



T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BUĞDAYDA KÖK ve KÖK BOĞAZI ÇÜRÜKLÜĞÜ HASTALIĞINA
YANITTAKİ GENLERİN İFADE DÜZEYLERİNİN MİKROARRAY
ANALİZİ İLE BELİRLENMESİ**

Emre İSHAKOĞLU

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

HATAY
ARALIK-2015



T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**BUĞDAYDA KÖK ve KÖK BOĞAZI ÇÜRÜKLÜĞÜ HASTALIĞINA
YANITTAKİ GENLERİN İFADE DÜZEYLERİNİN MİKROARRAY
ANALİZİ İLE BELİRLENMESİ**

Emre İSHAKOĞLU

BİYOLOJİ ANABİLİM DALI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

**HATAY
ARALIK-2015**

T.C.
MUSTAFA KEMAL ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

BUĞDAYDA KÖK ve KÖK BOĞAZI ÇÜRÜKLÜĞÜ HASTALIĞINA
YANITTAKİ GENLERİN İFADE DÜZEYLERİNİN MİKROARRAY ANALİZİ
İLE BELİRLENMESİ

Emre İSHAKOĞLU
BİYOLOJİ ANABİLİM DALI
YÜKSEK LİSANS TEZİ

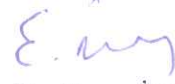
Prof. Dr. Mustafa ERAYMAN danışmanlığında hazırlanan bu tez 02/12/2015 tarihinde aşağıdaki jüri üyeleri tarafından OYBİRLİĞİ ile kabul edilmiştir.



Prof. Dr. Mustafa ERAYMAN
Başkan



Doç. Dr. Ayşe YAVUZ KOCAMAN
Üye



Yrd. Doç. Dr. Emre İLHAN
Üye

Kod No: 877



Prof. Dr. Okan ŞENER
Enstitü Müdürü

Bu çalışma MKÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonu tarafından desteklenmiştir.
Proje No: 11241

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

02/12/2015

TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını ve tez üzerinde Yükseköğretim Kurulu tarafından hiçbir değişiklik yapılamayacağı için tezin bilgisayar ekranında görüntülendiğinde asıl nüsha ile aynı olması sorumluluğunun tarafıma ait olduğunu beyan ederim.

İmza

Emre İSHAKOĞLU

ÖZET

BUĞDAYDA KÖK ve KÖK BOĞAZI ÇÜRÜKLÜĞÜ HASTALIĞINA YANITTAKİ GENLERİN İFADE DÜZEYLERİNİN MİKROARRAY ANALİZİ İLE BELİRLENMESİ

Buğday dünya için olduğu kadar ülkemiz için de oldukça önemli bir kültür bitkisidir. Buğdayın bu önemini göz önünde bulundurarak biyotik ve abiyotik stres faktörlerinden dolayı azalan verimin yeniden ekonomiye kazandırılması büyük önem arz etmektedir. Bir fungus hastalığı olan Kök ve Kök Boğazı Çürüklüğü hastalığı buğdayda önemli verim kayıplarına neden olmaktadır. Bu verim kayıplarını azaltabilmek için bitki ıslahçıları, klasik yöntemlerle mücadele edebileceği gibi moleküler yöntemlerle de mücadele edebilmektedir.

Bu tez çalışmasında buğdayda kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığının etken patojeni *Fusarium graminearum* Schwabe'a karşı orta derecede hassas (cv. "Mızrak-98") ve hassas (cv. "Gün-91") buğday çeşitlerinde *Fusarium graminearum* enfeksiyonuna maruz kaldıktan sonra transkripsiyonel profillemeye tabi tutulmuştur. Hassas ve orta derecede hassas olan buğday çeşitlerin köklerine patojen uygulamasından 12 saat sonra 12X135K mikroarray çip kullanarak genlerin ifade değişiklikleri ölçülmüştür. Mikroarray analizi için 39,179 oligonükleotid prob kullanılmıştır. 3668 gen karşılaştırma sürecinde en az bir kere farklılaşma göstermektedir. Farklı olarak düzenlenmiş transkriptlerin büyük çoğunluğu hastalığa duyarlılığı ve genlerin ifade düzeyi ile ilişkilidir. Çeşitler karşılaştırıldığında transkript ve ifade değişiklikleri çeşitler içinde değişebilir. Özellikle membran transkriptleri farklı şekilde tespit edilmiştir. Ayrıca transkripsiyon faktörleri'de çeşitler arasında önemli değişim göstermiştir.

Bu çalışmada seçilen çeşitlerin *Fusarium graminearum* enfeksiyonuna 12. saatte ilk tepkisini anlamak için yeni bir anlayış olmuştur. KEGG (Genler ve Genomlarının Kyoto Ansiklopedisi) analizi sayesinde, en değişmiş transkript nişasta, sükröz metabolizması ve glukoneogenez yolları ile ilişkili olduğu görülmüştür.

2015, 66 sayfa

Anahtar Kelimeler: Buğday, *Fusarium graminearum*, Kök ve Kök Boğazı Çürüklüğü, Mikroarray, Transkripsiyon

ABSTRACT

DETERMINING THE LEVEL OF GENE EXPRESSION BY MICROARRAY ANALYSIS OF THE RESPONSE OF WITH ROOT AND CROWN ROT DISEASES

Wheat is an important cultural plant for our country as well as it is for the world. Considering the importance of wheat, it is essential for lessened yields just because having been effected by the biotic and abiotic factors, to bring them in the economy again and again. Root and crown rot disease, which is an illness of fungi, causes great yield loses on wheat. In order to diminish, the yield loses, plant breeders are able to struggle with the classiscal methods along with the molecular methods.

In this thesis, *Fusarium graminearum* Schwade which is the causative pathogen of the illness known as root and crown rot was shmade a transcriptional profiling against to Schwabe after having been exposed to *Fusarium graminearum* exposition in mid sensitive (cv. "Mızrak- 98") ve sensitive (cv. "Gün- 91") wheat samples. After 12 hours from the pathojen implementation of sensitive and moderate sensitive wheat samples, using 12X135K microarray chip, gene's microarray changes were measured. 39.179 oligonucleotide probes were used for microarray analysis. In the process of the comparision of 3668 genes, at least one differentiation was detected. Most of the transcripts that organised differently, related to the gene expression mechanism and sensitive to the illness. When the samples compared, the transcription and expression changes in wheat samples. Membrane transcripts especially diagnosed different. In addition, transcription factors showed great change within the samples.

This study shows a new perspective to discover the prima response of *Fusarium graminearum* infection within the first 12 hours. By the KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) analysis it has found out that the most changed transcript starch is related to the sucrose metabolism and gluconeogenesis ways.

2015, 66 pages

Keywords: Wheat, *Fusarium graminearum*, Root and Crown Rot, Microarray, Transcription

TEŞEKKÜR

Bu tez çalışmasının ve projenin yürütülmesi sürecinde bilgi ve yardımlarını benden esirgemeyen, tecrübeleriyle çalışmamın her aşamasında yol gösteren saygıdeğer danışmanım Sayın Prof. Dr. Mustafa ERAYMAN'a,

Projenin ve tezin yürütülmesi sırasında bana laboratuvarını açarak bu çalışmanın devamını sağlayan Çankırı Karatekin Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü Öğretim Üyesi Sayın Doç. Dr. Turgay ÜNVER'e, Sayın Doç. Dr. Mine TÜRKTAŞ'a, Siirt Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarımsal Biyoteknoloji Bölüm Başkanı Sayın Yrd. Doç. Dr. Behçet İNAL ve Tuğba GÜRKÖK'e

Tez çalışmam sırasında yardımlarını benden esirgemeyen, bilgi, birikim ve tecrübeleriyle her zaman yanımda olan hocam Sayın Yrd. Doç. Dr. Emre İLHAN'a,

Tez çalışmalarım sırasında değerli fikir ve görüşleriyle yardımlarını benden esirgemeyen, çalışmamın her aşamasında yanımda olan hocam Sayın Dr. Abdil Hakan EREN'e,

Laboratuvar çalışmalarım sırasında görüş ve katkıları için Uzman Sevda ÖZGÜR'e,

İzolatların elde edilmesinde bana yardımcı olan On Dokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Öğretim Üyesi Sayın Prof. Dr. Berna TUNALI'ya,

Tez çalışmaları sırasında tüm bölüm olanaklarından yararlanmamı sağlayan Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölüm Başkanlığı'na, maddi destek veren MKÜ Bilimsel Araştırma Projeleri Komisyonuna (Proje No: 11241),

Yüksek lisans eğitim ve öğretimim süresince maddi ve manevi her türlü desteğini benden esirgemeyen, her zaman yanımda olan eşim Hatice Büşra İSHAKOĞLU ve aileme sozsuz teşekkürlerimi bir borç bilirim.

İÇİNDEKİLER

ÖZET	I
ABSTRACT	II
TEŞEKKÜR.....	III
İÇİNDEKİLER	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	V
ÇİZELGELER DİZİNİ	VI
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	VII
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	6
3. MATERYAL ve YÖNTEM	10
3.1. Bitki Materyalinin Elde Edilmesi	10
3.2. <i>Fusarium graminearum</i> Uygulaması İçin Bitkilerin Büyütülmesi.....	10
3.3. Arnon ve Hoagland Çözeltilisinin Hazırlanması	11
3.4. İzolatların Temini ve PDA ortamının Hazırlanması.....	12
3.5. Fungus Solüsyonunun Hazırlanması ve İnokülasyonu.....	13
3.6. Bitkilerin Hasat Edilmesi.....	14
3.7. Toplam RNA izolasyonu	15
3.8. Mikroarray Düzeni ve Veri Analizi.....	16
3.9. qRT-PCR İle Gen İfade Analizi	17
4. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA	19
4.1. Mikroarray Analizi	19
4.2. qRT-PCR ile Genlerin İfade Düzeylerinin Doğrulanması.....	20
4.3. Transkripsiyon Profillerinin Karşılaştırmalı Analizleri.....	22
4.4. Farklı İfadelemiş Genlerin Sınıflandırılması	24
4.5. Buğdayda Kök ve Kök Boğazı Çürüklüğü Hastalığını Uyarılara Yanıt Olarak İçeren Transkriptler.....	29
4.6. bZIP ve WRKY Transkripsiyon Faktörlerinin Savunma Tepkisi Üzerine Gen İfadelerinin Fonksiyonel Düzenlenmesi	31
4.7. Karbonhidrat Metabolizması İle İlgili Erken Savunma Tepkisi Üzerine Transkriptlerin Fonksiyonları	32
5. SONUÇ ve ÖNERİLER	35
KAYNAKLAR	39
ÖZGEÇMİŞ	48
EKLER	49

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1.	Hassas (S) Gün-91 ve orta derecede hassas (MS) Mızrak-98 buğday çeşitlerinin viyollere ekimi	11
Şekil 3.2.	PDA ortamına ekimi yapılan <i>F. graminearum</i> izolatları.....	13
Şekil 3.3.	Solüsyon haline getirilmiş <i>F. graminearum</i> sporları	13
Şekil 3.4.	Buğday köklerine injeksiyon yöntemi ile fungus inokülasyonu yapılması.....	14
Şekil 4.1.	Mikroarray hibridasyonundan sonra farklı ifade olan genlerin scatter plot grafiği. Y eksenini Gün-91 12 hai, X eksenini Mızrak-98 12 hai ifade ediyor	19
Şekil 4.2.	Isı haritası mikroarray ifade profil verileri hiyerarşik kümeleme sonuçlarını gösterir. Bu ısı haritası farklı zaman noktalarında <i>Fusarium</i> uygulamasından sonra farklı düzenleme göstermiştir. Mızrak-98 ve Gün-91 çeşitler belirgin bir biçimde birbirlerinden ayrılır.....	20
Şekil 4.3.	Gerçek zamanlı qRT-PCR ile mikroarray sonuçlarının doğrulanması.....	21
Şekil 4.4.	Venn şeması 12 hai <i>F. graminearum</i> inokülasyonundan sonra farklı şekilde ifade olan genlerin sayısını gösterir.....	24
Şekil 4.5.	Farklı olarak ifade edilmiş transkriptlerin fonksiyonel GO kategoriler dağılımı.....	25
Şekil 4.6.	Gün-91 ve onun kontrol grubunun karşılaştırılması sonucu oluşan bar grafik gösterimi. Seri 1: ifadesi azalan regulasyonu- Seri 2: ifadesi artan regulasyon	26
Şekil 4.7.	Mızrak-98 ve onun kontrol grubunun karşılaştırılması sonucu oluşan bar grafik gösterimi. Seri 1: ifadesi azalan regulasyonu- Seri 2: ifadesi artan regulasyonu	27
Şekil 4.8.	Mızrak-98 ve Gün-91'in karşılaştırılması sonucu oluşan bar grafik gösterimi. Seri 1: ifadesi azalan regulasyonu- Seri 2: ifadesi artan regulasyonu	28
Şekil 4.9.	KEGG sınıflandırılması mikroarray analizinde tespit yolları.....	33
Şekil 4.10.	KEGG yolağı degs harita analizi	34

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1.	Farklı buğday çeşitlerinde <i>F. graminearum</i> 'un oluşturulduğu hastalık şiddeti.....	7
Çizelge 3.1.	Çalışmada kullanılan ekmeçlik buğday çeşitleri ve geliştiren kurum.....	10
Çizelge 3.2.	Çalışmada kullanılan makroelementler	11
Çizelge 3.3.	Çalışmada kullanılan mikroelementler.....	12
Çizelge 3.4.	Seçilen genler ve mikroarray sonuçlarını doğrulamak için kullanılan genlerin primer dizisi.....	18
Çizelge 3.4.	Farklı biçimde ifade olan genlerin azalışı ve artışı.....	22



SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

SİMGELER

g	Gram
H ₂ O ₂	Hidrojenperoksit
L	Litre
mg	Miligram
mL	Mililitre
NaOCl	Sodyumhipoklorit
rpm	Santrifuj işleminde dk'daki devir sayısı
µl	Mikrolitre
µg	Mikrogram

KISALTMALAR

BLAST	Temel Lokal Hiza Tarama Aracı
Blast2GO	BLAST to GO
bZIP	Basic Leucine Fermuarı
cDNA	Tamamlayıcı DNA
DEPC	Dietilpirokarbonat
DNA	Deoksiribonükleikasit
EST	Dizisi Etiketlenmiş Dizi
EtOH	Etanol
<i>Fg</i>	<i>Fusarium graminearum</i>
GO	Gen Ontolojisi
hai	İnokülasyondan Sonraki Saat
JA	Jasmonik Asit
KEGG	Genler ve Genomlarının Kyoto Ansiklopedisi
mRNA	Mesajcı RNA
MS	Orta Derecede Hassas
NCBI	Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi
PAMP	Patojenle İlgili Moleküler Model
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PDA	Patates Dekstroz Agoroz
PR	Patojen ile Bağlantılı Protein
qRT-PCR	Kantitatif Gerçek Zamanlı Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RNA	Ribonükleikasit
rRNA	Ribozomal RNA

S	Hassas
SA	Salisilik Asit
SNP	Tek Nükleotid Polimorfizm
TF	Transkripsiyon Faktörü
tRNA	Taşıyıcı RNA



1. GİRİŞ

Buğday tarımı yapılan bitkiler arasında ilk olarak kültüre alınan bitkidir (Werner ve ark., 1992). Ülkemizde buğday üretimi 2014 yılında 66,4 milyon dekar ekim alanıyla yaklaşık 15,7 milyon ton olmuştur (TÜİK, 2015). Ülkemiz nüfusu giderek artmakta ve beslenmemizde önemli bir yeri olan buğdayın üretiminin arttırılması gerekmektedir. Bu üretimin arttırılması ya buğday ekim alanlarının arttırılması ya da birim alanda elde edilecek buğday miktarının arttırılması gerekmektedir. Artan nüfus karşısında ekim alanları son sınırına ulaşmış, bu yüzden birim alanda elde edilen buğday miktarının arttırılması hedeflenmektedir. Bu hedefe ulaşmak için gelişen teknolojinin yanında buğday hastalıklarıyla mücadelede çok önemlidir (Aktaş ve ark., 1996). Buğday üretiminde meydana gelebilecek her bir verim artışı gıda ihtiyacının karşılanmasında büyük önem arz etmektedir.

Ülkemiz çeşitli iklim tiplerine sahiptir. Güney ve Batı bölgelerinde yaz ayları sıcak ve kurak, kış ayları ılıman ve yağmurlu Akdeniz iklimi hâkimken, Kuzey Bölgesi ise aşırı yağmurlu olmaktadır. Orta Anadolu karasal, yaz ayları sıcak ve kurak, kış döneminde soğuk, az yağmurlu ve düşük nemli iklime sahiptir. Doğu Anadolu Bölgesi kış ayları son derece soğuk geçmektedir. Marmara Bölgesinin Avrupa yakası ise ılıman soğuk kışlara ve nemli yazlara sahiptir (Tunalı ve ark., 2008). Bu nedenle ülkemizde buğday üretimi bölgelere göre farklılık göstermektedir. Ayrıca ülkemizde buğday üretim alanlarının yaklaşık %90'ı sulu veya yarı sulamalı ortam şartları altındadır. Bu alanlarda yine ekim nöbeti sistemi uygulanmaktadır (Tunalı ve ark., 2008). Buğday bitkisinin dünyada ve ülkemizde yaygın olma nedenlerinden bazıları; fazla çeşit zenginliğine sahip olması, geniş ekolojik çeşitliğe adaptasyon göstermesi, hayvan beslenmesi ve endüstride yaygın olarak kullanılmasıdır (Ay, 2013).

Buğday üretimini olumsuz yönde etkileyen ve önemli ürün kayıplarına neden olan biyotik ve abiyotik faktörler vardır. Kök ve kök boğazı çürüklüğü fungal hastalıkları buğdayda verimi sınırlayan faktörlerin başında gelmektedir (Stubbs ve ark., 1992). *Fusarium* cinsi funguslar içerdikleri tür sayılarının fazla, enfekte ettiği konakçı sayısının geniş ve dünya üzerindeki farklı ekolojik ortamlarda varlıklarına rastlanabilir olmaları nedeniyle büyük öneme sahiptirler (Booth, 1971). *Fusarium* spp.'nin Almanya'da buğdayda % 60-80 (Mishra, 1973) oranında zarar vererek verim

kaybına neden olduğu rapor edilmiştir. Kanada ve Amerika gibi ülkelerde de kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalıklarından dolayı oluşan kayıplar %17'ye ulaşmaktadır (Mathieson ve ark., 1990).

Ülkemizde bu hastalığı oluşturan funguslar arasında yer alan *Fusarium* spp. buğdayın kalitesini azaltmakta, verim kayıplarına neden olmaktadır (Aktaş, 2001). Kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığı uygun koşullarda buğdayın su ve besin alınmada etki eder. Bunların yanında yatmaya da neden olmakta ve bu şekilde ürün kayıplarına sebep olmaktadır. Kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık etmeni olan *Fusarium graminearum* Ascomycota bölümü, Sordariomycetidae sınıfı, Hypocreales takımı, Nectriaceae ailesinin bir üyesidir. Biyotrofik yaşam döngüsüne sahiptir (Goswami ve Kistler, 2004). *F. graminearum* eşeyli ve eşeysiz olarak üreyebilmekte olup, trikotersenler gibi çeşitli mikotoksinleri üretebilmektedir. Tür içerisinde yüksek genotipik ve fenotipik varyasyonlar göstermekte ve genlerinin önemli bir kısmı türe özgündür (Albayrak ve Yörük, 2013). *Fusarium* türleri sahip oldukları tür içi çeşitlilikten dolayı klasik yöntemlerle kolay tanımlanamamaktadır. Sahip oldukları mikrokonidyum varlığı ve şekli, makrokonidyum ve mikrokonidioforların şekli gibi özelliklerine bakılarak ayrımları yapılabilmektedirler (Windels, 1991). Konak özgüllüğü gösteren bu tür sadece arpa ve buğdayda başak yanıklığı, kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalıklarına neden olur (Laday ve ark., 2004; Ji ve ark., 2007). Ülkemizde tahıl ekilen alanlarda bu hastalık % 26'lık bir verim kaybına neden olmaktadır. Verim kayıpları makarnalık buğdayda % 42 ve ekmeçlik buğdayda % 26 olmaktadır (Bağcı ve ark., 2008). Yeryüzünde sıcak iklim koşullarının hakim olduğu yerlerde yayılım göstermekle birlikte ülkemizde Marmara Bölgesinde etkilidir (Miedaner ve ark., 2001; Tunalı ve ark., 2006b; Bernardo ve ark., 2007). *F.graminearum* hem kışlık hem de yazlık buğdaylara zarar vermektedir (Haberle ve ark., 2007). Kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığının zararı bitkinin yetiştirildiği bölgeye ve iklim faktörlerine bağlı olarak yıldan yıla göre değişiklik göstermektedir (Demirci, 2003; Nicol ve ark., 2006; Tunalı ve ark., 2008; Uyanık, 2008).

Bitkiler soğuk, tuz ya da çeşitli stres türleri gibi farklı çevresel değişkenlerle mücadele ederken bölgelerindeki mikroorganizmalar ya da otçullar onların hayatlarını sürdürebilmeleri için ciddi bir tehdit oluşturur (Li ve ark., 2006). Hayatta kalmak için bitkiler çabucak çevresel değişkenleri algılar ve bu durumlara tepkiler verirler.

Bitkilerde, patojen kaynaklı savunma tepkileri patojen yüzeylerinde bulunan moleküler modellerin algılanması PAMP'lar (Patojenle İlgili Moleküler Modeller) ile ortaya çıkar. (Asai ve ark., 2002; Boller ve He, 2009).

Gen tepkilerinin transkripsiyonal düzenlenmesi, çeşitli patojen bulaşmaları için önemlidir ve patojen tepkimelerinde hayati rol oynamaktadır (Lee ve ark., 2006; Zhang ve ark., 2008). Transkripsiyonu düzenleme yöntemlerinden birisi transkripsiyon faktörlerinin işlevleridir. Bu transkripsiyon faktörleri arasında geniş bir protein ailesinin üyesi olan bZIP (Bazik Lösün Fermuar) faktörlerinin bitkiler üzerinde çok çeşitli biyolojik işlevlerinin oldukları belirtilmiştir (Zhang ve ark., 2008; Baloğlu ve ark., 2014a; Hwang ve ark., 2014).

Sarı (2013) tarafından bildirildiğine göre, WRKY transkripsiyon faktörleri ilk defa bitkilerde keşfedilmiş olup (Ishiguro ve Nakamura 1994; Rushton ve ark., 1995), ismini yüksek oranda korunmuş 60 aminoasit uzunluğundaki WRKY domainlerinden almaktadır. Bu domain dayanılıkla ilgili olan genlerin promotör bölgelerinde bulunan W-box (TTGAC[C/T]) veya SURE (duyarlı şeker cis-element) denilen kısımlara bağlanarak hedef genlerin transkripsiyonunu kontrol etmektedir (Maleck ve ark., 2000; Rushton ve ark., 1995; Sun ve ark., 2003).

WRKY, bitkilerde bulunan bir transkripsiyon faktörü ailesini kodlamakta olup hem biyotik hem de abiyotik stresler sırasında aktif hale gelerek stres genlerinin aktivasyonunu düzenlemektedir (Gürkök ve ark., 2010). Patojen enfeksiyonu da dahil olmak üzere birçok bitkide biyolojik süreçlerin düzenlenmesinde önemli rol oynar (Eulgem ve Somssich, 2007). Bitkilerde WRKY genleri biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı oluşturulan fizyolojik yanıtlar, yaşlanma ve bundan başka trikom ve tohum gelişimi, sekonder metabolitlerin biyosentezi gibi olayları düzenleyen bitkiye özgün transkripsiyon faktörlerinin geniş bir ailesini oluşturmaktadır (Alexandrova ve Conger, 2002; Dellagi ve ark., 2000; Deslandes ve ark., 2002; Gus-Mayer ve ark., 1998; Hara ve ark., 2000; Huang ve Duman, 2002; Kim ve ark., 2000; de Pater ve ark., 1996; Pnueli ve ark., 2002; Schenk ve ark., 2000; Yoda ve ark., 2002; Sarı, 2013).

