



**BİBERDE (*Capsicum annuum* L.) ABİYOTİK
STRES KOŞULLARININ FİZYO-
BİYOKİMYASAL ETKİLERİNİN
DEĞERLENDİRİLMESİ ve YABBY GEN
AİLESİNİN GENOM ÇAPLI ANALİZİ**

Zeliha DOLAŞ

Yüksek Lisans Tezi

Moleküler Biyoloji ve Genetik Ana Bilim Dalı

2025

(Her hakkı saklıdır.)

T.C.
ERZURUM TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
MOLEKÜLER BİYOLOJİ VE GENETİK ANA BİLİM DALI



**BİBERDE (*Capsicum annuum* L.) ABİYOTİK STRES
KOŞULLARININ FİZYO-BİYOKİMYASAL ETKİLERİNİN
DEĞERLENDİRİLMESİ VE YABBY GEN AİLESİNİN GENOM
ÇAPLI ANALİZİ**

YÜKSEK LİSANS TEZİ
Zeliha DOLAŞ

Danışman: Prof. Dr. Emre İlhan

ERZURUM, 2025

T.C.
ERZURUM TEKNİK ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
TEZ KABUL VE ONAY TUTANAĞI

TEZİN BAŞLIĞI

Prof. Dr. Emre İlhan danışmanlığında Zeliha Dolaş tarafından hazırlanan bu çalışma 22.10.2025 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Moleküler Biyoloji ve Genetik Ana Bilim Dalı'nda Yüksek Lisans tezi olarak **Oy birliği ile (3/3)** kabul edilmiştir.

Danışman:	Prof. Dr. Emre İLHAN <i>Erzurum Teknik Üniversitesi</i>	<i>İmza</i>
Üye:	Doç. Dr. Esra ARSLAN YÜKSEL <i>Atatürk Üniversitesi</i>	<i>İmza</i>
Üye:	Dr. Öğr. Üyesi Ayşe Gül KASAPOĞLU <i>Erzurum Teknik Üniversitesi</i>	<i>İmza</i>

Yukarıdaki sonucu onaylıyorum.

Prof. Dr. İlker KAZAZ
Enstitü Müdürü

ÜRETKEN YAPAY ZEKÂ VE ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI

Erzurum Teknik Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki tüm bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etik ilkelere uygun davrandığımı ve tezin hazırlanması sürecinde üretken yapay zekâ programlarından, içeriğin ve sonuçların özgünlük sorumluluğunun tarafıma ait olması ve çalışmanın bilimsel niteliğini etkilemeyecek düzeyde, yalnızca yardımcı bir araç olarak sınırlı düzeyde destek alındığını beyan ederim.

22.10.2025

İmzası

Zeliha DOLAŞ

TEŐEKKÜR

Yüksek lisans eğitimin boyunca; tez çalışmalarımın her aşamasında gerek bilgi, birikim ve tecrübeleri ile gerekse akademik ve manevi açıdan sağladığı desteklerden ötürü değerli danışman hocam Sayın Prof. Dr. Emre İLHAN'a,

Çalışmalarım sırasında bana yardımcı olan Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitkisel Biyoteknoloji Bölümü öğretim üyesi Sayın Prof. Dr. Murat AYDIN'a,

Laboratuvar kullanımı nedeniyle Yüksek Teknoloji Uygulama ve Araştırma Merkezi Müdürlüğüne, bilhassa edindiği bilgileri benimle paylaşan, desteğini ve yardımını benden hiç esirgemeyen değerli hocalarım Sümeyra UÇAR, Esra YAPRAK, Dr. Selman MUSLU, Dr. Öğr. Üyesi Ayşe Gül KASAPOĞLU, Burak Muhammed Öner, Ahmed Sidar AYGÖREN'e ve tüm ekip arkadaşlarıma,

Tez çalışmam süresince, Bilim İnsanı Destek Programları Başkanlığı (BİDEB) tarafından düzenlenen 2210-A Genel Yurt İçi Yüksek Lisans Burs Programı ile maddi destek almamı sağlayan, Türkiye Bilimsel ve Teknoloji Araştırma Kurumu (TÜBİTAK)'a,

Hayatım boyunca maddi ve manevi tüm destekleriyle her zaman yanımda olan ve eğitimim süresince desteklerini her koşulda hissettiğim sevgili aileme ve her daim yanımda olan kıymetli dostlarıma sonsuz teşekkürlerimi sunuyorum.

Zeliha DOLAŐ

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

BİBERDE (*Capsicum annuum* L.) ABİYOTİK STRES KOŞULLARININ FİZYO-BİYOKİMYASAL ETKİLERİNİN DEĞERLENDİRİLMESİ ve YABBY GEN AİLESİNİN GENOM ÇAPLI ANALİZİ

Zeliha DOLAŞ

Erzurum Teknik Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Moleküler Biyoloji ve Genetik Ana Bilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Emre İLHAN

Bu çalışma, Demre biberinde tuz, kuraklık, sıcaklık ve üşüme stresleri altında ortaya çıkan fizyo-biyokimyasal yanıtları değerlendirmekte ve *Capsicum annuum* genomunda bulunan *YABBY* gen ailesini kapsamlı biçimde incelemektedir. Yapılan ölçümler, tüm stres koşullarında bitki gelişiminin yavaşladığını; buna karşılık prolin ve MDA düzeylerinde artış ile bazı antioksidan enzim aktivitelerinde belirgin değişimler olduğunu göstermiştir. Bu bulgular, Demre genotipinin stres tipine göre farklı savunma yollarını devreye soktuğunu işaret etmektedir. Genom analizlerinde dokuz *CaYABBY* geni tanımlanmış; bu genlerin motif yapıları, ekzon-intron düzenleri ve filogenetik ilişkileri ortaya konmuştur. *CaYABBY3*'teki belirgin motif kayıpları, bu genin aile içinde işlevsel olarak ayrıştığını düşündürmektedir. RT-qPCR analizleri, *CaYABBY6*'nın özellikle kök dokusunda tuz stresine güçlü bir yanıt verdiğini ve sıcaklık ile üşüme streslerinde de anlamlı şekilde arttığını göstermiştir. *CaYABBY3*'ün dokuya ve stres türüne göre değişen ifadesi ise aile içinde işlevsel bir farklılaşmayı desteklemektedir. Genel olarak, elde edilen sonuçlar *YABBY* gen ailesinin gelişim süreçlerinde olduğu kadar abiyotik stres yanıtlarında da önemli düzenleyici roller üstlendiğini ortaya koymaktadır.

Anahtar Kelimeler: *Capsicum annuum*, abiyotik stres, *YABBY* gen ailesi, RT-qPCR, genom çaplı analiz, fizyo-biyokimyasal parametreler

ABSTRACT

MASTER'S THESIS

EVALUATION of the PHYSIO-BIOCHEMICAL EFFECTS of ABIOTIC STRESS CONDITIONS in PEPPER (*Capsicum annuum* L.) and GENOME-WIDE ANALYSIS of the YABBY GENE FAMILY

Zeliha DOLAŞ

Erzurum Technical University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Department of Molecular Biology And Genetics

Supervisor: Prof. Dr. Emre İLHAN

This study evaluates the physio-biochemical responses arising under salt, drought, heat and cold stresses in Demre pepper comprehensively investigates the *YABBY* gene family found in the *Capsicum annuum* genome. Measurements indicated that plant growth under all stress conditions; conversely, increases in proline and malondialdehyde (MDA) levels and significant changes in certain antioxidant enzyme activities were observed. These findings suggest that the Demre genotype activates distinct defense mechanisms depending on the stress type. In genome analyses, nine *CaYABBY* genes were identified; the motif structures, exon-intron organizations and phylogenetic relationships of these genes were elucidated. Significant motif losses in *CaYABBY3*, suggest that this gene had structurally diverged within the family. RT-qPCR analyses demonstrated that *CaYABBY6* exhibited a strong response to salt stress. The expression of *CaYABBY3*, varying according to tissue and stress type, supports functional differentiation within the family. Overall, the obtained results reveal that the *YABBY* gene family undertakes important regulatory roles in abiotic stress responses as well as in developmental processes.

Keywords: *Capsicum annuum*, abiotic stress, *YABBY* gene family, RT-qPCR, genome-wide analysis, physio-biochemical parameters

