

**ANKARA ÜNİVERSİTESİ**  
**BİYOTEKNOLOJİ ENSTİTÜSÜ**

**BİYOTEKNOLOJİ**  
**DOKTORA TEZİ**

**ASMA ÇEŞİT ve ANAÇLARINDA KURAKLIK VE TUZ STRESİ TOLERANSINA**  
**YÖNELİK MİKRODİZİN ANALİZLERİ VE STRES İLE İLGİLİ**  
**TRANSKRİPTOMLARIN TESPİTİ**

**Melike BAKIR**

**Danışman Öğretim Üyesi**  
**Prof. Dr. Ali ERGÜL**

**ANKARA**  
**2012**

## **Asma Çeşit ve Anaçlarında Kuraklık ve Tuz Stresi Toleransına Yönelik Mikrodizin Analizleri ve Stres İle İlgili Transkriptomların Tespiti**

### **ÖZET**

Asma çeşit ve anaçlarında kuraklık ve tuza tolerans mekanizmalarının farklılıklarını transkriptomik düzeyde belirlemek amacıyla 120 mM tuz ve su noksanlığı şeklinde kuraklık stresi, Cabernet Sauvignon, 5BB ve 41B genotiplerine dereceli olarak 7 gün süre uygulanmıştır. Transkriptom analizlerinde çeşit ve anaçlara özgü bulunan transkriptlerin yanı sıra her üç genotipte de çok sayıda ortak stres transkriptleri tespit edilmiştir. Genotipe özgü transkript oranları kuraklık stresinde Cabernet Sauvignon'da % 19.4, 5BB ve 41B'de ise sırasıyla % 13.3 ve % 1.1, tuzluluk stresinde ise Cabernet Sauvignon, 5BB ve 41B için sırasıyla % 14.9, % 43.2 ve % 3.3 oranında tespit edilmiştir. Üç genotipte ortak ifade olan transkript oranları kuraklık stresinde % 34.2, tuz stresinde % 13.4 olarak bulunmuştur. Çeşit ve anaçlarda her iki stres için de birçok fonksiyonel kategori birbirine paralellik gösterirken, kuraklık stresi transkript oranları tuza göre % 1-5 oranında daha yüksek bulunmuştur. Stresten en fazla etkilenen transkriptlerin yer aldığı kategoriler ise metabolizma, protein metabolizması ve hücrel transport kategorileri olarak tespit edilmiştir. Transkripsiyon faktörleri transkriptleri (NAC domain, Myb-related transcription factor), metabolit transkriptleri (1-prolin-5-karboksilat sintetaz, arjinin dekarboksilaz) ve hormonlarla ilgili transkriptlerin (ABA, oksin ve etilen) stresle indüklendiği, çeşit ve anaçlarda bu transkriptlerin oranlarının stres tipine bağlı önemli farklılıklar gösterdiği belirlenmiştir.

**2012, 168 sayfa**

**Anahtar Kelimeler:** *Vitis vinifera* L., anaç, Kuraklık ve tuz toleransı, Transkriptom analizleri

# **Microarray Analysis of Grapevine Cultivars and Rootstocks Intended For Water Deficiency and Salt Stress tolerances and Determination of Stress related Transcriptomes**

## **Abstract**

In order to identify the differences within the mechanisms of water deficiency and salt tolerance of grapevine cultivars and rootstocks in transcriptomic level, 120 mM salt and water deficiency stress in the form of water deficiency were applied to Cabernet Sauvignon, 5BB and 41B genotypes for 7 days gradually. Among the transcriptome analysis lots of common stress transcripts were determined within each of three genotypes other than the specific transcripts for cultivar and rootstocks. The transcript ratios specific to genotype were detected for water deficiency stress as % 19.4 for Cabernet Sauvignon, % 13.3 and % 1.1 for 5BB and 41B, respectively; for salt stress as % 19.4, % 43.2 and % 3.3 for Cabernet Sauvignon, 5BB and 41B, respectively. It was found that the transcript ratios which are common for all three genotypes are % 34.2 for water deficiency stress and % 13.4 for salt stress. The water deficient stress transcript ratio was found to be higher by % 1-5 in comparison to salt stress, apart from the fact that lots of functional categories for both stress within the cultivars and rootstocks behave in parallel. Metabolism, protein metabolism and cellular transport categories were determined to be the most stress affected categories. It was determined that; when the transcription factors transcripts ((NAC domain, Myb-related transcription factors), the metabolite transcripts (1-pyrolin-5-carboxylase synthetase, arginine decarboxylase) and the hormonal related transcripts (ABA, Auxin and Ethylene) were induced by stress within the cultivars and rootstocks and it was found that the transcript ratios show different but important behaviors differences, dependent on stress type.

**2012, 168 page**

**Key Words:** *Vitis vinifera* L., Rootstocks, Drought and salinity tolerance, Transcriptomes analysis

## TEŞEKKÜR

Doktora öğrenimim öncesinde ve doktoram süresince bilgi ve desteğini esirgemeyerek beni yönlendiren ve geleceğe yönelik bilimsel bakış açısı kazanmamın yanı sıra engin fikirleriyle yetişme ve gelişme de katkıda bulunan danışman hocam Sayın Prof. Dr. Ali ERGÜL'e en derin saygı ve teşekkürlerimi sunarım.

Tez izleme komitesi üyelerim Sayın Prof. Dr. Gökhan SÖYLEMEZOĞLU (Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü) ve Sayın Prof. Dr. Emine Sümer ARAS'a (Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü),

Akademik gelişimim ve tez çalışmalarım sırasında her türlü olanağından yararlandığım Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü'ne,

Tez yazımımı kolaylaştıran programlarla tanışmamı sağlayan Sayın Yrd. Doç. Dr. Evren Doruk ENGİN'e, mikroarray istatistik analizlerindeki yardımları için sevgili Selen KIHTİR'e, real time (eş zamanlı) qRT-PCR istatistik analizlerindeki yardımları için Öğr. Gör. İlker BÜYÜK'e,

Herkese nasip olmaz böyle dostlar ve iyi ki varlar dediğim sevgili Bitki Biyoteknolojisi ekibi (Uzm. Bio. Canan YÜKSEL, Uzm. Bio. Burcu Pelin ÇELİKKOL, Bio. Filiz MUTAF ve Uzm. Bio. Nur YILDIRIM) üyelerine,

Hayatımın en özel iki insanı hani başka birinin ailesi olsa kıskanacağım iki insan annem Güldes BAKIR ve babam Ali BAKIR'a lisansüstü eğitimim süresince maddi ve manevi her türlü destekleri için ve zorlu ama bir o kadarda keyifli olan bu yolda her zaman yanımda oldukları için teşekkür ederim.

Melike BAKIR

Ankara, Eylül 2012

## İÇİNDEKİLER

<b>ÖZET</b> .....	<b>i</b>
<b>ABSTRACT</b> .....	<b>ii</b>
<b>TEŞEKKÜR</b> .....	<b>iii</b>
<b>İÇİNDEKİLER</b> .....	<b>iv</b>
<b>SİMGELER DİZİNİ</b> .....	<b>vii</b>
<b>ŞEKİLLER DİZİNİ</b> .....	<b>viii</b>
<b>ÇİZELGELER DİZİNİ</b> .....	<b>x</b>
<b>1.GİRİŞ</b> .....	<b>1</b>
<b>2. KURAMSAL TEMELLER</b> .....	<b>4</b>
2.1. Bitkilerde Kurak ve Tuz Stresinin Fizyolojisi .....	4
2.1.1. Kuraklık stresi .....	4
2.1.2. Tuz stresi .....	5
2.2. Bitkilerde Kurak ve Tuz Stresinin Moleküler ve Biyokimyasal Mekanizmaları .....	6
2.2.1. Stresin algılanması ve stres sinyal iletimi .....	7
2.2.1.1. ABA ve sinyal iletimi .....	8
2.2.1.2. İyon homeostası ve SOS (Salt Overly Sensitive) sinyal iletimi .....	10
2.2.2. Stres toleransında rol oynayan metabolitler .....	11
2.2.3. Stres toleransında rol oynayan koruyucu proteinler .....	13
2.3. Bitkilerde Kurak ve Tuz Stresi Koşullarında Gen İfadesinin Belirlenmesine Yönelik Yaklaşımlar.....	14
2.3.1. cDNA kütüphaneleri ve Expression sequence tags (EST) .....	14
2.3.2. cDNA-AFLP (cDNA Amplified Fragment Length Polymorphism).....	15
2.3.3. Serial Analysis of Gene Expression (SAGE) .....	15
2.3.4. Mikrodizin:Mikroarray .....	15
2.3.4.1. cDNA mikroarray .....	16
2.3.4.2. Oligonükleotit mikroarray .....	16
2.4. Asma çeşit ( <i>Vitis vinifera</i> L.) ve Anaçlarında Kurak ve Tuz Toleransı .....	16
2.5. Asma Çeşit ( <i>Vitis vinifera</i> L.) ve Anaçlarında Kurak ve Tuz Toleransına Yönelik Araştırmalar .....	18
2.5.1. Fizyolojik araştırmalar.....	18
2.5.2. Genom ve fonksiyonel genom (mikrodizin) araştırmaları .....	22

<b>3. MATERYAL ve YÖNTEM</b> .....	<b>29</b>
3.1. Materyal.....	29
3.2. Yöntem .....	29
3.2.1. Bitki yetiştirme koşulları .....	29
3.3. Deneme Deseni ve Stres Uygulamaları .....	35
3.4. Fizyolojik Ölçümler.....	37
3.5. RNA izolasyonu .....	37
3.5.1. RNA'nın temizlenmesi .....	40
3.6. Mikrodizin Uygulamaları .....	41
3.7. Real Time (Eş Zamanlı) qRT-PCR Uygulamaları .....	48
3.8. Verilerin İşlenmesi ve Biyoinformatik Analizi .....	49
<b>4. ARAŞTIRMA BULGULARI</b> .....	<b>51</b>
4.1. Stres Uygulamaları .....	51
4.1.1. Su noksanlığı ve tuz stresi uygulamaları .....	51
4.1.2. Stresin fizyolojik olarak (MPa) belirlenmesi .....	53
4.2. Nükleik Asit İzolasyonu .....	54
4.2.1. RNA izolasyonu, miktar ve kalite tayini .....	54
4.3. Mikrodizin Kalite Kontrol Analizleri ve Gen İfadesi Validasyonu .....	61
4.3.1 Kalite kontrol analizleri .....	61
4.3.2. Real time (eş zamanlı) qRT-PCR ile verilerin validasyonu .....	63
4.4. Stres-Genotip Transkript Analiz İlişkilendirmeleri .....	66
4.4.1. Stresle ifadesi değişen transkriptlerin oranı.....	66
4.4.2. Stresle ifadesi değişen transkriptlerin karşılaştırılması .....	66
4.4.3. Stresle ifadesi değişen transkriptlerin fonksiyonel olarak sınıflandırılması.....	76
4.4.4. Stresle ifadesi değişen Transkripsiyon Faktörleri (TF) .....	79
4.4.5. Stresle ifadesi değişen hormonlar.....	83
4.4.6. Stresle ifadesi değişen metabolit transkriptleri.....	84
<b>5. TARTIŞMA</b> .....	<b>87</b>
5.1. Kurak ve Tuz Stresine Fizyolojik Cevabın Karşılaştırılması .....	87
5.2. Stresle İfadesi Değişen Transkriptlerin Karşılaştırılması.....	88
5.3. Stresle İfadesi Değişen Transkriptlerin Fonksiyonel Olarak Sınıflandırılması.....	88
5.4. Stresle İfadesi Değişen Transkripsiyon Faktörleri (TF) .....	89
5.5. Stresle İfadesi Değişen Hormonlar.....	90
5.6. Stresle İfadesi Değişen Metabolit Transkriptleri.....	91

<b>KAYNAKLAR</b> .....	<b>94</b>
<b>EKLER</b> .....	<b>112</b>
<b>EK1</b> .....	<b>112</b>
<b>EK2</b> .....	<b>113</b>
<b>EK3</b> .....	<b>114</b>
<b>EK4</b> .....	<b>115</b>
<b>EK5</b> .....	<b>149</b>
<b>ÖZGEÇMİŞ</b> .....	<b>165</b>

## SİMGELER DİZİNİ

ANOVA	Analysis of variance
bç	Baz çifti
cm	Santimetre
dk	Dakika
dS m <sup>-1</sup>	DeciSiemens/metre
EC	Electrical conductivity
g	Gram
g	Gravity
kg	Kilogram
L	Litre
M	Molar
MAS5	MicroArray Suite 5.0
mg	Miligram
µg	Mikrogram
ml	Mililitre
µl	Mikrolitre
mM	Milimolar
MPa	Megapaskal
ng	Nanogram
PEG	Polyethylene Glycol
pmol	Pikomol
RMA	Robust Multi-array Average
ROS	Reactive Oxygen Species
rpm	Revolutions per minute



## ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1. Bitkilerde stres sinyalinin algılanması ve iletimi .....	7
Şekil 2.2. Kurak ve tuz stresi koşullarında ABA bağımlı ve ABA bağımsız yollarda gen ifadesinin düzenlenmesi .....	9
Şekil 2.3. Tuz stresinde SOS yolağı ile iyon homeostasisinin düzenlenmesi.....	11
Şekil 2.4. cDNA kütüphaneleri ve EST koleksiyonlarının oluşturulması.....	15
Şekil 3.1.a. Asma çeşit ve anaçlarına ait çeliklerde kök ve sürgün gelişiminin sağlanması .....	30
Şekil 3.1.b. Kök ve sürgün gelişimi sağlanan çeşit ve anaçların sera ortamında geliştirilmesi .....	31
Şekil 3.2.a. Çeşit ve anaçlara ait bitkilerin doku kültürü ortamına ekimi.....	32
Şekil 3.2.b. Çeşit ve anaçların doku kültürü ortamında gelişimleri .....	33
Şekil 3.3. Çeşit ve anaçların kuartz kum ortamına şaşırtılması .....	34
Şekil 3.4.a. 41B bitkilerinin budama görüntüleri.....	34
Şekil 3.4.b. 5BB ve Cabernet Sauvignon bitkilerinin budama görüntüleri.....	35
Şekil 3.5. Yaprak su potansiyeli ölçümleri .....	37
Şekil 3.6. GeneChip 3' IVT express labelling assay-genel akış şeması.....	42
Şekil 3.7. aRNA pürifikasyonuna ait örnek görüntüler.....	46
Şekil 4.1.a. 41B bitkilerinde kuraklık stresi görüntüleri .....	51
Şekil 4.1.b. 5BB bitkilerinde kuraklık stresi görüntüleri .....	51
Şekil 4.1.c. Cabernet Sauvignon bitkilerinde kuraklık stresi görüntüleri .....	52
Şekil 4.2.a. 41B bitkilerinde tuz stresi görüntüleri .....	52
Şekil 4.2.b. 5BB bitkilerinde tuz stresi görüntüleri.....	52
Şekil 4.2.c. Cabernet Sauvignon bitkilerinde tuz stresi görüntüleri.....	53
Şekil 4.3. Çeşit ve anaçlarda kurak stresi yaprak su potansiyeli ölçümü (MPa).....	53
Şekil 4.4. Çeşit ve anaçlarda tuz stresi yaprak su potansiyeli ölçümü (MPa).....	54
Şekil 4.5. Çeşit ve anaçlara ait RNA'ların formaldehit agaroz jel (% 1.2 ) görüntüsü.....	54
Şekil 4.6.a. RNA analiz örnek görüntüsü (Agilent 2100 bioanalyzer) (20 no.lu örnek) ....	59
Şekil 4.6.b. RNA örneklerine ait jel görüntüleri (Agilent 2100 bioanalyzer).....	59
Şekil 4.6.c. Çeşit ve anaçlara ait RNA'ların görüntüleri (Agilent 2100 bioanalyzer) .....	60
Şekil 4.7.a. Cabernet Sauvignon çeşidine ait Principal Component Analysis (PCA) görüntüsü .....	61
Şekil 4.7.b. 5BB anacına ait Principal Component Analysis (PCA) görüntüsü .....	62

<b>Şekil 4.7.c.</b> 41B anacına ait Principal Component Analysis (PCA) görüntüsü .....	62
<b>Şekil 4.8.a.</b> Kuraklık GeneChip® mikrodizin ifade verilerinin Real time (eş zamanlı) qRT-PCR ile validasyonu .....	64
<b>Şekil 4.8.b.</b> Tuz GeneChip® mikrodizin ifade verilerinin Real time (eş zamanlı) qRT-PCR ile validasyonu.....	64
<b>Şekil 4.9.</b> Stresle çeşit ve anaçlarda değişen toplam transkript sayısı (BH-ANOVA, $p<0.01$ ).....	67
<b>Şekil 4.10.</b> Stresle değişen transkriptlerin çeşit ve anaç düzeyinde karşılaştırılması (BH-ANOVA, $p<0.01$ ) .....	67
<b>Şekil 4.11.</b> Kurak transkriptlerinin MIPS (Munich Information Center for Protein Sequence) fonksiyonel sınıflandırılması ( $p<0.01$ ) ve oranı (%) .....	77
<b>Şekil 4.12.</b> Tuz transkriptlerinin MIPS (Munich Information Center for Protein Sequence) fonksiyonel sınıflandırılması ( $p<0.01$ ) ve oranı (%) .....	78

## ÇİZELGELER DİZİNİ

<b>Çizelge 3.1.</b> Doku kültürü köklendirme ortamı içeriği .....	32
<b>Çizelge 3.2.</b> Hoagland besin solüsyonu içeriği .....	33
<b>Çizelge 3.3.</b> Deneme deseni (Genotip- doku- çip) düzeni .....	36
<b>Çizelge 3.4.</b> RNA izolasyon çözeltisi.....	37
<b>Çizelge 3.5.</b> Real time (eş zamanlı) qRT-PCR primer dizileri (5'-3') .....	49
<b>Çizelge 4.1.</b> Çeşit ve anaçlara ait RNA'ların spektrofotometrik ölçümleri (Nanodrop ND 1000).....	55
<b>Çizelge 4.2.</b> Stres uygulamaları ile ifadesi değişen gen sayısı (BH-ANOVA, p<0.01).....	66
<b>Çizelge 4.3.</b> Kurak-tuz stresinde ortak ifade olan Cabernet Sauvignon transkriptleri .....	69
<b>Çizelge 4.4.</b> Kuraklık stresi ile ifadesi değişen Cabernet Sauvignon transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA, p<0.01 ) .....	79
<b>Çizelge 4.5.</b> Tuzluluk stresi ile ifadesi değişen Cabernet sauvignon transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA, p<0.01 ) .....	80
<b>Çizelge 4.6.a.</b> Kuraklık stresi ile çeşit ve anaçlarda ifadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA, p<0.01 ) .....	81
<b>Çizelge 4.6.b.</b> Tuz stresi ile çeşit ve anaçlarda ifadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA, p<0.01 ) .....	82
<b>Çizelge 4.7.</b> Kurak - tuz stresi ile ifadesi değişen hormonlarla ilgili transkriptlerin sayısında meydana gelen değişiklikler .....	84

## 1. GİRİŞ

Dünya nüfusunun artan gıda talebini birim alandan yüksek verim alarak karşılamak bugünkü tarımsal biyoteknolojinin temel amaçlarından birisidir. Ekilebilir alanlarda abiyotik stresin neden olduğu kayıp, artan talep ile paralellik göstermekte ve ürün kalitesi ve birim alandan elde edilen verimi önemli ölçüde etkilemektedir (Golldack *et al.* 2011). Kurak ve tuzluluk stresi, bitkilerde önemli fizyolojik ve metabolik değişimlere yol açarak büyüme ve gelişmeyi olumsuz şekilde etkileyen, ürün kalitesinin ve miktarının azalmasına neden olan en önemli ve yaygın abiyotik stres faktörlerinin başında gelmektedir.

Kuraklık, dünya çapında tarımsal üretimi önemli derecede olumsuz etkilemektedir. Dünyada ekilebilir alanların % 20'sinde sulu tarım yapılırken (Molden 2007, Rosegrant *et al.* 2009) ancak üretimin üçte biri sulanan topraklardan elde edilmektedir (Pimentel *et al.* 1997). Dünya, su kaynakları açısından oldukça zengin olmasına karşın, çoğu su kaynağının yeterli kalitede olmaması (tuzluluk vb) tarım alanlarında kullanılmasını sınırlandırmakta (Golldack *et al.* 2011), elverişsiz olan bu suların tarım alanlarında kullanılması ise diğer bir stres faktörü olan tuzluluk sorununu ortaya çıkarmaktadır. Tuzluluk, dünyadaki tarım alanlarının yaklaşık 800 milyon (% 6) hektarında verim/kaliteyi olumsuz etkilemektedir (Anonim 2008). Toprak tuz birikimi; sulu tarım uygulamaları, yer altı kaynaklarının neden olduğu tuzluluk ve kurak koşullarda toprak katmanlarında tuzun birikmesi sonucu oluşmaktadır (Rengasamy 2006). Susuz tarım uygulaması yapılan yaklaşık 1500 milyon hektar alanın 32 milyon (% 2) hektarında, çeşitli derecelerde toprak tuzluluğu ile karşılaşmaktadır. Sulu tarım uygulaması yapılan 230 milyon hektar alan içerisinde ise, tuzlu toprak oranı 45 milyon hektara (% 20) ulaşmaktadır (Anonim 2008).

Bitkiler, kurak ve tuz stres koşullarını tolere etmek ve olumsuz koşullarda hayatta kalabilmek için çeşitli adaptasyon mekanizmaları geliştirmişlerdir (Bartels and Sunkar 2005). Bu adaptasyon mekanizmaları: i) homeostasi; iyon homeostasi (temel olarak tuz stresi ile ilgidir), ozmotik homeostasi veya ozmotik uyum, ii) stres hasar kontrolü ve tamiri veya detoksifikasyon iii) büyümenin kontrol altına alınması olmak üzere üç grupta incelenmektedir (Zhu 2001b). Buna göre kurak ve tuz stres sinyali ise; hücresel homeostasinin yeniden düzenlenmesi için iyonik ve ozmotik stres sinyali, stres hasarının kontrolü ve tamiri için detoksifikasyon sinyali, hücre bölünme ve uzaması için koordinasyon sinyali olmak üzere üç fonksiyonel gruba ayrılabilir (Zhu 2002).

Kurak ve tuz stresi koşulları, bitkide pek çok ortak hücrel reaksiyonu başlatır ve iyonik bileşikler hariç bitkinin bu streslere erken cevabı (fotosentez azalması vb) büyük ölçüde aynıdır (Bartels and Sunkar 2005). Her iki stres ozmotik strese neden olan hücrel dehidrasyona yol açar ve bu durum sitozolik ve vakuolar hacmin azalmasına neden olur. Diğer taraftan bu stresler, büyümenin azalması, fotosentez hızının yavaşlaması, stomaların kapanması, ABA seviyesindeki geçici artışlar, genlerin ifadesinin indüklenmesi, uyumlu çözünen ve koruyucu proteinlerin birikimi, antioksidantların seviyesinin artması ve enerji tüketim yollarının baskılanması gibi çok sayıda değişikliğe yol açmaktadır (Bartels and Sunkar 2005, Taiz and Zeiger 2002).

Bitkinin her iki stres koşulunda oluşturduğu cevap hücrel olarak oldukça komplekstir ve pek çok biyokimyasal ve moleküler mekanizmayı (gen vb.) içermektedir (Wang *et al.* 2003). Kurak ve tuz stresi toleransı ile ilgili moleküler kontrol mekanizmalarının aydınlatılması stres ile ilişkili spesifik genlerin ifadesine dayanır. Stres yollarında rol alan bu genler temel olarak;

- i) MYC, MAP kinaz, SOS kinaz (Shinozaki and Yamaguchi-Shinozaki 1997, Munnik *et al.* 1999, Zhu 2001a), fosfolipazlar (Chapman 1998, Frank *et al.* 2000) ve HSF, CBF/DREB, ABF/ABAE (Stockinger *et al.* 1997, Choi *et al.* 2000, Shinozaki and Yamaguchi-Shinozaki 2000) gibi sinyal kaskadlarında ve transkripsiyonel kontrolde rol alan genler,
- ii) Isı şok proteinleri ve şaperonlar, LEA (Late Embryogenesis Abundant) proteinleri (Vierling 1991, Ingram and Bartels 1996, Bray *et al.* 2000, Thomashow 1998, Thomashow 1999), osmoprotektanlar ve serbest radikal uzaklaştırıcılar (Bohnert and Sheveleva 1998) gibi membranların ve proteinlerin korunmasında doğrudan fonksiyonu olan genler,
- iii) Akuaporin ve iyon taşıyıcıları gibi su ve iyon alımı ve taşınmasında rol alan proteinler (Maurel 1997, Serrano *et al.* 1999, Tyerman *et al.* 1999, Zimmermann and Sentenac 1999, Blumwald 2000)

olmak üzere üç grupta incelenebilir.

Bitki doğal gen kaynakları içerisinde kurak ve tuz stresine dayanıklı genotiplerin az sayıda bulunması, bu genom yapısına sahip genotiplere klasik ıslah çalışmaları ile ulaşılma gücü ise strese ait dayanıklılık mekanizmalarının belirlenmesinde ve dayanıklı genotiplerin geliştirilmesinde moleküler/biyoteknolojik yaklaşımları ön plana

ıkartmaktadır. Bu doęrultuda bařlangı arařtırmaları gen, protein, metabolit vb. dzeyinde incelenirken, son yıllarda ise strese karřı hcre toleransını belirlemede toplu yaklařımlar (genler, proteinler, metabolitler vb.) sunan fonksiyonel genom bilimi (transkriptom, proteom, metabolom) devreye girmiřtir. Kurak ve tuz ile ilgili arařtırmalara bakıldıęında ise gen analizlerinin belirlenmesinde (transkriptom profilleri) zellikle mikrodizin (=oligonkleotid mikroarray) alıřmalarının byk nem kazandıęı grlmektedir. zellikle son yıllarda kurak-tuzluluk stresi konu alınarak toplam 28 bitki trnde, ilgili genlerin tespiti iin ok sayıda arařtırmada mikrodizin yaklařımı kullanılmıř (Deyholos 2010), stres yolaklarında yer alan genlerin strese cevap ifadeleri ve stres adaptasyonundaki rolleri arařtırılmıřtır (Cushman and Bohnert 2000).

Bu tez alıřması ile literatrde ilk olarak zm eřit ve analarında ikili strese (kurak ve tuzluluk stresi) ynelik gen profillerinin karřılařtırılması yapılarak; stres genleri ve bu genlere ait ifade dzeyi tespit edilirken trler arası tolerans mekanizmasında rol oynayan genler belirlenmiřtir.

## 2. KURAMSAL TEMELLER

### 2.1. Bitkilerde Kurak ve Tuz Stresinin Fizyolojisi

Kurak ve tuzluluk koşulları verim ve kaliteyi olumsuz etkilerken tarımsal alanlarda önemli ürün kayıplarına neden olmaktadır. Bitkiler bu stres koşullarına morfolojik, fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler olmak üzere çeşitli adaptasyon mekanizmaları geliştirerek dayanıklılık göstermektedir. Bu mekanizmalar çoğu bitkide, farklı stres koşulunda birbiri ile ilişkili olup; hücre sinyal yolları (Shinozaki and Yamaguchi-Shinozaki 2000, Knight and Knight 2001, Zhu 2001a, Zhu 2002) stres proteinlerinin üretilmesi, antioksidantların ifadesinin artması, ozmolitlerin birikmesi gibi benzer hücresel cevapları aktive ederler (Vierling and Kimpel 1992, Zhu *et al.* 1997). Bu mekanizmalar kurak ve tuzluluk stresleri açısından değerlendirildiğinde, fizyolojik-biyokimyasal ve genetik olarak bitkide stres tipine göre farklı etkilere de sahip olabilmektedir.

#### 2.1.1. Kuraklık stresi

Bitkilerin kuraklık koşullarına erken dönemde verdiği cevapların başında; stomaların kapatılması, transpirasyon yoluyla su kaybının azaltılması gelmektedir (Mahajan and Tuteja 2005). Stomaların kapatılmasında bitki hormonu ABA (Absisik asit) (Mahajan and Tuteja 2005) ile kalsiyum konsantrasyonundaki değişiklikler rol oynamaktadır (Wilkinson *et al.* 2001). Stomaların kapanması Rubisco aktivitesini azaltırken, buna bağlı olarak da CO<sub>2</sub> alınması azalmakta ve fotosentez oranı düşmektedir (Bota *et al.* 2004). Hücre içi CO<sub>2</sub> seviyesindeki azalma elektron taşıma sistemindeki bileşiklerin aşırı azalmasıyla sonuçlanır ve elektronlar oksijeni fotosistem I'e transfer eder (Medrano *et al.* 2002). Bu durum süperoksit, hidrojen peroksit (H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) ve hidroksil radikallerini içeren ROS'ların oluşmasına neden olur (Mahajan and Tuteja 2005). Kloroplast zarları, ROS'un aşırı miktarda üretimi nedeniyle oksidasyon stresinin neden olduğu hasara karşı oldukça hassastır. ROS, membranlarda yer alan lipitlerde de önemli ölçüde peroksidasyon ve de-esterifikasyona neden olabilir ve protein denatürasyonuna ve nükleik asitlerin mutasyonuna yol açabilir (Bowler *et al.* 1992). Bitkilerde kuraklık stresinin diğer bir etkisi ise vejetatif büyümenin özellikle de sürgün gelişiminin yavaşlamasıdır. Kuraklık koşullarında bitki yaprak yüzeyinin küçülmesi ve transpirasyonun azalması kuraklık stresine toleransı artırmaktadır. Birçok bitki kurak şartlarda yaşlanma (senesens) sürecini ve yaşlı yaprakların absisyonunu

(ayrılma) hızlandırırken, kökler ise toprağın derin katmanlarındaki suya ulaşabilmek için kök sisteminin geliştirilmesi şeklinde adaptasyon sağlar (Mahajan and Tuteja 2005).

Kuraklık stresi genlerinin ifadesi ve protein düzeyinde sebep olduğu genel değişikliklere bakıldığında ise; fosfolipitlerin hidrolizi, denatüre proteinleri uzaklaştıran LEA (late embryogenesis abundant)/dehidrin genleri ile moleküler şaperonların ve proteinazların ifade düzeylerindeki değişiklikler, ROS'ların ve diğer detoksifikasyon proteinlerinin üretilmesinde ve uzaklaştırılmasında rol oynayan çeşitli enzimlerin aktivasyonunun yer aldığı görülmektedir (Zhu 2002). Ayrıca kuraklık koşulları altında ozmotik dengenin, membranların ve makromoleküllerin korunmasında anahtar rol oynayan çok sayıda bileşik sentezlenmektedir. Bu bileşiklerin başında ise; prolin, glutamat, glisin-betain, karnitin, mannitol, sorbitol, fruktan, polioli, trehaloz, sükröz, oligosakkarit ve  $K^+$  gibi inorganik iyonlar gelmektedir. Bu bileşikler, dehidrasyon durumunda hücrenin korunmasına yardım ederek kuraklık ve su kaybına karşı hücrenin direnç kazanmasını sağlamaktadır (Hoekstra *et al.* 2001, Ramanjulu and Bartels 2002).

### **2.1.2. Tuz stresi**

Toprak tuzluluğu bitki büyüme ve gelişimini iki farklı şekilde etkilemektedir. Birincisi, bitkinin topraktan su alma yeteneğini azaltarak büyümenin yavaşlamasına neden olmasıdır ki bu durum tuzun neden olduğu kuraklık veya ozmotik strestir. İkincisi ise, tuz stresinin iyon ( $Na^+$ ,  $Cl^-$ ) spesifik etkisidir (Munns 2005). Üzümünde içinde yer aldığı glikofit bitkiler topraktaki tuzun ancak % 1 ila % 6'sını (ortalama % 2) almaktadır (Storey *et al.* 2003, Munns 2005). Bu bitkiler tarafından fazla tuzun alınmaması ve alınan tuzun vakuolde biriktirilmesi ise sitoplazmanın iyon toksisitesinden korunmasında oldukça önemlidir (Flowers and Yeo 1995, Zhu 2001b, Munns 2005).  $Na^+$  ve  $Cl^-$  vakuolde tutulduğunda,  $K^+$  ve organik çözücüler ozmotik basıncı dengelemek için sitoplazmada artış gösterirler (Munns 2002, Munns 2005).

Tuz stresi bitki hücresinde  $Na^+$  ve  $Cl^-$  gibi iyonların toksik seviyede birikmesi ile hücre ölümüne neden olmaktadır. Yüksek miktarlardaki  $Na^+$  oranı, enzim fonksiyonlarının negatif yönde etkilenmesi, fotosentezi azalması, ROS üretimi, membran potansiyelinin bozulması, büyümenin azalması/yavaşlaması ve ozmotik dengesizlik gibi birçok olumsuz etki yaratırken (Mahajan and Tuteja 2005),  $Na^+$  ve  $Cl^-$  miktarındaki artış protein yapısını da negatif yönde etkileyebilir (Chinnusamy and Zhu 2004). Tuz stresinde aynı zamanda ozmotik homeostasiyi etkilemekte ve bu durum turgor basıncının düşmesi ve hücre



hacminin deęişmesiyle sonuçlanmaktadır (Chinnusamy and Zhu 2004). Ortamda yüksek orandaki  $Ca^{+2}$  ise,  $Na^{+}$  ile etkileşerek,  $Na^{+}$ 'un toksik etkisinin azalmasını sağlar (Cramer *et al.* 1986, Reid and Smith 2000, Mahajan and Tuteja 2005).

Stomaların kapanmasında rolü olan  $Ca^{+2}$  ve ABA tuz stresinde de önemli rol oynamaktadır. Kalsiyum başlangıç sinyalinde rol almakta (Albrecht *et al.* 2003) ve tuz stresi durumunda 5-10 saniye içinde sitozolik  $Ca^{+2}$  miktarında artış meydana gelmektedir. (Chinnusamy and Zhu 2004). ABA ise, tuz stresi durumunda daha uzun sürede (birkaç saat içinde) artarak (Munns 2002) çeşitli ozmotik stres cevap genlerini ve iyon taşıyıcılarını regüle etmektedir (Uno *et al.* 2000, Shen *et al.* 2001, Hoth *et al.* 2002, Chinnusamy and Zhu 2004).

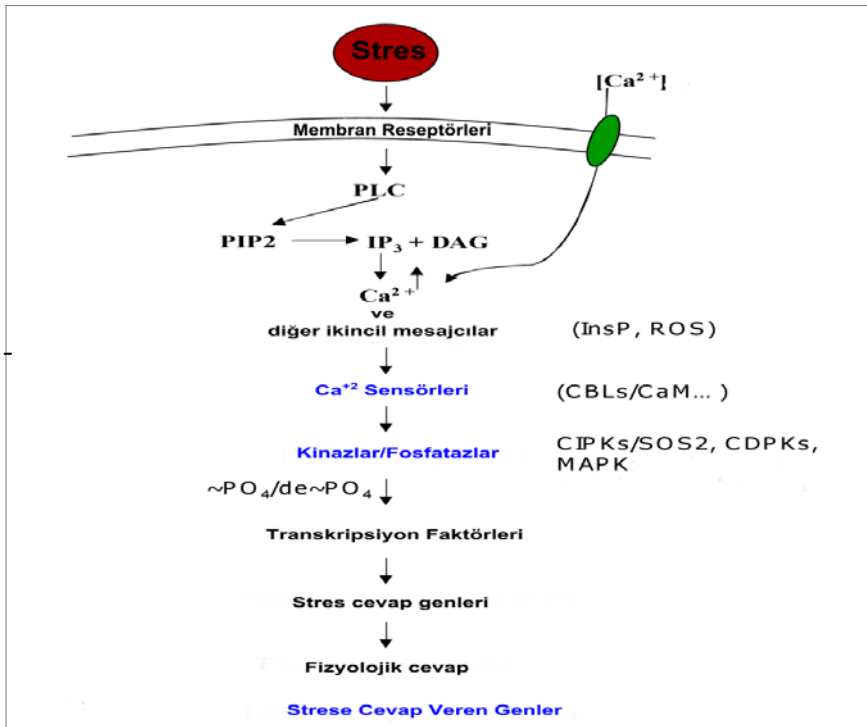
Bitkilerin tuz stresine karşı oluşturdukları cevap genel olarak, ozmolit üretimi, iyon homeostası deęişimi, ROS'ların uzaklaştırılması ve su transportundan oluşmaktadır (Maggio *et al.* 2003). Tuz stresi ile ifadesi deęişen genler ise, iyon transportörleri ve iyon kanalları, uyumlu çözünenler ve ozmoprotektanların üretiminde rol alan enzimler, detoksifikasyon enzimleri, transkripsiyon faktörleri ve sinyal yollarından oluşmaktadır (Zhu 2001b, Kreps *et al.* 2002, Seki *et al.* 2003, Gu *et al.* 2004, Takahashi *et al.* 2004, Munns 2005, Rensink *et al.* 2005, Sahi *et al.* 2006).

## **2.2. Bitkilerde Kurak ve Tuz Stresinin Moleküler ve Biyokimyasal Mekanizmaları**

Abiyotik stres toleransı ile ilgili moleküler kontrol mekanizmalarının aydınlatılması, stres ile ilişkili spesifik genlerin ifadesine dayanmaktadır (Wang *et al.* 2003). Bu genler genel olarak erken ve geç devreye giren (indüklenen) genler olarak sınıflandırılabilir. Erkenci genler; stres sinyalinin algılandığı anda indüklenir ve genel olarak kısa süreli ifade olurlar. Birçok transkripsiyon faktörü erkenci genler grubunda yer alır, bu genlerin indüklenmesi yeni protein sentezi gerektirmez ve sinyal bileşikleri her zaman hazır bulunmaktadır. Birçok dięer genin aksine stresle oldukça yavaş aktive olan genler ise, geç indüklenen genler grubunda yer alırlar ve ifadeleri genellikle sürekli dir (Mahajan and Tuteja 2005). Antioksidantlar, moleküler şaperonlar, LEA benzeri proteinler, ozmolit biyosentezi ve hücre sel bütünlüğün korunmasından sorumlu genler ise geç indüklenen genler grubunda yer alır (Zhu 2002, Mahajan and Tuteja 2005, Cramer *et al.* 2007).

## 2.2.1. Stresin algılanması ve stres sinyal iletimi

Bitkilerin ozmotik stresi algılama mekanizması, ozmosensörlerin henüz belirlenememesi nedeni ile netlik kazanmamıştır. Bununla birlikte farklı moleküllerin birbirleri ile ilişkileri ve kompleks sinyal iletişim ağında yer aldığı pozisyonları açıklık kazanmamasına rağmen sinyal iletiminin çeşitli bileşenleri belirlenmiştir (Bartels and Sunkar 2005). Bunların başında ise; fosfolipit sinyali (kalsiyum gibi ikincil mesajcılar), protein kinazlar, fosfatazların pek çok sınıfı gibi ozmotik stres sinyal ileticileri yer almaktadır (Şekil 2.1).



Şekil 2.1. Bitkilerde stres sinyalinin algılanması ve iletimi (Mahajan and Tuteja 2005)

*Fosfolipit sinyali*; Membran fosfolipitleri inositol 1,4,5 trifosfat (IP<sub>3</sub>), diaçil gliserol (DAG), fosfotidik asit (PA) gibi çoklu sinyal moleküllerinden oluşan bir sistemdir (Zhu 2002). Fosfolipaz C, fosfotidilinositol 4,5 bifosfatı (PIP<sub>2</sub>) hidroliz yoluyla, ikincil mesajcı olarak görev yapan IP<sub>3</sub> ve DAG'a katalizler. IP<sub>3</sub>, Ca<sup>+2</sup>u serbest bırakır. Sitozolik Ca<sup>+2</sup> seviyesindeki değişim, Ca<sup>+2</sup> sensörü olarak da bilinen kalsiyum bağlayıcı proteinler tarafından algılanır ve fosforilasyon kaskadlar, kinazlar ve fosfatazlar gibi sensör proteinler temel stres cevap genleri veya bu genlerin transkripsiyon faktör kontrolleri ile etkileşerek strese fizyolojik cevabın oluşmasını sağlarlar (Mahajan and Tuteja 2005).

*Protein kinazlar*; protein fosforilasyonu ozmotik stres adaptasyonunda yer alan hücre sinyal iletiminin önemli öğelerinden biridir. Ökaryotik hücrelerde yaygın olarak bulunan

MAPK (mitogen activated protein kinase) kaskadları (Bartels and Sunkar 2005), hiperozmotik stres ile aktif hale gelerek, ozmolit sentezinde ve birikiminde artışa neden olurlar (Gustin *et al.* 1998). Ozmolitlerin birikimi ile LEA/dehidrin tip stres genleri indüklenerek tamir mekanizmasının oluşturulmasında rol alırlar ve hücreyi stres hasarından koruyarak ozmotik dengenin yeniden düzenlenmesini sağlarlar (Mahajan and Tuteja 2005). Bitkilerde hiperozmotik stres ile aktive olan çok sayıda MAPK mevcuttur. Yoncada yapılan bir çalışmada tuz stresi indükleyici (salt-stres-inducible) SIMK (MAPK (46 kD))'nın (Munnik *et al.* 1999), tütünde yapılan başka bir çalışmada ise, MAPK benzeri SIPK (salicylic-induced protein kinase)'nın hiperozmotik stres ile aktive olduğu bildirilmiştir (Mikołajczyk *et al.* 2000). İlk olarak mayalarda analiz edilen diğer bir protein kinaz ailesi SNF1/AMP-aktive protein kinazların bazı üyeleri de bitkilerde dehidrasyona ve ABA'ya cevap olarak indüklenmektedir (Bartels and Sunkar 2005). CDPKlar (calcium dependent protein kinases=kalsiyum bağımlı protein kinaz) ise, ozmotik stresin sinyal moleküllerinden biri olan kalsiyum sinyalinin iletilmesini sağlayan kinazlardır (Zhu 2002).

*Fosfatazlar*; Protein kinazların aktivitesi fosfatazların modülasyonu ve fosforegülatör mekanizmanın dönüşümü sonucunda gelişmektedir. Fosfatazlar substratlarına göre, fosfoproteinler (serin/treonin) ve fosfotirozinler (protein/tirozin fosfotazlar veya PPTase) olmak üzere iki ana gruba ayrılır (Cohen 1989). Tirozin spesifik fosfatazlar mayalarda MAPK yolağında önemli rol oynarlar (Shiozaki and Russell 1995).

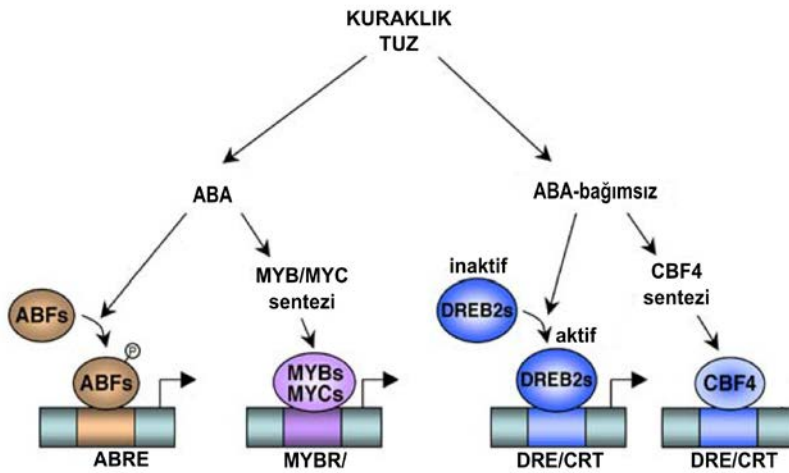
### **2.2.1.1. ABA ve sinyal iletimi**

Bitki hormonu olan ABA; çimlenmenin engellenmesi, tohum dormansisinin teşviki, büyümenin düzenlenmesi, meyve olgunlaşması ve stomaların kapanması gibi bitki gelişiminin birçok sürecinde düzenleyici rol oynar (Finkelstein *et al.* 2002, Parent *et al.* 2009, Raghavendra *et al.* 2010). Bununla birlikte, bitkilerde abiyotik strese cevapta içsel (endojen) mesajcı olarak görev yapar ve bu nedenle stres hormonu olarak da isimlendirilir. Fizyolojik çalışmalar, bitkilerde abiyotik özellikle kurak ve tuz stresi koşullarında gen ifadesi değişimlerine paralel olarak yüksek miktarda ABA birikiminin olduğunu göstermektedir (Fujii *et al.* 2009, Ma *et al.* 2009, Park *et al.* 2009, Kang *et al.* 2010, Kuromori *et al.* 2010).

ABA-noksan (ABA-deficient) ve ABA-duyarlı (ABA-insensitive) mutant bitkilerle yapılan araştırmalarda, kurak ve tuz stresi koşullarındaki sinyal iletiminin hem ABA'ya bağlı, hem de ABA bağımsız yollarla kontrol edildiği görülmüştür (Thomashow 1999, Shinozaki

and Yamaguchi-Shinozaki 2000). Bununla birlikte yapılan çalışmalar, her iki yolağın birbirleri ile etkileşim içinde olduklarını göstermiştir (Knight and Knight 2001, Xiong and Zhu 2001).

Kurak ve tuzluluk stresi ABA bağımlı ve ABA bağımsız yolaklardaki, ABF (ABRE binding factor)/AREB (ABA responsive element binding protein), MYC (myelocytomatosis)/MYB (myeloblastosis), DREB2 (drought responsive element binding) ve NAC (NAM, ATAF1,2, CUC) transkripsiyon faktörlerine ait gen ifadelerini aktive eder. Bu önemli transkripsiyon faktörleri farklı streslere cevap olarak farklı transkript düzenlenmesi gösterir ve aşırı ifadeleri bitkilerde stresle ilişkili çok sayıda genin doğrudan veya dolaylı olarak devreye girmesi ile sonuçlanır (Agarwal and Jha 2010). AREB/ABF ve MYC/MYB transkripsiyon faktörleri ve bZIP (basic leucine zipper factor), ABRE, MYCR, MYBR transkripsiyon faktörleri iki farklı mekanizma ile ABA'ya bağılı olarak strese cevap verirken, DREB proteinleri ise ABA'ya bağılı olmayan durumlarda DRE aracılığı ile strese cevap yolağını aktive ederler (Şekil 2.2).



Şekil 2.2. Kurak ve tuz stresi koşullarında ABA bağımlı ve ABA bağımsız yolaklarda gen ifadesinin düzenlenmesi (Boudsocq and Laurière 2005)

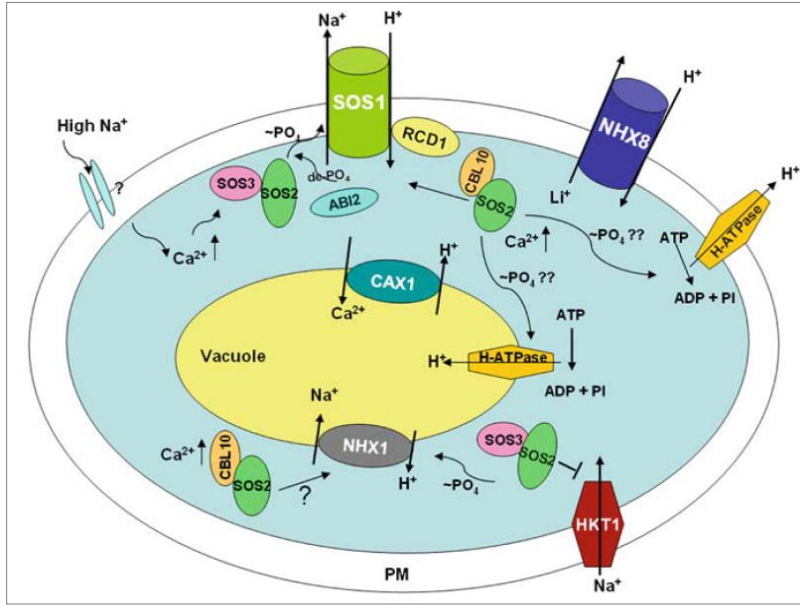
ABA ve abiyotik stres ile ilgili yapılan son çalışmalarda ABA'nın stresle indüklenen metabolitlerin düzenlenmesinde de rolü olduğu belirtilmiştir. ABA veya yüksek tuzluluğa maruz bırakılmış *Arabidopsis*'te metabolit profilleri karşılaştırıldığında ABA bağımlı ve ABA bağımsız adımlarda tuz stresi ile indüklenen metabolitlerin yeniden düzenlendiği ortaya çıkmıştır. ABA'nın kurak ve tuz stresi koşullarında galaktinol ve rafinozu indüklediği görülmüştür. Ancak, ozmotik stresle indüklenen prolinide içeren pek çok

aminoasitin birikiminin ABA'ya bağı olarak indüklendiği görülmüştür (Kempa *et al.* 2007, Urano *et al.* 2009).

### 2.2.1.2. İyon homeostası ve SOS (Salt Overly Sensitive) sinyal iletimi

Tuzluluk stresi süresince iyon homeostasının (dengesi) hücrel olarak düzenlenmesi bitkinin tuza toleransı açısından büyük önem taşır. Tuz stresi yalnızca Na<sup>+</sup> ve Cl<sup>-</sup>un değil aynı zamanda K<sup>+</sup> ve Ca<sup>+2</sup> unda iyonik stabilitesinin bozulmasında neden olmaktadır (Niu *et al.* 1995). Hücre dışındaki Na<sup>+</sup>, K<sup>+</sup>un hücre içine akışını olumsuz etkiler ve hücrenin temel besin maddelerinin alımını azaltır (Knight *et al.* 1997). Tuz toleransında önemli rol oynayan iyon taşıyıcılar (taşıyıcı) aşırı Na<sup>+</sup>un hücrede birikmesini 3 farklı mekanizma ile engellerler. Bunlar: i) Na<sup>+</sup> taşıyıcıları ile Na<sup>+</sup>un bitkiye girişinin ve hücre içine geçişinin sınırlandırılması, ii) Na<sup>+</sup>un vakuolde biriktirilmesi, iii) sitozolik Na<sup>+</sup>un membran Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> taşıyıcıları ile hücre dışına veya apoplasta taşınmasıdır (Bartels and Sunkar 2005).

Sitozolik Ca<sup>+2</sup> seviyesindeki artış ve Ca<sup>+2</sup> sensör proteinlerinin aktivasyonu ise tuz stresine karşı hücrenin oluşturduğu cevaplardan bir diğeridir (Knight *et al.* 1997). Tuz stresi ile artan sitozolik Ca<sup>+2</sup> miktarı kalsiyum sensörü olan SOS3 tarafından algılanır ve SOS yolağını başlatır (Şekil 2.3). SOS3 kalsiyumun varlığında, bir serin/treonin protein kinaz olan SOS2 ile etkileşerek SOS2'yi aktif hale getirir (Halfter *et al.* 2000, Liu *et al.* 2000). SOS2-SOS3 protein kinaz kompleksi, membran Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiportu olan SOS1'i aktive ederek fazla Na<sup>+</sup>u hücre dışına çıkartır (Shi *et al.* 2002). SOS2-SOS3 kompleksi, HKT1 geninin ifadesini azaltarak veya HKT1 proteinini inaktif hale getirerek Na<sup>+</sup>un hücreye girişini engeller (Zhu 2002). SOS2, NHX (vakuol Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> antiportu) ile etkileşerek, NHX'i aktif hale getirir ve aşırı Na<sup>+</sup>un vakuolde birikimini sağlayarak iyon homeostasına ilave katkı sağlar (Mahajan *et al.* 2008). SOS2 aynı zamanda bir Ca<sup>+2</sup>/H<sup>+</sup> antiportu olan CAX1 ile de etkileşerek CAX1'in aktivitesini düzenler ve Ca<sup>+2</sup> homeostasının korunmasını sağlar (Cheng *et al.* 2004).



Şekil 2.3. Tuz stresinde SOS yolağı ile iyon homeostasisının düzenlenmesi (Mahajan *et al.* 2008).

SOS1 transkriptlerinin ifadesi tuz stresi ile artarken, ABA ve soğuk stresi SOS1 artışına neden olmamaktadır. Bitki organları dikkate alındığında ise, SOS1 mRNA'sı kökte yaprağa oranla daha çok bulunmaktadır. SOS1'in ifadesinin artmasına SOS2-SOS3 yolağının aracılık ettiği *sos2* ve *sos3* genlerine ait mutasyonu içeren bitki analizleriyle kanıtlanmıştır. SOS1'in, *sos3* mutant bitkilerinde kökte ve sürgünde tuz stresine cevap olarak artmadığı, *sos2* mutant bitkilerinde ise kökte artarken sürgünde artmadığı bildirilmiştir. Bu durum SOS1'in regülasyonunun en azından bir bölümüne SOS2-SOS3 yolağının aracılık ettiğini göstermektedir (Mahajan *et al.* 2008). SOS2-SOS3 arasındaki etkileşim ise, aynı yolakta 2 genin fonksiyonel olduğunu gösteren *sos2-sos3* çift mutant analizleri ile desteklenmiştir (Halfter *et al.* 2000). *sos4* (kök gelişiminde yavaşlama) ve *sos5* (anormal kök gelişimi) mutant bitkilerinin köklerinde yapılan analizlerle SOS4'ün tuz stresi koşullarında Na<sup>+</sup> ve K<sup>+</sup> iyon homeostasisının düzenlenmesi ve SOS5'in ise büyümenin düzenlenmesinde rolü olduğu bildirilmiştir (Mahajan *et al.* 2008). SOS yolağı sadece *Arabidopsis*'te değil, diğer yüksek bitkilerde de yaygın olarak bulunmaktadır.

### 2.2.2. Stres toleransında rol oynayan metabolitler

Ozmotik stres, aminoasitler (prolin vb.), aminler (glisin-betain, poliaminler vb) şeker ve şeker alkoller (trehaloz, mannitol vb.) gibi çeşitli hücrel bileşenlerde değişime neden olur. Bu metabolitler normal koşullarda metabolizmaya yönelik aktif değilken, ozmotik

stres koşulları altında yoğun bir şekilde sitoplazmada birikirler (Chen and Murata, 2002), turgor basıncında temel rol oynadıkları gibi proteinlerde ve hücre yapısında da stabilizasyon sağlarlar (Yancey et al., 1982). Stresle ilgili en önemli metabolitler ise; prolin, glisin betain, poliaminler, şekerler ve poliollerdir.

*Prolin*; Birçok bitki stres koşulları altında prolin biriktirir. Prolinin ozmotik stres koşulları altında sağladığı ozmotik uyumun yanı sıra, plazma mebranınin bütünlüğünü koruduğu da bildirilmiştir (Mansour 1998). Tuz stresi koşullarında tuza dayanıklı yonca köklerinde prolin konsantrasyonunun tuza hassas olana göre hızlı bir şekilde iki kat arttığı görülmüştür (Petruša and Winicov 1998, Fougère et al. 1991). Çeltikte kuraklık stresi uygulamalarında ise kuraklıkla birlikte yapraklarda prolin konsantrasyonunda artış tespit edilmiştir (Hsu et al. 2003). Kurak ve tuz stresi uygulanan Cabernet Sauvignon üzüm çeşidinde prolin miktarındaki artışın kuraklık stresinde tuz stresine göre yüksek olduğu bildirilmiştir (Cramer et al. 2007).