Son zamanlarda biyotik ve abiyotik stres faktörlerine bağlı olarak yapılan çalışmalarda stres savunma mekanizmaları moleküler düzeyde açıklanmaktadır (Bodur ve Demirpençe, 2010). Mikroarray teknolojisi günümüzde en yaygın olarak kullanılan son derece etkili bir yöntemdir. Bu teknoloji birçok organizmaya ait genom DNA baz

dizilerinin tümünü veya bir kısmını içeren genlerin ifade zamanlarını, miktarlarını ve profillerini belirlemek için kullanılmaktadır. Bitkilerde mikroarray teknolojisi biyotik ve abiyotik stresler, meyve olgunlaşması, fitokrom A sinyalleme, tohum gelişmesi ve nitrat asimilasyonunda rol oynayan genlerin ifade analizlerinde kullanılmaktadır. Genlerinin ifade düzeylerinin mikroarray teknolojisi kullanılarak belirlenmesi çok yaygın bir çalışma şekli olup, hücredeki fonksiyonu bilinmeyen birçok genin fonksiyonlarının belirlenmesini sağlamaktadır. Mikroarray teknolojisi nükleik asitlerin seçici ve farklılığına dayanan hibridizasyon yöntemi ile elde edilen genlerin analiz sonuçlarını kullanır (Çevik, 2005). Array yöntemi, ifade profilinin ortaya konulmasında ilk olarak 1987 yılında kullanılmaya başlanmış, bugünkü minyatürize edilmiş mikroarray teknolojisi ile gen ifade profili çalışmaları ilk olarak 1995 yılında bildirilmiştir. Mikroarray aracılı ökaryotik genom profilinin çıkartılması ise ilk olarak 1997 yılında yayınlanmıştır (Altınok, 2011).

Buğdayda yapılan ilk mikroarray çalışmaları; Skinner ve ark. (2005), buğday mikroarrayi için oligonükleotid tasarımı üzerine çalışmışlar. Gulick ve ark. (2005), yaptıkları çalışmalarda kışlık ve yazlık buğday çeşitlerinde düşük sıcaklıkta transkript olan genleri çalışmışlardır. Clarke ve Rahman (2005), buğday dane sertliği, Kawaura ve ark. (2006), buğdayda tuz stresi, Hill – Ambroz ve ark. (2006), *F.graminearum* enfeksiyonunun 24 saat sonrasında cDNA mikroarray çalışmasında 75 transkript belirlemişlerdir. Ayrıca belirlenen bu genlerin 2'si buğday 3AS ve 6BL kromozomları üzerinde haritalanmış ve bu 2 QTL buğday başak yanıklığına toleransta önemli rol oynamaktadır. Gregersen ve Holm (2007), yabancı ve transgenik buğdaylardaki tohum gelişimi, Coram ve ark. (2008), patojen stresi, Houde ve Diallo (2008), metal stresi, Qin ve ark. (2008), yüksek sıcaklık stresi, Ruuska ve ark. (2008), azot eksikliği, Skinner, (2009); Winfield ve ark. (2009), soğuk stresi, Li ve ark. (2011), oksidatif stres, Xin ve ark. (2012), külleme hastalığı stresi, Wilson ve ark. (2005); Baudo ve ark. (2006); Laudencia-Chingcuanco ve ark. (2006); Wan ve ark. (2008); Gao ve ark. (2012); Pellny ve ark. (2012), tane gelişimi, Bischof ve ark. (2013), buğdaydan biyoyakıt elde etmek amacıyla sap, saman ve selölüzu artırma üzerine çalışmalar yapılmıştır.

Bitkilerde patojen stresteki düzenleyici elementleri farklı zamanlarda tespit etmek organizmaların tepkilerini ölçme sürecinde anahtar bir rol oynamaktadır.

Mikroarrayler gibi transkripsiyon analizleri patojen-konakçı etkileşimlerini anlamaya yeni bakış açısı getirebilir. Geniş ölçekli mikroarrayler klasik genetik analiz yöntemi ile işbirliği içinde genetik çalışmalarda bir araç olarak karşımıza çıkmaktadır. Patojen-konakçı etkileşimlerde alternatif bitki genotipleri ile patojen ayrımlarını birleştirip süreçte kullanma faydalı olabilir (Wise ve ark., 2007).

Klasik bitki ıslahı ile bu hastalık etmenleriyle mücadele edilebileceği gibi moleküler yöntemlerin katkısıyla bu mücadele daha etkin hale gelebilir. Bu hastalık etmenlerinin buğday kromozomları üzerindeki yeri tespit edilerek yeni dayanıklı çeşitlerin meydana getirilmesine yardımcı olunabilir. Tüm bunların yanında bu hastalık etmenlerine karşı dayanıklı çeşitlerden dayanıksız çeşitlere gen aktarımı da yapılabilir. Diğer yandan mikroarray verileri sayesinde hastalığa dayanıklılığın genetik mekanizması hakkında daha detaylı bilgilere sahip olunabilir ve fonksiyonel markörler elde edilebilir.

Bu çalışmada buğdayda kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığına neden olan *F. graminearum* patojenine karşı hassas Gün-91 ve orta derecede hassas Mızrak-98 buğday yapraklarındaki transkriptlerin mikroarray analizi ile gen ifadelerindeki erken dönemde yanıtı belirlemek amaçlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Son dönemlerde dünyada ve ülkemizde kök ve kök boğazı çürüklüğüne karşı yapılan çalışmalar buğday çeşit ve hatlarının göstermiş olduğu tepkilerin belirlenmesi ve patojenlerin yayılım alanları ile ilgili çalışmalar bulunmaktadır.

Hill ve ark. (1983), Amerika'nın Colorado ve Wyoming eyaletlerinde kök ve kök boğazı çürüklüğüne neden olan fungal etmenleri; iki yıllık çalışmayla araştırmışlardır. Araştırma sonucunda 852 farklı fungal izolat elde edilmiş ve 408'nin patojenik olduğu tespit edilmiştir. Bunlardan *Bipolaris sorokiniana* türü % 34 oranında elde edilmiştir. Bunlardan başka *F. acuminatum*, *F. avenaceum*, *F. culmorum*, *F. equiseti*, *F. graminearum*, *F. oxysporum*, *F. sambucinum*, *F. solani* ve *F. tricinctum* türlerini içeren *Fusarium* cinsi funguslar % 55'lik bir oranda izole edilmişlerdir.

Muratçavuşoğlu ve Hancıoğlu (1995), Ankara ili ve ilçelerinde yapılan incelemeler sonucunda kök boğazı ve sap çevresinde kahverengileşme, çürüklük bulunan zayıf gelişme ve cücelik gösteren bitkilerde *F. graminearum* olduğu tespit edilmiştir.

Aktaş ve ark. (1996), 1990 - 1993 yıllarında Sakarya ili yöresi ve Sakarya Tarımsal Araştırma Enstitüsü ile Enstitünün Pamukova çiftliği arazisinde yürütülen bir çalışmada yörenin, hububat kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık etmenleri ile çok yoğun bir şekilde bulaşık olduğu çalışma sonucu ortaya konulmuştur. Yapılan incelemelerde, hububat kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık etmenleri ile buğdayın yetiştirme teknikleri arasındaki etkileşimler ve kültür bitkisinin yatması ile olan ilişkileri aydınlatılmıştır. Hububat kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık etmenleri olarak; *Rhizoctonia cerealis* Kühn., *Alternaria alternata* (Fr.) Keissler, *F. graminearum* Schwabe, *F. moniliforme* Snyd. et Hans, *F. equiseti* (Corda) Sacc., *F. culmorum* Sacc., *Acremonium kiliense* Grüts., *Drechslera sorokiniana* (Sacc.) Subram. ve Jain, *Pseudocercospora herpotrichoides* (Fron) Deighton, *Ophiobolus graminis* Sacc., *Phoma* spp., *Pythium graminicola* Subr. ve *Stemphylium herbarum* Rabenh. saptanmıştır. Bu etmenlerden *R. cerealis*, *F. moniliforme*, *F. culmorum*, *B. sorokiniana*, *O. graminis*, *P. graminicola* ve *P. herpotrichoides*'in hububat kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık etmenlerinden yöre için en önemlileri olduğu belirlenmiştir.

Aktaş ve ark. (1999), Güney Marmara bölümünde Bursa ve Sakarya illerinde *R. cerealis*, *F. graminearum*, *F. culmorum*, *B. sorokiniana* belirlenmiştir. Bölümün ılıman ve yağışlı iklime sahip olması nedeniyle *F. graminearum* önemli bir patojen olarak bulunmuştur.

Arslan ve Baykal (2002), yaptıkları çalışmalarında Çakmak-79, Gediz-75, Atilla-12, MV (Martonvashari)-20, Gönen, Kırkpınar-79, Seri-82, Kate-A-1 ve Saraybosna buğday çeşitlerini kullanmışlardır. Kullanılan çeşitlerin tümünün *F. graminearum*'a karşı hassas olduğu tespit edilmiştir.

Demirci (2003), yapmış olduğu bir çalışmada kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık etmenlerinin 10 farklı buğday çeşidindeki hastalık şiddetleri ve çıkış oranına etkileri araştırılmıştır. *F. graminearum*'un neden olduğu hastalık şiddetinde en yüksek hastalık şiddeti % 94,79 ile Gün-91 çeşidinde bulunmuştur. En düşük % 69,49 ile Mızrak çeşidinde tespit edilmiştir (Çizelge 2.1).

Çizelge 2. 1. Farklı buğday çeşitlerinde *F. graminearum*'un oluşturduğu hastalık şiddeti (Demirci, 2003)

% Hastalık Şiddeti Tekerrürler						
Çeşitler	1	2	3	4	Ortalama	Reaksiyon Tipi
Bezostaja	85,19	79,17	62,96	62,5	72,46±5,75cd*	S
Mızrak	66,67	62,96	73,33	75	69,49±2,82d	MS
İkizce-96	74,07	74,07	80,95	100	82,27±6,13bc	S
Gerek-79	66,67	92,59	88,89	76,19	81,09±5,95bcd	S
Kırgız-95	84,44	70,83	74,44	74,44	76,04±2,93bcd	S
Kınacı-97	93,33	80	88,89	85,19	86,85±2,83ab	S
Kutluk-94	77,78	83,33	81,48	63,33	76,48±4,53bcd	S
Sultan-95	88,89	91,67	75	94,44	87,50±4,32ab	S
Gün-91	96,67	86,67	95,83	100	94,79±2,85a	S
Dağdaş-94	66,87	71,43	66,67	77,78	70,64±2,63cd	S

*Aynı harfi taşıyan çeşitler istatistik olarak farklı değildir

Hekimhan ve ark. (2004), Ülkemiz Orta Anadolu bölümünde, Adana ve çevresinde *F. culmorum* ve *F. graminearum* patojenlerinin 12 buğday çeşidinde % 24 ürün kaybına neden olduğu bulunmuştur.

Uçkun ve Yıldız (2004), İzmir, Aydın ve Denizli illeri buğday ekim alanlarında 2000–2001 yıllarında yürütmüş olduğu bir çalışmada, kök ve kök boğazı çürüklüğüne neden olan fungal etmenler ile hastalığın yoğunluğu araştırılmışlardır. Araştırma alanındaki hastalığa yakalanma oranı ve hastalık şiddeti % 58,28 ve % 25,07 olarak saptanmış, ayrıca tüm araştırma alanının hastalık etmenleriyle bulaşık olduğu tespit edilmiştir. Kök ve kök boğazından yapılan izolasyonlarda en yüksek oranda izole edilen funguslar *Fusarium* spp., *R. cerealis*, *B. sorokiniana* (Sacc.)’dır.

Tunalı ve ark. (2006a), İç Anadolu Bölgesi’nde yürüttükleri bir çalışmada 32 farklı tarladan buğday örnekleri toplanmış ve bu örneklerin kök boğazından yaptıkları izolasyonlarda 13 farklı *Fusarium* türüne ait izolatlar elde etmişlerdir. Ayrıca, bu izolatların kışlık bir buğday çeşidi olan ve İç Anadolu’da yaygın bir şekilde ekimi yapılan “Pehlivan” üzerinde patojenite testleri yapılmıştır. Bu amaçla kök boğazı bölgesindeki hastalık şiddeti (0–3 ölçeğine göre) ve bitki ağırlığı parametreleri değerlendirmeye alınmıştır. Sonuç olarak, en yüksek hastalık şiddeti ve en fazla oranda ağırlık azalmasına neden olan türün *F. pseudograminearum* (% 91,8) olduğu, bunu sırayla *F. culmorum* (% 91,5) ve *F. graminearum* (% 88)’un izlediği belirlenmiştir. Hastalık şiddeti ile bitki ağırlığı arasında da negatif bir korelasyonun olduğu saptanmıştır.

Akgül (2007), Osmaniye, Mersin ve Adana illerine bağlı 135 adet buğday ekim alanında 2004 ve 2005 yıllarında yapılan çalışmalarla kök ve kök boğazı çürüklüğü ve sap çürüklüğü hastalığının ortaya çıkışı, yayılması ve hastalığın şiddeti araştırılmış ve hastalıklı buğday bitkilerindeki hastalığa neden olabilen *Fusarium* türleri saptanmıştır. Hastalığın meydana gelişi % 8-100, hastalığın şiddetinin % 2–33,4 arasında değişim meydana geldiğini tespit etmiştir.

Aydan ve ark. (2009), 2007 – 2008 yılları arasında Sakarya’da Tarımsal Araştırma Enstitüsünde ve Kirazca işletmesinde yetiştirilen 18 buğday çeşidinde ve Sakarya merkez ilçeye bağlı 4 bölgede kök ve kök boğazı hastalıklarının belirlenmesine yönelik bir çalışma yapılmıştır. Yapılan çalışma sonucunda buğday köklerinde gelişen funguslar cins ve tür düzeyinde belirlenmiştir. Toplanan

örneklerden *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. subglutinans*, *F. crookwellense*, *F. oxysporum*, *F. moniliforme*, *F. dimerum*, *F. solani*, *F. equiseti*, *F. acuminatum*, *F. sporotrichoides*, *Rhizoctonia* spp., ve *Alternaria* spp., belirlenmiştir. *F. graminearum*, 10 buğday çeşidinden, *F. culmorum* 5 buğday çeşidinden elde edilmiştir. Her iki fungus da patojen olarak bulunmuştur.

Arıcı ve ark. (2013), Burdur ve Isparta illerindeki buğday ekim alanlarında kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalıkları araştırılmıştır. Araştırma alanında toplam 83 adet buğday kök örneği toplanarak, bu örneklerden PDA kullanılarak izolasyon yapılmıştır. İnkübasyon aşamasından sonra buğday köklerinde gelişen funguslar cins ve tür düzeylerinde belirlenmiştir. Toplanan örneklerden *Rhizoctonia* spp., *Fusarium* spp., *Sclerotium sclerotonia*, *F. culmorum*, *F. graminearum*, *F. crookwellense* ve *F. poe* izolatlarının da bulunduğu toplam 80 izolat elde edilmiştir. *Fusarium* izolatlarının patojenitelerinin belirlenmesinde toprak inokulasyonu yöntemi kullanılmış ve yapılan patojenite test değerlendirme sonuçlarına göre *F. culmorum*'un-14 numaralı izolatının patojenitesinin en fazla olduğu tespit edilmiştir.

Eken ve ark. (2014), organik gübreler ve ekim sıklığının organik buğdayın kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığı etmenlerine etkisi 2008-2009 yetiştirme sezonunda Erzurum'un susuz koşullarında incelenmiştir. Tesadüf blokları deneme planında faktöriyel düzenlemeye göre 4 tekrarlamalı olarak yürütülen araştırmada; 2 buğday çeşidi (Doğu-88 ve Kirik), 2 ekim sıklığı (475 tohum/m² ve 625 tohum/m²) ve 7 gübre kaynağı (Kontrol, standart inorganik (NP), Biyoorganik, Biyo- Organik SR, Leonardit, Organik Gübre ve Sığır Gübresi) yer almıştır. Organik buğdayın kök boğazından yapılan izolasyonlarda *A. alternata*, *A. urticae*, *B. sorokiniana*, *Chaetomium* spp., *Chrysosporium* spp., *Cladosporium* spp., *Curvularia pallescens*, *Fusarium* spp., *Microdochium nivale*, *Mucor* spp., *Penicillium* spp., *R. stolonifer*, *Clonostachys* spp., *U. atrum* ve steril misel tespit edilmiştir.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Bitki Materyalinin Elde Edilmesi

Çalışmada kullanılan bitki materyalleri Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü'nden elde edilmiştir. Bu amaçla aşağıdaki Çizelge 3.1'de verilen bitkiler bu çalışmada kullanılmıştır.

Çizelge 3.1. Çalışmada kullanılan ekmeklik buğday çeşitleri ve geliştiren kurum

Çalışmada Kullanılan Ekmeklik Buğday Çeşitleri	Geliştiren Kurum
Mızrak-98	Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü
Gün-91	Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü

Mızrak-98: Kılçıklı ve beyaz kavuzlu, başakları orta uzunlukta seyrek ve yarı yatık bir yapıya sahiptir. Orta boylu ve sağlam saplıdır. Dane rengi beyazdır. Gübreye reaksiyonu oldukça iyidir. Orta geçici soğuğa ve kuraklığa dayanıklıdır. *F. graminearum*'un neden olduğu kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık şiddetine % 69,49 ile Mızrak-98 çeşidi orta derecede hassas olarak tespit edilmiştir (Demirci, 2003).

Gün-91: Kışlık karakterli olup, kısa ve kurağa dayanıklılığı iyidir. Orta Anadolu, İç Batı Geçit ve Doğu Anadolu Bölgesinin geçit bölgelerinin buğday yetiştirilen alanlarına önerilir. Orta erkenci, sap 90-100 cm'ye kadar boylanabilen, yatmaya dayanıklı, başak beyaz kılçıklı, taneler kırmızı renkli olup, sürme, rastık, kahverengi ve kara pasa karşı dayanması orta, sarı pasa toleranslıdır (Kara ve Akman, 2007). *F. graminearum*'un neden olduğu kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalık şiddetine % 94,79 ile Gün-91 çeşidi hassas olarak tespit edilmiştir (Demirci, 2003).

3.2. *Fusarium graminearum* Uygulaması İçin Bitkilerin Büyütülmesi

Buğday tohumları 20 dakika boyunca % 2 NaOCl solüsyonu içerisinde sterilize edilip daha sonra steril su ile yıkanmıştır (Keskin, 2006). Steril edilen tohumlar, steril toprak, kum ve perlit (1:1:1) karışımının bulunduğu viyollere ekilerek (Şekil 3. 1) iklimlendirme dolabında 24°C'de 16/8 saat ışık/karanlık altında ½ Hoagland

solüsyonu (Hoagland ve Arnon, 1950) ile sulanarak 8 gün büyütülmüştür (Öncel ve Keleş, 2002; Keskin, 2006).



Şekil 3.1. Hassas (S) Gün-91 ve Orta Derecede Hassas (MS) Mızrak-98 buğday çeşitlerinin viyollere ekimi

3.3 Arnon ve Hoagland Çözeltisinin Hazırlanması

Çözeltinin hazırlanması için makroelement ve mikroelementleri suda çözülerek sıra ile karıştırılmıştır. Karışım için ilk etapta dört makroelementin (Çizelge 3.2) her biri 1 L suda çözüldükten sonra tamamı 5 L distile suda karışımı sağlanmıştır. Makroelementlerden KNO_3 ve $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ suda zor çözünmesinden dolayı ısıtmak gerekebilir.

Çizelge 3.2. Çalışmada kullanılan makroelementler

Makroelementler	g/L
KNO_3	1,020 g
$Ca(NO_3)_2 \cdot 4H_2O$	0,492 g
$NH_4H_2PO_4$	0,230 g
$MgSO_4 \cdot 7H_2O$	0,490 g

Belirtilen oranda alınan bileşikler sıra ile KNO_3 - $Ca(NO_3)_2 \cdot 4H_2O$ - $NH_4H_2PO_4$ - $MgSO_4 \cdot 7H_2O$ karıştırılmıştır (Hoagland ve Arnon, 1950).

Mikroelementler ise çizelge 3.3'de belirtilen oranda alınarak 1 lt'lik beherde çözdürülerek 5 L kapa aktarılmıştır. Bitki örnekleri viyollere konulduktan sonra eklenecek kimyasallar 50 ml polietilen tüplere % 0,5'lik $FeSO_4 \cdot 7H_2O$ (0,5g) ve %

0,4'lük Tartarik asit (0,4g) hazırlanan çözeltiler konulmuş ve bu kimyasallar her saksıya 0,6 ml olmak üzere 2 gün aralıklarla eklenmiştir (Öncel ve Keleş, 2002).

Çizelge 3.3. Çalışmada kullanılan mikroelementler

Mikroelementler	mg/L
H ₃ BO ₄	2,860 mg
H ₂ MoO ₄ . H ₂ O	0,090 mg
MnCl ₃ 4H ₂ O	1,810 mg
CuSO ₄ H ₂ O	0,080 mg
ZnSO ₄ 7H ₂ O	0,220 mg

3.4. İzolatların Temini ve PDA Ortamının Hazırlanması

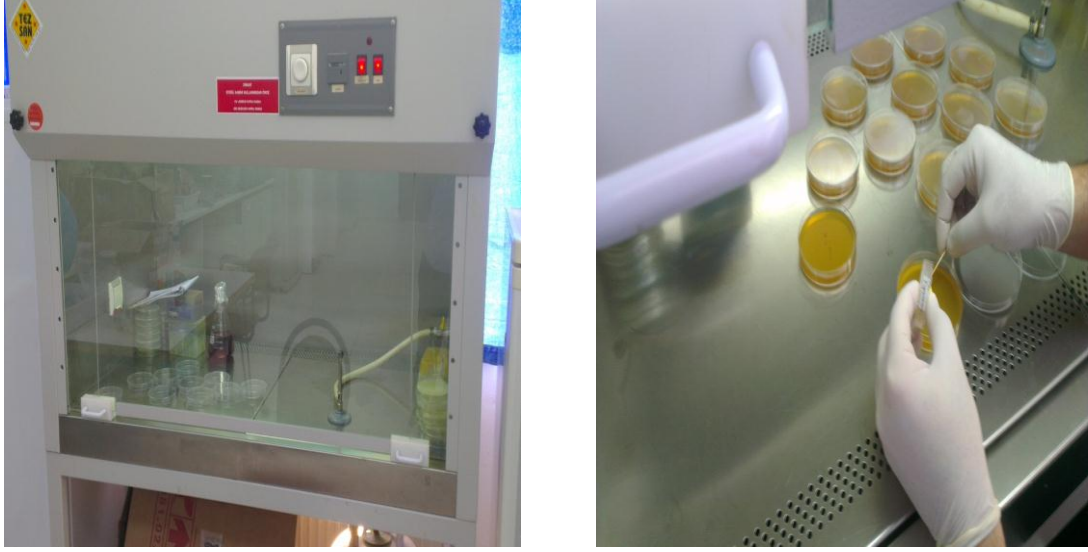
Bu çalışmada patojen olarak kullanılan funguslar 19 Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü'nden temin edilmiştir. Elde edilen fungus izolatları kağıt kültürüne alınarak inokülasyonun yapılacağı zamana kadar -80°C'de bekletilmiştir. Daha sonra bu izolatlar PDA (Patates dekstroz agaroz) ortamında çoğaltılarak petri kaplarına ekimi yapıp karanlıkta çoğaltılmıştır.

H10Z32-B2 *Fusarium graminearum* izolatu orta derecede hassas ve hassas buğday çeşitlerine injeksiyon yöntemi ile bulaştırılmıştır. Kontrol gruplarına herhangi bir patojen inokülasyonu yapılmamıştır (Araz ve ark., 2010; Lawn ve Sayre, 1992)

PDA Ortamının Hazırlanması

- 16 g PDA (Patates dekstroz agar)
- 2 g Agar
- 400 mL saf su alınarak 121°C'de 15 dk otoklav edilmiştir

Otoklav olan PDA'lar 'Polystrene' 90 milimetre çapında olan petri kaplarında kültüre alınmıştır (Şekil 3.2). PDA ortamında 7 gün +4°C'de inkübeye bırakılarak gelişimi sağlanmıştır (Araz ve ark., 2010; Lawn ve Sayre, 1992).



Şekil 3.2. PDA ortamına ekimi yapılan *F. graminearum* izolatları

3.5. Fungus Solüsyonunun Hazırlanması ve İnokülasyonu

PDA ortamında gelişen *F. graminearum* sporları ve miselleri saf su ile birlikte solüsyon haline getirilmiştir. Petri kaplarına saf su eklendikten sonra steril sert bir metalle ile karıştırılıp oluşan solüsyonlar steril tülbent bez ile süzülerek behere (500 ml) alınmıştır (Şekil 3.3). Behere alınan süspansiyonların spor konsantrasyonlarına bakılmıştır. Spor konsantrasyon ölçümü Thoma (İsolab) deep 1/10 mm ile yapılmıştır ve spor sayısı 1×10^5 spor/ml olarak tespit edilmiştir.