İÇİNDEKİLER

ÜRETKEN YAPAY ZEKÂ VE ETİK KURALLARA UYGUNLUK BEYANI	i
TEŞEKKÜR	ii
ÖZET.....	iii
ABSTRACT	iv
İÇİNDEKİLER	v
TABLolar DİZİNİ	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	viii
KISALTMALAR VE SİMGELER DİZİNİ	ix
1. GİRİŞ	1
1.1. Biber Bitkisi ve Önemi.....	1
1.2. Abiyotik Stres ve Bitkilerin Abiyotik Stres Yanıt Mekanizması	2
1.2.1. Kuraklık Stresi ve Bitkilerin Yanıt Mekanizması	3
1.2.2. Tuz Stresi ve Bitkilerin Yanıt Mekanizması	4
1.2.3. Sıcaklık Koşulları ve Bitkilerin Yanıt Mekanizması.....	5
1.2.4. Üşüme Stresi ve Bitkilerin Üşüme Stresine Yanıt Mekanizması	6
1.3. <i>YABBY</i> Gen Ailesi	8
1.3.1. <i>YABBY</i> Gen Ailesi: Tanımı, Fonksiyonları ve Araştırma Amaçları.....	8
1.3.2. <i>YABBY</i> Gen Ailesine Yönelik Yapılan Çalışmalar	10
2. MATERYAL ve YÖNTEM.....	20
2.1. <i>YABBY</i> Gen Ailesinin Tanımlanması ve İlişkili Dizilerin Elde Edilmesi.....	20
2.2. <i>CaYABBY</i> Genlerinin Kromozomal Dağılımı	20
2.3. Biberde <i>YABBY</i> Genlerinin Yapısı, Kromozomal Yerleşimi ve Motif Analizi ..	20
2.4. <i>CaYABBY</i> Genlerinin Filogenetik Analizi ve Dizi Hizalama	21
2.5. Biber <i>YABBY</i> Gen Ailesinin Hücre İçi Lokalizasyonu ve Promotor Analizleri..	21
2.6. Biberde <i>YABBY</i> Proteinlerinin Homoloji Modellemesi	21
2.7. Kullanılan Bitki Materyali.....	22
2.8. Bitki Ekimi ve Büyümesi ve Stres Uygulamaları	22
2.9. Biyokimyasal Parametrelerin Ölçümü	22
2.9.1 Malondialdehid (MDA) Ölçümü	22
2.9.2. Hidrojen Peroksit (H ₂ O ₂) Ölçümü.....	23
2.9.3. Prolin Ölçümü.....	23
2.9.4. SOD Enzim Aktivitesinin Belirlenmesi	24

2.9.5. POD Enzim Aktivitesinin Belirlenmesi	24
2.9.6. CAT Enzim Aktivitesinin Belirlenmesi	24
2.10. Fizyolojik Parametrelerin Ölçümü	25
2.10.1. Hücre Membran Hasarı (HMH, %)	25
2.10.2. Klorofil Miktarı (SPAD).....	25
2.10.3 Morfolojik Parametrelerin Ölçümü	25
2.11. Moleküler Parametrelerin Belirlenmesi	25
2.11.1. RNA İzolasyonu	26
2.11.2. Agaroz Jel Elektroforezi	26
2.11.3. cDNA Sentezi	26
2.11.4. Kantitatif Real Time PCR Analizleri.....	27
2.12. Çalışmada Kullanılan Primerler	28
2.13. Verilerin Değerlendirilmesi.....	28
3. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA.....	29
3.1. Biber Genomunda Tanımlanan <i>YABBY</i> Gen Ailesinin Özellikleri	29
3.2. Ca <i>YABBY</i> Genlerinin Kromozomal Dağılımı	30
3.3. Ca <i>YABBY</i> Genlerinin Ekzon ve İntron Bölgeleri.....	31
3.4. Ca <i>YABBY</i> Proteinlerinin Türler Arası Filogenetik Analizi	32
3.5. Ca <i>YABBY</i> Korunmuş Dizi Motifleri	34
3.6. Ca <i>YABBY</i> Genlerinin Promotör Analizleri.....	37
3.7. Ca <i>YABBY</i> Genlerinin Ontoloji Analizleri	39
3.8. Tanımlanan Ca <i>YABBY</i> Proteinlerinin Hücre İçi Lokalizasyonu	41
3.9. Ca <i>YABBY</i> Proteinlerinin Homoloji Modellemesi	41
3.10. Morfolojik ve Fizyolojik Parametreler	44
3.11. Biyokimyasal Parametreler	45
3.12. Kantitatif Real Time PCR (RT-qPCR) Analizleri.....	49
4. SONUÇ VE ÖNERİLER.....	52
4.1. Sonuç	52
4.2. Öneriler.....	54
KAYNAKÇA	56

TABLolar DİZİNİ

Tablo 2.1. cDNA bileşen ve konsantrasyonları.....	27
Tablo 2.2. RT -PCR reaksiyon bileşenleri.....	27
Tablo 2.3. RT-qPCR koşulları.....	27
Tablo 2.4. RT-qPCR çalışmasında kullanılan primerler	28
Tablo 3.1. <i>C. annuum</i> L. YABBY Protein Kataloğu	30
Tablo 3.2. CaYABBY gen ailesin tahmin edilen motiflerin dizi bilgileri	37
Tablo 3.3. <i>CaYABBY1-9</i> genlerinin promotör bölgelerinde bulunan cis-etkili elementler	38
Tablo 3.4. CaYABBY Genlerine Ait Proteinlerin Hücre İçi Lokalizasyonları.....	41
Tablo 3.5. Üşüme ve sıcak streslerinin biberin fizyolojik ve morfolojik karakterleri üzerine etkisi	44
Tablo 3.6. Tuz ve kuraklık streslerinin biberin fizyolojik ve morfolojik karakterleri üzerine etkisi	45
Tablo 3.7. Üşüme ve sıcak streslerinin biberin biyokimyasal, prolin ve antioksidan enzim aktiviteleri üzerine etkisi	46
Tablo 3.8. Tuz ve kuraklık streslerinin biberin biyokimyasal, prolin ve antioksidan enzim aktiviteleri üzerine etkisi	47

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. <i>C.annuum</i> genomunda <i>YABBY</i> genlerinin kromozomal dağılımı	31
Şekil 3.2. <i>C. annum</i> <i>YABBY</i> genlerinin ekzon ve intron bölgeleri.....	32
Şekil 3.3. <i>C. annum</i> , <i>A. thaliana</i> , <i>S. lycopersicum</i> ve <i>O. sativa</i> bitkilerine ait <i>YABBY</i> proteinlerinin filogenetik ağacı.....	34
Şekil 3.4. Ca <i>YABBY</i> proteinlerinde tahmin edilen motiflerin dağılımı	35
Şekil 3.5. Ca <i>YABBY</i> gen ailesindeki korunmuş domainler ve tahmin edilen motif dizileri	36
Şekil 3.6. Ca <i>YABBY</i> genlerinin gen ontoloji kategorilerine göre genel dağılımı (Biyolojik Süreç (208), Moleküler Fonksiyon (15), Hücresel Bileşen (7))... 40	40
Şekil 3.7. Ca <i>YABBY</i> genlerinin fonksiyonel gruplara göre alt ontolojik dağılımı (Gelişimsel Süreçler (120), Transkripsiyonel Düzenleme (75), Hücresel Bileşenler (7), Hücresel Farklılaşma ve Hücresel Süreçler (18), Reprodüktif Gelişim (10)).....	40
Şekil 3.8. Ca <i>YABBY</i> proteinlerinin 3B yapı modellemesi	43
Şekil 3.9. Sürgün ve kök dokusunda kontrol 1, üşüme, sıcak, kontrol 2, tuz ve kuraklık uygulanan Demre biberinde altı <i>YABBY</i> geninin ifade düzeyinin değerlendirilmesi	50

KISALTMALAR VE SİMGELER DİZİNİ

μg	Mikrogram
μl	Mikrolitre
μm	Mikromolar
ABA	Absisik asit
ABRE	Absisik asit yanıt elementi
AP2/ERF	APETALA2/etilen yanıt faktörü
APX	Askorbat peroksidaz
ARE	Anaerobik yanıt elementi
ATP	Adenozin trifosfat
bHLH	Temel sarmal-döngü- sarmal
Box4	Işığa yanıtta rol oynayan korunmuş DNA modülünün parçası
bZIP	Temel lösin fermuarı
C	Santigrat
<i>C. annuum</i>	<i>Capsicum annuum</i>
C2C2	Sistein2Sistein2 tipi çinko parmak
C ₂ H ₄	Etilen
Ca ²⁺	Kalsiyum iyonu
CaM3	Kalmodulin 3
CAMTA	Kalmodulin bağlayıcı transkripsiyon aktivatörleri
CAT	Katalaz
CBF	C-tekrarı Bağlayıcı Faktör
CCCH	Sistein-Sistein-Sistein-Histidin tipi çinko parmak
cDNA	Komplementer DNA
CO ₂	Karbondioksit
CRC	Yengeç pençesi (CRABS CLAW)
Cys	Sistein
Cys2-Cys2	Sistein2Sistein2 tipi çinko parmak
DREB	Dehidrasyona duyarlı element bağlayıcı
dSm ⁻¹	DesiSiemen/metre
EC	Elektriksel iletkenlik
FIL	İpliksi Çiçek (FILAMENTOUS FLOWER)
GA	Gibberellin

GO	Gen ontolojisi
GPX	Glutasyon peroksidaz
Gs	Stoma iletkenliđi
H ₂ O ₂	Hidrojen peroksit
HMG-kutusu	Yüksek hareketlilik grubu kutusu
HSF	Isı şoku transkripsiyon faktörleri
INO	İçte Dışa Açılmayan (INNER NO OUTER)
JA	Jasmonik asit
K	Potasyum
K ⁺	Potasyum iyonu
M	Molar
MAPKK	Mitojenle aktive olan protein kinaz kaskadı
MBS	MYB bağlayıcı bölgesi
MDA	Malondialdehit
Mg	Miligram
mM	Milimolar
mRNA	Haberci RNA
MYB	Miyeloblastoz
MYC	Miyelositomatoz
N	Azot
Na ⁺	Sodyum iyonu
NaCl	Tuz
°	derece
O ₂ ⁻	Süperoksit radikalleri
P	Fosfor
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
Pn	Net fotosentez oranı
POD	Peroksidaz
PSII	Fotosistem II
RNA	Ribonükleikasit
ROT	Reaktif oksijen türleri
RT-qPCR	Gerçek Zamanlı Kantitatif PCR
RWC	Bađıl su içeriđi
SA	Salisilik asit

SOD	Süperoksit dismutaz
TF	Transkripsiyon faktörü
TÜİK	Türkiye İstatistik Kurumu
YAB	YABBY
ZF-HD	Çinko parmak homeodomain



1. GİRİŞ

1.1. Biber Bitkisi ve Önemi

Solanaceae familyasına ait olan biber bitkisi (*Capsicum annuum* L.), kültüre alınan önemli sebze türlerinden biridir (Zhigila et al., 2014; López-Serrano et al.2021). Bu türün atası olan yabancı biber (*C. annuum* var. *glabriusculum*), çok sayıda küçük, küresel meyve üreten çok yıllık bir çalı formundadır. *C. annuum*'un kökeni Meksika olarak bilinmektedir. *Capsicum* cinsine ait beş kültür türü (*C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens* ve *C. baccatum*) ile birlikte 22 yabancı tür tanımlanmıştır (Kraft et al., 2014; Lim et al., 2022).