*Glisin Betain (GB)*; Bitki hücresi ve çevre arasındaki su dengesini koruyarak ve makromoleküllerin stabilizasyonunu sağlayarak bitkiyi stres koşullarından koruduğu düşünülmektedir (Rontein et al. 2002). GB çoğu strese tolerant bitkide hassas olanlara göre daha fazla birikim göstermesine rağmen, tüm bitkilerde aynı durum söz konusu değildir. Örneğin, şekerpancarı (*Beta vulgaris*) (Shaw et al. 2002) ve arpa (*Hordeum vulgare*) (Chen et al. 2007) stres koşullarında GB biriktirirken, limon (*Citrus limon*) (Piqueras et al. 1996) ve mısır yoncasında (*Trifolium alexandrinum*) (Varshney et al. 1988) tuz stresi koşulları altında tolerant ve hassas çeşitler arasında GB birikiminde kayda değer bir farklılık görülmemiştir. Bununla birlikte çeltik (*Oryza sativa*), *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), tütün (*Nicotiana tabacum*) ve hardal (*Brassica* spp.) gibi hem normal, hem de stres koşullarında GB üretmeyen bitkilerin transgenik hatlarında yapılan çalışmalarda GB üretimi artarak tuz, kurak, soğuk ve yüksek sıcaklık koşullarında tolerans artışı görülmüştür (Rhodes and Hanson 1993).

*Poliaminler*; Bitkilerde büyüme ve gelişme gibi çeşitli fizyolojik süreçlerde yer alan spermidin, spermin gibi poliaminlerin stres koşullarında da rol oynadığı öne sürülmektedir (Bartels and Sunkar 2005). Tuzluluk stresi koşullarında, tuza tolerant Pokali çeltiği ile tuza hassas çeltik karşılaştırıldığında tolerant Pokali çeltiğinin hassas olana göre oldukça yüksek miktarda poliamin biriktirdiği görülmüştür (Chattopadhyay et al. 2002).

*Şekerler*; Stres koşulları altında yapılan pek çok fizyolojik çalışmada yapısal olmayan karbonhidratların (sukroz, heksoz ve şeker alkoller) farklı bitkilerde çeşitli derecelerde biriktiği görülmüştür. Şeker birikimi ve ozmotik stres toleransı arasında güçlü bir korelasyon olduğu transgenik deneyleri içeren çalışmalarla bildirilmiştir (Abd-El Baki *et al.* 2000, Gilmour *et al.* 2000, Streeter *et al.* 2001, Ramanjulu *et al.* 2002, Taji *et al.* 2002). Trehaloz, çoğu bakteri ve fungus ile bazı kurağa dayanıklı yüksek bitkilerde bulunan parçalanmayan bir şekerdir. Trehalozun transgenik çeltikte çoklu abiyotik stres faktörlerine karşı ifadesinin değiştiği bildirilmiştir (Garg *et al.* 2002). Üzümde tanede yapılan çalışmada kuraklık stresi uygulaması ile tohumda ve kabukta trehaloz birikimi görülmüştür (Grimplet *et al.* 2009). Bir şeker alkol olan mannitolünde kurak ve tuz stresi altında biriktiği ve abiyotik strese karşı direnci artırdığı bildirilmiştir. Mannitol 1-fosfat dehidrogenazı kodlayan bakteriyel genin tütüne aktarılması ile mannitol birikimi ve tuz stresine toleransta artış görülmüştür (Tarczynski *et al.* 1993). Benzer şekilde aynı genin buğdaya aktarılması ile kurak ve tuz stresine toleransta artış tespit edilmiştir (Abebe *et al.* 2003). Bununla birlikte yapılan bu denemelerde biriken mannitolün ROS uzaklaştırıcısı olarak da rol aldığı düşünülmektedir.

*Polioller*; Polioller makromoleküllerin stabilizasyonu ve hidroksil radikallerinin uzaklaştırılmasında rol oynayan moleküllerdir. Bu sayede membranların ve enzimlerin oksidatif hasardan korunmasını sağlarlar (Smirnoff and Cumbes 1989, Shen *et al.* 1997). Mannitol ve sorbitol gibi düz zincirli poliollerin birikimi pek çok bitkide strese tolerans ile ilişkilendirilmiştir (Stoop *et al.* 1996).

### **2.2.3. Stres toleransında rol oynayan koruyucu proteinler**

*Isı şok proteinleri (Hsp), moleküler şaperonlar ve LEA (Late Embryogenesis Abundant) proteinleri* abiyotik stres toleransında rol alan proteinlerdir (Wang *et al.* 2003, Wang *et al.* 2004). Bu proteinler, yapısal proteinlerin düzgün bir şekilde katlanması ve korunması, hücre fonksiyonlarının düzgün bir şekilde gelişmesi için oldukça önemlidirler. Vejetatif dokularda normal koşullar altında Hsp'ler (genellikle) ve LEA proteinleri ifade olmazken stres koşullarında indüklenerek yapısal ve fonksiyonel proteinlerin konformasyonu ve doğru katlanmasını kontrol edip, strese karşı korunmasına yardım ederler (Vinocur and Altman 2005). Hsplerin pek çok bitkide kuraklık stresi ile indüklendiği bildirilmiştir. Transgenik *Arabidopsis* bitkisinde AtHSP17.7 geninin yüksek ifadesi, AtHSP17.7 proteininin yüksek miktarda birikmesi ile kurak ve tuz stresi toleransının arttığı



görülmüştür (Sun *et al.* 2001). Arpadan izole edilen grup3 LEA proteinlerinden HVA1 proteininin ise transgenik çeltikte kuraklığa dayanıklılığı artırdığı bildirilmiştir (Chandra Babu *et al.* 2004).

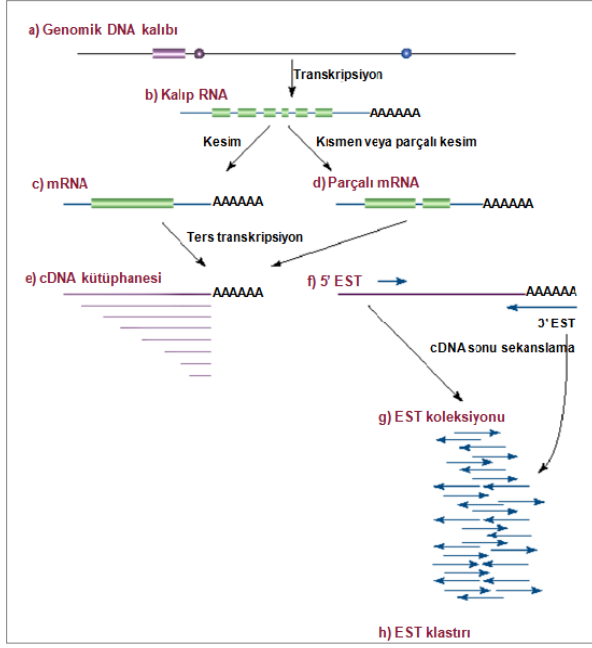
### **2.3. Bitkilerde Kurak ve Tuz Stresi Koşullarında Gen İfadesinin Belirlenmesine Yönelik Yaklaşımlar**

Abiyotik stres koşulları altında bitkinin hayatta kalmasını sağlayan mekanizmaların belirlenmesinde gen ifadesini temel alan çalışmalar, ifadesi artan ve azalan transkriptlerin tespit edilmesi açısından oldukça önemlidir. Fonksiyonel genomik metotlar, high-throughput teknoloji kullanılarak hücre ve organizma düzeyinde gen ürünlerinin etkileşimide dahil olmak üzere geniş çaplı olarak genlerin analizine olanak sağlar. EST (Expressed Sequence Tags), cDNA kütüphaneleri, SAGE (Serial Analysis of Gene Expression), cDNA-AFLP ve mikroarray (mikrodizin) gibi teknikler gen ifadesinin profillemesi çalışmalarında ön plana çıkan tekniklerdir.

#### **2.3.1. cDNA kütüphaneleri ve Expression sequence tags (EST)**

cDNA (Komplementer DNA) kütüphaneleri, tüm genom sekansı tamamlanmamış dizi bilgileri bilinmeyen organizmalarda; yeni genlerin keşfi, gen polimorfizmi ve gen ifadesi çalışmalarında kullanılan yöntemlerdendir (Ewing *et al.* 1999, Mekhedov *et al.* 2000, Shannon *et al.* 2003, Zhu 2003). Farklı koşullara maruz bırakılmış değişik hücre ve dokulardan oluşturulan cDNA kütüphaneleri değişik uzunlukta olup, doğrudan gen ifadesi analizlerinde kullanıldığı gibi EST özelliğini alarak çip üretiminde de temel oligonükleotid bilgisini oluşturmaktadır (Şekil 2.4).

Expression sequence tags (ESTs), ifade olan genlerin genellikle 200 – 700 bp (=bç) uzunluğundaki nükleotit dizileridir. EST'ler aday genlerin bulunmasını ve tanımlanmasını sağlar, aynı zamanda genlerin yapısının anlaşılmasına (Kan *et al.* 2001) ve EST temelli fiziksel haritalar kullanılarak tarımsal açıdan önemli genlerin klonlanmasına da olanak sağlarlar (Kurata *et al.* 1997) (Şekil 2.4). EST'ler, mikroarray temelli geniş çaplı gen ifadesi çalışmalarının temel kaynağıdır ve *Arabidopsis* (Seki *et al.* 2002), çeltik (Yamamoto and Sasaki 1997), arpa (Ozturk *et al.* 2002), üzüm (da Silva *et al.* 2005, Tillett *et al.* 2011), Hint fıstığı (*Jatropha curcas*) (Eswaran *et al.* 2010) gibi bitkilerde kurak ve tuz toleransı gibi kompleks özelliklerin analizine olanak sağlarlar.



Şekil 2.4. cDNA kütüphaneleri ve EST koleksiyonlarının oluşturulması

### 2.3.2. cDNA-AFLP (cDNA Amplified Fragment Length Polymorphism)

cDNA-AFLP yaklaşımı farklı ifade olan genlerin veya transkriptlerin belirlenmesi, yeni genlerin keşfi (Breyne and Zabeau 2001, Ranik *et al.* 2006), genom boyu ifade analizlerinde (Breyne *et al.* 2003) ve transkriptom haritalarının oluşturulmasında (Brugmans *et al.* 2002) kullanılan yöntemler arasında yer alır. Hibridizasyon temelli mikroarray teknikleri ile karşılaştırıldığında ucuz olması yöntemi avantajlı kılmaktadır.

### 2.3.3. Serial Analysis of Gene Expression (SAGE)

SAGE geniş çaplı gen ifadesi profillemeye çalışmalarında kullanılan güçlü tekniklerden biridir. Metot, transkripti tanımlamak için yeterli bilgiyi içeren 9-17 baz çiftlik özgün kısa dizilerin oluşumunu temel alır (Velculescu *et al.* 1995). Hedef dizi uzun seri moleküle bağlanır, klonlanır ve dizi analizi yapılır. Hedef dizilerin katsayısı gen ifadesi hakkında direkt bilgi sağlar. Tekniğin bitkilerde kullanımı yaygın olmamakla birlikte, *Arabidopsis* ve çeltikte farklı doku ve organlarda gen ifadesi çalışmalarında kullanılmıştır (Matsumura *et al.* 1999, Gibbins *et al.* 2003).

### 2.3.4. Mikroarray: Mikroarray

Mikroarray teknolojisi geniş çaplı gen ifadesi profilinin analizinde devrim yaratan teknolojilerden biridir ve prensip olarak seçici veya farklı nükleik asitlerin hibridizasyonunu temel alır. Bu teknoloji strese cevap sırasında transkripsiyonel aktivitenin

hızlı ve kapsamlı bir şekilde değerlendirilmesini mümkün kılar ve strese cevabı yöneten karmaşık sinyal ağına yeni bir bakış açısı kazandırır, ilgili yeni genlerin belirlenmesini sağlar. Gen ifadesindeki değişim, farklı renkte florasanlarla işaretlenen kontrol ve hedef transkript popülasyonundaki DNA'ya bağlanan florasan sinyallerin oranı ve yoğunluğu ile ölçülür. Gen ifadesine yönelik, temel olarak oligonükleotit mikroarray ve cDNA mikroarray olmak üzere iki tip mikroarray vardır (Alba *et al.* 2004).

#### **2.3.4.1. cDNA mikroarray**

cDNA temelli mikroarrayler, PCR reaksiyonu ile çoğaltılan cDNA örneklerine ait 300-5000 bazlık problemlerin cam slaytlar üzerine robotik olarak basılmasıyla hazırlanır. cDNA kütüphanelerinden direkt olarak hazırlanabilmesi ve maliyetinin düşük olması cDNA temelli mikroarraylerin avantajları arasında yer alır. *Arabidopsis*, çeltik, mısır, çilek, petunya gibi pek çok bitkide cDNA mikroarrayler geliştirilmiştir (Alba *et al.* 2004).

#### **2.3.4.2. Oligonükleotit mikroarray**

cDNA temelli mikroarraylerin aksine, oligonükleotit temelli DNA arrayler (cam slayt, GeneChip® teknolojisi Affymetrix, Inc vb.) 20~80 merlik oligolardan veya peptid nükleik asit (PNA) lerden fotolitografik olarak veya çip immobilizasyonunu takiben konvensiyonel sentezle *in situ* olarak oluşturulurlar (Weiler *et al.* 1997). Yüksek yoğunluklu bu oligonükleotit arraylerin temel avantajı DNA dizi veri bankalarından elde edilen bilgiden direkt olarak sentezlenebilmeleridir. GeneChip® ekspresyon arraylerin diğer bir avantajı ise spesifik olmayan hibridizasyon veya uzun problemlerin geri plandaki etkilerinden kaçınmak için yaklaşık 20 baz çifti uzunluğunda gen spesifik oligonükleotitlerin kullanılmasıdır. Model organizmalardan diğer birçok organizmaya kadar oldukça geniş çaplı olarak elde edilebilmesi ve çip listenin giderek artması GeneChip® teknolojisinin diğer avantajları arasındadır. Bununla birlikte dizaynı için gelişmiş fotolitografik teknolojiye ihtiyaç duyulması, maliyetinin yüksek olması ise sistemin dezavantajları arasında sayılabilir (Alba *et al.* 2004).

### **2.4. Asma çeşit (*Vitis vinifera* L.) ve Anaçlarında Kurak ve Tuz Toleransı**

Asma *Rhamnales* takımında yer alır ve bu takımın üç familyasından (*Rhamnaceae*, *Leeaceae*, *Vitaceae*) sadece *Vitaceae* familyasına ait bitkiler, bilinen anlamda asmaları tanımlamaktadır. 12 cinsi ve yaklaşık 700 alt türü bulunan *Vitaceae* familyası *Vitis* cinsi *Muscadinia* ve *Euvitis* olmak üzere 2 alt cinsten oluşur. *Euvitis* alt cinsine ait Yakın Doğu

ve Avrupa türü olan *Vitis vinifera* L. 2 yabancı alt tür (ssp. *sylvestris* Gmel. ve ssp. *caucasia* Vav.) ve bir kültür türünden (ssp. *sativa*. D.C.) oluşmaktadır. Dünya üzerinde çok geniş bir alana yayılan asma türleri içerisinde en önemlisi, dünya üzüm üretiminin %95'den fazlasını sağlayan *Vitis vinifera* L.'dir (Çelik vd 1998).

Kültürü yapılan en eski meyve türlerinden olan üzüm ekonomik açıdan da oldukça önemlidir. Dünya'da yaklaşık 8 milyon hektarlık bir alanda yetiştirilmekte ve yaklaşık 68,5 milyon ton ürün elde edilmektedir. Toplam üretimde 4.2 milyon ton ile % 6,2'lik bir paya sahip Türkiye, Çin (8.65 milyon ton), İtalya (7.78 milyon ton), USA (6.22 milyon ton), İspanya (6.10 milyon ton), Fransa (5.84 milyon ton)'dan sonra 6.sırada yer almaktadır (Anonim 2010a).

Ülkemiz yaş üzüm üretiminin yaklaşık olarak % 40'ının çekirdeksiz ve çekirdekli kurutmalık, % 30'unun sofralık, % 28'inin şıralık (pekmez, sucuk, köfter, pestil v.s.), % 2-3'ünün ise şaraplık olarak değerlendirildiği kabul edilmektedir. Üzüm toplam meyve üretiminin % 26'sı ile Türkiye'de en çok üretilen meyve türüdür (Anonim 2010b).

Üzüm ticari öneminin yanı sıra, içerdiği önemli fitokimyasal türleri ile tıbbi kullanım açısından da önemli bir bitki haline gelmiştir. Üzüm antosiyanin, lutein, likopen, resveratrol gibi 1600 den fazla bileşiği içermektedir (Pezzuto 2008). İçerdiği bu bileşikler sayesinde kardiovasküler riskin azaltılması, diyabet (kan şekerinin düzenlenmesi), immün fonksiyonlar, kansere yakalanma riskini azaltılması, bilişsel fonksiyon/beyin sağlığı (Alzheimer gibi bilişsel hastalıkların engellenmesi) gibi pek çok alanda tıbbi açıdan önemli rol oynamaktadır (German and Walzem 2000, Middleton *et al.* 2000).

Asma, kurağa kısmen yüksek, (Matthews and Anderson 1988, Matthews *et al.* 1990, Prior *et al.* 1992, Sipiara and Granda 1998, Esteban *et al.* 1999, Esteban *et al.* 2001, Kennedy *et al.* 2000) tuza ise orta derecede tolerans göstermektedir (Prior *et al.* 1992, Mullins *et al.* 1992). Gelişmiş kök sistemi sayesinde aşırı kurak koşullar altında hayatta kalabilir ancak bu durum ürün miktarının ve kalitesinin olumsuz yönde etkilenmesine neden olabilir (Watson 2005). Yaprak su potansiyelinin -0,9 MPa'nın altına düştüğü kuraklık koşullarında ürün veriminde azalma meydana gelmektedir (Grimes and Williams 1990). Tuz miktarının 2.5 dS m<sup>-1</sup>'den yüksek miktarlara ulaşması durumunda asma gelişiminin yavaşladığını ve ürün miktarının azaldığını, EC 6.7 dS m<sup>-1</sup>'ye ulaştığında ise asmada ölüme neden olabildiği görülmüştür (Kotuby-Amacher *et al.* 1997, Battany 2004).

Filoksera böceği (*Phylloxera vastatrix radicolica*), asma yaprak ve kökleri ile beslenen bağı zararlılarından ve bağcılığın yapıldığı ülkelerde temel problemlerden biridir. Filokseraya dayanıklılık konusunda *Vitis vinifera* L. türleri ve Amerikan asma türleri yaprak ve kök bazında farklılık göstermektedir. Amerikan asma türleri filokseranın kök formuna dayanıklı iken, *Vitis vinifera* L. türlerinin yaprak formuna dayanıklı olması (Buchanon and Amos 1992) bağcılıkta Amerikan asma anaçlarının kullanımını zorunlu hale getirmiştir. Anaçların kurak ve tuz stres koşullarına karşı dayanıklılığı anaca göre değişmekle birlikte çeşitlerle karşılaştırıldığında önemli derecede düşüktür (Mullins *et al.* 1992). Genotip düzeyinde bakıldığında 110R, 140Ru, 99R anaçları kurağa daha toleranslı bulunurken, 5BB, 5C, SO4 gibi anaçların kurak toleransı yönünden zayıf olduğu, tuzlu alanlarda ise en toleranslı anaçların başında 1616C gelirken 41B'nin tuza çok hassas olduğu özellikle bildirilmiştir (Howell 1987). Kullanımı zorunlu hale gelen anaçların bu streslere hassaslıkları, üzümde verime, üzüm ürünlerinde (özellikle şarap) ise kalite kaybına neden olmaktadır.

## **2.5. Asma Çeşit (*Vitis vinifera* L.) ve Anaçlarında Kurak ve Tuz Toleransına Yönelik Araştırmalar**

### **2.5.1. Fizyolojik araştırmalar**

Kum ortamında Sultani Çekirdeksiz çeşidi 1-125 mM tuz içeren besin solusyonu ile sulandığında büyümede ve fotosentezde azalmalar görülmüştür (Downton 1977). Diğer araştırmacılar tarafından bu üzüm çeşidinde gerçekleştirilen tuz stresi uygulamalarında ise fotosentez ve büyüme ile ilgili benzer sonuçlar alınmış, aynı zamanda tuz stresinin tane ağırlığını azalttığı ve ürün kaybına neden olduğu, kuru meyve kalitesini de önemli derecelerde azalttığı bildirilmiştir (Walker *et al.* 1981, Prior *et al.* 1992).

Cabernet Sauvignon'a 0, 20, 50 ve 75 mM tuz uygulaması ile sürgün - yaprak gelişiminde, tane oluşum - gelişiminde azalma görülmüştür. Uygulanan 20 mM tuz konsantrasyonu sürgün gelişimini etkilemezken 50-75 mM tuz konsantrasyonunun sürgün gelişimini, 75 mM tuz konsantrasyonunun ise tane büyüme ve gelişimini önemli ölçüde etkilediği görülmüştür. Tuzun yaprak ve tanede büyüme ve gelişmeyi azalttığı, ancak invertaz ve metilesteraz aktivitesinde değişikliğe neden olmadığı bildirilmiştir (Hawker and Walker 1978).

Sera kořullarında yetiřtirilen Sultana zm eřidine 0-90 mM NaCl uygulanarak, eřidin tuz uygulamasına geliřimsel ve fotosentetik cevabı ve tuz uygulaması kesildikten sonra bitkinin kendini toplarlama sreci arařtırılmıřtır. Tuzun srgn geliřimi ve fotosentez oranını azalttıęı, dřk klor (Cl<sup>-</sup>) konsantrasyonunda fotosentez oranının azalmasına ise byk lde stomatal direncin neden olduęu bildirilmiřtir. Asmanın 300 mM'ı geen Cl<sup>-</sup> konsantrasyonuna raęmen pozitif turgor basıncını koruyarak tuza nemli lde adaptasyon saęladıęı bildirilmiřtir. Tuz uygulaması kesildięinde yapraklardaki Cl<sup>-</sup> konsantrasyonunun hızlı bir Őekilde dřtę, srgn geliřiminin ve fotosentezin arttıęı grlmřtr (Walker *et al.* 1981).

5BB, 41B, ve 1613C asma anaları ile avuş, Mřkle ve Sultani ekirdeksiz eřitlerine sera ve *in vitro* kořullarda % 0 (kontrol) - % 100 konsantrasyonlarda 4-8 hafta sre ile tuz stresi uygulanmıřtır. Artan NaCl konsantrasyonu ile byme, geliřme ve toplam klorofil miktarında azalmalar grlmřtr. Her iki kořulda da ana ve eřitler arasında tuza dayanımları aısından benzer sonular ortaya ıkmıřtır. Analar arasında tuza en dayanıklı 1613C bulunurken, 1613C'yi sırasıyla 5BB ve 41B anaları izlemiřtir. eřitlerde ise tuza en dayanıklı avuş bulunmuř ve bunu sırasıyla Sultani ekirdeksiz ve Mřkle izlemiřtir (Sivritepe 1995).

Yarı kurak kořullarda yetiřtirilen Ramsey anacı zerine ařılı Colombard eřidine 4 farklı geliřim ařamasında (ieklenme ncesi, meyve tutumu, meyve olgunlařması ve hasat sonrası) tuz stresi (EC 3.5 dS/m) uygulanmıřtır. Tuz stresinin meyve tutumunu % 7 oranında, meyve olgunlařmasını ise % 3 oranında azalttıęı grlmřtr. ieklenme ncesi tuz stresi uygulaması ise tane aęırlıęında % 1, tane geliřiminde % 6, meyve olgunlařmasında ise % 4 oranında azalmaya neden olurken, ana-eřit kombinasyonunun uygulanan tuz stresine raęmen yksek verim oranını srdrebildięi grlmřtr (Stevens *et al.* 1999).

Uzun dnemde artırılarak uygulanan tuzun Sugraona eřidinde geliřim, canlılıęın srdrlmesi, transpirasyon ve iyon birikimine etkisi arařtırılmıřtır. Hem lizimetre hem de alan denemelerinde sodyum ve klorun srgnde ařırı birikmesi nedeniyle canlılıęın srdrlmesinin tuzluluęun miktarı ve sre ile doęrudan baęlantılı olduęu ve tuzluluęa cevap olarak byme ve transpirasyonun azaldıęı grlmřtr. Zaman ierisinde dřkten ykseęe artan tuz oranının bitkilerde lm oranını arttırdıęı bildirilmiřtir (Shani and Ben-Gal 2005).

41B (*V. vinifera* X *V. berlandieri*) ve 1103P (*V. berlandieri* X *V. rupestris*) anaçlarında silikon uygulanmış ve silikon uygulanmamış sürgünlerde NaCl ve Boron'un birlikte ve ayrı ayrı toksik etkisi araştırılmıştır. İki anaçtaki sodyum ( $\text{Na}^+$ ), klor ( $\text{Cl}^-$ ), boron ( $\text{B}^{+3}$ ), silikon (Si) konsantrasyonları, stoma direnci, lipit peroksidasyonu, prolin ve  $\text{H}_2\text{O}_2$  birikimi ve temel antioksidant enzimlerinin (süperoksit dismutaz, katalaz, askorbat peroksidaz) aktivitesi incelenmiştir. Uygulanan Si, 1103P anacında Na birikimini, her iki anaçta B ve Cl birikimini engelleyerek NaCl ve B'nin sürgün gelişimindeki toksik etkisini azaltmıştır. B, NaCl ve her ikisinde içeren ortamda yetiştirilen anaçlarda uygulanan Si'nin stoma direnci, lipit peroksidasyonu, prolin ve  $\text{H}_2\text{O}_2$  birikimi gibi parametreleri azalttığı görülmüştür. Uygulanan Si'nin her iki anaçta üç koşulun olumsuz etkisini,  $\text{Na}^+$  ve  $\text{B}^{+3}$ 'ün kökten sürgüne veya topraktan bitkiye geçişinin engellenmesi ile giderildiği, aynı zamanda  $\text{Na}^+$  ve  $\text{B}^{+3}$ 'ün bitki dokularındaki fitotoksik etkisini azalttığı bildirilmiştir (Soylemezoglu *et al.* 2009).

Cabernet franc çeşidinde kuraklığın meyve gelişiminin farklı evreleri üzerine etkisinin araştırıldığı çalışmada, aşırı kuraklığın meyve gelişiminde aksamalara neden olduğu görülmüştür. Kuraklık stresi çiçeklenmeden sonraki ilk üç hafta süresince çiçeklenmede ve ilk meyve tutumunda azalmalara neden olmuştur. Ayrıca tane gelişiminde, ben düşmesi sonrasında meyve olgunlaşmasında aksamalara neden olmuş, olgunlaşmayan meyvede kabuk pigmentlerinin içeriği de oldukça düşük bulunmuştur (Hardie and Considine 1976).

Müller Thurgau çeşidinde, anacın kuraklık toleransına etkisini araştırmak üzere artırılarak uygulanan kuraklık stresi ile yapraklardaki abisisik asit konsantrasyonu ve temel yaprak fizyoloji parametreleri arasındaki bağlantı araştırılmıştır. Üç hibrit anaç (H1, H8, H26) üzerine aşılardan Müller Thurgau çeşidine 7 ve 14 gün süre ile kuraklık stresi uygulanmış, aşılı ve aşısız çeşitler arasında net fotosentez oranı ve stoma iletiminde önemli ölçüde farklılık görülmüştür. H1 ve H8 üzerine aşılı çeşitte 14 günden sonra net fotosentez oranında azalma görülmezken, ABA oranında önemli ölçüde artış görülmüştür. Etkili su kullanımı ve stoma iletimi artarken karboksilasyon etkinliğinin ise azaldığı bildirilmiştir (Iacono *et al.* 1998).

*Vitis riparia* Michaux, *Vitis riparia* anacına aşılı Carignane çeşidi ve aşısız Carignane çeşidinde iki sezon boyunca sulama yapılmayan arazi koşullarında gaz değişimi ve su ilişkisine yönelik denemeler gerçekleştirilmiştir. Gün doğmadan önceki yaprak su potansiyeli, gün doğmadan önceki yaprak ozmotik potansiyeli ve gövde su potansiyeli

değerlerinde uygulamalar arasında farklılık olmadığı görülmüştür. Net CO<sub>2</sub> asimilasyonu, stoma iletimi ve anlık su kullanımı kuraklık koşullarından etkilenmiş, iki yıllık karşılaştırmalarda bu parametreler benzerlik göstermiştir. Carignane çeşidi gaz değişim değerleri *Vitis riparia* anacına aşılı Carignane çeşidi ve *V. riparia* Michaux anacına göre önemli ölçüde yüksek bulunmuş ancak uzun dönemde sonuçların benzer olduğu görülmüştür (Padgett-Johnson *et al.* 2000).

Arazi koşullarında uzun dönem ve kısa dönem su stresi uygulanan üç çeşitte (Carignane, Merlot, Shiraz) toprak - bitki su ilişkisi araştırılmıştır. Hem günlük hem de uzun süreli su stresinde stomatal düzenleme veya yaprak alanının sınırlandırılmasının önemli rol oynadığı; kısa dönemde ise stomatal kontrol yoluyla su stresine fizyolojik olarak uyumun Carignane çeşidinde çok daha iyi geliştiği bildirilmiştir. Uzun dönemde ise Şiraz çeşidinin yaprak alanını azaltarak su stresine uyum sağladığı görülmüştür (Winkel and Rambal 1993).

Dört farklı çeşide (Garnacha tinta, Tempranillo, Chardonnay, Airen) Temmuz, Ağustos ve Eylül aylarında kuraklık stresi uygulanarak gün doğumu öncesi yaprak su potansiyeli, gece respirasyonu, stoma iletimi, transpirasyon ve fotosentez oranları araştırılmıştır. Öğle öncesi yapılan ölçümlerde kuraklık stresinin dört çeşitte de stomaların kapanmasını belirgin bir şekilde indüklediği görülmüştür. Kuraklık stresi uygulanan çeşitlerin fotosentez oranı kontrol bitkilerine göre düşük bulunmuştur. Benzer stoma iletim oranlarında Chardonnay'in fotosentez oranı diğer çeşitlerden daha düşük bulunmuştur. Kuru madde üretimi kuraklık stresi koşullarında tüm bitkilerde fizyolojik parametrelerle ilişkili bulunurken, kontrol çeşitlerinde herhangi bir fizyolojik parametre ile ilişkili bulunmamıştır (Gómez-del-Campo *et al.* 2002).

Kuraklığa dayanıklılığı ile bilinen 110R (*V. berlandieri* x *V. rupestris*) anacında su stresi ve yeniden sulama yapılarak oluşturulan farklı fizyolojik koşullarda stoma iletimin nasıl düzenlendiği analiz edilmiş ve su stresinin etkili su kullanımı üzerindeki etkisi araştırılmıştır. Su stresi ile stomaların kapanmasının önemli ölçüde indüklendiği ve etkili su kullanımını arttırdığı ve bu durumun yeniden sulama yapıldığı çoğu günde de devam ettiği görülmüştür. Su stresi boyunca stomatal iletimin temel olarak ksilemdeki ABA miktarı ile kısmen de bitkinin hidrolik iletkenliği ile ilgili olduğu ancak yaprak su potansiyeli ile ilgili olmadığı belirlenmiştir (Pou *et al.* 2008). 110R anacında yapılan diğer bir kuraklık stresi çalışmasında iki farklı seviyede kuraklık stresi ve yeniden sulama ile



iyileşme dönemleri süresince fotosentezin nasıl düzenlendiği özellikle stoma iletiminin CO<sub>2</sub>'in mezofilik iletimi, yaprak fotokimyası (klorofil floresans ve termoluminesans) ve biyokimyası (Vc, max) analiz edilerek belirlenmiştir. Yeniden sulama sonrası iyileşme de stoma iletiminin mezofilik iletimden çok daha yavaş gerçekleşmesi nedeniyle fotosentezi sınırladığı bildirilmiştir. Uygulanan su stresi koşullarında yaprak fotokimyası sonuçları ile anacın kurağa oldukça dayanıklı olduğu kanıtlanmıştır (Flexas *et al.* 2009).

Kuraklık stresine toleranslı olarak bilinen Grenache ve hassas olarak bilinen Semillion çeşitlerine kuraklık stresi uygulanarak çeşitli parametreler araştırılmıştır. 10 günlük kuraklık stresi süresince yapılan karşılaştırmalarda Grenache çeşidinin Semillion çeşidine göre gün doğumu öncesi ve gün ortası kök su potansiyel değerleri daha düşük bulunmuştur. Grenache çeşidi aynı zamanda Semillion çeşidine göre düşük stoma iletimi ve transpirasyonu sürdürdüğü görülmüştür. Her iki çeşitte de kökteki sukroz birikimi ve konsantrasyonu yaprak ve kökteki suyun mevcut durumu ile ters ilişkili bulunmuştur. Petiol ksilemindeki ABA miktarı her iki çeşitte de artmış ve bu artış karbonhidrat metabolizması ve ABA sinyal sistemi arasındaki bütünlüğün göstergesi olarak kökteki sukroz konsantrasyonundaki artış ile paralel bulunmuştur (Rogiers *et al.* 2011).

Farklı anaç, çeşit ve anaç üzerine aşılı çeşitlerde kurak ve tuz stresine yönelik gerçekleştirilen araştırmaları artırmak mümkün olmakla birlikte, son yıllarda stresle ifadesi değişen genlerin belirlenmesine yönelik araştırmalar gerek asmada gerekse diğer pek çok bitkide önem kazanmıştır.

### **2.5.2. Genom ve fonksiyonel genom (mikrodizin) araştırmaları**

Abiyotik strese yönelik gen ifadesi çalışmaları temel olarak tek gen çalışmaları ile başlamış ve günümüzde ise toplu gen ifadelerinin (mikrodizin) incelendiği fonksiyonel genomik araştırmalara kadar uzanmıştır.

Shiraz çeşidinde tane dokusundan cDNA kütüphaneleri oluşturularak olgunlaşma ile ilgili cDNA klonlarını belirlemek için taramalar gerçekleştirilmiştir. Olgunlaşmamış meyvelerde görülmeyen bir dizi cDNA'ya ait mRNA seviyesindeki hızlı artışın, tanede olgunlaşma başlangıcına kadar görülmediği bildirilmiştir. Taramalar sonucunda kütüphanede yer alan bazı klonların, diğer türlerde hücre duvarı yapısında yer alan tahmini translasyon ürünleri, proline zengin proteinler (proline-rich proteins), katalitik olmayan proteinlere benzer küçük proteinler, bazı pektin metilesterazların N terminal domaini ve diğer glutamatca

zengin proteinler ile homolog olduğu bulunmuştur. Geriye kalan klonlar ise thaumatin benzeri proteinler, metallothionein, transkripsiyon faktörü, sitokrom P450 enzimi ve diğer türlerde kuraklık ve soğuk stresi ile indüklenen stres cevap proteini olarak da bilinen proteinleri kodladığı bildirilmiştir. Bununla birlikte, üzüm cDNA'sının diğer bitkilerde gelişimsel süreçlerde de biriken hücre duvarı yapısında veya stresle ilgili cevapta yer alan pek çok homologunun olduğu vurgulanmıştır (Davies and Robinson 2000).

GAP bölgesinde yetiştirilen 6 üzüm çeşidi ile bölgeye önerilen 4 üzüm çeşidi ve 7 anaçta tuz stresi uygulanarak Northern blot analizi ile ozmotin geninin ifade seviyesi araştırılmıştır. Bu genin ifade seviyesi çeşitlerde anaca göre daha yüksek bulunurken en yüksek ozmotin seviyesi Tahannebi ve Hönüsü çeşitlerinde görülmüştür. Bölgeye tavsiye edilen Ata Sarısı ve Alphonse Lavallée çeşitlerindeki ozmotin gen ifadesi miktarı ise Hönüsü çeşidine göre daha düşük bulunmuştur. Diğer taraftan GAP bölgesi çeşitleri Ağ Besni, Rumi, Kabarcık, Dımışkı ve önerilen çeşitler Razakı ve Italia çeşitlerinin ozmotin geni ifade seviyeleri ise önemli ölçüde farklı bulunmuştur. Anaçlarda ise en yüksek ifade seviyesi 1616C'de görülürken onu 99R ve 1613C takip etmiştir. 110R anacının ifade düzeyi 41B anacı ile hemen hemen aynı iken, SO4 ve 5C anaçlarında ise kontrole göre değişim görülmemiştir (Ağaoğlu vd 2004).

Dehidrin; soğuk, kurak ve tuz gibi dehidrasyona (su kaybına) neden olan stres koşullarında vejetatif dokularda ve embriyogenezin sonraki aşamalarında tohumda biriken proteindir. Birbirine yüksek ölçüde benzeyen DHN1a ve DHN1b genlerinin yabani ve kültür asmasında farklı çevresel koşullarda farklı dokulardaki ifade değişimleri araştırılmıştır. DHN1b geni, DHN1a geni ile karşılaştırıldığında 18 bp delesyona sahip olması bu iki geni ve bu genlerin transkript ürünlerini RT-PCR ile kolayca ayrılabilmesini sağlamıştır. Yapılan RT-PCR çalışmaları sonucunda *V. riparia*'da sadece DHN1a geni ifade olurken, *V. vinifera*'da hem DHN1a geninin hem de DHN1b geninin ifade olduğu bildirilmiştir. Putative YSK(2) tip dehidrini kodlayan işlenmiş transkript DHN1-S, kontrol bitkilerinde yapraklarda çok düşük miktarda bulunurken, tomurcuklarda ve tohumda oldukça yüksek miktarda bulunmuştur. İşlenmemiş DHN1-S ve DHN1-U transkriptlerinin soğuk, kurak ve ABA uygulaması ile yapraklardaki birikiminin arttığı, bununla birlikte kısa dönem gerçekleştirilen uygulamalarda ise sadece DHN1-S transkriptinde artış olduğu bildirilmiştir (Xiao and Nassuth 2006).

Akuaporinler bitki su durumunun kontrolü ve suyun düzenlenmesinde temel rol oynarlar. Kurağa dayanıklılığı ile bilinen 110R (*Vitis berlandieri x Vitis rupestris*) anacında, iyi sulanmış (maksimum stoma iletimi sağlayacak yeterlilikte), orta derecede kuraklık stresi (fotosentezi durdurabilecek yeterlilikte) ve şiddetli kuraklık stresi (büyümenin durmasını sağlayacak yeterlilikte) olmak üzere üç farklı deneme gerçekleştirilmiştir. Kuraklık stresi uygulanan bitkilerin 7 gün sonra 3 gün süre ile yeniden sulanarak iyileşmeleri sağlanmış ve her üç koşul içinde stoma iletimi, yaprak su potansiyeli, ksilem ABA miktarı, kök ve gövde hidrolik iletim durumu araştırılmıştır. Aynı zamanda bu üç koşulda kökte ve yaprakta devreye giren 7 adet putative akuaporin geni mRNA ifade miktarları RT-PCR yöntemi ile belirlenmiştir. Orta ve aşırı kurak koşullarda stoma su iletiminde ki düşüş, ABA miktarındaki artış ile bağlantılı bulunmuştur. Akuaporin geninin ifade seviyesi ise su stresinin derecesine ve dokuya göre değişiklik göstermiştir. Aquaporin geninin ifadesinin, daimi yaprak su potansiyeli ve hidrolik iletkenlikle sonuçlanan su stresi cevabına yönelik düzenlenen homeostasinin bir bölümünü oluşturduğu bildirilmiştir (Galmés *et al.* 2007).

Transkripsiyon faktörlerini içeren AP2/ERF protein ailesi, bitkilerde biyotik ve abiyotik stres koşullarında ve bitki gelişim ve büyümesinde önemli rol oynarlar. Genomu sekanslanan asmada AP2/ERF benzeri genlerin ifade profillerine yönelik real time (eş zamanlı) kantitatif PCR (RT-qPCR) yöntemi ile farklı vejetatif ve generatif dokulara yönelik araştırmalar gerçekleştirilmiştir. Araştırma sonucunda ERF domainlerinden en az birini içeren 149 dizi belirlenmiştir. AP2 ve ERF aileleri içinde yer alan spesifik grupların üzümde spesifik tane olgunlaşması ile ilgili durumlarda, diğer türlerde ise benzer modellerde ifadelerinin korunduğu görülmüştür. Aynı zamanda ERF ailesinde yer alan spesifik gen gruplarının sayısında artış görülmüş, diğer türlerde tanımlanan ERF gruplarının üzümde meyve olgunlaşmasında olası yeni rollerinin olabileceği bildirilmiştir (Licausi *et al.* 2010).

Kurak ve tuz stresinde içinde bulunduğu farklı abiyotik stres faktörlerine maruz bırakılan yaprak, tane ve kök dokularından oluşturulan 62,236 EST, stres adaptasyonuna cevapta rol alan temel genetik belirleyicileri tespit etmek için analiz edilmiştir. Oluşturulan 62,236 adet EST bugüne kadar yapılmış farklı çalışmalardaki 32,286 adet EST dizisi ile karşılaştırılmış, yaprak ve tanede anlamlı bulunan toplam 13,278 transkriptten önemli ölçüde farklı ifade olan 250 adet yeni gen tanımlanmıştır. Kökte yapılan analizde ise çoklu

olarak kısa dönem abiyotik strese maruz kalmış 16,452 adet EST analizlerinde diğer dokularla da ilişkili 135 gen belirlenmiştir (Tillett *et al.* 2011).

Üzümde kurak ve tuz stresi sinyal iletiminde rol alan erkenci genlerin ifadesindeki değişimleri belirlemek için SSH (suppressive subtractive hybridization) yaklaşımı ile oluşturulan cDNA kütüphanelerinden EST'ler tespit edilmiştir. MAPK cDNA klonlarının ifadelerindeki değişim tuz stresli SSH kütüphaneleri taranarak belirlenmiştir. Tuza tolerant Razakı çeşidinde tuz ve kurak uygulaması ile özellikle *VvMAP* kinaz transkriptlerinin ifadelerinde farklılık görülmüş, ifadesi artan transkriptler RNA blot (northern blot) analizi ile doğrulanmıştır. Araştırma sonucunda *VvMAP* kinaz geninin kurak ve tuz stresi ile indüklenmesi bu genin ozmotik strese rol oynayan bir gen olabileceğini göstermiştir (Daldoul *et al.* 2012).

Tuza tolerant Razakı çeşidinin 6 saat ve 24 saatlik 100 mM tuz stresi uygulaması sonucunda, yaprak kökenli cDNA kütüphaneleri hazırlanmıştır. Hazırlanan bu SSH kütüphanelerinden ön taraması yapılmış cDNA klonları, *Vitis vinifera* cDNA çipi hazırlanmasında kullanılmıştır. İfade profilleri tuza tolerant (Razakı) ve duyarlı çeşitte (Şiraz) hem kontrol hemde tuz stresi uygulanarak karşılaştırılmıştır. Tuz stresi ile ifadesi artan yedi cDNA klonu belirlenmiş ve belirlenen klonlar RNA blot (northern blot) analizi ile doğrulanmıştır. Seçilen bu yedi gen Razakı çeşidinde 6. saatten itibaren indüklenirken Şiraz çeşidinde 24. saatte indüklendiği bildirilmiştir. Aynı zamanda prolin miktarında tuz stresi uygulaması ile Razakı çeşidinde Şiraz çeşidine göre yaklaşık %34 oranında artış görülmüştür (Daldoul *et al.* 2010).

Asma yaprak sapında su stresi sonrası rehidrasyon boyunca oluşan emboli, emboli tamiri ve emboli iyileşimi ile ilgili beklenen metabolik değişiklikler transkriptomik seviyede analiz edildiği araştırmada, kontrollü sulama koşullarında ve stres sonrası sulama ile normale dönüşen bitkilerin (düşük ve yüksek transpirasyon koşulları) gen ifadeleri cDNA mikrodizin analizleri ile karşılaştırılmıştır. Normale dönüşen bitkilerde en çok etkilenen gen kategorilerinin, flavonoid biyosentezi ile ilişkili genleri içeren ikincil metabolitler, şeker metabolizması ve transport proteinler ile çok sayıda akuaporinden oluştuğu görülmüştür. Yüksek transpirasyon koşullarında iyileşen bitkilerde ABA konsantrasyonu önemli derecede artarken paralel olarak ABA metabolizması ile bağlantılı transkriptlerin (ABA-8'-hidroksilaz, serin-treonin kinaz, RD22 proteinleri) ve ABA sinyalinin de ifadesinin arttığı görülmüştür. Kuraklık stresi sonrası iyileşme dönemine yönelik

gerçekleştirilen bu çalışma ile iyileşmede rol alan transkriptler belirlenmeye çalışılmıştır (Perrone *et al.* 2012).

Cabernet Sauvignon çeşidi, kısa dönemli olarak (1, 4, 8 ve 24 saat) ani soğuk (5 °C), kuraklık (PEG) ve tuzluluk (120 mM NaCl ve 12 mM CaCl) stresine maruz bırakılmıştır. Stres uygulamaları ile stoma iletimi ve gövde su potansiyelinin önemli derecede azaldığı görülmüştür. Mikroarray analizleri sonucunda 1, 4 ve 8 saatlik kurak ve tuz stresi uygulanan bitkiler kontrolleri ile karşılaştırıldığında kontrole göre değişen transkript sayısında kayda değer bir farklılık görülmemiştir. Membran yapısında değişikliklere neden olan soğuk stresinde ise 8. saatte 1.saatte göre transkriptlerin %43'ünde ifade farklılıkları görülmüştür. Stresle en çok etkilenen fonksiyonel kategorilerin protein metabolizması ve sinyal iletim bileşenlerinin olduğu bildirilmiştir. Ozmotik stresin (tuz ve kurak) bitkide daha çok protein sentezi ve hücre döngü transkriptlerini etkilediği, soğuk stresinin ise kalsiyum sinyal transkriptlerini etkilediği görülmüştür. Stresin aynı zamanda pek çok hormon (ABA, etilen, jasmonat) ve transkripsiyon faktör transkriptlerini de etkilediği ve nitrat, sülfat ve fosfatı içeren pek çok anyon transport transkriptleri ve konsantrasyonlarının da zamanla arttığı bildirilmiştir (Tattersall *et al.* 2007).

Cabernet Sauvignon çeşidinde artırılarak uygulanan uzun dönem (16 gün) kurak ve tuz stresinde rol oynayan genleri ve metabolit profillerini belirlemek için mikrodizin ve metabolit ölçümleri ile erken ve geç dönemde kontrole göre değişen transkript ve metabolitler araştırılmıştır. Kuraklık stresinin tuz stresine göre sürgün gelişiminde oldukça hızlı ve fazla inhibisyona neden olduğu gözlenmiştir. Su stresine verilen erken (4.gün) cevaplardan biride RuBisCo aktivaz transkript miktarındaki artış olarak belirlenmiş, bu artışın ise tuz stresi uygulamalarında çok daha geç (12.gün) gerçekleştiği bildirilmiştir. Stres uygulamaları tamamlandığında metabolizma, taşıma, hücre bileşenlerinin biyogenezinde rol alan transkript sayısının kuraklık stresinde tuz stresine göre daha fazla olduğu belirlenmiştir. Aynı zamanda tuzluluk stresinde kuraklık stresine göre protein sentezi ve protein akibetinde (katlanması, işlenmesi vb.) rol alan transkriptlerin daha yüksek yüzde ile etkilendiği bildirilmiştir. Yapılan metabolit ölçümleri ise glukoz, malat ve prolinin kurakta tuza göre daha yüksek konsantrasyonlarda biriktiğini ortaya çıkarmıştır (Cramer *et al.* 2007).

Kuraklık stresi üzümde, tane rengi, tat ve aromayı artırmakta şarap kalitesini iyileştirmekte ve üzüm tane içeriğini önemli ölçüde etkilemektedir. Chardonnay ve Cabernet

Sauvignon'da uzun dönem (tane oluşumundan-hasata kuraklık stresi) kuraklık stresi sonrası tane gelişim dönemindeki transkriptomik ve metabolomik değişiklikler analiz edilmiştir. Kuraklık stresine maruz bırakılan tanelerde gelişim dönemi sonunda, çeşide göre değişmekle birlikte, 6000 transkriptomun kontrol bitkilerinin tanelerine göre farklılık gösterdiği tespit edilmiştir. Kuraklık stresi fenilpropanoid, ABA, izoprenoid, karotenoid, aminoasit, yağ asidi metabolik yollarını önemli derecede etkilemiştir. Cabernet Sauvignon'da glutamat ve prolin biyosentezi ile bağlantılı çok sayıda genin ifadesinin yine artan antosiyanin konsantrasyonu ile fenilpropanoid yolağındaki bazı basamakların kuraklıkla aktive olduğu bildirilmiştir. Chardonnay'de ise anteraksantin, flavin ve uçucu aromaların konsantrasyonunda artışa katkıda bulunan fenilpropanoid, karotenoid ve izoprenoid yollarının aktive olduğu bildirilmiştir. Tane ABA konsantrasyonu NCED1 geni ile önemli ölçüde bağlantılı bulunmuştur. Diğer NCED genlerinin mRNA ifadelerinde, ABA katabolik ve glikozilasyon işlemlerinde önemli bir değişiklik görülmemiştir. Kuraklık stresi ile ben düşmesi ve ben düşmesinden hemen sonraki aşamalarda Cabernet Sauvignon'da ABA konsantrasyonu iki katına çıkarken, Chardonnay'de konsantrasyonda azalma görülmüştür (Deluc *et al.* 2007).

Dünya'da yaklaşık 8 milyon hektarlık bir alanda Amerikan asma anaçları üzerine aşılı, kurağa kısmen yüksek tuza ise orta derecede tolerans gösteren dayanıklı (Matthews and Anderson 1988, Matthews *et al.* 1990, Prior *et al.* 1992, Sipiara and Granda 1998, Esteban *et al.* 1999, Esteban *et al.* 2001; Kennedy *et al.* 2000, Mullins *et al.* 1992) *Vitis vinifera* L. (kültür asması) çeşitleri ile bağcılık yapılmaktadır. Filoksera böceğine (*Phylloxera vastatrix radicularis*) dayanıklılık amacı ile bağcılıkta zorunlu olarak kullanılan asma anaçlarının iki stres koşuluna karşı dayanıklılığı ise; anaçlara göre değişmekle birlikte çeşit dayanıklılığına göre önemli derece düşüktür. *Vitis vinifera* L. çeşitleri genel olarak kurağa “dayanıklı” ve tuza “orta dayanıklı (3.0 g/kg)” olarak, Amerikan asma anaçlarından ise *V. berlandieri* X *V. riparia* Kober 5BB kurağa “hassas” *V. vinifera* var. Chasselas X *V. Berlandieri* 41B tuza “hassas” olarak bilinmektedir (Galet 1979, Howell 1987). Anaçların bu streslere hassaslıkları, üzümde verime, üzüm ürünlerinde (özellikle şarap) ise kalite kaybına neden olmaktadır. Türe yönelik genetik ve biyoteknolojik çalışmalarda önemli aşamalar kaydedilmiş olmakla birlikte dünya bağcılığının en önemli sorunlarından birisi olan anaçların kurak ve tuzluluk stresine dayanıklılığına yönelik biyoteknolojik çalışmalar başlatılmamıştır. Ancak, *Vitis vinifera* genomundaki kurak-tuz dayanıklılığına özgü bilgilerden yararlanarak dayanıklı anaç geliştirilmesi son derece önem

taşımaktadır. Transgenik anaç geliştirilmesini hedefleyen bu arařtırmaların ilk basamađını ise, trler (*Vitis vinifera* L. ve Amerikan trleri) arası stres tolerans farklarında etkili genetik mekanizmaların belirlenmesi oluřturmaktadır.

Bu amaçla, bu tez çalıřmasında esasını oluřturan, izlenecek bilimsel metodoloji ise dayanıklı çeřitile toleransı dřk anaçların gen ifadeleri dzeyinde stres toleranslarını karřılařtırmaktır. Konusal orjinalliđi ile dnyada ilk olarak bařlatılacak olan bu çalıřmanın ilk basamađını oluřturan tezin amacı; *Vitis vinifera* trnde kurak ve tuza dayanıklılık sađlayan ancak Amerikan asma anaçlarında bulunmayan veya ifadesi az olan gen adaylarının tespit edilmesidir.

### 3. MATERYAL ve YÖNTEM

#### 3.1. Materyal

Tezde olası stres tolerans farklılıklarını genom düzeyinde yakalamak amacı ile dayanıklı *Vitis vinifera* L. genotipi ile kurak ve tuz stresine en düşük tolerans gösteren iki anaç bitkisel materyal seçilmiştir. Bu amaçla dayanıklı genotip olarak üzüm çipindeki (*Vitis* (grape) genome array 14,000 *Vitis vinifera* transkripti ve 1,700 diğer *Vitis* türleri, Affymetrix GeneChip®) transkriptomların büyük çoğunluğunun üretildiği Cabernet Sauvignon (*Vitis vinifera* L.) seçilirken, tuza ve kurağa en hassas iki anaç olarak ise sırası ile 41B (Chasselas X *V. Berlandieri*) ve Kober 5BB (*V. berlandieri* X *V. Riparia*) anaçları kullanılmıştır ( Galet 1979, Howell 1987)). Çeşit ve anaçlara ait bitkisel materyaller Ankara Üniversitesi Kalecik Bağcılık Araştırma İstasyonu koleksiyonlarında yer alan damızlık parsellerden sağlanmıştır.

#### 3.2. Yöntem

##### 3.2.1. Bitki yetiştirme koşulları

Araştırmada kullanılan çeşit ve anaçlara ait bitkisel materyal, gen ifadesini etkileyecek olumsuz dış koşulları elimine etmek için, iki aşamalı olarak yetiştirilmiştir. Sera koşullarında yetiştirilen bitkilerden alınan sürgünler doku kültürü ortamında köklendirilmiş, ikinci aşamada ise kum kültürü ortamına şaşırtılarak gelişimleri sağlanmış ve stres uygulamaları öncesi bitkilerde homojenlik sağlanmıştır.

*Bitkilerin serada yetiştirilmesi:* Anaç çelikleri (35-45 cm) ve çeşit kalemleri boyları (30-40 cm) eşit olacak şekilde hazırlanmış ve depolama sırasındaki nem kaybından kaynaklanan kurumaları önlemek için 18-20 °C sıcaklıktaki suda 24 saat bekletilmiştir (Çelik vd 1998). Kesilen çelikler Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü aşu ünitesinde nemli talaş içeren sandıklara yerleştirilerek 24-25 °C sıcaklıktaki iklimlendirme odalarında 4-5 hafta süre ile kök ve sürgün oluşumunun uyarılması için muhafaza edilmiştir. Bu süre sonunda katlama sandıklarından çıkarılan materyaller serada yeni ortamlara dikilmiştir (Şekil 3.1 a-b). Gelişim süresince tek sürgün olacak şekilde budanmıştır.





Şekil 3.1.a. Asma çeşit ve anaçlarına ait çeliklerde kök ve sürgün gelişiminin sağlanması



Şekil 3.1.b. Kök ve sürgün gelişimi sağlanan çeşit ve anaçların sera ortamında geliştirilmesi

*Doku kültürü:* Sera ortamında belirli bir büyüklüğe erişen bitkilerden alınan sürgün uçlarına ekim öncesi % 70'lik etanol (1 dk) ve % 10'luk sodyum hipoklorat (20 dk) ile yüzey sterilizasyonu uygulanmıştır. Sterilize edilen sürgünlerin boğum kültürleri aşağıda içeriği verilen ortama göre hazırlanarak gerçekleştirilmiştir (Çizelge 3.1).

Çizelge 3.1. Doku kültürü köklendirme ortamı içeriği (Roubelakis-Angelakis and Zivanovitch 1991).

Makro elementler	mg/L	Mikro elementler	mg/L	Vitaminler	mg/L
NH <sub>4</sub> NO <sub>3</sub>	500	MnSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	5	Biotin	0.1
KNO <sub>3</sub>	100	H <sub>3</sub> BO <sub>3</sub>	1	Nicotinic Acid	5
CaCl <sub>2</sub> .2H <sub>2</sub> O	200	ZnSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	1	Pyridoxin	5
MgSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	180	KI	0.5	Thiamine	5
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	100	CuSO <sub>4</sub> .5H <sub>2</sub> O	0.01	Panthenic Acid	5
		CoCl <sub>2</sub> .6H <sub>2</sub> O	0.01		100
		EDTA	40		

Fe(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>(SO<sub>4</sub>)<sub>2</sub> 6H<sub>2</sub>O.....4.29g/100ml  
 Sucrose 2%(w/v), Agar 0.7%(w/v), pH 6.4

Çeşit ve anaçlara ait boğum kültürleri ekim sonrası doku kültürü odalarına alınarak, 25 °C sıcaklık, 16 saat aydınlık (480 µmol·m<sup>-2</sup>·s<sup>-1</sup>) ve 8 saat karanlık koşullarında 6 hafta süre ile gelişimleri sağlanmıştır (Şekil 3.2 a-b).