Şekil 3.3. Solüsyon haline getirilmiş *F. graminearum* sporları

Solüsyon halindeki *F. graminearum* izolatları iklimlendirme dolabında 24°C’de 16/8 saat ışık/karanlık altında, ½ Hoagland solüsyonu (Hoagland ve Arnon, 1950) ile sulanarak 8 gün büyütülen buğday çeşitlerine steril enjektör yardımıyla buğdayın kök boğazı kısmına bulaştırılarak inoküle edilmiştir (Şekil3.4). Patojenin buğday inokülasyonundan sonra karanlık ortamda 12 saat %100 nemlilikte 10°C’de tutulmuştur. Örnekler inokülasyondan 12 saat sonra toplanarak -80°C’de RNA izolasyonuna kadar saklanmıştır.



Şekil 3.4. Buğday köklerine injeksiyon yöntemi ile fungus inokülasyonu yapılması

3.6. Bitkilerin Hasat Edilmesi

Transkriptom çalışması için stres denemesinden elde edilen buğday çeşitleri kullanılmıştır. Dayanıklılık seviyelerine göre seçilen buğdaylarda stres uygulaması sonrası fide döneminde yapraklardan alınan doku materyal olarak kullanılmıştır. Çalışmada inokülasyon sonrası 0 ve 12. saatte alınan toplam 6 örnek üzerinde transkriptom çalışması yapılmıştır. Pritsch ve ark. (2000), *F. graminearum* makrokonidileri dokular üzerinde 6 ile 12 saat içinde çimlenen tohumda meydana geldiğini bildirmişlerdir. Örnekler RNA izolasyonuna kadar -80°C’de bekletilmiştir.

Transkriptom analizi için kullanılacak örnekler aşağıdaki gibi planlanmıştır.

- *F. graminearum*'a orta derecede hassas çeşit (stres uygulanmış): yaprak (toplam 1 örnek)
- *F. graminearum*'a orta derecede hassas çeşit (stres uygulanmamış, kontrol (0 ve 12.saat): yaprak (toplam 2 örnek)
- *F. graminearum*'a hassas çeşit (stres uygulanmış, yaprak (toplam 1 örnek)
- *F. graminearum*'a hassas çeşit (stres uygulanmamış, kontrol (0 ve 12.saat): yaprak (toplam 2 örnek)

3.7. Toplam RNA İzolasyonu

Toplam RNA izolasyonu kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığına neden olan enfeksiyonlu yapraklardan (orta derecede hassas ve hassas) ve kontrol yapraklarından izole edilmiştir. Buğdaydan total RNA'lar Trizol® reaktifi (Invitrogen, Cat No. 15596-026) ile izole edilmiştir. İzolasyon üreticinin talimatları doğrultusunda yapılmıştır. Örneklerde, DNA kontaminasyonunu önlemek için, DNase I (Fermentas, Vilnius, Lithuania) enzimi üreticinin talimatlarına göre kullanılmıştır. RNA parçalanmasına sebep olan en büyük etken ribonükleaz (RNaz) bulaşmasıdır. Çok az miktarda RNaz bulaşması dâhi sağlam RNA izolasyonunu engellemektedir. RNA izolasyonu aşamasında ortama RNaz bulaşmasını önlemek için denemede kullanılan bütün plastik malzemeler ile gerekli tüm çözeltiler, RNaz aktivitesini engelleyen dietilpirokarbonat (DEPC) ile muamele edilmiştir. DEPC muamelesine ilave olarak malzemeler, 121°C ve 0,1 MPa basınçta 15 dakika otoklavlandıktan sonra 105°C'de en az bir gece boyu bekletilmiştir. Havan ve havan kolları ise etüvde 300°C'de gece boyu bekletilerek kuru sterilizasyona tabi tutulmuştur. RNA izolasyonu için RNaz ve DNaz'lardan arı filtreli pipet uçları kullanılmıştır. RNA izolasyonunda kullanılan pipetler ve RNA izolasyonun yapıldığı tezgâhın üzeri RNaz bulaşmasını engellemek için % 30'luk H₂O₂ ile temizlenmiştir.

1. Yaprak dokuları sıvı azot ile havanda un kıvamına gelinceye kadar ezilmiştir.
2. Yaklaşık olarak 100 mg yaprak dokusu eppendorf tüpünün içine alınarak yaprak dokusuna 1 mL Trizol ilave edilmiştir. 5 – 10 dakika oda sıcaklığında tutulmuş ve bu süre içerisinde Trizol ile homojen hale gelmiştir.

3. Her 1 mL Trizol için 0,2 mL kloroform her bir tüpe eklenmiştir. 5 dk oda sıcaklığında bekletildikten sonra hızlı bir şekilde elle 15 sn çalkalanmıştır.
4. Tüpler 4°C'de 15 dk 15000 rpm'de santrifüj yapıp santrifüjden hemen sonra yeni bir tüpe en üstteki faz alınmıştır.
5. Her 1 mL Trizol için 0,5 mL soğuk izopropil alkol her bir tüpe eklenmiştir.
6. Tüpler 10 dk oda sıcaklığında bekletildikten sonra +4°C'de 10 dk 15000 rpm'de santrifüj yapılmıştır.
7. Santrifüjden sonra tüplerin alt kısımlarında RNA peletleri görünmüştür. Daha sonra sıvı kısım uzaklaştırılarak % 75 soğuk EtOH ile yıkanmıştır.
8. Tüpler +4°C'de 6 dk 10000 RPM'de santrifüj yapıp sıvı kısım uzaklaştırıldıktan sonra 5 – 10 dk oda sıcaklığında peletler kurutulmuştur.
9. RNA peleti 100 µl DEPC muameleli su ile çözünmüştür. Çözelti 10 – 15 dk 55°C'de bekletilmiştir.
10. A_{260/280} O.D. değerinde RNA örnekleri 1,6 – 1,9 değerlerine sahip olmuştur.
11. İzole edilen toplam RNA'nın kalitesi ve miktarı NanoDrop 2000c spektrofotometre (Thermo Fisher Scientific, Lenexa, KS, USA) ile değerlendirilmiş ve RNA kalitesi %1,5'lik agaroz ile kontrol edilmiştir.

3.8. Mikroarray Düzeni ve Veri Analizi

Deneyle, iki bağımsız biyolojik tekerrürle tekrarlanmıştır. Buğday transkriptom gösterimi için yeni geliştirilmiş 39,179 oligonükleotid prob içeren geniş ölçekli özel INRA GDEC *Triticum aestivum* NimbleGen 12X135K mikroarray kullanılmıştır. cDNA, toplam 10 µg RNA SuperScript Double-Stranded cDNA Synthesis Kit (Invitrogen, Carlsbad, CA, USA) kullanarak üretilmiştir.

cDNA, Cy3 ile One-Color DNA Labeling Kit (Roche NimbleGen, Inc. Madison, WI, USA) kullanarak üreticinin yönergeleri göz önüne alınarak rastgele etiketlemeler yapılmıştır. Özel tasarlanmış 12X135K array üzerine 4 µg etiketlenmiş ürünler yüklenmiş, hibridizasyon için 42°C'de gece boyunca inkübe edilmiştir. NimbleGen protokolüne uygun olarak NimbleGen Wash Buffer Kit ile yıkanmıştır. MS 200 Mikroarray tarayıcı kullanılarak 2 µm çözünürlükte taranan mikroarray slaytları, 532 nm karşılık gelen TIFF görüntüleri üretilmiştir. Sonrasında bu bilgi,

görüntü üzerindeki noktaların sinyal yoğunluklarını ölçmek için DEVA yazılım programına aktarılmıştır (Türktaş ve ark., 2013).

Transkriptom profili 0 ve 12 saat süre boyunca enfekte olan ve kontrol bitkilerinden tespit edilmiştir. Array verileri standardizasyon için Quantile programı göre normalize edilmiştir (Bolstad ve ark., 2003). Örneklerin sinyal yoğunlukları \log_2 oran verisine transformasyon yapılmıştır. Dye-normalized ve background-subtracted yoğunluk verisi, gen ifade analizini gerçekleştirmek için ArrayStar yazılımına (DNASar, Madison, WI, USA) transfer edilmiştir. T-testi, farklı şekilde ifade edilmiş genlerin tanımlanması için kullanılmıştır. $P \leq 0,05$ ve 1,5 kat değişimi iki veri seti arasında gen ifadesi değişimini göz önünde bulundurularak kullanılmıştır.

BLAST algoritma (Temel Lokal Hiza Tarama Aracı) ve Blast2GO (BLAST gen ontolojisi) aracı ile hibritlenmiş cDNA sinyallerine karşılık gelen genleri açıklamak için NCBI (Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi) veribankası karşılaştırılmıştır. Gen ontoloji analizi Gramene (<http://www.gramene.org>) ontoloji aracı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. MapMan yazılım (Uedal ve ark., 2005) aracı patojen strese yanıt olarak farklı şekilde ifade olmuş genleri görüntülemek için kullanılmıştır. *Triticum aestivum* L. MapMan dosya eşleştirme ve bin kodları dbWFA, buğdayı fonksiyonel açıklama için web tabanlı bir veritabanından elde edilmiştir (Vincent ve ark., 2013). Bunlar tahmin edilen genlerin metabolik aydınlatmak için KEGG (Genler ve Genomlarının Kyoto Ansiklopedisi) analizi uygulanmıştır.

3.9. qRT- PCR İle Gen İfade Analizi

Rastgele seçilen yedi genin ifade profilleri mikroarray verilerini doğrulamak için kantitatif RT-PCR reaksiyonları (qRT-PCR) ile ölçülmüştür. qRT-PCR'da kullanılan genlerin primer sekansları Çizelge 3.4'de listelenmiştir. Primerler, Primer3Plus yazılımı 2.3.3 versiyonu (<http://primer3plus.com>) kullanılarak dizayn edilmiştir (Untergasser ve ark., 2012).

Çizelge 3.4. Seçilen genler ve mikroarray sonuçlarını doğrulamak için kullanılan genlerin primer dizisi

Dizi-ID	Açıklama	İleri Primer (5'>3')	Geri Primer (5'>3')
Ta_S37854776	Peroksidaz 12	CACTCCGAACATCGACTTCA	CCCTGGTCTGACTTGAACAG
Ta_S46915595	Gamma-gliadin	CATACAGATCCTGCGACGAC	GCAGTCAGGTCGGACATACA
Ta_S13166630	Bilinmeyen Protein	TGCTCACCCAGCAGAGTTAC	TGTCTGAAAAGTGGACCATTG
Ta_S12917674	MAP kinaz – kinaz 6	GCATTGTGATCTGAAGCCTGTC	CCAGTTCCGGGAGCAGTTTA
Ta_S12983212	Glutasyon transferans	CTTCACCGCCTGGTTCC	CAGACGTACGCATTGTAGGC
Ta_S17893086	Hastalık direnç yanıtı protein 206	GGAGGAGCTGTTGGTGGA	GCCCAGCAGCAAGACATT
Ta_S13176655	WRKY transkripsiyon faktörü 21	GGCCGATATACCTTCCGACA	CTCGTAGGTGACGGATGAGC

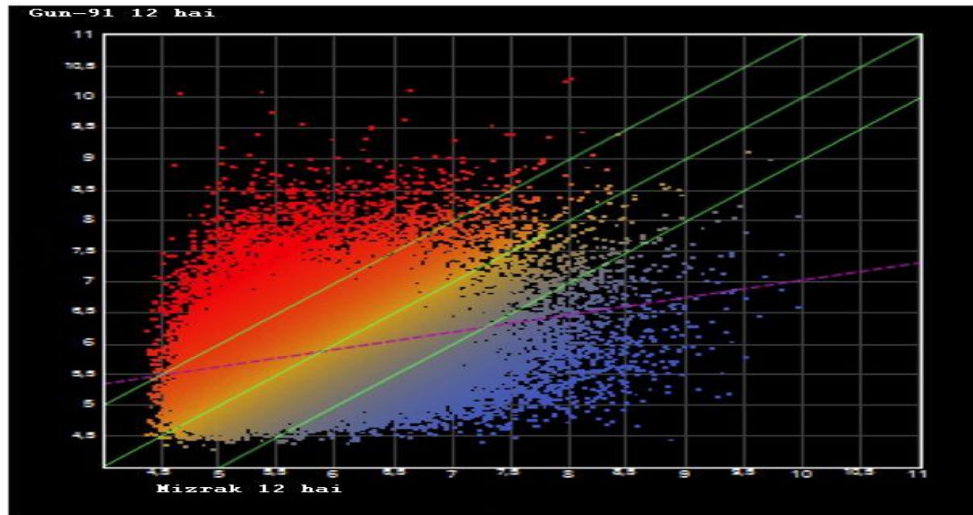
cDNA, Fermentas First Strand cDNA Synthesis Kit (Thermo Fisher Scientific) kullanarak üreticinin talimatlarına uygun olarak mikroarray analizinde kullanılan toplam RNA'dan sentezlenmiştir. qRT-PCR deneyler daha önce rapor edildiği gibi gerçekleştirilmiştir (Türktas ve ark., 2013). cDNA (2 µl) 0.1 µl spesifik primerler ile çoğaltılarak toplam hacim 18 µl olarak hazırlanmıştır ve LightCycler 480 Real-Time PCR System ile SYBR Green I Master (Roche Applied Science, Penzberg, Germany) kullanılarak analiz yapılmıştır. 18S rRNA (GenBank ID: AF147501) iç kontrol olarak kullanılmıştır. Her bir gen ve 18S rRNA için standart eğriler cDNA lar bir dizi seyreltmelere bağlı olarak üretilmiştir, hedef genlerin ters-transkriptaz uygun bir seviyede ifade edilmiştir. qRT-PCR reaksiyon koşulları şu şekilde devam etmiştir: 5 dakika süresince 95 dereceye kadar ön ısıtma; 10s boyunca 95°C'de 50 tur, 53-55°C (primerlerin ısıları baz alınarak) 20s ve 72°C 10s üç kez her numune için tekrarlanmıştır. Gen ifade düzeyleri $2^{-\Delta\Delta Ct}$ algoritmaya göre hesaplanmıştır (Livak ve Schmittgen, 2008).

4. ARAŞTIRMA BULGULARI VE TARTIŞMA

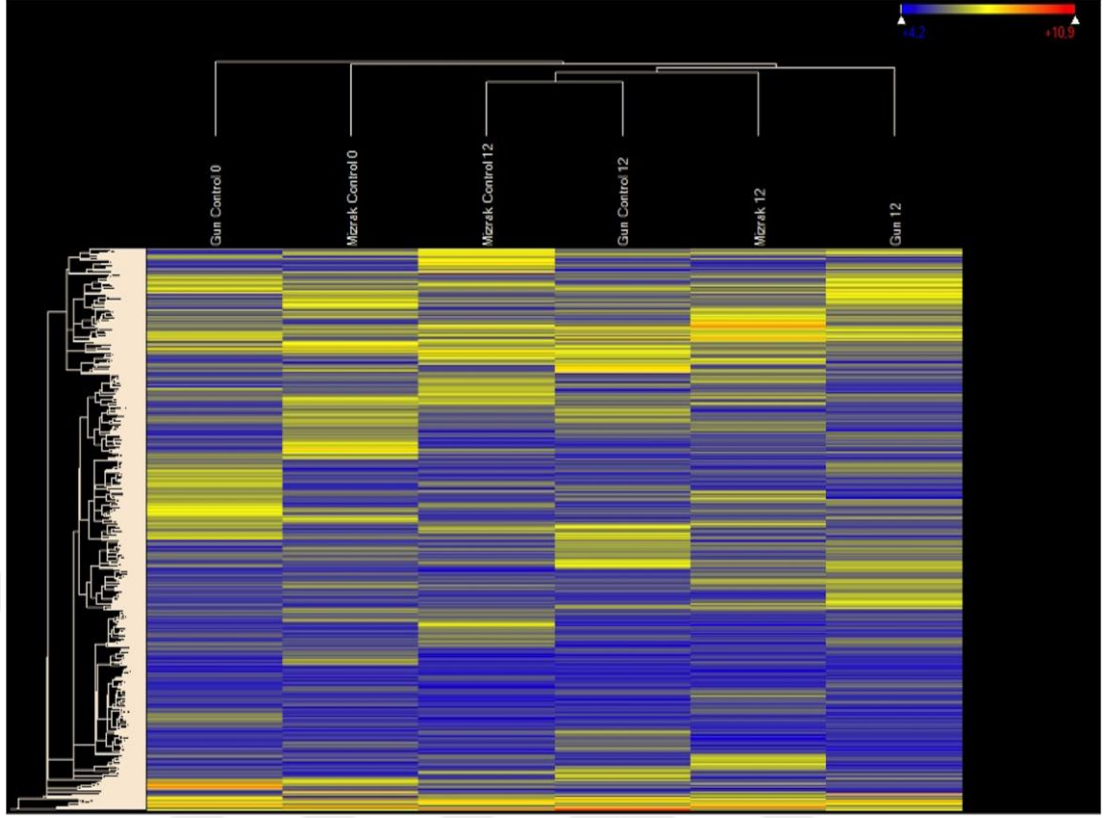
NimbleGen 12X135K array kullanarak 5 kütüphanede hazırlanmış (Gün-91 12 hai / Gün-91-12 hai kontrol, Gün-91 12 hai / Gün-91 0 hai, Mızrak-98 12 hai / Mızrak-98 kontrol, Mızrak-98 12 hai / Mızrak-98 0 hai ve Mızrak-98 12 hai / Gün-91 12 hai) iki farklı buğday çeşidinde buğdayda kök ve kök boğazı çürüklüğüne yanıt olarak genlerin ifade profilleri incelenmiştir.

4.1. Mikroarray Analizi

NimbleGen gen ifade düzeyleri iki farklı zaman noktalarında iki çeşitte transkripsiyon profilini incelemek için kullanılmıştır. Mikroarray analizi için 39,179 oligonükleotid prob kullanılmış ve tüm problar tespit edilebilir bir sinyal üretmiştir. İki veri dizini arasındaki gen ifade düzeylerinin değişimini araştırmak için dağılım grafikleri oluşturulmuştur. Mızrak-98 12 hai ve Gün-91 12 hai R^2 değeri 0,08 olarak bulunmuştur. Mızrak-98 12 hai ve onun kontrolü R^2 değeri 0,09 ve Gün-91 12 hai ve onun kontrolünün R^2 değeri 0,07 olarak bulunmuştur (Şekil 4.1). Bu nedenle, Pearson korelasyon katsayıları, karşılaştırmalar arasındaki gen ifade seviyelerinin çoğunlukla aynı olduğunu göstermiştir. Isı haritası, mikroarray analizlerinin sonucu olarak 2 grupta oluşturulan yapılarda gösterilmiştir (Şekil 4.2).



Şekil 4.1. Mikroarray hibridizasyonundan sonra farklı şekilde ifade olan genlerin Scatter Plot grafiği. Y eksenini Gün-91 12 hai, X eksenini Mızrak 12 hai ifade ediyor

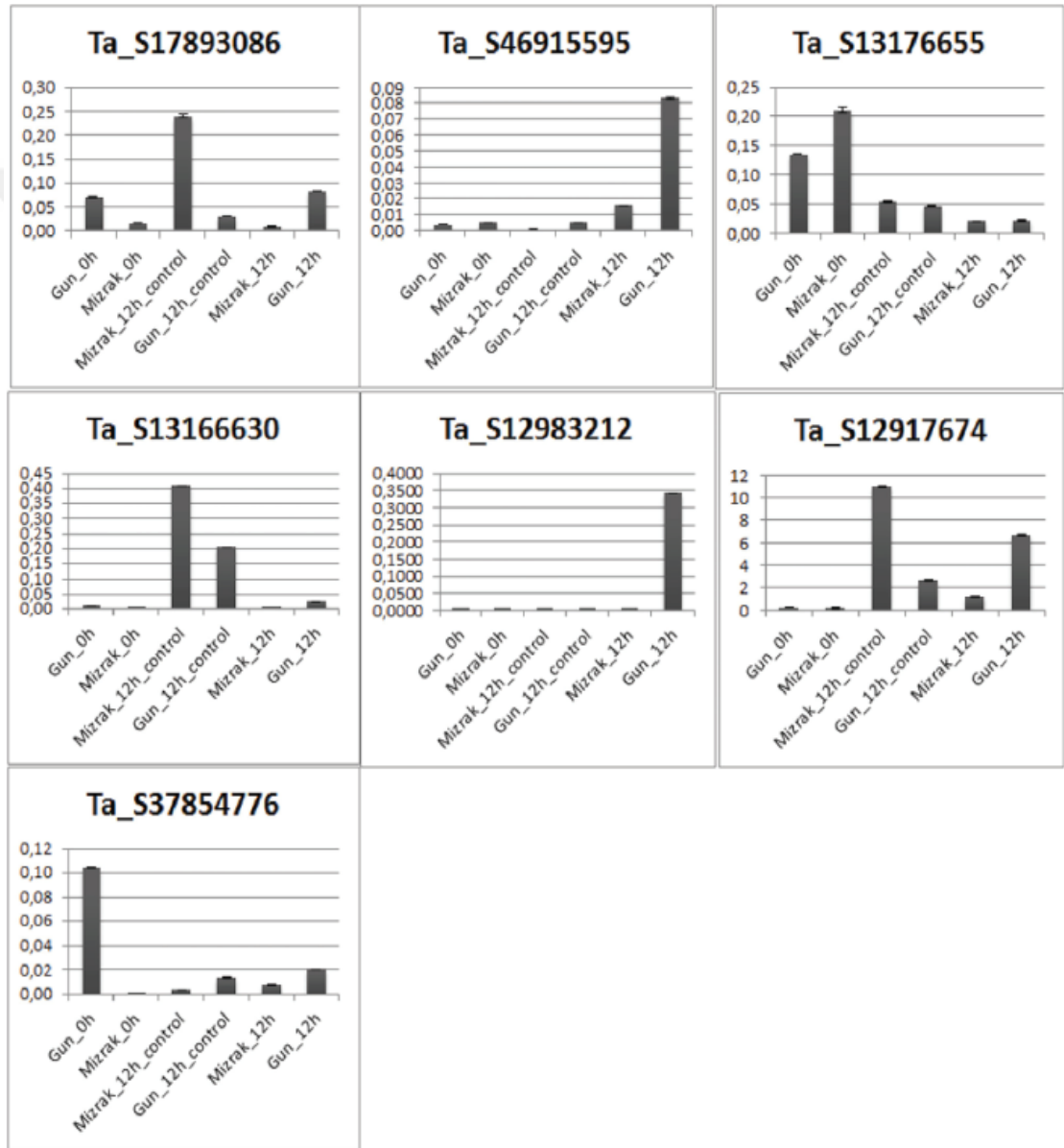


Şekil 4.2. Isı haritası mikroarray ifade profil verileri hiyerarşik kümeleme sonuçlarını gösterir. Bu ısı haritası farklı zaman noktalarında *Fusarium* uygulamasından sonra farklı düzenleme göstermiştir. Mızrak-98 ve Gün-91 çeşitler belirgin bir biçimde birbirlerinden ayrılır

4.2. qRT-PCR ile Genlerin İfade Düzeylerinin Doğrulanması

Farklı olarak düzenlenen genlerin ifade seviyeleri Gün-91 (S) ve Mızrak-98 (MS) 12 hai *F. graminearum* inokülasyonundan sonra qRT-PCR kullanılarak doğrulanmıştır. qRT-PCR sonuçları bazı istisnalar dışında array verilerinden elde edilenlerle birlikte benzer bir model göstermiştir. Seçilen 7 gen arasından, 6 genin qRT-PCR ifade düzeyleri MAP kinaz- kinaz 6 (Ta_S12917674), Hastalık direnç yanıtı proteini 206 (Ta_S17893086), WRKY transkripsiyon faktörü 21 (Ta_S13176655), Peroksidaz 12 (Ta_S37854776), Gamma-gliadin (Ta_S46915595) ve Bilinmeyen protein (Ta_S13166630) mikroarray verileri ile pozitif korelasyon göstermiştir (Şekil 4.3). Örneğin, MAP kinaz- kinaz 6, Mızrak-98 12 hai Mızrak-98 0 hai ile karşılaştırıldığında 3,1 katlık bir değişiklik ile mikroarray analiziyle ifadesi artan olarak algılanmıştır. qRT-PCR sonuçlarında bu fark 8 kat olarak gözlemlenmiştir. Bu sonuç büyük ihtimalle qRT-PCR'ın hassasiyetinden dolayı olmuştur. Transkript

düzenleme Peroksidaz 12 array verileri ile doğrulandığında Mızrak-98 12 hai ve onun kontrolü ile yaklaşık bir katlık değişiklikle tutarlı çıkmıştır. Aksine Glutasyon transferaz (Ta_S12983212) mikroarray verisinde 12 hai hassas çeşidinde ifadesi azalan gen saptanmış iken, qRT-PCR’de ifadesi artan olarak saptanmıştır. Genel olarak, transkriptlerin çoğu qRT-PCR’de analiz edilmiş ve mikroarray verileri ile tutarlılık göstermiştir (Şekil 4.3).