Biber, içerdiği klorofil, antosiyanin ve lutein gibi pigmentlerin yanı sıra, C ve E vitaminleri, karotenoidler, flavonoidler ve kapsaisinoidler gibi biyoaktif bileşikler açısından da zengin bir kaynaktır (Emmanuel-Ikpeme et al., 2014; Zhang et al., 2024a). Meyveleri yalnızca gıda maddesi olarak değil, aynı zamanda doğal renklendirici, tatlandırıcı ve geleneksel tıpta da değerlendirilir (Mazhar et al., 2023).

2023-2024 döneminde dünya genelinde yeşil biber üretimi yaklaşık 36 milyon ton olarak bildirilmiştir. Aynı yıllarda Türkiye'de biber üretimi 3,2 milyon ton civarındadır ve bu miktar dünya üretiminin önemli bir kısmını oluşturmuştur (FAO, 2023; Türkiye İstatistik Kurumu [TÜİK], 2024). Türkiye'de bu dönemde yaklaşık 33,6 milyon ton toplam sebze üretilmiştir. Biber üretiminin bu toplamın yaklaşık %9,5'ini oluşturması, Türkiye'de yaygın üretilen ve tüketilen sebzeler arasında olduğunu gösterir (TÜİK, 2024). Yine TÜİK verilerine göre, 2023 yılında sivri biber üretimi 939.178 ton iken 2024 yılında 933.090 tona düşmüştür (TÜİK, 2024). Ülkemizde yaygın olarak yetiştirilen biber bitkisinin, abiyotik stres koşullarına verdiği yanıtların anlaşılması, ekonomik değeri açısından önemlidir (Zhang et al., 2022; Altaf et al., 2022).Çalışmamızda ele alınan Demre biberi, sivri biber çeşitleri arasında olup yerli bir biber türüdür.

Tuzluluk, kuraklık, sıcaklık ve üşüme gibi abiyotik stres faktörleri, biber bitkilerinde verim ve kaliteyi önemli ölçüde sınırlandırır. Bazı genotiplerin bu streslere daha toleranslı olduğu belirlenmiş bu özellik, prolin birikimi ve su dengesinin korunmasıyla ilişkilendirilmiştir (Penella et al., 2016; López-Serrano et al., 2021). Bu fizyolojik düzenlemeler, genetik yapının çevresel faktörlerin etkileşimini yansıtır ve stres toleransını artırmaya yönelik araştırmaların temelini oluşturur.

1.2. Abiyotik Stres ve Bitkilerin Abiyotik Stres Yanıt Mekanizması

Abiyotik stres, bitki büyümesini, gelişimini ve verimini doğrudan ve olumsuz yönde etkileyerek bitkinin tam bir genetik ifade elde etmesini engelleyen biyotik etkileşimlerden bağımsız olarak ortaya çıkan çevresel koşullar olarak tanımlanır. Bu streslerin yaygın görülen biçimleri arasında kuraklık, sıcaklık, tuzluluk ve üşüme stresi ve su baskınları yer alır (Kajla et al., 2015; Li et al., 2020a; Younis et al., 2020).

Abiyotik stresler bitki metabolizmasında morfolojik, fizyolojik ve biyokimyasal süreçlerde değişiklikler oluşturarak bitkinin fotosentez, solunum ve besin alımını bozar. Aynı zamanda bitkinin ürünlerinde verimliliğin azalmasına, kalitenin düşmesine ve ileri safhalarda bitki ölümüne yol açar. Abiyotik stresin spesifik etkileri bitki türüne, stres faktörüne ve maruz kalma süresine bağlı olarak değişiklik gösterir (Zhang et al., 2023a; Oyebamiji et al., 2024). Bitkiler stresin olumsuz etkileri karşısında stres faktörünü algılayarak, sinyal iletim yolları ve genetik düzenlemeler aracılığıyla uygun yanıtları üretir (Li et al., 2022).

Stres yanıt mekanizmasında ilk adım bitkinin yapısal bazal sistemleri tarafından stres faktörünün algılanması ve tanımlanmasıdır. İkinci adımda tanımlanan stres etkenine bağlı olarak spesifik iyon kanallarının ve kinaz enzimlerinin aktivasyonu ile reaktif oksijen türleri (ROT); absisik asit (ABA) salisilik asit (SA), jasmonik asit (JA) ve etilen gibi fitohormonlar birikir. Üçüncü adımda ise biriken fitohormonlar aracılığıyla bitki genetik mekanizması yeniden programlanır. Böylelikle stresin neden olduğu biyolojik hasarı en aza indirmek için bitki savunma mekanizması, stres toleransını artırır (Fujita et al., 2006; AbuQamar et al., 2009; Rejeb et al., 2014; Younis et al., 2020).

Bitkiler, karşılaştıkları farklı abiyotik streslere çeşitli fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler mekanizmalar geliştirerek yanıt oluşturur. Genel olarak yanıt mekanizmaları, stresin türüne göre farklılık gösterebilir. Fakat temel olarak ortak sinyal yolları ve adaptasyon stratejileri içerir (Chaves et al., 2009; Zhu, 2016). Stres türleri bitkilerde büyüme, gelişim ve verimi farklı şekillerde ve düzeylerde etkiler. Bu bağlamda, özellikle biber bitkisinde yaygın olarak görülen dört temel abiyotik stres faktörü olan kuraklık, tuzluluk, sıcaklık ve üşüme stresleri detaylı bir şekilde ele alınacaktır.

1.2.1. Kuraklık Stresi ve Bitkilerin Yanıt Mekanizması

Kuraklık stresi, topraktaki kullanılabilir su içeriğinin azalmasıyla bitkilerde etkileri gözlemlenen bir abiyotik stres türüdür. (Angon et al., 2022). Bitki, sınırlı su koşullarında yaşamını sürdürebilmek için metabolizmasını optimize eden çok yönlü ve birbirine bağlı bir savunma sistemine sahiptir. Bu sistem, fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler süreçler ağını içerir (Farooq et al., 2009; Alluqmani & Alabdallah 2023).

Toprakta nem oranının azalmasıyla bitkiler suyu daha verimli kullanmak için stomal düzenlemede etkin bir bitki hormonu olan ABA'yı hücrelerinde biriktirir. Bu hormon fizyolojik olarak stomalarının açılmasını kısıtlayarak su kaybını azaltır (Cutler et al., 2010; Kim et al., 2021). Ayrıca bu hormon hafif ve orta düzeyde kuraklık streslerinde, CO₂ kullanımını ve alımını azaltır. Kuraklık stresinin etkilerine yönelik yapılan çalışmalar, bu stresin bitkilerde net fotosentez oranını (Pn), stoma iletkenliğini (Gs), ve bağıl su içeriğini (RWC) etkileyen birincil faktör olduğunu gösterir (Kim et al., 2021; Angon et al., 2022; Wu et al., 2024). Bu süreç turgor basıncını düşürür, hücresel düzeyde bitki büyümesini ve gelişimini yavaşlatır, verim kayıplarına yol açar (Feng et al., 2013).

Kuraklık stresi bitkilerde bir dizi biyokimyasal değişiklikleri tetikler (Mittler, 2002). Uzun süreli ve şiddetli kuraklık stresi, fotosentetik enzimlerin, özellikle ribuloz bifosfat karboksilaz (Rubisco), nikotinamid adenin dinükleotit fosfat (NADPH) ve kloroplasttaki adenozin trifosfat (ATP) aktivasyonunu düşürür ve bitkilerde fotosentezi sınırlar (Parry et al., 2002; Flexas & Medrano 2002). Bitkiler, hücresel turgor basıncını ve enzim stabilitesini korumak için prolin, çözümlü şekerler (sükroz, trehaloz, vb.) ve kuarterner amonyum bileşikler gibi ozmoprotektanlar ile yanıt verir (Zhang et al., 2024a; Cao et al., 2024). Aynı zamanda, hidrojen peroksit (H₂O₂) ve süperoksit radikalleri (O₂⁻) gibi ROT'ların üretimi artar. Antioksidan enzim sistemleri (süperoksit dismutaz (SOD), katalaz (CAT), askorbat peroksidaz (APX) ve peroksidaz (POD)), ROT'ları süpürür ve hücreleri oksidatif hasardan korur (Liu et al., 2024; Araz et al., 2025).

Bu yanıtların düzenlenmesi için bitki köklerinde sentezlenen ABA, ksilem özsuyunda su iletkenliğini ve stomaların kapanmasını optimize ederek bitkinin su alımını sağlar (Holbrook, et al., 2002; Padilla et al., 2023). Ayrıca ABA, kuraklığa karşı gen ifadelerini tetikler ve diğer hormonlarla (etilen (C₂H₄), JA ve SA) etkileşerek stres sinyali iletiminde rol oynar ve böylelikle adaptasyon süreçlerine katkıda bulunur (Peleg & Blumwald 2011; Wang et al., 2024).