Şekil 3.2.a. Çeşit ve anaçlara ait bitkilerin doku kültürü ortamına ekimi



Şekil 3.2.b. Çeşit ve anaçların doku kültürü ortamında gelişimleri

*Kum kültürü (Bitkilerin kuartz kum ortamına aktarılması):* Homojeniteyi sağlayabilmek için doku kültürü ortamında yetiştirilen çeşit ve anaçlar 6 haftalık büyüme sürecinin sonunda fizyolojik dengenin (fotosentez vb.) sağlanması ve uygun stres ortamı oluşturulması amacı ile iklim odası koşullarında kuartz kum ortamına aktarılmıştır. Bitkilerin doku kültürü ortamından kum kültürü ortamına alıştırılması ve bitkinin şaşırılmasından kaynaklandığı düşünülen stresi ortadan kaldırmak için kuma şaşırılan bitkilerin üzeri plastik örtü ile kapatılmış (Şekil 3.3) ve üç haftalık süre içerisinde kademeli olarak örtü kaldırılarak bitkinin yeni ortamına alışması sağlanmıştır. Üç hafta süren bu alıştırma süreci esnasında bitkiler 2 günde bir içeriği Çizelge 3.2’de sunulan Hoagland besin solüsyonu (1:10 oranında) ile sulanarak 10 hafta süre ile gelişimleri sağlanmıştır.

Çizelge 3.2. Hoagland besin solüsyonu içeriği

<b>Makro Elementler (10X)</b>	<b>(g\L)</b>	<b>Mikro Elementler (1X)</b>	<b>(g\L)</b>
K <sub>2</sub> SO <sub>4</sub>	15.7	H <sub>3</sub> BO <sub>3</sub>	0.124
KH <sub>2</sub> PO <sub>4</sub>	2.7	MnSO <sub>4</sub>	0.066
MgSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	24	CuSO <sub>4</sub> .5H <sub>2</sub> O	0.100
Ca(NO <sub>3</sub> ) <sub>2</sub> .4H <sub>2</sub> O	47.23	NH <sub>4</sub> Mo	0.048
KCl	0.0746	ZnSO <sub>4</sub> .7H <sub>2</sub> O	0.155

\*Her 10X 10L Makro besin solüsyonuna 50ml mikro besin solüsyonu eklenir.

\*Her 1X 1L Makro ve mikro besin solüsyonu için kullanılmadan önce 1ml Fe EDTA eklenir (FeEDTA (1000X) - 365g\l).



Şekil 3.3. Çeşit ve anaçların kuartz kum ortamına şaşırtılması

İklim odası koşullarında 10 hafta süre ile gelişimleri sağlanan bitkiler, stres uygulaması öncesinde budanarak yeniden homojen hale (bitki boyu, yaprak sayısı ve nod sayısı vb.) getirilmiştir. Bu süreçte bitkilerde fungal hastalıklara yönelik ilaçlamalar gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.4 a-b).



Şekil 3.4.a. 41B bitkilerinin budama görüntüleri



Şekil 3.4.b. 5BB ve Cabernet Sauvignon bitkilerinin budama görüntüleri

### 3.3. Deneme Deseni ve Stres Uygulamaları

Budanarak homojen hale (bitki boyu, yaprak sayısı ve nod sayısı vb) getirilen bitkilerde budamayı takiben 3 hafta süre ile yeni sürgünlerin gelişimi izlenerek stres uygulamalarına başlanmıştır.

Tuz stresi uygulamaları NaCl/CaCl<sub>2</sub> 1:10 oranında olacak şekilde; 1.gün 30/3 mM, 2. gün 60/6 mM, 3.gün 90/9 mM, 4.gün 120/12 mM, 5. gün 120/12 mM, 6. gün 120/12 mM ve 7. gün 120/12 mM şeklinde dördüncü güne kadar artırılarak gerçekleştirilmiş, dördüncü günden sonra 4 gün süre ile 120mM tuz konsantrasyonunda sabitlenmiştir. Kuraklık stresi uygulamaları; tuz stresi ile eşit sürede ve su noksanlığı (sulamama) şeklinde gerçekleştirilmiştir. Kurak ve tuz stresi uygulamalarının gerçekleştirildiği bu sürede kontrol bitkileri rutin olarak her iki günde bir 1:10 Hoagland besin solüsyonu ile sulanmaya devam edilmiştir. Stres uygulaması sonunda bitkilerin fizyolojik ölçümleri (Yaprak su potansiyeli, Mpa) gerçekleştirilerek, örnekler sıvı azotta dondurulduktan sonra, RNA izolasyonuna kadar -80 °C'de saklanmıştır.

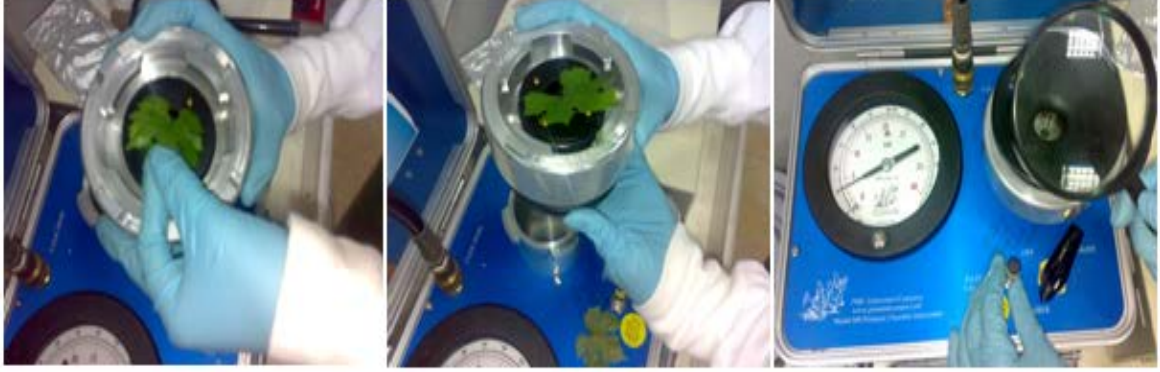
Çip uygulama deseni ise Çizelge 3.3’de verildiği şekilde gerçekleştirilmiştir. Kontrol ve stres uygulamalarının her biri 3 biyolojik tekrar uygulamalı yapılırken, fizyolojik ölçümleri yapılan bitkilerden her bir çip analizi için 5 bitki kullanılmıştır.

Çizelge 3.3. Deneme deseni (Genotip- doku- çip) düzeni

<b>Cabernet Sauvignon</b>	
<b>Zaman 0 (Stres öncesi)</b>	<b>Zaman 1 (7.gün)</b>
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kurak\Kontrol	Kurak
Kurak\Kontrol	Kurak
Kurak\Kontrol	Kurak
Tuz\Kontrol	Tuz
Tuz\Kontrol	Tuz
Tuz\Kontrol	Tuz
<b>5BB</b>	
<b>Zaman 0 (Stres öncesi)</b>	<b>Zaman 1 (7.gün)</b>
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kurak\Kontrol	Kurak
Kurak\Kontrol	Kurak
Kurak\Kontrol	Kurak
Tuz\Kontrol	Tuz
Tuz\Kontrol	Tuz
Tuz\Kontrol	Tuz
<b>41B</b>	
<b>Zaman 0 (Stres öncesi)</b>	<b>Zaman 1 (7.gün)</b>
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kontrol\Kontrol	Kontrol
Kurak\Kontrol	Kurak
Kurak\Kontrol	Kurak
Kurak\Kontrol	Kurak
Tuz\Kontrol	Tuz
Tuz\Kontrol	Tuz
Tuz\Kontrol	Tuz

### 3.4. Fizyolojik Ölçümler

Yaprak su potansiyeli ölçümleri için seçilen olgun yaprakların yaprak sapları dikkatli bir şekilde kesilip ozmometreye (Pressure chamber-model 600, Wescor, Inc.) yerleştirildikten sonra ölçümler gerçekleştirilmiştir. Ölçümler her tuz uygulaması başlangıcında (Time 0) ve takip eden 24 saatlik sürede ve kuraklık uygulaması başlangıcında (Time 0) ve takip eden 24 saatlik sürede gerçekleştirilmiştir (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. Yaprak su potansiyeli ölçümleri

### 3.5. RNA izolasyonu

Kurak ve tuz stres uygulamaları gerçekleştirilen çeşit ve anaçlara ait yapraklardan RNA izolasyonu aşağıda açıklandığı şekilde Tattersall *et al.* (2005) yöntemine göre gerçekleştirilmiştir (Çizelge 3.4).

Çizelge 3.4. RNA izolasyon çözeltisi (Tattersall *et al.* 2005)

Homojenizasyon Buffer :		
200 mM Tris Base-pH 8.5		
% 1.5 (ağırlık/hacim) lithium dodecylsulfate		
300 mM LiCl		
10 mM sodium EDTA		
% 1 (ağırlık/hacim) sodium deoxycholate		
% 1 (hacim/hacim) NP_40 (AKA tergitol NP-40)		
*DEPC su ile hazırlanan solüsyon otoklavlanır.		
*Her 50 ml çözelti (1 örnek) için aşağıdaki maddeler bir kat veya iki kat kullanılır		
Miktar (g ) 1 kat için	Miktar (g ) 2 kat için	
0.0211g	0.0422g	1 mM aurintricarboxylic acid
0.0771g	0.1542g	10 mM dithiothreitol ( AKA DTT )
0.019g	0.038g	5 mM thiourea
1g	2g	% 2 (wt/vol) PVPP

\*Diğer solüsyonlar: 3.3 M sodium acetate, saf Ethanol, isopropanol, 10 M LiCl 5 M Potassium acetate, DEPC ile muamele edilmiş su



## ***RNA izolasyon metot aşamaları:***

### **Birinci gün**

1. 3-4 g bitki dokusu sıvı azot ile ezilir, 50 ml falkon tüp içine alınır.
2. Üzerine 50 ml homojenizasyon çözeltisi eklenir ve iyice karışması sağlanır.
3. Homojenat 250 ml beher içine aktarılır ve en az 2 saat  $-20^{\circ}\text{C}$ 'de bekletilir ve daha sonra  $-80^{\circ}\text{C}$ 'ye transfer edilir ve gece boyu bekletilir.

### **İkinci gün**

4.  $-80^{\circ}\text{C}$ 'de gece boyu bekletilen homojenat,  $37^{\circ}\text{C}$  su banyosunda eriyene kadar bekletilir.
5. Eriyen homojenat iki adet 50 ml tüpe transfer edilir.
6.  $5000\times g$ 'de  $4^{\circ}\text{C}$ 'de 20 dk santrifuj edilir ve süpernatant temiz tüpe alınır (tercihen 1-2 tabaka otoklavlanmış miracloth veya 4 kat peynir bezi ile filtre edilir).
7. 1/30 oranında 3.3 M sodyum asetat süpernatanta eklenir ve karıştırılır (0.106 M son konsantrasyon).
8. % 10 hacim/hacim %100 EtOH eklenir ve ters-düz edilerek karıştırılır. 10 dk buzda bekletilir.
9.  $5000\times g$  de  $4^{\circ}\text{C}$ 'de 20 dk santrifuj edilir. Süpernatant temiz 50 ml tüpe alınır.
10. 1/9 oranında 3.3 M sodyum asetat eklenir (0.33 M son konsantrasyon).
11. 1/2 oranında isopropanol eklenir.
12.  $-20^{\circ}\text{C}$ 'de 2 saat bırakılır (tercihen gece boyu bekletilir).

### **Üçüncü gün**

13.  $5000\times g$ 'de  $4^{\circ}\text{C}$ 'de 30 dk santrifuj edilir.
14. Süpernatant atılır, pellet pipetaj yapılarak 3ml TE çözeltisi içinde çözdürülür.
15. Örnekler 30 dk buz üzerinde bekletilir.

16. 5000xg'de 4°C'de 30 dk santrifuj edilir. Süpernatant temiz tüpe (14 ml) alınır (Aynı örnek için iki farklı tüple çalışılıyorsa veya başlangıçta çalışmalar küçük hacimli tüplerle başlanmışsa bu aşamada hacimler birleştirilir).

17. Süpernatant 1/4 oranında 10 M LiCl ile karıştırılır (2.5 M son konsantrasyon) ve gece boyu buz üzerinde bekletilir.

#### **Dördüncü gün**

18. Gece boyu buz üzerinde bekletilen örnekler 10000xg de 4°C'de 30 dk santrifuj edilir.

19. Süpernatant atılır, pellet pipetaj ile 1.5ml TE Buffer içinde çözdürülür (İki örnek birleştirilmişse 3 ml).

20. 1.5 hacim 5 M (pH ayarı yapılmamış) potasyum asetat eklenir.

21. 3 saat buzda bekletilir.

22. 10000xg de 4°C'de 30 dk santrifuj edilir.

23. Süpernatant atılır, pellet 1 ml (İki örnek birleştirilmişse 2ml) TE Buffer içinde çözdürülür ve buzda 1 saat bekletilir.

24. 1 ml fenol:kloroform:izoamilalkol (25:24:1) eklenip karışması sağlanır. 10000xg'de 15 dk santrifuj edilir. Üst faz yeni tüpe alınır. Aynı hacimde kloroform:izoamilalkol (24:1) eklenip, karıştırılarak aynı şekilde santrifuj edilir ve üst faz temiz tüpe alınır.

25. 1/9 oranında 3.3 M sodyum asetat ve 2 hacim EtOH eklenir.

26. En az 2 saat -20°C de bekletilir (tercihen gece boyu bekletilir).

#### **Beşinci gün**

27. 10000xg de 4°C'de 30 dk santrifuj edilir. Pellet RNA' dır.

28. Pellet 500µl (İki örnek birleştirilmişse 1 ml) saf EtOH ile yıkanır.

29. 10000xg de 4°C'de 30 dk santrifuj edilir.

30. Alkol uzaklaştırılır ve pellet yaklaşık 1 saat kurumaya bırakılır. 500µl DEPC ile muamele edilmiş suda çözdürülür.

31. 65°C su banyosunda 8 dk pelletin tamamen çözünmesi için bekletilir. Sonra ependorf tüpe (1.5ml) transfer edilir.

### **3.5.1. RNA'nın temizlenmesi**

İzole edilen RNA'lar *Rneasy Mini protokol* kiti ile aşağıda yer alan metota göre pürifiye edilmiştir.

1. 10µl β-mercaptoethanol 1 ml RLT ile karıştırılır (1 ay süre ile stabildir).
2. 50-70 µg RNA alınır ve Rnase free su ile hacim 100 µl'ye tamamlanır.
3. Üzerine 350 µl RLT eklenir ve pipetle karıştırılır.
4. Üzerine 250 µl saf EtOH eklenir ve pipetle karıştırılır.
5. Yaklaşık 700 µl karışım 2 ml tüp içerisine yerleştirilen pembe RNeasy kolonuna aktarılır.
6. 15 sn 10.000 rpm'de santrifüj edilir (alt süzüntü atılır).
7. Kolona 500 µl RPE eklenir, 15 sn 10.000 rpm'de santrifüj edilir (alt süzüntü atılır)- yıkama aşaması.
8. Kolona 500 µl RPE eklenir, 2 dk maksimum hızda santrifüj edilir (alt süzüntü atılır)- kurutma aşaması.
9. Kolon yeni bir 2 ml tüpe alınır ve maksimum hızda 1 dk santrifüj edilir.
10. Kolon 1.5 ml tüpe yerleştirilir, üzerine 30-50µl RNase free su kolon membranına eklenir ve 1 dk 10.000 rpm'de santrifüj edilir (iki defa uygulanır).

### **RNA elektroforezi**

İzole edilen RNA örnekleri purifikasyon öncesi ve purifikasyon sonrası 5x loading buffer ile karıştırılıp 3-5 dk 65°C bekletildikten sonra buz üzerine alınır ve % 1.2'lik FA'da aşağıda içeriği verilen 1x FA bufferda 70-80 volt da 1 saat yürütülür.

Formaldehit agaroz (FA) jel hazırlığı:

<i>10x FA gel buffer</i>	<i>1x FA buffer</i>	<i>5x loading buffer</i>
200mM MOPS	100 ml 10x FA gel buffer	1.6µl saturated bromofenol blue
50mM sodyum asetat	20 ml 37% formaldehit (12.3 M)	8µl 500mM EDTA pH 8.0
10mM EDTA	20 ml 37% formaldehit(12.3 M)	72µl 37% formaldehit(12.3 M)
NaOH ile pH: 7	880 ml DEPC muamele edilmiş su	200 µl %100 gliserol
		300 µl formamid
		400 µl 10x FA gel buffer
		17.4 µl DEPC muamele edilmiş su

### 3.6. Mikrodizin Uygulamaları

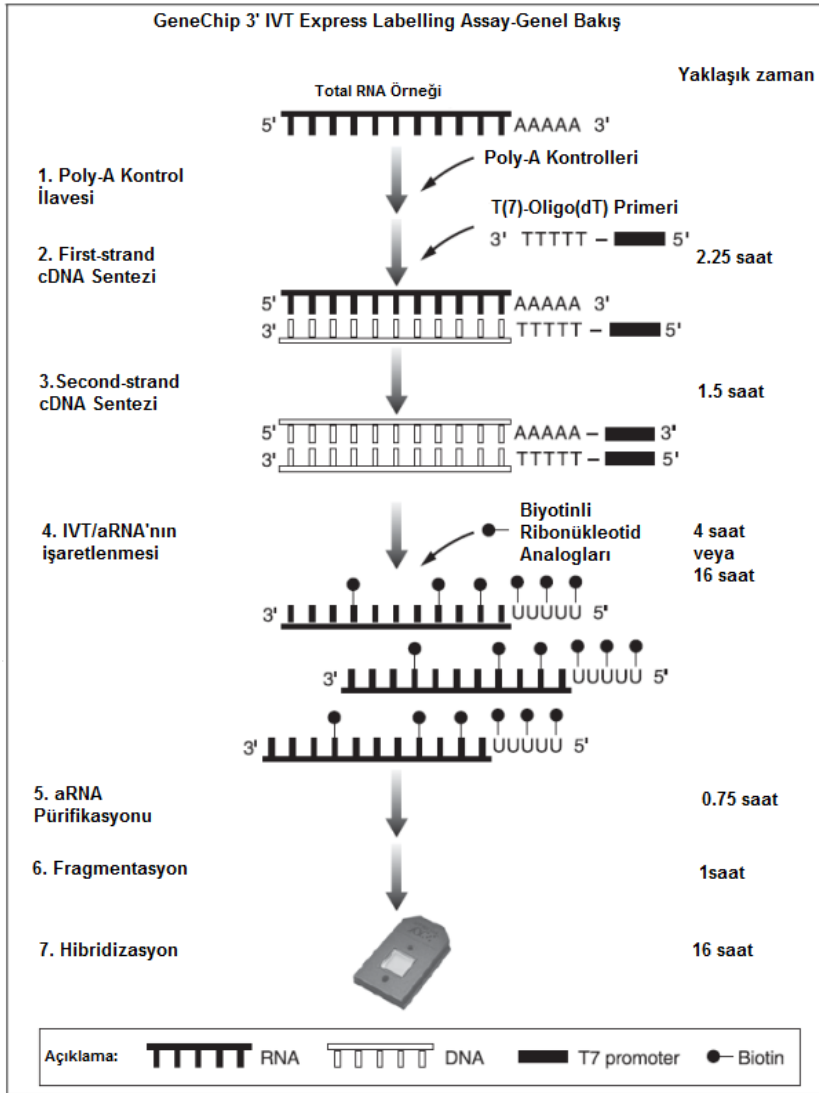
Mikrodizin uygulamaları Affymetrix GeneChip® teknolojisi kullanılarak üretici firmanın protokolleri doğrultusunda gerçekleştirilmiştir (www.affymetrix.com). Protokolde kurak ve tuz stresi uygulanmış bitkiler ve kontrollerinden izole edilen RNA'larda güncellenen IVT Express Labelling Kiti ile çip işlemleri Şekil 3.6'da gösterildiği şekilde gerçekleştirilmiştir. Protokolün her bir aşaması aşağıda detaylı verildiği şekilde uygulanmıştır.

#### *aRNA amplifikasyon protokolü*

##### *Poly-A RNA kontrollerinin hazırlanması*

Poly-A kontrol seti, tüm ökaryotik hedef işaretleme sürecini izlemek için ekzogen pozitif kontrol sağlamak amacıyla özel olarak tasarlanmıştır. Her ökaryotik GeneChip® prob array, ökaryotik örneklerde olmayan (*lys, phe, thr ve dap*) pek çok *B. subtilis* geninin prob setini içerir. Bu poly-A RNA kontrolleri in vitro olarak sentezlenir ve *B. subtilis* genlerinin poliadenilat transkriptleri aşamalı olarak birbiri ile karışmayacak şekilde karıştırılır. Poly-A kontrol stokları, Poly-A Control Dil Buffer ile seyreltilir ve RNA örneklerine aşağıda özetlendiği gibi son konsantrasyona ulaşacak şekilde direkt olarak eklenir.

Poly-A RNA Spike	Son konsantrasyon
Lys	1:100,000
Phe	1:50,000
Thr	1:25,000
Dap	1:6,667



Şekil 3.6. GeneChip 3' IVT express labelling assay-genel akış şeması

Başlangıç materyali olarak 50, 100, 250 veya 500 ng RNA kullanılır. Başlangıç miktarı dikkate alınarak spike in kontrollerinin uygun son konsantrasyona ulaşması için aşağıda açıklandığı şekilde seri dilüsyonları gerçekleştirilir.

Başlangıç RNA miktarına göre seri dilüsyonlar:

Total RNA miktarı	1. Dilüsyon	2. Dilüsyon	3. Dilüsyon	4. Dilüsyon	4.Dilüsyonun miktarı
50 ng	1:20	1:50	1:50	1:20	2 µl
100 ng	1:20	1:50	1:50	1:10	2 µl
250 ng	1:20	1:50	1:50	1:4	2 µl
500 ng	1:20	1:50	1:50	1:2	2 µl

100 ng total RNA için Poli-a RNA dilüsyonunun hazırlanması:

1. 38 µl Poly-A Control Dil Buffer'ına, Poly-A RNA kontrol Stok'dan 2 µl eklenir (1:20). İyice karıştırılır ve kısaca santrifüj edilir.
2. 98 µl Poly-A Control Dil Buffer'ına, ilk dilüsyondan 2 µl eklenir (1:50). İyice karıştırılır ve kısaca santrifüj edilir.
3. 98 µl Poly-A Control Dil Buffer'ına, ikinci dilüsyondan 2 µl eklenir (1:50). İyice karıştırılır ve kısaca santrifüj edilir.
4. 18 µl Poly-A Control Dil Buffer'ına, üçüncü dilüsyondan 2 µl eklenir (1:10). İyice karıştırılır ve kısaca santrifüj edilir.
5. Dördüncü dilüsyondan 2 µl, 100ng total RNA'ya eklenir.

Total RNA/Poly-A kontrol karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim
Total RNA örneği (50-500ng)	Değişken
Seyreltilmiş poly-A RNA Kontrolleri (4. dilüsyon)	2 µl
Nükleaz içermeyen su	Değişken
Toplam Hacim	5 µl

### ***First strand cDNA sentezi için revers transkripsiyon***

First Strand Master karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim
First-Strand Buffer Mix	4 µl
First-Strand Enzim Mix	1 µl
Toplam Hacim	5 µl

Hazırlanan 5 µl First-strand master karışımı, 500 rpm'de vortekslenir ve kısaca (~ 5 saniye) santrifüj edilerek, Total RNA/Poly-a Kontrol karışımına eklenir son hacim 10 µl'ye tamamlanır. Termal cyclers'da 42°C'de 2 saat inkübe edilir. İnkübasyondan sonra örnekler kısaca (~ 5 saniye) santrifüj edilerek buza alınır ve hemen Second-Strand cDNA sentezi aşamasına geçilir.

### ***Second strand cDNA sentezi***

Second strand karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim
Nükleaz içermeyen su	13 µl
Second-Strand Buffer Mix	5 µl
Second -Strand Enzim Mix	2 µl
Toplam Hacim	20 µl

Hazırlanan 20 µl Second Strand Master karışımı, nazik bir şekilde vortekslenir ve kısaca (~ 5 saniye) santrifüj edilerek, 10 µl cDNA örneğine eklenir. İyice karışana kadar 500 rpm'de vortekslenir ve kısaca (~ 5 saniye) santrifüj edilerek termal cycler'da 16 °C'de 1 saat ve 65 °C'de 10 dakika inkübe edilir. İnkübasyondan sonra örnekler kısaca (~ 5 saniye) santrifüj edilerek buza alınır ve hemen IVT (In Vitro Transkripsiyon) aşamasına geçilir veya -20 °C'de saklanabilir.

### ***İşaretili aRNA'nın in-vitro transkripsiyonu***

IVT karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim
IVT Biotin Label	4 µl
IVT Labelling Buffer	20 µl
IVT Enzyme Mix	6 µl
Toplam Hacim	30 µl

Hazırlanan 30 µl IVT Master karışımı, 500 rpm'de vortekslenir ve kısaca (~5 saniye) santrifüj edilerek, çift zincirli cDNA örneğine eklenir. İyice karışana kadar 500 rpm'de vortekslenir ve kısaca (~5 saniye) santrifüj edilerek termal cycler'da 40 °C'de başlangıç miktarı dikkate alınarak 4 - 16 saat inkübe edilir. 50 - 250 ng başlangıç RNA miktarı için 16 saat, 100 ila 500 ng başlangıç RNA miktarı için 4 saat inkübe edilir. İnkübasyon sonrasında aRNA kısa süreliğine buza alınır ve hemen aRNA pürifikasyonu aşamasına geçilir veya -20 °C'de (1 gece süre ile) saklanır.

### ***aRNA pürifikasyonu***

aRNA pürifikasyonuna başlamadan önce 50 µl (her 50 µl için %10 fazlası eklenir) aRNA Elütion Solusyonu ısı bloğunda 50-60 °C'de en az 10 dakika ön ısıtmaya tabi tutulur.

## 1. aRNA binding karışımının hazırlanması

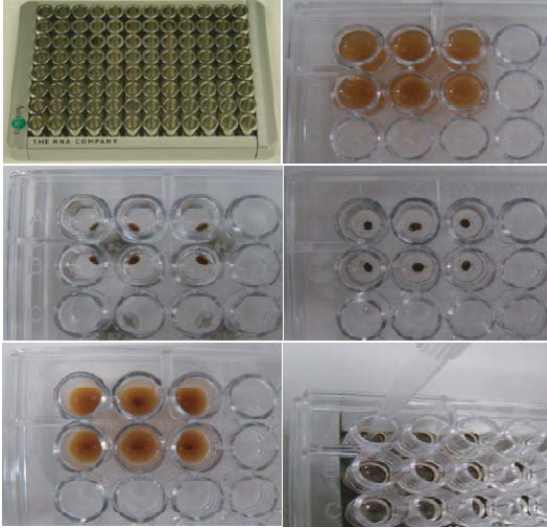
İçerik	Hacim
RNA Binding Beads*	10 µl
RNA Binding Buffer	50 µl

\*RNA Binding Beads karışımı hazırlanmadan önce homojen bir hal alana kadar iyice vortekslenir.

Hazırlanan aRNA Binding karışımı homojen bir hal alana kadar iyice vortekslenir.

2. aRNA örnekleri U-bottom platelere transfer edilir ve hazırlanan 60 µl aRNA Binding karışımı örneklere eklenir ve pipetaj yapılarak karıştırılır (Şekil 3.7).
3. %100'lük 120 µl etanol örneğe eklenir ve pipetaj yapılarak karıştırılır. 500 rpm'de 3 dk vortekslenir.
4. Plate, manyetik standda yerleştirilir ve 5 dk beklenir. Bu süre içinde aRNA örneklerinin bağlı olduğu manyetik beadler manyetik stand tarafından tutulur. Manyetik beadler tamamen tutulduktan sonra karışım transparant bir hal alır ve RNA Binding Beadler manyetik standda mıknatısa karşı pellet formuna dönüşür. Manyetik beadleri bozmadan dikkatli bir şekilde supernatant atılır ve plate manyetik standden çıkartılır.
5. 100 µl aRNA wash solusyonu eklenir ve 800 rpm'de 1 dk vortekslenir. Plate manyetik standda yerleştirilir ve 5 dk beklenir. 5 dk sonunda süpernatant atılır ve bu aşama 2. kez tekrarlanır.
6. Beadlerden alkolü uzaklaştırmak için plate 1200 rpm'de 1 dk vortekslenerek beadler kurutulur.
7. 50 µl önceden ısıtılmış (50-60 °C) aRNA Elution solusyonu örneğe eklenir. 3 dk vortekslenir. RNA binding beadslerin tamamen çözündüğünden emin olduktan sonra plate manyetik standda yerleştirilir ve 5 dk beklenir.
8. 5 dk sonunda aRNA içeren süpernatant temiz tüpe transfer edilir.





Şekil 3.7. aRNA pürifikasyonuna ait örnek görüntüler (www. affymetix.com)

### ***İşaretili aRNA'nın fragmentasyonu***

Çip formatına göre aRNA fragmentasyon reaksiyonu:

İçerik	100 Format(Midi)
aRNA	12 µg (1 - 23.6 µl)
5x Fragmentasyon buffer	6.4 µl
Nükleaz içermeyen su	Değişken
Toplam Hacim	30 µl

Reaksiyon termal cycler'da 94 °C'de 35 dk inkübe edilir. İnkübasyondan sonra hemen buza konulur. Kontrol amaçlı %1'lik agaroz jelde yürütülür. Fragmente edilen aRNA, hibridizasyon aşamasına kadar -20 °C'de (veya -70 °C'de uzun süreli saklamalarda) tutulur.

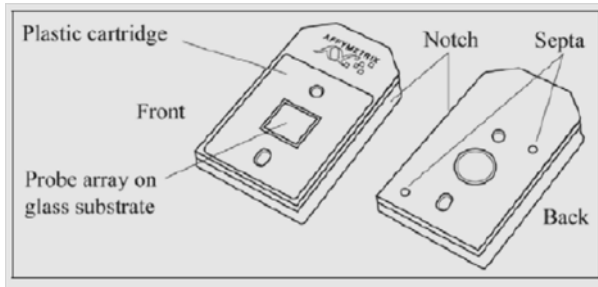
### ***Hedef hibridizasyonu***

Fragmente edilen aRNA örnekleri array formatına uygun miktarda alınarak hibridizasyon kokteyli hazırlanır.

1. Hibridizasyon kokteylinin hazırlanması (Tek Prob array'i için)

İçerik	Array Formatı	Son Konsantrasyon
	100 format(midi)	
Fragmente edilmiş ve işaretlenmiş aRNA	12 µg	0.05 µg/ µl
Kontrol Oligonükleotid B2 kontrol (3nM)	3.3 µl	50pmol
20X Ökaryotik Hibridizasyonkontroller ( <i>bioB</i> , <i>bioC</i> , <i>bioD</i> , <i>cre</i> )	10 µl	1.5, 5, 25 ve 10pM
2X Hibridizasyon mix	100 µl	1X
DMSO	20 µl	10%
Nükleaz içermeyen su	40 µl	
Toplam hacim	200 µl	

2. Kullanmadan hemen önce prob array oda sıcaklığına getirilir.
3. Hibridizasyon kokteyli 99°C'de 5 dakika ısı bloğunda ısıtılır.
4. Bu esnada prob array uygun hacimde (100 format için-130 µl) Prehibridizasyon karışımı ile septalardan doldurulur ve hibridizasyon fırınında 45°C'de 10 dk 60rpm'de dönerek inkübe edilir.



GeneChip® Prob Array

5. 99°C'de ısıtılan hibridizasyon kokteyli 45°C'de ısı bloğuna transfer edilir ve 5 dk bekletilir.
6. 5 dakikanın sonunda hibridizasyon kokteyli maksimum rpm de 5 dk santrifüj edilir.
7. Prob array kartuşundan Prehibridizasyon karışımı çekilir ve uygun hacimdeki (100 format için -130 µl) hibridizasyon kokteyli doldurulur.
8. Prob array'i hibridizasyon fırınına yerleştirilir, 45 °C'de 60 rpm'de 16 saat hibridize edilir.

***Prob array yıkama ve boyama***

16 saatlik hibridizasyon süreci sonunda, array'den hibridizasyon kokteyli çekilerek yerine Wash Buffer (A) doldurulur. Aşağıda içeriği verilen boyama maddeleri kullanılarak boyama işlemleri ve Wash Buffer (A) ve Wash Buffer (B) ile yıkama işlemleri gerçekleştirilir. Yıkama bitiminde array taranarak görüntü alınır.

### ***Boyama maddelerinin hazırlanması***

SAPE solüsyon karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim	Son konsantrasyon
2X Stain Buffer	600.0 µl	1X
50 mg/mL BSA	48.0 µl	2 mg/ml
1 mg/mL Streptavidin Phycoerythrin (SAPE)	12.0 µl	10 µg/ml
Nükleaz içermeyen su	540.0 µl	—
Toplam Hacim	1200 µl	

\*İyice karıştırılır ve her biri 1 ve 3 boyları için kullanılmak üzere 600µl'lik iki miktara bölünür.

Antikor solüsyon karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim	Son konsantrasyon
2X Stain Buffer	300.0 µl	1X
50 mg/mL BSA	24.0 µl	2 mg/ml
10 mg/mL Keçi IgG stok	6.0 µl	0.1 mg/ml
0.5 mg/mL biotinli antikor	3.6 µl	3 µg/ml
Nükleaz içermeyen su	266.4 µl	—
Toplam	600 µl	

### **3.7. Real Time (Eş zamanlı) qRT-PCR Uygulamaları**

Mikroarray verilerinin validasyonu için kullanılan Real time PCR metodu iki aşamalı olarak gerçekleştirilmiştir. İlk basamak için First Strand cDNA sentez kiti (Roche) ile aşağıda işlem basamakları verildiği şekilde cDNA sentezi yapılmıştır.

RNA-Primer karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim
RNA (2 µg)	Değişken
Random Hekzamer Pirmer (50pmol/µl)	1 µl
Su (PCR grade)	Değişken
Toplam	13 µl

Termal cyclus da 65 °C'de 10 dk denatüre edilip hemen buza alınan karışıma aşağıda verildiği şekilde hazırlanan Revers Transkripsiyon karışımı eklenerek, belirtilen reaksiyon koşullarında revers transkripsiyon işlemi gerçekleştirilmiştir.

Revers transkripsiyon karışımının hazırlanması:

İçerik	Hacim	Reaksiyon Koşulları
Transcriptor Reverse Transcriptase Reaction buffer (5X)	4 µl	25 °C 10 dk
RNase Inhibitor (40 u/µl)	0.5 µl	
DNTP mix (10 mM)	2 µl	55 °C 10 dk
Transcriptor Reverse Transcriptase Enzimi (20 u/µl)	0.5 µl	
Toplam	7 µl	85 °C 5 dk

RT-PCR aşamasını takip eden ikinci aşama ise SYBR Green I (Roche) master kiti kullanılarak aşağıda işlem basamakları verildiği şekilde gerçekleştirilmiştir (Roche Light Cycler 480).

İçerik	Hacim
cDNA	2 µl
Su (PCR grade)	11,6 µl
MgCl <sub>2</sub> (25 mM)	2.4 µl
Primer (F+R) (150 nM)	2 µl
Light Cycler Fast Start DNA Master SYBR Green I	2 µl
Toplam	18 µl

Hedef gene ait CT/CP değerlerinin normalizasyonu için eIF4α kontrol geni kullanılmıştır. Validasyon için seçilen primerlere ve kontrol genine ait dizi bilgileri Çizelge 3.5' de verilmiştir.

Çizelge 3.5. Real time (eş zamanlı) qRT-PCR primer dizileri (5'-3')

<i>Gen</i>	<i>İleri Primer</i>	<i>Geri Primer</i>
Dehydrin	GCCGCTTTCATACTCAGTTCC	TCCCCACCATGCATACCAG
NCED1	CAAGCTGCAAGAGATGATCAGC	TGGAAGCAGAAGCAATCAGG
bZIP	ATTGTGAATCTGAAGTGAAGCCC	AATCTTCCGGTGATGTCAAGC
NAC1	GGCTAGACCCAACCGAGCTAC	CATGCATAATCCAATCGGTCTT
TIP1;2	TTTCCACCAACGGCATGAC	TGCCAGAATGTTAGCACCCA
eIF4α	GATGTGATCCAACAGGCACAA	CATGAACCTCACACCGAGA

### 3.8. Verilerin İşlenmesi ve Biyoinformatik Analizi

GeneChip® çipleri ileri analiz aşamasına kadar belirli kalite kontrol aşamalarından geçirilmiştir. Kalite kontrolünde ilk aşamayı 54 çipten elde edilen işlenmemiş verilerdeki hibridize olan problara ait sinyallerin genel görüntüsü alınarak, imaj görüntülerinin kontrol

edilmesi oluşturmuştur. Bu işlem için “Affymetrix Command Console” programı kullanılmıştır.

İkinci aşamayı ise işlenmemiş verilerin ileri analizlerinin doğruluğu için “Affymetrix Expression Console” programı kullanılarak “MAS5 algoritması” ile yapılan analiz sonucunda her bir örnek için kalite kontrol değerlerinin alınması oluşturmuştur. “RMA algoritması (Robust Multichip Analysis - log2)” ile her bir veri için alınan “Intensity” değerleri tespit edilerek ve anormal olanların çıkarılması için yapılan bu analiz ile veriler normalize edilmiştir.

Son olarak her bir çip için hibridizasyon kontrollerinde, arraydeki kontrol BioB, BioC, BioD, Cre oligoların değerleri (BioB<BioC<BioD<Cre) ve GAPDH, beta-actin housekeeping genlerinin 3'-5' oranları Affymetrix protokol verileri dikkate alınarak karşılaştırılmıştır.

Kalite kontrolleri gerçekleştirilen veriler kullanılarak “.CEL dosyaları” ileri analize gidilmiştir. “Partek Genomics Suite” analiz programı kullanılarak istatistiksel analizler yapılmıştır. “RMA algoritması” (Irizarry *et al.* 2003) kullanılarak varyans analizi (ANOVA,  $p < 0.05$  -  $p < 0.01$ ) ile grup içi ve gruplar arası ifade farklılıkları belirlenmiştir. Benjamini and Hochberg FDR (False Discovery Rate-yanlış bulma oranı) çoklu testi p değeri düzeltmelerine göre gerçekleştirilmiş (Benjamini and Hochberg 1995), 2 kat ve üzeri (fold change=2) ifadesi artan ve ifadesi azalan tüm genler tespit edilmiştir.

Gen ifadesi farklılıklarına göre oluşturulan ve grupların görsel olarak belirlendiği PCA Scatter Plot (Principal Component Analysis) grafikleri ile ortak ve bitkiye/strese özgü olan genlerin sayısal olarak gösterildiği Venn şemaları oluşturulmuştur. Farklı şekilde ifade olmuş mRNA seviyelerinin hesaplandığı ve buna uygun olarak da gruplar arası ifade farklılıklarının görsel olarak tespit edilebildiği hiyerarşik gruplandırma grafikleri (Hierarchical Cluster - Heatmap) oluşturulmuştur.

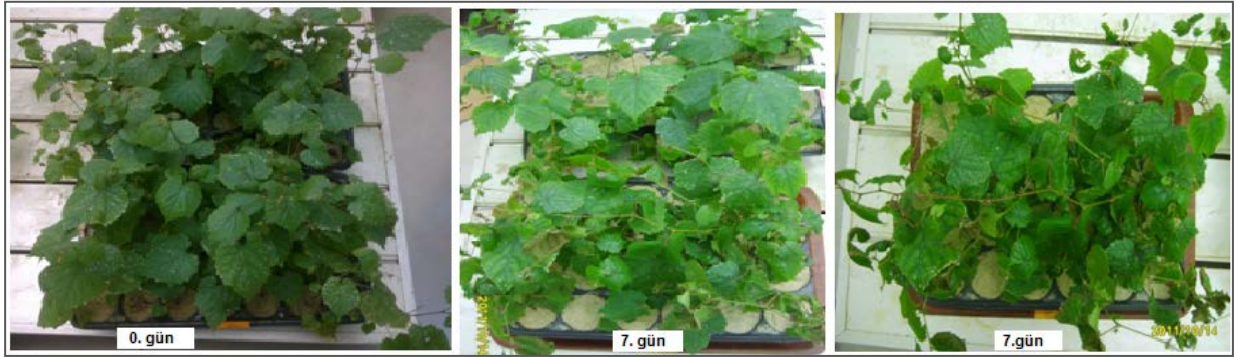
İfadesi değişen prob setlerinin tanımlanmış veya tahmini gen bilgileri, aksesyon numaraları ve dizi bilgileri ile aynı genin farklı bitkilerdeki benzerlikleri NetAffyx<sup>TM</sup> analiz merkezi (Affymetrix) ve PLEXdb (Plant Expression Database-<http://plexdb.org>) kullanılarak tespit edilmiştir.

## 4. ARAŞTIRMA BULGULARI

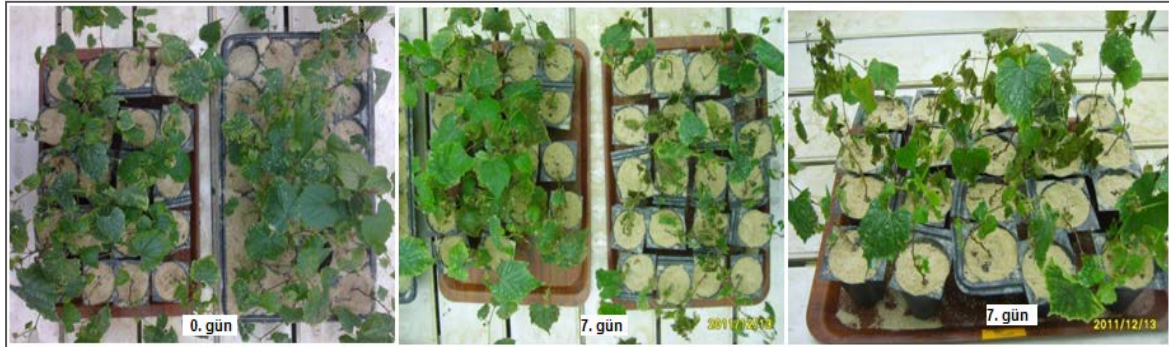
### 4.1. Stres Uygulamaları

#### 4.1.1. Su noksanlığı ve tuz stresi uygulamaları

Su noksanlığı şeklinde gerçekleştirilen kuraklık stresi ve artırılarak uygulanan tuz stresi (120mM NaCl) yaprak su potansiyelini azaltmış ancak bu süredeki stres uygulamaları bitkilerin ölümüne neden olmamıştır (Şekil 4.1 a-b-c, Şekil 4.2 a-b-c). Bitkilerde tuzun neden olduğu  $Ca^{+2}$  hasarını engellemek için (Cramer *et al.* 1986, Reid and Smith 2000) tuz solüsyonuna 1/10 oranında  $CaCl_2$  eklenmiştir.



Şekil 4.1.a. 41B bitkilerinde kuraklık stresi görüntüleri



Şekil 4.1.b. 5BB bitkilerinde kuraklık stresi görüntüleri



Şekil 4.1.c. Cabernet Sauvignon bitkilerinde kuraklık stresi görüntüleri



Şekil 4.2.a. 41B bitkilerinde tuz stresi görüntüleri



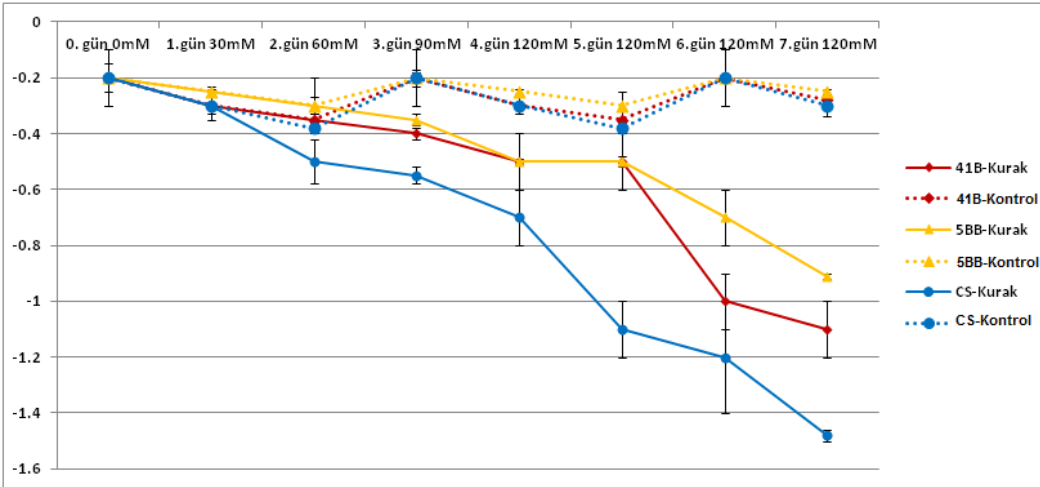
Şekil 4.2.b. 5BB bitkilerinde tuz stresi görüntüleri



Şekil 4.2.c. Cabernet Sauvignon bitkilerinde tuz stresi görüntüleri

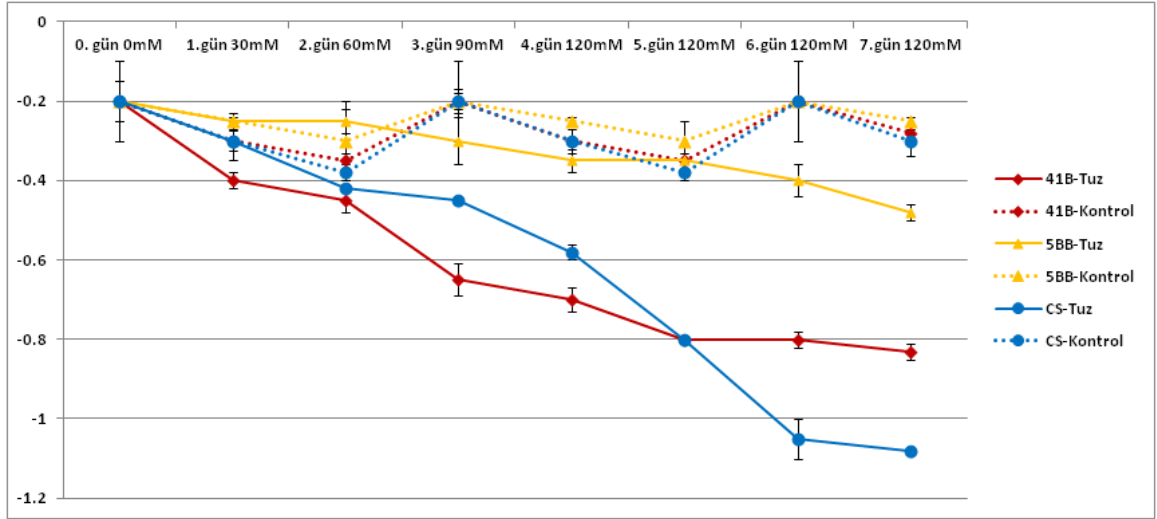
#### 4.1.2. Stresin fizyolojik olarak (MPa) belirlenmesi

Yaprak su potansiyeli ölçüm değerleri kurak ve tuz stresi uygulanan bitkilerde kontrole göre önemli ölçüde farklılık göstermiştir. Kuraklık stresinde 41B ve 5BB bitkileri ilk beş günde birbirleri ile benzer değerler verirken (Şekil 4.3), tuz stresi uygulamalarında CS ve 41B bitkileri birbiri ile beşince günde benzer su potansiyeli değeri vermiştir. Uygulama süresince kontrol bitkilerinin değerleri ise 0.2-0.4 MPa değerleri arasında değişmiştir (Şekil 4.4).



Şekil 4.3. Çeşit ve anaçlarda kurak stresi yaprak su potansiyeli ölçümü (MPa)



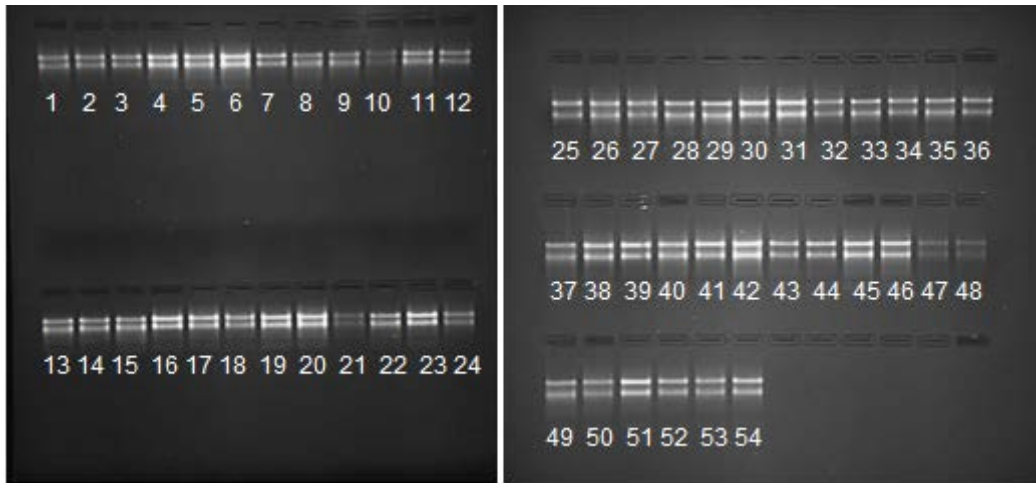


Şekil 4.4. Çeşit ve anaçlarda tuz stresi yaprak su potansiyeli ölçümü (MPa)

## 4.2. Nükleik Asit İzolasyonu

### 4.2.1. RNA izolasyonu, miktar ve kalite tayini

İzole edilen ve pürifikasyonları (temizlenen) gerçekleştirilen RNA örnekleri % 1,2'lik denatüre formaldehit agarozda yürütülerek (Şekil 4.5), Nanodrop ND 1000 cihazı ile spektrofotometre ölçümleri (Çizelge 4.1) gerçekleştirilmiştir.