Şekil 4.3. Gerçek zamanlı qRT-PCR ile mikroarray sonuçlarının doğrulanması

4.3. Transkript Profillerinin Karşılaştırmalı Analizleri

Farklı biçimde ifade olan transkriptler t-testi'ne ($p \leq 0,05$ ve 1,5 kat) göre değerlendirilmiş ve Ek 1'de listelenmiştir. Sonuçlar gösteriyor ki, mikroarray'in % 9,4'ünü oluşturan 3668 gen, karşılaştırma sürecinde en az bir kere kesin bir farklılaşma göstermektedir. ± 4 kat değişikliği gösteren 29 adet transkript Çizelge 4.1'de gösterilmiştir.

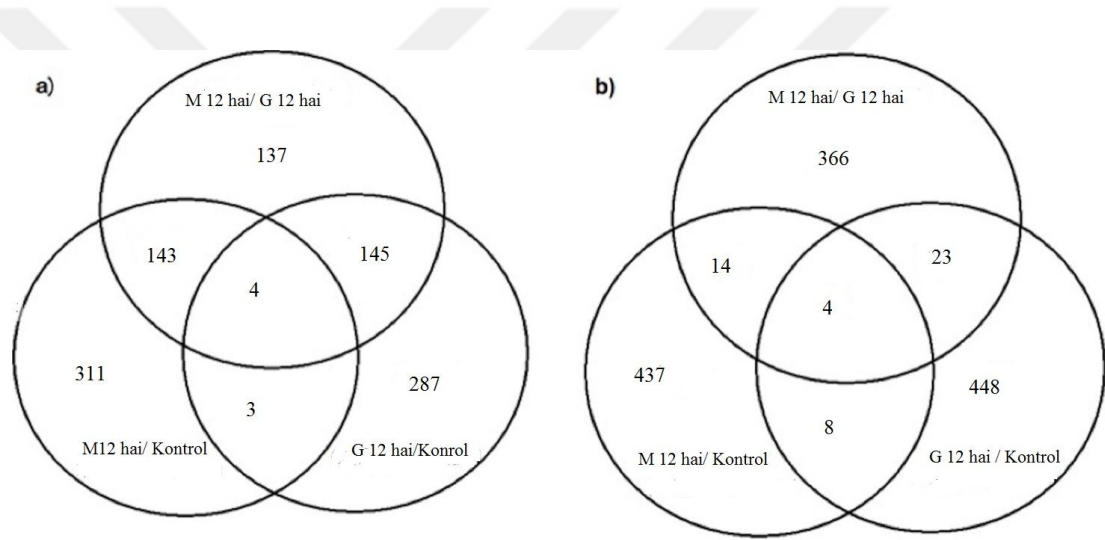
Çizelge 4.1. Farklı biçimde ifade olan genlerin azalışı ve artışı

Dizi	Açıklama	G 12 /C	G 12 /G 0	M 12 /C	M 12 /M 0	M 12/ G 12	GO Biyolojik Süreç
Ta_S12902838	Hipotetik protein	↔	↑	↔	↔	↔	Bilinmeyen
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	↔	↔	↔	↔	↑	Oksidatif strese yanıt, soğuğa yanıt, herbisite yanıt, glutasyon metabolik süreci.
Ta_S13020758	Bilinmeyen	↔	↔	↔	↑	↔	Bilinmeyen
Ta_S13112037	ap2 erebp süper aile transkripsiyon faktörü proteini	↔	↓	↔	↔	↔	Tuz stresine tepki, transkripsiyon regülasyonu, organ morfogenezi, vejetatif üreme için meristem faz geçişi, absisik aside tepki, transkripsiyon uyaran
Ta_S13122648	Hipotetik Protein TRIUR3_27413	↓	↔	↔	↔	↔	Bilinmeyen
Ta_S13134419	Hipotetik Protein F775_22156	↑	↑	↔	↔	↔	Bilinmeyen
Ta_S13144312	Alternatif Oksidaz	↔	↑	↔	↑	↔	Öncü metabolitler ve enerji tüketimi, oksidasyon redüksiyon süreci, oksidoredüktaz etkinliği
Ta_S13166630	Bilinmeyen	↑	↔	↔	↔	↓	Bilinmeyen
Ta_S13185742	Bilinmeyen	↔	↔	↔	↔	↑	Bilinmeyen
Ta_S13189037	Bilinmeyen	↔	↑	↔	↔	↔	Bilinmeyen
Ta_S16205726	Coiled-coil domain-ihtiva eden protein 65	↓	↔	↔	↔	↔	Bilinmeyen

Çizelge 4.1. (Devam) Farklı biçimde ifade olan genlerin azalışı ve artışı

Ta_S16256800	DNA topoizomer -az ifadesi	↔	↑	↔	↔	↔	Açıklama İçermeyen
Ta_S17893086	Hastalık Direnç Yanıtı Proteini 206	↑	↑	↔	↔	↔	Açıklama İçermeyen
Ta_S17893772	Cyclin-bağlı kinaz c-2	↔	↔	↑	↑	↔	Virüse tepki, protein fosforilasyonu, carpel development, viral sürecin düzenlenmesi, mRNA işleme
Ta_S17896054	Fosfolipid-taşıma ATPaz 2	↔	↔	↔	↑	↔	Fosfolipid taşıma, Fosfolipid translokasyon ATPaz aktivitesi, Sitoplazmik membran sınırlı vezikül
Ta_S17977116	Hipotenik protein F775_0547 1	↔	↔	↔	↑	↔	Açıklama içermeyen
Ta_S17987494	f-box protein pp2-a13	↑	↔	↔	↔	↓	Açıklama içermeyen
Ta_S22369341	Glikosiltransferaz	↓	↔	↔	↔	↔	Transferaz aktivitesi
Ta_S24623090	Allen oksit siklaz kloroplastik	↔	↔	↔	↑	↔	Allen oksidaz siklaz aktivitesi
Ta_S26021235	Bilinmeyen	↑	↑	↔	↔	↔	Bilinmeyen
Ta_S26026058	Ferrodoksin-kloroplast	↔	↑	↔	↔	↔	Elektron taşıma zinciri, Çinko iyonu bağlama, kloroplast
Ta_S32494292	Poligalakturonaz haberci	↓	↔	↔	↔	↔	Açıklama içermeyen
Ta_S32531082	Oksin duyarlı Protein	↔	↔	↓	↔	↔	Bilinmeyen
Ta_S32599956	Protein	↔	↓	↔	↔	↔	Tek organizma hücresel süreç, tek organizma transferi, zar
Ta_S32694279	Metionil-tRNA formlytransferase	↔	↔	↓	↔	↔	Translasyon başlatma, metionil dönüşüm N-formil tRNA-metionil-tRNA, Pürin ribonükleotid biyosentez süreci
Ta_S37852892	Bilinmeyen	↔	↔	↓	↔	↔	Bilinmeyen
Ta_S37887180	Bilinmeyen	↔	↔	↔	↔	↓	Bilinmeyen
Ta_S38676400	Alfa-gliadin	↓	↔	↔	↔	↔	Besin rezervuar aktivitesi
Ta_S50084340	Bilinmeyen	↔	↔	↔	↔	↑	Bilinmeyen

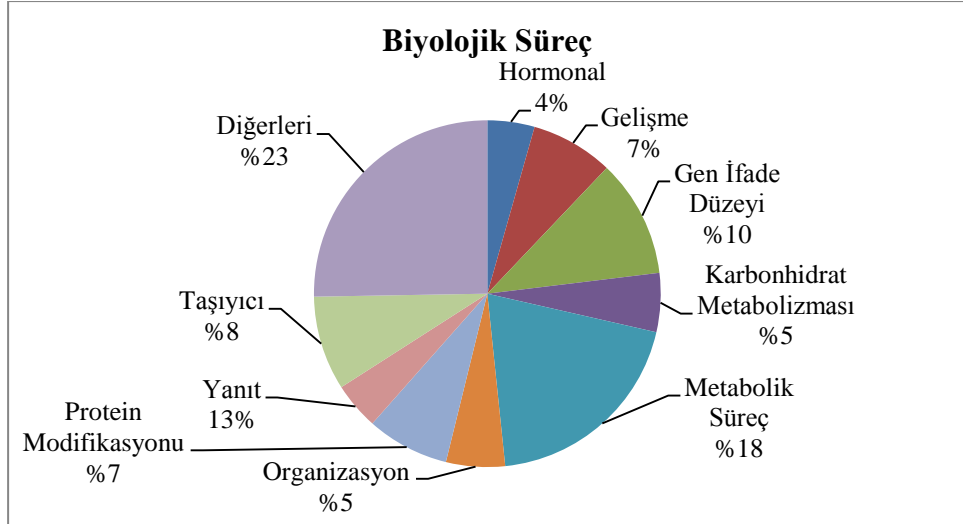
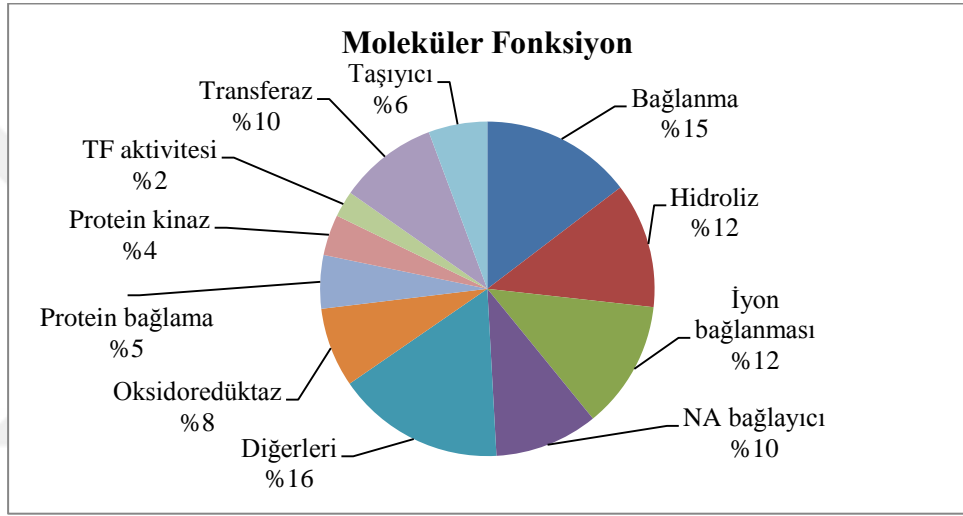
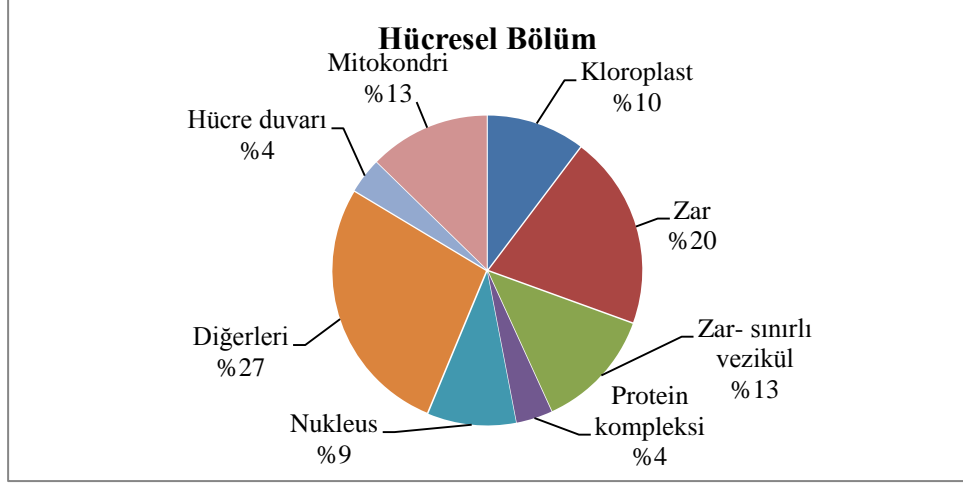
Venn diyagramları (Şekil 4.4.) patojen enfeksiyonu üzerine karşılaştırmalar arasında artan veya azalan regulasyon transkript sayısını temsil eder ve aynı zamanda üst üste binen transkriptin yanı sıra, her bir durum için özel olanları gösterir. Değişen transkript sayısı tüm karşılaştırmalar için hemen hemen aynı olmasına rağmen, veriler özgün gen sayısının ifadesi artan olanlardan daha yüksek olduğunu göstermiştir. Venn şemasına göre üç grup karşılaştırılması sonucu 8 transkriptin ortak olduğunu göstermiştir. Şekil 4.4’de a) artan genlerin sayısını, b) azalan genlerin sayısını göstermektedir. Önemlilik derecesi $P < 0,05$ ile 1,5 kat değişikliği ile belirlenmiştir. Bu ortak transkriptlere ek olarak bunlar esas olarak uyarılara, metabolizma ve gen sentezleme işlemlerine karşılık olarak dahil edilmiştir.



Şekil 4.4. Venn şeması 12 hai *Fusarium* inokülasyonundan sonra farklı şekilde ifade olan genlerin sayısını gösterir

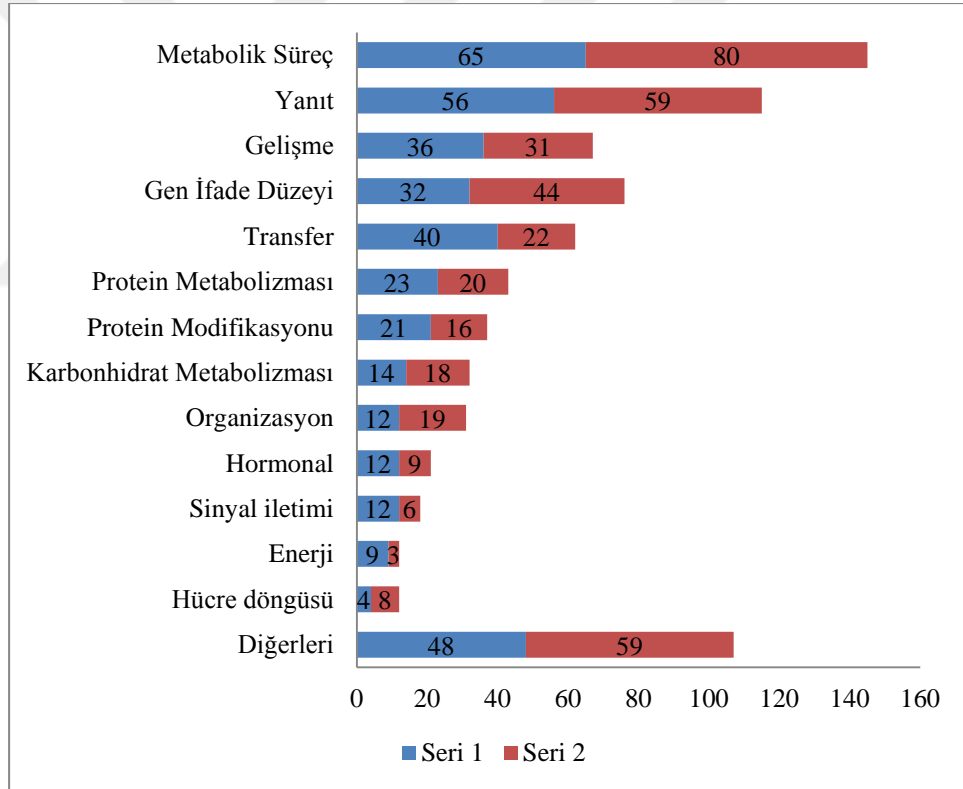
4.4. Farklı İfadelemiş Genlerin Sınıflandırılması

Gen ontolojisi zenginleştirme analizleri farklı ifade düzeyleri genlerin sınıflandırılmasında uygulanmıştır (Ek 2). Çalışmamızda tespit edilen genlerin arasında, %39'nun işlevleri daha önceden tespit edilmiştir, ancak geri kalanı % 61'nin ise işlevleri belli olmayıp herhangi bir sınıflandırmaya tabi tutulmamıştır. Biyolojik süreçte çok miktarda bulunan transkriptler sırasıyla metabolik süreç, uyarıcıya yanıt ve gen ifadesine ait olmaktadır. Hüresel lokasyonlar göz önüne alındığında, transkripsiyonda rol oynayan genlerin büyük bir kısmının hücre zarı ve zarla sınırlanmış veziküllerle ilgili olduğu görülmüştür (Şekil 4.5).



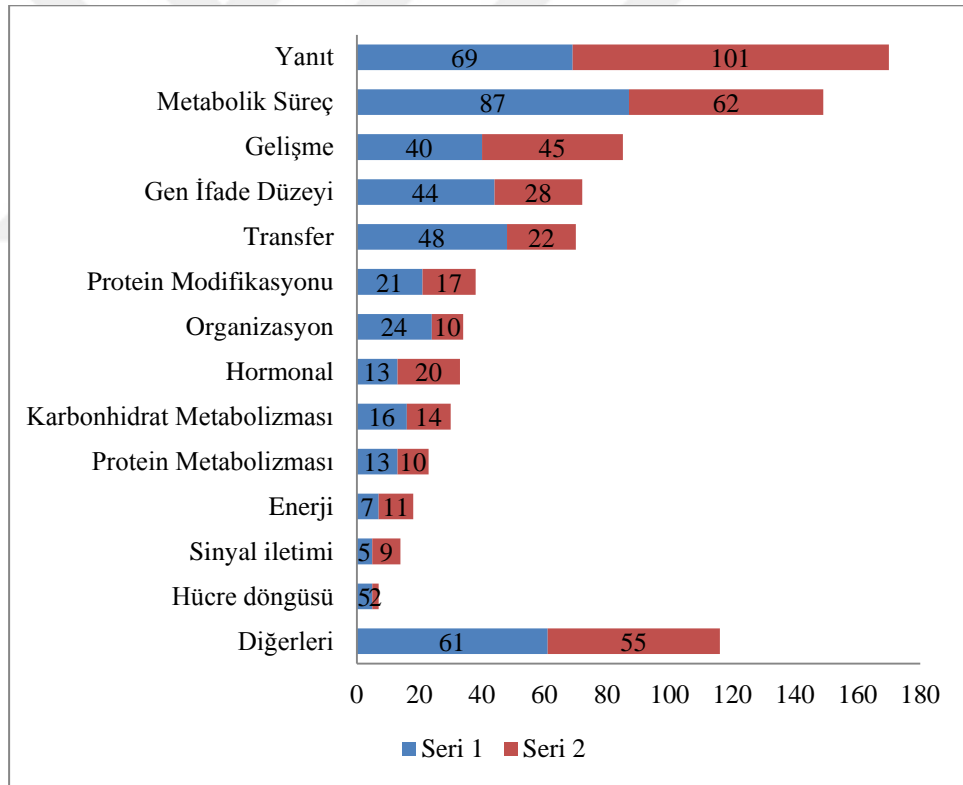
Şekil 4.5. Farklı olarak ifade edilmiş transkriptlerin fonksiyonel GO kategoriler dağılımı

Mikroarray sonuçları, 12 hai Gün-91 ve onun kontrol grubu ile karşılaştırıldığında 922 transkriptin farklı şekilde ifade edildiğini göstermiştir. Gen Ontoloji analizi kullanılarak, farklı şekilde ifade edilen genlerin fonksiyonel sınıflandırmasında 778, 555 ve 562 adet GO teriminin sırasıyla biyolojik süreç (GO:0008150), moleküler fonksiyon (GO: 0003674) ve hücresel bölme (GO: 0005575) ile ilgili olduğunu göstermiştir. Çalışmamızda en büyük transkript grubunun biyolojik süreç içerisinde sınıflandırılan metabolik sürece (GO:0008152) ait olduğunu belirlenmiştir (Şekil 4.6). Metabolik işlevler olarak incelendiğinde, enerji, ve sinyal iletişimi ile ilgili genlerin bir çoğunun ifadesinin bulaşık bitkilerde azaldığı gözlenmiştir. Hücredeki bölümlere dağılım göz ününe alındığında ise en fazla sayıda transkriptin hücre zarıyla ilgili transkriptler olduğu bulunmuştur.



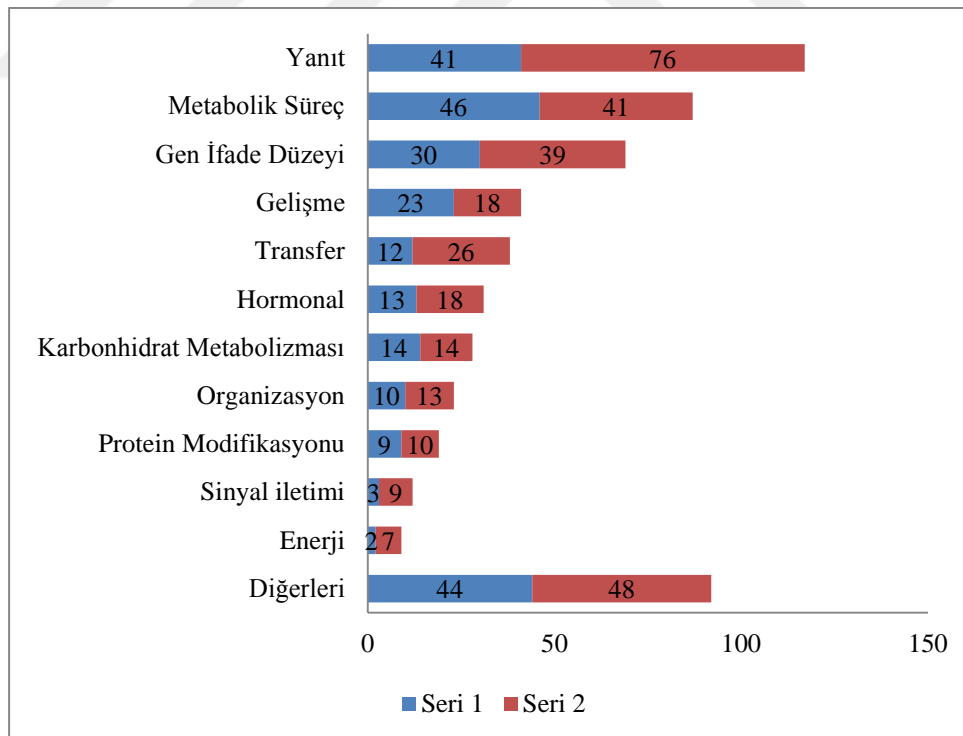
Şekil 4.6. Gün-91 ve onun kontrol grubunun karşılaştırılması sonucu oluşan bar grafik gösterimi. Seri 1: İfadesi Azalan Regulasyon- Seri 2: İfadesi Artan Regulasyon

Mızrak-98 (MS) 12 hai ve onun kontrolü ile karşılaştırıldığında 924 transkript farklı olarak ifade edilmiştir. GO analiziyle açıklandığında farklı şekilde ifade edilen transkriptler 860, 545 ve 502 adet GO teriminin sırasıyla biyolojik süreç, moleküler fonksiyon ve hücresel bölme ile ilgili olduğu bulunmuştur. Uyarılara yanıt (GO:0050896), metabolik süreçler (GO:0008152) ve gelişme (GO:0032502) ile ilgili transkriptlerin önemli derecede patojenik stresle etkilendiği gözlenmiştir (Şekil 4.7). Uyarıcıya yanıt ile ilişkili genlerin büyük bir kısmının ifadesi artan iken, ifadesi azalan genlerin sayısı metabolik süreç ve gen düzenlenmesinde daha yüksek olmuştur. Buna ilaveten, gen ifade düzeyi ve transfere ait transkriptler önemli değişiklikler göstermiştir. Uyarıcıya yanıt sürecine bakıldığında, transkript birikimi Mızrak-98’de Gün-91’den daha yüksek bulunmuştur. Ayrıca, metabolizmada bol miktarda transkript negatif ifade edilip ve enerji ile ilgili genler pozitif düzenlenmiştir



Şekil 4.7. Mızrak-98 ve onun kontrol grubunun karşılaştırılması sonucu oluşan bar grafik gösterimi. Seri 1: İfadesi Azalan Regülasyon- Seri 2: İfadesi Artan Regülasyon

Toplam 835 transkriptin enfekte Mızrak-98’de enfekte Gün-91’e göre önemli derecede düzenlendiği bulunmuştur. Farklı biçimde düzenlenmiş transkriptler GO analiziyle açıklandığında 555, 408 ve 363 adet GO teriminin sırasıyla biyolojik süreç, moleküler fonksiyon ve hücresel bölüm ile ilgili olduğu bulunmuştur. Şekil 4.8’de gösterildiği gibi yanıt ile ilişkili transkriptler, metabolik süreç ve gen ifadesi önemli derece patajenik stresle etkilenmiştir. 12 hai, strese yanıt ve gen ifade düzeyi ile ilgili artan transkript sayısı Gün-91 göre Mızrak-98’de daha yüksektir. Bu sonuç orta derecede hassas çeşidi zaten strese duyarlı olduğunu gösterir. Mızrak-98’de transkriptlerle ilgili sinyal transferi, taşıma ve zar sırasıyla % 78, % 68 ve % 61 oranında olumlu yönde regülasyon gösterir. Fakat metabolik ve gelişim süreçlerine ait ifadesi azalan transkript sayısı daha fazlaydı. Protein kompleksi ile ilgili transkriptler gen birikiminde önemli bir farklılaşma göstermiştir. Transkriptlerin yaklaşık % 86’sı Gün-91’de yüksek derecede ifade edilmiştir. swi snf kompleks alt birim swi3b (Ta_S17989822), ökaryotik translasyon başlatma faktörü 3 alt birim d (Ta_S17890113) ve DNA helikaz ino-80 (Ta_S26028907) gibi.