Biber bitkilerinde moleküler yanıt, su eksikliğine adapte olan karmaşık sinyal yolları ve gen ifadelerindeki değişiklikleri kapsar. Kuraklık koşullarında ABA seviyesindeki artış ile hem ABA'ya bağımlı bazı sinyal iletim yolları tetiklenir hem ABA'dan bağımsız sinyal iletim yolları aktifleşir (Delfine et al., 2002; Hrmova & Hussain 2021;). Bu durum, dehidrinler ve antioksidan enzimleri kodlayan genlerin ifadesini artırır (Bao et al., 2017; Widuri et al., 2020; Borràs et al., 2021). Ozmoprotektan genler de hücrelerde turgoru ve yapısal bütünlüğünü korumak amacıyla daha aktif hale gelir (Khan et al., 2015).

Morfolojik olarak, biber bitkileri, kuraklığa yanıtta kökleri uzatır ve kalınlaştırır; yaprak alanını küçültür, stomaların yoğunluğunu azaltır ve kütikül kalınlığını artırır. Bu değişiklikler, bitkinin su tutma ve alım kapasitesini optimize eder (Shao et al., 2008; Farooq et al., 2009; Widuri et al., 2020; Ilyas et al., 2021).

1.2.2. Tuz Stresi ve Bitkilerin Yanıt Mekanizması

Tuz stresi, bitkilerin büyümesini ve gelişimini sınırlayan önemli bir abiyotik faktördür. Biber gibi hassas türlerde suyun elektriksel iletkenliğinde (EC) $1,5 \text{ dSm}^{-1}$ kadar düşük değerler verim kayıplarına neden olur (Zamlejen et al., 2022). Yüksek tuzluluk, su alımını azaltır ve mineral dengesini bozar ve Na^+ birikimine neden olur. Bu etkiler biber bitkilerinde fizyolojik, biyokimyasal, moleküler ve morfolojik süreçleri doğrudan etkiler (Taffouo et al., 2017; Ma et al., 2022; Silva et al., 2025).

Erken dönemde ortaya çıkan ozmotik dengesizlik, bağıl su içeriği ve biyokütlede azalmaya neden olur (Ma et al., 2022). Bitki bu durumu prolin gibi osmolitleri artırarak osmotik basıncı dengeler ve hücrel su kaybını engeller. (Bojórquez-Quintal et al., 2014; López-Serrano et al., 2019). İyon homeostazı, özellikle K^+/Na^+ oranındaki dengesizlik tuz toleransının temelini oluşturur. Na^+ birikimi iyonik toksisiteyi tetikler, K^+ (potasyum) azalması mineral alımını ve metabolik aktiviteleri olumsuz etkiler (Gammoudi et al., 2016; López-Serrano et al., 2021; Ma et al., 2022; Yuce et al., 2025).

Tuz stresi altında en hassas fizyolojik süreç fotosentezdir. CO_2 alımı, stomal iletkenlik ve terleme hızındaki düşüş Pn değerlerini sınırlar. Ancak bazı biber genotipleri bu kayıpları telafi edebilir. Örneğin, tuz stresi altında toleranslı A25 aksasyonu, hassas A6'ya kıyasla fotosentetik aktiviteyi ve stomatal iletkenliği daha iyi korumuştur ve enerji üretimini devam ettirmiştir (Penella et al., 2016; López-Serrano et al., 2021). Bu farklılıklar genotiplerin stresle başa çıkma kapasitesinin fizyolojik temeline işaret eder.

Biyokimyasal olarak, osmolit birikimi ve antioksidan savunma sisteminin aktifleşmesi kritik rol oynar. ROT birikimi ile fenolik bileşikler ve antioksidan enzimler oksidatif hasarı azaltmak üzere devreye girer. Kalsiyum (Ca^{2+}) sinyallemesi de H_2O_2 artışıyla savunma genlerini aktive eder (Lim et al., 2021; Ma et al., 2022; Liu et al., 2024).

Tuz stresine toleransta ABA, gibberellin (GA), etilen, JA, SA gibi stresle ilişkili hormonların ifade düzeylerindeki artış savunma yanıtlarını tetikler. Özellikle ABA birikimi, stoma kapanmasını destekleyerek su kaybını azaltır. (Lim et al., 2016; López-Serrano et al., 2021; Ma et al., 2022). Toleranslı genotiplerde (örneğin; A25 aksasyonu) hormonal sinyallerin, ozmotik denge ve hücre duvarı düzenlemesi ile ilişkili genlerle birlikte çalıştığı bildirilmiştir. Moleküler düzeyde, CAMTA, DREB gibi transkripsiyon faktörleri ABA sinyaliyle bağlantılı çalışarak stres yanıt genlerinin ifade seviyelerini düzenler (Bouché et al., 2005; López-Serrano et al.2021).

Morfolojik olarak tuz stresi altında bitkilerde kök ve sürgün dokularında biyokütle oranında ve boyutlarında azalmalar meydana gelir. (Zamani et al., 2024; Yuce et al., 2025). Bitki morfolojisindeki görülen azalmalar tuz stresinin neden olduğu iyonik dengesizlik ve düşük metabolik aktivitelerden kaynaklanır (Butt et al., 2021)

1.2.3. Sıcaklık Koşulları ve Bitkilerin Yanıt Mekanizması

Isı stresi, bitkilerde fizyolojik, biyokimyasal, moleküler ve morfolojik tepkileri eş zamanlı olarak etkileyen bir abiyotik faktördür. Son yıllarda sürekli ve aniden görülen sıcaklık artışları, fotosentez ve solunum gibi temel metabolik süreçleri bozarak verim kayıplarını artırır (Kang et al., 2022; Singh et al., 2024; Silva et al., 2025). Biber bitkisinin ısıya karşı hassas olması, artan sıcaklıklara yanıtta savunma mekanizmalarının anlaşılması ve sıcaklığa toleranslı genotiplerin geliştirilmesi tarımsal üretim açısından önemlidir (Dang et al., 2018; Ali et al., 2020; Singh et al., 2024).

Genellikle $38^{\circ}C/30^{\circ}C$ civarındaki gündüz-gece sıcaklıklarında görülen bu stres, normal gelişim aralığı olan $25/20^{\circ}C$ değerlerinin üzerine çıkıldığında fizyolojik dengeyi bozar. Sıcaklık stresi, öncelikle fotosistem II (PSII)'nin hassasiyetini artırır, böylece CO_2 metabolizmasını kısıtlayarak bitkinin fotosentetik verimliliği düşürür. (Kang et al., 2022; Poudyal et al., 2023; Opoku et al., 2024; Zhou et al., 2024). Enerji üretiminde oluşan bu sorun sıcaklıkla ilgili gen ifadelerinde değişikliklere neden olarak bitkinin büyüme ve gelişme performansını olumsuz etkiler (Dang et al., 2018; Ali et al., 2020; Kang et al., 2022).

Sıcaklık stresinin, biyokimyasal yansıması çoğunlukla Ca^{2+} , ROT ve ABA gibi sinyal moleküllerinin etkileşimi üzerinden gerçekleşir. ROT birikimi arttıkça oksidatif hasar da artar ve bu durumu MDA seviyelerindeki artış takip eder. Buna karşılık SOD ve POD gibi antioksidan enzimler daha aktif hale gelerek oksidatif hasarı önler (Hasanuzzaman et al., 2013a; Ts et al., 2023; Naaz et al., 2025). Bunun yanı sıra aminoasit, çözünür şeker ve prolin birikimi ozmotik basıncın düzenlenmesini ve protein yapılarının korunmasını sağlar (Wahid et al., 2007; Kang et al., 2023).

Moleküler düzeyde artan sıcaklığın, plazma membran akışkanlığını değiştirmesi, sıcaklığa duyarlı iyon kanallarının açılmasını ve hücre içine Ca^{2+} girişini tetikler. Artan Ca^{2+} , kalmodulin 3 (CaM3) gibi kalsiyum bağlayıcı proteinlerle etkileşerek ısı şoku transkripsiyon faktörlerinin (HSF'lerin) yanıtının başlatılmasını sağlar (Liu et al., 2008; Mittler et al., 2012; Finka et al., 2012; Kang et al., 2023).

Morfolojik açıdan değerlendirildiğinde, sıcaklık artışı bitki boyunun, gövde kalınlığının, yaprak alanının ve toplam biyokütlenin azalmasına neden olur. (Zhou et al., 2024). Özellikle 32-38°C aralığında çiçek dökülmesi gerçekleşir, 40°C'nin üzerindeki sıcaklıklarda ise meyve tutumu azalır (Erickson & Markhart, 2002). Fakat, ısıya toleranslı genotipler daha geniş yaprak alanı, yüksek stoma yoğunluğu ve dengeli terleme oranı gibi özelliklerini koruyarak sıcaklık koşullarına uyum sağlamaktadır (Djanaguiraman et al., 2011; Singh et al., 2024).