Şekil 4.5. Çeşit ve anaçlara ait RNA'ların formaldehit agaroz jel (% 1.2 ) görüntüsü

Çizelge 4.1. Çeşit ve anaçlara ait RNA'ların spektrofotometrik ölçümleri (Nanodrop ND 1000)

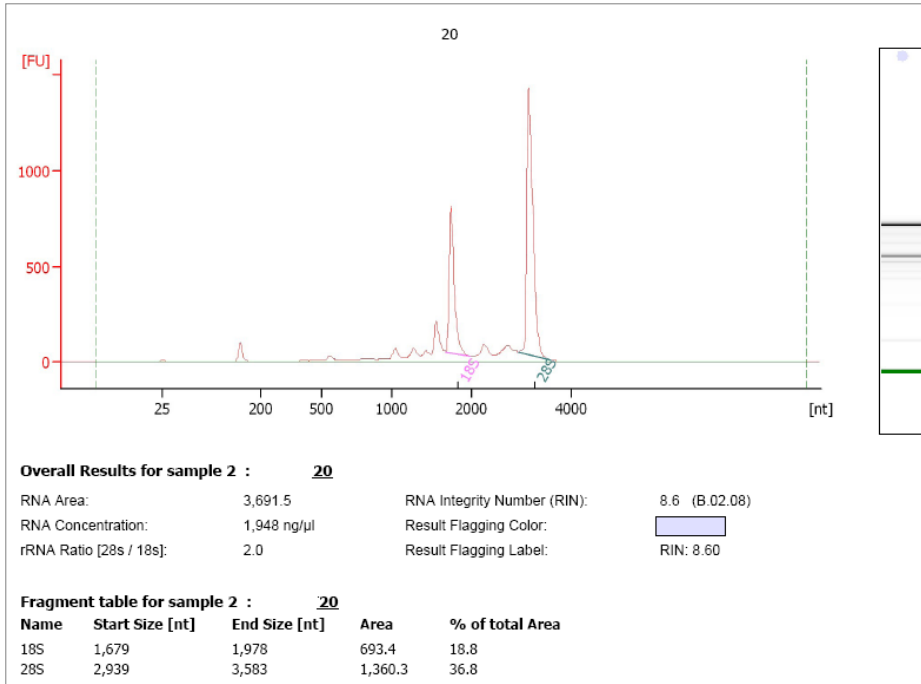
Genotip: Cabernet Sauvignon					
RNA No	ng/µl	A260	A280	260/280	260/230
1	2170,91	54,273	24,594	2,21	2,14
	2168,60	54,270	24,300	2,11	2,32
	2172,50	54,550	24,650	2,20	2,32
2	955,75	23,894	10,702	2,23	2,28
	952,63	23,066	10,357	2,23	2,36
	958,89	23,047	10,363	2,22	2,36
3	1036,25	25,906	11,608	2,23	2,32
	1031,88	25,275	11,337	2,23	2,38
	1030,10	25,430	11,412	2,23	2,38
4	1654,09	41,352	18,661	2,22	2,37
	1653,23	41,081	18,094	2,22	2,36
	1656,33	41,250	18,055	2,23	2,37
5	1494,11	37,353	16,757	2,23	2,37
	1490,22	37,350	16,584	2,22	2,38
	1492,55	37,850	16,555	2,23	2,37
6	1556,40	38,910	17,529	2,22	2,37
	1555,20	38,920	17,850	2,20	2,38
	1554,22	38,544	17,521	2,22	2,37
7	912,85	22,821	10,205	2,24	2,37
	928,24	23,206	10,435	2,22	2,36
	944,29	23,607	10,652	2,22	2,28
8	922,63	23,066	10,357	2,23	2,36
	921,89	23,047	10,363	2,22	2,36
	908,13	22,703	10,238	2,22	2,36
9	885,52	22,138	9,870	2,24	2,35
	876,03	21,901	9,842	2,23	2,34
	880,73	22,018	9,860	2,23	2,36
10	1482,44	37,061	16,458	2,21	2,12
	1483,68	37,210	16,554	2,20	2,10
	1480,20	37,666	16,850	2,20	2,12
11	1272,38	31,809	14,336	2,22	2,32
	1270,22	31,521	14,238	2,20	2,30
	1272,36	31,897	14,564	2,20	2,32
12	1525,54	38,138	17,192	2,22	2,31
	1524,24	38,254	17,200	2,20	2,32
	1524,33	38,225	17,198	2,22	2,31
13	1249,45	31,236	13,966	2,24	2,39
	1254,37	31,359	14,008	2,24	2,39
	1242,10	31,053	13,922	2,23	2,38
14	1189,05	29,726	13,330	2,23	2,34
	1242,71	31,068	13,911	2,23	2,34
	1219,98	30,499	13,690	2,23	2,34

15	1254,50	31,363	14,043	2,23	2,39
	1254,14	31,354	14,031	2,23	2,39
	1262,74	31,569	14,150	2,23	2,38
16	1603,23	40,081	18,094	2,22	2,36
	1602,54	40,201	18,020	2,22	2,35
	1604,55	40,100	18,541	2,22	2,36
17	1361,50	34,038	15,339	2,22	2,11
	1360,20	34,510	15,256	2,23	2,12
	1360,35	34,252	15,656	2,23	2,12
18	1327,91	33,198	14,933	2,22	2,27
	1325,66	33,200	14,988	2,23	2,27
	1327,52	33,250	14,970	2,23	2,28
Genotip: 5BB					
RNA No	ng/μl	A260	A280	260/280	260/230
19	984,78	24,619	11,018	2,23	2,28
	899,87	22,497	10,039	2,24	2,28
	910,37	22,759	10,166	2,24	2,28
20	970,93	24,273	10,866	2,23	1,36
	945,39	24,135	10,532	2,22	1,28
	970,23	24,256	10,884	2,23	1,35
21	1064,77	26,619	12,022	2,21	2,26
	1028,01	25,700	11,630	2,21	2,25
	1001,24	25,031	11,280	2,22	2,29
22	1125,38	28,135	12,641	2,23	1,98
	1135,45	28,386	12,785	2,22	1,99
	1072,43	26,811	12,025	2,23	1,97
23	821,57	20,539	9,251	2,22	2,33
	811,63	20,291	9,105	2,23	2,32
	813,31	20,333	9,154	2,22	2,31
24	1752,37	40,809	18,493	2,21	2,27
	1778,16	40,954	19,934	2,21	2,27
	1749,82	40,745	18,525	2,2	2,27
25	1471,87	37,797	18,458	2,16	2,24
	1470,13	37,753	18,461	2,15	2,24
	1563,92	38,098	17,367	2,21	2,19
26	1565,04	38,126	17,291	2,25	2,26
	1568,72	38,218	17,402	2,22	2,25
	1570,72	37,218	17,405	2,23	2,22
27	1440,46	37,011	18,103	2,16	2,25
	1439,60	37,99	18,079	2,16	2,27
	1437,72	37,943	18,085	2,15	2,25
28	1108,16	25,704	11,220	2,22	1,85
	1105,25	25,631	11,187	2,22	1,86
	1102,06	25,551	11,154	2,21	1,83
29	908,34	22,708	10,156	2,24	2,32
	959,35	22,984	10,624	2,2	2,28
	956,07	22,402	10,384	2,22	2,28

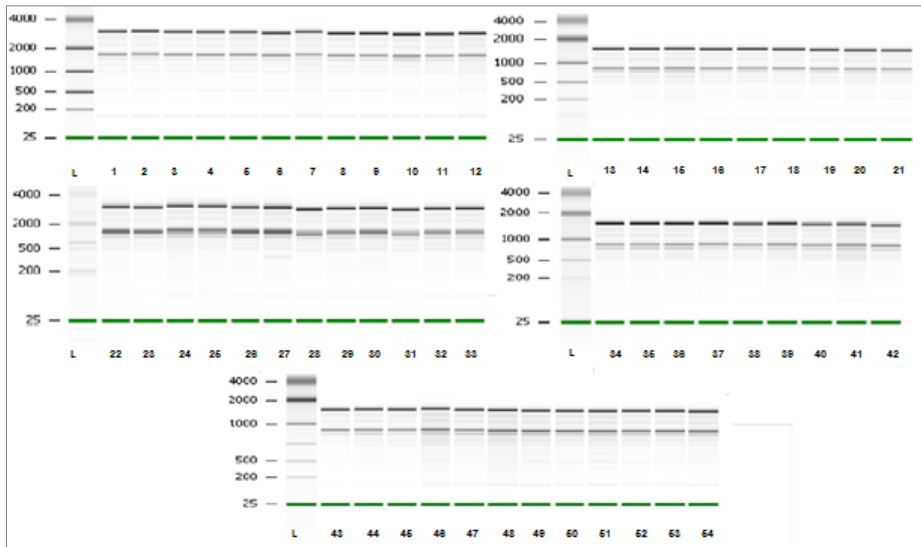
30	1449,86	35,246	15,164	2,18	2,24
	1383,67	34,592	14,412	2,17	2,23
	1335,98	34,399	14,854	2,18	2,23
31	1019,45	25,486	11,441	2,23	2,38
	1011,89	25,275	11,337	2,23	2,38
	1017,19	25,430	11,412	2,23	2,38
32	1631,52	40,788	18,118	2,22	2,33
	1629,06	40,727	18,102	2,21	2,34
	1622,83	40,571	18,981	2,23	2,34
33	1245,21	31,130	13,931	2,23	2,36
	1229,36	30,734	13,841	2,22	2,34
	1240,17	31,004	13,995	2,22	2,36
34	1710,68	41,767	18,201	2,17	2,38
	1710,68	41,767	18,165	2,18	2,38
	1709,47	41,737	18,163	2,17	2,38
35	1358,05	31,951	14,173	2,15	2,27
	1360,77	31,019	14,194	2,15	2,3
	1363,85	31,096	14,28	2,13	2,27
36	1177,35	25,434	11,057	2,16	2,11
	1179,18	25,479	11,066	2,17	2,08
	1176,69	25,417	11,043	2,16	2,1
<b>Genotip: 41B</b>					
<b>RNA No</b>	<b>ng/μl</b>	<b>A260</b>	<b>A280</b>	<b>260/280</b>	<b>260/230</b>
37	1657,92	40,448	18,413	2,22	2,32
	1636,72	40,918	18,159	2,22	2,29
	1670,59	40,765	18,512	2,23	2,32
38	1853,65	42,325	18,563	2,23	2,34
	1858,26	42,456	18,671	2,22	2,3
	1855,46	42,387	18,581	2,23	2,33
39	1587,61	38,690	17,599	2,23	0,97
	1583,07	38,577	17,536	2,23	0,96
	1590,38	38,760	17,678	2,21	0,93
40	1481,83	37,046	17,601	2,15	2,29
	1488,74	37,219	17,741	2,14	2,29
	1484,61	37,115	17,633	2,15	2,29
41	1055,23	26,375	12,180	2,17	2,34
	1043,31	26,083	12,094	2,16	2,34
	1021,42	25,536	11,901	2,15	2,32
42	1654,24	40,356	18,629	2,14	2,31
	1655,64	40,391	18,673	2,14	2,33
	1643,85	40,096	18,494	2,15	2,32
43	1524,15	38,104	17,961	2,2	2,16
	1521,08	38,027	17,866	2,22	2,17
	1519,22	37,981	17,863	2,21	2,16
44	1392,14	36,803	17,511	2,17	2,27
	1393,36	36,834	17,538	2,17	2,26
	1403,74	37,094	17,731	2,13	2,1

45	1698,76	40,469	18,829	2,23	2,28
	1705,68	40,642	18,904	2,23	2,3
	1704,72	40,618	18,915	2,23	2,3
46	1982,80	49,570	23,150	2,14	2,35
	1964,43	49,111	22,827	2,15	2,37
	1966,04	49,151	22,957	2,14	2,35
47	1060,02	26,501	12,359	2,14	2,32
	1048,40	26,210	12,191	2,15	2,34
	1035,93	25,898	12,003	2,16	2,34
48	956,420	23,910	11,116	2,15	2,33
	985,050	24,625	11,460	2,15	2,32
	958,590	23,965	11,099	2,16	2,34
49	1253,53	31,338	14,071	2,23	2,37
	1240,19	31,005	13,945	2,22	2,36
	1257,47	31,437	14,082	2,23	2,38
50	1168,40	29,210	13,118	2,23	2,31
	1170,84	29,271	13,128	2,23	2,31
	1171,79	29,295	13,193	2,22	2,28
51	1015,35	25,384	11,425	2,22	2,34
	993,890	24,847	11,175	2,22	2,33
	996,290	24,907	11,439	2,18	1,96
52	1921,63	48,041	22,377	2,15	2,36
	1941,30	48,532	22,691	2,14	2,36
	1935,45	48,386	22,645	2,14	2,34
53	1790,91	40,773	18,196	2,15	2,29
	1790,09	40,752	18,212	2,14	2,29
	1781,93	40,548	18,158	2,13	2,27
54	1666,30	40,657	18,745	2,15	1,9
	1674,12	40,850	18,895	2,13	1,91
	1665,68	40,642	18,788	2,14	1,9

RNA örneklerinin kalite kontrolleri ayrıca mikroarray uygulaması öncesi Bioanalizer (Agilent 2100) cihazı kullanılarak analiz edilmiş örneklere ait Bioanalizer görüntüleri Şekil 4.6 (a-b-c)'de sunulmuştur.



Şekil 4.6.a.RNA analiz örnek görüntüsü (Agilent 2100 bioanalyzer) (20 no.lu örnek)



Şekil 4.6.b. RNA örneklerine ait jel görüntüleri (Agilent 2100 bioanalyzer)

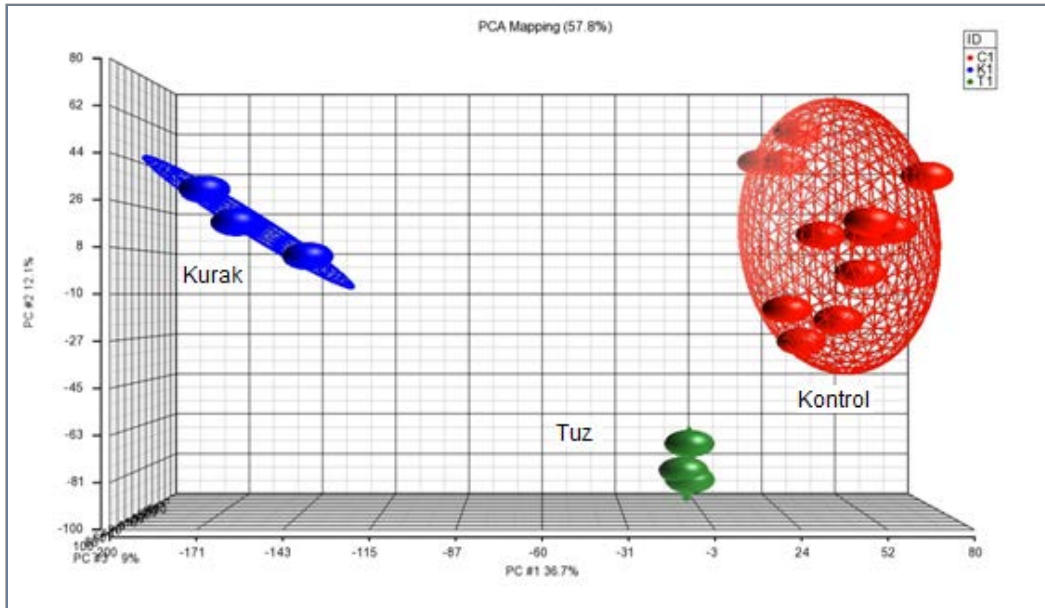


### 4.3. Mikrodizin Kalite Kontrol Analizleri ve Gen İfadesi Validasyonu

#### 4.3.1. Kalite kontrol analizleri

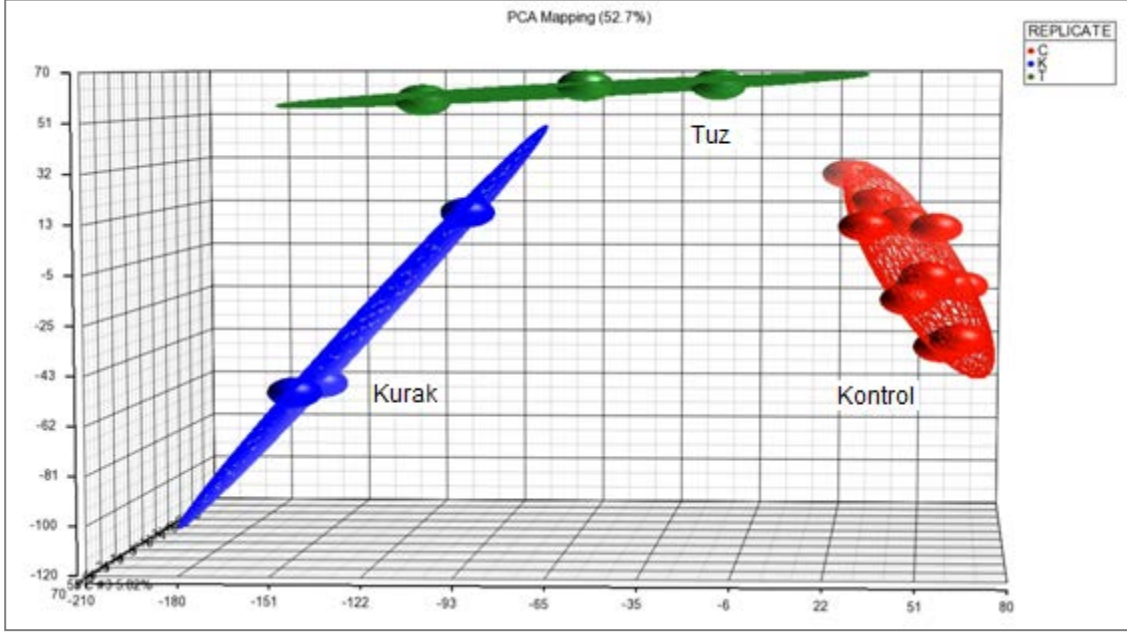
Mikrodizin analizleri sonucunda çip hibridizasyonları yüksek kalitede bulunmuştur. 54 array de ham PM (perfect match) dağılımlarında herhangi bir problemle karşılaşmamıştır. Her bir prob setinin 3' ve 5' ucu arasındaki RNA degradasyon durumu "Affymetrix Expression Console" programı kullanılarak değerlendirilmiş, RNA örneklerinin işlemler süresince bütünlüğünü koruduğu bu program aracılığı ile görülmüştür. Gürültü değerleri RawQ seviyesinde ölçülerek, 0.56 ile 1,35 arasında ve ortalama 1.09, standart sapması 0.10 bulunmuştur. Çip içinde yer alan housekeeping gen kontrolleri GAPDH ve aktin oranları Affymetrix kılavuzunda belirtildiği gibi 3'ten küçük bulunmuştur. Hibridizasyon oranları (present call rate) % 50 - 64 arasında ve ortalama % 60 bulunmuştur.

Biyolojik tekrarlar arasındaki korelasyon (İki stres koşulunda CS, 5BB, 41B genotiplerinde) için genel ekspresyon farklılıklarına göre oluşturulan ve grupların görsel olarak belirlendiği PCA Scatter Plot (Principal Component Analysis) grafiklerinden elde edilen veriler değerlendirilmiş ve stres uygulama sonuçları birbiri ile uyumlu bulunmuştur (Şekil 4.7 a-b-c). Stresle değişen ifade farklılıklarının görsel olarak tespit edilebildiği hiyerarşik gruplandırma grafikleri (Hiierarchical Cluster - Heatmap) PCA ile uyumlu olarak genotiplerde stresle farklı transkriptomların etkilendiğini göstermiştir (Ek 1-2-3).

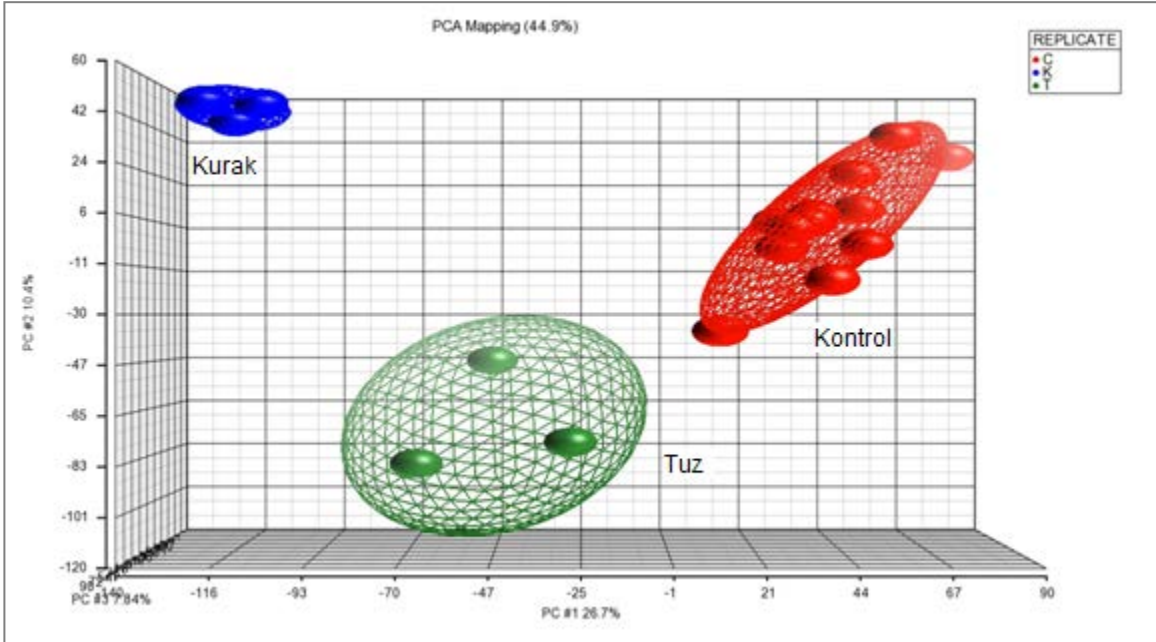


Şekil 4.7.a. Cabernet Sauvignon çeşidine ait Principal Component Analysis (PCA) görüntüsü





Şekil 4.7.b. 5BB anacına ait Principal Component Analysis (PCA) görüntüsü



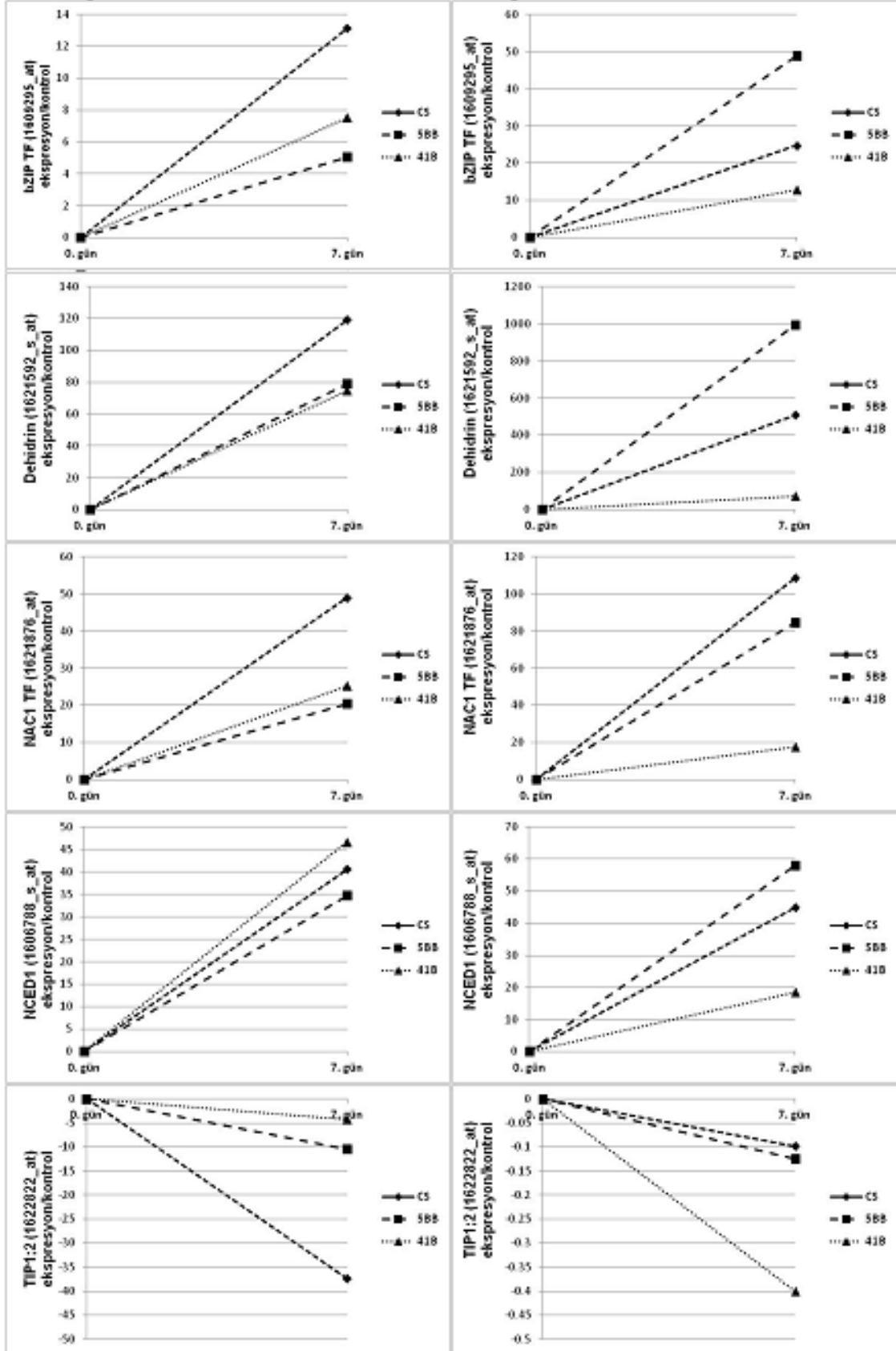
Şekil 4.7.c. 41B anacına ait Principal Component Analysis (PCA) görüntüsü

#### **4.3.2. Real time (eş zamanlı) qRT-PCR ile verilerin validasyonu**

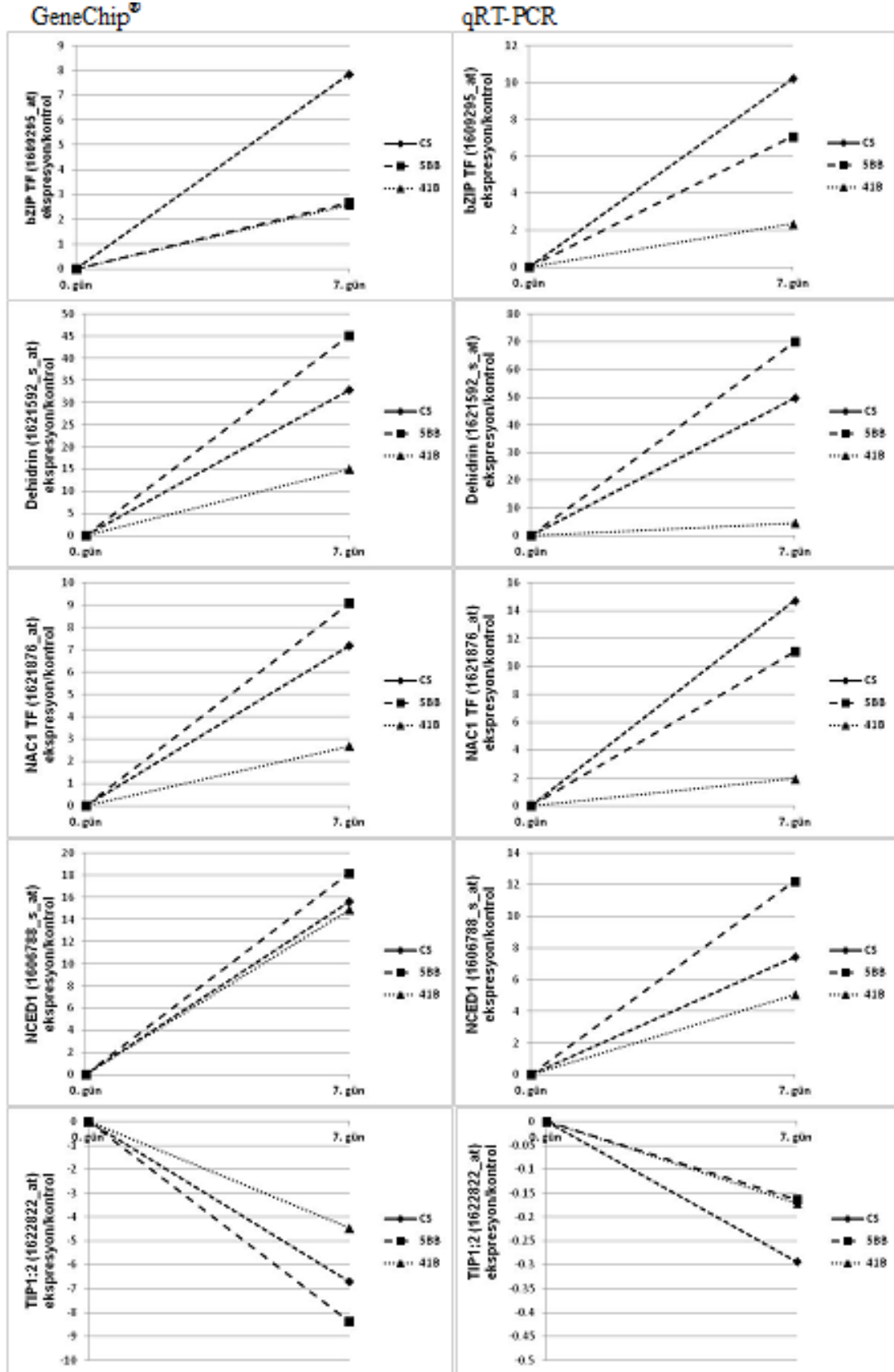
Mikrodizin analizleri sonucu elde edilen verilerin validasyonu için dehidrin, NAC1, NCED1, bZIP ve akuaporin TIP 1;2 genleri seçilerek kantitatif real-time (qRT-PCR) ile valide (doğrulanması) edilmiştir. Mikroarray sonuçlarına göre seçilen bu genlerin ifade düzeyleri her 3 bitkide ve 2 stres koşulunda kontrole göre farklı bulunmuştur ( $p < 0.05$  ANOVA-BH). Bu genlerin  $p < 0.01$  değerinde de ifade düzeyleri anlamlı bulunmuştur. Validasyon için ifadeleri artan transkriptlerden NAC1, dehidrin, NCED1, bZIP ifadesi azalan transkriptlerden ise akuaporin TIP 1;2 seçilmiş ve bunların qRT-PCR ile validasyon sonuçları GeneChip array sonuçları ile karşılaştırılmıştır (Şekil 4.8 a-b). Validasyon sonuçları mikrodizin sonuçları ile uyumlu bulunmuştur.

GeneChip®

qRT-PCR



Şekil 4.8.a. Kuraklık GeneChip® mikrodizin ifade verilerinin Real time (eş zamanlı) qRT-PCR ile validasyonu



Şekil 4.8.b. Tuz GeneChip® mikrodizinin ifade verilerinin Real time (eş zamanlı) qRT-PCR ile validasyonu

#### 4.4. Stres-Genotip Transkript Analiz İlişkilendirmeleri

##### 4.4.1. Stresle ifadesi değişen transkriptlerin oranı

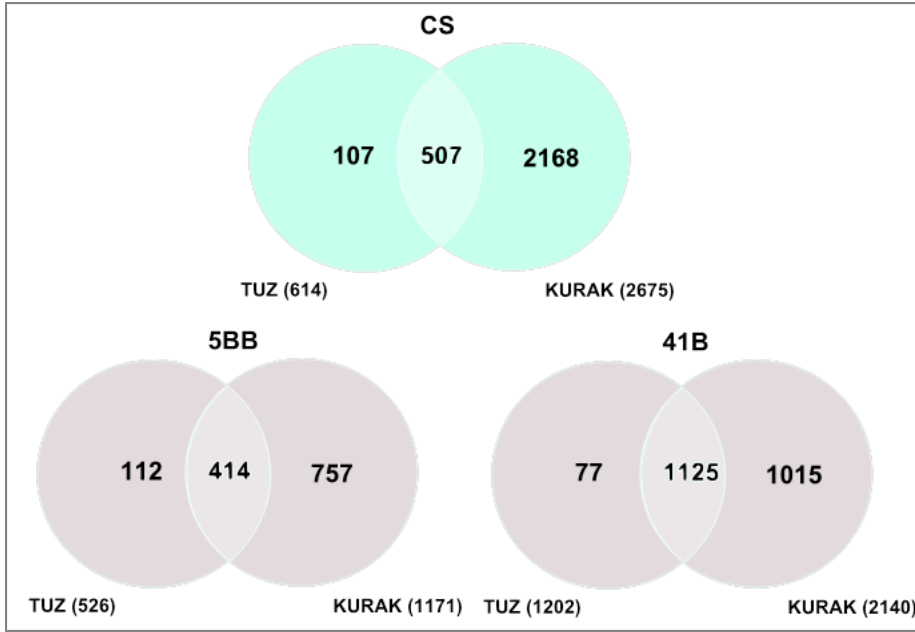
ANOVA analizlerinde (Benjamini-Hochberg (BH) ANOVA) iki stres koşulu arasındaki farklılıklar temel alınarak F-istatistik ( $p < 0.05$ ) değerinde yaklaşık 8769 gen belirlenmiştir.  $p < 0.01$  durumunda ise bu genlerin sayısı 8328 olarak belirlenmiştir. Değişim gösteren transkript sayısı en fazla 5BB (3342) anaçında tespit edilirken, bunu sırasıyla CS (3289) ve 41B (1697) anaçları izlemiştir. Kuraklık stresinde değişen toplam transkript sayısı 5986 olup 2675 olarak en fazla CS'de, tuzluluk stresinde ise değişen toplam transkript sayısı 2342 olup en fazla 1202 olarak 5BB'de tespit edilmiştir. Her üç bitkide de kuraklıkla ifadesi değişen transkript sayısı tuzla ifadesi değişen transkript sayısına göre önemli ölçüde ( $p < 0.01$ ) farklı bulunmuştur (Çizelge 4.2).

Çizelge 4.2. Stres uygulamaları ile ifadesi değişen gen sayısı (BH-ANOVA,  $p < 0.01$ )

	CS	5BB	41B	Toplam
Tuz-Kontrol	614	1202	526	2342
Kurak-Kontrol	2675	2140	1171	5986
Tuz-Kurak	1967	426	407	2800
Toplam	3289	3342	1697	

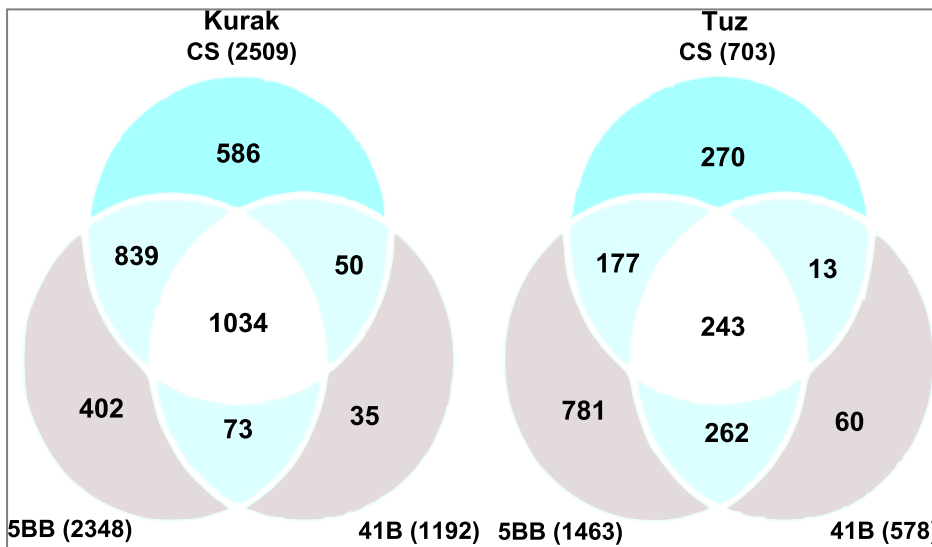
##### 4.4.2. Stresle ifadesi değişen transkriptlerin karşılaştırılması

Kurak ve tuz stresi uygulamaları ile CS, 5BB ve 41B bitkilerinde çok sayıda genin ifade seviyelerinde artan/azalan derecelerde farklılık görülmüştür ( $p < 0.01$ ). Uygulanan bu stresler çeşit ve anaçlarda genotipe özgü transkript ifadesini etkilemekle birlikte her üç genotipte de etkilenen çok sayıda transkript stresler arasında ortak bulunmuştur. Venn diagramı analizlerine göre, bu iki stres uygulaması ile CS'da 507 (% 18,2), 41B'de 414 (% 32,2) ve 5BB'de ise 1125 (% 50,7) gen hem kurak hem de tuz stresinde ortak ifade olmuştur. Bununla birlikte tuz stresine özgü olan transkript sayısı üç genotipte de kuraklık stresine özgü olanlara göre düşük bulunmuştur (Şekil 4.9).



Şekil 4.9. Stresle çeşit ve anaçlarda değişen toplam transkript sayısı (BH-ANOVA,  $p < 0.01$ )

Kurak ve tuz stresi genotip bazında karşılaştırıldığında ise; her üç genotipte ortak ifade olan transkript sayısı kuraklık stresinde 1034 (%34,2), tuz stresinde ise 243 (%13,4) olarak bulunmuştur (Şekil 4.10). CS’de 586 (%19,4), 5BB ve 41B’de ise sırasıyla 402 (%13,3) ve 35 (%1,1) adet transkript kuraklık stresinde genotipe özgü bulunmuştur. Benzer şekilde CS çeşidinde 270 (%14,9), 5BB ve 41B’de ise sırasıyla 781 (%43,2) ve 60 (%3,3) transkript tuzluluk stresinde çeşit ve anaçlara özgü bulunmuştur (Şekil 4.10).



Şekil 4.10. Stresle değişen transkriptlerin çeşit ve anaç düzeyinde karşılaştırılması (BH-ANOVA,  $p < 0.01$ )

Venn gruplamalarından, çeşitte ifadesi değişen ancak anaçlarda değişmeyen kurak-tuz stresi ilişkili toplam 856 transkript belirlenmiştir. Bunlardan 584'ü kuraklık stresine, 270'i tuz stresine özgü bulunurken, 117 transkriptin ise hem kurak hem de tuzda ifade olduğu ancak kurak ve tuz stresindeki ifade katsayılarının değiştiği görülmüştür (Çizelge 4.3). Çeşide özgü bulunan bu transkriptlerden 310 adedinin kuraklık stresi ile ifadesi artarken, 276 adedinin ifadesi azalmıştır (Ek 4). Tuz stresi ile ise 177 adedinin ifadesi artmış, 93'ünün ise ifadesi azalmıştır (Ek 5). Bu transkriptlerin görev dağılımlarına bakıldığında ise; metabolizma (kurak 98 adet - tuz 55 adet), sınıflandırılmamış ve net sınıflandırılmayan proteinler (kurak 90 adet - tuz 40 adet), protein sentezi (kurak 31 adet - tuz 11 adet) ve protein akıbeti (protein katlanması, modifikasyonu ve yönlendirilmesinde) (kurak 39 adet - tuz 13 adet), hücrenin savunulması ve kurtarılması (=strese cevap) (kurak 37 adet - tuz 20adet), transkripsiyon (kurak 24 adet - tuz 11 adet) şeklinde gruplandığı saptanmıştır.

Çizelge 4.3. Kurak-tuz stresinde ortak ifade olan Cabernet Sauvignon transkriptleri

BLASTX uyumu (UniProt veritabanı)						
Probe Set ID	Uniprot	En uygun tanımlama	Tanımlamanın ait olduğu organizma	Fonksiyonel Sınıflandırma (MIPS 2.0-FunCat)	KURAK Kat Sayı	TUZ Kat Sayı
1610850_at	P28343	Stilbene synthase 1 (EC 2.3.1.95) (Resveratrol synthase 1) (Trihydroxystilbene synthase 1)	Vitis vinifera	Stilben, flavonoid biyosentezi	134.3	2.5
1609696_x_at	P28343	Stilbene synthase 1 (EC 2.3.1.95) (Resveratrol synthase 1) (Trihydroxystilbene synthase 1)	Vitis vinifera	Stilben, flavonoid biyosentezi	127.4	2.5
1619263_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	28.3	2.5
1618589_s_at	Q9ZRC7	Actinorizal nodulin AgNOD-GHRP	Alnus glutinosa	Lipit transportu	10.7	7.5
1612552_at	Q9C9W8	Putative S-adenosyl-L-methionine:salicylic acid carboxyl methyltransferase; 41514-39166	Arabidopsis thaliana	Diğer bitki sinyal molekülleri (jasmonik asit, salisilik asit vb)	9.5	3.4
1606726_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	8.3	3.0
1619984_at	Q9ZRS1	Amino acid carrier	Ricinus communis	Aminoasit transportu	8.2	2.9
1613220_at	Q9SBR6	Enod93 protein	Medicago sativa subsp. varia	-	7.6	3.8
1621826_at	O80843	Hypothetical protein At2g45760	Arabidopsis thaliana	Tetrasiklik ve pentasiklik triterpenlerin biyosentezi	7.5	2.9
1618058_at	Q6V7U8	Putative anthocyanin permease	Solanum lycopersicum	C-compound ve karbonhidrat transportu	7.0	2.6
1620242_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	5.7	2.5



1608907_s_at	Q9XGN4	Galactinol synthase, isoform GolS-1 (EC 2.4.1.123)	Ajuga reptans	Ozmotik ve tuz stresine cevap	5.3	3.9
1606722_at	Q8SAG3	Actin-depolymerizing factor (ADF)	Vitis vinifera	Hücre döngüsüne bağlı aktin filamentinin yeniden organizasyonu	5.2	2.5
1609632_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	4.9	2.6
1615439_at	P30359	Cinnamyl-alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.195) (CAD)	Nicotiana tabacum	Lignin biyosentezi	4.6	3.4
1616954_s_at	Q8ILV0	Hypothetical protein	Plasmodium falciparum	-	4.5	3.3
1611383_at	Q9C757	Hypothetical protein F12P21.2 (Hypothetical protein At1g30220)	Arabidopsis thaliana	Şeker transportu	4.3	2.0
1613560_at	Q6K880	Putative dipeptidyl peptidase IV	Oryza sativa subsp. japonica	Protein işlenmesi (proteolitik)	3.9	2.2
1616434_s_at	Q9M560	Caffeic acid O-methyltransferase	Vitis vinifera	Fenilpropanoid biyosentezi	3.9	3.0
1617035_s_at	Q9XGN4	Galactinol synthase, isoform GolS-1 (EC 2.4.1.123)	Ajuga reptans	Ozmotik ve tuz stresine cevap	3.9	2.7
1613763_at	Q9LYS2	ABC transporter-like protein	Arabidopsis thaliana	ABC transportörler	3.7	2.2
1612999_at	O80890	Putative cellulose synthase	Arabidopsis thaliana	Polisakkarit metabolizması	3.6	3.6
1619941_at	Q69WP7	Putative serine/threonine kinase	Oryza sativa subsp. japonica	Fosforilasyon, defosforilasyon, otofosforilasyon ile modifikasyon	3.5	3.0
1613619_at	Q9SW68	Cytochrome like protein (Fragment)	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	3.4	3.3
1610796_at	Q75PK5	Mitogen-activated kinase kinase kinase alpha	Lotus japonicus	MAPKKK kaskad	3.3	2.0
1617226_s_at	O65757	Putative Pi starvation-induced protein	Cicer arietinum	besin yetersizliğine cevap	3.3	2.2
1617578_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış	3.3	2.2

				proteinler		
1607353_at	Q9LVB9	Emb CAB83157.1 (Hypothetical protein At5g56550)	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	3.2	2.3
1616107_s_at	O23553	Putative beta-amylase (EC 3.2.1.2)	Arabidopsis thaliana	Polisakkarit degradasyonu	3.1	2.2
1610323_at	Q6EJA5	Clf1	Poncirus trifoliata	Stres cevabı	3.0	2.5
1615170_s_at	P25050	Collagen-like protein	Saimiriine herpesvirus 2	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	3.0	2.1
1621072_at	Q9FZ95	F3H9.12 protein	Arabidopsis thaliana	Nükleotit transportu	2.8	3.9
1619223_s_at	Q9SLS2	Sucrose synthase	Citrus unshiu	Şeker, glukozid, poliöl ve karboksilat anabolizması	2.7	-4.2
1616957_s_at	Q6R4Q6	Hypothetical protein	Vitis riparia	C-bileşenlive karbonhidrat metabolizması	2.7	2.9
1609671_at	Q9M8K1	F28L1.11 protein	Arabidopsis thaliana		2.7	2.4
1620928_at	Q9M4S1	H <sup>+</sup> -pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)	Vitis vinifera	İyon transportu	2.7	3.2
1610094_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.6	3.7
1607645_at	P16273	Pathogen-related protein	Hordeum vulgare	Stres cevabı	2.6	2.4
1611555_at	Q9SS31	Calmodulin-like protein (At3g10190)	Arabidopsis thaliana	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	2.6	2.0
1615619_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5	2.6
1618256_at	Q9SD04	Mucin-like protein (AT3g51450/F26O13_90)	Arabidopsis thaliana	Stilben, flavonoid biyosentezi	2.5	3.4
1614364_at	O04646	A_TM021B04.14 protein (Hypothetical protein At5g27280)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	2.4	2.6
1618155_at	Q40288	Flavonol 3-O-glucosyltransferase 6 (EC 2.4.1.91) (UDP-glucose	Manihot esculenta	Fenilpropanoid biyosentezi	2.4	3.0

		flavonoid 3-O-glucosyltransferase 6) (Fragment)				
1621178_at	O65645	ATM-like protein	Arabidopsis thaliana	Polifosfoinozitol aracılı sinyal iletimi	2.4	2.4
1622797_at	Q6UK15	Al-induced protein	Gossypium hirsutum	Stres cevabı	2.4	2.1
1613978_at	Q6UEI6	EARLY flowering 4 protein	Mesembryanthemum crystallinum	Çiçek gelişimi	2.4	2.2
1615778_at	Q9LXT4	Hypothetical protein T20N10_20 (Hypothetical protein At3g58670)	Arabidopsis thaliana	-	2.3	2.2
1612557_at	Q9SB64	Hypothetical protein F22K18.110 (Hypothetical protein At4g24690; F22K18.110) (Hypothetical protein At4g24690)	Arabidopsis thaliana	-	2.3	2.0
1608623_s_at	P92934	Amino acid permease 6	Arabidopsis thaliana	Aminoasit transportu	2.3	2.2
1620352_at	O65386	F12F1.20 protein	Arabidopsis thaliana		2.2	2.0
1613165_s_at	Q9MBD7	L-idonate dehydrogenase	Prunus persica	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	2.2	-2.3
1622630_s_at	Q4F886	DT-related protein	Oryza sativa subsp. japonica	Metabolizma	2.2	3.5
1613772_s_at	Q52QX8	Cysteine protease CP1	Manihot esculenta	Protein degradasyonu	2.1	2.1
1622040_at	O65757	Putative Pi starvation-induced protein	Cicer arietinum	Besin yetersizliğine cevap	2.1	2.0
1610057_at	Q6ELF9	Poly(A)-binding protein C-terminal interacting protein 6	Cucumis sativus	RNA bağlayıcı	2.1	2.6
1617692_at	Q851F6	Hypothetical protein OSJNBb0011H13.6	Oryza sativa subsp. japonica	Stres cevabı	2.1	3.4
1617037_at	Q13247	Splicing factor, arginine/serine-rich 6 (Pre-mRNA splicing factor SRP55)	Homo sapiens	mRNA işlenmesi	2.0	2.0
1611149_at	Q3Y6V1	Cellulose synthase-like protein CslG	Nicotiana tabacum	Polisakkarit biyosentezi	2.0	3.4
1615940_at	Q8LER6	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana		2.0	2.0

1616437_at	Q9SDZ2	2'-hydroxy isoflavone/dihydroflavonol reductase homolog (Fragment)	Glycine max	Fenilpropanoid biyosentezi	2.0	3.6
1607019_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0	-2.1
1607851_at	Q8L685	Pherophorin-dz1 protein precursor	Volvox carteri f. nagariensis	Hücre duvarı	-2.0	-2.1
1619083_at	Q3HVM3	Hypothetical protein	Solanum tuberosum	-	-2.1	-2.1
1614681_at	Q9ZUY6	Putative dTDP-glucose 4-6-dehydratase (At2g27860/F15K20.4) (UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase) (Hypothetical protein)	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, poliöl ve karboksilat anabolizması	-2.1	-2.7
1612781_at	Q506K3	Squalene monooxygenase	Datura inoxia	tRNA sentezi	-2.1	-2.5
1611086_at	Q9MBD4	Acyltransferase homolog	Petunia hybrida	Embriyonal gelişim	-2.1	-2.0
1608969_at	P43298	Putative receptor protein kinase TMK1 precursor (EC 2.7.1.-)	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı	-2.1	-2.0
1611328_at	O23628	Histone H2A.F/Z (At3g54560)	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-2.2	-2.5
1621455_at	Q9SJK1	Putative receptor-like protein kinase	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı	-2.2	-2.0
1614219_at	Q53WV5	Histone 3	-	DNA topoloji	-2.2	-2.5
1619641_at	Q719E3	Maturase K (Fragment)	Vitis riparia		-2.2	-2.3
1619383_s_at	Q5CCQ0	Beta-D-galactosidase (EC 3.2.1.23)	Pyrus pyrifolia	Hücre dışı protein degradasyonu	-2.2	-2.0
1619486_at	Q5BTE0	SJCHGC01967 protein	Schistosoma japonicum	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.3	2.5
1617573_at	Q8L9X7	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana		-2.4	-2.0
1614186_at	Q5EAF4	At5g14500	Arabidopsis thaliana	C-bileşenlive	-2.4	3.5

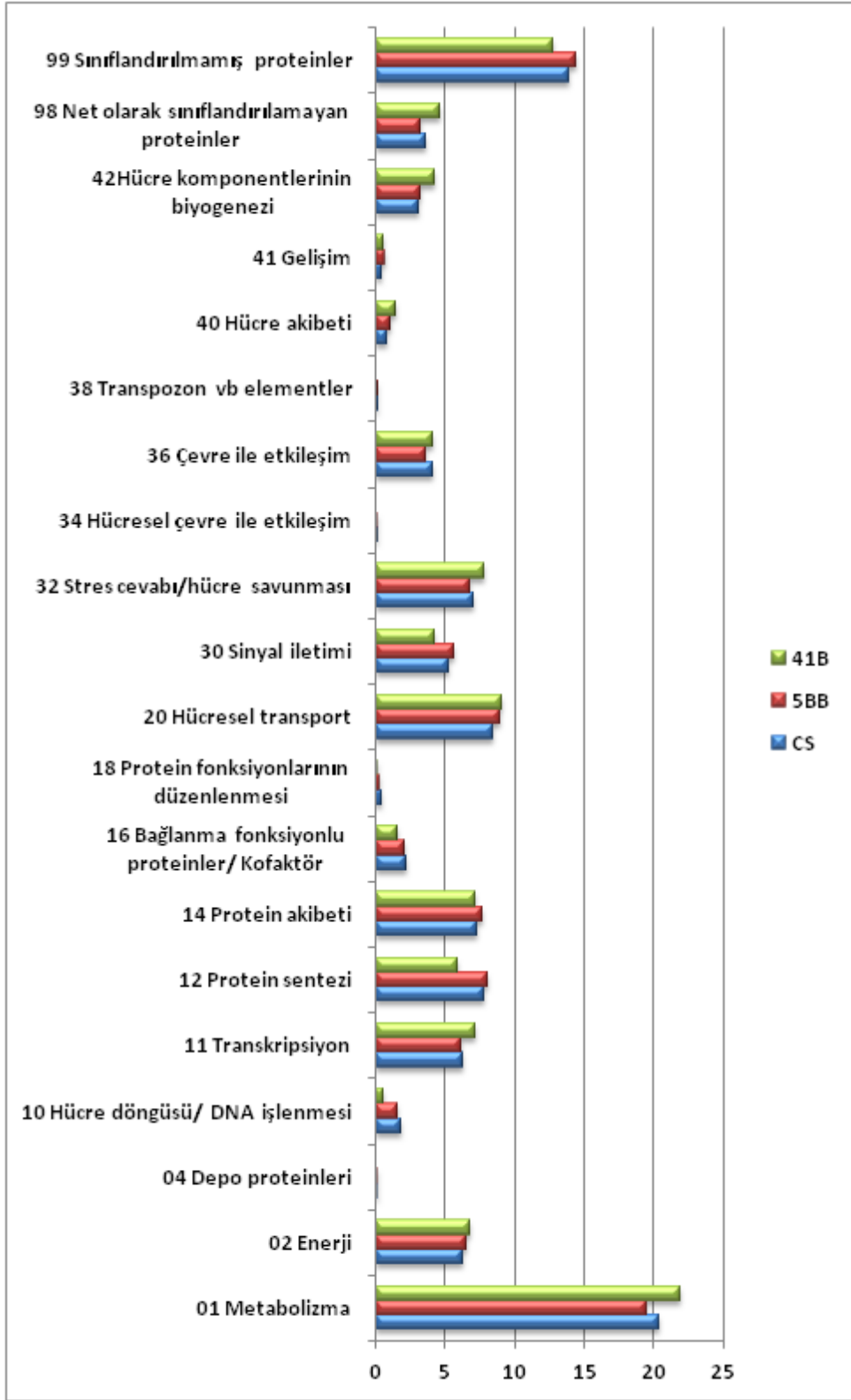
				karbonhidrat metabolizması		
1610753_at	Q6ZBZ8	Hypothetical protein P0493A04.32	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.5	-2.0
1610451_s_at	Q9MAC4	T4P13.18 protein	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.5	-2.1
1612542_at	Q9LV36	Emb CAB36779.1 (Hypothetical protein At3g18050; MRC8.3) (Hypothetical protein At3g18050)	Arabidopsis thaliana	-	-2.6	-2.4
1618871_at	Q82L96	Putative membrane protein	Streptomyces avermitili	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	-2.7	-2.4
1611487_at	Q8GZV0	Obtusifoliol-14-demethylase	Gentiana triflora	Tetrasiklik ve pentasiklik triterpenlerin biyosentezi	-2.7	-2.2
1611604_at	Q8LPJ3	Alpha-mannosidase	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, polioli ve karboksilat anabolizması	-2.8	-2.4
1615444_at	Q93XI2	BURP domain-containing protein (Fragment)	-	Stres cevabı	-2.8	-2.0
1608038_at	Q9SV72	Hypothetical protein At4g12970	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.87	-2.4
1622002_at	Q8GZ47	Hypothetical protein At5g26850/F2P16_110 (At5g26850)	Arabidopsis thaliana		-2.9	-2.1
1610683_at	Q7XAB7	Cyclin D3-2	Euphorbia esula	Hücre döngüsü	-2.9	-2.8
1610955_s_at	Q9FS46	Putative aquaporin	Vitis vinifera	Kanal/por grubu transport	-3.0	-2.8
1618135_at	Q94F49	AT5g27670/F15A18_130	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-3.1	-3.7
1620896_at	P93205	SBT2 protein (Subtilisin-like protease)	Solanum lycopersicum	Protein degradasyonu	-3.2	-2.7
1612114_at	Q84JF5	Hypothetical protein At4g20120	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış	-3.3	-2.0

				proteinler		
1612522_at	Q9LEV5	Hypothetical protein T30N20_110	Arabidopsis thaliana	Taşınan bileşikler (substrat)	-3.4	-2.1
1620623_at	Q9MB62	Phytoeyanin-related protein	Ipomoea nil	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	-3.4	-3.4
1607705_at	Q9SSU7	Endo-1,4-beta-glucanase	Pisum sativum	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.5	-3.5
1617154_at	Q9LLS6	60S ribosomal protein L2 (Fragment)	Nicotiana tabacum	Ribozomal proteinler	-3.5	-2.0
1622737_at	P40283	Histone H2B	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-3.5	-4.4
1607374_at	Q7XAS3	Beta-D-glucosidase	Gossypium hirsutum	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.6	-3.1
1614976_at	Q9FS46	Putative aquaporin	Vitis vinifera	Kanal/por grubu transport	-3.9	-3.4
1609873_at	Q8W593	At1g67280/F1N21_10 Glyoxalase I	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	-3.9	-2.2
1611350_at	Q8H9B7	Putative lipid transfer protein	Solanum tuberosum	Lipit transportu	-4.2	-2.9
1618576_at	Q94FT5	Pectate lyase (Fragment)	Fragaria ananassa	Hücre dışı protein degradasyonu	-4.4	-3.6
1622440_at	Q53WV5	Histone 3	-	DNA topoloji	-4.5	-4.4
1618944_at	P59226	Histone H3	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-4.6	-4.5
1620374_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-4.9	-2.2
1622535_at	Q84WE4	Putative ripening-related protein (At5g20740)	Arabidopsis thaliana	Hücre dışı metabolizması	-6.8	-5.7
1612160_at	P50699	Thaumatın-like protein precursor	Arabidopsis thaliana	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	-8.1	-6.7
1621384_at	Q8LGR5	Proline rich protein 2	Vitis vinifera	Hücre duvarı	-8.8	-2.4
1608175_at	Q93YX9	Lipid transfer protein	-	Lipit transportu	-13.6	-4.2
1613067_at	Q4VT47	RD22-like protein	Vitis vinifera	ozmotik ve tuz stresine cevap	-27.7	-2.5

#### 4.4.3. Stresle ifadesi deęişen transkriptlerin fonksiyonel olarak sınıflandırılması

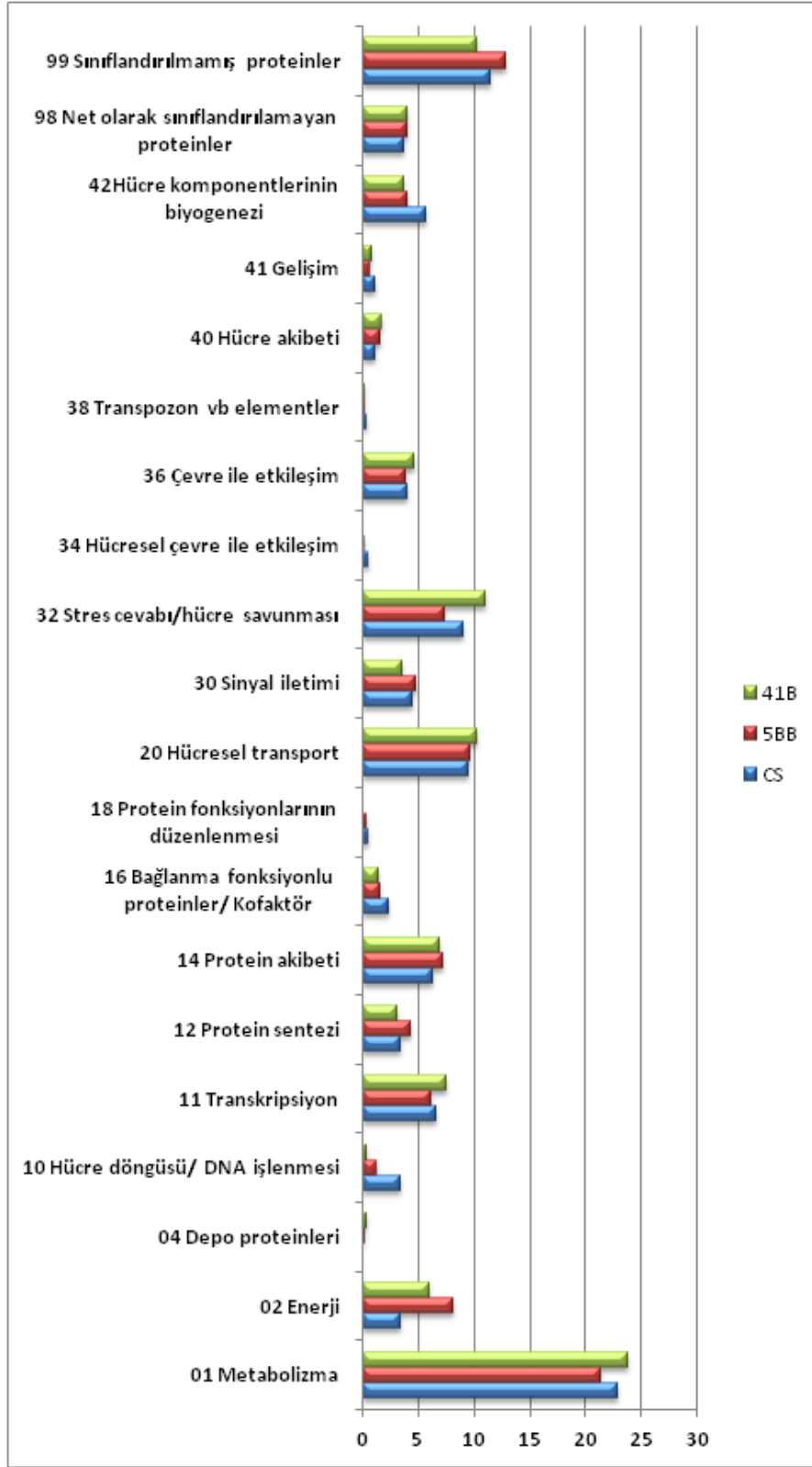
Tuz ve kuraklık stresinde çeşit ve anaçlarda ifadesi kontrole göre 2 kat ve daha fazla artan transkriptler MIPS (Munich Information Center for Protein Sequence) veri tabanına göre fonksiyonel olarak sınıflandırılmıştır. Çeşit ve anaçlar arasındaki kurak ve tuz stresi ile ortaya çıkan nispi farklılıkları yansıtmak için farklı kategorilerdeki çok sayıda gen toplam gen sayısının yüzdesi olarak verilmiştir (Şekil 4.11 - 4.12). Bu kategoriler metabolizma, protein sentezi, transkripsiyon, protein akıbeti (katlanması-modifikasyonu-yönlendirilmesi), stres cevabı/hücrenin savunulması ve henüz sınıflandırılmamış proteinler gibi gruplardan oluşmaktadır. Kurak-tuz fonksiyonel kategorilerinde, en fazla transkript sayısına metabolizma ve sınıflandırılmamış proteinler kategorisinde rastlanırken, bunları hücrenel transport ve stres cevabı/hücrenin savunulması takip etmiştir. Çeşit ve anaçlarda her iki stres içinde, pek çok fonksiyonel kategori birbirine paralellik gösterirken, kuraklık stresinde yüzde değerleri tuza oranla % 1-5 oranında daha yüksek bulunmuştur.

