAAATTTG

Diospyros kaki 8

CACACATGAATTGGACTGTATCTATCCCGACCATTCCCGATGCATCATCCTC
ATTTTACTAGGATGACTTGGGTCGATGTCAATTA AAAAATGAAAGGGTATT
ACAAAGTTTTATT CAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAA AAGGAAAAC TTT
TGTAAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGAG
ATTCCTTGCTTAAAGATGTTCAATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACTT
GTGATAAGAGAAAAGCATTTC CGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAAT
GAATGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAAGGATAGGAT
AAATAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGGAGCTTGAACCCA
ATATATTTGAACTGGTGACACGAGTTATAAAGGGACTTAAACAATTGATGC
AC

Diospyros kaki 9

GACAAGAATCGTACTGATCTATCACGACCATTCCCGATGCATCATCCTCATT
TTACTAGGATGACTTGGGTCGATGTCAATTAATAAAATGAAAGGGTATTACA
AAGTTTTATTCAGACCCTGGAATTTCTTGGATTTTCAAAGGAAAACCTTGT
AAGTTTCAGTATGGATAATGATAGAGACCGTGAATCATTCAAATGGAGATT
CCTTGCTTAAAGATGTTCAATTTGCACATGTATCATATATCACAAGACTTGTG
ATAAGAGAAAAGCATTTCGGTCCGATCCGTTTGTGAAAGAGTCGAATGAA
TGAGAAAGATAACGAATTGGGAACTGCTAACGAAAAAGGATAGGATAAA
TAGTTAAGGAATCAACTGGTCTTTTGGGGATAGAGAACCTTGAACCCAATA
ATTTGA

Euclea crispa (Diş Grup)

ATTGAGCCTTGGTATGGAAACCTACTAAGTGATAACTTTCAAATTCAGAGA
AACCTGGAATTAATAAAAATGGGCAATCCTGAGCCAAATCCTGATTTTCG
AAAACAAACAAAGATTCAGAAAGCGAAAATAAAAAAAGGATAGGTGCAGA
GACTCAATGGAAGCTGTTCTAACAAATGGAGTTGACTGCGTTGGTAGAGGA
ATCCTTCCATCGAAACTTTCGAAAGGATGAAAGAGAAGCCTATATACATAC
GCATACGTACTGAAATACTATATCAAACGATTAATGACGACCCAAATCTGT
ATCCGATTTTTTTTTATATGAAAAATGGAAGAATTGTTGCGAATCGATTCCA
TATTGAATAAAGAATTGACTATTCATTGATCAAATCATTACTCCATAGTCT
GATAGATCTTTTGAAGAACTGATTAATCGGACGAGAATAAAGATAGAGTCC
CATTCTACATGTCAATACCGACAACAATGAAATTTATAGTAAGAGGAAAAT
CCGTCGACTTTAAAAATCGTGAGGGTTCAAGTCCCTCTATCCCCAAAAG
CCCATTTGATTCCTTAACATTTATCCTATCCTTTTTTTCGTTAGCAGTTCCAA
ATTCGTTATCTTTCTCATTCAATTCGACTCTTTCACAAACGGATCGGACCAGA
AATGCTTTTCTCTTATCACAAGTCTTGTGATATATGATACATGTGCAAATGA
ACATCTTTGAGCAAGGAATCTCCATTTGAATGATTCACGGTCTATATCATT
TTCATACTGAACTTACAAAGTTTTCTTTTGAATAATCCAAGAAATTCCAGG
GTCTGGATAAACTTTGTAATACCCTTTCATTTTTTAATTGACATAGACCCA
AGTCATCTAGTAAAATGAGGATGATGCATCGGGAATGGTCCGGGATAGCTCA
GCTGGTAGAG

ÖZGEÇMİŞ

KİŞİSEL BİLGİLER

Adı Soyadı : Cumali GÜRELİ
Doğum Yeri ve Tarihi : Genç 19.10.1991
Telefon : 544-4560360
E-posta : zmcg@windowlive.com

EĞİTİM

Derece	Adı, İlçe, İl	Bitirme Yılı
Lise	: Şehit Emniyet Müdürü Ali Gaffar Okkan	2009
Üniversite	: Siirt Üniversitesi	2017
Yüksek Lisans	: Siirt Üniversitesi	2019