1.2.4. Üşüme Stresi ve Bitkilerin Üşüme Stresine Yanıt Mekanizması

Soğuk stresi, biber bitkileri için 25-30°C aralığının altındaki koşullarda büyüme ve gelişimi kısıtlayan bir abiyotik stres faktörüdür. Soğuk stresi üşüme (0-15°C) ve donma (<0°C) stresi olmak üzere iki gruba ayrılır. Üşüme stresi altında, hücre zarı geçirgenliği ve enzim aktiviteleri bozulur, donma stresinde hücre içi buz kristalleri oluşur ve bu da doku bütünlüğünü işlevsel olarak geri dönüşsüz bir şekilde kaybetmesine neden olur. Biber bitkisi için optimum gelişme sıcaklığı 25-30°C aralığında olup, 15°C altında büyüme sınırlanması gerçekleşir, 8°C altında fizyolojik dengede bozulmalar oluşur ve 5°C altında ise stresin şiddeti ile büyüme durabilir (Zhang et al., 2022; Zhang et al., 2024a) Üşüme stresi altında fidelerde düşük çıkış oranları, büyümenin durması, çiçek canlılığının azalması ve polen üretiminin zayıflaması gözlemlenir. Dolayısıyla biber bitkilerinde üreme başarısızlığına bağlı verim kayıpları meydana gelir (Mehrotra et al., 2020; Miao et al., 2021; Wu et al., 2022; Qian et al., 2024)

Fizyolojik olarak, üşüme stresi bitkide ROT birikimi ile oksidatif strese neden olur. Bu süreç hücre zarı yapısının bozulması ile hücre ölümüne yol açar böylelikle bitki gelişiminde sorular oluşur. Üşüme stresi, bitkilerde osmolitlerin yeniden düzenlenmesine yol açar. Özellikle çözünür şeker, amino asitler ve poliaminlerin birikiminde artışlar gözlemlenir. Bu bileşikler hücre zarının yapısal bütünlüğünün dengelenmesini sağlar, hücrelerde ozmotik dengeyi korur ve metabolik olarak soğuğa toleransın artmasında rol alır (Miao et al., 2021; Qian et al., 2024).

Biyokimyasal açıdan bitkiler üşüme stresi altında oksidatif hasarı azaltmak için SOD, CAT ve APX gibi antioksidan enzimlerin aktivitelerini artırarak savunma mekanizmalarını güçlendirir (Tang et al., 2022; Altaf et al., 2022). Diğer abiyotik streslerde olduğu gibi üşüme stresinde de ABA birikimi, üşüme stresi ile ilişkili genlerin ifade düzeyini tetikleyip hücre içi dengeyi korur ve stres toleransını artırır (Zhang et al., 2022).

Moleküler düzeyde, üşüme sıcaklıkları sinyal iletim yollarını ve transkripsiyon faktörlerini aktifleştirerek gen ifade seviyelerinin düzenlenmesini sağlar. Mitojenle aktive olan protein kinaz kaskadı (MAPKK), bZIP, AP2/ERF, MYB, bHLH ve ABRE ve benzeri transkripsiyon faktörü aileleri üşüme toleransında rol oynayan temel düzenleyiciler olarak, üşüme stresi altında savunma sistemindeki genlerin aktivasyonunda rol alır (Kong et al., 2019; Zhang et al., 2022).

Morfolojik olarak, üşüme stresi bitki yapısında; kök morfolojisi, yaprak alanı ve gövde kalınlığında azalmalara yol açar. Dolayısıyla, bitkinin su ve besin alım kapasitesini düşürür ve fotosentetik etkinliği sınırlar (Altaf et al., 2022; Zhang et al., 2024a).

Son yıllarda *C. annuum* ile yapılan genomik düzeydeki çalışmalar, çeşitli streslere karşı hassas gen ailelerini ve moleküler mekanizmaları tanımlamıştır. Örneğin Tang et al., (2023), biberde CCCH çinko parmak genlerinin özellikle üşüme ve sıcak streslerinde ifade düzeyinin arttığını tespit etmiştir. Islam et al., (2023), biberde çinko parmak homeodomaini (ZF-HD) genlerinin bitki büyümesi ve gelişimine katkıda bulunmasının yanı sıra biyotik ve abiyotik stres koşullarında tolerans sağladığını belirtmiştir. Kang et al., (2020), biberde farklı stres koşullarında transkriptom analizleri ile stresle ilişkili genlerin ifade profillerini ortaya koyarken; Udrişte et al., (2024), genom yeniden dizileme çalışmaları ile farklı *C. annuum* çeşitleri arasında stresle ilişkili genetik varyasyonu analiz

etmiştir. Bu tür çalışmalar, genetik kaynakların verimli ve dayanıklı çeşitler geliştirilmesinde nasıl kullanılabileceğine dair önemli bilgiler sağlar.

Sonuç olarak bitkilerde stres tepkilerinin merkezinde transkripsiyon faktörleri etkin bir şekilde yer alır. *YABBY* gen ailesi sürgün, yaprak, çiçek gibi organ gelişimi ve stres yanıtlarının düzenlenmesinde önemli rollere sahiptir (Huang et al., 2013).

1.3. *YABBY* Gen Ailesi

1.3.1. *YABBY* Gen Ailesi: Tanımı, Fonksiyonları ve Araştırma Amaçları

YABBY gen ailesi, yalnızca tohumlu bitkilerde bulunan ve organ polaritesi ile çiçek organogenezinde rol alan bir transkripsiyon faktörü grubudur. İlk olarak *Arabidopsis thaliana*'da tanımlanan *YABBY* genleri vejetatif ve generatif gelişim süreçlerinde rol alır. *YABBY* gen ailesinin kuraklık, tuz ve sıcaklık gibi streslere yanıtta rol aldığı belirlenmiştir (Bowman & Smyth, 1999; Zhao et al., 2017; Buttar et al., 2020).

YABBY gen ailesi, *YABBY*-N domaini bölgesinde çinko parmak yapısındaki C₂C₂ bölgesi ile *YABBY* (-C) domaini bölgesinde HMG-kutusu içeren *YABBY* ailesine özgün bu iki domain bölgesi ile karakterize edilmektedir. *YABBY* genleri, filogenetik analizler ile CRC, FIL, INO, YAB2 ve YAB5 alt gruplarına ayrılır. Bunlardan YAB5 grubu yalnızca dikotlarda bulunur, monokotlarda ise evrimsel süreçte kaybolmuştur. (Eshed et al., 1999; İlhan 2018 Liu et al., 2021; Wang et al., 2024).

Son dönem çalışmalarında, farklı bitki türlerinde *YABBY* gen ailesinin yapısal özellikleri hesaplamalı yöntemler ile analiz edilmiştir. Bu araştırmalar, çinko parmak ve *YABBY* domainleri gibi işlevsel açıdan önemli olan bazı korunan protein bölgelerini belirlemiştir (Zhang et al., 2023b; Wang et al., 2024). Genomik ve transkriptomik çalışmalar, *YABBY* genlerinin yalnızca bitki gelişimi ve morfogenezindeki rolünün yanı sıra dokuya özgü ifade profilleri ve evrimsel çeşitliliklerine de işaret etmektedir (Li et al., 2019; Hao et al., 2022). Bu özellikleri, *YABBY* genlerini, tarımsal dayanıklılığı artıracak potansiyel hedefler haline getirmektedir (Jie et al., 2022; Shafiq et al., 2024).

Farklı bitkiler ile yapılan çalışmalar, *YABBY* genlerinin olumsuz çevre koşullarına uyum sağlamada düzenleyici işlev üstlendiğini ortaya koymuştur. Bu genler, ozmotik stres altında fizyolojik düzenlemelerle bitki gelişimini etkiler, ayrıca farklı proteinlerle etkileşerek çok yönlü stres sinyal ağlarını kontrol etmektedir (Mikołajczak et al., 2023; Hussain et al., 2024; Zuo et al., 2024). Transkriptomik analizlerde, *YABBY* genlerinin

çeşitli stres koşullarında farklı ifade düzeyleri sergilediği ve bu durumun bitkilerde savunma işlevini güçlendirdiği görülmüştür. (Yang et al., 2018; Hussain et al., 2024).

Abiyotik stres koşullarında *YABBY* gen ailesinin düzenleyici rolleri üzerine yapılan çalışmalar giderek artmaktadır. Özellikle kuraklık, tuzluluk, sıcaklık ve üşüme gibi çevresel stresler altında *YABBY* genlerinin ifade düzeylerinde değişiklikler gözlenmiştir. Örneğin, pamukta bu genlerin dokuya özgü ifade profilleriyle ısı stresine yanıt verdiği (Yang et al., 2018), ananasta kuraklık ve sıcaklık streslerine yanıtta transkripsiyonel düzeyde yeniden programlandığı bildirilmiştir (Li et al., 2019). Bu bulgular, *YABBY* transkripsiyon faktörlerinin gelişimsel süreçlerin yanı sıra abiyotik streslere karşı da etkisini göstermektedir (Yang et al., 2018).

Bu literatür, *YABBY* gen ailesinin biberde abiyotik stres koşullarındaki potansiyel rollerini anlamak için bilimsel bir temel oluşturmaktadır. Ancak, biberde *YABBY* gen ailesine dair kapsamlı bir biyoinformatik analiz henüz yapılmamıştır. Bu çalışmada, Türkiye'ye özgü yerli bir çeşit olan Demre biberinde *YABBY* gen ailesinin genom çapında tanımlanması ve abiyotik stres koşullarındaki ifade düzeylerinin belirlenmesi amaçlamaktayız.