Fonksiyonel kategoriler çeşit anaç karşılaştırması bazında değerlendirildiğinde, kuraklık stresi ile CS - 5BB arasındaki en önemli fark metabolizma, hücrenel transport, protein akıbeti ve sinyal iletimi gruplarında görülürken, CS - 41B arasında ise en önemli farkı protein sentezi, metabolizma ve stres cevabı/hücrenin savunulması kategorileri oluşturmuştur. Tuz stresinde ise, CS - 5BB arasında metabolizma, hücre döngüsü/DNA işlenmesi ve stres cevabı/hücrenin savunulması kategorilerinin, CS - 41B ikilisinde ise hücre döngüsü/DNA işlenmesi, enerji ve stres cevabı/hücrenin savunulması kategorilerinin farklılıklar gösterdiği tespit edilmiştir. Protein metabolizması ile ilgili genler strese karşı oluşturulan cevapta metabolizmadan sonra en yüksek yüzdeye sahip kategoriyi oluşturmuştur. Kuraklık stresi için protein sentezi ve protein akıbeti kategorisindeki transkriptlerin oranı CS için % 15.1, iken 5BB ve 41B için ise sırasıyla % 15.7 ve % 15.3 olarak belirlenmiştir. Bu iki kategorinin tuz stresi oranlarına bakıldığında ise, CS, 5BB ve 41B için sırasıyla % 9.7, % 11.6 ve % 10.0 olarak bulunmuştur. Enerji kategorisinde ise tuz stresinde kuraklık stresinin aksine çeşit ve anaçlar arasındaki fark artmıştır (Şekil 4.11 - 4.12).



Şekil 4.11. Kurak transkriptlerinin MIPS (Munich Information Center for Protein Sequence) fonksiyonel sınıflandırılması ( $p < 0.01$ ) ve oranı (%)





Şekil 4.12. Tuz transkriptlerinin MIPS (Munich Information Center for Protein Sequence) fonksiyonel sınıflandırılması ( $p < 0.01$ ) ve oranı (%)

#### 4.4.4. Stresle ifadesi değişen Transkripsiyon Faktörleri (TF)

Mikroarray analizi sonuçlarında 210 adet transkripsiyon faktörü stresten önemli ölçüde ( $p < 0.01$ ) etkilenmiştir. Bu 210 adet transkripsiyon faktörünün (TF), 132 adedi kuraklıkla 78 adedi ise tuzluluk stresi ile indüklenmiş olup, kuraklık stresi ile indüklenen TF'lerden 72'sinin aynı zamanda tuz stresi ile de indüklendiği belirlenmiştir. Bununla birlikte kuraklık stresinde 60, tuz stresinde ise 8 adet TF uygulanan strese özgü bulunmuştur. Kuraklıkla ifadesi değişen TF'lerden 49'u hem çeşit hem de anaçlarda ortak bulunurken 20 adet TF ise sadece çeşide özgü bulunmuştur. Tuz stresinde ise ifadesi değişen yaklaşık 78 TF'den 20'si hem çeşit hem de anaçlarda ortak bulunurken sadece 9 adet TF CS çeşidine özgü bulunmuştur. CS'ye özgü bulunan stresle indüklenen transkripsiyon faktörleri Çizelge 4.4 ve 4.5'de sunulmuştur.

Çizelge 4.4. Kuraklık stresi ile ifadesi değişen Cabernet Sauvignon transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA,  $p < 0.01$  )\*

CS	BLASTX uyumu (UniProt veritabanı)	
Kuraklık Stresi	En uygun tanımlama	Kat sayı
Probe set ID		
1617055_at	(Q9Y0A7) Basic helix-loop-helix transcription factor	8.8
1613141_at	(Q8S7I7) Putative NAM (No apical meristem) protein (Putative NAC domain protein)	3.9
1611013_at	(Q6YXC5) Putative zinc finger protein ID1	2.9
1608192_at	(Q9FY93) NAM-like protein (AT5g13180/T19L5_140)	2.6
1607082_at	(Q9FMK7) Similarity to unknown protein (At5g63160)	2.4
1618286_at	(Q70AB2) Ethylene transcription factor	2.4
1619585_at	(Q75UJ4) ERF-like protein	2.3
1620982_at	(Q56YT3) Squamosa promoter binding protein-like 1	2.1
1617518_at	(Q8LA79) Zinc finger protein, putative	2.1
1622296_at	(Q8GTZ1) BZIP transcription factor	2.0
1609812_at	(Q688R3) Putative finger transcription factor	2.0
1609130_at	(Q9FGZ4) Probable WRKY transcription factor 48	2.0
1617630_at	(Q95DV5) FtsZ-like protein	-2.0
1611183_at	(P93356) LIM-domain SF3 protein	-2.1
1617790_at	(Q7XJ93) Putative bHLH transcription factor	-2.2
1606591_at	(Q8RU28) Putative SHORT-ROOT (SHR) protein	-2.2
1622209_at	(Q6SRZ9) YABBY-like transcription factor PROLONGATA	-2.3
1609206_at	(Q94A57) AT3g24120/MUJ8_3 (Transfactor, putative)	-2.5
1619418_at	(Q7XJ93) Putative bHLH transcription factor	-2.5
1607523_at	(Q8RW43) TCP1 protein	-4.3

\* Kurak - tuz stresi ile CS'de ifadesi en fazla değişen TF'ler 41B ve 5BB ile paylaşıldığı için listede yer almamıştır.

Çizelge 4.5. Tuzluluk stresi ile ifadesi değişen Cabernet sauvignon transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA, p<0.01 )\*

<b>Tuz Stresi</b>	<b>En uygun tanımlama</b>	<b>Kat sayı</b>
<b>Probe set ID</b>		
1620450_s_at	(Q8LLD9) BEL1-related homeotic protein 29	3.2
1617742_at	(Q8LLD9) BEL1-related homeotic protein 29	3.0
1609874_at	(Q6R3R2) CONSTANS-like protein CO1	2.8
1615596_s_at	(Q9ZNU9) Putative zinc finger protein	2.7
1620607_s_at	(O82256) Putative zinc finger protein Constans-like 13	2.3
1614953_at	(P81392) MYB-related protein 306	2.3
1613186_at	(Q9ZNU9) Putative zinc finger protein	2.2
1621314_s_at	(Q6IVL3) Transcription factor DRE-binding factor 2	2.0
1621074_s_at	(Q8LHP0) Hypothetical UPF0222 protein P0519E12.3	2.0

\* Kurak - tuz stresi ile CS'de ifadesi en fazla değişen TF'ler diğer 41B ve 5BB ile paylaşıldığı için listede yer almamıştır.

Kuraklık stresi ile indüklenen TF sayısı en yüksek CS (60) çeşidinde bulunurken, çeşidi sırası ile 5BB (49) ve 41B (17) anaçları takip etmiştir. Tuz stresinde ise indüklenen TF sayısı en yüksek 5BB (47) anacında bulunmuş, bunu sırası ile CS (18) ve 41B (14) takip etmiştir. Uygulanan stres ile transkripsiyon faktörlerinin çoğunun ifade oranı genel olarak 5 kat değişiklik (artmış/azalmış) göstermiştir. İfadesi en fazla artan 5'er transkripsiyon faktörü ve en fazla azalan 3 transkripsiyon faktörü kuraklık stresi için Çizelge 4.6.a'da tuz stresi için Çizelge 4.6.b'de sunulmuştur.

Çizelge 4.6.a.Kuraklık stresi ile çeşit ve anaçlarda ifadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA, p<0.01 )

<b>Kurak</b>	<b>BLASTX uyumu (UniProt veritabanı)</b>			
<b>Probe set ID</b>	<b>En uygun tanımlama</b>	<b>CS</b>	<b>5BB</b>	<b>41B</b>
		<b>(Kat sayı)</b>	<b>(Kat sayı)</b>	<b>(Kat sayı)</b>
1616094_at	VvMYBPA1	<b>140.7</b>	54.7	8.3
1609172_at	(Q52QR3) NAC domain protein NAC3	<b>137.0</b>	51.2	55.5
1611091_s_at	(Q8L5P0) Myb-related transcription factor VIMYBC	<b>133.4</b>	58.1	13.1
1613770_s_at	(Q8LAG5) Hypothetical protein	<b>67.7</b>	37.9	16.0
1610775_s_at	(Q5DJU0) WRKY transcription factor-b	<b>58.7</b>	22.0	21.6
1611091_s_at	(Q8L5P0) Myb-related transcription factor VIMYBC	133.4	<b>58.1</b>	13.1
1616094_at	VvMYBPA1	140.7	<b>54.7</b>	8.3
1609172_at	(Q52QR3) NAC domain protein NAC3	137.0	<b>51.2</b>	55.5
1613770_s_at	(Q8LAG5) Hypothetical protein	67.7	<b>37.9</b>	16.0
1617254_at	(Q9FY93) NAM-like protein (AT5g13180/T19L5_140)	55.7	<b>37.7</b>	21.1
1609172_at	(Q52QR3) NAC domain protein NAC3	137.0	51.2	<b>55.5</b>
1609107_at	(Q4AEC3) Cys2-His2 type zinc finger protein; similar to ZAT10 or STZ	46.8	36.5	<b>29.1</b>
1621876_at	(Q52QR5) NAC domain protein NAC1	51.3	23.0	<b>23.8</b>
1610775_s_at	(Q5DJU0) WRKY transcription factor-b	58.7	22.0	<b>21.6</b>
1617254_at	(Q9FY93) NAM-like protein (AT5g13180/T19L5_140)	55.7	37.7	<b>21.1</b>
1620708_at	(Q6NNN0) At4g36570	-32.3	-16.0	-5.5
1622642_at	(Q9LU63) Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MWD22 (AT5g51110/MWD22_5)	-8.1	-8.2	-3.0
1613486_at	(Q84UB0) Transcription factor Myb1	-6.6	-6.1	-2.5

Çizelge 4.6.b. Tuz stresi ile çeşit ve anaçlarda ifadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörleri (BH-ANOVA, p<0.01 )

<b>BLASTX uyumu (UniProt veritabanı)</b>				
<b>Probe set ID</b>	<b>En uygun tanımlama</b>	<b>CS (Kat sayı)</b>	<b>5BB (Kat sayı)</b>	<b>41B (Kat sayı)</b>
1609172_at	(Q52QR3) NAC domain protein NAC3	<b>36.7</b>	28.4	13.5
1619664_at	(Q9M4H1) Putative ripening-related bZIP protein	<b>11.9</b>	7.2	3.6
1620621_at	(Q8LRL5) Nam-like protein 10	<b>7.5</b>	12.6	9.7
1609295_at	(Q9M276) Homeobox-leucine zipper protein ATHB-12	<b>7.4</b>	3.5	2.6
1621876_at	(Q52QR5) NAC domain protein NAC1	<b>6.5</b>	11.0	2.9
1609172_at	(Q52QR3) NAC domain protein NAC3	36.7	<b>28.4</b>	13.5
1611091_s_at	(Q8L5P0) Myb-related transcription factor VIMYBC	-	<b>19.7</b>	9.7
1617254_at	(Q9FY93) NAM-like protein (AT5g13180/T19L5_140)	-	<b>14.8</b>	3.3
1610775_s_at	(Q5DJU0) WRKY transcription factor-b	6.5	<b>14.3</b>	7.5
1613770_s_at	(Q8LAG5) Hypothetical protein	-	<b>14.0</b>	-
1609172_at	(Q52QR3) NAC domain protein NAC3	36.7	28.4	<b>13.5</b>
1611091_s_at	(Q8L5P0) Myb-related transcription factor VIMYBC	-	19.7	<b>9.7</b>
1620621_at	(Q8LRL5) Nam-like protein 10	7.5	12.6	<b>9.7</b>
1610775_s_at	(Q5DJU0) WRKY transcription factor-b	6.5	14.3	<b>7.5</b>
1619410_at	(Q93XA4) Homeodomain leucine zipper protein HDZ2	3.5	2.5	<b>6.6</b>
1620708_at	(Q6NNN0) At4g36570	-	-6.2	-4.2
1610657_at	(Q6L452) Putative HD-zip protein	-2.3	-3.8	-2.1
1619453_s_at	(Q43427) DNA-binding protein	-	-3.3	-2.0

İfadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörlerinde ilk sıraları gerek tuz gerekse kuraklık için NAC domain ailesi ile MYB ve WRKY transkripsiyon faktörleri almıştır. Bitkiye özgü transkripsiyonel düzenleyicilerden olan NAC domain ailesi, hormonal kontrol ve stres cevabı ile sürgün apikal meristemi, çiçek organları, apikal sürgünlerin oluşumunu da içeren çoğu büyüme ve gelişim sürecinde rol alır (Olsen *et al.* 2005). Tez çalışmasında NAC domain ailesine ait transkripsiyon faktörleri her iki stres ile de ifadesi en fazla değişen grup olmuştur. Tuz stresi ile NAC3 transkripsiyon faktörünün ifadesi çeşitte (CS) 36, 5BB ve 41B de ise sırasıyla 28 ve 13 kat artarak her üç genotipte de ifadesi en fazla değişen TF olmuştur. Kuraklık stresinde ise çeşit ve anaçlarda ifadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörü çeşitlilik göstermekle birlikte; NAC3'ün 41B anacında en yüksek ifadeyi gösterdiği ve kurak koşullardaki ifade oranının tuza göre yaklaşık dört kat daha fazla olduğu belirlenmiştir. CS çeşidi ve 5BB anacında ise ifadesi en fazla değişen TF MYB - ilgili TF ailesinde yer alan VvMYBPA1 ve VIMYBC transkripsiyon faktörleri olmuştur (Çizelge 4.6.a-b). NAC domainine ait NAC1 transkripsiyon faktörünün ifadesi qRT-PCR ile valide edilmiştir (Şekil 4.8.a-b). MYB proteinleri bitkilerde gelişim süreçlerinin düzenlenmesinde ve streste önemli rol oynayan transkripsiyon faktörlerindedir (Yanhui *et al.* 2006, Chen *et al.* 2012). Benzer şekilde WRKY proteinleri bitkilerde en kapsamlı TF ailelerinden biridir ve bitki gelişimi, metabolik faaliyetler, biyotik ve abiyotik strese kadar pek çok süreçte önemli rol oynar (Rushton *et al.* 2010, Li *et al.* 2012). Tez çalışmasında MYB-iliği ve WRKY transkripsiyon faktörleri uygulanan streslerden en çok etkilenen gruplar arasında yer almıştır. Kuraklık stresinde VvMYBPA1 TF çeşitte (CS) 140 kat, VIMYBC TF ise 5BB de 58 kat ifade oranı ile en fazla değişen transkripsiyon faktörleri olmuştur.

#### **4.4.5. Stresle ifadesi değişen hormonlar**

Stres koşullarında, hormon metabolizması ile ilgili *Vitis* GeneChip® array içeriğinde yer alan transkriptlerin pek çoğunun ifadesinde kontrole göre önemli ölçüde ( $p < 0.01$ ) değişiklik meydana gelmiştir (Çizelge 4.7). Hormonlarla ilgili 192 transkriptten, 132'si kuraklık stresi, 60 adedi ise tuz stresi koşullarında kontrole göre önemli ölçüde ( $p < 0.01$ ) ifade değişikliği göstermiştir. Gerek tuz gerekse kuraklık stresinde ifadesi değişen transkriptlerin sayısı en fazla oksin metabolizması ile ilgili genlerde meydana gelirken, genel olarak oksin transkriptlerinde ifadesi azalan gen sayısı ifadesi artanlara göre fazla bulunmuştur. Hormonlarla ilgili kuraklık stresinde 15, tuz stresinde ise 3 adet transkriptin sadece CS çeşidine özgü olduğu görülmüştür. Bunlardan, ABA biyosentezinde anahtar rol

oynayan NCED enzimleri (Iuchi *et al.* 2001) tuz stresinde her üç genotipte de ifadesi en fazla değişen transkriptler olmuştur. Kuraklık stresinde ise ifadesi en fazla değişen iki hormon CS'de etilen biyosentezinde anahtar rol oynayan ACC oksidaz 3 ve ACC oksidaz enzimleri iken, anaçlarda NCED1 enzimi olmuştur. CS'de NCED1 enzimi ifadesi en fazla artanlar arasında dördüncü enzim olmuştur. NCED1 enziminin ifadesindeki bu artış qRT-PCR ile doğrulanmıştır (Şekil 4.8.a-b).

Çizelge 4.7. Kurak - tuz stresi ile ifadesi değişen hormonlarla ilgili transkriptlerin sayısında meydana gelen değişiklikler

Hormonlar	Kurak transkriptlerindeki sayısal değişiklikler			Tuz transkriptlerindeki sayısal değişiklikler		
	CS	5BB	41B	CS	5BB	41B
	↑/↓	↑/↓	↑/↓	↑/↓	↑/↓	↑/↓
ABA (18/9)	4 / 3	3 / 4	3 / 0	2 / 0	4 / 1	2 / 0
Etilen (14/9)	4 / 1	4 / 1	4 / 0	1 / 0	4 / 1	3 / 0
Oksin (79/32)	12 / 23	11 / 19	4 / 10	4 / 3	8 / 10	4 / 3
Giberellin (8/7)	2 / 2	1 / 1	1 / 1	1 / 1	1 / 1	2 / 1
Brassinosteroid (9/2)	3 / 1	2 / 2	2 / 0	0 / 0	2 / 0	0 / 0
Diğer* (4/1)	4 / 0	0 / 0	0 / 0	1 / 0	0 / 0	0 / 0

\*Jasmonik asit, salisilik asit vb., ↑:artan, ↓:azalan

#### 4.4.6. Stresle ifadesi değişen metabolit transkriptleri

İki stres koşulu genotiplerde, pek çok yolakta rolü olan metabolit ilişkili genlerin ifadesinde değişime neden olmuştur. Bitkilerde prolin biyosentezi glutamat ve ornitin olmak üzere iki farklı kaynaktan sentezlenmektedir (Delauney and Verma 1993). Glutamat orijinli prolin biyosentezinin ilk iki aşamasında rol alan 1-prolin-5-karboksilat sintetaz (P5CS) enziminin transkript miktarında kontrole göre kuraklık stresi koşullarında 4 kat artış meydana gelmiş ve bu artış sadece çeşitte (CS) görülmüştür. Anaçlarda ise söz konusu enzimi [1-prolin-5- karboksilat sintetaz (P5CS)] kodlayan genin ifadesinde kuraklık stresi ile kontrole göre farklılık görülmemiştir. Tuz stresinde ise gerek çeşit gerekse anaçlarda 1-prolin-5- karboksilat sintetaz (P5CS) enziminin ifadesinde değişiklik meydana gelmemiştir. Bununla birlikte prolin sentezinde alternatif yollardan biri olan ornitin orijinli prolin biyosentezinde rol alan ornitin aminotransferaz enziminin transkriptinde ise kuraklık stresi ile iki genotipte (CS çeşidi ve 5BB anacında) tuz stresi ile

ise bir genotipte (5BB anacında) artış meydana gelmiştir. Hücrede aşırı biriken prolinin toksik etkisini ortadan kaldırmak için prolinin uzaklaştırılmasında rol oynayan prolin dehidrogenaz enzimine ait transkriptte ise ifade değişikliğine rastlanmamıştır (Deuschle *et al.* 2004). Ancak kuraklık stresi ile prolin transportı 1 ve betain/prolin transportı'nda her üç genotipte, sadece 5BB anacında ise tuz stresi ile artış meydana gelmiştir.

Bitki poliaminleri aktif olarak büyüyen dokularda bulunup; hücre bölünmesi, embriyogenez, kök oluşumu, meyve oluşumu - olgunlaşması, biyotik - abiyotik stres cevabının oluşturulması gibi pek çok süreçte rol alırlar (Kumar *et al.* 1997). Putresin sentezinde rol alan enzimlerden arjinin dekarboksilaz kuraklık stresinde her üç genotipte, tuz stresinde ise 5BB ve 41B anaçlarında artış göstermiştir. Spermin sentezinde rol alan spermin sintaz enziminin transkripti ise, kuraklık stresi ile CS ve 5BB'de tuz stresinde ise sadece 5BB anacında artış göstermiştir. Poliamin sentezinde rolü olan S-adenozilmetionin dekarboksilaz enzimine bakıldığında ise; CS ve 5BB'de kuraklıkla artış gösterirken, tuz stresinde bu enzimin inaktif halinde üç genotipte de artış meydana gelmiştir. Spermin ve spermidinin degradasyonunu sağlayan poliamin oksidaz enzim öncüsünde ise hem kurak hem tuz stresinde sadece 5BB anacında artış meydana gelmiştir. Diğer bir poliamin olan Kadaverin bitkilerde stres koşullarında etilen birikimini indükler ve stres koşullarında biriken etilen spermin sintaz ve spermidin sintazın sentezini azaltarak yapraklarda poliamin birikimini engeller (Kuznetsov and Shevyakova 2007). Kadaverin'i katalizleyen lizin dekarboksilaz enziminin transkriptinde de kuraklık stresi ile sadece CS çeşidinde, tuz stresi ile her üç genotipte artış meydana gelmiştir. Benzer şekilde lizin dekarboksilaz - benzeri bir proteine ait transkriptte ise sadece kuraklık stresinde üç genotipte artış meydana gelmiştir.

Enerji metabolizmasını etkileyen genler incelendiğinde; kurak ve tuz stresi koşullarında metabolizmaya ilgili genlerin ifadesinde önemli ölçüde düşüş meydana geldiği görülmüştür. Fotosentezin düzenlenmesinde anahtar enzimlerden biri olan RuBisCo aktivaz enziminin transkriptinde kuraklık stresinde üç genotipte de düşüş meydana gelmiş ancak bu düşüş CS'de 42 kat, 5BB'de 48 kat iken 41B de 3 kat olmuştur. Tuz stresinde ise CS çeşidinde bu enzimin transkript ifadesinde kontrole göre bir değişiklik meydana gelmezken, 5BB ve 41B anaçlarında sırası ile 9 ve 5 kat düşüş gözlemlenmiştir. Karbon ve enerji metabolizmasında rol alan diğer genler dikkate alındığında ise kontrole göre değişiklikler tespit edilirken, bu değişiklikler çeşit ve anaçlarda uygulanan strese göre çeşitlilik göstermiştir.



Şekerler, şeker alkoller, glikozid, poliöl ve karboksilat biyosentezinde ve yıkımında rol alan genlerin ifadelerinde de kontrole göre artış meydana gelmiştir. Bu artışlarda uygulanan stres ve kullanılan genotipe göre farklılıklar kaydedilmiştir. Şeker birikimi ve ozmotik stres toleransı arasında güçlü bir korelasyon olduğu transgenik deneyleri içeren çalışmalarla bildirilmiştir (Abd-El Baki *et al.* 2000, Gilmour *et al.* 2000, Streeter *et al.* 2001, Ramanjulu *et al.* 2002, Taji *et al.* 2002). Polioller ise, makro moleküllerin stabilizasyonu ve hidroksil radikallerinin uzaklaştırılmasında rol oynamaktadır.

## 5. TARTIŞMA

Tez çalışmasından elde edilen çeşide ait sonuçlar uzun dönem (gün) ve kısa dönem (gün) kurak ve tuz stresinin uygulandığı diğer çalışmalarla ile karşılaştırıldığında (Cramer *et al.* 2007, Tattersall *et al.* 2007, Vincent *et al.* 2007), uzun dönem ve kısa dönem stres uygulamalarında kurak ve tuz stresine oluşturulan cevabın genel anlamda birbiri ile ilişki içinde olduğu ve tez sonuçları ile uyumluluk sağladığı görülmüştür. Ancak, çeşit ve anaçlarda kurak ve tuz stresinin transkriptomik düzeyinde karşılaştırılmasına yönelik literatürde ilk olma özelliği taşıyan tez sonuçlarında, anaçlardan elde edilen sonuçlar literatürde anaca yönelik bilgi eksikliği nedeni ile herhangi bir araştırma sonucu ile karşılaştırılmamıştır.

### 5.1. Kurak ve Tuz Stresine Fizyolojik Cevabın Karşılaştırılması

Birçok bitkide gerçekleştirilen stres uygulamalarında düzenli sulanmış bitkilerde (kontrol) yaprak su potansiyeli (MPa) değeri yaklaşık - 0.3 MPa olarak bulunurken, kuraklık stresindeki bitkilerde bu değer yaklaşık - 2 MPa değerine kadar ulaştığı görülmüştür (Fisher and Cash-Clark, 2000). Son yıllarda yapılan birçok araştırmaya göre düzenli sulanmış asmalarda (kontrol) eşik değeri ortalama - 0,8 MPa olarak değerlendirilirken, ortalama - 1,2 MPa değerinde üzümün kuraklık stresine girdiği, - 1,5 MPa değerinde ise aşırı stres koşulları altında olduğu varsayılmaktadır (Girona *et al.* 2006, Cramer *et al.* 2007, Vincent *et al.* 2007). Tuz stresi koşullarında ise - 0,2 MPa değerinde tuz stresinin başladığı ve bu değer farklı stres uygulamalarında (uzun dönem - kısa dönem) - 0,8 MPa değerine ulaştığı görülmüştür (Cramer *et al.* 2007, Tattersall *et al.* 2007, Vincent *et al.* 2007). Tez çalışmasından elde edilen fizyolojik ölçüm sonuçlarında CS çeşidi ile 5BB - 41B anaçlarında kuraklık stresi yaprak su potansiyeli değerleri sırasıyla ortalama (-1,5), (-0,9), (-1,1) MPa ve tuzluluk stresi yaprak su potansiyeli değerleri (-1,1), (-0,5), (-0,8) MPa olarak bulunmuştur. Bu durum CS çeşidinin, kurağa orta derecede dayanıklı 41B ve kurağa hassas 5BB anaçlarına göre mevcut su durumunu koruyarak kurağı tolere edebildiğini göstermektedir. Tuz stresinin bitki üzerinde oluşturduğu ozmotik stres değerlendirildiğinde tuza toleransı orta/hassas olarak bilinen 5BB anacının (Galet 1979, Howell 1987) fizyolojik ölçüm ve gözlem değerleri baz alındığında tuza hassas olarak bilinen 41B anacına göre daha yüksek MPa ölçüm değeri elde edilmiştir. Yapraklarda görülen tuzun neden olduğu zararlanmaların 5BB anacında 41B anacına göre daha fazla olması bu durumu destekler niteliktedir. 41B anacının tuza hassasiyetinin beklenenin aksine 5BB

anacından yüksek olması ise anacın ebeveynlerinden birinin (*V. berlandieri* X *Chassales*) *Vitis vinifera* L. olmasına diğerk bir ifade ile genomda çeşit kalıtımını korumasına dayandırılabilir. Her iki anacında tuz stresinden çeşide göre daha fazla etkilendiğı görülmüştür.

## **5.2. Stresle ifadesi değışen transkriptlerin karşılaştırılması**

Bu çalışmada stresle ifadesi değışen transkript oranları CS çeşidinde kısa dönem (24 saat) kuraklık stresi (PEG) ve tuz stresi (120 mM NaCl) (Tattersall *et al.* 2007) ile uzun dönem (16 gün) su noksanlığı (sulamama) ve tuz stresi (250 mM NaCl) uygulanmış diğerk araştırma sonuçları ile karşılaştırılmıştır (Cramer *et al.* 2007). Kısa dönem yapılan çalışmada 24. saatin sonunda 24 transkript ( $p<0.01$ ) (511 transkript  $p<0.05$ ), 16 günlük çalışmada 1420 transkript kurak ve tuz stresi arasında farklı ifade olurken, 7 gün süren bu çalışmada CS çeşidi için 1967 transkript, 5BB ve 41B anaçları için sırasıyla 426 ve 427 transkript kuraklık stresi ve tuz stresinde farklı ifade olmuştur ( $p<0.01$ ). Uzun dönemli olarak gerçekleştirilen (Cramer *et al.* 2007) çalışmanın 8. gününde kuraklık stresi ile kontrole göre 14 transkript farklı ifade olurken, 16. günün sonunda 5000'i aşkın transkript farklı ifade olmuştur. Tez çalışmasında 7. günde kuraklık stresi ile kontrole göre CS'de 2675, 5BB ve 41B anaçlarında ise sırasıyla 2140 ve 1171 transkript farklı ifade olmuştur. Uzun dönem - kısa dönem stres uygulamaları ve tez çalışmasında gerçekleştirilen stres uygulamaları arasındaki bu farklılıkların stres uygulamalarının farklı olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Dolayısıyla farklı dönemlerde ve koşullarda değışik sayıda stres ilişkili transkriptin devreye girdiğı anlaşılmaktadır.

## **5.3. Stresle ifadesi değışen transkriptlerin fonksiyonel olarak sınıflandırılması**

İfadesi önemli ölçüde değışen transkriptlerin yüzdesi ( $p<0.01$ ) değıerlendirildiğinde, metabolizmadan protein fonksiyonlarının düzenlenmesine kadar fonksiyonel kategorilerin çoğunda çeşit ve anaçların transkript yüzdelerindeki değışimler her iki stres içinde birbirine paralel bulunurken, kuraklık stresinde yüzde değıerleri tuza oranla nispeten daha yüksek bulunmuştur (Şekil 4.11 - 4.12). Bu farklılık temel olarak çeşit-anaç türlerinin kuraklık stresini tuz stresinden daha iyi tolere ettiklerinin bir göstergesi olarak kabul edilebilir.

Kuraklık stresinde CS çeşidi ve 5BB anacı arasındaki en önemli farklılıklar metabolizma, hücreysel transport, protein akıbeti ve sinyal iletimi kategorilerinde görülmüştür. Tuz

stresinde ise CS - 41B arasında hücre döngüsü/DNA işlenmesi, enerji ve stres cevabı/hücresinin savunulması grupları arasındaki farklılıklar önemli bulunmuştur. Çeşit-anaç arasında görülen fonksiyonel farklılıklar ise stres (kurak ve tuz) tipine bağlı nispi farklılıklardan kaynaklanabilir. Ayrıca bu farklılıklar türün (çeşit ve anaç) stresi tolere edebilmesi için sahip olduğu mekanizmalar arasındaki ayrıntıların bir göstergesi olarak düşünülebilir.

Her üç genotipte de kurak ve tuz stresi ile transkript miktarı en fazla değişen kategori metabolizma olmuştur. Bu oranlar CS, 5BB ve 41B’de kuraklık stresinde sırasıyla, % 20,5, % 19,5, % 22 iken tuz stresinde % 23, % 21, % 24 olarak bulunmuştur.

Fonksiyonel gruplandırma sonuçları asmada yapılan kısa dönem ve uzun dönem kurak ve tuz stresi uygulanmış diğer çalışmalarla karşılaştırıldığında her iki streste de transkript yüzdesi kısa döneme göre değişiklik gösterirken uzun dönem ile hemen hemen aynı bulunmuştur. Bu durum uzun dönem uygulamalarının kısa dönem stres uygulamalarına göre daha geniş ve daha kompleks hücrel mekanizmalara yönelik farklılıkları ortaya çıkardığının bir göstergesi olarak düşünülebilir. CS çeşidinde gerçekleştirilen bu çalışmalarda kısa dönemli stres uygulamasında (24 saat) metabolizma kategorisi en yüksek ikinci yüzde oranına sahip kategori olurken (Tuz % 11 ve PEG % 13.5) en yüksek yüzde de sınıflandırılmamış proteinler (Tuz % 31 ve PEG % 24) kategorisi yer almıştır (Tattersall *et al.* 2007). Uzun dönemli stres uygulamalarında (16 gün) ise, tez sonuçları ile uyumlu olarak metabolizma kategorisi en yüksek yüzdeyi (Tuz % 20 ve PEG % 15) oluşturmuştur (Cramer *et al.* 2007). Bununla birlikte yapılan bu karşılaştırmalar CS çeşidi için geçerli olup, anaçlara yönelik bu çalışmanın literatürde ilk olması nedeni ile anaçlarla ilgili bir karşılaştırma yapılamamıştır.

#### **5.4. Stresle ifadesi değişen Transkripsiyon Faktörleri (TF)**

NAC domain ailesi her iki stres ile de ifadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörleri (TF) grubu olmuştur. Oldukça geniş ve fonksiyonel olarak çeşitlilik gösteren NAC transkripsiyon faktörlerinin (Olsen *et al.* 2005) abiyotik stresteki rolleri henüz tam olarak tanımlanmamıştır. Bunlardan, AtNAC2 transkripsiyon faktörü tuz, oksin ve etilene cevap olarak *Arabidopsis*’te indüklenirken (Riechmann *et al.* 2000), yine bu türde yapılan diğer bir çalışmada 3 adet NAC proteininin tuz, kurak ve ABA’ya cevap olarak indüklendiği tespit edilmiştir (Tran *et al.* 2004). Üzümde CS’de yapılan kısa dönemli (24 saat) bir çalışmada ise NAC1 domaininin 4. saatte soğuk stresi ile, 8. saatte ise kurak ve tuz stresi

ile arttığı görülmüştür (Tattersall *et al.* 2007). CS çeşidinde yaprakta yapılan uzun dönemli (16 gün) bir diğer çalışmada ise aynı transkripsiyon faktörünün 8. günde tuz stresine, 12. günde kuraklık stresine cevap olarak en yüksek seviyeye ifade olduğu görülmüştür. Tez çalışmasında, 7 günlük tuz stresinde CS çeşidi ile 5BB ve 41B anaçlarında ifadesi en fazla artan NAC3 transkripsiyon faktörü olmuştur. Kuraklık stresinde ise 7 gün sonunda, 41B anacında yine en fazla artan NAC3 iken CS çeşidi ve 5BB anaçlarında ilk sırayı MYB- ilgili transkripsiyon faktörleri almıştır. NAC1 transkripsiyon faktörü ise kurak ve tuz stresi ile her üç genotipte de önemli ölçüde artmıştır. Cramer *et al.* (2007) yaptığı mikroarray analizlerinde MYB transkripsiyon faktörlerinin üzüm yapraklarında kuraklık stresine tuz stresinden daha duyarlı olduğunu bildirmiştir.

Ozmotik şok stres denemelerinde CBF/DREB transkripsiyon faktörleri strese karşı erken cevap verip (dakika süresinde) artarken strese toleransın artırılmasını da sağlamaktadır (Liu *et al.* 1998). Tez çalışmasında bazı CBF/DREB transkripsiyon faktörlerinin transkript oranında artış meydana gelmiş ancak bu artış çok fazla olmamıştır. Cramer *et al.* (2007) yaptığı çalışmada da benzer şekilde 16. güne kadar artış gerçekleşmiş ancak kayda değer bir artışın ancak 16. günde olduğu görülmüştür.

Kurak ve tuz stresi ile sadece CS çeşidinde ifadesi değişen, anaçlarda herhangi bir değişime uğramayan transkripsiyon faktörleri incelendiğinde kurak için ifadesi en fazla değişen transkripsiyon faktörü Basic helix-loop-helix transkripsiyon faktörü, tuz için ise BEL1-related homeotic protein 29 olmuştur. CS'ye özgü olan transkripsiyon faktörleri incelendiğinde bunların genel itibari ile hücrenin gelişimi, çoğalması ve hücre duvarı fonksiyonlarında görev aldığı görülmüştür.

### **5.5. Stresle ifadesi değişen hormonlar**

ABA ile ilgili transkriptler kurak ve tuz stresinde her üç genotipte de ifadesi kontrole göre en fazla artan grup olmuştur. Bitkilerde, kurak ve tuz stresi koşulları altında ABA seviyesindeki artışın temel nedeni ABA biyosentezinde görev alan enzimleri kodlayan genlerin indüklenmesidir (Xiong *et al.* 2002). Tez çalışmasında, kuraklık stresinde ifadesi en fazla değişen ilk iki hormon CS çeşidinde etilen biyosentezinde anahtar rol oynayan ACC oksidaz enzimleri iken, anaçlarda NCED1 enzimi olmuştur. NCED1 enziminin CS çeşidindeki ifadesi ise en fazla artanlar arasında dördüncü sırada yer almıştır. NCED enzimlerinin tuz stresindeki ifadesine bakıldığında bu enzim her üç genotipte de ifadesi en fazla değişen transkript olmuştur. Cramer *et al.* (2007) CS çeşidinde yaptığı uzun dönem

(16 gün) çalışmada ise kuraklık stresi ile NCED enziminin ifadesinde 8. güne kadar önemli bir artış olmadığı bildirilmiş, bu durumun sadece ABA biyosentezindeki artışla değil aynı zamanda ABA'nın yeniden dağıtılması ve transportu ile ilgili olduğu belirtilmiştir (Wilkinson and Davies 2002). Bu çalışmada NCED enzimlerinin aynı çeşitte kuraklıkla ifadesi en fazla değişenler arasında dördüncü sırada olması bu durumu destekler niteliktedir. Tez çalışmasında ACC oksidaz enziminde meydana gelen artışlar daha önce de bildirildiği gibi etilenin abiyotik strete önemli rol oynadığını göstermektedir (Kim *et al.* 2003, Zhao and Schaller 2004). Üzümde yapılan kısa dönemli diğer bir çalışmada ise yine kurak ve tuz stresi durumunda etilen ile ilgili genlerin indüklendiği bildirilmiştir (Tattersall *et al.* 2007).

### **5.6. Stresle ifadesi değişen metabolit transkriptleri**

Prolin, kuraklık ve tuz stresine maruz kalmış bitkiler için oldukça önemli bir ozmoprotektandır (Delauney and Verma 1993, Rhodes and Hanson 1993) ve asma yapraklarında en bol bulunan serbest aminoasittir (Kliwer and Nassar 1966). P5CS enziminin ifadesindeki artışa paralel olarak artan prolin konsantrasyonu bitkinin kuraklık ve tuza toleransını artırmaktadır (Kishor *et al.* 1995, Zhu *et al.* 1998). Tez çalışmasında P5CS enziminin ifadesi sadece CS çeşidinde artarken, tuz stresinde ise hem çeşit hem de anaçlarda kontrole göre P5CS oranında artış meydana gelmiştir. Bununla birlikte ornitin orijinli prolin biyosentezinde rol alan ornitin aminotransferaz enziminin transkriptinde ise kuraklık stresi ile CS ve 5BB, tuz stresi ile yalnızca 5BB anacında artış meydana gelmiştir. Bu durum çeşidin (CS) stres toleransında her iki yolağı da anaçlara göre aktif olarak kullanabildiğinin bir göstergesi olarak düşünülebilir.

Bu çalışmada, prolinin hücrede aşırı birikmesi sonucu toksik etki oluşturmasını engellemek için biriken aşırı prolinin uzaklaştırılmasını sağlayan prolin dehidrogenaz enziminin oranında ise artışa rastlanmamıştır (Deuschle *et al.* 2004). Bu tez çalışmasında herhangi bir değişim olmamakla birlikte, CS çeşidinde uzun dönem (16 gün) kuraklık stresinde bu enzimin ifadesinde artış meydana geldiği bildirilmektedir (Cramer *et al.* 2007). Pek çok çalışmada ise bu enzimin tuz stresi ile ifadesinin azaldığı bildirilmiştir (Kiyosue *et al.* 1996, Peng *et al.* 1996, Miller *et al.* 2005). Tez sonuçlarında bu enzimde değişimlerin gözlenmemesi, bu çalışma ve literatürdeki stres uygulama zamanı veya stres dozlarındaki farklılıklara dayandırılabilir.

Poliaininler bitkilerin abiyotik stres kořullarına özellikle kuraklık ve tuz stresi kořullarına toleransın artırılmasında önemli rol oynarlar (Alcázar *et al.* 2006, Kuznetsov and Shevyakova 2007, Groppa and Benavides 2008). Tez çalışmasında kuraklık stresi ile CS ve 5BB'de spermin ve putresin 41B'de sadece putresin biyosentezinde rol alan enzimlerin ifadesinde artış meydana gelmiştir. Tuz stresinde 5BB'de spermin ve putresin, 41B'de sadece putresin biyosentezinde rol alan enzimlerin ifadesinde artış meydana gelmiştir. Bununla birlikte CS'de tuz stresi ile bu iki enzimin ifadesinde herhangi bir deęişiklik meydana gelmemiştir. Genotipler arasında poliaminlerde özellikle tuz stresi ile meydana gelen bu çeşitlilik, çeşit ve anaçların tuza olan tolerans farklılıklarının bir göstergesi kabul edilebilir. Kuraklık stresi açısından çeşit ve anaçlar arasında poliaminler yönünden belirgin bir fark görülmemiştir. Ancak 5BB anacında spermin ve spermidin katabolizmasında rol alan poliamin oksidaz enziminin ifadesinde kuraklık ve tuz stresi ile artış meydana gelmiştir. Bu enzimdeki artışın, söz konusu anacın her iki strese de hassaslığını tetikleyebileceęi düşünölmektedir.

RuBisCo aktivaz fotosentezin anahtar düzenleyicilerindendir (Mott and Woodrow 2000, Parry *et al.* 2003). Stomaların iletimi azaldığı zaman, yapraklardaki CO<sub>2</sub> konsantrasyonu azalır. Bu kořullarda artan RuBisCo aktivaz, CO<sub>2</sub> fiksasyonunu aktive eden RuBisCo'nun miktarındaki artışla fotosentezin etkinliğini artırır. Kuraklık stresi ile azalan RuBisCo aktivitesi ise tight-binding inhibitörlerin varlığı ile görülür, bu inhibitörler RuBisCo aktivaz ve ATP hidrolizi ile uzaklaştırılır (Tezara *et al.* 1999, Parry *et al.* 2002). Kuraklık ile her üç genotipte RuBisCo aktivazın ifadesinde düşüş meydana gelmiş, bu düşüş katsayısında çeşit ve anaçlar arasında önemli bir fark oluşmuştur. Tuz stresinde ise CS çeşidinde RuBisCo aktivazın ifadesinde deęişiklik meydana gelmezken anaçlarda ifade de azalma meydana gelmesi de çeşit ve anaçların bu iki strese karşı oluşturduęu cevapta belirgin farklılıklar arasındadır.

Sonuç olarak, Dünyanın en önemli şaraplık üzüm çeşitlerinden Cabernet Sauvignon ile iki Amerikan asma anacında (5BB ve 41B) kuraklık ve tuz stresinin çeşit-anaç bazında transkriptomik düzeyde incelendięi bu araştırma literatürde bir ilk olma özellięi taşımaktadır. Yedi gün boyunca kuraklık ve dereceli olarak tuz stresine maruz bırakılan çeşit ve anaçlarda bu streslerin fizyolojik etkisini belirlemek için gerçekleştirilen yaprak su potansiyeli ölçümlerinde (MPa) çeşidin kuraklık ve tuz stresine dayanımı anaçlara göre oldukça yüksek bulunmuştur. Anaçlarda ise kuraklık stresinde beklenildięi gibi 41B anacı, 5BB anacından daha dayanıklı bulunurken, tuz stresinde ise beklenenin aksine tuza hassas

olarak bilinen 41B anacı 5BB'ye göre daha yüksek dayanım göstermiştir. Mikroarray analizleri sonucunda her üç genotipte de kuraklık stresinden etkilenen transkript sayısı tuz stresine göre oldukça yüksek bulunmuştur. Metabolizma, protein akıbeti, transkripsiyon vb. şekilde gruplandırılan bu transkriptlerin oranları ise her üç genotipte de kuraklık stresinde tuza oranla yüksek bulunmuştur. Aynı zamanda kurak ve tuz stresi ile ifadesi sadece CS'de deęişen transkripsiyon faktörlerine ait genler, hormon ve metabolit sentezinde rol oynayan enzimlere ait genler ile CS'de, 41B ve 5BB anaçlarına göre önemli derecede farklı ifade olan genler tespit edilmiştir. Bununla birlikte elde edilen sonuçlar CS çeşidinde kısa dönem (24 saat) ve uzun dönem (16 gün) kurak ve tuz stresi uygulanmış sonuçlarla karşılaştırılmış, çok sayıda transkript uzun dönemdeki sonuçlarla ortak bulunurken, kısa dönemli çalışmalarda ise farklılıklar tespit edilmiştir.



## KAYNAKLAR

- Abd-El Baki, G. K., Siefritz, F., Man, H.M., Weiner, H., Kaldenhoff, R., and Kaiser, W. M. 2000. Nitrate reductase in *Zea mays* L. under salinity. *Plant, Cell and Environment*, 23(5); 515–521.
- Abebe, T., Guenzi, A. C., Martin, B., and Cushman, J. C. 2003. Tolerance of Mannitol-Accumulating Transgenic Wheat to Water Stress and Salinity. *Plant Physiology*, 131(4); 1748–1755.
- Agarwal, P., and Jha, B. 2010. Transcription factors in plants and ABA dependent and independent abiotic stress signalling. *Biologia Plantarum*, 54(2); 201–212.
- Ağaoğlu, Y.S., Ergül, A., and Aras, S. 2004. Molecular characterization of salt stress in grapevine cultivars (*Vitis vinifera* L.) and rootstocks. *Vitis*, 43(2); 107–110.
- Alba, R., Fei, Z., Payton, P., Liu, Y., Moore, S. L., Debbie, P., Cohn, J., D’Ascenzo, M., Gordon, J.S., Rose, J.K.C., Martin G., Tanksley S.D., Bouzayen M., Jahn M.M., and Giovannoni J. 2004. ESTs, cDNA microarrays, and gene expression profiling: tools for dissecting plant physiology and development. *The Plant Journal*, 39(5); 697–714.
- Albrecht, V., Weinl, S., Blazevic, D., D’Angelo, C., Batistic, O., Kolukisaoglu, U., Bock, R., Schulz, B., Harter, K., and Kudla, J. 2003. The calcium sensor CBL1 integrates plant responses to abiotic stresses. *The Plant Journal*, 36(4); 457–470.
- Alcázar, R., Marco, F., Cuevas, J., Patron, M., Ferrando, A., Carrasco, P., Tiburcio, A., and Altabella, T. 2006. Involvement of polyamines in plant response to abiotic stress. *Biotechnology Letters*, 28(23); 1867–1876.
- Anonim 2008. FAOLand and Plant Nutrition Management Service. <http://www.fao.org/ag/ag/agll/spush>.
- Anonim 2010a. FAO statistics database on the World Wide Web. <http://faostat.fao.org> (accessed June 2011).
- Anonim 2010b. Tarımsal Yapı. T.C. Basbakanlık Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK) Yayınları. Tarım İstatistikleri Özeti.
- Bartels, D., and Sunkar, R. 2005. Drought and Salt Tolerance in Plants. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 24(1); 23–58.
- Battany, M. 2004. Grape notes: salinity management for drought years. University of California Cooperative Extension.

- Benjamini, Y., and Hochberg, Y. 1995. Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society*, 57 (1); 289–300.
- Bray E.A., Bailey-Serres, J., and Weretilnyk, E. 2000. Responses to abiotic stresses. In W Gruissem, B Buchanan, R Jones, eds, *Biochemistry and Molecular Biology of Plants*, American Society of Plant Physiologists, Rockville, MD, p 1158–1249.
- Buchanon, G.A., and Amos, T.G. 1992. Grape pests. (Ed.: B.G. Coombe and P.R. Dry, *Viticulture Vol.2:209-231*). Winetitles, Adelaide.
- Blumwald, E. 2000. Sodium transport and salt tolerance in plants. *Current Opinion in Cell Biology*, 12(4), 431–434.
- Bohnert, H. J., and Sheveleva, E. 1998. Plant stress adaptations--making metabolism move. *Current Opinion in Plant Biology*, 1(3); 267–274.
- Bota, J., Medrano, H., and Flexas, J. 2004. Is photosynthesis limited by decreased Rubisco activity and RuBP content under progressive water stress? *New Phytologist*, 162(3); 671–681.
- Boudsocq, M., and Laurière, C. 2005. Osmotic signaling in plants: multiple pathways mediated by emerging kinase families. *Plant Physiology*, 138(3); 1185–1194.
- Bowler, C., Montagu, M. V., and Inze, D. 1992. Superoxide Dismutase and Stress Tolerance. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 43(1); 83–116.
- Breyne, P., and Zabeau, M. 2001. Genome-wide expression analysis of plant cell cycle modulated genes. *Current Opinion in Plant Biology*, 4(2); 136–142.
- Breyne, P., Dreesen, R., Cannoot, B., Rombaut, D., Vandepoele, K., Rombauts, S., Vanderhaeghen, R., Inzé, D., and Zabeau, M. 2003. Quantitative cDNA-AFLP analysis for genome-wide expression studies. *Molecular Genetics and Genomics*, 269(2); 173–179.
- Brugmans, B., Fernandez del Carmen, A., Bachem, C. W. B., van Os, H., van Eck, H. J., and Visser, R. G. F. 2002. A novel method for the construction of genome wide transcriptome maps. *The Plant Journal*, 31(2); 211–222.
- Çelik, H., Y. S. Ağaoğlu, Y. Fidan, B. Marasalı and G. Söylemezoğlu, 1998. Genel Bağcılık. Sunfidan A.Ş. Mesleki Kitaplar Serisi 1, Ankara, 253 s.
- Chandra Babu, R., Zhang, J., Blum, A., David Ho, T.H., Wu, R., and Nguyen, H.T. 2004. HVA1, a LEA gene from barley confers dehydration tolerance in transgenic rice (*Oryza sativa* L.) via cell membrane protection. *Plant Science*, 166(4); 855–862.
- Chapman, K. D. 1998. Phospholipase activity during plant growth and development and in response to environmental stress. *Trends in Plant Science*, 3(11); 419–426.

- Chattopadhyay, M. K., Tiwari, B. S., Chattopadhyay, G., Bose, A., Sengupta, D. N., and Ghosh, B. 2002. Protective role of exogenous polyamines on salinity-stressed rice (*Oryza sativa*) plants. *Physiologia Plantarum*, 116(2); 192–199.
- Chen, T. H. H., and Murata, N. 2002. Enhancement of tolerance of abiotic stress by metabolic engineering of betaines and other compatible solutes. *Current opinion in plant biology*, 5(3); 250–257.
- Chen, Z., Cuin, T. A., Zhou, M., Twomey, A., Naidu, B. P., and Shabala, S. 2007. Compatible solute accumulation and stress-mitigating effects in barley genotypes contrasting in their salt tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 58(15-16).
- Chen, L., Song, Y., Li, S., Zhang, L., Zou, C., and Yu, D. 2012. The role of WRKY transcription factors in plant abiotic stresses. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1819(2);120–128.
- Cheng, N.H., Pittman, J. K., Zhu, J.K., and Hirschi, K. D. 2004. The protein kinase SOS2 activates the Arabidopsis H(+)/Ca(2+) antiporter CAX1 to integrate calcium transport and salt tolerance. *The Journal of Biological Chemistry*, 279(4); 2922–2926.
- Chinnusamy, V., and Zhu, J.K. 2004. Plant salt tolerance. In: H. Hirt and K. Shinozaki (Ed), *Plant Responses to Abiotic Stress, Topics in Current Genetics*, ss 241–270. Springer Berlin / Heidelberg.
- Choi, H., Hong, J., Ha, J., Kang, J., and Kim, S. Y. 2000. ABFs, a family of ABA-responsive element binding factors. *The Journal of Biological Chemistry*, 275(3); 1723–1730.
- Cohen, P. 1989. The structure and regulation of protein phosphatases. *Annual Review of Biochemistry*, 58; 453–508.
- Cramer, G. R., Läuchli, A., and Epstein, E. 1986. Effects of NaCl and CaCl<sub>2</sub> on Ion Activities in Complex Nutrient Solutions and Root Growth of Cotton 1. *Plant Physiology*, 81(3); 792–797.
- Cramer, G., Ergül, A., Grimplet, J., Tillett, R., Tattersall, E., Bohlman, M., Vincent, D., Sonderegger, J., Evans, J., Osborne, C., Quilici, D., Schlauch, K.A., Schooley D.A., and Cushman J. C. 2007. Water and salinity stress in grapevines: early and late changes in transcript and metabolite profiles. *Functional and Integrative Genomics*, 7(2); 111–134.
- Cushman, J. C., and Bohnert, H. J. 2000. Genomic approaches to plant stress tolerance. *Current Opinion in Plant Biology*, 3(2); 117–124.
- da Silva, F. G., Iandolino, A., Al-Kayal, F., Bohlmann, M. C., Cushman, M. A., Lim, H., Ergul, A., Figueroa R., Kabuloglu E.K., Osborne C., Rowe J., Tattersall E., Leslie A., Xu J., Baek J., Cramer G.R., Cushman J.C., and Cook D.R. 2005.

- Characterizing the grape transcriptome. Analysis of expressed sequence tags from multiple *Vitis* species and development of a compendium of gene expression during berry development. *Plant Physiology*, 139(2); 574–597.
- Daldoul, S., Guillaumie, S., Reustle, G. M., Krczal, G., Ghorbel, A., Delrot, S., Mliki, A., and Hofer, M.U. 2010. Isolation and expression analysis of salt induced genes from contrasting grapevine (*Vitis vinifera* L.) cultivars. *Plant Science*, 179(5); 489–498.
- Daldoul, S., Hofer, M., and Mliki, A. 2012. Osmotic Stress Induces the Expression of VvMAP Kinase Gene in Grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Journal of Botany*, 2012; 1–4.
- Davies, C., and Robinson, S. P. 2000. Differential Screening Indicates a Dramatic Change in mRNA Profiles during Grape Berry Ripening. Cloning and Characterization of cDNAs Encoding Putative Cell Wall and Stress Response Proteins. *Plant Physiology*, 122(3); 803–812.
- Delauney, A. J., and Verma, D. P. S. 1993. Proline biosynthesis and osmoregulation in plants. *The Plant Journal*, 4(2); 215–223.
- Deluc, L. G., Grimplet, J., Wheatley, M. D., Tillett, R. L., Quilici, D. R., Osborne, C., Schooley, D. A., Cramer G.R., and Cushman J.C. 2007. Transcriptomic and metabolite analyses of Cabernet Sauvignon grape berry development. *BMC Genomics*, 8(1); 429.
- Deuschle, K., Funck, D., Forlani, G., Stransky, H., Biehl, A., Leister, D., van der Graaff, E., Kunze R., and Frommer W.B. 2004. The role of [ $\Delta$ ]1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase in proline degradation. *The Plant Cell*, 16(12); 3413–3425.
- Deyholos, M. K. 2010. Making the most of drought and salinity transcriptomics. *Plant, Cell and Environment*, 33(4); 648–654.
- Downton, W. 1977. Photosynthesis in Salt-Stressed Grapevines. *Functional Plant Biol.*, 4(2); 183–192.
- Esteban, Ma A., Villanueva, M. J., and Lissarrague, J. R. 1999. Effect of Irrigation on Changes in Berry Composition of Tempranillo During Maturation. Sugars, Organic Acids, and Mineral Elements. *American Journal of Enology and Viticulture*, 50(4); 418–434.
- Esteban, María A, Villanueva, M. J., and Lissarrague, J. R. 2001. Effect of irrigation on changes in the anthocyanin composition of the skin of cv Tempranillo (*Vitis vinifera* L) grape berries during ripening. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 81(4); 409–420.