Şekil 4.8. Mızrak-98 ve Gün-91’in karşılaştırılması sonucu oluşan bar grafik gösterimi. Seri 1: İfadesi Azalan Regülasyon- Seri 2: İfadesi Artan Regülasyon

4.5. Buğdayda Kök ve Kök Boğazı Çürüklüğü Hastalığına Uyarılara Yanıt Olarak İçeren Transkriptler

Tüm karşılaştırmalarda, genellikle uyarılara yanıt olan transkriptler en fazla olanlardır. Daha spesifik biyotik stres ile ilişkili farklı şekilde belirtilmiş genler biyotik stres ve stres yanıtı MapMan yazılım aracını kullanarak görüntülenmiştir. MapMan haritalama dosyası mikroarray analizi ile farklı biçimde belirlenen tüm transkriptleri kapsayamayabilir. Gün-91 ve onun kontrolü ile karşılaştırıldığında güçlü şekilde düzenlenmiş biyotik stres ile ilgili genler iki PR-proteinleri (kitinaz A (Ta_S13112328), hastalık direnci – duyarlı protein (Ta_S17893086)), birkaç proteinaz inhibitörleri, β -glukanaz (Ta_S32704565), glutatyon-s-transferaz (Ta_S37823230) içermiştir. Ta_S17989500, Ta_S16058219 ve Ta_S38675474 transkriptlerle ilgili sırasıyla oksin-duyarlı protein, brassinosteroid ve ABA sinyal transdüksiyonu bütün Gün-91 çeşidinde ifadesi azalan regulasyon göstermiştir. Diğer taraftan, etilen sinyalizasyonu ve biyosentezinde rol alan yedi transkript farklı şekilde düzenlenmiştir. Ayrıca, yedi transkripsiyon faktörü ile ilgili genler Gün-91 farklı olarak düzenlenmiş olduğu bulunmuştur. Orta derecede hassas çeşit Mızrak-98, onun kontrolü ile karşılaştırıldığında biyotik stresle ilişkili önemli derece düzenlenmiş genler 1,3 - β -glukanaz (Ta_S13000333), 3 peroksidaz (Ta_S18006573, Ta_S18011877, Ta_S37760603), 7 glutatyon-s-transferaz (Ta_S13048864, Ta_S13109610, Ta_S13111648, Ta_S17892747, Ta_S18009609, Ta_S18011877, Ta_S32697004) ve birçok proteinaz inhibitörüdür. Oksin duyarlı genlerin bir kısmı farklı olarak ifade edilmiş ve jasmonik asit ile ilgili 2 gen (Ta_S12923155 ve Ta_S24623090) Mızrak-98’de kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığına yanıtta ifadesi azalmıştır.

Gün-91 ve Mızrak-98 farklı biçimde düzenlenmiş genler karşılaştırıldığında, hassas ve orta derecede hassas çeşitler patojene verdikleri tepkiler gen ifadelerinin düzenlenmesi ile ilgili olarak birbirinden farklılık göstermiştir. Örneğin, Mızrak-98’den farklı olarak iki savunma genleri (PR proteinler) Gün-91’de düzenlenmiştir, Diğer yandan Gün-91’den farklı olarak üç peroksidaz ve iki jasmonik asit ile ilişkili genler Mızrak-98’de düzenlenmiştir. Bu nedenle, hassas ve orta derecede hassas çeşitlerin 12 hai patojen enfeksiyonundan etkilendiği söylenebilir fakat patojene olan yanıtları oldukça farklı olmuştur.

Orta derecede hassas enfekte Mızrak-98 ile hassas enfekte Gün-91 çeşitlerinin biyotik stres ile ilişkili genlerin ifade düzeyleri karşılaştırıldığında biyotik stresle ilgili bir takım farklı ifadeler içermiştir. Bunlar PR- protein (Ta_S17893086), 3 β -glukanaz (Ta_S26022505, Ta_S32554879 ve Ta_S33578944), 2 peroksidaz (Ta_S17987935 ve Ta_S37760603), 3 glutatyon-s-transferaz (Ta_S17892747, Ta_S26018841 ve Ta_S37875911) ve birkaç proteinaz inhibitörüdür. Brassinostroid ve jasmonik asit sinyal yolu ile ilişkili genler karşılaştırıldığında Mızrak-98'de Gün-91'e kıyasla gen ifadeleri artan olduğu görülmektedir. Mızrak-98'de oksine cevap veren proteinlerle ilgili beş transkriptten dördünün ifadesi artmış, diğerinin ifadesi azalmıştır.

Her bir karşılaştırma için ayrı düzenlenmiş transkriptler daha da detaylı bir şekilde işlevlerini belirlemek için Blast2GO yazılım aracı kullanarak açıklamaya tabi tutulmuştur. Bu çalışmada, örneğin peroksidaz gibi PR genleri, kitinaz ve endo- β -glukanaz kodlayan transkriptler, değişmiş olarak incelenmiştir. Kitin, kitinaz substratı mantar hücre duvarının en temel bileşenidir ve birçok kitinaz genlerin ifadeleri fungal patojenlerle uyarılmaktadır (Zhong ve ark., 2002). Kitinaz enzimler kitin katabolizmasında ve bitki savunmasında rol oynadığı bilinmektedir. Bazı PR proteinler, kitinaz ve glukanaz gibi patojenlerin hücre duvarı bileşenlerini bozabilen bitki tepkisi olarak gerçekleşebilir (Chen ve Chen, 2002). *F. graminearum* enfeksiyonunda peroksidazları kodlayan buğday genleri PR-1, PR-2, PR-3, PR-4, ve PR-5, 6- 12. saatte sonra uyarılmış ve 36- 48. saatte en yüksek seviyeye çıktığı daha önce rapor edilmiştir (Pritsch ve ark., 2000; Pritsch ve ark., 2001). Desmond ve ark. (2008), kitinaz gibi antimikrobiyal proteinler β -1,3-glukanaz, PR1 ve PR10 benzeri proteinler *F. Graminearum*'un yakından akrabası *F. pseudograminearum* buğdayda 24 saat sonra görülmeye başladığını bildirmiştir.

Mikroarray analizinden elde edilen veriler kitinaz 8 (Ta_S26026095) transkriptleri 12 hai Mızrak-98'e kıyasla Gün-91'de ifadesi artan model göstermiştir. Ayrıca Gün-91 onun kontrolü ile karşılaştırıldığında kitinaz 8 (Ta_S26026095; Ta_S15880319) ifadesi artan olarak algılanmıştır. Bu transkriptlere ek olarak, Gün-91'de kitinaz benzeri protein 1 (Ta_S26027709) transkriptin ifadesi artan, oysa Mızrak-98'de 12 hai kitinaz 8 (Ta_S26026095) ve kitinaz benzeri protein 1 (Ta_S26027709) ifadesi azalan olarak algılanmıştır.

Bu çalışmada endo- β -glukanaz transkriptler farklı olarak düzenlendiği bulunmuştur. Mızrak-98 12 hai, Ta_S13000333 ve Ta_S33578941 tarafından kodlanan endo- β -glukanazlar sırasıyla 3,1 ve 1,6 kat gen ifadesi artan bulunmuştur. Orta derecede hassas ve hassas çeşitler karşılaştırıldığında Gün-91'de endo- β -glukanaz (Ta_S33578944) ifade seviyesi Mızrak-98'den daha yüksek olduğunu göstermiştir. Peroksidaz transkriptlerinin türleri 12 hai Gün-91 ve 12 hai Mızrak-98 karşılaştırıldığında farklılık göstermiştir. Mızrak-98'de peroksidaz 15 (Ta_S12995082) ve peroksidaz 1 (Ta_S17987935) ifadesi artan iken peroksidaz 2 (Ta_S37760603) ifadesi azalmıştır. ABC taşıyıcıları, pleiotropik ilaç direnci proteinleri ve sitokrom p450 fungal enfeksiyon sırasında detoksifikasyon sürecinde bir rol oynadığı bilinmektedir (Kosaka ve ark., 2015). Gün-91'de ABC taşıyıcı aile üyeleri patojen enfeksiyonu ile tetiklendiği bulunmuştur. Pleiotropik ilaca dirençli proteinler 12 hai Gün-91'de 12 hai Mızrak-98 ile karşılaştırıldığında ifadesi artan olarak bulunmuştur.

4.6. bZIP ve WRKY Transkripsiyon Faktörlerinin Savunma Tepkisi Üzerine Gen İfadelerinin Foksiyonel Düzenlenmesi

TF aktivitesi incelendiğinde, toplamda 57 transkripten 48 transkript en az bir kez karşılaştırma sırasında farklı olarak ifade edilmiştir. 12 hai Gün-91 ve onun yalancı kontrolü karşılaştırıldığında 8 TF'ler belirgin olarak düzenlenmiştir. Bunlardan 5 tanesi bastırılmış, 3 tanesi uyarılmıştır. Bastırılmış transkript 2,1 kat değişimi ile *WRKY* transkripsiyon faktör kısmı (Ta_S44692914)'dır. İfadesi artan transkripsiyon faktörü 2,1 kat değişikliği ile ap2 erebp transkripsiyon faktörü süper aile proteinleri (Ta_S32583333) olmuştur. On üç transkript Gün-91 12 hai / Gün-91 0 hai zamanında tespit edilmiştir. Bu farklı şekilde ifade edilen genlerin 8 tanesinin ifadesi artarken, 5 tanesinin ifadesi azalmıştır. Ayrıca, AP2-EREBP transkripsiyon faktörü süper aile proteinleri (Ta_S13112037) 4,7 kat değişikliği ile önemli ölçüde ifadesi azalan gen gibi görünmektedir.

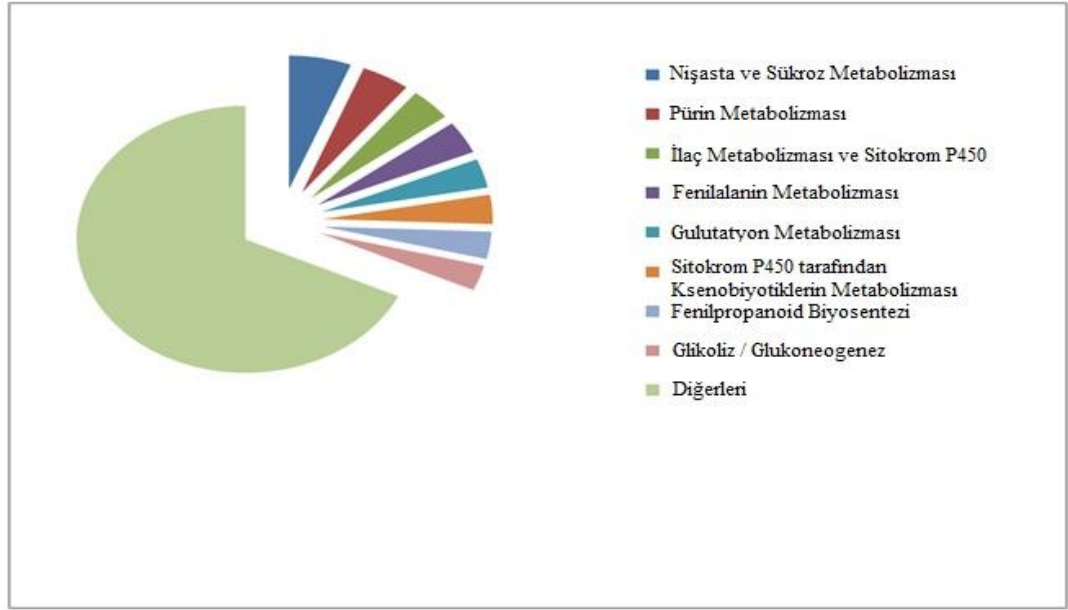
Mızrak-98 12 hai yalancı kontrolü ile karşılaştırıldığında farklı biçimde ifade olan 15 transkript arasından 5 transkript ifadesi artarken, 10 transkript ifadesi azalmıştır. Daha önce bZIP'lerin patojen savunma rolü olan bitkilerde TF'ler olduğu bildirilmiştir (Zhang ve ark., 2008). Bizim çalışmamızda da bZIP transkripsiyon

faktörü süper aile proteinleri (Ta_S18007507) 3,2 kat değişikliği ile ifadesi önemli derecede azalan iken WRKY transkripsiyon faktör 70 (Ta_S36162740) 3 kat değişikliği ile ifadesi artan model göstermiştir. Bunlara ek olarak, WRKY transkripsiyon faktör 70 (Ta_S36162740), dengeleyici rol alan salisilik asit (SA) ve jasmonik asit (JA) bağımlı savunma yollarında Mızrak-98 Gün-91 ile karşılaştırıldığında gen ifadesinde artış tespit edilmiştir.

Hassas ve orta derecede hassas olan çeşitler karşılaştırıldığında farklı olarak düzenlenmiş transkriptler toplamda 10 transkriptin ortak olduğu bulunmuştur. Bu transkriptlerden 5 tanesinin ifadesi artarken, 5 tanesinin ifadesi azalmıştır. Gün-91’de c- tekrarlayan bağlayıcı faktör 3 benzeri protein (Ta_S35718022) ifadesinde artış (2,4 kat), Mızrak-98 WRKY transkripsiyon faktör 70 (Ta_S36162740) ifadesinde de artış meydana gelmiştir. Gen ifade düzeyine katılan transkriptler bu çalışmada tespit edilmiştir. Transkriptlerin sayısı iki çeşitte de aynıydı ama onların regulasyonu birbirinden farklı bulunmuştur.

4.7. Karbonhidrat Metabolizması İle İlgili Erken Savunma Tepkisi Üzerine Transkriptlerin Fonksiyonları.

KEGG analizinde bulunan 285 transkript, 275 unigene 74 ayrı yolak sınıflandırılmış. Metabolik yolların sınıflandırılması Şekil 4.9’da gösterilmiştir. KEGG yolları, *Fusarium* inokülasyonuna yanıt olarak en fazla farklı şekilde ifade edilen transkriptler nişasta, sükröz metabolizması ve pürin metabolizmasında yer almıştır (Şekil 4.9.).

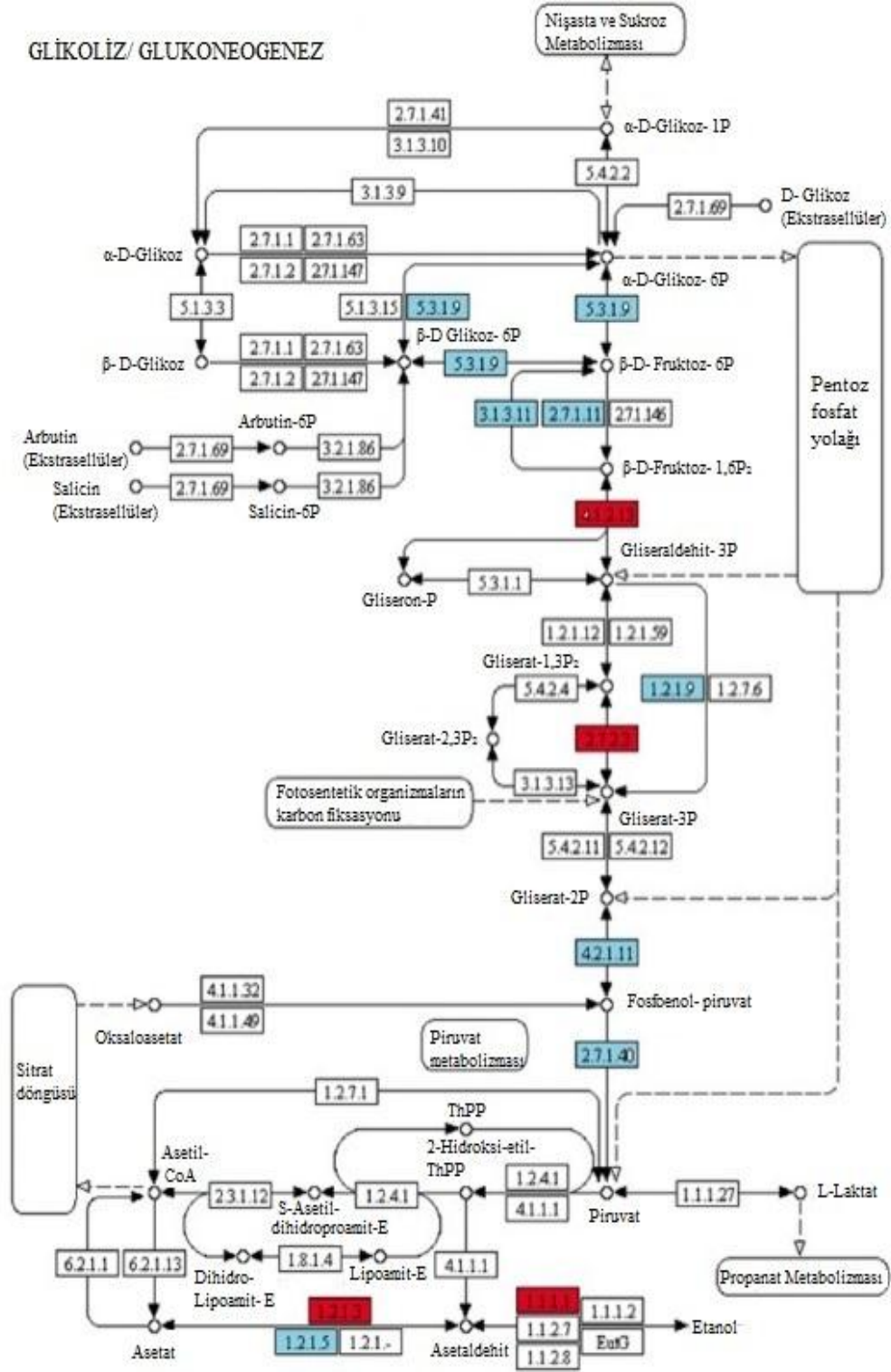


Şekil 4.9. KEGG sınıflandırılması mikroarray analizinde tespit yolları

Ayrıca, önemli bir değişiklik patojen strese yanıt olarak Glikoliz / Glukoneogenez yolağında tespit edilmiştir. KEGG analizi sayesinde, nişasta ve sükroz metabolizmasında 28 değişmiş transkript ve glikoliz / glukoneogenez yolunda 14 transkript görülmektedir. Bu yollarla ilgili transkriptler Şekil 4.10 içerisinde gösterilmiştir.

Glikoliz / glukoneogenez (map 00010) *Fusarium* inokülasyonundan sonra saptanan önemli yolağında biridir. Mavi ve kırmızı kutular sırasıyla azalan ve artan regulasyonu gösterir (Şekil 4.10). Enzim kodları ve karşılık gelen transkriptler; 5.3.1.9: glukoz-6-fosfat sitosolik (Ta_S32418945), 3.1.3.11: fruktoz-bifosfataz, sedoheptuloz-kloroplastik (Ta_S12922973, Ta_S26025373), 2.7.1.11: pirofosfat-fruktoz -6-fosfataz 1-fosfotransferaz altbirim alfa (Ta_S13144045), 4.1.2.13 fruktoz-bifosfat kloroplast (Ta_S17888674), 1.2.1.9: NADP- bağımlı gliseraldehit-3-fosfat dehidrojenaz (Ta_S13048872), 2.7.2.3: fosfogliserat sitozolik (Ta_S32518390), 4.2.1.11: endolaz kloroplastik (Ta_S17986798), 2.7.1.40: piruvat kinaz (Ta_S24623093), 1.2.1.3: aldehit dehidrojenaz (Ta_S13270649), 1.2.1.5: aldehit dehidrojenaz ailesi 3 member f1 (Ta_S12947041), 1.1.1.1: alkol dehidrojenaz 1 (Ta_S32643099) (Şekil 4.10).

GLİKOLİZ/ GLUKONEOGENEZ



Şekil 4.10. KEGG yolağı deęs harita analizi

5. SONUÇ ve ÖNERİLER

Büyük çaplı gen ifade analizleri genelde bitkilerin çevrelerine olan tepkimelerini ölçümlemek için kullanılır (Desmond ve ark., 2008). Biyotik strese bağlı gen ifadeleri mikroarray analizleri kullanılarak farklı bitki türlerinde büyük ölçüde belirlenmektedir. Patojen stresi gibi çeşitli stres uygulamaları farklı bitkilerde ya da bitkilerin farklı dokularında incelenmiştir. Kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığı *F. graminearum*'un neden olduğu buğdayda en yaygın hastalıklardan biridir. Mevcut çalışmada, 0 ve 12 hai *F. graminearum*'a hassas ve orta derecede hassas buğday çeşitlerinde gen ifade analizi yapılmıştır. Bizim çalışmamızda görüldüğü gibi, farklı şekilde ifade olan transkript sayısı neredeyse hassas ve orta derecede hassas çeşitler arasında aynı olmuştur, fakat onların işlevleri göz önüne alındığında gen profilleri bir biri arasında farklılık göstermiştir.

Patojen enfeksiyonu üzerine, bitki savunma yanıtları, bitki-konakçı genlerinde çok sayıda transkripsiyonel regülasyonu içermektedir. Kitinaz genleri orta derecede hassas ve hassas çeşitlerde ifade olduğu fakat 12 hai hassas Gün-91'de bulunan kat değişiklikleri orta derecede hassas Mızrak-98'e oranla yaklaşık iki kat daha yüksek olduğu gözlemlenmiştir. Peroksidaz türleri ve kat değişiklikleri de her iki çeşitte değişik düzeylerde tespit edilmiştir.

Dış uyaranlara karşı tepki olarak, gen ifade düzeylerinde artan veya azalan kompleks değişiklikler meydana gelmiştir. Uyarının algılanması transkripsiyon faktörleri gibi önceden varolan sinyal bileşenleri aracılığı ile birincil yanıt genlerini aktive etmiştir. Bu nedenle, bitki genlerinin transkripsiyonel regülasyonu bitki hastalık direnci ile bitki savunma mekanizmasının önemli bir parçasıdır (Chen ve Chen 2002). TF'leri ile ilgili hassas ve orta derecede hassas çeşitler 0 ve 12 hai de karşılaştırılmıştır. Çalışmada en fazla belirlenen transkripsiyon faktörleri WRKY ve bZIP aile üyeleri olarak tespit edilmiştir. bZIP'ler ve WRKY'lerin çeşitli gelişimsel ve stres ile alakalı süreçlerin iki önemli bitki transkripsiyon faktörleri oldukları daha önce bildirilmiştir (Llorca ve ark., 2014).