Son dönem araştırmaları, farklı bitki taksonları arasında *YABBY* genlerinin yapısal özelliklerine ve filogenetik ilişkilerine odaklanmıştır. Bu çalışmalar, korunan protein bölgelerini belirlemiş ve *YABBY* genlerini belirli alt gruplara ayırarak, bu genlerin stres faktörlerine karşı işlevleri ve evrimsel süreçleri hakkında bilgi vermektedir (Zhang L. et al., 2019; Liu et al., 2022). Yaptığımız literatür araştırmaları kapsamında güncel çalışmalar, *YABBY* aracılı gelişimsel süreçlerle, stres tepkileri arasındaki düzenleyici ağları aydınlatmaya genel olarak 2017 yılından itibaren yönelmiştir (Inal et al., 2017; Zhao et al., 2017). Bu alandaki bulguların iklim değişikliği ve gıda güvencesi gibi küresel sorunlara karşı bitki dayanıklılığının artırılmasında önemli bir potansiyele sahip olduğu düşünülmektedir (Mikołajczak et al., 2023; Zuo et al., 2024).

Tüm bu ilerlemelere rağmen, *YABBY* gen ailesi bilimsel tartışmalara konu olmaktadır. Bu tartışmaların merkezinde, bu genlerin diğer sinyal iletim yolları ile olan karmaşık etkileşimleri ve elde edilen bilgilerin tarımsal uygulamalara aktarılmasındaki zorluklar yer almaktadır (Eshed et al., 1999; Dai et al., 2007; Bonaccorso 2017; Gong et al., 2021). *YABBY* genlerinin bitki ıslahında kullanımı için büyük bir potansiyel bulunsa da bu genlerin hem gelişimsel düzenlemelerde hem de stres toleransındaki rollerinin tam

anlamıyla anlaşılması, bu potansiyelin pratik ıslah stratejilerine entegre edilebilmesi için gereklidir (Zhang et al., 2024b; Hussain et al., 2024).

1.3.2. YABBY Gen Ailesine Yönelik Yapılan Çalışmalar

CRABS CLAW (CRC) geninin dişi organ gelişimi ve nektaryum oluşumunda rol aldığı, çinko parmak ve YABBY domaini içeren bir transkripsiyon faktörünü kodladığı bildirilmiştir. *CRC* geninin kromozom yürütme yöntemiyle klonlandığı ve çinko parmak ile sarmal-döngü-sarmal bölgeleri içeren bir transkripsiyon faktörünü kodladığı belirlenmiştir. Benzer yapıya sahip en az beş gen daha tanımlanmış ve bu genler YABBY gen ailesi olarak adlandırılmıştır (Bowman & Smyth, 1999).

Arabidopsis'te *INNER NO OUTER (INO)* geni, YABBY gen ailesine ait bir transkripsiyon faktörü olarak lateral organlarda abaksiyal-adaksiyal polaritenin belirlenmesinde görev alır; özellikle abaksiyal epidermal hücrelerde ifade edilerek yanal organların abaksiyal kimliğini düzenler (Villanueva et al., 1999).

FILAMENTOUS FLOWER (FIL) geni, çiçek meristemi gelişiminde organ farklılaşmasının düzenlenmesinde önemli bir role sahip olup, özellikle abaksiyal hücre polaritesinin ve doku yöneliminin oluşumunu yönlendiren temel bir transkripsiyonel düzenleyici olarak işlev görmektedir (Sawa et al., 1999a).

Sawa et al. (1999b), FIL proteininin Cys2-Cys2 tipi çinko parmak ve transkripsiyon düzenleyici işleve sahip HMG-benzeri domainler içerdiğini bildirmiştir. Sonuçlar, YABBY gen ailesinin transkripsiyonel düzenleyici rolü ve abaksiyal hücre farklılaşmasındaki işlevini desteklemektedir.

Arabidopsis'te *FIL*, *YABBY2* ve *YABBY3* genleri, lateral organlarda abaksiyal hücre farklılaşmasının düzenlenmesinde görevli olan önemli transkripsiyon faktörleri olarak tanımlanmıştır (Siegfried et al., 1999).

Eshed et al. (1999), Arabidopsis'te karpel gelişiminde polaritenin belirlenmesinde *CRC* geninin, *GYMNOS (GYM)* ve *KANADI (KAN)* genleriyle birlikte işlev gördüğünü bildirmiştir. Çalışmada, bu genlerin tekli mutasyonlarında polarite kaybı oluşmazken, ikili veya üçlü mutasyon kombinasyonlarında abaksiyal-adaksiyal polaritenin bozulduğu belirlenmiştir. Bulgular, *CRC*'nin uzamsal transkripsiyonel düzenlemede, *GYM*'nin ise zamansal gen kontrolünde görev alarak karpel farklılaşmasının koordinasyonunda tamamlayıcı roller üstlendiğini ortaya koymuştur.

YABBY gen ailesi, bitki yanal organlarında abaksiyal hücre farklılaşmasının düzenlenmesinden sorumlu önemli transkripsiyon faktörleri arasında yer almaktadır. Bu genlerin polar şekilde ifade edilmesi, abaksiyal doku yöneliminin oluşumunda tamamlayıcı roller üstlendiğini göstermektedir (Bowman 2000).

FIL proteini, çinko parmak, hidrofobik, prolin açısından zengin olan HMG kutusu-benzeri domainlere sahiptir. FIL proteinin, DNA'ya bağlanmak için HMG kutusu-benzeri bölgeleri kullandığı elektroforetik hareketlilik kayması testi (EMSA) ile belirlenmiştir. Ek olarak, delesyon analizleri ile çinko salınımı ve yapısal değişimlerin, proteinin DNA'dan ayrılmasını kolaylaştırdığı bildirilmiştir (Kanaya et al., 2002).

Arabidopsis'le yapılan çalışmalar, *YABBY* genlerinin özellikle FIL ve YAB3 üyelerinin yaprak ve çiçek organlarında abaksiyal hücre polaritesi ve *KNOX* genlerinin baskılanması süreçlerinde rol oynadığını göstermektedir (Kumaran et al., 2002).

Arabidopsis'te ovül gelişim sürecinde abaksiyal-adaksiyal polaritenin belirlenmesinde *YABBY* gen ailesinden *INO* geninin, *NOZZLE* (*NZZ*) ve *BELL1* gibi diğer transkripsiyon faktörleriyle birlikte görev aldığı bildirilmiştir. (Balasubramanian & Schneitz, 2002).

Sieber et al. (2004), *Arabidopsis*'te lateral organ gelişiminin, eksenlerin (üst-alt ve yan uçlar) yönlerinin birlikte düzenlenmesiyle gerçekleştiğini belirtmiştir. *NZZ* geni uzamsal ve zamansal düzeyde başta *FIL* ve *INO* genleri olmak üzere *YABBY* genlerinin ifadesini tetikler, abaksiyal doku farklılaşmasında rol almalarını sağlar. Yamada et al., (2004) ise *YABBY2* homologunun *A. thaliana*'daki abaksiyal ifadesine karşın, *Amborella trichopoda*'da karpel ve yaprakların adaksiyal dokularında ifade edildiğini belirterek, *YABBY2* homologlarının kapalı tohumlu bitkilerde evrimsel süreçte farklılaştığını göstermiştir.

Oryza sativa'da *YABBY* gen ailesinin bir üyesi olan *DROPPING LEAF* (*DL*) geni, karpel ve yaprak orta damar gelişimini düzenler. *DL*'nin fonksiyon kaybı, karpellerin stamenlere dönüşmesini ve orta damar oluşumunu bozar. Sonuçlar, *DL*'nin çiçekte organ ve doku farklılaşmasında düzenleyici rolünü göstermektedir (Yamaguchi et al., 2004).

Mısırdaki (*Zea mays*) yaprak gelişimi, adaksiyal ve abaksiyal yüzeylerin doğru şekilde belirlenmesine bağlıdır. Bu süreçte *RLD1* ve *LBL1* genleri adaksiyal farklılaşmayı düzenler, *YABBY* gen ailesi lateral organ büyümesini yönlendirir. Bu genler, birlikte

meristemdeki konumsal bilgiyi koordine ederek yaprakta üst-alt eksen polaritesini ve yaprak çıkışını düzenlemektedir (Juarez et al., 2004).

Lee et al. (2005), *CRC* geni, karpel ve nektar gelişimini MADS-box ve LEAFY proteinleri ile B/C sınıfı floral genlerin koordineli etkisiyle düzenlediğini ve eksik işlev durumunda bazı genlerin fonksiyonel telafi edici rolü üstlenebildiğini bildirmiştir.

Çeltikte (*O. sativa*) *YABBY* gen ailesi, yapı ve dizi benzerliğine göre sınıflandırılmıştır ve sekiz *YABBY* üyesi tespit edilmiştir (*OsYABBY1-7* ve *DL*). *OsYABBY1*'in yaprak ve çiçeklerde abaksiyal dokularda ifade edildiği, hücre farklılaşması ve doku gelişiminde rol aldığı bildirilmiştir (Toriba et al., 2007).

Liu et al. (2007), *OsYABBY4*'ün çeltikte meristem ve floemde ifade edildiğini, ödikotlardaki *YABBY* genlerinden farklı işleve sahip olduğunu bildirmiştir. *Arabidopsis*'e ektopik aktarımı ile abaksiyal lateral organ fenotipi oluşturması, protein dizisinin işlevsel olarak korunduğunu göstermiştir.

Çeltikte *YAB3* ve *WOX3* genleri yaprak gelişiminin başlıca düzenleyicileridir; *WOX3*, *YAB3*'ün ifadesini baskılayarak yaprak gelişimini sağlar. *YAB3*'ün işlevi kaybolduğunda, *KNOX* genleri ektopik olarak aktifleşir ve yaprak morfolojisini etkiler (Dai et al., 2007).

DL geni, *YABBY* gen ailesine ait bir transkripsiyon faktörünü kodlar ve gelişimsel süreçlerdeki çoğu alt akış geninin düzenlenmesini sağlar. Böylece *DL* geninin, çeltik bitkisinde yaprakta orta damar oluşumunu ve çiçekte karpel farklılaşmasını düzenlediği belirlenmiştir (Abiko et al., 2008).