- Eswaran, N., Parameswaran, S., Sathram, B., Anantharaman, B., G, R. K. K., and Tangirala, S. J. 2010. Yeast functional screen to identify genetic determinants capable of conferring abiotic stress tolerance in *Jatropha curcas*. *BMC Biotechnology*, 10(1); 23.
- Ewing, R. M., Kahla, A. B., Poirot, O., Lopez, F., Audic, S., and Claverie, J.-M. 1999. Large-Scale Statistical Analyses of Rice ESTs Reveal Correlated Patterns of Gene Expression. *Genome Research*, 9(10); 950–959.
- Finkelstein, R. R., Gampala, S. S. L., and Rock, C. D. 2002. Abscisic acid signaling in seeds and seedlings. *The Plant Cell*, 14; 15–45.
- Fisher, D. B., and Cash-Clark, C. E. 2000. Gradients in water potential and turgor pressure along the translocation pathway during grain filling in normally watered and water-stressed wheat plants. *Plant Physiology*, 123(1); 139–148.
- Flexas, J., Baron, M., Bota, J., Ducruet, J.-M., Galle, A., Galmes, J., Jimenez, M., ou A., Ribas-Carbo´ M., Sajnani C., Toma`s M., and Medrano H. 2009. Photosynthesis limitations during water stress acclimation and recovery in the drought-adapted *Vitis* hybrid Richter-110 (*V. berlandierixV. rupestris*). *Journal of Experimental Botany*, 60(8); 2361–2377.
- Flowers, T., and Yeo, A. 1995. Breeding for Salinity Resistance in Crop Plants: Where Next? *Functional Plant Biolog.*, 22(6); 875–884.
- Fougère, F., Le Rudulier, D., and Streeter, J. G. 1991. Effects of Salt Stress on Amino Acid, Organic Acid, and Carbohydrate Composition of Roots, Bacteroids, and Cytosol of Alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Plant physiology*, 96(4); 1228–1236.
- Frank, W., Munnik, T., Kerkmann, K., Salamini, F., and Bartels, D. 2000. Water deficit triggers phospholipase D activity in the resurrection plant *Craterostigma plantagineum*. *The Plant Cell*, 12(1); 111–124.
- Fujii, H., Chinnusamy, V., Rodrigues, A., Rubio, S., Antoni, R., Park, S.-Y., Cutler, S. R., Sheen J., Rodriguez P.L., and Zhu J.K. 2009. In vitro reconstitution of an abscisic acid signalling pathway. *Nature*, 462(7273); 660–664.
- Galet, P. 1979. A practical ampelography. <http://www.cabdirect.org/>
- Galmés, J., Pou, A., Alsina, M. M., Tomàs, M., Medrano, H., and Flexas, J. 2007. Aquaporin expression in response to different water stress intensities and recovery in Richter-110 (*Vitis* sp.): relationship with ecophysiological status. *Planta*, 226(3); 671–681.
- Garg, A. K., Kim, J.-K., Owens, T. G., Ranwala, A. P., Choi, Y. D., Kochian, L. V., and Wu, R. J. 2002. Trehalose accumulation in rice plants confers high tolerance levels to different abiotic stresses. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(25); 15898–15903.

- German, J. B., and Walzem, R. L. 2000. The Health Benefits of Wine. *Annual Review of Nutrition*, 20(1); 561–593.
- Gibbings, J. G., Cook, B. P., Dufault, M. R., Madden, S. L., Khuri, S., Turnbull, C. J., and Dunwell, J. M. 2003. Global transcript analysis of rice leaf and seed using SAGE technology. *Plant Biotechnology Journal*, 1(4); 271–285.
- Gilmour, S. J., Sebolt, A. M., Salazar, M. P., Everard, J. D., and Thomashow, M. F. 2000. Overexpression of the Arabidopsis CBF3 Transcriptional Activator Mimics Multiple Biochemical Changes Associated with Cold Acclimation. *Plant Physiology*, 124(4); 1854–1865.
- Girona, J., Mata, M., del Campo, J., Arbonés, A., Bartra, E., and Marsal, J. 2006. The use of midday leaf water potential for scheduling deficit irrigation in vineyards. *Irrigation Science*, 24(2); 115–127.
- Golldack, D., Lüking, I., and Yang, O. 2011. Plant tolerance to drought and salinity: stress regulating transcription factors and their functional significance in the cellular transcriptional network. *Plant Cell Reports*, 30(8); 1383–1391.
- Gómez-del-Campo, M., Ruiz, C., and Lissarrague, J. R. 2002. Effect of Water Stress on Leaf Area Development, Photosynthesis, and Productivity in Chardonnay and Airén Grapevines. *American Journal of Enology and Viticulture*, 53(2); 138–143.
- Grimes, D. W., and Williams. 1990. Irrigation effects on plant water relations and productivity of Thompson seedless grapevines. *Crop Science*, 30(2); 255–260.
- Grimplet, J., Wheatley, M. D., Jouira, H. B., Deluc, L. G., Cramer, G. R., and Cushman, J. C. 2009. Proteomic and selected metabolite analysis of grape berry tissues under well-watered and water-deficit stress conditions. *Proteomics*, 9(9); 2503–2528.
- Groppa, M. D., and Benavides, M. P. 2008. Polyamines and abiotic stress: recent advances. *Amino acids*, 34(1); 35–45.
- Gu, R., Fonseca, S., Puskás, L. G., Hackler, L., Jr, Zvara, A., Dudits, D., and Pais, M. S. 2004. Transcript identification and profiling during salt stress and recovery of *Populus euphratica*. *Tree Physiology*, 24(3); 265–276.
- Gustin, M. C., Albertyn, J., Alexander, M., and Davenport, K. 1998. MAP Kinase Pathways in the Yeast *Saccharomyces cerevisiae*. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 62(4); 1264–1300.
- Halfter, U., Ishitani, M., and Zhu, J.-K. 2000. The Arabidopsis SOS2 protein kinase physically interacts with and is activated by the calcium-binding protein SOS3. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(7); 3735–3740.

- Hardie, W. J., and Considine, J. A. 1976. Response of Grapes to Water-Deficit Stress in Particular Stages of Development. *American Journal of Enology and Viticulture*, 27(2); 55–61.
- Hawker, J. S., and Walker, R. R. 1978. The effect of sodium chloride on the growth and fruiting of Cabernet Sauvignon vines. *American Journal of Enology and Viticulture*, 29(3); 172–176.
- Hoekstra, F. A., Golovina, E. A., and Buitink, J. 2001. Mechanisms of plant desiccation tolerance. *Trends in Plant Science*, 6(9); 431–438.
- Hoth, S., Morgante, M., Sanchez, J.-P., Hanafey, M. K., Tingey, S. V., and Chua, N.-H. 2002. Genome-wide gene expression profiling in *Arabidopsis thaliana* reveals new targets of abscisic acid and largely impaired gene regulation in the *abi1-1* mutant. *Journal of Cell Science*, 115(24); 4891–4900.
- Howell, G.S. 1987. *Vitis* Rootstocks. In: Rom, R. C., Carlson, R.F. (Eds.), *Rootstocks for Fruit Crops*, A Wiley PInterSciece Publication, John Wiley and Sons, NewYork, Inc, p 451–472.
- Hsu, S. Y., Hsu, Y. T., and Kao, C. H. 2003. The Effect of Polyethylene Glycol on Proline Accumulation in Rice Leaves. *Biologia Plantarum*, 46(1); 73–78.
- Iacono, F., Buccella, A., and Peterlunger, E. 1998. Water stress and rootstock influence on leaf gas exchange of grafted and ungrafted grapevines. *Scientia Horticulturae*, 75(1–2); 27–39.
- Ingram, J., and Bartels, D. 1996. The Molecular Basis of Dehydration Tolerance in Plants. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 47; 377–403.
- Iuchi, S., Kobayashi, M., Taji, T., Naramoto, M., Seki, M., Kato, T., Tabata, S., ve diğ erleri. 2001. Regulation of drought tolerance by gene manipulation of 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, a key enzyme in abscisic acid biosynthesis in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 27(4); 325–333.
- Irizarry, R.A., Hobbs, B., Collin, F., Beazer-Barclay, Y.D., Antonellis, K.J., Scherf, U. and Speed, T.P. 2003. Exploration, normalization, and summaries of high density oligonucleotide array probe level data. *Biostatistics*, 4(2); 249-264.
- Kan, Z., Rouchka, E. C., Gish, W. R., and States, D. J. 2001. Gene Structure Prediction and Alternative Splicing Analysis Using Genomically Aligned ESTs. *Genome Research*, 11(5); 889–900.
- Kang, J., Hwang, J.-U., Lee, M., Kim, Y.-Y., Assmann, S. M., Martinoia, E., and Lee, Y. 2010. PDR-type ABC transporter mediates cellular uptake of the phytohormone abscisic acid. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(5); 2355–2360.

- Kempa, S., Rozhon, W., Šamaj, J., Erban, A., Baluška, F., Becker, T., Haselmayer, J., Schleiff, E., Kopka, J., Hirt, H., and Jonak, C. 2007. A plastid-localized glycogen synthase kinase 3 modulates stress tolerance and carbohydrate metabolism. *The Plant Journal*, 49(6); 1076–1090.
- Kennedy, J. A., Matthews, M. A., and Waterhouse, A. L. 2000. Changes in grape seed polyphenols during fruit ripening. *Phytochemistry*, 55(1); 77–85.
- Kim, C. Y., Liu, Y., Thorne, E. T., Yang, H., Fukushige, H., Gassmann, W., Hildebrand, D., ve diğeri. 2003. Activation of a stress-responsive mitogen-activated protein kinase cascade induces the biosynthesis of ethylene in plants. *The Plant Cell*, 15(11); 2707–2718.
- Kishor, P., Hong, Z., Miao, G. H., Hu, C., and Verma, D. 1995. Overexpression of [delta]-Pyrroline-5-Carboxylate Synthetase Increases Proline Production and Confers Osmotolerance in Transgenic Plants. *Plant Physiology*, 108(4); 1387–1394.
- Kiyosue, T., Yoshiba, Y., Yamaguchi-Shinozaki, K., and Shinozaki, K. 1996. A nuclear gene encoding mitochondrial proline dehydrogenase, an enzyme involved in proline metabolism, is upregulated by proline but downregulated by dehydration in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 8(8); 1323–1335.
- Kliewer, W. M., and Nassar, A. R. 1966. Changes in Concentration of Organic Acids, Sugars, and Amino Acids in Grape Leaves. *American Journal of Enology and Viticulture*, 17(1); 48–57.
- Knight, H., Trewavas, A. J., and Knight, M. R. 1997. Calcium signalling in *Arabidopsis thaliana* responding to drought and salinity. *The Plant Journal*, 12(5); 1067–1078.
- Knight, H., and Knight, M. R. 2001. Abiotic stress signalling pathways: specificity and cross-talk. *Trends in plant science*, 6(6); 262–267.
- Kotuby-Amacher, J., Koenig, R., and Kitchen, B. 1997. Salinity and plant tolerance. Utah State University. United States.
- Kreps, J. A., Wu, Y., Chang, H.-S., Zhu, T., Wang, X., and Harper, J. F. 2002. Transcriptome changes for *Arabidopsis* in response to salt, osmotic, and cold stress. *Plant Physiology*, 130(4); 2129–2141.
- Kumar, A., Taylor, M., Altabella, T., and Tiburcio, A. F. 1997. Recent advances in polyamine research. *Trends in Plant Science*, 2(4); 124–130.
- Kurata, N., Umehara, Y., Tanoue, H., and Sasaki, T. 1997. Physical mapping of the rice genome with YAC clones. *Plant Molecular Biology*, 35(1-2); 101–113.



- Kuromori, T., Miyaji, T., Yabuuchi, H., Shimizu, H., Sugimoto, E., Kamiya, A., Moriyama, Y., ve diğerleri. 2010. ABC transporter AtABCG25 is involved in abscisic acid transport and responses. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(5); 2361–2366.
- Kuznetsov, V. V., and Shevyakova, N. I. 2007. Polyamines and stress tolerance of plants. *Plant Stress*, 1(1); 50–71.
- Li, H.-L., Zhang, L.-B., Guo, D., Li, C.-Z., and Peng, S.-Q. 2012. Identification and expression profiles of the WRKY transcription factor family in *Ricinus communis*. *Gene*, 503(2); 248–253.
- Licausi, F., Giorgi, F. M., Zenoni, S., Osti, F., Pezzotti, M., and Perata, P. (2010). Genomic and transcriptomic analysis of the AP2/ERF superfamily in *Vitis vinifera*. *BMC Genomics*, 11; 719.
- Liu, Q., Kasuga, M., Sakuma, Y., Abe, H., Miura, S., Yamaguchi-Shinozaki, K., and Shinozaki, K. 1998. Two transcription factors, DREB1 and DREB2, with an EREBP/AP2 DNA binding domain separate two cellular signal transduction pathways in drought- and low-temperature-responsive gene expression, respectively, in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 10(8); 1391–1406.
- Liu, J., Ishitani, M., Halfter, U., Kim, C.-S., and Zhu, J.K. 2000. The *Arabidopsis thaliana* SOS2 gene encodes a protein kinase that is required for salt tolerance. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(7); 3730–3734.
- Ma, Y., Szostkiewicz, I., Korte, A., Moes, D., Yang, Y., Christmann, A., and Grill, E. 2009. Regulators of PP2C Phosphatase Activity Function as Abscisic Acid Sensors. *Science*, 324(5930); 1064–1068.
- Maggio, A., Bressan, R. A., Ruggiero, C., Xiong, L., and Grillo, S. 2003. Abiotic Stresses in Plants. (B. Pawlik-Skowrońska and L. S. D. Toppi, Ed). Springer.
- Mahajan, S., and Tuteja, N. 2005. Cold, salinity and drought stresses: an overview. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 444(2); 139–158.
- Mahajan, Shilpi, Pandey, G. K., and Tuteja, N. 2008. Calcium- and salt-stress signaling in plants: shedding light on SOS pathway. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 471(2); 146–158.
- Mansour, M. M. F. 1998. Protection of plasma membrane of onion epidermal cells by glycinebetaine and proline against NaCl stress. *Plant Physiology and Biochemistry*, 36(10); 767–772.
- Matsumura, Nirasawa, and Terauchi. 1999. Technical advance: transcript profiling in rice (*Oryza sativa* L.) seedlings using serial analysis of gene expression (SAGE). *The Plant Journal*, 20(6); 719–726.

- Matthews, Mark A., and Anderson, M. M. 1988. Fruit Ripening in *Vitis vinifera* L.: Responses to Seasonal Water Deficits. *American Journal of Enology and Viticulture*, 39(4); 313–320.
- Matthews, M A, Ishii, R., Anderson, M. M., and O’Mahony, M. 1990. Dependence of wine sensory attributes on vine water status. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 51(3); 321–335.
- Maurel, C. 1997. Aquaporins and Water Permeability of Plant Membranes. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 48; 399–429.
- Medrano, H., Escalona, J. M., Bota, J., Gulías, J., and Flexas, J. 2002. Regulation of Photosynthesis of C3 Plants in Response to Progressive Drought: Stomatal Conductance as a Reference Parameter. *Annals of Botany*, 89(7); 895–905.
- Mekhedov, S., Ilárduya, O. M. de, and Ohlrogge, J. 2000. Toward a Functional Catalog of the Plant Genome. A Survey of Genes for Lipid Biosynthesis. *Plant Physiology*, 122(2); 389–402.
- Middleton, E., Jr, Kandaswami, C., and Theoharides, T. C. 2000. The effects of plant flavonoids on mammalian cells: implications for inflammation, heart disease, and cancer. *Pharmacological Reviews*, 52(4); 673–751.
- Mikołajczyk, M., Awotunde, O. S., Muszyńska, G., Klessig, D. F., and Dobrowolska, G. 2000. Osmotic Stress Induces Rapid Activation of a Salicylic Acid-Induced Protein Kinase and a Homolog of Protein Kinase ASK1 in Tobacco Cells. *The Plant Cell*, 12(1); 165–178.
- Miller, G., Stein, H., Honig, A., Kapulnik, Y., and Zilberstein, A. 2005. Responsive modes of *Medicago sativa* proline dehydrogenase genes during salt stress and recovery dictate free proline accumulation. *Planta*, 222(1); 70–79.
- Molden, D. 2007. *Water for food, water for life: a comprehensive assessment of water management in agriculture*. 645p. Earthscan.
- Mott, K. A., and Woodrow, I. E. 2000. Modelling the role of Rubisco activase in limiting non-steady-state photosynthesis. *Journal of Experimental Botany*, 51; 399–406.
- Mullins M.G., Bouquet, A., and Williams, L.E. 1992. *Biology of the grapevine*. Cambridge University Press, Cambridge, England. p 239.
- Munnik, Ligterink, Meskiene, Calderini, Beyerly, Musgrave, and Hirt. 1999. Distinct osmo-sensing protein kinase pathways are involved in signalling moderate and severe hyper-osmotic stress. *The Plant Journal*, 20(4); 381–388.
- Munns, R. 2002. Comparative physiology of salt and water stress. *Plant, Cell and Environment*, 25(2); 239–250.

- Munns, R. 2005. Genes and salt tolerance: bringing them together. *New Phytologist*, 167(3); 645–663.
- Niu, X., Bressan, R. A., Hasegawa, P. M., and Pardo, J. M. 1995. Ion Homeostasis in NaCl Stress Environments. *Plant Physiology*, 109(3); 735–742.
- Olsen, A. N., Ernst, H. A., Leggio, L. L., and Skriver, K. 2005. NAC transcription factors: structurally distinct, functionally diverse. *Trends in Plant Science*, 10(2); 79–87.
- Ozturk, Z. N., Talamé, V., Deyholos, M., Michalowski, C. B., Galbraith, D. W., Gozukirmizi, N., Tuberosa, R., and Bohnert, H.J. 2002. Monitoring large-scale changes in transcript abundance in drought- and salt-stressed barley. *Plant Molecular Biology*, 48(5-6); 551–573.
- Padgett-Johnson, M., Williams, L. E., and Walker, M. A. 2000. The Influence of *Vitis riparia* Rootstock on Water Relations and Gas Exchange of *Vitis vinifera* cv. Carignane Scion Under Non-Irrigated Conditions. *American Journal of Enology and Viticulture*, 51(2); 137–143.
- Parent, B., Hachez, C., Redondo, E., Simonneau, T., Chaumont, F., and Tardieu, F. 2009. Drought and abscisic acid effects on aquaporin content translate into changes in hydraulic conductivity and leaf growth rate: a trans-scale approach. *Plant Physiology*, 149(4); 2000–2012.
- Park, S.-Y., Fung, P., Nishimura, N., Jensen, D. R., Fujii, H., Zhao, Y., Lumba, S., ve diğ erleri. 2009. Abscisic acid inhibits type 2C protein phosphatases via the PYR/PYL family of START proteins. *Science*, 324(5930); 1068–1071.
- Parry, M. a. J., Andralojc, P. J., Mitchell, R. a. C., Madgwick, P. J., and Keys, A. J. 2003. Manipulation of Rubisco: the amount, activity, function and regulation. *Journal of Experimental Botany*, 54(386); 1321–1333.
- Parry, Martin a. J., Andralojc, P. J., Khan, S., Lea, P. J., and Keys, A. J. 2002. Rubisco Activity: Effects of Drought Stress. *Annals of Botany*, 89(7); 833–839.
- Peng, Z., Lu, Q., and Verma, D. P. 1996. Reciprocal regulation of delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthetase and proline dehydrogenase genes controls proline levels during and after osmotic stress in plants. *Molecular and General Genetics*, 253(3); 334–341.
- Perrone, I., Pagliarani, C., Lovisolo, C., Chitarra, W., Roman, F., and Schubert, A. 2012. Recovery from water stress affects grape leaf petiole transcriptome. *Planta*. doi:10.1007/s00425-011-1581-y
- Petrusa, L. M., and Winicov, I. 1998. Proline status in salt-tolerant and salt-sensitive alfalfa cell lines and plants in response to NaCl. *Plant Physiology and Biochemistry*, 35(4); 303–310.

- Pezzuto, J. M. 2008. Grapes and human health: a perspective. *Journal of agricultural and food chemistry*, 56(16); 6777–6784.
- Pimentel, D., Houser, J., Preiss, E., White, O., Fang, H., Mesnick, L., Barsky, T., ve diğçerleri. 1997. Water resources: agriculture, the environment, and society. *BioScience*, 47(2); 97–106.
- Piqueras, A., Hernández, J. A., Olmos, E., Hellín, E., and Sevilla, F. 1996. Changes in antioxidant enzymes and organic solutes associated with adaptation of citrus cells to salt stress. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 45(1); 53–60.
- Pou, A., Flexas, J., Alsina, M. del M., Bota, J., Carambula, C., De Herralde, F., Galmés, J., Lovisoló, C., Jiménez, M., Ribas-Carbó, M., Rusjan, D., Secchi, F., Tomàs M., Zsófi, Z., and Medrano, H. 2008. Adjustments of water use efficiency by stomatal regulation during drought and recovery in the drought-adapted *Vitis* hybrid Richter-110 (*V. berlandieri* × *V. rupestris*). *Physiologia Plantarum*, 134(2); 313–323.
- Prior, L., Grieve, A., and Cullis, B. 1992. Sodium chloride and soil texture interactions in irrigated field grown sultana grapevines. II. Plant mineral content, growth and physiology. *Australian Journal of Agricultural Research*, 43(5); 1067–1083.
- Raghavendra, A. S., Gonugunta, V. K., Christmann, A., and Grill, E. 2010. ABA perception and signalling. *Trends in plant science*, 15(7); 395–401.
- Ramanjulu, S., and Bartels, D. 2002. Drought- and desiccation-induced modulation of gene expression in plants. *Plant, Cell and Environment*, 25(2); 141–151.
- Ramanjulu, S., Veeranjanyulu, K., and Sudhakar, C. 2002. Relative tolerance of certain mulberry (*Morus alba* L.) varieties to NaCl salinity. *Séricologia*, 34(4); 695–705.
- Ranik, M., Creux, N. M., and Myburg, A. A. 2006. Within-tree transcriptome profiling in wood-forming tissues of a fast-growing *Eucalyptus* tree. *Tree Physiology*, 26(3); 365–375.
- Reid, R. J., and Smith, F. A. 2000. The limits of sodium/calcium interactions in plant growth. *Functional Plant Biol.*, 27(7); 709–715.
- Rengasamy, P. 2006. World salinization with emphasis on Australia. *Journal of Experimental Botany*, 57(5); 1017–1023.
- Rensink, W. A., Iobst, S., Hart, A., Stegalkina, S., Liu, J., and Buell, C. R. 2005. Gene expression profiling of potato responses to cold, heat, and salt stress. *Functional and Integrative Genomics*, 5(4); 201–207.
- Rhodes, D., and Hanson, A. D. 1993. Quaternary Ammonium and Tertiary Sulfonium Compounds in Higher Plants. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 44(1); 357–384.

- Riechmann, J. L., Heard, J., Martin, G., Reuber, L., -Z, C., Jiang, Keddie, J., ve diğeri. 2000. Arabidopsis Transcription Factors: Genome-Wide Comparative Analysis Among Eukaryotes. *Science*, 290(5499); 2105–2110.
- Rogiers, S. Y., Holzappel, B. P., and Smith, J.P. 2011. Sugar accumulation in roots of two grape varieties with contrasting response to water stress. *Annals of Applied Biology*, 159(3); 399–413.
- Rontein, D., Basset, G., and Hanson, A. D. 2002. Metabolic Engineering of Osmoprotectant Accumulation in Plants. *Metabolic Engineering*, 4(1); 49–56.
- Rosegrant, M. W., Ringler, C., and Zhu, T. 2009. Water for Agriculture: Maintaining Food Security under Growing Scarcity. *Annual Review of Environment and Resources*, 34(1); 205–222.
- Roubelakis-Angelakis, K. A., and Zivanovitch, S. B. 1991. A New Culture Medium for in Vitro Rhizogenesis of Grapevine (*Vitis* spp.) Genotypes. *HortScience*, 26(12); 1551–1553.
- Rushton, P. J., Somssich, I. E., Ringler, P., and Shen, Q. J. 2010. WRKY transcription factors. *Trends in plant science*, 15(5); 247–258.
- Sahi, C., Singh, A., Blumwald, E., and Grover, A. 2006. Beyond osmolytes and transporters: novel plant salt-stress tolerance-related genes from transcriptional profiling data. *Physiologia Plantarum*, 127(1); 1–9.
- Seki, M., Narusaka, M., Ishida, J., Nanjo, T., Fujita, M., Oono, Y., Kamiya, A., ve diğeri. 2002. Monitoring the expression profiles of 7000 Arabidopsis genes under drought, cold and high-salinity stresses using a full-length cDNA microarray. *The Plant Journal: For Cell and Molecular Biology*, 31(3); 279–292.
- Seki, M., Kamei, A., Yamaguchi-Shinozaki, K., and Shinozaki, K. 2003. Molecular responses to drought, salinity and frost: common and different paths for plant protection. *Current Opinion in Biotechnology*, 14(2); 194–199.
- Serrano, R., Mulet, J. M., Rios, G., Marquez, J. A., Larrinoa, I. i. F. d., Leube, M. P., Mendizabal, I., ve diğeri. 1999. A glimpse of the mechanisms of ion homeostasis during salt stress. *Journal of Experimental Botany*, 50(Special); 1023–1036.
- Shani, U., and Ben-Gal, A. 2005. Long-term Response of Grapevines to Salinity: Osmotic Effects and Ion Toxicity. *American Journal of Enology and Viticulture*, 56(2); 148–154.
- Shannon, W., Culverhouse, R., and Duncan, J. 2003. Analyzing microarray data using cluster analysis. *Pharmacogenomics*, 4(1); 41–52.

- Shaw, B., Thomas, T. H., and Cooke, D. T. 2002. Responses of sugar beet (*Beta vulgaris*; L.) to drought and nutrient deficiency stress. *Plant Growth Regulation*, 37(1); 77–83.
- Shen, B., Jensen, R. G., and Bohnert, H. J. 1997. Increased resistance to oxidative stress in transgenic plants by targeting mannitol biosynthesis to chloroplasts. *Plant Physiology*, 113(4); 1177–1183.
- Shen, Q., Chen, C.-N., Brands, A., Pan, S.-M., and Tuan-Hua, D. H. 2001. The stress- and abscisic acid-induced barley gene HVA22: developmental regulation and homologues in diverse organisms. *Plant Molecular Biology*, 45(3); 327–340.
- Shi, H., Quintero, F. J., Pardo, J. M., and Zhu, J.K. 2002. The Putative Plasma Membrane Na<sup>+</sup>/H<sup>+</sup> Antiporter SOS1 Controls Long-Distance Na<sup>+</sup> Transport in Plants. *The Plant Cell*, 14(2); 465–477.
- Shinozaki, K., and Yamaguchi-Shinozaki, K. 1997. Gene expression and signal transduction in water-stress response. *Plant Physiology*, 115(2); 327.
- Shinozaki, K., and Yamaguchi-Shinozaki, K. 2000. Molecular responses to dehydration and low temperature: differences and cross-talk between two stress signaling pathways. *Current Opinion in Plant Biology*, 3(3); 217–223.
- Shiozaki, K., and Russell, P. 1995. Cell-cycle control linked to extracellular environment by MAP kinase pathway in fission yeast. *Nature*, 378(6558); 739–743.
- Sipiora, M. J., and Granda, M.-J. G. 1998. Effects of Pre-Veraison Irrigation Cutoff and Skin Contact Time on the Composition, Color, and Phenolic Content of Young Cabernet Sauvignon Wines in Spain. *American Journal of Enology and Viticulture*, 49(2); 152–162.
- Sivritepe N., 1995. Asmalarda tuza dayanıklılık testleri ve tuza dayanımda etkili bazı faktörler üzerinde araştırmalar. Doktora Tezi. Uludağ Üniversitesi. FenBilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı.
- Smirnoff, N., and Cumbes, Q. J. 1989. Hydroxyl radical scavenging activity of compatible solutes. *Phytochemistry*, 28(4); 1057–1060.
- Soylemezoglu, G., Demir, K., Inal, A., and Gunes, A. 2009. Effect of silicon on antioxidant and stomatal response of two grapevine (*Vitis vinifera* L.) rootstocks grown in boron toxic, saline and boron toxic-saline soil. *Scientia Horticulturae*, 123(2); 240–246.
- Stevens, R.M., Harvey, G., Partington, D.L. and Coombe, B.G. 1999. Irrigation of grapevines with saline water at different growth stages. I. Effects on soil salinity and sodicity, vegetative growth and yield. *Australian Journal of Agricultural Research* 50; 343–355.

- Stockinger, E. J., Gilmour, S. J., and Thomashow, M. F. 1997. *Arabidopsis thaliana* CBF1 encodes an AP2 domain-containing transcriptional activator that binds to the C-repeat/DRE, a cis-acting DNA regulatory element that stimulates transcription in response to low temperature and water deficit. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 94(3); 1035–1040.
- Stoop, J. M. H., Williamson, J. D., and Mason Pharr, D. 1996. Mannitol metabolism in plants: a method for coping with stress. *Trends in Plant Science*, 1(5); 139–144.
- Storey, R., Schachtman, D. P., and Thomas, M. R. 2003. Root structure and cellular chloride, sodium and potassium distribution in salinized grapevines. *Plant, Cell and Environment*, 26(6); 789–800.
- Streeter, J. G., Lohnes, D. G., and Fioritto, R. J. 2001. Patterns of pinitol accumulation in soybean plants and relationships to drought tolerance. *Plant, Cell and Environment*, 24(4); 429–438.
- Sun, W., Bernard, C., van de Cotte, B., Van Montagu, M., and Verbruggen, N. 2001. At-HSP17.6A, encoding a small heat-shock protein in *Arabidopsis*, can enhance osmotolerance upon overexpression. *The Plant Journal*, 27(5); 407–415.
- Taiz, L., and Zeiger, E. 2002. *Plant Physiology*. Sunderland, MA, Sinauer Associates, Inc.
- Taji, T., Ohsumi, C., Iuchi, S., Seki, M., Kasuga, M., Kobayashi, M., Yamaguchi-Shinozaki, K., ve diğerleri. 2002. Important roles of drought- and cold-inducible genes for galactinol synthase in stress tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*, 29(4); 417–426.
- Takahashi, S., Seki, M., Ishida, J., Satou, M., Sakurai, T., Narusaka, M., Kamiya, A., ve diğerleri. 2004. Monitoring the expression profiles of genes induced by hyperosmotic, high salinity, and oxidative stress and abscisic acid treatment in *Arabidopsis* cell culture using a full-length cDNA microarray. *Plant Molecular Biology*, 56(1); 29–55.
- Tarczynski, M. C., Jensen, R. G., and Bohnert, H. J. 1993. Stress protection of transgenic tobacco by production of the osmolyte mannitol. *Science*, 259(5094); 508–510.
- Tattersall, E. A. R., Ergul, A., AlKayal, F., DeLuc, L., Cushman, J. C., and Cramer, G. R. 2005. Comparison of Methods for Isolating High-Quality RNA from Leaves of Grapevine. *American Journal of Enology and Viticulture*, 56(4); 400–406.
- Tattersall, E. A. R., Grimplet, J., DeLuc, L., Wheatley, M. D., Vincent, D., Osborne, C., Ergül, A., ve diğerleri. 2007. Transcript abundance profiles reveal larger and more complex responses of grapevine to chilling compared to osmotic and salinity stress. *Functional and Integrative Genomics*, 7(4); 317–333.

- Tezara, W., Mitchell, V. J., Driscoll, S. D., and Lawlor, D. W. 1999. Water stress inhibits plant photosynthesis by decreasing coupling factor and ATP. *Nature*, 401(6756); 914–917.
- Thomashow, M. F. 1998. Role of Cold-Responsive Genes in Plant Freezing Tolerance. *Plant Physiology*, 118(1); 1–8.
- Thomashow, M. F. 1999. Plant Cold Acclimation: Freezing Tolerance Genes and Regulatory Mechanisms. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 50; 571–599.
- Tillett, R. L., Ergül, A., Albion, R. L., Schlauch, K. A., Cramer, G. R., and Cushman, J. C. 2011. Identification of tissue-specific, abiotic stress-responsive gene expression patterns in wine grape (*Vitis vinifera* L.) based on curation and mining of large-scale EST data sets. *BMC Plant Biology*, 11(1); 86.
- Tran, L.S. P., Nakashima, K., Sakuma, Y., Simpson, S. D., Fujita, Y., Maruyama, K., Fujita, M., ve diğerleri. 2004. Isolation and functional analysis of Arabidopsis stress-inducible NAC transcription factors that bind to a drought-responsive cis-element in the early responsive to dehydration stress 1 promoter. *The Plant Cell*, 16(9); 2481–2498.
- Tyerman, S. D., Bohnert, H. J., Maurel, C., Steudle, E., and Smith, J. A. C. 1999. Plant aquaporins: their molecular biology, biophysics and significance for plant water relations. *Journal of Experimental Botany*, 50(Special); 1055–1071.
- Uno, Y., Furihata, T., Abe, H., Yoshida, R., Shinozaki, K., and Yamaguchi-Shinozaki, K. 2000. Arabidopsis basic leucine zipper transcription factors involved in an abscisic acid-dependent signal transduction pathway under drought and high-salinity conditions. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(21); 11632–11637.
- Urano, K., Maruyama, K., Ogata, Y., Morishita, Y., Takeda, M., Sakurai, N., Suzuki, H., Saito K., Shibata D., Kobayashi M., Yamaguchi-Shinozaki K., and Shinozaki K. 2009. Characterization of the ABA-regulated global responses to dehydration in Arabidopsis by metabolomics. *The Plant Journal*, 57(6); 1065–1078.
- Varshney, K.A., Gangwar, L.P., and Goel, N. 1988. Choline and betaine accumulation in *Trifolium alexandrinum* L. during salt stress. *Egyptian Journal of Botany*, 31; 81–86.
- Velculescu, V. E., Zhang, L., Vogelstein, B., and Kinzler, K. W. 1995. Serial analysis of gene expression. *Science*, 270(5235); 484–487.
- Vierling, E. 1991. The Roles of Heat Shock Proteins in Plants. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 42(1); 579–620.

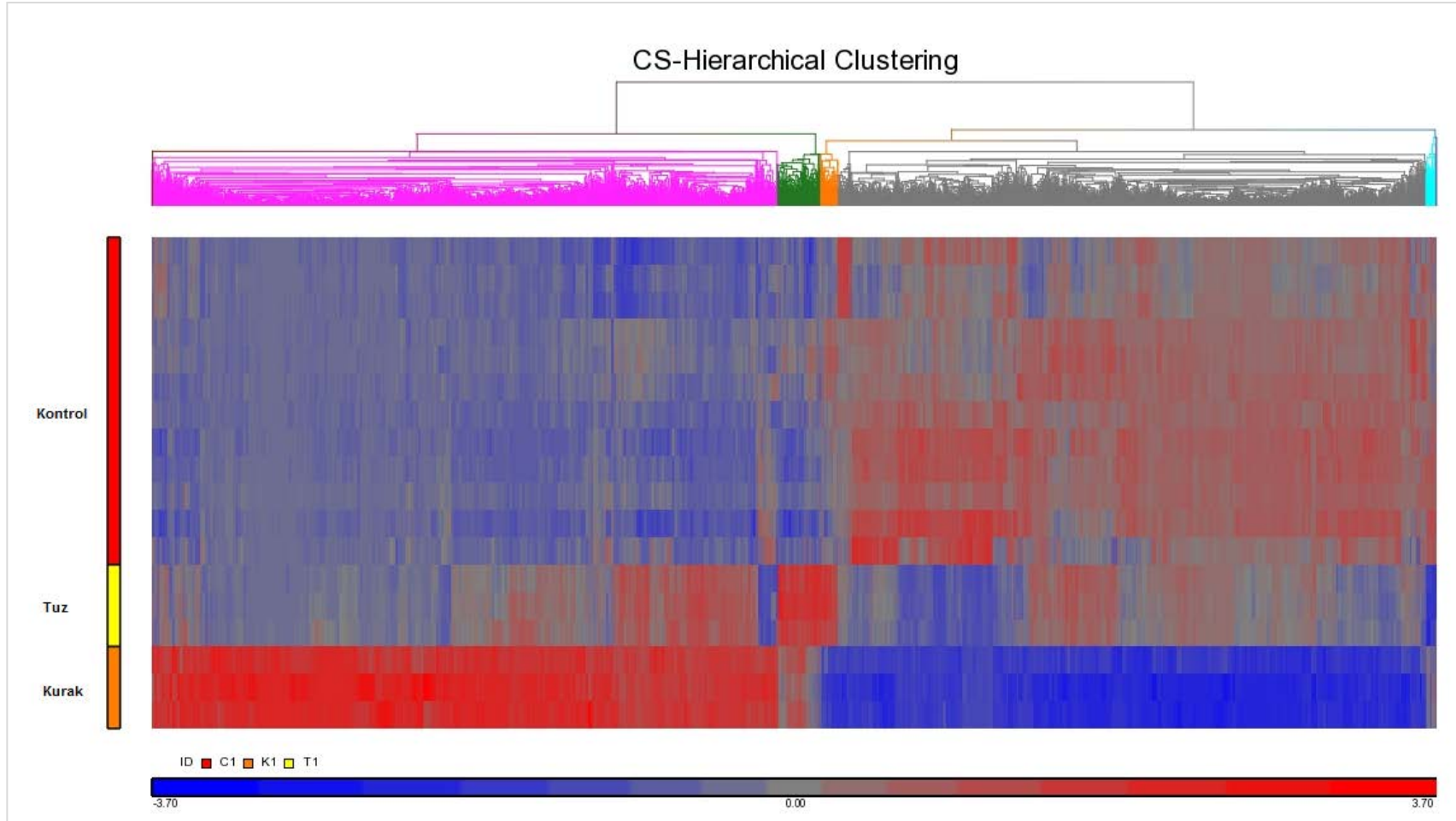


- Vierling, E., and Kimpel, J. A. 1992. Plant responses to environmental stress. *Current Opinion in Biotechnology*, 3(2); 164–170.
- Vincent, D., Ergül, A., Bohlman, M. C., Tattersall, E. A. R., Tillett, R. L., Wheatley, M. D., Woolsey, R., Quilici D.R., Joets J., Schlauch, K., Schooley D.A., Cushman J.C. and Cramer, G.R. 2007. Proteomic analysis reveals differences between *Vitis vinifera* L. cv. Chardonnay and cv. Cabernet Sauvignon and their responses to water deficit and salinity. *Journal of Experimental Botany*, 58(7); 1873–1892.
- Vinocur, B., and Altman, A. 2005. Recent advances in engineering plant tolerance to abiotic stress: achievements and limitations. *Current Opinion in Biotechnology*, 16(2); 123–132.
- Walker, R., Torokfalvy, E., Scott, N., and Kriedemann, P. 1981. An Analysis of Photosynthetic Response to Salt Treatment in *Vitis vinifera*. *Functional Plant Biology*, 8(3); 359–374.
- Wang, W., Vinocur, B., and Altman, A. 2003. Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta*, 218(1); 1–14.
- Wang, W., Vinocur, B., Shoseyov, O., and Altman, A. 2004. Role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in the abiotic stress response. *Trends in Plant Science*, 9(5); 244–252.
- Watson, J.W. 2005. Drought advisory: Grapes, Washington State University Extension: Battany M (2004) Grape notes: salinity management for drought years, University of California Cooperative Extension. 2006.
- Weiler, J., Gausepohl, H., Hauser, N., Jensen, O.N., and Hoheisel, J.D. 1997. Hybridisation based DNA screening on peptide nucleic acid (PNA) oligomer arrays. *Nucleic Acids Resources*, 25(14); 2792–2799.
- Wilkinson, S., and Davies, W. J. 2002. ABA-based chemical signalling: the co-ordination of responses to stress in plants. *Plant, Cell and Environment*, 25(2); 195–210.
- Wilkinson, Sally, Clephan, A. L., and Davies, W. J. 2001. Rapid Low Temperature-Induced Stomatal Closure Occurs in Cold-Tolerant *Commelina communis* Leaves But Not in Cold-Sensitive Tobacco Leaves, via a Mechanism That Involves Apoplastic Calcium But Not Abscisic Acid. *Plant Physiology*, 126(4); 1566–1578.
- Winkel, T., and Rambal, S. 1993. Influence of Water Stress on Grapevines Growing in the Field: From Leaf to Whole-Plant Response. *Functional Plant Biology*, 20(2); 143–157.
- Xiao, H., and Nassuth, A. 2006. Stress- and development-induced expression of spliced and unspliced transcripts from two highly similar dehydrin 1 genes in *V. riparia* and *V. vinifera*. *Plant Cell Reports*, 25(9); 968–977.

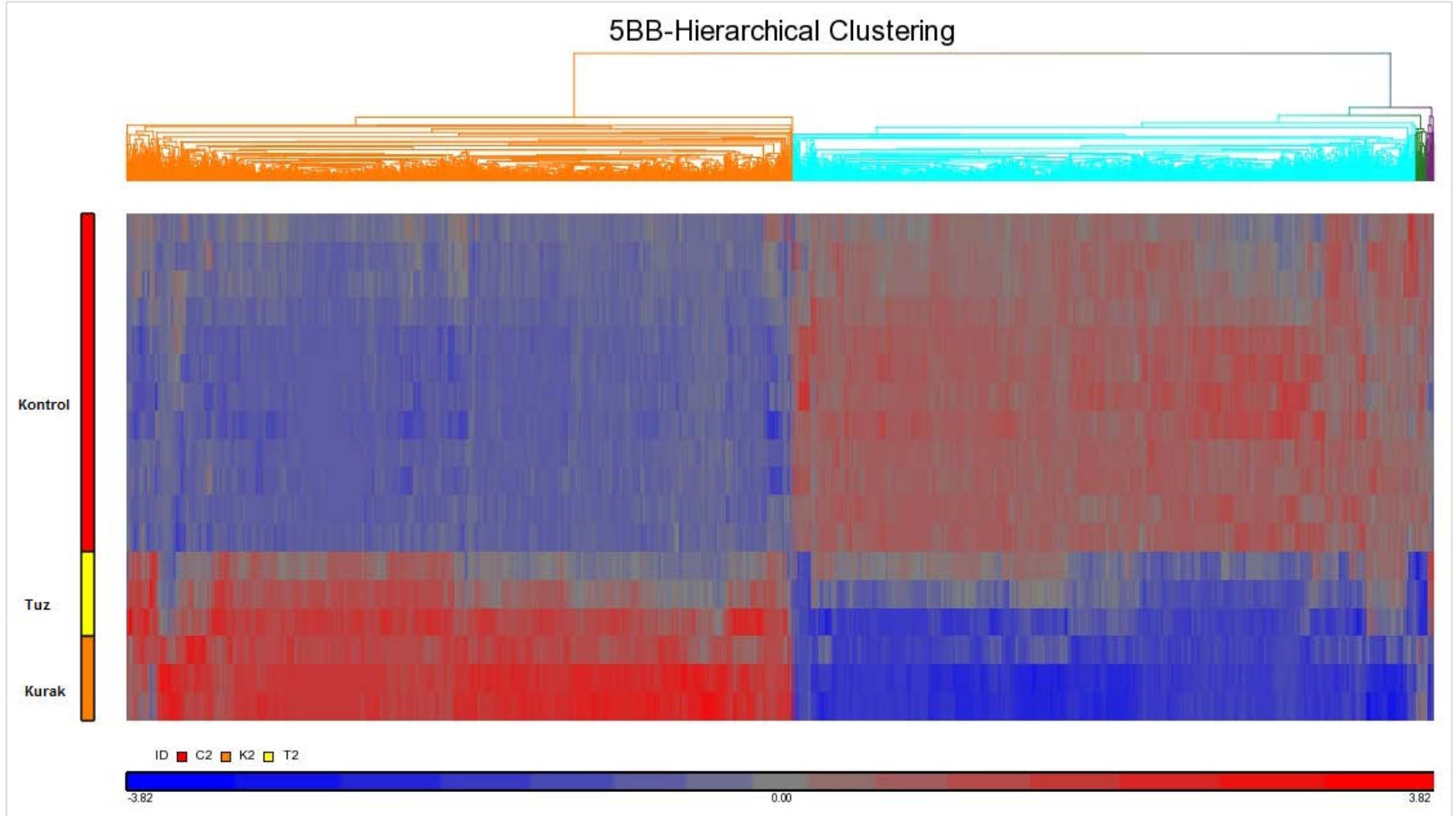
- Xiong, Liming, and Zhu, J.-K. 2001. Abiotic stress signal transduction in plants: Molecular and genetic perspectives. *Physiologia Plantarum*, 112(2); 152–166.
- Xiong, L., Schumaker, K. S., and Zhu, J. K. 2002. Cell signaling during cold, drought, and salt stress. *The Plant Cell*, 14; 165–183.
- Yamamoto, K., and Sasaki, T. 1997. Large-scale EST sequencing in rice. *Plant Molecular Biology*, 35(1-2); 135–144.
- Yancey, P. H., Clark, M. E., Hand, S. C., Bowlus, R. D., and Somero, G. N. 1982. Living with water stress: evolution of osmolyte systems. *Science*, 217(4566); 1214–1222.
- Yanhui, C., Xiaoyuan, Y., Kun, H., Meihua, L., Jigang, L., Zhaofeng, G., Zhiqiang, L., Yunfei Z., Xiaoxiao W., Xiaoming Q., Yunping, S., Zhang, L., Xiaohui, D., Jingchu, L., Xing-Wang, D., Zhangliang, C., Hongya, G., and Li-Jia, Q. 2006. The MYB transcription factor superfamily of Arabidopsis: expression analysis and phylogenetic comparison with the rice MYB family. *Plant Molecular Biology*, 60(1); 107–124.
- Zhao, X.-C., and Schaller, G. E. 2004. Effect of salt and osmotic stress upon expression of the ethylene receptor ETR1 in *Arabidopsis thaliana*. *FEBS Letters*, 562(1-3); 189–192.
- Zhu, J.K., Hasegawa, P. M., Bressan, R. A., and Bohnert, H. J. 1997. Molecular Aspects of Osmotic Stress in Plants. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 16(3); 253–277.
- Zhu, J. K., Liu, J., and Xiong, L. 1998. Genetic analysis of salt tolerance in *Arabidopsis*: evidence for a critical role of potassium nutrition. *The Plant Cell Online*, 10(7); 1181–1192.
- Zhu, J. K. 2001a. Plant salt tolerance. *Trends in Plant Science*, 6(2); 66–71.
- Zhu, J. K. 2001b. Cell signaling under salt, water and cold stresses. *Current Opinion in Plant Biology*, 4(5); 401–406.
- Zhu, J. K. 2002. Salt and drought stress signal transduction in plants. *Annual Review of Plant Biology*, 53; 247-273.
- Zhu, T. 2003. Global analysis of gene expression using GeneChip microarrays. *Current Opinion in Plant Biology*, 6(5); 418–425.
- Zimmermann, S., and Sentenac, H. 1999. Plant ion channels: from molecular structures to physiological functions. *Current Opinion in Plant Biology*, 2(6); 477–482.