Gen ifade analizinden elde edilen toplamda 15 buğday WRKY cDNA'ları genlerinin çoğu yüksek ölçüde yapraklarda görülmüştür (Wu ve ark., 2008). WRKY transkripsiyon faktör 70 (Ta_S36162740) Mızrak-98 12 hai, onun kontrolü ve 12 hai

Gün-91 kıyaslandığında 3 kat daha ifadesi artan bulunmuştur. Daha önce WRKY70'in SA ve JA sinyalizasyonu için bitki savunmasında patojenlere karşı çok önemli bir role sahip olduğu rapor edilmiştir (Li ve ark., 2006; Besseau ve ark., 2012). Bizim verilerimize göre, JA ve SA aracılıklı sinyal yolu duyarlı MAP-kinaz kinaz 5 (Ta_S12923226) ve MAP-kinaz kinaz 6 (Ta_S12917674) transkriptleri Mızrak-98 12 hai'de uyarılmıştır. Mitojen-aktivasyonlu protein kinazlar, sinyal mekanizma fonksiyonlarında özellikle MAPK3 ve MAPK6 ile artış gösterdiği ve bağışıklık tepkisini arttırdığı daha önce bildirmiştir (Beckers ve Conrath 2007; Beckers ve ark., 2009). Bu sonuçlar dikkate alındığında, WRKY70 transkripti *F. graminearum* enfeksiyonun'da 12 hai Mızrak-98'de ifade edildiği açıktır. Mızrak-98 12 hai'de bZIP transkripsiyon faktörünün (Ta_S17984954) bastırılmış olduğu bulunmuştur. Bu iki transkripsiyon faktörü antagonistik olarak çalıştığı söylenebilir. Mevcut bZIP monomerlerinin aktivitesi ayrıca fosforilasyon ile regule edilebilir. Bu tür post-translasyonel modifikasyon yukarıda bahsedilen mekanizmaların TF fonksiyonlarını kontrol ederek modifiye edebilir. bZIP'ler gibi, WRKY'ler aktivitesi MAPK yolu boyunca fosforilasyon ile modüle edilebilir (Lee ve ark., 2010; Llorca ve ark., 2014). Enfekte edilmiş 12 hai Mızrak-98 çeşidinde, protein kinaz aktivitesi ile ilişkili transkriptlerin ifadesi % 74 artmıştır ve protein fosforilasyonu kontrolü ile karşılaştırıldığında bu oran % 75 olmuştur.

Gen ifade analizi süresince açık bir şekilde çoğunlukla gen ifadeleri enfekte olmuş Mızrak-98'de ifadesi artmış, Gün-91'de ifadesi azalmıştır. Önceki çalışmalarda bazı çevresel koşullar gibi patojenler de translasyon değişikliklerine yol açabileceğini ortaya konulmuştur (Bailey-Serres, 1999). Ökaryotlarda protein sentezinin başlaması çeşitli translasyon faktörleri (eIFs) tarafından kolaylaştırılır. Translasyon başlatma faktörü 3 (eIF3) kompleksi mRNA ve metionil tRNA ile 40S ribozom ile diğer başlatma faktörleri (Chaudhuri ve ark., 1999) buğday tohumlarından izole edilmiştir (Checkley ve ark., 1981). İki çeşitte bulunan paylaşılan transkriptlerden biri ökaryotik translasyon başlatma faktörü 3 alt birim d (Ta_S17890113) Gün-91'de güçlü olarak ifade edilmiştir. Son zamanlarda yapılan çalışmalar eIF4E geninin arpada virüslere karşı dirençte bir rol oynadığını göstermiştir (Robaglia ve Caranta, 2006). Bu nedenle, bu genin patojen savunma mekanizmasında bir rolü olan bazı proteinlerin sentezini düzene koyabileceği ileri sürülebilir.

Bitkilerin strese nasıl tepki verdiklerini ve hangi genlerin ya da yolların bu streslerde etkili olduklarını anlamak önemlidir. Çalışmamızda *F. graminearum*'a tepki veren 74 yolak bulunmuştur ve bizim analizlerimiz, nişasta ve sükröz metabolizması, pürin metabolizması ve Glikoliz / Glukoneogenez'lerin en zengin yollar arasında olduğunu göstermiştir. Bu açıklamalar, bu patojene karşı buğdayın erken tepkisini anlamak için önemli ipuçları vermektedir. Daha önce karbonhidrat metabolizmasındaki değişikliklerin bitkilerde patojen stresi esnasında meydana geldiği bildirilmiştir (Gürkök ve ark., 2015). Diğer taraftan, funguslar ve buğday arasında hem antioksidan hemde glikoliz yollarının her ikisinde dikkate alındığında güçlü bir etkileşim olduğu daha önce bildirilmiştir (Zhou ve ark., 2006). Ayrıca *Fusarium* stresinden etkilenen nişasta metabolizma enzimleri bildirilmiştir (Zhou ve ark., 2002). Gen zenginleştirme analizinde, karbonhidrat metabolizmasına katılan transkript sayısında orta derecede hassas ve hassas çeşitler arasında benzerlik olmuş, ifadesi azalan düzenlenmiş transkript sayısı Mızrak-98'de Gün-91'e göre daha yüksek olmuştur. Diğer taraftan, karbonhidrat metabolizması veya nişasta sentezi bu çeşitlerde önemli bir rol oynamaktadır.

Hassas ve orta derecede hassas çeşitler arasında mantar patojeni *F. graminearum*'a karşı buğday yapraklarında erken yanıtı keşfetmek için transkriptom profillemeye uygulanmış olup hem MS hemde S çeşitlerinin *F. graminearum* enfeksiyondan etkilendiği ve kendi savunma sistemlerini farklı şekillerde harekete geçirdiklerini, örneğin farklı PR proteinleri ve TF'ler gibi transkriptlerde gözlemlenmiştir. Uyarılara ve metabolik süreçle ilgili transkriptler patojenik stresle en çok etkilenenlerdir. KEGG yolağı zenginleştirme analizleri, karbonhidrat ve enerji metabolizmasında yer alan genlerin ilk tepkimedeyte etkilendiklerini göstermiştir. Ayrıca, genetik varyasyonun olasılığı göz önüne alındığında *F. graminearum* direnç açısından buğday çeşitleri arasında yeterince varyasyon olduğu görülmektedir. Bizim çalışmamız sonucunda buğdayda kök ve kök boğazı çürüklüğüne dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi açısından buğday yetiştiricileri için yeni belirteçler bulmalarına yardımcı olabilir. Gelecek çalışmalarda dayanıklı çeşit genom parçasının entegrasyonu sonucu oluşturulacak izogenik hatlarda yapılacak transkriptomik çalışmaları daha etkili sonuçlar verecektir. Ayrıca RNA dizileme teknolojilerindeki gelişmeler sayesinde yeni

genlerin keşfi ve daha fazla ve etkili SNP markörlerinin oluşturulması mümkün olabilir.



KAYNAKLAR

- Aktaş, H., Bostancıoğlu, H., Tunalı, B., ve Bayram, E., 1996. Sakarya yöresinde buğday kök ve kökboğazı çürüklüğüne neden olan hastalık etmenlerinin belirlenmesi ve bu etmenlerin buğday yetiştirme teknikleri ile ilişkileri üzerinde araştırmalar. **Bitki Koruma Bülteni** 36 (3-4) s. 151-167.
- Aktaş, H., Kınacı, E., Yıldırım, A.F., Sayın, L., Kural A., 1999. Konya yöresinde hububatta sorun kök ve kök boğazı çürüklüğü etmenlerinin hububatta verim komponentlerine etkileri ve mücadelesi üzerine araştırmalar. **Hububat Sempozyumu**, 8-11 Haziran 1999, 392-403. Konya.
- Aktaş, H., 2001. Önemli Hububat Hastalıkları ve Survey Yöntemleri. **Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü Yayını**, Tarım ve Köyişleri Bakanlığı Tarımsal Araştırmalar Genel Müdürlüğü Bitki Sağlığı Araştırmaları Daire Başkanlığı, 74 sayfa.
- Akgül, D.S., 2007. Çukurova Bölgesi Buğday Ekim Alanlarında Kök, Kök boğazı ve Sap Çürüklüğü Hastalığının Durumu, Bazı Buğday Çeşitlerinin Hastalığa Karşı Reaksiyonları, Farklı Gübreleme Pratikleri ve Fungisit Uygulamalarının Hastalık Gelişimine Etkileri. **Ç.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü, Bitki Koruma Ana Bilim Dalı, Doktora Tezi**. No:1137
- Albayrak, G., Yörük, E., 2013. Biyoinformatik Araçların *Fusarium graminearum* Genomunda Kullanımı. **Elektronik Mikrobiyoloji Dergisi** TR, 11(1): 1-18.
- Alexandrova, K.S., Conger, B.V., 2002. Isolation of two somatic embryogenesis-related genes from orchardgrass (*Dactylis glomerata*). **Plant Sci.**, 162: 301-307.
- Altınok, B., 2011. Akut Myeloid Lösemide Wnt Sinyal Yolağındaki Genlerin DNA Mikroarray Analizi İle Tanımlanması. Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü, **Doktora Tezi**.
- Araz, A., Oğuz N., Güler P., 2010 *Fusarium* Türlerinin İzolasyonu ve Patojenitelerinin Belirlenmesi. **Biyoloji Bilimleri Araştırma Dergisi** 3 (1):1-5, ISSN: 1308-3961, www.nobel.gen.tr
- Arıcı, Ş. E., Arap, Ü., ve Yatağan, F. B., 2013. Isparta ve Burdur İlleri Buğday Ekim Alanlarındaki Kök ve Kök Boğazı Fungal Hastalık Etmenlerinin Belirlenmesi. **Journal of Natural and Applied Science**, 17(2), 26-30.
- Arslan, Ü., Baykal, N., 2002. Kök ve Kök Boğazı Fungal Patojenlerine Karşı Bazı Buğday Çeşitlerinin Reaksiyonları ve Tohum Koruyucu Fungisitlerin *Fusarium culmorum*'a etkisi. **Uludağ Üniversitesi, Ziraat Fakültesi Dergisi** 16: 69-76.
- Asai, T., Tena, G., Plotnikova, J., Willmann, M. R., Chiu, W. L., Gomez-Gomez, L., ve Sheen, J., 2002. MAP kinase signalling cascade in Arabidopsis innate immunity. **Nature**, 415(6875), 977-983.
- Ay, H., 2013. "Çukurova Koşullarında Pas Hastalıklarının Bazı Ekmeklik Buğday Çeşitlerine Etkisi." **Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi** 6 (1): 50-55, 2013 ISSN: 1308-3945, E-ISSN: 1308-027X, www.nobel.gen.tr

- Aydan, A., M. Erkan, B., ve E. Numan, B., 2009. "Sakarya ilinde bazı buğday çeşitlerinde kök ve kök boğazı hastalıklarına neden olan etmenlerin belirlenmesi." **Bitki Koruma Bülteni** 49.1
- Bağcı, S.A., Hekimhan, H., Arısoy, R.Z., Taner, A., Büyük, O., Nicol, J., Aydoğdu, M., 2008. Farklı münavebe sistemlerinin hububat kök ve kök boğazı çürüklüğü hastalığı Üzerine Etkisi. **Ülkesel Tahlil Sempozyumu**, 2-5 Haziran 2008, Konya
- Bailey-Serres, J., 1999. Selective translation of cytoplasmic mRNAs in plants. **Trends Plant Sci.** 4,142–148.
- Bal, S. H., ve Budak, F., 2012. Mikroarray Teknolojisi. **Uludağ Üniversitesi Tıp Fakültesi Dergisi** 38 (3) 227-233.
- Baloglu, M. C., Inal, B., Kavas, M., and Unver, T., 2014a. Diverse expression pattern of wheat transcription factors against abiotic stresses in wheat species. **Gene**, 550(1), 117-122
- Baudo M, Lyons R., Powers, S., Pastori GM., Edwards, KJ., Holdsworth MJ., Shewry PR., 2006. Transgenesis has less impact on the transcriptome of wheat grain than conventional breeding. **Plant Biotechnol J**, 4(4): 369-380.
- Beckers, G. J., and Conrath, U., 2007. Priming for stress resistance: from the lab to the field. **Curr. Opin. Plant Biol.** 10,425–431.
- Beckers, G. J., Jaskiewicz, M., Liu, Y., Underwood, W. R., He, S. Y., Zhang, S., ve Conrath, U. (2009). Mitogen-activated protein kinases 3 and 6 are required for full priming of stress responses in *Arabidopsis thaliana*. **The Plant Cell**, 21(3), 944-953.
- Bernardo, A., Bai, G., Guo, P., Xiao, K., Guenzi, A.C., Ayoubi, P., 2007 , *Fusarium graminearum*-induced changes in gene expression between *Fusarium* head blight-resistant and susceptible wheat cultivar, **Funct. Integr. Genomics**, 7, 69-77
- Besseau, S., Li, J., and Palva, E. T., 2012. WRKY54 and WRKY70 co-operate as negative regulators of leaf senescence in *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Experimental Botany**, 63(7), 2667-2679.
- Bischof, M., Eichmann, R., ve Hüchelhoven, R., 2011. Pathogenesis-associated transcriptional patterns in Triticeae. **Journal of Plant Physiology**, 168(1), 9-19.
- Bischof R., Fourtis, L., Limbeck, A., Gamauf, C., Seiboth, B. and Kubicek, C.P., 2013. Comparative analysis of the *Trichoderma reesei* transcriptome during growth on the cellulose inducing substrates wheat straw and lactose. **Biotechnol. Biofuels.** 6: 127.
- Bolstad, B. M., Irizarry, A., Astrand, M., and Speed, T. P., 2003. A comparison of normalization methods for high density oligonucleotide array data based on variance and bias. **Bioinformatics** 19, 185–193.
- Bodur, E., Demirpençe, E., 2010. Kodlamayan RNA'lar ve gen susturumu. **Hacettepe Tıp Dergisi**, 41:8
- Boller, T., ve He, S. Y., 2009. Innate immunity in plants: an arms race between pattern recognition receptors in plants and effectors in microbial pathogens. **Science** 324,742.
- Booth, C., 1971. The Genus *Fusarium*. **Com. Myc. Inst. Kew, Surrey**, England, 237.

- Chaudhuri, J., Chowdhury, D., and Maitra, U., 1999. Distinct functions of eukaryotic translation initiation factors eIF1A and eIF3 in the formation of the 40S ribosomal preinitiation complex. **J. Biol. Chem.** 274,17975–17980.
- Checkley, J. W., Cooley, L., and Ravel, J. M., 1981. Characterization of initiation factor IF-3 from wheat germ. **J. Biol. Chem.** 256, 1582–1586
- Chen, C. ve Z. Chen., 2002. "Potentiation of developmentally regulated plant defense response by at WRKY18, a pathogen-induced *Arabidopsis* transcription factor." **Plant Physiology** 129(2): 706-716.
- Clarke, B., Rahman, S., 2005. A microarray analysis of wheat grain hardness. **Theor Appl Genet**, 110: 1259–1267.
- Coram, TE., Settles ML, Chen X., 2008. Transcriptome analysis of high-temperature adult-plant resistance conditioned by Yr39 during the wheat-*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* interaction. **Mol Plant Pathol**, 9(4): 479-493.
- Çevik, Ş. M., 2005 "Mikroarray Teknolojisi ve Bitkilerde Uygulama Alanları." **SDÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi** 9.3.
- De Pater, S., Greco, V., Pham, K., Memelink, J., Kijne, J., 1996. Characterization of a zinc-dependent transcriptional activator from *Arabidopsis*. **Nucleic Acids Res.** 24: 4624-4631.
- Dellagi, A., Helibronn, J., Avrova, A.O., Montesano, M., Palva, E.T., Stewart, H.E., Toth, I.K., Cooke, D.E., Lyon, G.D., Birch, P.R., 2000. A potato gene encoding a WRKY-like transcription factor is induced in interactions with *Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica* and *Phytophthora infestans* and is coregulated with class I endokitinaz expression. **Mol Plant Microbe Interact** 13: 1092-1101.
- Demirci, F., 2003. Bazı Buğday Çeşitlerinin Önemli Kök ve Kök Boğazı Hastalık Etmenleri (*Fusarium* spp., *Bipolaris sorokiniana*)'ne Karşı Reaksiyonlarının Belirlenmesi. **Tarım Bilimleri Dergisi**, 9 (4) 460-466.
- Deslandes, L., Olivier, J., Theulieres, F., Hirsch, J., Feng, DX., Bittnerreddy, P., Beynon, J., Marco, Y., 2002. Resistance to *Ralstonia solanacearum* in *Arabidopsis thaliana* is conferred by the recessive RRS1-R gene, a member of a novel family of resistance genes. **Proc Natl Acad Sci USA** 99: 2404-2409.
- Desmond, O. J., Manners, J. M., Schenk, P. M., Maclean, D. J., and Kazan, K., 2008. Gene expression analysis of the wheat response to infection by *Fusarium pseudograminearum*. **Physiological and Molecular Plant Pathology**,73(1), 40-47.
- Eken, C., Bulut, S., Genç, T, ve Öztürk, A., 2014. Farklı Gübre Kaynakları ve Ekim Sıklığının Organik Buğdayda Kök ve Kök Boğazı Çürüklüğü Etmenlerine Etkisi. **Gaziosmanpaşa Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi**, 2014(1).
- Eulgem, T. ve I. E. Somssich., 2007. "Networks of WRKY transcription factors in defense signaling." **Current Opinion in Plant Biology** 10(4): 366-371.
- Gao F, Jordan MC, Ayele BT., 2012. Transcriptional programs regulating seed dormancy and its release by after-ripening in common wheat (*Triticum aestivum* L.). **Plant Biotechnol J**, 10(4): 465-476.
- Goswami, R.S., Kistler, H.C., 2004, Heading for disaster: *Fusarium graminearum* on cereal crop, **Molecular Plant Pathology**, 5(6), 515-525.

- Gregersen PL, Holm PB., 2007. Transcriptome analysis of senescence in the flag leaf of wheat (*Triticum aestivum* L.). **Plant Biotechnol J**, 5(1): 192-206.
- Gulick P., Drouin S., Yu Z., Danyluk J., Poisson G., Monroy AF., Sarhan F., 2005. Transcriptome comparison of winter and spring wheat responding to low temperature. **Genome**, 48(5): 913-23.
- Gürkök, T., Parmaksız, İ., Boztepe, G., ve Kaymak, E., 2010. Haşhaş (*Papaver somniferum* L.) Bitkisinde Alkaloid Biyosentez Mekanizması. **Electronic Journal of BioTechnology**, 1(2), 31-45.
- Gürkök, T., Turktas, M., Parmaksız, I., and Unver, T., 2015. Transcriptome profiling of alkaloid biosynthesis in elicitor induced opium poppy. **Plant Mol. Biol. Rep.** 33, 673–688.
- Gus-Mayer, S., Naton, B., Hahlbrock, K., Schmelzer, E., 1998. Local mechanical stimulation induces components of the pathogen defense response in parsley. **Proc Natl Acad Sci.**, 95: 8398– 8403
- Haberle, J., Schmolke, M., Schweizer, G., Korzun, V., Ebmeyer, E., Zimmermann, G. and Hartl, L., 2007. Effects of two major *Fusarium* head blight resistance OTL verified in a winter wheat backcross population. **Crop. Sci.**, 47, 1823-1831.
- Hara, K., Yagi, M., Kusano, T., Sano, H., 2000. Rapid systemic accumulation of transcripts encoding a tobacco WRKY transcription factor upon wounding. **Mol Gen Genet**, 263: 30-37.
- Huang, T., Duman, J.G., 2002. Cloning and characterization of a thermal hysteresis (antifreeze) protein with DNA-binding activity from winter bittersweet nightshade, *Solanum dulcamara*. **Plant Mol Biol**, 48: 339-350.
- Hekimhan, H., Bagci, A., Nicol, J., Arisoy, T. ve Sahin, S., 2004. Dryland Root Rot: A Major Threat to Winter Cereal Production Under Sub- Optimal Growing Conditions. **4th International Crop Science Congress**, October Brisbane, Australia.
- Hill, J., Fernandez, J.A., and Mcshane, M.S., 1983. Fungi Associated with Common Root Rot of Winter Wheat in Colorado and Wyoming. **Plant Disease**, 67:795-797.
- Hill- Ambroz, K. , Webb, C. A. , Matthews, A. R. ,Li, W. , Gill, B. S., and Fellers, J. P., 2006. Expression analysis and physical mapping of a cDNA library of *Fusarium* head blight infected wheat spikes. **Crop Sci.** 46:S15-S26.
- Hoagland, D.R., and Arnon D.I., 1950. The water-culture method for growing plants without soil, **California Agricultural Experiment Station Circular** 347:1-32.
- Houde, M., Diallo AO., 2008. Identification of genes and pathways associated with aluminum stress and tolerance using transcriptome profiling of wheat near-isogenic lines. **BMC Genomics**, 9: 400.
- Hwang, I., Jung, H-J., Park, J-I., Yang, T.J., Nou, I.S., 2014. Transcriptome analysis of newly classified bZIP 12 transcription factors of *Brassica rapa* in cold stress response. **Genomics** 104, 194-202.
- Ishiguro, S. and Nakamura, K., 1994. Characterization of a cDNA encoding a novel DNA-binding protein, SPF1, that recognizes SP8 sequences in the 50 upstream regions of genes coding for sporamin and beta-amylase from sweet potato. **Mol. Gen. Genet.**, 244: 563–571.

- Ji, L., Cao, K., Hu, T., Wang, S., 2007, Determination of deoxinivalenol and nivalenol chemotypes of *Fusarium graminearum* isolates from China by PCR assay. **J. Phytopathology**, 155, 505-512
- Kara, B., ve Z, Akman., 2007. "Farklı tane iriliği ve ekim derinliklerinin buğday (*Triticum aestivum* L.)'ın kök ve toprak üstü organlarının ilk gelişmesine etkisi." **Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi** 20.2: 193-202.
- Kawaura K, Mochida K, Yamazaki Y, Ogihara Y., 2006. Transcriptome analysis of salinity stress responses in common wheat using a 22k oligo-DNA microarray. **Funct Integr Genomics**, 6(2): 132-142.
- Keskin, C.B., 2006. Buğdayda (*Triticum aestivum* L.) Absisik Asitle ilişkili Gen Anlatımı. **İstanbul Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü** doktora tezi.
- Kim, C.Y., Lee, S.H., Park, H.C., Bae, C.G., Cheong, Y.H., Choi, Y.J., Han C.D., Lee, S.Y., Lim, C.O., Cho, M.J., 2000. Identification of rice blast fungal elicitor-responsive genes by differential display analysis. **Mol Plant Microbe Interact**, 13: 470-474.
- Kosaka, A., Manickavelu, A., Kajihara, D., Nakagawa, H., and Ban, T., 2015. Altered gene expression profiles of wheat genotypes against *Fusarium* head blight. **Toxin** 7, 604–620.
- Laday, M., Juhasz, A., Mule, G., Moretti, A., Szecsi, A., Logrieco, A., 2004. Mitochondrial DNA diversity and lineage determination of European isolates of 74 *Fusarium graminearum* (*Gibberella zeae*). **European Journal of Plant Pathology**, 110, 545-550.
- Laudencia-Chinguanco, DL., Stamova, BS., Lazo, GR., Cui, X., Anderson OD., 2006. Analysis of the wheat endosperm transcriptome. **J Appl Genet**, 47(4): 287-302.
- Lawn, D. A., ve Sayre, K. D., 1992. Soilborne pathogens on cereals in a highland location of Mexico. **Plant Dis**. 76(2): 149-154.
- Lee, S. C., Choi, H. W., Hwang, I. S., Choi, D. S., and Hwang, B. K., 2006. Functional roles of the pepper pathogen-induced bZIP transcription factor, CAbZIP1, in enhanced resistance to pathogen infection and environmental stresses. **Planta**, 224(5), 1209-1225.
- Lee, S., Shuman, J. D., Guszczynski, T., Sakchaisri, K., Sebastian, T., Copeland, T. D., and Johnson, P. F., 2010. RSK-mediated phosphorylation in the C/EBP β leucine zipper regulates DNA binding, dimerization, and growth arrest activity. **Molecular and Cellular Biology**, 30(11), 2621-2635.
- Li A., Zhang R., Pan L., Tang L., Zhao G., Zhu M., Chu J., Sun X., Wei B., Zhang X., Jia J., Mao L., 2011. Transcriptome analysis of H₂O₂-treated wheat seedlings reveals a H₂O₂-responsive fatty acid desaturase gene participating in powdery mildew resistance. **PLoS One**, 6(12): 28810.
- Li, J., Brader, G., Kariola, T., and Palva, E. T., 2006. WRKY70 modulates the selection of signaling pathways in plant defense. **Plant J**. 46, 477-491.
- Llorca, C. M., Potschin, M., and Zentgraf, U., 2014. bZIPs and WRKYs: two large transcription factor families executing two different functional strategies. **Frontiers in Plant Science**, 5.