Sun et al. (2013), *Epimedium sagittatum*'ta *CRC*-benzeri bir *YABBY* geninin karpel gelişiminde korunan işlevi olduğunu ve çanak yapraklarda yeni bir işleve sahip olabileceğini göstermiştir. Bu bulgular, *YABBY* genlerinin türler arasında fonksiyonel çeşitliliğe sahip olduğunu göstermektedir.

A. thaliana'da *YABBY* gen ailesine ait *FIL/YAB1* transkripsiyon faktörünün, JA sinyal yolunda *JAZ3* proteini ile moleküler düzeyde etkileşim sergiler. Bu etkileşim, biyoinformatik ve qRT-PCR analizleri ile doğrulanmış ve *JAZ3*'ün yıkımından sonra *FIL*'in *MYB75* genini aktifleştirmesi ile antosiyanın birikimi oluştuğu ve JA'ya bağlı fizyolojik yanıtları düzenlediği belirlenmiştir (Boter et al., 2015).

Çeltikte *YABBY4* (*OsYABBY4*) geninin, bitki büyümesinde ve gelişiminde gen ifadesini düzenleyen GA sinyal yoluyla ilişkilidir. Çalışmada *OsYABBY4*'ün fonksiyonel olarak GA20ox2 ve SLR1 promotörlerine bağlanarak ifade düzeylerini baskıladığı gösterilmiştir (Yang et al., 2016).

Bonaccorso (2017), *A. thaliana*'da *YABBY* gen ailesine ait FIL transkripsiyon faktörünün düzenlediği gen ağlarını biyoinformatik ve gen ifade analizleriyle incelemiştir. Transkriptom analizleri, FIL aktivasyonundan sonra gen ifadesinde değişiklikler olduğunu belirtmiştir. *KANADII* (*KANI*) ile *AUXIN RESPONSE FACTOR4* (oksin yanıt faktörü, *ARF4*) genlerinin doğrudan hedefler arasında olduğunu bildirmiştir. RT-qPCR analizleri, FIL'in bu genler üzerinde pozitif düzenleyici ve baskılayıcı işlevlerini göstermiştir (Bonaccorso, 2017).

Mısırdan tanımlanan *drl1* ve *drl2* genlerinin, *YABBY* gen ailesine ait *CRABS CLAW* ortologları olduğu ve yaprak gelişimi ile bitki morfogenezinin düzenlenmesinde görev aldığı belirlenmiştir. Bu genlerdeki mutasyonların, yaprak uzunluğu, genişliği ve açısı gibi morfolojik özellikleri etkilediği; ayrıca hücre polaritesi ve yaprak destek dokularının gelişimini kontrol ettiği bildirilmiştir (Strable et al., 2017).

Zhao et al. (2017), soya fasulyesinde 17 *YABBY* genini tanımlamış ve bunlardan *GmYABBY3*, *GmYABBY10* ve *GmYABBY16* genlerinin kuraklık, tuzluluk ve ABA streslerine karşı hassas olduklarını bildirmiştir. *GmYABBY10* geninin tuz ve kuraklık stresi toleransında negatif düzenleyici olarak görev yaptığını ortaya koymuştur.

Inal et al. (2017), *Phaseolus vulgaris* genomunda sekiz *PvulYABBY* geni tanımlanmıştır. Bu genlerin 6-8 ekzon içeren yapılar sergilediği ve bazı gen çiftlerinin segmental duplikasyon sonucu oluştuğu saptanmıştır. Genlerin tamamında korunmuş *YABBY* domainleri ve çok sayıda stresle ilişkili cis-etkili element belirlenmiştir. RNA-seq analizleri, *PvulYABBY-1* ve *PvulYABBY-6* dışındaki genlerin tuz stresinde farklı yönlerde düzenlendiğini; qRT-PCR sonuçları, genlerin dokuya ve çeşide özgü ifade düzeyleri sergilediğini göstermiştir. Özellikle *PvulYABBY-7* geni tuza toleranslı çeşidin yaprak dokusunda artan ifade düzeyi göstermiştir.

İlhan (2018), *Eucalyptus grandis* genomunda altı *Egra-YABBY* genini tanımlayarak, bu genlerin yapısal ve filogenetik özelliklerini in siliko olarak incelemiştir. Tanımlanan genlerin 2., 3., 4., 5. ve 10. kromozomlarda konumlandığı, proteinlerin 168-290 amino asit uzunluğunda ve moleküler ağırlıklarının 18.39-32.38 kDa aralığında

olduğunu bildirmiştir. Filogenetik analizler, Egra-YABBY proteinlerinin FIL, INO, CRC, YAB2 ve YAB5 olmak üzere beş alt grupta sınıflandığını, ayrıca *Egra-YABBY-4* ve *Egra-YABBY-5* genleri arasında segmental duplikasyon bulunduğunu belirtmiştir.

Yang et al. (2018), pamuk türlerinde (*Gossypium arboreum*, *G. raimondii*, *G. hirsutum*) YABBY genlerini tanımlamıştır. Gen duplikasyonlarının aile genişlemesini desteklediğini ve qRT-PCR analizlerinin YABBY genlerinin ovül dokularında ifadesinin arttığını bildirmiştir. Kuraklık, tuz ve sıcaklık streslerinde çoğu YABBY geninin aşağı akış yönünde ve bazı genlerin üşüme stresinde yukarı akış yönünde düzenlendiğini göstermiştir.

Li et al. (2019), ananas (*Ananas comosus*) genomunda dokuz YABBY geni tanımlamıştır. C₂C₂ çinko parmak domaini bazı genlerde (AcYABBY3, AcYABBY5, AcYABBY7) eksik bulunmuştur. Cis-element analizi, tüm genlerin MYB ve MYC düzenleyici motiflerini içerdiğini göstermiştir. RNA-seq verileri, genlerin dokuya özgü ifade sergilediğini; RT-qPCR sonuçları ise AcYABBY2, AcYABBY3, AcYABBY6 ve AcYABBY7 genlerinin abiyotik stres hassasiyeti olduğunu göstermiştir. AcYABBY4'ün aşırı ifadesi, *Arabidopsis*'te tuz stresine karşı kök gelişimini baskılamıştır.

Buttar et al. (2020), çalışmasında buğday genomunda yirmi bir TaYABBY geni tanımlanmış ve bu genler yapısal özelliklerine göre altı alt gruba (YAB1/YAB3, YAB2, YAB5, CRC ve INO) ayrılmıştır. TaYABBY genlerinin farklı dokularda ifade edildiğini ve hem abiyotik (kuraklık, ısı, fosfor eksikliği) hem de biyotik streslere karşı farklı ifade profilleri olduğunu göstermiştir. Özellikle TaYABBY4 genlerinin kuraklık ve sıcaklık koşullarında ifadesinin arttığını göstermiştir.

Chen et al. (2020), *Phalaenopsis equestris*'te DL/CRC-benzeri iki gen (*PeDL1* ve *PeDL2*) tanımlamıştır ve bunların gynostemium ve ovül gelişiminde ifade edildiğini bildirmiştir. Chen et al., (2021) bu genlerin soy-öncesi duplikasyonla korunduğunu ve monofiletik bir grup oluşturduğunu, aşırı ifadelerinin üreme organı morfolojisini bozduğunu göstermiştir. Bulgular, paralog genlerin evrimsel farklılaşmasının, orkide üreme organlarının gelişiminde rol oynadığını belirtmiştir.

Xia et al. (2021), *A. thaliana* ve beş Brassica türünde (*B. rapa*, *B. nigra*, *B. oleracea*, *B. juncea*, *B. napus*) toplam yetmiş dokuz YABBY geni tanımlamıştır. Filogenetik analiz, bu genlerin beş alt gruba ayrıldığını, *BnaYAB4-5* alt ailelerinin özgün motiflere sahip olduğunu ve bu gen ailesinin evrimsel süreçte polifiletik bir yapı ortaya

koyduğunu göstermiştir. Cis-etkili element analizi, bu genlerin ışık, abiyotik stres (MBS, ARE) ve fitohormon yanıtı (ABRE) gibi promotör bölgelerinin olduğunu göstermiştir. RT-qPCR sonuçları, çoğu *BnaYAB* geninin dokuya özgü ifade edildiğini doğrulamıştır.

Ma et al. (2021), Mosso bambusunda (*Phyllostachys edulis*) on altı PeYABBY geninin on bir kromozom üzerine dağıldığını bildirmiştir. Cis-etkili element analizleri, genlerin promotörlerinin hormon ve stres yanıtına duyarlı düzenleyici motifler içerdiğini ortaya koymuştur. RT-qPCR sonuçları, bazı PeYABBY genlerinin özellikle GA ve ABA uygulamalarına karşı hassas olduğunu ve bu streslere yanıt olarak bitki gelişimi üzerindeki etkisini göstermiştir. Ek olarak, genç yapraklarda PeYABBY14, PeYABBY16 genlerinin ifade edilmediğini ve sekiz PeYABBY geninin gövdede ifade edildiğini belirtmiştir (Ma et al., 2021).

Jie et al. (2022), Kirpi darısı (*Setaria italica*) genomunda beş kromozom üzerine dağılmış sekiz SiYAB geni tanımlamıştır. Bu genlerin kodladığı proteinler 17,6-32,1 kDa aralığında moleküler ağırlığa ve 6,2-9,15 pI değerine sahip olup, genel olarak hidrofilik özellik göstermektedir. Tüm SiYAB proteinlerinin çekirdekte konumlandığı, bazı üyelerin ise (SiYAB1, SiYAB2 ve SiYAB7) ekstraselüler bölgede de bulunduğu tespit edilmiştir (Jie et al., 2022).