## EKLER

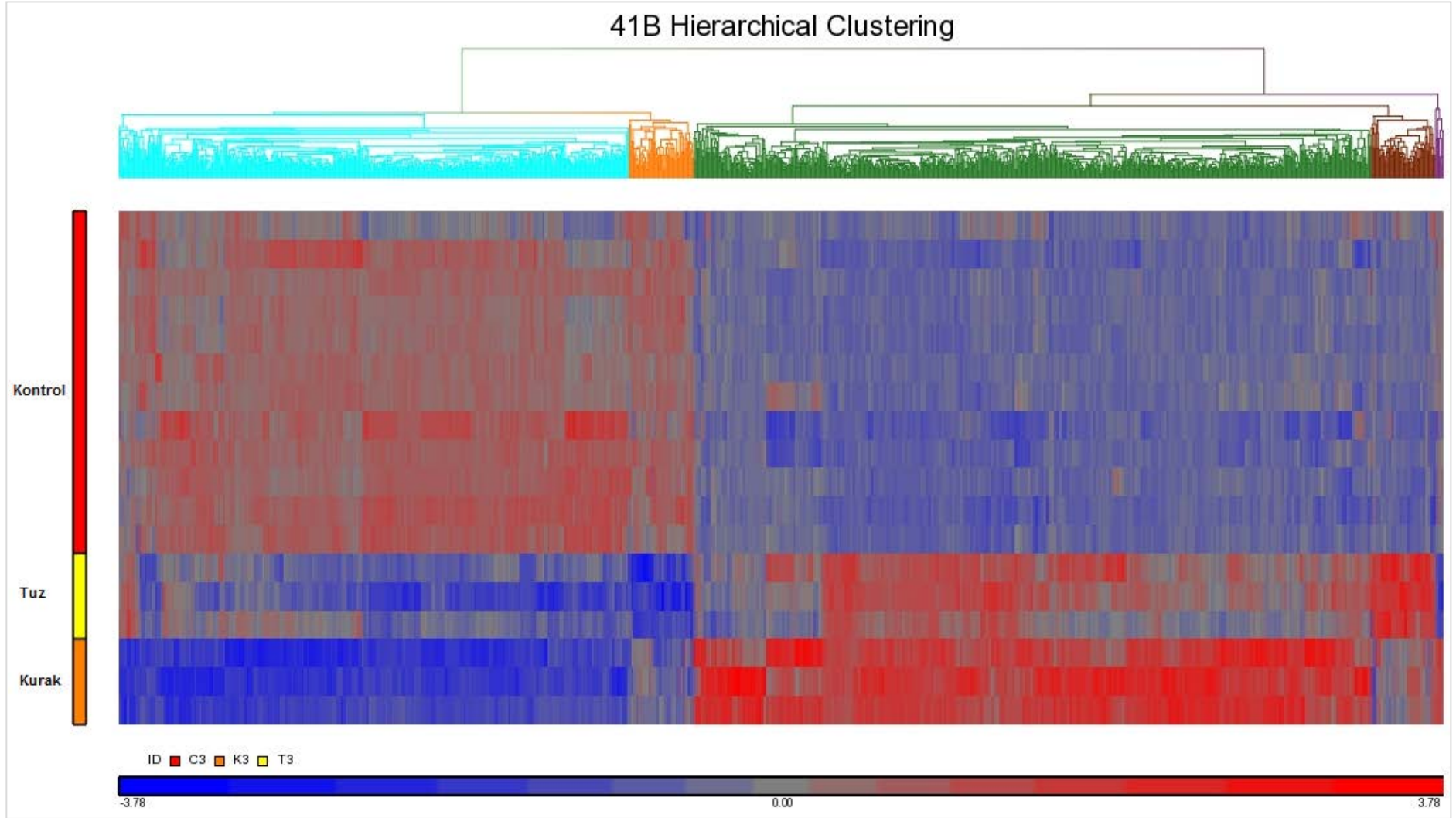
### EK1. Cabernet Sauvignon hiyerarşik gruplandırma grafikleri



**EK 2.** 5BB hiyerarşik gruplandırma grafikleri



**EK 3. 41B hiyerarşik gruplandırma grafikleri**



**Ek 4.** Kuraklık stresi ile ifadesi değişen CS çeşidine özgü transkriptler (Sayfa 115-148)

<b>BLASTX uyumu (UniProt veritabanı)</b>					
<b>Probe Set ID</b>	<b>Uniprot</b>	<b>En uygun tanımlama</b>	<b>Tanımlamanın ait olduğu organizma</b>	<b>Fonksiyonel Sınıflandırma (MIPS 2.0-FunCat)</b>	<b>Kat Sayı</b>
1610850_at	P28343	Stilbene synthase 1 (EC 2.3.1.95) (Resveratrol synthase 1) (Trihydroxystilbene synthase 1) (PSV25)	Vitis vinifera	Stilben, flavonid biyosentezi	134.3
1609696_x_at	P28343	Stilbene synthase 1 (EC 2.3.1.95) (Resveratrol synthase 1) (Trihydroxystilbene synthase 1) (PSV25)	Vitis vinifera	Stilben, flavonid biyosentezi	127.4
1621950_s_at	Q6Z8F0	Hypothetical protein P0459B01.18	Oryza sativa subsp. Japonica	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	58.75
1617686_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	46.0
1619263_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	28.3
1608306_at	P42737	Carbonic anhydrase 2 (EC 4.2.1.1) (Carbonate dehydratase 2)	Arabidopsis thaliana	Fotosentez	26.5
1618835_s_at	O81228	PR-4 type protein	Vitis vinifera (Grape)	Stres cevabı	15.8
1620518_at	O81228	PR-4 type protein	Vitis vinifera (Grape)	Stres cevabı	15.4
1611058_at	Q7XAJ6	Putative pathogenesis related protein 1 precursor	Vitis vinifera (Grape)	Stres cevabı	14.0
1609875_at	Q6YFY6	Protease inhibitor	Vitis vinifera	Proteaz inhibitörü	13.6
1619319_at	O81789	Hypothetical protein F8D20.70 (Hypothetical protein AT4g35560)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	12.5
1612866_at	Q9XI31	F9L1.33 protein (Hypothetical protein At1g15380)	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	12.5
1611117_at	Q9C523	Dirigent protein, putative (Hypothetical protein T15M6.17) (Hypothetical protein At1g58170/68103_m00125) (At1g58170)	Arabidopsis thaliana	Direnç proteinleri	12.5

1620574_s_at	Q9SQH6	Probable auxin efflux carrier component 6 (AtPIN6)	Arabidopsis thaliana	Oksin cevabı	12.1
1622677_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	11.12
1606903_s_at	Q93YA8	Calcium binding protein	Sesbania rostrata	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	10.8
1618589_s_at	Q9ZRC7	Actinorizal nodulin AgNOD-GHRP	Alnus glutinosa	Lipit transportu	10.7
1614548_at	Q9FZ96	Purine permease 1	Arabidopsis thaliana	Nükleotit transportu	9.9
1619698_at	Q66PF2	Putative UDP-rhamnose:rhamnosyltransferase 1	Fragaria ananassa	C-bileşenli ve karbonhidrat metabolizması	9.9
1612552_at	Q9C9W8	Putative S-adenosyl-L-methionine:salicylic acid carboxyl methyltransferase; 41514-39166	Arabidopsis thaliana	Diğer bitki sinyal molekülleri (Jasmonik asit, salisilik asit vb.)	9.5
1617055_at	-	-	-	Transkripsiyon aktivasyonu	8.8
1615090_at	Q84XQ4	NtPRp27-like protein	Solanum tuberosum	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	8.6
1606726_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	8.3
1619984_at	Q9ZRS1	Amino acid carrier	Ricinus communis	Amino asit transportu	8.2
1617510_s_at	Q84XQ4	NtPRp27-like protein	Solanum tuberosum	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	7.7
1614821_at	Q93W20	AT5g49940/K9P8_8 (Hypothetical protein At5g49940) (NFU2 protein) (Hypothetical protein At5g49935/At5g49940)	Arabidopsis thaliana	-	7.6
1613220_at	Q9SBR6	Enod93 protein	Medicago sativa subsp. varia	-	7.6
1619147_at	Q9M4H9	Putative proline-rich cell wall protein	Vitis vinifera	Hücre duvarı	7.5
1621826_at	O80843	Hypothetical protein At2g45760	Arabidopsis thaliana	Tetrasiklik ve pentasiklik triterpenler	7.5
1618058_at	Q6V7U8	Putative anthocyanin permease	Solanum lycopersicum	C-compound ve karbonhidrat transportu	7.0
1614147_at	Q6V8K5	GPRP	Oryza sativa subsp. indica	-	6.7

1620390_s_at	Q7XAU7	Thaumatococcus-like protein	Vitis vinifera	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	6.7
1621359_at	Q6Z1G7	Putative pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit isoform 1 protein	Oryza sativa subsp. japonica	Aerobik solunum	6.6
1620462_at	Q67XV5	Hypothetical protein At4g24350 (Fragment)	Arabidopsis thaliana	-	6.6
1611895_at	P42738	Chorismate mutase, chloroplast precursor (EC 5.4.99.5) (CM-1)	Arabidopsis thaliana	Aerobik solunum	6.2
1617124_at	Q94EU9	Beta-amylase PCT-BMYI (EC 3.2.1.2)	Solanum tuberosum	Polisakkarit degradasyonu	6.0
1620242_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	5.7
1621371_at	Q9FI66	Similarity to disease resistance response protein	Arabidopsis thaliana	Bitki savunma cevabı	5.6
1612548_at	O80960	Nodulin-like protein (At2g39210/T16B24.15)	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	5.5
1608907_s_at	Q9XGN4	Galactinol synthase, isoform GolS-1 (EC 2.4.1.123)	Ajuga reptans	Ozmotik ve tuz stresine cevap	5.3
1619721_at	Q8L903	Putative uncharacterized protein	Arabidopsis thaliana	-	5.3
1610275_at	Q9SYQ7	Tubulin beta-1 chain	Arabidopsis thaliana	Ozmotik ve tuz stresine cevap	5.2
1609793_at	Q6Z0F0	Putative GEKO1	Oryza sativa subsp. japonica	-	5.2
1606722_at	Q8SAG3	Actin-depolymerizing factor (ADF)	Vitis vinifera	Hücre döngüsüne bağlı aktin filamentinin yeniden organizasyonu	5.2
1609632_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	4.9
1610949_s_at	Q84TK8	Hypothetical protein	Populus tremuloides	Ağır metal iyonu transportu (Cu, Fe vb)	4.9
1612571_at	Q6Z688	Putative UDP-glucose glucosyltransferase	Oryza sativa subsp. japonica	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	4.8
1618447_at	Q6ETM9	Putative CBL-interacting protein kinase	Oryza sativa subsp.	-	4.7



			japonica		
1621087_at	Q8H0E0	PIN1-like auxin transport protein	Cucumis sativus	Oksin cevabı	4.7
1615439_at	P30359	Cinnamyl-alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.195) (CAD)	Nicotiana tabacum	Lignin biyosentezi	4.6
1621011_at	-	-	-	ATPaz transportu	4.5
1616954_s_at	Q8ILV0	Hypothetical protein	Plasmodium falciparum	-	4.5
1619084_at	Q93YA8	Calcium binding protein	Sesbania rostrata	Ca+ aracılı sinyal iletimi	4.3
1613448_at	Q5N800	Hypothetical protein P0452F10.6 (Hypothetical protein P0443E07.35)	Oryza sativa subsp. japonica	Metabolizma	4.3
1611383_at	Q9C757	Hypothetical protein F12P21.2 (Hypothetical protein At1g30220)	Arabidopsis thaliana	Şeker transportu	4.3
1611385_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	4.3
1613359_at	Q9M6U1	Homogentisate 1,2-dioxygenase (EC 1.13.11.5) (Fragment)	Solanum lycopersicum	Tirozin metabolizması	4.2
1619063_at	Q93WL3	Hypothetical protein At4g25370	Arabidopsis thaliana		4.2
1611662_at	Q75NU0	Putative ATPase	Nicotiana tabacum	Protein akibeti (katlanma, modifikasyon, destinasyon)	4.2
1619407_s_at	Q9ZR80	12-oxophytodienoate reductase (OPR2)	Arabidopsis thaliana	Diğer bitki sinyal molekülleri (Jasmonik asit, salisilik asit vb.)	4.1
1612269_at	Q3HRN8	Calcineurin B-like protein 9	Oryza sativa subsp. japonica	Ca+ aracılı sinyal iletimi	4.1
1614892_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	4.1
1619565_at	Q9XGC4	Pyrroline-5-carboxylate synthetase (EC 2.7.2.11)	Vitis vinifera	Prolin biyosentezi	4.1
1622208_x_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	4.0
1613560_at	Q6K880	Putative dipeptidyl peptidase IV	Oryza sativa subsp. japonica	Protein işlenmesi (Proteolitik)	3.9
1616434_s_at	Q9M560	Caffeic acid O-methyltransferase	Vitis vinifera	Fenilpropanoid biyosentezi	3.9

1612439_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	3.9
1607456_at	Q93ZA0	AT4g13250/F17N18_140	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	3.9
1621521_at	Q6ED34	Methylesterase	Solanum lycopersicum	Diğer bitki sinyal molekülleri (Jasmonik asit, salisilik asit vb.)	3.9
1614834_at	Q84L25	Vacuolar pyrophosphatase	Vitis vinifera	Elektron/hidrojen transportu	3.9
1617035_s_at	Q9XGN4	Galactinol synthase, isoform GolS-1 (EC 2.4.1.123)	Ajuga reptans	Ozmotik ve tuz stresine cevap	3.9
1613141_at	Q8S7I7	Putative NAM (No apical meristem) protein (Putative NAC domain protein)	Oryza sativa subsp. japonica	Transkripsiyon aktivasyonu	3.9
1619532_at	Q9FH99	Dbj BAA78736.1 (Hypothetical protein At5g67140)	Arabidopsis thaliana	-	3.8
1607073_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	3.7
1622620_at	Q84K47	Putative ABC transporter protein	Arabidopsis thaliana	ABC transportörler	3.7
1614045_at	Q9SWR1	Aldehyde 5-hydroxylase	Liquidambar styraciflua	Fenilpropanoid biyosentezi	3.7
1613763_at	Q9LYS2	ABC transporter-like protein	Arabidopsis thaliana	ABC transportörler	3.7
1620823_at	Q6ZH46	Hypothetical protein OJ1217_F02.5	Oryza sativa subsp. japonica	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	3.6
1612999_at	O80890	Putative cellulose synthase	Arabidopsis thaliana	Polisakkarit metabolizması	3.6
1619941_at	Q69WP7	Putative serine/threonine kinase	Oryza sativa subsp. japonica	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	3.5
1620322_at	Q40523	Ras-related protein Rab11A	Nicotiana tabacum	Küçük GTPaz aracılı sinyal iletimi	3.5
1608047_at	Q3EB99	Protein At3g10260	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	3.5

1613619_at	Q9SW68	Cytochrome like protein (Fragment)	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	3.4
1615540_s_at	Q8VZK3	Putative peptide transporter protein	Arabidopsis thaliana	Peptit transportu	3.3
1621746_at	Q949R7	Putative uncharacterized protein At5g64230	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	3.3
1620255_at	Q9C757	Hypothetical protein F12P21.2 (Hypothetical protein At1g30220); Inositol transporter 2	Arabidopsis thaliana	Şeker transportu	3.3
1607365_at	Q8GY29	Putative receptor protein kinase	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı	3.3
1610796_at	Q75PK5	Mitogen-activated kinase kinase kinase alpha	Lotus japonicus	MAPKKK kaskad	3.3
1617226_s_at	O65757	Putative Pi starvation-induced protein	Cicer arietinum	Besin yetersizliğine cevap	3.3
1617578_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	3.3
1607353_at	Q9LVB9	Emb CAB83157.1 (Hypothetical protein At5g56550)	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	3.2
1611419_at	Q9FVD3	Hexokinase	Citrus sinensis	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	3.2
1617557_at	Q9C9Q5	Hypothetical protein F9E10.4 (At1g75110/F9E10_4)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	3.2
1615694_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	3.2
1608292_at	Q8VZG1	At2g18730/MSF3.11	Arabidopsis thaliana	-	3.1
1609536_at	Q6K9X2	Hypothetical protein OJ1136_C04.10 (Hypothetical protein OJ1063_D06.2)	Oryza sativa subsp. japonica	-	3.1
1607700_at	Q9LY04	Hypothetical protein T5P19_10 (Hypothetical protein At3g56360)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	3.1
1613260_at	Q9SMK7	Putative enoyl CoA hydratase	Cicer arietinum	Metabolizma	3.1
1620097_x_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	3.1

1616107_s_at	O23553	Putative beta-amylase (EC 3.2.1.2)	Arabidopsis thaliana	Polisakkarit degradasyonu	3.1
1612018_at	Q68HC8	Glucose-6-phosphate isomerase	Solanum lycopersicum	Glikoliziz ve glukoneogeneziz	3.1
1610323_at	Q6EJA5	Clf1	Poncirus trifoliata	Stres cevabı	3.0
1615170_s_at	P25050	Collagen-like protein	Saimiriine herpesvirus 2	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	3.0
1622085_at	O48939	Polyphosphoinositide binding protein Ssh1p	Glycine max	Taşınan bileşikler (substrat)	3.0
1618804_at	Q4PSZ0	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	Arabidopsis thaliana	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	3.0
1610112_at	O04530	F20P5.12 protein	Arabidopsis thaliana	-	2.9
1622596_s_at	Q7X6A8	Hypothetical protein At5g57060	Arabidopsis thaliana	-	2.9
1607288_at	Q6YFY6	Protease inhibitor	Vitis vinifera	Proteaz inhibitörü	2.9
1610715_s_at	Q8LBA9	Putative microtubule-associated protein	Arabidopsis thaliana	Ozmotik ve tuz stresine cevap	2.9
1610504_at	Q6H7E3	Putative elicitor-responsive gene-3	Oryza sativa subsp. japonica	Stres cevabı	2.9
1611013_at	Q6YXC5	Putative zinc finger protein ID1	Oryza sativa subsp. japonica (Rice)	Transkripsiyon aktivasyonu	2.9
1620060_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.9
1610332_x_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.9
1618081_at	Q5SND7	Putative oxidoreductase	Oryza sativa subsp. japonica	Elektron/hidrojen transportu	2.9
1606753_at	Q9M0X9	4-coumarate-CoA ligase-like protein	Arabidopsis thaliana	Fenilpropanoid biyosentezi	2.8
1615565_x_at	P93135	Polyubiquitin	Fragaria ananassa	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.8
1620865_at	Q42971	Enolase (EC 4.2.1.11)	Oryza sativa subsp. japonica	Glikoliziz ve glukoneogeneziz	2.8

1615173_at	Q38922	ATGB2 (GTP-binding protein GB2)	Arabidopsis thaliana		2.8
1616654_x_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.8
1608888_at	Q9SEC2	Peptide methionine sulfoxide reductase (EC 1.8.4.6) (Protein-methionine-S-oxide reductase) (Peptide Met(O) reductase)	Lactuca sativa	-	2.8
1610760_at	Q6ZDY8	Putative succinate dehydrogenase flavoprotein alpha subunit	Oryza sativa subsp. japonica	Aerobik solunum	2.8
1609472_at	Q8GZ56	Hypothetical protein At3g03790/F20H23_18	Arabidopsis thaliana	-	2.8
1619079_s_at	Q5XMB8	Cytosolic acetoacetyl-coenzyme A thiolase	Nicotiana tabacum	Asetil-CoA yolağı	2.8
1621072_at	Q9FZ95	F3H9.12 protein	Arabidopsis thaliana	Nükleotit transportu	2.8
1619223_s_at	Q9SLS2	Sucrose synthase	Citrus unshiu	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	2.7
1615041_at	Q9FJN9	Poly(A)-binding protein II-like	Arabidopsis thaliana	RNA bağlayıcı	2.7
1607919_x_at	homologu e to gb M3743 0.1 PEAC PDKAA Pea Chloroplast 4.5S, 5S, 16S and 23S mRNA	-	-	Ribozom biyogenezi	2.7
1616957_s_at	Q6R4Q6	Hypothetical protein	Vitis riparia	C-bileşenlive karbonhidrat metabolizması	2.7
1609671_at	Q9M8K1	F28L1.11 protein	Arabidopsis thaliana	-	2.7
1620928_at	Q9M4S1	H <sup>+</sup> -pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)	Vitis vinifera	İyon transportu	2.7
1615086_s_at	Q93ZE8	Stromal cell-derived factor 2-like protein precursor (SDF2-like protein)	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan	2.7

				proteinler	
1620564_at	Q9LZW4	Hypothetical protein T20L15_90 (Serine/threonine protein kinase) (CBL-interacting protein kinase 14) (Hypothetical protein At5g01820)	Arabidopsis thaliana	Protein kinaz kaskadları	2.7
1622184_at	Q8L775	RING finger-like protein (At5g24870)	Arabidopsis thaliana	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.7
1610249_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.7
1621068_at	Q9SHJ8	F12K11.12	Arabidopsis thaliana	Asetil-CoA yolağı	2.7
1621369_at	Q8L9C3	Copia-like retroelement pol polyprotein	Arabidopsis thaliana	Transpozıbil elementler, viral ve plazmid proteinleri	2.6
1607385_at	O04567	T7N9.25 (At1g27190)	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein tirozin kinaz sinyal yolağı	2.6
1616340_at	Q84N38	Potyvirus VPg interacting protein	Nicotiana benthamiana		2.6
1618208_s_at	Q851U1	Putative leucine-rich repeat protein	Oryza sativa subsp. japonica	Transmembran sinyal iletimi	2.6
1610094_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.6
1616539_s_at	Q8LHF3	Splicing factor-like	Oryza sativa subsp. japonica	mRNA işlenmesi	2.6
1607645_at	P16273	Pathogen-related protein	Hordeum vulgare	Stres cevabı	2.6
1615895_at	Q8H2C2	Serine/threonine kinase	Persea americana	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	2.6
1611555_at	Q9SS31	Calmodulin-like protein (At3g10190)	Arabidopsis thaliana	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	2.6
1608192_at	Q9FY93	NAM-like protein (AT5g13180/T19L5_140)	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.6
1615481_at	Q9ZSP7	Cytochrome b5 DIF-F	Petunia hybrida	Fenilpropanoid biyosentezi	2.6
1621239_at	Q947D9	Resistance gene analog NBS9 (Fragment)	Helianthus annuus	Direnç proteinleri	2.6

1614508_at	Q9SSR2	F6D8.18 protein (Signal peptidase subunit, putative)	Arabidopsis thaliana	Protein/peptit degradasyonu	2.6
1614222_at	P92934	Amino acid permease 6	Arabidopsis thaliana	Amino asit transportu	2.6
1615619_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5
1614793_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5
1610563_at	Q8S8J6	Putative myosin heavy chain	Arabidopsis thaliana	Ozmotik ve tuz stresine cevap	2.5
1608657_at	Q8H6D5	Major facilitator superfamily antiporter	-	-	2.5
1620557_at	Q5KQH5	'putative 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase'	Oryza sativa subsp. japonica	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat katabolizması	2.5
1608637_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5
1618680_at	Q6R4Q6	Hypothetical protein	Vitis riparia	-	2.5
1622839_at	Q9FMQ5	Gb AAF31728.1 (Hypothetical protein At5g22460)	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	2.5
1613317_at	Q9SZ42	Hypothetical protein F10M23.370 (Hypothetical protein AT4g27030) (Esterase/lipase/thioesterase family protein)	Arabidopsis thaliana	-	2.5
1610541_at	Q9M4G8	Putative ripening-related P-450 enzyme	Vitis vinifera	Metabolizma	2.5
1615628_at	O82775	Expressed protein (Hypothetical protein At2g45980)	Arabidopsis thaliana	-	2.5
1618256_at	Q9SD04	Mucin-like protein (AT3g51450/F26O13_90)	Arabidopsis thaliana	Stilben, flavonid biyosentezi	2.5
1621772_at	Q8LPV8	Calmodulin-like-domain protein kinase CPK2	Cucurbita maxima	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	2.5
1614364_at	O04646	A_TM021B04.14 protein (Hypothetical protein At5g27280)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	2.4
1609134_at	Q8S9K9	AT4g03420/F9H3_4	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	2.4
1619528_s_at	Q03685	Luminal binding protein 5 precursor (BiP 5)	-	Protein katlanması ve	2.4

		(78 kDa glucose-regulated protein homolog 5) (GRP 78-5)		stabilizasyonu	
1618155_at	Q40288	Flavonol 3-O-glucosyltransferase 6 (EC 2.4.1.91) (UDP-glucose flavonoid 3-O-glucosyltransferase 6) (Fragment)	Manihot esculenta	Fenilpropanoid biyosentezi	2.4
1606912_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.4
1614574_at	Q8LR50	Lysine decarboxylase-like	Oryza sativa subsp. japonica	Poliamin metabolizması	2.4
1607082_at	Q9FMK7	Similarity to unknown protein (At5g63160) (BTB and TAZ domain protein 1)	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.4
1611191_at	Q6YW44	Putative MAP3K delta-1 protein kinase	Oryza sativa subsp. japonica	MAPKKK kaskad	2.4
1606660_at	Q8GS82	Hypothetical protein OJ1017C11.1 (Hypothetical protein OJ1781E12.4)	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.4
1607349_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.4
1621178_at	O65645	ATM-like protein	Arabidopsis thaliana	Polifosfoinozitol aracılı sinyal iletimi	2.4
1607117_at	Q71LX7	Lecithine cholesterol acyltransferase-like protein	Solanum lycopersicum	-	2.4
1614464_s_at	Q9FS43	Pathogenesis-related protein 10	Vitis vinifera	Stres cevabı	2.4
1612535_s_at	Q76KW1	Glutathione S-transferase	Pisum sativum	Glutasyon konjugasyon reaksiyonu	2.4
1614205_at	Q6F2D3	Putative zinc finger protein	-	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.4
1609278_at	Q9LW90	DC1.2 homologue	Nicotiana tabacum	Hücre dışı metabolizması	2.4
1622797_at	Q6UK15	Al-induced protein	Gossypium hirsutum	Stres cevabı	2.4
1610113_at	O49434	HyuC-like protein	Arabidopsis thaliana	-	2.4
1613978_at	Q6UEI6	EARLY flowering 4 protein	Mesembryanthemum crystallinum	Çiçek gelişimi	2.4



1618286_at	Q70AB2	Ethylene transcription factor	Fagus sylvatica	Transkripsiyon aktivasyonu	2.4
1607318_a_at	Q6ZA97	Putative transmembrane protein	Oryza sativa subsp. japonica	Taşınan bileşikler (substrat)	2.4
1619585_at	Q75UJ4	ERF-like protein	Cucumis melo	Transkripsiyon aktivasyonu	2.3
1614985_at	P28734	Aspartate aminotransferase, cytoplasmic (EC 2.6.1.1) (Transaminase A)	Daucus carota	Aspartat metabolizması	2.3
1609168_at	Q6PQ36	Putative stress-responsive protein; WCOR14 cold acclimation response protein like	Tamarix androssowii	Soğuk şok proteinleri	2.3
1606430_at	Q9FWQ5	F17F16.8 protein	Arabidopsis thaliana		2.3
1611414_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.3
1622351_at	P62200	Calmodulin 1/11/16 (CaM 1/11/16)	Daucus carota	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	2.3
1615778_at	Q9LXT4	Hypothetical protein T20N10_20 (Hypothetical protein At3g58670)	Arabidopsis thaliana	-	2.3
1611434_at	Q84RS3	Progesterone 5-beta-reductase	Digitalis purpurea	Metabolizma	2.3
1622752_at	Q8GZM8	Putative serine hydrolase	Vitis vinifera	Metabolizma	2.3
1614980_at	Q6PQK0	Progesterone 5-beta-reductase	Digitalis parviflora	Metabolizma	2.3
1612557_at	Q9SB64	Hypothetical protein F22K18.110 (Hypothetical protein At4g24690; F22K18.110) (Hypothetical protein At4g24690)	Arabidopsis thaliana	-	2.3
1606494_at	Q4TYX9	Ubiquitinating enzyme	Arabidopsis thaliana	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.3
1615773_at	Q9FF51	Emb CAB72159.1 (Hypothetical protein At5g60680)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	2.3
1609017_s_at	Q9LRR8	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 3, P1 clone:MOA2 (Hypothetical protein) (At3g14430)	Arabidopsis thaliana	-	2.3
1608623_s_at	P92934	Amino acid permease 6	Arabidopsis thaliana	Amino asit transportu	2.3
1614144_at	Q6K5F6	Hypothetical protein OJ1791_B03.48 (Hypothetical protein OJ1669_F01.10)	Oryza sativa subsp. japonica	Henüz net olarak sınıflandırılmayan	2.3

				proteinler	
1619947_at	Q6NPD4	At5g27490	Arabidopsis thaliana		2.3
1620469_at	O24249	Methyltransferase	Prunus armeniaca	Sekonder metabolizma	2.3
1608252_s_at	Q6QLW8	HMG-CoA synthase 2	Hevea brasiliensis	Asetil-CoA yolağı	2.3
1614977_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.3
1618836_at	Q5PT36	Homogentisate geranylgeranyl transferase	Vitis vinifera	-	2.3
1621530_at	P46518	Late embryogenesis abundant protein Lea14-A	Gossypium hirsutum	-	2.3
1622589_s_at	Q8GUJ9	Hypothetical protein At5g19590	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1620960_a_at	Q9SWE4	Low molecular weight heat-shock protein	Nicotiana tabacum	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	2.2
1609635_s_at	Q67V42	MutT domain protein-like	Oryza sativa subsp. japonica	Metabolizma	2.2
1614476_at	Q93Z74	AT3g27570/MMJ24_12	-	Glutamat biyosentezi	2.2
1619462_at	Q94JV5	AT4g08790/T32A17_100	Arabidopsis thaliana	Oksin cevabı	2.2
1620352_at	O65386	F12F1.20 protein	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1614506_at	Q9XE77	Patatin-like protein	Sorghum bicolor	-	2.2
1613165_s_at	Q9MBD7	L-idonate dehydrogenase	Prunus persica	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	2.2
1619288_s_at	Q7XBY9	Hypothetical protein	Oryza sativa subsp. japonica	-	2.2
1612407_at	Q3HVM2	Hypothetical protein	Solanum tuberosum	Veziküler transport (Golgi ağı vb)	2.2
1606993_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.2
1609781_s_at	Q9ZWJ2	Glyoxalase I	Oryza sativa subsp. japonica	Giberellik asit cevabı	2.2
1618042_at	Q94GS3	Hypothetical protein OSJNBb0022E02.4	Oryza sativa subsp. japonica	-	2.2
1607604_at	Q8LBK2	BCS1 protein-like protein	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1616995_at	P42748	Ubiquitin-conjugating enzyme E2-21 kDa 1	Arabidopsis thaliana	Uniquinasyon,	2.2

		(EC 6.3.2.19) (Ubiquitin-protein ligase 4) (Ubiquitin carrier protein 4)		deubiquinasyon ile modifikasyon	
1606520_at	Q9FQ95	In2-1 protein	Glycine max	-	2.2
1608865_at	Q5UFR1	14-3-3 family protein	Malus domestica	Enzim aracılı sinyal iletimi	2.2
1607397_at	Q9FXX6	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MTH16	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1615720_s_at	Q93V51	AT5g06370/MHF15_11	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	2.2
1606906_at	P93750	Hypothetical protein At2g41960	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1608094_at	Q6L5E8	Putative cinnamoyl CoA reductase	Oryza sativa subsp. japonica	Lignin biyosentezi	2.2
1611501_at	Q9SZ41	Hypothetical protein F10M23.360 (Hypothetical protein AT4g27020) (AT4g27020/F10M23_360)	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1614018_at	Q9SQI2	GIGANTEA protein	Arabidopsis thaliana	Ritim (sirkadyan, ultradyan vb.)	2.2
1622630_s_at	Q4F886	DT-related protein	Oryza sativa subsp. japonica	Metabolizma	2.2
1618827_at	Q9FFG7	Similarity to unknown protein (Hypothetical protein At5g44250; MLN1.18) (At5g44250)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	2.2
1617276_at	Q5ZEI0	Hypothetical protein P0009G03.17 (Sodium-lithium tolerant 2)	Oryza sativa subsp. japonica	Ozmotik ve tuz stresine cevap	2.2
1610828_at	O49688	Hypothetical protein AT4g17890	-	GTPaz aktivator (GAP)	2.2
1611726_at	Q9LSM2	Similarity to lectin-like protein kinase	Arabidopsis thaliana	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	2.2
1615890_at	Q9C8F0	Hypothetical protein T8D8.3 (Fragment)	Arabidopsis thaliana	Direnç proteinleri	2.2
1620541_at	Q8W3J3	Ras-related protein RAB8-3	Nicotiana tabacum	Küçük GTPaz aracılı sinyal iletimi	2.1
1621881_at	Q93V62	Hypothetical protein At4g27450	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	2.1

		(AT4g27450/F27G19_50)			
1620233_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.1
1613630_s_at	Q9M6R1	High molecular weight heat shock protein	Malus domestica	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	2.1
1619333_at	Q851R1	Hypothetical protein OSJNBa0052F07.12	Oryza sativa subsp. japonica	-	2.1
1613772_s_at	Q52QX8	Cysteine protease CP1	Manihot esculenta	Protein degradasyonu	2.1
1620982_at	Q56YT3	Squamosa promoter binding protein-like 1	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.1
1609920_at	Q93VS8	Hypothetical protein At5g19820	Arabidopsis thaliana	-	2.1
1612193_at	Q8RWD8	Hypothetical protein At1g20540	Arabidopsis thaliana	-	2.1
1621353_at	Q7XXS5	Hypothetical protein (Putative universal stress protein) (USP)	Oryza sativa subsp. japonica	Stres cevabı	2.1
1607141_at	Q94BQ2	26S proteasome AAA-ATPase subunit RPT6a-like protein	Arabidopsis thaliana	Proteozomal degradasyon	2.1
1610440_s_at	Q94KE3	AT3g52990/F8J2_160 (Putative pyruvate kinase)	Arabidopsis thaliana	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	2.1
1622040_at	O65757	Putative Pi starvation-induced protein	Cicer arietinum	Besin yetersizliğine cevap	2.1
1614117_at	Q75LU0	Putative MATE family protein	Oryza sativa subsp. japonica	İlaç transportu	2.1
1610057_at	Q6ELF9	Poly(A)-binding protein C-terminal interacting protein 6	Cucumis sativus	RNA bağlayıcı	2.1
1614741_at	Q9FVD1	Diacylglycerol kinase	Solanum lycopersicum	Soğuk şok proteinleri	2.1
1617518_at	Q8LA79	Zinc finger protein, putative	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.1
1616574_at	Q84JL2	Putative branched-chain alpha keto-acid dehydrogenase E1 alpha subunit	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	2.1
1607216_at	Q8H7D6	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	-	2.1
1611812_at	P55871	Eukaryotic translation initiation factor 2 beta subunit (eIF-2-beta)	Malus domestica	Translasyonun başlatılması	2.1
1622622_a_at	Q5ZA08	Putative protease	Oryza sativa subsp.	Protein degradasyonu	2.1

			japonica		
1617692_at	Q851F6	Hypothetical protein OSJNBb0011H13.6	Oryza sativa subsp. japonica	Stres cevabı	2.1
1606734_at	Q9AWA6	Serine/threonine/tyrosine kinase	Arachis hypogaea	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	2.1
1621599_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.1
1617037_at	Q13247	Splicing factor, arginine/serine-rich 6 (Pre-mRNA splicing factor SRP55)	Homo sapiens	mRNA işlenmesi	2.0
1619254_at	Q9M9U3	F6A14.17 protein (At1g18720/F6A14_17)	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1611957_s_at	Q84MA5	At4g21120	Arabidopsis thaliana	Amino asit transportu	2.0
1608104_at	Q8RX26	Hypothetical protein At5g63970	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1610822_at	Q6L469	Putative RNA recognition motif containing protein	Solanum demissum	RNA bağlayıcı	2.0
1622296_at	Q8GTZ1	BZIP transcription factor	Capsicum chinense	Transkripsiyon aktivasyonu	2.0
1609464_s_at	Q4TYX9	Ubiquitinating enzyme	Capsicum chinense	Uni-ubiquitinyasyon, deubiquitinyasyon ile modifikasyon	2.0
1612751_at	Q8GUM6	Putative translation initiation factor IF-2 (Fragment)	Arabidopsis thaliana	Translasyonun başlatılması	2.0
1616908_at	Q9SCM7	Hypothetical protein T8H10.50	Arabidopsis thaliana		2.0
1621568_at	Q69SJ3	Clathrin assembly protein AP180 short form-like	Oryza sativa subsp. japonica	Veziküler transport (Golgi ağı vb)	2.0
1620535_at	Q93YZ7	At2g31810/F20M17.15	Arabidopsis thaliana	Aerobik solunum	2.0
1609095_at	Q9M3W7	Putative Cdc2-related protein kinase CRK2	Beta vulgaris	Protein kinaz kaskadları	2.0
1609812_at	Q688R3	Putative finger transcription factor	Oryza sativa subsp. japonica	Transkripsiyon aktivasyonu	2.0
1618600_s_at	Q94CD4	Hypothetical protein At5g13190	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	2.0
1608283_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış	2.0

				proteinler	
1611149_at	Q3Y6V1	Cellulose synthase-like protein CslG	Nicotiana tabacum	Polisakkarit biyosentezi	2.0
1607636_at	Q42397	Hexa ubiquitin protein	Helianthus annuus	Uni quinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.0
1613803_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.0
1609130_at	Q9FGZ4	Probable WRKY transcription factor 48 (WRKY DNA-binding protein 48)	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.0
1617699_at	Q67X99	Putative trehalose-6-phosphate phosphatase	Arabidopsis thaliana	C-bileşenlive karbonhidrat metabolizması	2.0
1607726_at	O49494	Hypothetical protein AT4g34100	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1609948_at	Q6ZJG0	Putative RNA recognition motif (RRM)-containing protein	Oryza sativa subsp. japonica	RNA bağlayıcı	2.0
1617720_at	Q8L7B0	Hypothetical protein At4g13400	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1609752_at	P51132	Ubiquinol-cytochrome c reductase iron-sulfur subunit 2, mitochondrial precursor (EC 1.10.2.2) (Rieske iron-sulfur protein 2) (RISP2)	Nicotiana tabacum	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	2.0
1619594_at	Q9SV84	Probable aquaporin NIP5.1 (NOD26-like intrinsic protein 5.1) (Nodulin-26-like major intrinsic protein 6) (AtNLM6) (NLM6 protein) (NodLikeMip6)	Arabidopsis thaliana	Kanal/por grubu transport	2.0
1621388_at	Q6NMJ8	At3g13430	Arabidopsis thaliana	Uni quinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.0
1614608_at	Q9SFU0	Putative protein transport protein Sec24-like At3g07100	Arabidopsis thaliana	Protein transportu	2.0
1617965_at	Q851I9	Hypothetical protein OSJNBb0021O11.23	Oryza sativa subsp. japonica	-	2.0
1611853_at	Q6QLW8	HMG-CoA synthase 2	Hevea brasiliensis	Asetil-CoA yolağı	2.0
1615392_s_at	O24323	Cysteine proteinase precursor	Phaseolus vulgaris	Proteaz inhibitörü	2.0

1617450_at	Q9FRY6	Uricase	Lotus japonicus	Purine nükleotit metabolizması	2.0
1608121_at	Q8H6Q7	CTV.22	Poncirus trifoliata	-	2.0
1611291_at	Q7XIC8	OsRad6	Oryza sativa subsp. japonica	-	2.0
1615344_at	Q9SJE9	T27G7.11	Arabidopsis thaliana	C4-dikarboksilat transportu (malat, süksinat,fumarat vb.)	2.0
1606647_at	Q75J49	Hypothetical protein OSJNBa0066H15.2 (Hypothetical protein OSJNBb0029I19.9)	Oryza sativa subsp. japonica	Protein kinaz	2.0
1615940_at	Q8LER6	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1613081_at	Q3E9E4	Protein At5g18640	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1616437_at	Q9SDZ2	2'-hydroxy isoflavone/dihydroflavonol reductase homolog (Fragment	Glycine max	Fenilpropanoid biyosentezi	2.0
1621906_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.0
1613576_s_at	P62200	Calmodulin 1/11/16 (CaM 1/11/16)	Daucus carota	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	2.0
1618981_at	Q07511	Formate dehydrogenase, mitochondrial precursor (EC 1.2.1.2) (NAD-dependent formate dehydrogenase) (FDH)	Solanum tuberosum	-	2.0
1615657_at	Q8LFI8	Nucleoside triphosphatase, putative	Arabidopsis thaliana	Nükleotit biyosentezi	2.0
1614631_at	Q7GCH3	26S proteasome regulatory particle triple-A ATPase subunit6	Oryza sativa subsp. japonica	Proteozomal degradasyon	2.0
1609973_at	Q6K4D1	Putative ABC transporter	Oryza sativa subsp. japonica	ABC transportörler	2.0
1614184_at	Q9SA77	Hypothetical protein T5I8.7 (At1g30620/T5I8_7) (UDP-D-xylose 4-epimerase)	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1620747_at	Q5UNS2	Arginase 1	Solanum lycopersicum	Arjinin biyosentezi	2.0
1616284_at	Q9LZE4	Hypothetical protein F12E4_190	Arabidopsis thaliana	Vitamin, kofaktör ve prostetik grup biyosentezi	2.0
1607092_at	Q6ZK12	Zinc metalloproteinase-like	Oryza sativa subsp.	Protein degradasyonu	2.0

			japonica		
1616923_s_at	Q8L685	Pherophorin-dz1 protein precursor	Volvox carteri f. nagariensis	Hücre duvarı	2.0
1608531_at	Q5PNU5	At3g25160	Arabidopsis thaliana	Protein transportu	2.0
1613177_at	Q8L7R9	AT4g16150/dl4115w	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1608543_at	Q9FPW6	POZ/BTB containing-protein AtPOB1	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1612040_at	Q94A91	AT5g52420/K24M7_17	Arabidopsis thaliana	-	-2.0
1616898_at	Q9XGD5	Caffeoyl-CoA O-methyltransferase 2 (EC 2.1.1.104) (Trans-caffeoyl-CoA 3-O-methyltransferase 2) (CCoAMT-2) (CCoAOMT-2)	Zea mays	Fenilpropanoid biyosentezi	-2.0
1620132_s_at	Q84VW0	At4g15930	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.0
1618687_at	Q9SSG3	HIPL1 protein precursor	Arabidopsis thaliana	-	-2.0
1609550_s_at	Q7XKS7	OSJNBa0038P21.4 protein	Oryza sativa subsp. japonica	Ribozomal proteinler	-2.0
1613722_s_at	Q26056	Histidine-rich protein (Fragment)	Plasmodium lophurae	-	-2.0
1622158_s_at	Q9ZNS5	Ribosomal protein S28	Prunus persica	Ribozomal proteinler	-2.0
1613351_at	Q94JQ8	AT3g57880/T10K17_90	Arabidopsis thaliana		-2.0
1621492_at	Q6RYC4	60S ribosomal protein L19	Capsicum annuum	Ribozomal proteinler	-2.0
1618995_at	Q93WL3	Hypothetical protein At4g25370	Arabidopsis thaliana	-	-2.0
1609992_at	Q5CAG1	OSJNBa0065H10.6 protein (OSJNBa0079A21.21 protein)	Oryza sativa subsp. japonica	-	-2.0
1617630_at	Q95DV5	FtsZ-like protein	Nicotiana tabacum	Transkripsiyon aktivasyonu	-2.0
1620553_at	Q94K73	Putative phenylalanine-tRNA synthetase	Arabidopsis thaliana	Aminoasit-tRNA sentetaz	-2.0
1616291_at	Q8LBL9	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana		-2.0
1613367_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0
1609434_at	Q9LX65	Probable vacuolar ATP synthase subunit H (EC 3.6.3.14) (V-ATPase H subunit) (Vacuolar proton pump H subunit)	Arabidopsis thaliana	ATPaz transportu	-2.0



		(Vacuolar proton pump subunit SFD)			
1620504_at	Q84WN3	Putative cytochrome c oxidoreductase	Arabidopsis thaliana	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	-2.0
1607575_at	O22253	Photolyase/blue-light receptor (Photolyase/blue light photoreceptor PHR2)	Arabidopsis thaliana	DNA tamiri	-2.0
1619362_at	Q9LD95	Sigma factor-like protein (SigF) (Putative RNA polymerase sigma-70 factor protein)	Arabidopsis thaliana	Transkripyonun başlatılması	-2.0
1616015_at				Oksin cevabı	-2.0
1619426_s_at	O64688	Putative pyruvate dehydrogenase E1 beta subunit (Putative pyruvate dehydrogenase beta subunit) (EC 1.2.4.1)	Arabidopsis thaliana	Aerobik solunum	-2.0
1616229_at	Q93Y83	2-oxoglutarate/malate translocator-like protein	Arabidopsis thaliana	C4-dikarboksilat transportu (malat, süksinat, fumarat vb.)	-2.0
1620754_at	P93619	Ted2 protein	Vigna unguiculata	Metabolizma	-2.0
1619299_at	Q94A91	AT5g52420/K24M7_17	Arabidopsis thaliana	-	-2.0
1614253_at	Q42529	Tryptophan synthase alpha chain (EC 4.2.1.20)	Arabidopsis thaliana	Triptofan biyosentezi	-2.0
1607019_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0
1613307_at	Q94K16	Hypothetical protein F21O3.22 (Hypothetical protein At3g07510)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0
1613189_at	Q16986	Fibroin-2 (Fragment)	Araneus diadematus	-	-2.0
1611768_at	P35683	Eukaryotic initiation factor 4A (eIF4A) (eIF-4A)	Oryza sativa subsp. japonica	Translasyonun başlatılması	-2.0
1622463_at	Q9LPU1	T22I11.11 protein (Hypothetical protein At1g21065)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0
1618562_at	Q6YYB0	Putative p23 co-chaperone	Oryza sativa subsp. japonica	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-2.0
1610447_at	O49952	Phosphoinositide-specific phospholipase C (EC 3.1.4.11)	Solanum tuberosum	Polifosfoinozitol aracılı sinyal iletimi	-2.0

1612354_at	Q94JU2	AT3g28050/MMG15_6	Arabidopsis thaliana	-	-2.0
1621800_at	P93486	Glycine-rich RNA-binding protein PsGRBP	Pisum sativum	RNA bağlayıcı	-2.0
1606684_s_at	Q39648	Non-photosynthetic ferredoxin precursor	Citrus sinensis	Glutamat biyosentezi	-2.0
1613473_at	Q93Y08	Putative ABC transporter protein	Arabidopsis thaliana	ABC transportörler	-2.0
1622551_a_at	Q8H8C2	Hypothetical protein OJ1134F05.7	Oryza sativa subsp. japonica	-	-2.0
1607851_at	Q8L685	Pherophorin-dz1 protein precursor	Volvox carteri f. nagariensis	Hücre duvarı	-2.0
1606531_at	P93204	SBT1 protein (Subtilisin-like protease)	Solanum lycopersicum	Protein degradasyonu	-2.0
1617410_at	Q8LD44	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	-	-2.0
1618670_at	Q94K68	Hypothetical protein At5g27560	Arabidopsis thaliana	-	-2.0
1618718_at	Q9ZSZ9	Fibrillin (Fragment)	Brassica napus	Yapısal proteinler	-2.06
1608369_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0
1615598_at	O81016	Putative ABC transporter (PDR4 ABC transporter)	Arabidopsis thaliana	ABC transportörler	-2.1
1622427_at	O50046	Tryptophan synthase beta chain 2, chloroplast precursor (EC 4.2.1.20)	Camptotheca acuminata	Triptofan biyosentezi	-2.1
1617920_at	Q6QLN2	Endo-1,4-beta-glucanase (EC 3.2.1.4)	Populus tremuloides	Hücre dışı protein degradasyonu	-2.1
1610580_s_at	Q9M3M7	Hypothetical protein	Spinacia oleracea	-	-2.1
1610385_at	Q5QLG3	Phosphoribulokinase/uridine kinase-like	Oryza sativa subsp. japonica	-	-2.1
1619083_at	Q3HVM3	Hypothetical protein	Solanum tuberosum	-	-2.1
1619856_at	O48629	Putative auxin-repressed protein	Prunus armeniaca	Oksin cevabı	-2.1
1615069_at	Q94A68	At1g06690/F4H5_17	Arabidopsis thaliana	-	-2.1
1616327_at	Q6YZC9	Uridyl transferase-like	Oryza sativa subsp. japonica	Aerobik solunum	-2.1
1607753_at	Q8L604	Hypothetical protein At1g65230	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.1
1616883_at	Q6SKP4	Ribosomal protein L3	Solanum lycopersicum	Ribozomal proteinler	-2.1

1607800_at	Q84WN3	Putative cytochrome c oxidoreductase	Arabidopsis thaliana	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	-2.1
1611513_s_at	Q93WB8	Hypothetical protein At3g13410	Arabidopsis thaliana	-	-2.1
1611183_at	P93356	LIM-domain SF3 protein (LIM domain protein WLIM2)	Nicotiana tabacum	Transkripsiyon aktivasyonu	-2.1
1609094_a_at	Q8LBN1	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana		-2.1
1614837_s_at	O48791	Hypothetical protein At2g26770	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.1
1614681_at	Q9ZUY6	Putative dTDP-glucose 4-6-dehydratase (At2g27860/F15K20.4) (UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase) (Hypothetical protein)	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	-2.1
1614576_s_at	O22683	Cyanate hydratase (EC 4.2.1.104) (Cyanase) (Cyanate lyase) (Cyanate hydrolase)	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	-2.1
1612781_at	Q506K3	Squalene monooxygenase	Datura innoxia	tRNA sentezi	-2.1
1607951_at	Q5NAX5	Hypothetical protein P0702F03.30 (Hypothetical protein P0708G02.3)	Oryza sativa subsp. japonica	-	-2.1
1607017_at	Q3EAK4	Protein At3g53470	-	Ribozomal proteinler	-2.1
1607223_at	Q40588	L-ascorbate oxidase precursor (EC 1.10.3.3) (Ascorbase) (ASO)	Nicotiana tabacum	Metabolizma	-2.1
1622691_s_at	Q9SPF8	Elongation factor eEF1 gamma chain (Fragment)	Vitis labrusca x Vitis vinifera	Translasyon uzama	-2.1
1608337_at	Q9SZN7	Putative farnesylated protein AFTP6 (AFTP6) (AT4g38580/F20M13_140) (AT4g38580)	Arabidopsis thaliana	-	-2.1
1614070_at	Q5ZE52	Cytochrome P450-like	Oryza sativa subsp. japonica	-	-2.1
1611086_at	Q9MBD4	Acyltransferase homolog	Petunia hybrida	Embriyonal gelişim	-2.1
1617235_at	P51424	60S ribosomal protein L39	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-2.1
1609900_at	Q3ZPN4	Anthraniloyal-CoA: methanol anthraniloyal transferase	Vitis labrusca	-	-2.1

1618693_at	P93570	Chaperonin-60 beta subunit precursor	Solanum tuberosum	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-2.1
1615697_at	Q4JLW1	Putative sucrose transporter	Vitis vinifera (Grape)	Şeker transportu	-2.1
1608591_at	Q6ZND7	Hypothetical protein FLJ16192	Homo sapiens	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.1
1612729_at	Q75WU3	Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase 1	Populus nigra	Tl-reseptör sinyal yolağı	-2.1
1619210_at	O65199	Superoxide dismutase [Cu-Zn], chloroplast precursor (EC 1.15.1.1)	Vitis vinifera	Oksijen ve radikal detoksifikasyon	-2.1
1614511_at	Q9LG67	ESTs AU081301(E20138) (Hypothetical protein P0003H10.29) (OSJNBa0036E02.18 protein) (Hypothetical protein B1085F09.18)	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.1
1616503_s_at	Q5J0W3	Lipocalin protein	Capsicum annuum	-	-2.1
1610560_at	Q9STY6	40S ribosomal protein S20-like protein (At3g47370)	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-2.1
1622564_at	P49688	40S ribosomal protein S2	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-2.1
1615746_at	Q9FXI9	F6F9.1 protein (At1g19940/F6F9_1)	Arabidopsis thaliana	-	-2.1
1610613_at	Q42946	Coproporphyrinogen III oxidase, chloroplast precursor (EC 1.3.3.3) (Coproporphyrinogenase) (Coprogen oxidase)	Nicotiana tabacum	Porfirin metabolizması	-2.1
1608969_at	P43298	Putative receptor protein kinase TMK1 precursor (EC 2.7.1.-)	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı	-2.1
1616831_at	O24293	Chloroplast inner envelope protein, 110 kD (IEP110) precursor	Pisum sativum	Protein transportu	-2.1
1614031_at	O22860	60S ribosomal protein L38	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-2.2
1620765_at	Q9S820	Putative rac protein (NTGP2)	Nicotiana tabacum	Küçük GTPaz aracılı sinyal iletimi	-2.2
1615223_at	Q8L6J8	Putative carbamoyl phosphate synthase	Nicotiana tabacum	Aerobik solunum	-2.2

		small subunit			
1609502_at	Q05046	Chaperonin CPN60-2, mitochondrial precursor (HSP60-2)	Cucurbita maxima	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-2.2
1610530_at	Q6Z107	Putative receptor protein kinase PERK1	Oryza sativa subsp. japonica	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı	-2.2
1621834_at	Q9LLQ7	Phosphatidic acid phosphatase alpha (EC 3.1.3.4)	Vigna unguiculata	Fosfat metabolizması	-2.2
1609667_at	Q6STH5	[4Fe-4S] cluster assembly factor	Arabidopsis thaliana	Fe/S bağlayıcı	-2.2
1611739_at	Q8H224	Putative cytochrome P450 (Fragment)	Populus canescens	Metabolizma	-2.2
1611328_at	O23628	Histone H2A.F/Z (At3g54560)	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-2.2
1621399_s_at	Q9M1X0	Ribosome recycling factor, chloroplast precursor (Ribosome releasing factor, chloroplast) (RRF) (CpFrr) (RRFHCP)	Arabidopsis thaliana	Protein sentezi	-2.2
1617790_at	Q7XJ93	Putative bHLH transcription factor	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	-2.2
1608663_s_at	Q38935	FK506-binding protein 2-1 precursor (EC 5.2.1.8) (Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase) (PPIase)(Rotamase) (15 kDa FKBP) (FKBP-15-1)	Arabidopsis thaliana	-	-2.2
1621572_at	Q940V5	Hypothetical protein (At3g16179/At3g16179)	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	-2.2
1614685_at	Q9LZ97	Hypothetical protein T1E22_40 (Hypothetical protein At5g02280)	Arabidopsis thaliana	ER-Golgi transportu	-2.2
1609345_s_at	P51615	NADP-dependent malic enzyme (EC 1.1.1.40) (NADP-ME)	Vitis vinifera	Fotosentez	-2.2
1621455_at	Q9SJK1	Putative receptor-like protein kinase	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı	-2.2
1610667_s_at	Q9ZNS5	Ribosomal protein S28	Prunus persica	Ribozomal proteinler	-2.2
1614219_at	Q53WV5	Histone 3	-	DNA topoloji	-2.2
1606591_at	Q8RU28	Putative SHORT-ROOT (SHR) protein (Fragment)	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	-2.2

1613014_at	Q9FJY6	Apospory-associated protein C-like protein	Arabidopsis thaliana	Şeker,glukozid,poliol ve karboksilat metabolizması	-2.2
1619641_at	Q719E3	Maturase K (Fragment)	Vitis riparia	-	-2.2
1616563_s_at	Q5ZA96	Putative selenoprotein O	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.2
1613040_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.2
1613916_at	Q8S2I4	Isp4 protein-like	Oryza sativa subsp. japonica	Peptit transportu	-2.2
1619383_s_at	Q5CCQ0	Beta-D-galactosidase (EC 3.2.1.23)	Pyrus pyrifolia	Hücre dışı protein degradasyonu	-2.2
1615048_at	Q4JLS4	Hypothetical protein (Fragment)	Fragaria ananassa	Kalsiyum bağlayıcı	-2.2
1609626_at	Q9LXV3	2-oxoglutarate/malate translocator-like protein	Arabidopsis thaliana	C4-dikarboksilat transportu (malat, süksinat,fumarat vb.)	-2.2
1607015_at	Q6IDB3	At3g09860	Arabidopsis thaliana	-	-2.2
1619139_at	Q9FNC9	Mitochondrial import receptor subunit TOM22 homolog (Translocase of outer membrane 22 kDa subunit homolog) (TOM9)	Arabidopsis thaliana	Mitokondriyal transport	-2.2
1610176_at	Q94ID7	Geranylgeranyl diphosphate synthase (EC 2.5.1.30)	Hevea brasiliensis	İzoprenoid metabolizması	-2.2
1606941_at	Q9ZQX6	ETO1-like protein 1 (Ethylene overproducer 1-like protein 1)	Arabidopsis thaliana	Etilen cevabı	-2.2
1617027_at	Q84Y95	CAXIP1 protein	Arabidopsis thaliana		-2.2
1609733_at	P50346	60S acidic ribosomal protein P0	Glycine max	Ribozomal proteinler	-2.2
1619413_at	Q9XIR0	F13O11.15 protein (At1g64850/F13O11_15) (Hypothetical protein)	Arabidopsis thaliana	-	-2.3
1617320_at	Q9LW90	DC1.2 homologue	Nicotiana tabacum	Hücre dışı metabolizması	-2.3
1607280_at	Q9LIC2	Multispanning membrane protein-like	Arabidopsis thaliana	-	-2.3
1621735_at	Q8RXP3	Hypothetical protein At1g47740	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış	-2.3

				proteinler	
1621407_at	Q8LCZ3	Formamidase-like protein	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	-2.3
1619486_at	Q5BTE0	SJCHGC01967 protein	Schistosoma japonicum	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.3
1608740_at	Q7X752	OSJNBb0070J16.13 protein (OSJNBb0072M01.9 protein)	Oryza sativa subsp. japonica	-	-2.3
1609803_s_at	P52855	60S acidic ribosomal protein P1 (L12)	Zea mays	Ribozomal proteinler	-2.3
1612181_at	Q67YC9	Hypothetical protein At4g14100	Arabidopsis thaliana	-	-2.3
1615282_s_at	Q84UC9	Rapid alkalization factor 1	Populus trichocarpa x Populus deltoides	Büyüme düzenleyiciler/hücre büyüklüğünün düzenlenmesi	-2.3
1617913_at	Q9M7N6	MFP1 attachment factor 1	Solanum lycopersicum	-	-2.3
1610481_at	Q5WA73	Hypothetical protein P0681F10.43	Oryza sativa subsp. japonica	Hastalık, virülens ve savunma	-2.3
1622209_at	Q6SRZ9	YABBY-like transcription factor PROLONGATA	Antirrhinum majus	Transkripsiyon aktivasyonu	-2.3
1614941_s_at	Q5XLE1	Immunophilin	Zea mays	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-2.3
1606811_at	Q39011	Shaggy-related protein kinase eta (EC 2.7.1.-) (ASK-eta)	Arabidopsis thaliana	Brassinosteroid cevabı	-2.3
1611657_at	O64588	Hypothetical protein At2g34680	Arabidopsis thaliana	Oksin cevabı	-2.3
1612763_at	Q9M4H8	Putative ripening-related protein	Vitis vinifera	Hücre dışı metabolizması	-2.4
1611346_at	Q8S9I8	At1g64350/F15H21_2	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.4
1606926_at	Q7XZZ1	Hypothetical protein OSJNBa0093M23.4 (Putative Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, C subunit)	Oryza sativa subsp. japonica	Protein sentezi	-2.4
1617573_at	Q8L9X7	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	-	-2.4
1616712_at	Q9C9C5	Putative 60S ribosomal protein L6; 24498-	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-2.4

		25922 (Putative 60S ribosomal protein L6)			
1611519_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.4
1614903_at	Q9FGJ4	Putative acyl carrier protein	Arabidopsis thaliana	Lipit, yağ asidi ve izoprenoid metabolizması	-2.4
1612602_at	Q6RH11	40S ribosomal protein S5	Capsicum annuum	Ribozomal proteinler	-2.4
1614368_a_at	Q39684	AX110P	Daucus carota		-2.4
1617246_s_at	Q8LJW0	40S ribosomal S4 protein	Glycine max	Ribozomal proteinler	-2.4
1606998_at	Q4JLV6	Pectate lyase	Gossypium hirsutum	Hücre dışı protein degradasyonu	-2.4
1614186_at	Q5EAF4	At5g14500	Arabidopsis thaliana	C-bileşenlive karbonhidrat metabolizması	-2.4
1608641_at	Q8LDU7	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.4
1618297_s_at	Q4JLV6	Pectate lyase	Gossypium hirsutum	Hücre dışı protein degradasyonu	-2.4
1618606_at	Q41135	Beta-ketoacyl-ACP synthase precursor	Ricinus communis	Yağ asidi biyosentezi	-2.4
1611746_at	Q8LN37	Hypothetical protein OSJNBa0053C23.22	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.4
1609685_at	O65693	Putative ribosome-binding factor A, chloroplast precursor	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-2.4
1609603_s_at	Q9M551	Polyubiquitin	Populus tremula x Populus tremuloides	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	-2.4
1607227_s_at	Q84M38	Hypothetical protein OSJNBa0059E14.7	Oryza sativa subsp. japonica	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-2.4
1618087_at	Q84LE7	RelA-SpoT like protein RSH1	Nicotiana tabacum	Nükleotit biyosentezi	-2.4
1610547_at	Q6Y0Z6	RGC2-like protein (Fragment)	Helianthus annuus	Stres cevabı	-2.4
1619538_at	Q9XIN6	Expressed protein	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.5
1614470_at	Q8W2K0	Forever young oxidoreductase	Solanum lycopersicum	-	-2.5



1609206_at	Q94A57	AT3g24120/MUJ8_3 (Transfactor, putative)	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	-2.5
1608577_s_at	Q39336	Guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein	Brassica napus	Küçük GTPaz aracılı sinyal iletimi	-2.5
1610753_at	Q6ZBZ8	Hypothetical protein P0493A04.32	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.5
1619816_at	Q9ZT04	Clone MS51 unknown mRNA. (Fragment)	Medicago sativa	Ribozomal proteinler	-2.5
1621118_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.5
1612626_at	Q45KX4	Putative 60S ribosomal protein L35	Rheum australe	Ribozomal proteinler	-2.5
1610451_s_at	Q9MAC4	T4P13.18 protein	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.5
1619418_at	Q7XJ93	Putative bHLH transcription factor	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	-2.5
1621895_at	O63066	Preprotein translocase secY subunit, chloroplast precursor (CpSecY)	Zea mays	-	-2.5
1622374_at	Q41350	Osmotin-like protein precursor	Solanum lycopersicum	Stres cevabı	-2.6
1608611_at	Q6AUK1	Hypothetical protein OSJNBb0006J12.20 (Hypothetical protein OJ1174_H11.3)	Oryza sativa subsp. japonica	-	-2.6
1611955_at	Q5U9G0	Chloroplast fatty acid desaturase 6	Olea europaea subsp. europaea	Yağ asidi metabolizması	-2.6
1616726_at	Q9SHU7	Expressed protein (At2g15290/F27O10.6) (Hypothetical protein At2g15290)	Arabidopsis thaliana	-	-2.64
1608799_at	Q4ABV3	52O08_4	-	Hücre dışı metabolizması	-2.6
1613666_at	Q9SFF6	Putative pectinacetylsterase (AT3g05910/F2O10_3)	Arabidopsis thaliana	C-bileşenli ve karbonhidrat metabolizması	-2.6
1612542_at	Q9LV36	Emb CAB36779.1 (Hypothetical protein At3g18050; MRC8.3) (Hypothetical protein At3g18050)	Arabidopsis thaliana	-	-2.6
1617854_at	Q9S9N6	T24D18.8 protein (At1g15980/T24D18_8) (Hypothetical protein)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.6
1617326_at	Q8VY96	Hypothetical protein At5g12130; MXC9.9 (Hypothetical protein At5g12130)	Arabidopsis thaliana	Taşınan bileşikler (substrat)	-2.6
1612504_s_at	Q84WG2	Putative VAMP protein SEC22	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	-2.6