- Maleck, K., Levine, A., Eulgem, T., Morgen, A., Schmid, J., Lawton, K., Dangl, J.L., Dietrich, R.A., 2000. The transcriptome of *Arabidopsis thaliana* during systemic acquired resistance. **Natur. Genet.** 26: 403-410.
- Mathieson, J.T., Rush, G.M., Bordovsky, D., Clark, L.E. and Jones, O.R., 1990. Effects of Tillage on common Root rot of wheat in Texas. **Plant Dis.** 74. 1006-1008.
- Miedaner, T., Schilling, A.G., Geiger, H.H., 2001, Molecular genetic diversity and variation for aggressiveness in populations of *Fusarium graminearum* and *Fusarium culmorum* sampled from wheat fields in different countries. **J. Phytopathology**, 149, 641-648
- Mishra, C.B.P., 1973. Untersuchungen über *Fusarium*-Arten an weizen-karyopen und Nachweis ihrer Pathogenitet Fusskrankheitserreger. **Arch Phytopath. Pflschutz.** 9(2): 123-132.
- Muratçavuşoğlu, N., Hancıoğlu, Ö., 1995. Ankara ili Buğday ekim alanlarında kök ve kök boğazı hastalıklarına neden olan *Fusarium* türlerinin tesbiti üzerine araştırmalar. **VII. Türkiye Fitopatoloji Kongresi Bildirileri** 20-29 Eylül Ankara, sayfa: 174-177.
- Nicol J M., Bolat N., Bağcı A., Trethowan RT., William M., Hekimhan H., Yıldırım AF., Şahin E., Elekçioğlu H., Toktay H., Tunalı B., Hede A., Taner S., Braun HT., Gengel M., Keser M., Arısoy Z., Yorgancılar A., Tulek A., Erdurmuş, D., Büyük O., Aydoğdu M., 2006. The International Breeding fort he Incorporation of Resistance in Bread Wheat Against the soil Borne Pathogens (Dryland Root Rot and Cyst and Lesions Cereal Nematodes) Using Conventional and molecular tools. 7. **International Wheat Congress, Mar del Plata, Argentina**, November.
- Öncel, İ., keleş, Y., 2002. Tuz Stresi Altındaki Buğday Genotiplerinde Büyüme, Pigment İçeriği ve Çözünür Madde Kompozisyonunda Değişmeler. **Ç.Ü. Fen-Edebiyat Fakültesi Fen Bilimleri Dergisi** Cilt 23 Sayı 2
- Pellny, TK., Lovegrove, A., Freeman, J., Tosi, P., Love, CG., Knox, JP., Shewry, PR., Mitchell, RA., 2012. Cell walls of developing wheat starchy endosperm: comparison of composition and RNA-Seq transcriptome. **Plant Physiol**, 158(2): 612-627.
- Pnueli, L., Hallak-Herr, E., Rozenberg, M., Cohen, M., Goloubinoff, P., Kaplan, A., Mittler, R., 2002. Molecular and biochemical mechanisms associated with dormancy and drought tolerance in the desert legume *Retama raetam*. **Plant J.** 31: 319-330.
- Pritsch, C., Muehlbauer, G. J., Bushnell, W. R., Somers, D. A., and Vance, C. P., 2000. Fungal development and induction of defense response genes during early infection of wheat spikes by *Fusarium graminearum*. **Mol. Plant Microb eInteract.** 13, 159–169.
- Pritsch, C., Vance, C. P., Bushnell, W. R., Somers, D. A., Hohn, T. M., and Muehlbauer, G. J., 2001. Systemic expression of defense response genes in wheat spike a response to *Fusarium graminearum* infection. **Physiol. Mol. Plant Pathol.** 58,1–12.
- Robaglia, C., and Caranta, C., 2006. Translation initiation factors: a weak link in plant RNA virus infection. **Trends Plant Sci.** 11, 40–45.

- Qin, D., Wu, H., Peng, H., Yao, Y., Ni, Z., Li, Z., Zhou, C., Sun, Q., 2008. Heat stress-responsive transcriptome analysis in heat susceptible and tolerant wheat (*Triticum aestivum* L.) by using Wheat Genome Array. **BMC Genomics**, 9: 432.
- Rushton, P.J., Macdonald, H., Huttly, A.K., 1995. Members of a new family of DNA-binding proteins bind to a conserved cis-element in the promoters of alpha-Amy2 genes. **Plant Mol Biol**, 29: 691-702.
- Ruuska, SA., Lewis, DC., Kennedy, G., Furbank RT., Jenkins CL., Tabe LM., 2008. Large scale transcriptome analysis of the effects of nitrogen nutrition on accumulation of stem carbohydrate reserves in reproductive stage wheat. **Plant Mol Biol**, 66 (1-2): 15-32.
- Sarı, D., 2013. Mercimek Cinsinde (Lens Miller) Dayanıklılık Gen Analogları, Peroksidaz ve WRKY Transkripsiyon Faktörü Gen Ailelerinin Polimorfizmi. **Akdeniz Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi**.
- Schenk, P. M., Kazan, K., Wilson, I., Anderson, J. P., Richmond, T., Somerville, S. C., and Manners, J. M. 2000. Coordinated plant defense responses in Arabidopsis revealed by microarray analysis. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, 97 (21), 11655-11660.
- Schmittgen, T. D., and Livak, K. J., 2008. Analyzing real-time PCR data by the comparative CT method. **Nat. Protoc.** 3,1101–1108.
- Skinner, DZ., Okubara, PA., Baek, K. H., Call, DR., 2005. Long oligonucleotide microarrays in wheat: evaluation of hybridization signal amplification and an oligonucleotide-design computer script. **Funct. Integr. Genomics** 2005;5:70-79.
- Skinner DZ., 2009. Post-acclimation transcriptome adjustment is a major factor in freezing tolerance of winter wheat". **Funct Integr Genomics**, 9 (4): 513-523.
- Stubbs, R.W., Prescott, J.M., Saari, E.E. and Dubin, H.J., 1992. **Tahıl Hastalıkları Metodları Kılavuzu**. S.120.
- Sun, C., Palmqvist, S., Olsson, H., Boren, M., Ahlandsberg, S. And Jansson, C., 2003. A novel WRKY transcription factor, SUSIBA2, participates in sugar signaling in barley by binding to the sugarresponsive elements of the iso1 promoter. **Plant Cell**, 15: 2076-2092.
- Tunalı, B., Nicol, J., Erol, F.Y., Altıparmak, G., 2006a. Pathogenicity of Turkish crown and head scab isolates on stem bases on winter wheat under greenhouse conditions. **J. Plant Path.** 5 (2): 143-149.
- Tunalı, B., Özseven, İ., Büyük, O., Erdurmus, D., ve Demirci, A., 2006b, Fusarium head blight and deoxynivalenol accumulation of wheat in Marmara region and reactions of wheat cultivars and lines to *F. graminearum* and *Fusarium culmorum*. **Plant Pathology Journal**, 5 (2), 150-156
- Tunalı, B., Nicol, J., Hodson, D., Uckun, Z., Büyük O., Erdurmus, D., Hekimhan, H., Aktas, H., Akbudak, M.A. and Bagci, S.A., 2008. Root and Crown Rot Fungi Associated with Spring, Facultative, and Winter Wheat in Turkey. **Plant Disease**, 92 (9): 1299-1306.
- Turktas, M., Inal, B., Okay, S., Erkilic, E. G., Dundar, E., Hernandez, P., ve Unver, T., 2013. "Nutrition metabolism plays an Important role in the alternate bearing of the olive tree (*Olea europaea* L.)." **Plos One**, 59876

- TUIK, 2015. <http://tuikapp.tuik.gov.tr/bitkiselapp/bitkisel.zul> (Erişim Tarihi: 01.11.2015).
- Uçkun, Z., ve Yıldız, M., 2004. “İzmir, Aydın ve Denizli illeri buğday alanlarındaki kök ve kökboğazı hastalıklarının yoğunluğunun ve etmenlerinin belirlenmesi.” **Bitki Koruma Bülteni**, 44 (1-4):79-92
- Untergasser, A., Cutcutache, I., Koressaar, T., Ye, J., Faircloth, B. C., Remm, M., and Rozen, S. G., 2012. Primer3 new capabilities and interfaces. **Nucleic acids research**, 40 (15), e115-e115.
- Usadel, B., Nagel, A., Thimm, O., Redestig, H., Blaesing, O. E., Palacios-Rojas, N., and Stitt, M. 2005. Extension of the visualization tool MapMan to allow statistical analysis of arrays, display of corresponding genes, and comparison with known responses. **Plant Physiology**, 138 (3), 1195-1204.
- Uyanık, E., 2008. Adana Yöresi Buğday Ekilişlerinde Kök Hastalıkları Nedenlerinin Araştırılması. **Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yüksek Lisans Tezi**.
- Wan Y, Poole RL, Huttly A, Toscano-Underwood C, Feeney K, Welham S, Gooding MJ, Mills C, Edwards KJ, Shewry PR, Mitchell RA, 2008. Transcriptome analysis of grain development in hexaploid wheat. **BMC Genomics**, 9:121.
- Werner, J.E., Endo, T.R., Gill, B.S., 1992. Toward a cytogenetically based physical map of the wheat genome. **Proc Natl Acad Sci USA**. 89:11307-11311.
- Wilson ID, Barker GL, Lu C, Coghill JA, Beswick RW, Lenton JR, Edwards KJ., 2005. Alteration of the embryo transcriptome of hexaploid winter wheat (*Triticum aestivum* cv. Mercia) during maturation and germination. **Funct Integr Genomics**, 5(3): 144-154.
- Windels, C.E., 1991. Current status of *Fusarium* taxonomy. **Phytopathology**, 81, 1048 - 1051.
- Winfield MO, Lu C, Wilson ID, Coghill JA, Edwards KJ., 2009. Cold- and light-induced changes in the transcriptome of wheat leading to phase transition from vegetative to reproductive growth. **BMC Plant Biol**, 9: 55.
- Wise, R. P., Moscou, M. J., Bogdanove, A. J., and Whitham, S. A., 2007. Transcript Profiling in Host-Pathogen Interactions. *Annu. Rev. Phytopathol.* 45, 329-369.
- Wu, H., Ni, Z., Yao, Y., Guo, G., and Sun, Q., 2008. Cloning and expression profiles of 15 genes encoding WRKY transcription factor in wheat (*Triticum aestivum* L.). **Progress in Natural Science**, 18 (6), 697-705.
- Xin, M., Wang, X., Peng, H., Yao, Y., Xie, C., Han, Y., Ni, Z., Sun Q., 2012. Transcriptome comparison of susceptible and resistant wheat in response to powdery mildew infection. **Genomics Proteomics Bioinformatics**, 10 (2): 94-106.
- Vincent, J., Dai, Z., Ravel, C., Choulet, F., Mouzeyar, S., Bouzidi, M. F., and Martre, P., 2013. dbWFA: a web-based database for functional annotation of *Triticum aestivum* transcripts. **Database**, bat014.
- Yoda, H., Ogawa, M., Yamaguchi, Y., Koizumi, N., Kusano, T., Sano, H., 2002. Identification of early-responsive genes associated with the hypersensitive response to tobacco mosaic virus and characterization of a WRKY type transcription factor in tobacco plants. **Mol Genet Genomics**, 267: 154-161.

- Zhang, Y., Zhang, G., Xia, N., Wang, X. J., Huang, L. L., and Kang, Z. S. 2008. Cloning and characterization of a bZIP transcription factor gene in wheat and its expression in response to stripe rust pathogen infection and abiotic stresses. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, 73 (4), 88-94.
- Zhong, R., Kays, S. J., Schroeder, B. P., and Ye, Z. H., 2002. Mutation of a Kitinaz-like gene causes ectopic deposition of lignin, aberrant cell shapes, and overproduction of ethylene. **The Plant Cell**, 14 (1), 165-179.
- Zhou, W., Kolb, F. L., Bai, G. H., Shaner, G., and Domier, L. L., 2002. Genetic analysis of scab resistance QTL in wheat with microsatellite and AFLP markers. **Genome** 45, 719–727.
- Zhou, W., Eudes, F., and Laroche, A., 2006. Identification of differentially regulated proteins in response to a compatible interaction between the pathogen *Fusarium graminearum* and its host, *Triticum aestivum*. **Proteomics** 6, 4599–4609.



ÖZGEÇMİŞ

1988 yılında Antakya'da doğdum. İlk, Orta ve Liseyi Antakya'da okudum. 2007 yılında başladığım Çukurova Üniversitesi Fen- Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümün'den 2011 yılında mezun oldum. 2012 yılında Mustafa Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalında yüksek lisans eğitimine başladım.



EKLER

EK.1. Gün- 91 ve Mızrak-98 çeşitlerinin dizi, kat değişimi ve p değeri

Gün 12 hai - Gün 12 hai Kontrol

Gün 12 hai - Gün 0 hai

<u>DİZİ-ID</u>	<u>p değeri</u>	<u>Kat değişimi</u>	<u>DİZİ-ID</u>	<u>p değeri</u>	<u>Kat değişimi</u>
Ta_S13122648	0,0075	-4,00395	Ta_S13112037	0,011	-4,668
Ta_S16205726	0,000616	-3,95679	Ta_S26026058	0,0035	-4,16666
Ta_S22369341	0,00777	-4,07746	Ta_S32599956	0,00042	-4,14561
Ta_S32494292	0,00297	-4,07364	Ta_S22379618	0,000199	-3,83648
Ta_S38676400	0,00503	-4,19741	Ta_S16255717	0,0334	-3,60182
Ta_S50378784	0,00546	-3,74157	Ta_S15902661	0,0328	-3,47046
Ta_S13130890	0,0466	-3,61602	Ta_S37854081	0,00149	-3,4316
Ta_S17890435	0,0337	-3,53921	Ta_S26019886	0,0163	-3,18487
Ta_S22369286	0,0162	-3,43479	Ta_S22366915	0,00979	-3,18308
Ta_S17985544	0,00884	-3,33179	Ta_S13240304	0,0197	-3,05473
Ta_S22390703	0,044	-3,23903	Ta_S16222474	0,0286	-3,04892
Ta_S12915516	0,0485	-3,13243	Ta_S12959575	0,0126	-2,85105
Ta_S13048061	0,0183	-3,04839	Ta_S21612359	0,0518	-2,84958
Ta_S32524722	0,0116	-2,94819	Ta_S13142938	0,049	-2,84138
Ta_S17893217	0,00115	-2,84979	Ta_S22381097	0,0198	-2,4669
Ta_S13103900	0,0357	-2,74608	Ta_S13147310	0,0257	-2,45722
Ta_S13145590	0,0159	-2,64627	Ta_S12946867	0,012	-2,42885
Ta_S13164697	0,0529	-2,54292	Ta_S32704543	0,0516	-2,42335
Ta_S13152477	0,0182	-2,44937	Ta_S15881474	0,0303	-2,4196
Ta_S43837849	0,0195	-2,34874	Ta_S13197690	0,00925	-2,05593
Ta_S37831326	0,0346	-2,2437	Ta_S26027910	0,0448	-2,04608
Ta_S37811210	0,00923	-2,04938	Ta_S16058440	0,0523	-1,57003
Ta_S22391016	0,00148	-1,72302	Ta_S37808814	0,0346	1,54695
Ta_S37861895	0,00803	-1,61908	Ta_S16209202	0,0537	1,5518

Ta_S25791174	0,0517	-1,48672	Ta_S15824138	0,00882	2,21131
Ta_S37827894	0,0404	1,45043	Ta_S17886706	0,00969	2,49951
Ta_S50383970	0,0336	1,68371	Ta_S17987320	0,00198	2,94944
Ta_S13171354	0,0015	2,11867	Ta_S17987934	0,0354	2,9513
Ta_S18012838	0,0247	2,24038	Ta_S13211444	0,0112	3,48461
Ta_S17887803	0,0473	2,56426	Ta_S13128471	0,00853	3,58462
Ta_S37839317	0,00444	2,9514	Ta_S37887180	0,00178	3,68638
Ta_S12902838	0,00716	3,19607	Ta_S13166630	0,0536	3,82905
Ta_S26026714	0,00721	3,37132	Ta_S17893086	0,0188	3,96492
Ta_S26026245	0,00564	3,8443	Ta_S13189037	0,0539	3,981
Ta_S17987494	0,0514	3,97969	Ta_S13144312	0,00527	3,99023
Ta_S17893086	0,0201	4,24449	Ta_S16256800	0,0463	4,04067
Ta_S13166630	0,00252	4,45844	Ta_S26021235	0,0229	4,17325
Ta_S26021235	0,0159	4,66166	Ta_S13134419	0,0157	4,20774
Ta_S13134419	0,00662	5,08494	Ta_S12902838	0,00374	4,25011

Mızrak 12 hai - Mızrak 12 hai Kontrol

Mızrak 12 hai - Mızrak 0 hai

<u>DİZİ-ID</u>	<u>p değeri</u>	<u>Kat değışimi</u>	<u>DİZİ-ID</u>	<u>p değeri</u>	<u>Kat değışimi</u>
Ta_S37852892	0,00715	-4,06912	Ta_S17977116	0,0125	-4,17735
Ta_S32694279	0,0306	-4,06317	Ta_S32531082	0,00495	-4,12046
Ta_S32611859	0,045	-3,06005	Ta_S37804719	0,0148	-3,72588
Ta_S22944963	0,0125	-2,91296	Ta_S17980940	0,0178	-3,63103
Ta_S13008532	0,0292	-1,45002	Ta_S13135340	0,0152	-3,35114
Ta_S13223570	0,022	1,45411	Ta_S13137513	0,0428	-3,29113
Ta_S26023418	0,0187	1,56768	Ta_S37769792	0,0428	-3,28516
Ta_S13112803	0,0335	1,57505	Ta_S18007745	0,0156	-3,06066
Ta_S37825175	0,0504	1,64799	Ta_S17979822	0,0113	-3,04675
Ta_S37948633	0,0168	1,65616	Ta_S13132700	0,00000281	-2,76341
Ta_S13020758	0,0413	1,87529	Ta_S40667314	0,00441	-2,75622

Ta_S24623090	0,032	1,88778	Ta_S32684367	0,00968	-2,74558
Ta_S13071637	0,00197	2,04652	Ta_S37443274	0,00878	-2,1588
Ta_S13193068	0,0341	2,04785	Ta_S13207888	0,0401	-2,14677
Ta_S32432227	0,0201	2,05455	Ta_S13124778	0,0473	-1,95706
Ta_S13220092	0,0251	2,06351	Ta_S32684541	0,0335	-1,95542
Ta_S50383527	0,0434	2,13041	Ta_S15881437	0,00313	-1,94862
Ta_S13043422	0,0523	2,1316	Ta_S13002134	0,0326	-1,61288
Ta_S17976495	0,0485	2,15283	Ta_S17987494	0,0498	-1,50674
Ta_S13145118	0,0404	2,44456	Ta_S50377669	0,0143	1,51566
Ta_S22366500	0,0398	2,45189	Ta_S17890434	0,0423	1,57475
Ta_S12976425	0,0177	2,46697	Ta_S17988631	0,0285	1,57765
Ta_S12963706	0,0277	2,54726	Ta_S37823717	0,0112	1,84875
Ta_S17889088	0,0532	2,5538	Ta_S22389998	0,0441	1,85048
Ta_S22379145	0,034	2,58317	Ta_S17888629	0,0363	2,34117
Ta_S17977680	0,0116	2,74823	Ta_S13206563	0,00936	2,35044
Ta_S17885621	0,00748	2,76961	Ta_S37859159	0,000684	2,7378
Ta_S13263672	0,0534	2,7872	Ta_S13270649	0,0164	2,9104
Ta_S32509641	0,00115	2,84109	Ta_S37946947	0,0116	3,44649
Ta_S15903265	0,0109	2,85304	Ta_S26019043	0,0398	3,47131
Ta_S18006379	0,0342	3,03522	Ta_S16465873	0,0165	3,48578
Ta_S16227313	0,0482	3,03938	Ta_S13185742	0,0107	3,24515
Ta_S13256166	0,0195	3,0666	Ta_S12983212	0,019	3,5551
Ta_S26027869	0,00274	3,30298	Ta_S50084340	0,0157	3,6862
Ta_S32718285	0,0235	3,34909	Ta_S17896054	0,0372	3,96146
Ta_S26019986	0,0199	3,38857	Ta_S17893772	0,0266	4,08443
Ta_S22388882	0,0147	3,49618	Ta_S24623090	0,0213	4,136
Ta_S12983212	0,0151	3,75405	Ta_S13020758	0,00632	4,30414
Ta_S17893772	0,0246	4,43784	Ta_S13144312	0,00607	4,89075

Mızrak 12 hai - Gün 12 hai

<u>DİZİ-ID</u>	<u>p değeri</u>	<u>Kat değisimi</u>
Ta_S13166630	0,0206	-4,3339
Ta_S37887180	0,00141	-4,301
Ta_S17987494	0,045	-4,0795
Ta_S32596305	0,00147	-3,72663
Ta_S17893086	0,0264	-3,47427
Ta_S17989822	0,0302	-3,08104
Ta_S37875319	0,0187	-3,07573
Ta_S22371799	0,00318	-3,03126
Ta_S32678638	0,0136	-2,75832
Ta_S16058414	0,0171	-2,74402
Ta_S12913524	0,0547	-2,55137
Ta_S13146284	0,011	-2,54733
Ta_S12990308	0,0479	-2,54257
Ta_S12954612	0,0182	-2,53755
Ta_S32628396	0,0181	-2,08794
Ta_S26028926	0,0462	-1,85121
Ta_S17977074	0,0536	-1,84609
Ta_S12890400	0,00462	-1,8459
Ta_S16058107	0,046	-1,55099
Ta_S37889343	0,00923	-1,55017
Ta_S32554879	0,0208	-1,54377
Ta_S12967116	0,0079	-1,54307
Ta_S22390430	0,00123	1,54794
Ta_S17979717	0,0472	1,54838
Ta_S15903156	0,0502	1,5505
Ta_S24623090	0,0397	1,70752

Ta_S18006257	0,0498	2,02825
Ta_S13131412	0,0124	2,24871
Ta_S22390757	0,0543	2,25317
Ta_S17894795	0,0498	2,656
Ta_S17896588	0,0014	3,1222
Ta_S50387834	0,0125	3,15761
Ta_S16978100	0,0382	3,15761
Ta_S22379145	0,00826	3,55493
Ta_S26019986	0,00816	3,62561
Ta_S12918982	0,0173	3,74483
Ta_S50084340	0,0106	4,13701
Ta_S12983212	0,016	4,17286
Ta_S13185742	0,00586	4,42493

EK.2. Gün- 91 ve Mızrakta-98 transkriptomların Gen Ontolojisi ve Biyolojik süreci

GÜN-91 12 hai- Kontrol

DİZİ ID	BİYOLOJİK SÜREÇ	GO ID	DİPNOT
HÜCRESEL BÖLÜMLER			
Hücre Duvarı			
Ta_S17893086	Hastalık direnci tepki proteini 206	GO:0005618	Hücre duvarı
Membrana bağlı vezikül			
Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S32704565	Glukan- endo- beta- glukosidaz 13	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S17893086	Hastalık direnci tepki proteini 206	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Nükleus			
Ta_S35718022	c- tekrarlayan bağlayıcı faktör 3benzeri protein	GO:0005634	Nükleus
Protein kompleksi			
Ta_S17989822	swi snf kompleks subunit swi3b	GO:0016514	SWI/SNF kompleksi
MOLEKÜLER FONKSİYON			
Bağlayıcı			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0005524	ATP bağlama
hidrolaz aktivitesi			
Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
Ta_S32704565	Glukan- endo- beta- glukosidaz 13	GO:0016787	Hidrolaz aktivitesi
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0004386	Helikaz aktivitesi
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
Nükleik Asit Bağlayıcı			
Ta_S44692914	WRKY transkripsiyon faktörü kısmı	GO:0043565	Diziye özgü DNA bağlama
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0003677	DNA bağlama
Ta_S35718022	c- tekrarlayan bağlayıcı faktör 3 benzeri Protein	GO:0003677	DNA bağlama
Ta_S17989822	swi snf kompleks subunit swi3b	GO:0003677	DNA bağlama
Ta_S17989822	swi snf kompleks subunit swi3b	GO:0003682	Kromatin bağlama
Transferaz aktivitesi			
Ta_S37823230	Glutasyon s-transferaz gstu6	GO:0004364	Glutasyon transferaz aktivitesi