1618871_at	Q82L96	Putative membrane protein	Streptomyces avermitili	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	-2.7
1612461_at	Q7XIF7	Hypothetical protein P0005E02.120 (Hypothetical protein OJ1197_D06.113)	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.7
1610899_at	Q84UT6	Perchloric acid soluble translation inhibitor protein homolog	Gentiana triflora	12.04 translation	-2.7
1622712_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.7
1612906_at	Q682Z9	Hypothetical protein At5g13410 (Fragment)	Arabidopsis thaliana	-	-2.7
1611487_at	Q8GZV0	Obtusifoliol-14-demethylase	Gentiana triflora	Tetrasiklik ve pentasiklik triterpenler	-2.7
1611238_at	Q8L604	Hypothetical protein At1g65230	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-2.7
1609902_at	Q75HJ3	Putative TCP-1/cpn60 chaperonin family protein	Oryza sativa subsp. japonica	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-2.7
1606878_at	Q6ETQ7	Hydroxyproline-rich glycoprotein-like	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.7
1611604_at	Q8LPJ3	Alpha-mannosidase	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	-2.8
1615444_at	Q93XI2	BURP domain-containing protein (Fragment)	-	Stres cevabı	-2.8
1619813_at	Q9LY87	Hypothetical protein F18O22_210 (Hypothetical protein At5g14420)	Arabidopsis thaliana	-	-2.8
1609184_at	Q9LUC5	Cytochrome P450	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	-2.8
1610195_at	Q5Z907	Putative T complex protein	Oryza sativa subsp. japonica	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-2.8
1608038_at	Q9SV72	Hypothetical protein At4g12970	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.87
1609053_at	Q9SH90	Hypothetical protein At2g37970; T8P21.12 (Hypothetical protein At2g37970)	Arabidopsis thaliana	Işık algılama ve cevabı	-2.8
1609399_a_at	Q6YW54	Putative transformer-SR ribonucleoprotein	Oryza sativa subsp.	1Nükleotit bağlayıcı	-2.9

			japonica		
1622002_at	Q8GZ47	Hypothetical protein At5g26850/F2P16_110 (At5g26850)	Arabidopsis thaliana	-	-2.9
1614131_at	Q8VWW0	Polyphosphoinositide binding protein	Gossypium hirsutum	Polifosfoinozitol aracılı sinyal iletimi	-2.9
1607859_at	Q8LGJ4	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.9
1615470_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.9
1610683_at	Q7XAB7	Cyclin D3-2	Euphorbia esula	Hücre döngüsü	-2.9
1619695_at	Q9LYF6	Hypothetical protein T22P22_130 (Arabinogalactan protein) (AT5g11740/T22P22_130)	Arabidopsis thaliana	Hücre duvarı	-2.9
1616083_at	Q9ZR63	Hexose transporter	Vitis vinifera	Şeker transportu	-2.9
1610955_s_at	Q9FS46	Putative aquaporin	Vitis vinifera	Kanal/por grubu transport	-3.0
1607049_s_at	Q45W73	Type 2 metallothionein	Arachis hypogaea	Ağır metal bağlayıcı (Cu, Fe, Zn)	-3.0
1607975_s_at	Q940B0	Putative 60S ribosomal protein	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-3.0
1621050_at	Q8LP96	Moco containing protein (Moco containing protein(OsMCP))	Oryza sativa subsp. japonica	-	-3.0
1613992_at	O49235	2,4-D inducible glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)	Glycine max	Oksin cevabı	-3.0
1622770_at	O65186	Cellulase	Fragaria ananassa	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.0
1610477_s_at	P11796	Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial precursor (EC 1.15.1.1)	Nicotiana glauca	Oksijen ve radikal detoksifikasyon	-3.0
1617988_at	O82299	Putative chloroplast RNA binding protein	Arabidopsis thaliana	RNA bağlayıcı	-3.1
1618135_at	Q94F49	AT5g27670/F15A18_130	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-3.1
1611203_at	Q4JR85	Dehydroascorbate reductase	Medicago truncatula	Oksijen ve radikal detoksifikasyon	-3.1
1617739_at	Q38696	Xyloglucan endotransglycosylase precursor	Actinidia deliciosa	40.01 cell growth / morphogenesis	-3.1

1616717_at	Q8RW14	Aux/IAA protein	Populus tremula x Populus tremuloides	Oksin cevabı	-3.1
1614851_s_at	-	-		Sınıflandırılmamış proteinler	-3.2
1617099_at	Q6K635	Putative co-chaperone CGE1 isoform b	Oryza sativa subsp. japonica	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	-3.2
1616525_s_at	Q6RW44	Ly200 protein	Capsicum annuum	-	-3.2
1615216_at	P23525	37 kDa inner envelope membrane protein, chloroplast precursor (E37)	Spinacia oleracea	-	-3.2
1620896_at	P93205	SBT2 protein (Subtilisin-like protease)	Solanum lycopersicum	Protein degradasyonu	-3.2
1613103_at	Q9LZS7	Hypothetical protein F17C15_30 (Putative lipase/acylhydrolase) (Hypothetical protein At5g03610)	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	-3.2
1612114_at	Q84JF5	Hypothetical protein At4g20120	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-3.3
1612026_at	O82320	Hypothetical protein At2g25770	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-3.3
1609193_at	Q5JMG0	Hypothetical protein P0512C01.49-2 (Hypothetical protein P0403C05.1-2)	Oryza sativa subsp. japonica	-	-3.4
1612522_at	Q9LEV5	Hypothetical protein T30N20_110	Arabidopsis thaliana	Taşınan bileşikler (substrat)	-3.4
1616316_at	Q9FXI1	F6F9.12 protein	Arabidopsis thaliana		-3.4
1620623_at	Q9MB62	Phytoeyanin-related protein	Ipomoea nil	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	-3.4
1609045_at	Q3KN69	Isoflavone reductase-like protein 4	Vitis vinifera	Stilben, flavonid biyosentezi	-3.4
1612743_at	Q4LB27	OSJNBa0042L16.19 protein	Oryza sativa subsp. japonica	Ribozomal proteinler	-3.4
1611669_at	Q8S081	Putative Rac GDP-dissociation inhibitor 1	Oryza sativa subsp. japonica	Küçük GTPaz aracılı sinyal iletimi	-3.4
1607705_at	Q9SSU7	Endo-1,4-beta-glucanase	Pisum sativum	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.5
1617154_at	Q9LLS6	60S ribosomal protein L2 (Fragment)	Nicotiana tabacum	Ribozomal proteinler	-3.5

1614293_at	Q84VQ4	DnaJ domain family	Arabidopsis thaliana	Protein katlanması ve stabilizasyonuzat	-3.5
1622737_at	P40283	Histone H2B	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-3.5
1607374_at	Q7XAS3	Beta-D-glucosidase	Gossypium hirsutum	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.6
1614836_s_at	Q96551	S-adenosylmethionine synthetase 1 (EC 2.5.1.6) (Methionine adenosyltransferase 1) (AdoMet synthetase 1)	Catharanthus roseus	Metionin metabolizması	-3.6
1609202_at	Q9FQE1	Glutathione S-transferase GST 17 (EC 2.5.1.18)	Glycine max	Glutasyon konjugasyon reaksiyonu	-3.7
1608194_at	Q8RXS1	Hypothetical protein At1g18730	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-3.7
1619775_at	Q6Z671	Putative chloroplast nucleoid DNA-binding protein cnd41	Oryza sativa subsp. japonica	Protein işlenmesi (Proteolitik)	-3.7
1608056_at	O65759	Histone H2A	Cicer arietinum	DNA topoloji	-3.8
1614976_at	Q9FS46	Putative aquaporin	Vitis vinifera	Kanal/por grubu transport	-3.9
1609873_at	Q8W593	At1g67280/F1N21_10 Glyoxalase I	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	-3.9
1612611_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-4.0
1609071_x_at	Q4JLS4	Hypothetical protein (Fragment)	Fragaria ananassa	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	-4.1
1613521_at	Q45W73	Type 2 metallothionein	Arachis hypogaea	Ağır metal bağlayıcı (Cu, Fe, Zn)	-4.1
1607897_at	Q5EDG3	GASA2-like protein	Pelargonium zonale	Giberellik asit cevabı	-4.1
1608892_at	Q6X5R6	Lipoxygenase (Fragment)	Nicotiana attenuata	Yağ asidi oksidasyonu	-4.1
1611350_at	Q8H9B7	Putative lipid transfer protein	Solanum tuberosum	Lipit transportu	-4.2
1616038_at	Q6Z3S5	Hypothetical protein OSJNBa0025J22.29	Oryza sativa subsp. japonica	-	-4.3
1619097_a_at	P35007	Adenosylhomocysteinase (EC 3.3.1.1) (S-	Catharanthus roseus	Metionin metabolizması	-4.3

		adenosyl-L-homocysteine hydrolase) (AdoHcyase)			
1607523_at	Q8RW43	TCP1 protein	Lupinus albus	Transkripsiyon aktivasyonu	-4.3
1618576_at	Q94FT5	Pectate lyase (Fragment)	Fragaria ananassa	Hücre dışı protein degradasyonu	-4.4
1620400_at	Q7XAJ6	Putative pathogenesis related protein 1 precursor	Vitis vinifera	Stres cevabı	-4.5
1622440_at	Q53WV5	Histone 3	-	DNA topoloji	-4.5
1618944_at	P59226	Histone H3	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-4.6
1619522_at	Q94B17	Putative beta-galactosidase BG1	Vitis vinifera	Polisakkarit degradasyonu	-4.6
1609337_at	P42795	60S ribosomal protein L11-1 (L16A)	Arabidopsis thaliana	Ribozomal proteinler	-4.6
1613635_at	Q6ZIK0	Putative gamma-tocopherol methyltransferase	Oryza sativa subsp. japonica	-	-4.6
1613962_at	Q9LZ27	Hypothetical protein T1E3_60 (Genomic DNA, chromosome 5, P1 clone:MUK11)	Arabidopsis thaliana	-	-4.6
1620374_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-4.9
1606610_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-5.0
1617423_at	Q9S7M6	Glutathione S-transferase 2 (EC 2.5.1.18) (Glutathione S-transferase 1)	Papaver somniferum	Glutasyon konjugasyon reaksiyonu	-5.1
1617444_s_at	Q6X5R6	Lipoxygenase (Fragment)	Nicotiana attenuata	Yağ asidi oksidasyonu	-5.2
1609268_at	Q8RWE8	L-galactose guanyltransferase (At4g26850)	Arabidopsis thaliana	Vitamin, kofaktör ve prostetik grup biyosentezi	-6.1
1613075_at	O65334	SAR DNA-binding protein-1	Pisum sativum	DNA bağlayıcı	-6.2
1622535_at	Q84WE4	Putative ripening-related protein (At5g20740)	Arabidopsis thaliana	Hücre dışı metabolizması	-6.8
1619449_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-7.0
1618911_at	Q07090	Thioredoxin H-type 2 (TRX-H2)	Nicotiana tabacum	Elektron/hidrojen transportu	-7.0
1615527_at	Q94K16	Hypothetical protein F21O3.22 (Hypothetical protein At3g07510)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-7.2

1612160_at	P50699	Thaumatococcus-like protein precursor	Arabidopsis thaliana	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	-8.1
1621384_at	Q8LGR5	Proline rich protein 2	Vitis vinifera	Hücre duvarı	-8.8
1608175_at	Q93YX9	Lipid transfer protein	-	Lipit transportu	-13.6
1621112_s_at	Q9ZUY6	Putative dTDP-glucose 4-6-dehydratase (At2g27860/F15K20.4) (UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase) (Hypothetical protein)	Arabidopsis thaliana	Polisakkarit metabolizması	-15.5
1619608_at	P10795	Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1A, chloroplast precursor (EC 4.1.1.39) (RuBisCO small subunit 1A)	Arabidopsis thaliana	Fotosentez	-21.6
1612848_x_at	P10795	Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1A, chloroplast precursor (EC 4.1.1.39) (RuBisCO small subunit 1A)	Arabidopsis thaliana	Fotosentez	-22.1
1613067_at	Q4VT47	RD22-like protein	Vitis vinifera	Ozmotik ve tuz stresine cevap	-27.7
1619164_at	Q4VT47	RD22-like protein	Vitis vinifera	Ozmotik ve tuz stresine cevap	-46.0

Ek 5. Tuz stresi ile ifadesi değişen CS çeşidine özgü transkriptler (Sayfa 149-164)

<b>BLASTX uyumu (UniProt veritabanı)</b>					
<b>Probe Set ID</b>	<b>Uniprot</b>	<b>En uygun tanımlama</b>	<b>Tanımlamanın ait olduğu organizma</b>	<b>Fonksiyonel Sınıflandırma (MIPS 2.0-FunCat)</b>	<b>Kat Sayı</b>
1608656_at	Q6I656	RING zinc finger protein (Fragment)	Citrullus lanatus	UniQuinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	10.8
1612351_at	Q9M4G8	Putative ripening-related P-450 enzyme	Vitis vinifera	Metabolizma	8.0
1618589_s_at	Q9ZRC7	Actinorizal nodulin AgNOD-GHRP	Alnus glutinosa	Lipit transportu	7.5
1616731_at	Q84N27	CCR protein	x Citrofortunella microcarpa	Ritim (sirkadyan, ultradyan vb.)	7.2
1619916_s_at	Q69D51	Beta-1,3-glucanase	Vitis riparia	Hücre dışı protein degradasyonu	6.9
1616694_at	Q94KS0	Histidine-containing phosphotransfer protein	Catharanthus roseus		4.9
1610741_at	Q7XJV3	OSJNBa0016O02.17 protein	Oryza sativa subsp. japonica	Ağır metal iyonu transportu (Cu, Fe vb)	4.9
1621563_x_at	Q9M560	Caffeic acid O-methyltransferase	Vitis vinifera	Fenilpropanoid biyosentezi	4.8
1621817_at	O80763	T13D8.29 protein (Hypothetical protein At1g60420)	Arabidopsis thaliana	Elektron/hidrojen transportu	4.5
1611422_at	Q53M57	Expressed protein	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	4.5
1616990_s_at	Q43681	Probable nonspecific lipid-transfer protein AKCS9 precursor (LTP)	Vigna unguiculata	Lipit transportu	4.4
1615001_s_at	Q941D7	Hypothetical protein (Expressed protein) (At2g38901/At2g38901)	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	4.4
1620816_at	O80506	Expressed protein (At2g44670/F16B22.16) (Hypothetical protein At2g44670)	Arabidopsis thaliana	-	4.1
1622844_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış	4.0



				proteinler	
1617470_s_at	Q9FKS8	Amino acid permease (AT5g40780/K1B16_3)	Arabidopsis thaliana	Amino asit transportu	3.9
1621072_at	Q9FZ95	F3H9.12 protein	Arabidopsis thaliana	Nükleotit transportu	3.9
1608907_s_at	Q9XGN4	Galactinol synthase, isoform GolS-1 (EC 2.4.1.123)	Ajuga reptans	Ozmotik ve tuz stresine cevap	3.9
1616808_at	Q45KQ0	Cellulose synthase-like protein CsIE	Nicotiana tabacum	Polisakkarit biyosentezi	3.8
1613220_at	Q9SBR6	Enod93 protein	Medicago sativa subsp. varia	-	3.8
1610175_at	Q5KS41	FOLDED PETALS	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	3.7
1610094_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	3.7
1616437_at	Q9SDZ2	2'-hydroxy isoflavone/dihydroflavonol reductase homolog (Fragment)	Glycine max	Fenilpropanoid biyosentezi	3.6
1612999_at	O80890	Putative cellulose synthase	Arabidopsis thaliana	Polisakkarit metabolizması	3.6
1610344_at	Q93V70	At1g21000/F9H16_1	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	3.6
1622630_s_at	Q4F886	DT-related protein	Oryza sativa subsp. japonica	Metabolizma	3.5
1614186_at	Q5EAF4	At5g14500	Arabidopsis thaliana	C-bileşenlive karbonhidrat metabolizması	3.5
1615939_at	Q6K963	Putative callose synthase 1 catalytic subunit	Oryza sativa subsp. japonica	Polisakkarit metabolizması	3.5
1612552_at	Q9C9W8	Putative S-adenosyl-L-methionine:salicylic acid carboxyl methyltransferase;	Arabidopsis thaliana	Diğer bitki sinyal molekülleri (Jasmonik asit, salisilik asit vb.)	3.4
1615439_at	P30359	Cinnamyl-alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.195) (CAD)	Nicotiana tabacum	Lignin biyosentezi	3.4
1621610_at	Q94A22	AT4g28240/F26K10_120 (Putative wound-induced protein)	Arabidopsis thaliana	Mekanik uyaran cevabı	3.4
1618256_at	Q9SD04	Mucin-like protein	Arabidopsis thaliana	Stilben, flavonid biyosentezi	3.4

		(AT3g51450/F26O13_90)			
1617692_at	Q851F6	Hypothetical protein OSJNBb0011H13.6	Oryza sativa subsp. japonica	Stres cevabı	3.4
1611149_at	Q3Y6V1	Cellulose synthase-like protein CslG	-	Polisakkarit biyosentezi	3.4
1620019_at	Q9SZP6	Hypothetical protein F20M13.250 (AT4g38690/F20M13_250) (Hypothetical protein AT4g38690)	Arabidopsis thaliana	-	3.3
1619852_s_at	Q93WS1	Selenium binding protein	Medicago sativa	Bağlanma/kofaktör	3.3
1613619_at	Q9SW68	Cytochrome like protein (Fragment)	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	3.3
1616954_s_at	Q8ILV0	Hypothetical protein	Plasmodium falciparum		3.3
1620450_s_at	Q8LLD9	BEL1-related homeotic protein 29 (Fragment)	Solanum tuberosum	Transkripsiyon aktivasyonu	3.2
1620928_at	Q9M4S1	H <sup>+</sup> -pyrophosphatase (EC 3.6.1.1)	Vitis vinifera	İyon transportu	3.2
1621439_s_at	Q8GXD3	Hypothetical protein At4g01670/T15B16_23	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	3.1
1619941_at	Q69WP7	Putative serine/threonine kinase	Oryza sativa subsp. japonica	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	3.0
1619464_at	Q84JL6	Hypothetical protein At1g79160	Arabidopsis thaliana	-	3.0
1618155_at	Q40288	Flavonol 3-O-glucosyltransferase 6 (EC 2.4.1.91) (UDP-glucose flavonoid 3-O-glucosyltransferase 6) (Fragment)	Manihot esculenta	Fenilpropanoid biyosentezi	3.0
1611800_at	Q45TE3	Senescence-associated protein	Nicotiana tabacum	Senesens	3.0
1619178_at	Q94E74	Putative ER6 protein	Oryza sativa subsp. japonica	Stres cevabı	3.0
1617742_at	Q8LLD9	BEL1-related homeotic protein 29 (Fragment)	Solanum tuberosum	Transkripsiyon aktivasyonu	3.0
1606726_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	3.0
1616434_s_at	Q9M560	Caffeic acid O-methyltransferase	Vitis vinifera	Fenilpropanoid biyosentezi	3.0
1621790_at	Q9XIS5	Starch branching enzyme (EC 2.4.1.18)	Phaseolus vulgaris	Nişasta biyosentezi	3.0

1621826_at	O80843	Hypothetical protein At2g45760	Arabidopsis thaliana	Tetrasiklik ve pentasiklik triterpenler	2.9
1616957_s_at	Q6R4Q6	Hypothetical protein	Vitis riparia	C-bileşenlive karbonhidrat metabolizması	2.9
1610809_at	Q8GXD3	Hypothetical protein At4g01670/T15B16_23	Arabidopsis thaliana		2.9
1619984_at	Q9ZRS1	Amino acid carrier	Ricinus communis	Amino asit transportu	2.9
1616426_at	Q4VT47	RD22-like protein	Vitis vinifera	Ozmotik ve tuz stresine cevap	2.8
1613390_at	Q8RUN6	AT3g19170/MVI11_8 (Putative metalloprotease)	Arabidopsis thaliana	Protein degradasyonu	2.8
1609874_at	Q6R3R2	CONSTANS-like protein CO1	Populus deltoides	Transkripsiyon aktivasyonu	2.8
1609165_at	Q9LUG8	Similarity to endo-1 (AT3g23600/MDB19_9) (Contains similarity to endo-1,3-1,4-beta-D-glucanase)	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	2.8
1610384_s_at	Q9SSL1	F15H11.6 protein (Zinc finger and C2 domain protein, putative) (Hypothetical protein At1g70810)	Arabidopsis thaliana	Küçük GTPaz aracılı sinyal iletimi	2.8
1611269_s_at	Q7RYY8	Hypothetical protein NCU06427.1	Neurospora crassa	Fosforilasyon, defosforilasyon ve otofosforilasyon ile modifikasyon	2.7
1607971_at	Q9SJ02	Expressed protein (Hypothetical protein) (Stress enhanced protein 2)	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	2.7
1617035_s_at	Q9XGN4	Galactinol synthase, isoform GolS-1 (EC 2.4.1.123)	Ajuga reptans	Ozmotik ve tuz stresine cevap	2.7
1615596_s_at	Q9ZNU9	Putative zinc finger protein	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.7
1616636_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.7
1611506_x_at	P25050	Collagen-like protein	Saimiriine herpesvirus 2	Henüz net olarak sınıflandırılmayan	2.7

				proteinler	
1607541_at	Q8T4N5	EP-repeat protein precursor	<i>Glossina palpalis palpalis</i>	Hücre duvarı	2.7
1614364_at	O04646	A_TM021B04.14 protein (Hypothetical protein At5g27280)	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Sınıflandırılmamış proteinler	2.69
1608558_s_at	Q6EJA5	Clt1	<i>Poncirus trifoliata</i>	Stres cevabı	2.6
1610057_at	Q6ELF9	Poly(A)-binding protein C-terminal interacting protein 6	<i>Cucumis sativus</i>	RNA bağlayıcı	2.6
1614880_s_at	Q9XG10	Lectin	<i>Glycine max</i>	Şeker bağlayıcı	2.6
1621418_at	Q40285	Flavonol 3-O-glucosyltransferase 2 (EC 2.4.1.91) (UDP-glucose flavonoid 3-O-glucosyltransferase 2) (Fragment)	<i>Manihot esculenta</i>	Fenilpropanoid biyosentezi	2.6
1618058_at	Q6V7U8	Putative anthocyanin permease	<i>Solanum lycopersicum</i>	C-compound ve karbonhidrat transportu	2.6
1612418_at	Q9C9F7	Hypothetical protein T22E19.15 (Hypothetical protein At1g68220; T22E19.15)	<i>Arabidopsis thaliana</i>	-	2.6
1615619_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.6
1609632_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.6
1620203_at	Q9C9V7	Hypothetical protein T23K23.24 (At1g67910)	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5
1620242_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5
1615541_s_at	O23089	A_TM018A10.6 protein (Hypothetical protein At4g00880)	<i>Arabidopsis thaliana</i>	-	2.5
1619486_at	Q5BTE0	SJCHGC01967 protein	<i>Schistosoma japonicum</i>	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	2.5
1609696_x_at	P28343	Stilbene synthase 1 (EC 2.3.1.95) (Resveratrol synthase 1) (Trihydroxystilbene synthase 1)	<i>Vitis vinifera</i>	Stilben, flavonid biyosentezi	2.5

		(PSV25)			
1607095_s_at	Q4U123	Cysteine proteinase inhibitor	Populus tomentosa	Proteaz inhibitörü	2.5
1612397_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5
1610007_at	Q9M4U6	Histone H1 variant	Solanum chilense	DNA topoloji	2.5
1610522_a_at	Q75GV0	Putative leucine-rich repeat receptor kinase (Leucine Rich Repeat, putative)	Oryza sativa subsp. japonica	Tl-reseptör sinyal yolağı	2.5
1610323_at	Q6EJA5	Clt1	Poncirus trifoliata	Stres cevabı	2.5
1606722_at	Q6VAF6	Tubulin beta-6 chain (Beta-6 tubulin)	Gossypium hirsutum	Ozmotik ve tuz stresine cevap	2.5
1617698_at	Q9FYH8	F17F8.22 (Hypothetical protein At1g30910/F17F8_22) (Hypothetical protein At1g30910)	Arabidopsis thaliana	-	2.5
1619263_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.5
1610850_at	P28343	Stilbene synthase 1 (EC 2.3.1.95) (Resveratrol synthase 1) (Trihydroxystilbene synthase 1) (PSV25)	Vitis vinifera	Stilben, flavonid biyosentezi	2.5
1617307_at	Q9ZT50	RING-H2 zinc finger protein RHA2a	Arabidopsis thaliana	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.4
1609671_at	Q9M8K1	F28L1.11 protein	Arabidopsis thaliana	-	2.4
1615588_at	Q945P5	AT3g62580/T12C14_280	Arabidopsis thaliana	-	2.4
1618422_s_at	Q7XJV3	OSJNBa0016O02.17 protein	Oryza sativa subsp. japonica	Ağır metal iyonu transportu (Cu, Fe vb)	2.4
1617166_s_at	Q9M4H2	Putative ripening-related protein	Vitis vinifera	Kanal/por grubu transport	2.4
1607645_at	P16273	Pathogen-related protein	Hordeum vulgare	Stres cevabı	2.4
1621178_at	O65645	ATM-like protein	Arabidopsis thaliana	Polifosfoinozitol aracılı sinyal iletimi	2.4
1607895_at	Q6EEW1	Cyclin T1	Medicago truncatula	Hücre döngüsü	2.4
1608186_at	Q5UCF4	Senescence-associated protein DH	Zea mays	Senesens	2.4

1619325_at	Q9LUC5	Cytochrome P450	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	2.4
1620607_s_at	O82256	Putative zinc finger protein CONSTANS-LIKE 13	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.3
1622325_a_at	Q8LPM2	CDPK-like protein	Solanum tuberosum	-	2.3
1609597_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.3
1607353_at	Q9LVB9	Emb CAB83157.1 (Hypothetical protein At5g56550)	Arabidopsis thaliana	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	2.3
1610511_at	Q9LIP7	Cytochrome P450	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	2.3
1614953_at	P81392	MYB-related protein 306	Antirrhinum majus	Transkripsiyon aktivasyonu	2.3
1620060_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.3
1608615_at	Q6L6S0	Beta-cyanoalanine synthase (Fragment)	Diospyros kaki	Sistein biyosentezi	2.3
1615976_at	Q08375	Acetyl-CoA acyltransferase (3- ketoacyl-coa thiolase) (EC 2.3.1.16)	Cucumis sativus	Asetil-CoA yolağı	2.3
1618892_at	Q93VA1	Selenium binding protein	Lotus japonicus	Bağlanma/kofaktör	2.3
1609497_at	Q8LD91	Heat shock protein, putative	Arabidopsis thaliana	Protein katlanması ve stabilizasyonuzation	2.3
1614616_at	Q7Y0D4	Putative thioredoxin-like protein	Oryza sativa subsp. japonica	Elektron/hidrojen transportu	2.2
1613186_at	Q9ZNU9	Putative zinc finger protein	Arabidopsis thaliana	Transkripsiyon aktivasyonu	2.2
1611591_at	Q9C973	Putative sulfate transporter; 22471- 23865 (Putative sulfate transporter protein)	Arabidopsis thaliana	Sülfat transportu	2.2
1622074_at	Q84JP7	Phosphoenolpyruvate carboxylase kinase 2	Solanum lycopersicum	Fotosentez	2.2
1622811_at	Q9XIQ1	Putative cytochrome p450 protein	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	2.2
1616798_s_at	Q9C757	Hypothetical protein F12P21.2 (Hypothetical protein At1g30220)	Arabidopsis thaliana	Şeker transportu	2.2
1613978_at	Q6UEI6	EARLY flowering 4 protein	Mesembryanthemum crystallinum	Çiçek gelişimi	2.2

1620722_at	Q8GVF6	Pyrrolidone carboxyl peptidase-like protein	Oryza sativa subsp. japonica	Protein işlenmesi (Proteolitik)	2.2
1608527_at	Q9FJ95	Putative sorbitol dehydrogenase	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	2.2
1617578_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.2
1618866_s_at	Q9LUG8	Similarity to endo-1 (AT3g23600/MDB19_9) (Contains similarity to endo-1,3-1,4-beta-D-glucanase)	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	2.2
1613763_at	Q9LYS2	ABC transporter-like protein	Arabidopsis thaliana	ABC transportörler	2.2
1617226_s_at	O65757	Putative Pi starvation-induced protein	-	Besin yetersizliğine cevap	2.2
1612223_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.2
1616936_s_at	Q8W576	Hypothetical protein (At1g61067/At1g61067)	Arabidopsis thaliana		2.2
1608623_s_at	P92934	Amino acid permease 6	Arabidopsis thaliana	Amino asit transportu	2.2
1607931_s_at	Q9SWA4	Histone H1C	Nicotiana tabacum	DNA topoloji	2.2
1615298_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.2
1613560_at	Q6K880	Putative dipeptidyl peptidase IV	Oryza sativa subsp. japonica	Protein işlenmesi (Proteolitik)	2.2
1619145_s_at	Q84QD0	EIL5	Nicotiana tabacum	-	2.2
1615778_at	Q9LXT4	Hypothetical protein T20N10_20 (Hypothetical protein At3g58670)	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1608601_at	Q8VYI3	At1g76150/T23E18_38	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1622660_at	Q58IU5	Non-intrinsic ABC protein (Fragment)	Nicotiana benthamiana	ABC transportörler	2.2
1607503_s_at	Q52QX4	Auxin-repressed protein-like protein ARP1	Manihot esculenta	Oksin cevabı	2.2
1613759_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.2
1608122_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış	2.2

				proteinler	
1618697_s_at	Q8LCM7	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	-	2.2
1616107_s_at	O23553	Putative beta-amylase (EC 3.2.1.2)	Arabidopsis thaliana	Polisakkarit degradasyonu	2.2
1612444_at	Q9SSK9	MLP-like protein 28	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	2.1
1618107_at	Q8W496	Hypothetical protein At4g25650	Arabidopsis thaliana	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	2.1
1621718_at	P49043	Vacuolar processing enzyme precursor (EC 3.4.22.-) (VPE)	Citrus sinensis	Protein işlenmesi (Proteolitik)	2.1
1622664_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.1
1617791_s_at	Q9LKW3	Dehydration-induced protein ERD15	Solanum lycopersicum	Ozmotik cevap	2.1
1611805_a_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.1
1622797_at	Q6UK15	Al-induced protein	Gossypium hirsutum	Stres cevabı	2.1
1615170_s_at	P25050	Collagen-like protein	Saimiriine herpesvirus 2	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	2.1
1614469_at	P93755	Putative CCCH-type zinc finger protein (At2g41900/T6D20.20)	Arabidopsis thaliana	-	2.1
1613772_s_at	Q52QX8	Cysteine protease CPI	Manihot esculenta	Protein degradasyonu	2.1
1615374_at	O22060	Sucrose-phosphate synthase 1 (EC 2.4.1.14) (UDP-glucose-fructose-phosphate glucosyltransferase 1)	Citrus unshiu	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	2.1
1619838_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.1
1621490_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	2.1
1618243_at	Q650Z9	Putative iron inhibited ABC transporter 2	Oryza sativa subsp. japonica	ABC transportörler	2.1
1622477_at	Q8L471	Hypothetical protein At3g22550	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	2.1
1608878_s_at	Q9LZX1	Hypothetical protein T20L15_20	Arabidopsis thaliana	-	2.1



		(AT5g01750/T20L15_20)			
1622402_at	Q84PH6	Putative ethylene receptor (Fragment)	Gossypioides kirkii	Etilen cevabı	2.1
1614760_at	Q6UEI4	FKF1	Mesembryanthemum crystallinum	Ritim (sirkadyan, ultradyan vb.)	2.1
1618265_at	Q9SPB9	Ubiquitin carrier protein 4	Glycine max	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.1
1622539_at	Q8LPI5	Putative WD-repeat protein	Arabidopsis thaliana	Nükleotit bağlayıcı	2.0
1621633_s_at	Q9LDX7	Hypothetical protein P0702F03.34 (Hypothetical protein P0708G02.7)	Oryza sativa subsp. japonica	Henüz net olarak sınıflandırılmayan proteinler	2.0
1615346_at	Q9LEN5	Hypothetical protein (Fragment)	Cicer arietinum	-	2.0
1612450_at	Q8L915	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1620352_at	O65386	F12F1.20 protein	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1617349_at	Q9M3Z3	Putative PTS protein	Cicer arietinum	Metabolizma	2.0
1613347_at	O04720	Cysteine proteinase inhibitor	Glycine max	Proteaz inhibitörü	2.0
1610796_at	Q75PK5	Mitogen-activated kinase kinase kinase alpha	Lotus japonicus	MAPKKK kaskad	2.0
1621314_s_at	Q6IVL3	Transcription factor DRE-binding factor 2	Gossypium hirsutum	Transkripsiyon aktivasyonu	2.0
1622100_at	O23089	A_TM018A10.6 protein (Hypothetical protein At4g00880)	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1611383_at	Q9C757	Hypothetical protein F12P21.2 (Hypothetical protein At1g30220)	Arabidopsis thaliana	Şeker transportu	2.0
1611555_at	Q9SS31	Calmodulin-like protein (At3g10190)	Arabidopsis thaliana	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	2.0
1610754_at	Q5SN76	Putative acyl-CoA synthetase	Oryza sativa subsp. japonica	Asetil-CoA yolağı	2.0
1606793_at	Q9LES0	Hypothetical protein T8M16_210 (Hypothetical protein At3g56880)	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	2.0
1621074_s_at	Q8LHP0	Hypothetical UPF0222 protein P0519E12.3	Oryza sativa subsp. japonica	Transkripsiyon aktivasyonu	2.0
1615940_at	Q8LER6	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana	-	2.0

1616118_at	O82390	Putative Na <sup>+</sup> -dependent inorganic phosphate cotransporter	Arabidopsis thaliana	Fosfat transportu	2.0
1622040_at	O65757	Putative Pi starvation-induced protein	Cicer arietinum	Besin yetersizliğine cevap	2.0
1617037_at	Q13247	Splicing factor, arginine/serine-rich 6 (Pre-mRNA splicing factor SRP55)	Homo sapiens	mRNA işlenmesi	2.0
1612557_at	Q9SB64	Hypothetical protein F22K18.110 (Hypothetical protein At4g24690; F22K18.110) (Hypothetical protein At4g24690)	Arabidopsis thaliana	-	2.0
1610321_s_at	Q7XR79	Ubiquitin-conjugating enzyme (EC 6.3.2.19) (Ubiquitin carrier protein)	Oryza sativa subsp. japonica	Uniquinasyon, deubiquinasyon ile modifikasyon	2.0
1612114_at	Q84JF5	Hypothetical protein At4g20120	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0
1617573_at	Q8L9X7	Hypothetical protein	Arabidopsis thaliana		-2.0
1614171_at	Q947H2	Ribosomal protein	Petunia hybrida	Ribozomal proteinler	-2.0
1609848_at	Q9ZNS1	40S ribosomal protein S7	Avicennia marina	Ribozomal proteinler	-2.0
1622059_at	Q9M6B3	Malate dehydrogenase	Vitis vinifera	Trikarboksilik asit yolağı	-2.0
1611086_at	Q9MBD4	Acyltransferase homolog	Petunia hybrida	Embriyonel gelişim	-2.0
1612076_at	Q6TKQ9	Ribosomal protein L3B	Nicotiana tabacum	Ribozomal proteinler	-2.0
1610753_at	Q6ZBZ8	Hypothetical protein P0493A04.32	Oryza sativa subsp. japonica	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.0
1608969_at	P43298	Putative receptor protein kinase TMK1 precursor (EC 2.7.1.-)	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı Annotation:	-2.0
1615444_at	Q93XI2	BURP domain-containing protein (Fragment)	Bruguiera gymnorhiza	Stres cevabı	-2.0
1617379_at	Q8L7V3	AT5g64030/MBM17_13	Arabidopsis thaliana	Metabolizma	-2.0
1614807_s_at	Q9M3T2	Alpha-tubulin	Betula pendula	Ozmotik ve tuz stresine cevap	-2.0
1606761_s_at	O23414	Hypothetical protein AT4g15630	Arabidopsis thaliana		-2.0
1619383_s_at	Q5CCQ0	Beta-D-galactosidase (EC 3.2.1.23)	Pyrus pyrifolia	Hücre dışı protein	-2.0

				degradasyonu	
1621455_at	Q9SJK1	Putative receptor-like protein kinase	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolu	-2.0
1617154_at	Q9LLS6	60S ribosomal protein L2 (Fragment)	Nicotiana tabacum	Ribozomal proteinler	-2.0
1622002_at	Q8GZ47	Hypothetical protein At5g26850/F2P16_110 (At5g26850)	Arabidopsis thaliana	-	-2.1
1607019_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.1
1612522_at	Q9LEV5	Hypothetical protein T30N20_110	Arabidopsis thaliana	Taşınan bileşikler (substrat)	-2.1
1612990_at	Q6RJY1	60S ribosomal protein L12	Capsicum annuum	Ribozomal proteinler	-2.1
1619083_at	Q3HVM3	Hypothetical protein	Solanum tuberosum		-2.1
1610451_s_at	Q9MAC4	T4P13.18 protein	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.1
1607851_at	Q8L685	Pherophorin-dz1 protein precursor	Volvox carteri f. nagariensis	Hücre duvarı	-2.1
1619011_at	Q9MAM3	T25K16.11 (Putative fatty acid elongase 3-ketoacyl-CoA synthase 1)	Arabidopsis thaliana	Stilben, flavonid biyosentezi	-2.2
1611613_at	Q9S944	Vacuolar invertase 1, GIN1	Vitis vinifera	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat katabolizması	-2.2
1614989_at	P00058	Cytochrome c	Gossypium barbadense	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	-2.2
1620374_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.2
1616508_at	Q9LVA0	Dbj BAA90612.1 (Hypothetical protein At5g62390)	Arabidopsis thaliana	Ca <sup>+</sup> aracılı sinyal iletimi	-2.2
1613718_s_at	-	-	-	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.2
1609873_at	Q8W593	At1g67280/F1N21_10 Glyoxalase I	Arabidopsis thaliana	Stres cevabı	-2.2
1610767_at	O65731	40S ribosomal protein S5 (Fragment)	Cicer arietinum	Ribozomal proteinler	-2.2
1611973_at	Q3HTK5	Pherophorin-C2 protein precursor	Chlamydomonas	Hücre duvarı	-2.2

			reinhardtii		
1612726_at	P62302	40S ribosomal protein S13	Glycine max	Ribozomal proteinler	-2.2
1611487_at	Q8GZV0	Obtusifoliol-14-demethylase	Nicotiana tabacum	Tetrasiklik ve pentasiklik triterpenler	-2.2
1610619_at	Q5I7L5	Ribosomal protein L36	Triticum aestivum	Ribozomal proteinler	-2.3
1622436_at	Q8H2J8	Putative 40S ribosomal protein S12	Oryza sativa subsp. japonica	Ribozomal proteinler	-2.3
1613165_s_at	Q9MBD7	L-idonate dehydrogenase	Prunus persica	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	-2.3
1611542_at	P43311	Polyphenol oxidase, chloroplast precursor (EC 1.10.3.1) (PPO) (Catechol oxidase)	Vitis vinifera	Tirozin metabolizması	-2.3
1606935_at	Q9SAK4	T8K14.14 protein (succinate-semialdehyde dehydrogenase (SSADH1))	Arabidopsis thaliana	Glutamat metabolizması	-2.3
1616919_s_at	Q6K8N7	Putative ribosomal protein L37	Oryza sativa subsp. japonica	Ribozomal proteinler	-2.3
1619641_at	Q719E3	Maturase K (Fragment)	Vitis riparia		-2.3
1611604_at	Q8LPJ3	Alpha-mannosidase	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, poliol ve karboksilat anabolizması	-2.4
1612329_at	Q69DC2	Anx1	Gossypium hirsutum	Vezikül füzyonu	-2.4
1621384_at	Q8LGR5	Proline rich protein 2	Vitis vinifera	Hücre duvarı	-2.4
1608038_at	Q9SV72	Hypothetical protein At4g12970	Arabidopsis thaliana	Sınıflandırılmamış proteinler	-2.4
1613008_at	Q69UI8	Putative acidic ribosomal protein P1a	Oryza sativa subsp. japonica	Ribozomal proteinler	-2.4
1610868_s_at	Q42962	Phosphoglycerate kinase, cytosolic (EC 2.7.2.3)	Nicotiana tabacum	Glikoliz ve glukoneogenez	-2.4
1618871_at	Q82L96	Putative membrane protein	Streptomyces avermitilis	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	-2.4
1612542_at	Q9LV36	Emb CAB36779.1 (Hypothetical protein At3g18050; MRC8.3)	Arabidopsis thaliana	-	-2.4

		(Hypothetical protein At3g18050)			
1610812_at	O23940	Acyl carrier protein	Fragaria vesca	Yağ asidi biyosentezi	-2.4
1614489_at	-	-	-	Kanal/por grubu transport	-2.4
1613067_at	Q4VT47	RD22-like protein	Vitis vinifera	Ozmotik ve tuz stresine cevap	-2.5
1612918_at	Q9FJ95	L-idonate dehydrogenase	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, polioli ve karboksilat anabolizması	-2.5
1612781_at	Q506K3	Squalene monooxygenase	Datura innoxia	tRNA sentezi	-2.5
1611328_at	O23628	Histone H2A.F/Z (At3g54560)	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-2.5
1614219_at	Q53WV5	Histone 3	-	DNA topoloji	-2.5
1610956_at	P21342	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase alpha subunit (EC 2.7.1.90) (PFP) (6-phosphofructokinase, pyrophosphate-dependent) (Pyrophosphate-dependent 6-phosphofructose-1-kinase) (PPi-PFK)	Solanum tuberosum	C-compound, karbonhidrat metabolizması	-2.5
1607228_at	Q9MB73	Limonoid UDP-glucosyltransferase (EC 2.4.1.210) (Limonoid glucosyltransferase) (Limonoid GTase) (LGTase)	Citrus unshiu	Nişasta biyosentezi	-2.6
1616159_x_at	Q9ZUY6	Putative dTDP-glucose 4-6-dehydratase (At2g27860/F15K20.4) (UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase) (Hypothetical protein)	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, polioli ve karboksilat anabolizması	-2.7
1614681_at	Q9ZUY6	Putative dTDP-glucose 4-6-dehydratase (At2g27860/F15K20.4) (UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase) (Hypothetical protein)	Arabidopsis thaliana	Şeker, glukozid, polioli ve karboksilat anabolizması	-2.7
1620896_at	P93205	SBT2 protein (Subtilisin-like protease)	Solanum lycopersicum	Protein degradasyonu	-2.7
1618096_s_at	Q9M4H8	Putative ripening-related protein	Vitis vinifera	Hücre dışı metabolizması	-2.8
1610955_s_at	Q9FS46	Putative aquaporin	Vitis vinifera	Kanal/por grubu transport	-2.8
1610683_at	Q7XAB7	Cyclin D3-2	Euphorbia esula	Hücre döngüsü	-2.8

1611350_at	Q8H9B7	Putative lipid transfer protein	Solanum tuberosum	Lipit transportu	-2.9
1622049_at	Q4V3D9	At3g57030	Arabidopsis thaliana	Alkoloid biyosentezi	-2.9
1614403_s_at	Q653H4	Hypothetical protein P0623A10.9-1 (Hypothetical protein P0009H10.51-1)	Oryza sativa subsp. japonica	Protein kinaz	-3.0
1612889_s_at	Q9SCD3	ATP synthase beta subunit (Fragment)	Griselinia littoralis	Enerji üretimi	-3.0
1607374_at	Q7XAS3	Beta-D-glucosidase	Gossypium hirsutum	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.1
1615708_s_at	Q4A2S9	Putative membrane protein precursor	Emiliana huxleyi virus 86	Hücre duvarı	-3.3
1611527_at	Q9SNW7	Profilin 1	Lilium longiflorum	Aktin hücre iskeleti	-3.4
1622108_at	Q9SU40	Putative monocopper oxidase precursor (Skewed roots)	Arabidopsis thaliana	Yönlendirilmiş hücre büyümesi (Morfogenez)	-3.4
1614976_at	Q9FS46	Putative aquaporin	Vitis vinifera	Kanal/por grubu transport	-3.4
1620623_at	Q9MB62	Phytoeyanin-related protein	Ipomoea nil	Elektron transportu ve membran bağlantılı enerji korunumu	-3.4
1622282_at	Q7XAE2	Putative fructokinase 2	Petunia integrifolia subsp. inflata	Şeker, glukozid, poliöl ve karboksilat anabolizması	-3.5
1607705_at	Q9SSU7	Endo-1,4-beta-glucanase	Pisum sativum	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.54
1618576_at	Q94FT5	Pectate lyase (Fragment)	Fragaria ananassa	Hücre dışı protein degradasyonu	-3.6
1618135_at	Q94F49	AT5g27670/F15A18_130	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-3.7
1615950_s_at	Q9M6E4	Poly(A)-binding protein (Fragment)	Nicotiana tabacum	RNA bağlayıcı	-4.0
1620714_at	O82161	Phi-1 protein	Nicotiana tabacum	Kimyasal çevrenin algılanması ve cevap	-4.0
1608175_at	Q93YX9	Lipid transfer protein	Davidia involucrata	Lipit transportu	-4.2
1617019_at	O80407	Chalcone synthase (EC 2.3.1.74)	Vitis vinifera	Stilben, flavonid biyosentezi	-4.2
1619223_s_at	Q9SLS2	Sucrose synthase	Citrus unshiu	Şeker, glukozid, poliöl ve karboksilat anabolizması	-4.2
1622737_at	P40283	Histone H2B	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-4.4
1622440_at	Q53WV5	Histone 3	-	DNA topoloji	-4.4

1615469_at	Q09082	Extensin (Class I)	Solanum lycopersicum	Hücre duvarı	-4.5
1618944_at	P59226	Histone H3	Arabidopsis thaliana	DNA topoloji	-4.5
1607099_s_at	Q9SJQ1	Putative receptor-like protein kinase	Arabidopsis thaliana	Transmembran reseptör protein/treonin kinaz sinyal yolağı	-5.3
1615117_a_at	Q56AY1	Glutathione S-transferase (EC 2.5.1.18)	Vitis vinifera	Glutasyon konjugasyon reaksiyonu	-5.6
1622535_at	Q84WE4	Putative ripening-related protein (At5g20740)	Arabidopsis thaliana	Hücre dışı metabolizması	-5.7
1613636_at	O50001	Major allergen Pru ar 1	Prunus armeniaca		-5.7
1607270_at	Q9ZRV5	Basic blue copper protein	Cicer arietinum	Ağır metal bağlayıcı (Cu, Fe, Zn)	-6.3
1612160_at	P50699	Thaumatococcus-like protein precursor	Arabidopsis thaliana	Plant/fungal spesifik sistemik algılama ve cevap	-6.7

## ÖZGEÇMİŞ

**Adı Soyadı:** Melike BAKIR

**Doğum Yeri:** Bolu

**Doğum Tarihi:** 03.12.1982

**Medeni Hali:** Bekar

**Yabancı Dili:** İngilizce

### Eğitim Durumu (Kurum ve Yıl)

**Lisans** : Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi- Biyoloji Bölümü (2000-2004)

**Yüksek Lisans** : Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü (2005-2007)

**Doktora** : Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü (2007-2012)

**Çalıştığı Kurum/Kurumlar ve Yıl:** Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü  
Merkez Laboratuvarı Tandoğan- Ankara (2006-2012)

## YAYINLARI

### SCI Kapsamındaki Dergilerde ver alan yayınlar

- **M. Bakır**, A. Altınkut Uncuoğlu, İ. Büyük, K. Schlauch, K. Kazan, J.C. Cushman, A. Ergül. Comprehensive transcriptional profiling of salt and drought stressed wild barley (*Hordeum spontaneum* L.) reveals novel classes of responsive genes. BMC Genomics (Sunuldu).
- **M. Bakır**, B.P. Çelikkol, N. Yıldırım, M. Burak, S. Soydam, M. E. Şelli, K. Kazan, H. Koçataş, N. Tan, İ. Kösoğlu, F. Çobanoğlu, H. Ayanoğlu, A. Ergül. Genetic Characterization of Figs (*Ficus carica* L.) from Western Anatolia by SSR Markers . American Society for Horticultural Science (Sunuldu).



- M. Burak, A. Ergül, **M. Bakır**, S. Soydam, K. Kazan, C. Yüksel, A. Emre Akpınar, M.E. Akçay, A. S. Yaşasın, H. Ayanoğlu. Genetic Characterization of Turkish apple (*Malus* sp.) germplasm by SSR Markers. American Society for Horticultural Science (Sunuldu).
- M.H. Öz, H. Vurgun, **M. Bakır**, İ. Büyük, S. Soydam Aydın, H. M. Ünlü, K. Çukadar, B. Karadoğan, C. Yüksel, A. Ergül. Molecular Analysis of East Anatolian Plum and Cherry Germplasm Based on SSR (Simple Sequence Repeats) Markers. Spanish Journal of Agricultural Research (Sunuldu).
- M.E. Akçay, A. Ergül, S. Soydam Aydın, K. Kazan, **M. Bakır**, C. Yüksel, B.P. Çelikkol, M. Burak, H. Ayanoğlu. Genetic analysis of Pear Germplasm from Turkey by Simple Sequence Repeats (SSRs). Society for Horticultural Science. (Sunuldu).
- O. Caliskan, A. A. Polat, P. Celikkol and **M. Bakır**. 2012. Molecular characterization of autochthonous Turkish fig accessions. Spanish Journal of Agricultural Research 2012 10(1): 130-140.
- Boz, Y., **M. Bakır**, B. P. Çelikkol, K. Kazan, F. Yılmaz, B. Çakır, Ş. Aslantaş, G. Söylemezoğlu, A. S. Yaşasın, C. Özer, H. Çelik and A. Ergül. 2011. Genetic characterization of grape (*Vitis vinifera* L.) germplasm from Southeast Anatolia by SSR Markers. *Vitis* 50: 99-106.
- A.E. Akpınar, H. Koçal, A. Ergül, K. Kazan, M.E. Şelli, **M. Bakır**, Ş. Aslantaş, S. Kaymak and R. Sarıbaş. 2010. SSR-based molecular analysis of economically important Turkish apricot cultivars. *Genet Mol Res.* 9 (1): 324-332.
- G. Sarıkamış, R. Yanmaz, S. Ermiş, **M. Bakır** and C. Yüksel. 2010. Genetic characterization of pea (*Pisum sativum*) germplasm from Turkey using morphological and SSR markers. *Genet. Mol. Res.* 9 (1): 591-600.

- Z. Turkoglu, S. Bilgener, S. Ercisli, **M. Bakir**, A. Koc, M. Akbulut, R. Gercekcioglu, M. Gunes and A. Esitken. 2010. Simple sequence repeat-based assessment of genetic relationships among *Prunus* rootstocks. *Genet. Mol. Res.* 9 (4): 2156-2165.
- Sarikamiş G, Yaşar F, **Bakir M**, Kazan K and Ergül A. 2009. Genetic Characterization Of Green Bean (*Phaseolus Vulgaris*) Genotypes From Eastern Turkey. *Genet Mol Res.* 288(3):880-7.
- Dumanoglu H, Gunes NT, Aygun A, San B, Akpinar, AE and **Bakir M**. 2009. Analysis of clonal variations in cultivated quince (*Cydonia oblonga* 'Kalecik') based on fruit characteristics and SSR markers. *New Zeal. J. Crop Hort.* 37: 113-120.
- Gök Tangolar, S., Soydam, S., **Bakır, M.**, Karaağaç, E., Tangolar, S. and Ergül A. 2009. Genetic analysis of grapevine cultivars from the eastern Mediterranean region of Turkey, based on SSR Markers. *Tarım Bilimleri Dergisi*, 15, 1-8.
- S. Ertuğrul, **M. Bakır** and G. Dönmez. 2008. Treatment of dye-rich wastewater by an immobilized thermophilic cyanobacterial strain: *Phormidium* sp. *Ecol. Eng.*, 32 (3): 244–248.
- F. Şelli, **M. Bakır**, G. İnan, H. Aygün, Y. Boz, A. S. Yaşasın, C. Özer, B. Akman and G. Söylemezoğlu, K. Kazan and A. Ergül. 2007. Simple Sequence Repeat-Based Assessment Of Genetic Diversity İn Dimrit And Gemre Grapevine Accessions From Turkey, *Vitis* 46(4), 182-187.
- H. Ayanoğlu, S. Bayazıt, G. İnan, **M. Bakır**, A. E. Akpinar, K. Kazan and A. Ergül. 2007. AFLP and Morphological Analyses Of Genetic Diversity in Turkish Green Plum Accessions (*Prunus Cerasifera* L.) Adapted To The Mediterranean Region. *Scientia Horticulturae*, (114), 263-267.

## Ulusal ve Uluslararası Kongreler

- Ergül, A., Y. Boz, G. Söylemezoğlu, K. Kazan, H. Çelik, **M. Bakır**, P. Çelikkol, N.Yıldırım, C. Yüksel, A.S. Yaşasın, C. Özer. 2010. “The Turkish grape (*Vitis vinifera* L.) SSR database (**Oral- Abstract**)”. 10th International Conference on Grapevine Breeding and Genetics, Geneva, New York, USA, August 1-5, 2010. Program and Abstracts, (Or:44) p:64.
- **Bakır, M.**, G. Soylemezoglu, Ş. Aslantaş, P. Çelikkol, N. Yildirim, C.Yuksel, A. S. Yasasin, Y. Boz, C. Ozer, H. Celik, A. Ergul. 2010. “SSR Based Characterization of Grape (*Vitis vinifera* L.) Germplasm from Southeast Anatolia (**Poster-Abstract**)”. 28<sup>th</sup> International Horticultural Congress, Lisbon, Portekiz. August 22-27, 2010. Abstracts. Vol. II(Symposia) (Sm12.221), p:552.
- **Bakır,M.**, S. Ercişli, N. Tekin, A.E. Akpınar, A. Ergül“Mikroarray (DNA ÇİP) Teknolojisi ve Bahçe Bitkilerinde Kullanılma Olanakları”. Türkiye V. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi.4-7 Eylül 2007,Erzurum, 2007.
- Boz, Y., C. Özer, A. S. Yaşasın, B. Akman, F. Yılmaz, C. Kırıl, **M. Bakır**, G. Söylemezoğlu, H. Çelik, K. Kazan, A. Ergül. “Asma Gen Kaynaklarının High-throughput Moleküler Yöntemlerle Tanımlanması-I” Türkiye V. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi.4-7 Eylül 2007,Erzurum, 2007.
- Söylemezoğlu, G., **M. Bakır**, F. Yılmaz, Y. Boz, C. Özer, A. Ergül “Bağcılığın Anavatanı Anadolu: V. *Vinifera* L.’nin gen merkezlerinden birisinin Anadolu olduğunu kanıtlayan Kloroplast SSR Bulguları” Türkiye V. Ulusal Bahçe Bitkileri Kongresi.4-7 Eylül 2007,Erzurum, 2007.