BIYOLOJİK SÜREÇ

Karbonhidrat Metabolizması

Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0006032	Kitin katabolik süreci
Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0000272	Polisakarit katabolik süreci
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0005975	karbohidrat metabolizma süreci
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0005975	Karbohidrat metabolizma süreci
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0006032	Kitin katabolik süreci

Gelişme

Ta_S17989822	f-box protein 6	GO:0010305	Yaprak vasküler doku desen oluşumu
--------------	-----------------	------------	------------------------------------

Gen İfade Düzeyi

Ta_S35718022	c- tekrarlayan bağlayıcı faktör 3 benzeri Protein	GO:0006351	Transkripsiyon, DNA-bağlı
--------------	---	------------	---------------------------

Metabolizma

Ta_S26028907	DNA helikaz ino 80	GO:0006306	DNA metilasyonu
Ta_S26028907	DNA helikaz ino 80	GO:0045739	DNA onarımının olumlu düzenleme
Ta_S26028907	DNA helikaz ino 80	GO:0016444	Somatik hücre DNA rekombinasyonu
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0019222	Metabolik süreç düzenlenmesi

Organizasyon

Ta_S17989822	swi snf kompleks subunit swi3b	GO:0006338	Kromatin yeniden şekillenmesi
--------------	--------------------------------	------------	-------------------------------

Uyaranlara ve Strese Tepki

Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0051707	Diğer bir organizmaya müdahale
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0042631	Su yoksunluğu hücreyel yanıtı
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0009409	Soğuğa yanıt
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0009642	Işık yoğunluğuna yanıt
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0009651	Tuzluluk stresine yanıt
Ta_S13112328	Asidik endokitinaz	GO:0009611	Yaralanmaya yanıt
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0009630	Gravitropizma
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0010048	Vernalizasyon yanıtı
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0009616	Virüs ile uyarılan gen susması
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0009628	Abiyotik uyarana yanıt
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0042221	Kimyasal uyaranlara yanıt
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0006950	Strese yanıt
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0007267	Hücre-hücre sinyalizasyonu

GÜN-91 12 Hai- 0 Hai

DİZİ ID	BİYOLOJİK SÜREÇ	GO ID	DİPNOT
HÜCRESEL BÖLÜMLER			
Hücre Duvarı			
Ta_S17893086	Hastalık direnci tepki proteini 206	GO:0005618	Hücre duvarı
Membrana bağlı vezikül			
Ta_S15880319	Kitinaz 8	GO:0016023	Sitoplazmik membran-Sınırlı vezikül
Ta_S17893086	Hastalık direnci tepki proteini 206	GO:0016023	Sitoplazmik membran-Sınırlı vezikül
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0016023	Sitoplazmik membran-Sınırlı vezikül
Ta_S32704565	Glukan- endo- beta- glukosidaz 13	GO:0016023	Sitoplazmik membran-Sınırlı vezikül
MOLEKÜLER FONKSİYON			
Bağlayıcı			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0005524	ATP bağlama
hidrolaz aktivitesi			
Ta_S15880319	Kitinaz 8	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0004386	Helikaz aktivitesi
Ta_S32704565	Glukan- endo- beta- glukosidaz 13	GO:0016787	Hidrolaz aktivitesi
Nükleik Asit Bağlayıcı			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0003677	DNA bağlama
BİYOLOJİK SÜREÇ			
Karbonhidrat Metabolizması			
Ta_S15880319	Kitinaz 8	GO:0000272	Polisakarit katabolik süreci
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0005975	Karbonhidrat metabolizma süreci
Metabolik Süreç			
Ta_S15880319	Kitinaz 8	GO:0006032	kitin katabolik süreci
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0006032	kitin katabolik süreci
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0019222	Metabolik süreç düzenlenmesi
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0006306	DNA metilasyonu
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0016444	Somatik hücre DNA rekombinasyonu
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0045739	DNA onarımının olumlu düzenlenmesi

Uyaranlara ve Strese Tepki

Ta_S15880319	Ktinaz 8	GO:0051707	Diğer bir organizmaya müdahale
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0006950	Strese yanıt
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0009628	Abiyotik uyarana yanıt
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0042221	Kimyasal uyarılara yanıt
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0009616	Virüs ile uyarılan gen susması
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0009630	Gravitropizma
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0010048	Vernalizasyon yanıtı
Sinyal İletimi			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0007267	Hücre-hücre sinyalizasyonu



MIZRAK 12 Hai- Kontrol

DİZİ ID	BİYOLOJİK SÜREÇ	GO ID	DİPNOT
HÜCRESEL BÖLÜMLER			
Hücre Duvarı			
Ta_S12995082	Peroksidaz 15-like	GO:0009505	Hücre duvarı
Ta_S13000333	Endo- beta-glukanaz	GO:0005618	Hücre duvarı
Kloroplast			
Ta_S18009609	Glutasyon s-transferaz u17	GO:0009507	Kloroplast
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0009507	Kloroplast
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0009570	Kloroplast stroma
Membrane			
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0005886	Hücre zarı
Ta_S13000333	Endo- beta-glukanaz	GO:0005886	Hücre zarı
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0005886	Hücre zarı
Membrana bağlı vezikül			
Ta_S18011877	Peroksidaz 2	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S13000333	Endo- beta-glukanaz	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Mitokondri			
Ta_S18006573	Peroksidaz 5	GO:0005739	Mitokondri
Nükleus			
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0005634	Nükleus
Diğerleri			
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0048046	Apoplast
Ta_S13000333	Endo- beta-glukanaz	GO:0048046	Apoplast
Ta_S36162740	WRKY transkripsiyon faktör 70	GO:0009536	Plastid
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0005773	Vakuol
Ta_S13000333	Endo- beta-glukanaz	GO:0005773	Vakuol
Ta_S12983212	Glutasyon transferansı	GO:0048046	Apoplast
MOLEKÜLER FONKSİYON			
Bağlayıcı			
Ta_S37760603	Peroksidaz 2	GO:0005488	Bağlayıcı
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0005524	ATP bağlayıcı
Ta_S18011877	Peroksidaz 2	GO:0020037	Heme bağlayıcı
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0020037	Heme bağlayıcı
Ta_S18006573	Peroksidaz 5	GO:0020037	Heme bağlayıcı
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0005524	ATP bağlayıcı

Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0005524	ATP bağlayıcı
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0043295	Glutasyon bağlayıcı
hidrolaz aktivitesi			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0004386	Helikaz aktivitesi
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
İyon bağlama			
Ta_S18011877	Peroksidaz 2	GO:0046872	Metal iyonu bağlayıcı
Ta_S12923155	Lipooksijenaz 3	GO:0005506	Demir iyonu bağlayıcı
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0046872	Metal iyonu bağlayıcı
Ta_S18006573	Peroksidaz 5	GO:0046872	Metal iyonu bağlayıcı
Nükleik Asit Bağlayıcı			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0003677	DNA bağlama
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0043565	Diziye özgü DNA bağlama
Ta_S36162740	WRKY transkripsiyon faktör 70	GO:0043565	Diziye özgü DNA bağlama
Diğerleri			
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0004601	Peroksidaz aktivitesi
Ta_S18006573	Peroksidaz 5	GO:0004601	Peroksidaz aktivitesi
Ta_S18011877	Peroksidaz 2	GO:0004601	Peroksidaz aktivitesi
oksidoredüktaz etkinliği			
Ta_S37760603	Peroksidaz 2	GO:0016491	Oksidoredüktaz aktivitesi
Protein bağlama			
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0005515	Protein bağlama
Protein Kinaz Aktivitesi			
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0004707	MAP kinaz aktivitesi
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0004708	MAP kinaz aktivitesi
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0004707	MAP kinaz aktivitesi
Transferaz Aktivitesi			
Ta_S13048864	Glutasyon transferaz	GO:0004364	Glutasyon transferaz aktivitesi
Ta_S13109610	Glutasyon -s-transferaz 4	GO:0004364	Glutasyon transferaz aktivitesi
Ta_S17892747	Glutasyon- s-transferaz gstu6	GO:0016740	Transferaz aktivitesi
Ta_S18009609	Glutasyon- s-transferaz u17	GO:0004364	Glutasyon transferaz aktivitesi
Taşıyıcı Aktivitesi			
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0004364	Glutasyon transferaz aktivitesi

BIYOLOJİK SÜREÇ

Karbonhidrat Metabolizması

Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0005975	Karbohidrat metabolizma süreci
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0006032	Kitin katabolik süreci
Ta_S13000333	Endo -beta-glukanaz	GO:0005975	Karbohidrat metabolizma süreci

Gelişme

Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0009911	Çiçek gelişiminin pozitif regülasyonu
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0048573	Fotoperiyodizm, çiçeklenme
Ta_S18009609	Glutasyon- s-transferaz u17	GO:0048527	Lateral kök gelişimi

Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0048364	Kök gelişimi
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0010229	Çiçeklenme gelişimi
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0010374	Stoma kompleks gelişimi
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0048481	Tohum taslağı gelişimi
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:2000037	Stoma kompleks desen düzenlenmesi
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:2000038	Stoma kompleks desen düzenlenmesi
Enerji			
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0019684	Fotosentez, Işık tepkisi
Hormonal Düzenleme			
Ta_S18009609	Glutatyon s-transferaz u17	GO:0080167	Karrikan yanıt
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0009737	Absisik asit uyarısına yanıt
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0009753	Absisik asit uyarısına yanıt
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0009697	Salisilik asit biyosentetik süreci
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0009867	Jasmonik asit aracılı sinyal yolu
Ta_S12983212	Glutatyon transferaz	GO:0080167	Karrikan yanıt
Lokalizasyon			
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0006612	Protein zara hedeflenmesi
Metabolizma			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0006306	DNA metilasyonu
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0045739	DNA tamiri olumlu düzenleme
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0019222	Metabolik süreç düzenlenmesi
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0031408	Oksilipin biyosentetik süreci
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0010120	Kamaleksin biyosentez süreci
Ta_S12983212	Glutatyon transferaz	GO:0006749	Glutatyon metabolik süreci
Diğerleri			
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0009826	Tek boyutlu hücre büyümesi
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0045926	Büyümenin negatif düzenlenmesi
Oksidasyon- Redüksiyon			
Ta_S12923155	d-3-fosfogliserat kloroplastik	GO:0055114	Oksidasyon- redüksiyon süreci
Ta_S12995082	s-norococlorine sentaz 1	GO:0055114	Oksidasyon- redüksiyon süreci
Ta_S18006573	myb-İlgili protein	GO:0055114	Oksidasyon- redüksiyon süreci
Protein Modifikasyonu			
Ta_S12917674	Aktin-İlgili protein 7	GO:0016568	Kromatin modifikasyonu
Ta_S12917674	Aktin-İlgili protein 7	GO:0016567	Protein ubiquitinasyon
Ta_S12923226	5 -3 deoksiribonükleaz 4	GO:0006487	Protein N-bağı glikozilasyon
Ta_S12923226	Beta- galaktosiltransferaz 7	GO:0006486	Protein glikosilasyon
Uyaranlara ve Strese Tepki			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0009616	Virüs ile uyarılan gen susması
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0009630	Gravitropizma
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0010048	Vernalizasyon yanıtı
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0009410	Ksenobiyotik uyarana yanıt
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0010200	Kitin yanıtı
Ta_S18011877	Peroksidaz 2	GO:0006979	Oksidatif strese yanıt
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0006950	Strese yanıt

Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0009628	Abiyotik uyarana yanıt
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0042221	Kimyasal uyarılara yanıt
Ta_S18009609	Glutasyon s-transferaz u17	GO:0009704	de-etiolasyon
Ta_S18009609	Glutasyon s-transferaz u17	GO:0046686	Kadmiyum iyonu yanıt
Ta_S18009609	Glutasyon s-transferaz u17	GO:0060416	Büyüme hormonu uyarısına yanıt
Ta_S17892747	Glutasyon s-transferaz gstu6	GO:0050896	Uyarana yanıt
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0006979	Oksidatif strese yanıt
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0009416	Işık uyarısına yanıt
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0009651	Tuzluluk stresine yanıt
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0010043	Çinko iyonu yanıtı
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0042742	Bakteri savunma yanıtı
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0050832	Mantar savunma yanıtı
Ta_S18006573	Peroksidaz 5	GO:0006979	Oksidatif strese yanıt
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0042742	Bakteri savunma yanıtı
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0050832	Mantar savunma yanıtı
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0009595	Biyotik uyarın algılama
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0031348	Savunma yanıt olumsuz düzenleme
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0080136	Hücrenin strese ilk tepkisi
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0010200	Kitin yanıtı
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0009409	Soğuğa yanıt
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0001666	Hipoksiyaya tepki
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0006970	Ozmotik strese verdiği yanıt
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0006979	Oksidatif strese yanıt
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0010224	UV-B yanıt
Ta_S12923226	MAP kinaz 5	GO:0009611	Yaralanmaya yanıt
Ta_S13000333	Endo -beta-glukanaz	GO:0009409	Soğuğa yanıt
Ta_S13000333	Endo -beta-glukanaz	GO:0009617	Bakteriye yanıt
Ta_S13000333	Endo -beta-glukanaz	GO:0009651	Tuzluluk stresine yanıt
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0006979	Oksidatif strese yanıt
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0009409	Soğuğa yanıt
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0009635	Herbisit yanıtı
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0042631	Su yoksunluğu hücresel yanıt
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0046686	Kadmiyum iyonu yanıt
Sinyal İletimi			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0007267	Hücre-hücre sinyalizasyonu
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0000165	MAPK cascade
Ta_S12923226	MAP kinaz kinaz 5	GO:0000165	MAPK cascade

MIZRAK 12 Hai- 0 Hai

DİZİ ID	BİYOLOJİK SÜREÇ	GO ID	DİPNOT
HÜCRESEL BÖLÜMLER			
Kloroplast			
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0009507	Kloroplast
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0009570	Kloroplast stroma
Membrane			
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0005886	Plasma membranı
Nükleus			
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0005634	Nükleus
Diğerleri			
Ta_S33578941	Endo-beta -glukanaz	GO:0071944	Hücre çeperi
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0048046	Apoplast
MOLEKÜLER FONKSİYON			
Bağlayıcı			
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0005524	ATP bağlama
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0043295	Glutasyon bağlama
İyon bağlama			
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0005506	Demir iyonu bağlayıcı
Nükleik Asit Bağlayıcı			
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0043565	Diziye özgü DNA bağlama
Protein bağlama			
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0005515	Protein bağlama
Protein Kinaz Aktivitesi			
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0004707	MAP kinaz aktivitesi
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0004708	MAP kinaz kinaz aktivitesi
Transferaz Aktivitesi			
Ta_S17892747	Glutasyon- s-transferaz gstu6	GO:0016740	Transfer aktivitesi
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0004364	Glutasyon transferaz aktivitesi
BİYOLOJİK SÜREÇ			
Karbonhidrat Metabolizması			
Ta_S33578941	Endo-beta-glukanaz	GO:0005975	Karbohidrat metabolizma süreci
Gelişme			
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0009911	Çiçek gelişiminin pozitif regülasyonu
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0048364	Kök gelişimi
Hormonal Düzenleme			
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0009737	Absisik asit uyarısına yanıt

Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0009753	Jasmonik asit uyarısına yanıt
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0080167	Karrikan yanıt
Metabolizma			
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0031408	Oksilipn biyosentetik yanıt
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0006749	Glutasyon metabolik süreci
Oksidasyon- Redüksiyon			
Ta_S12923155	Lipooksigenaz 3	GO:0055114	Oksidasyon- redüksiyon süreci
Protein Modifikasyonu			
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0000187	MAPK aktivitesinin aktivasyonu
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0006468	Protein fosforilasyonu
Uyaranlara ve Strese Tepki			
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0009410	Ksenobiyotik uyarana yanıt
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0010200	Kitin yanıtı
Ta_S17984954	bZIP transkripsiyon faktörü	GO:0048573	Fotoperiyodizm, çiçeklenme
Ta_S33578941	Endo-beta-glukanaz	GO:0006952	Savunma yanıtı
Ta_S33578941	Endo-beta- glukanaz	GO:0009628	Abiyotik uyarana yanıt
Ta_S33578941	Endo-beta- glukanaz	GO:0051707	Diğer organizmalara yanıt
Ta_S17892747	Glutasyon s-transferaz gstu6	GO:0050896	Uyarana yanıt
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0006979	Oksidatif strese yanıt
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0009409	Soğuğa yanıt
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0009635	Herbicide yanıt
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0042631	Su yoksunluğu hücreyel yanıt
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0046686	Kadmiyum iyon yanıtı
Sinyal İletimi			
Ta_S12917674	MAP kinaz kinaz 6	GO:0000165	MAPK cascade

MIZRAK 12 Hai- GÜN- 91 12 Hai

DİZİ ID	BİYOLOJİK SÜREÇ	GO ID	DİPNOT
HÜCRESEL BÖLÜMLER			
Hücre Duvarı			
Ta_S17893086	Hastalık direnci tepki proteini 206	GO:0005618	Hücre duvarı
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0009505	Bitki hücre duvarı
Kloroplast			
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0009570	Kloroplast stroma
Membrane			
Ta_S32554879	Glukan endo- beta-glukosidaz 4	GO:0046658	Plazma zarına bağlantılı
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0005886	Plasma membranı
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0005886	Plasma membranı
Membrana bağlı vezikül			
Ta_S17893086	Hastalık direnci tepki proteini 206	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S32554879	Glukan endo-beta-glukosidaz 4	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S33578944	Endo-beta -glukanaz	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S17987935	Peroksidaz 1	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S26022505	Glukan endo- beta-glukosidaz	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0016023	Sitoplazmik membran- Sınırlı vezikül
Diğerleri			
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0048046	Apoplast
Ta_S33578944	Endo-beta- glukanaz	GO:0071944	Hücre Çeperi
Ta_S36162740	WRKY transkripsiyon faktör 70	GO:0009536	Plastid
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0005773	Vakuol
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0048046	Apoplast
protein kompleksi			
Ta_S17989822	swi snf kompleks subunit swi3b	GO:0016514	SWI/SNF kompleksi
MOLEKÜLER FONKSİYON			
Bağlayıcı			
Ta_S17989822	swi snf kompleks subunit swi3b	GO:0003682	Kromotin bağlama
Ta_S37760603	Peroksidaz 2	GO:0005488	Bağlama
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0005524	ATP bağlama
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0020037	Heme bağlama

Ta_S17987935	Peroksidaz 1	GO:0020037	Heme bağlama
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0043295	Glutasyon bağlama
hidrolaz aktivitesi			
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0004386	Helikaz aktivitesi
Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0004568	Kitinaz aktivitesi
İyon bağlama			
Ta_S32554879	Glukan endo- beta-glukosidaz 4	GO:0043169	Kasyon bağlama
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0046872	Metal iyonu bağlama
Ta_S17987935	Peroksidaz 1	GO:0046872	Metal iyonu bağlama
Nükleik Asit Bağlayıcı			
Ta_S17989822	swi snf kompleks subunit swi3b	GO:0003677	DNA bağlama
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0003677	DNA bağlama
Ta_S36162740	WRKY transkripsiyon faktör 70	GO:0043565	Diziye özgü DNA bağlama
Diğerleri			
Ta_S32554879	Glukan endo--beta-glukosidaz 4	GO:0016881	Asit, amino asit ligaz aktivitesi
Ta_S12995082	Peroksidaz 15	GO:0004601	Peroksidaz aktivitesi
Ta_S17987935	Peroksidaz 1	GO:0004601	Peroksidaz aktivitesi
Oksidoredüktaz Aktivitesi			
Ta_S37760603	Peroksidaz 2	GO:0016491	Oksidoredüktaz aktivitesi
Transkripsiyon Faktör aktivitesi			
Transferaz Aktivitesi			
Ta_S17892747	Glutasyon s-transferaz gstu6	GO:0016740	Transferans aktivitesi
Ta_S26018841	Glutasyon s-transferaz	GO:0016740	Transferans aktivitesi
TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0004364	Glutasyon transferaz aktivitesi

BİYOLOJİK SÜREÇ

Karbonhidrat Metabolizması

Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0005975	Karbonhidrat metabolizma süreci
Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0006032	Kitin katabolik süreci
Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0000272	Polisakarit katabolik yanıtı
Ta_S26026095	Kitinaz 8	GO:0006032	Kitin katabolik süreci
Ta_S32554879	Glukan endo- beta-glukosidaz 4	GO:0005975	Karbonhidrat metabolizma süreci
Ta_S33578944	Endo-beta- glukanaz	GO:0005975	Karbonhidrat metabolizma süreci
Ta_S26022505	Glukan endo-beta-glukosidaz	GO:0005975	Karbonhidrat metabolizma süreci

Hormonal Düzenleme

TaS12983212	Glutasyon transferaz	GO:0080167	Karrikan yanıt
-------------	----------------------	------------	----------------

Metabolizma

Ta_S26027709	Kitinaz benzeri protein 1	GO:0019222	Metabolik süreç düzenlenmesi
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0006306	DNA metilasyon
Ta_S26028907	DNA helikaz ino80	GO:0045739	DNA tamiri olumlu düzenleme
Ta_S12983212	Glutasyon transferaz	GO:0006749	Glutasyon Metabolik süreci

Organizasyon

Ta_S17989822 swi snf kompleks subunit swi3b GO:0006338 Kromatin yeniden oluşumu

Diğerleri

Ta_S12995082 Peroksidaz 15 GO:0009826 Tek boyutlu hücre büyümesi

Oksidasyon- Redüksiyon

Ta_S17987935 Peroksidaz 1 GO:0055114 Oksidasyon- redüksiyon süreci

Ta_S12995082 Peroksidaz 15 GO:0055114 Oksidasyon- redüksiyon süreci

Uyaranlara ve Strese Tepki

Ta_S17989822 swi snf kompleks subunit swi3b GO:0048573 Fotoperiyodizm, çiçeklenme

Ta_S26027709 Kitinaz benzeri protein 1 GO:0006950 Strese verdiği yanıt

Ta_S26027709 Kitinaz benzeri protein 1 GO:0009628 Abiyotik uyarana yanıt

Ta_S26027709 Kitinaz benzeri protein 1 GO:0042221 Kimyasal uyarılara yanıt

Ta_S26028907 DNA helikaz ino80 GO:0009616 Virüs ile uyarılan gen susması

Ta_S26028907 DNA helikaz ino80 GO:0009630 Gravitropizma

Ta_S26028907 DNA helikaz ino80 GO:0010048 Vernalizasyon yanıtı

Ta_S26026095 Kitinaz 8 GO:0051707 Diğer organizmalara yanıt

Ta_S33578944 Endo-beta-glukanaz GO:0006950 Strese verdiği yanıt

Ta_S33578944 Endo-beta- glukanaz GO:0009628 Abiyotik uyarana yanıt

Ta_S33578944 Endo-beta- glukanaz GO:0051707 Diğer organizmalara yanıt

Ta_S17987935 Peroksidaz 1 GO:0006979 Oksidatif strese yanıt

Ta_S17892747 Glutasyon -s-transferaz gstu6 GO:0050896 Uyarılara yanıt

Ta_S26022505 Glukan endo- beta-glukosidaz GO:0006952 Savunma yanıtı

Ta_S12995082 swi snf kompleks altbirim swi3b GO:0006979 Oksidatif strese yanıt

Ta_S12995082 Peroksidaz 15 GO:0009416 Işık uyarısına yanıt

Ta_S12995082 Peroksidaz 15 GO:0009651 Tuzluluk stresine yanıt

Ta_S12995082 Peroksidaz 15 GO:0010043 Çinko iyonuna yanıt

Ta_S12995082 Peroksidaz 15 GO:0042742 Bakteriye savunma yanıt

Ta_S12995082 Peroksidaz 15 GO:0050832 Mantar savunma yanıtı

Ta_S12983212 Glutasyon transferaz GO:0006979 Oksidatif strese yanıt

Ta_S12983212 Glutasyon transferaz GO:0009409 Soğuğa yanıt

Ta_S12983212 Glutasyon transferaz GO:0009635 Herbisit yanıt

Ta_S12983212 Glutasyon transferaz GO:0042631 Su yoksunluğu hücresel yanıt

Ta_S12983212 Glutasyon transferaz GO:0046686 Kadmiyum iyonu yanıt

Sinyal İletimi

Ta_S26028907 DNA helikaz ino80 GO:0007267 Hücre-hücre sinyalizasyonu