She et al. (2022), tarafından şeker kamışı (*Saccharum spontaneum*) genomunda yedi SsYABBY geni tanımlanmış ve bu genlerin vejetatif ile üreme dokularında farklı ifade düzeyleri belirlenmiştir. Özellikle SsYABBY2 geninin, *Arabidopsis crc* mutantında yaprak ve karpel polaritesini yeniden oluşturması, YABBY gen ailesinin evrimsel süreçte korunmuş olan işlevini ortaya koymuştur (She et al., 2022).

Domateste (*Solanum lycopersicum*) tanımlanan SlCRCa geni, YABBY gen ailesine ait bir transkripsiyon faktörüdür. Bu gen çiçek ve meyve gelişimini olumsuz yönde düzenler. SlCRCa geninin aşırı ifadesi taç yaprak, stamen ve meyve büyüklüğünü azaltırken, baskılanması bu organlarda büyümeyi artırmıştır. Bulgular bu etkinin gibberellin aracılı hücre bölünmesi ve genişlemesinin baskılanmasıyla ilişkili olduğu yönündedir (Yang et al., 2022).

Xia et al. (2022), mango (*Mangifera indica*) genomunda yedi YABBY geninin CRC, YAB5 ve YAB3 olmak üzere üç alt gruba ayrıldığını belirtmiştir. RT-qPCR sonuçları, kuraklık stresinde tüm MiYABBY genlerinin ilk 6 saat yukarı yönde düzenlenirken, tuz stresinde MiYABBY1, MiYABBY4-6 baskılandığını, MiYABBY2 ve

MiYABBY3'ün ise 48. saatte arttığını göstermiştir. Ayrıca *MiYABBY6*'nın yaprak ve meyve gelişimi süresince yukarı akış yönünde, *MiYABBY5*'in ise tam tersi yönde bir ifade profili gösterdiği belirtilmiştir (Xia et al., 2022).

Hao et al. (2022), buğdayda (*Triticum aestivum*) on beş kromozoma dağılmış yirmi adet *TaYABBY* geni tanımlamıştır. Filogenetik analizler, bu genlerin FIL, INO, CRC ve YAB2 alt gruplarına ayrıldığını belirtmiştir. qRT-PCR analizleri, çoğu *TaYABBY* geninin özellikle sürgün dokularında aşırı ifade edildiğini ve bazı genlerin özellikle tuz stresi olmak üzere abiyotik stres adaptasyonunda ifade edildiği belirlenmiştir.

Chen et al. (2022), yalancı parlak brom (*Brachypodium distachyon*) genomunda dört kromozom üzerinde dağılmış sekiz *YABBY* genini tanımlamıştır. Bu genlerin FIL/YAB3, YAB2, CRC ve INO alt gruplarına ayrıldığını göstermiştir. *BdYABBY* genlerinin promotörlerinde tanımlanan cis-etkili elementlerden CAAT-box, TATA-box, MYB, MYC, ARE ve Box-4' ün sekiz gende mevcut olduğu bildirilmiştir. Ayrıca, *BdDL* genine ait üç transkriptin üşüme stresi ve üreme gelişimi süreçlerinde Arabidopsis'e göre farklı işlevlerinin olduğu belirlenmiştir (Chen et al., 2022).

Kong et al. (2023), *Platycodon grandiflorus* genomunda altı *YABBY* geni tanımlanmış ve bu genlerin filogenetik olarak beş alt gruba ayrıldığı belirtmiştir. Biyoinformatik analizler, *YABBY* proteinlerine ait çinko parmak ve *YABBY* domainlerinin yüksek düzeyde korunduğunu, ayrıca promotör bölgelerinde ışık, absisik asit ve stres yanıtına ilişkin cis-elementlerin bulunduğunu göstermiştir. RT-qPCR sonuçları, *YABBY* genlerinin dokuya özgü ifade profilleri olduğunu göstermiştir. Ayrıca tuz stresi altında genlerin çoğu baskılanırken, *PgYABBY5*'in yapraklarda yukarı yönde düzenlendiği tespit edilmiştir. Kuraklık stresinde ise *PgYABBY3*'ün köklerde indüklendiği, *PgYABBY5* ve *PgYABBY6* genlerinin ise zamanla artan ifade gösterdiği bildirilmiştir (Kong et al., 2023).

Mazhar et al. (2023), patatete (*Solanum tuberosum* L.) *YABBY* gen ailesine ait yedi *StYAB* geni tanımlamış ve bu genlerin farklı kromozomlara dağıldığı bildirilmiştir. Genlerin çoğunda C2C2 çinko parmak ve *YABBY* domaini bulunurken, *StYAB2* geninde C2C2 domaininin eksik olduğu belirlenmiştir. Cis-element analizleri, bu genlerin ışık, hormon ve stres yanıtlarının düzenlenmesinde sorumlu promotörlere sahip olduğunu göstermiştir. RNA-seq analizleri, *StYAB* genlerinin bitkinin vejetatif gelişiminde aktif olduğunu ve *StYAB3*, *StYAB5*, *StYAB6* ve *StYAB7*'nin özellikle kuraklık, ağır metal ve

patojen streslerine yanıtta hassas olduğunu göstermiştir. *YABBY* gen ailesinin evrimsel genişlemesinde, özellikle segmental gen duplikasyonlarının etkili olduğu belirtilmiştir.

Zhang et al. (2023b), çalışmasında çeltik genomunda sekiz *OsYABBY* geni tanımlanmıştır. RT-qPCR ve mikrodizi verileri, *OsYABBY* genlerinin dokuya özgü ifade düzeyine sahip olduğunu göstermiştir. Biyoinformatik ve protein-protein etkileşim analizleri, *OsYABBY* proteinlerinin *OsWOX3A* ve *OsWUS* ile etkileştiğini bildirmiştir.

Zhao et al. (2023), lotus (*Nelumbo nucifera*) genomunda dokuz *NnYABBY* geni tanımlanmış ve bu genler beş filogenetik alt gruba ayrılmıştır. Biyoinformatik analizler, genlerin bitki hormonu sinyalleşmesinde ve abiyotik stres tepkilerinde işlevsel olduğunu göstermiştir. RT-qPCR sonuçlarına göre özellikle *NnYABBY4*, *NnYABBY5* ve *NnYABBY6* genlerinin ABA ve tuz stresine karşı hassas olduğu bildirilmiştir.

Zuo et al. (2024), çeltikte *YABBY* gen ailesine ait *OsYABBY6* genini biyoinformatik ve RT-qPCR analizleriyle incelemiştir. Genin çekirdekte lokalize olduğu, transkripsiyonel düzenlemede rol aldığı ve özellikle kavuzlar (lemma, palea), yaprak kını ve sap dokularında aşırı ifade edildiği belirtilmiştir. Üşüme stresinde aşırı ifade hatlarında dayanıklılığın arttığı, kuraklıkta ise baskılandığında toleransın yükseldiği saptanmıştır. Bu zıt etkilerin üşüme stresinde DREB/CBF yolakları, kuraklıkta ise ABA-bağımlı yolaklar üzerinden gerçekleştiği gösterilmiştir (Zuo et al., 2024).

Nisa et al. (2024), karpuz (*Citrullus lanatus*) genomunda sekiz *YABBY* geni tanımlamış ve bu genlerin beş filogenetik alt gruba ayrıldığını belirtmiştir. Motif ve gen yapısı analizleri, *YABBY* proteinlerinin evrimsel olarak korunmuş *YABBY* domaini içerdiğini, ancak belirli motif farklılıklarının işlevsel çeşitliliğe neden olduğunu bildirmiştir. Promotör bölgelerinde ışık, kuraklık, yaralanma, ABA, SA ve etilen yanıtı cis-etkili elementlerin olması, bu genlerin abiyotik streslerde bitki savunmasındaki işlevini göstermektedir. Gen ifadesi analizleri, özellikle kök ve fide dokularında ifade artışı olduğunu ve bu genlerin gelişimsel düzenlemede ve stres toleransında rol aldığını göstermiştir. Ka/Ks oranlarının 1'in altında olması, bu genlerin güçlü arındırıcı seçim baskısı altında korunduğunu doğrulamıştır. (Nisa et al., 2024).

Hussain et al. (2024), havuç (*Daucus carota*) genomunda, dokuz kromozom üzerinde on bir *DcYABBY* geni tanımlamış ve genlerin beş filogenetik alt gruba ayrıldığını bildirmiştir. Motif analizleri, bu genlerin yüksek düzeyde korunduğunu, ancak türler arasında evrimsel çeşitlilik gösterdiğini ortaya koymuştur. Segmental duplikasyonun

YABBY gen ailesinin genişlemesinde baskın mekanizma olduğu, Ka/Ks oranlarının (<1) ise arındırıcı seçilimin bu genlerin evrimsel korunmasında etkili olduğunu bildirmiştir.

Wang et al. (2024), Dallı darı (*Panicum virgatum* L.) genomunda dört alt gruba ayrılan on altı *PvYABBY* geni tanımlamış, bu genlerin benzer motif ve gen yapıları gösterdikleri belirtmiştir. Promotör bölgelerinde stres ve hormon (ABA ve GA) yanıtı cis-elementler saptamıştır. RT-qPCR analizleri, özellikle *PvYABBY14* geninin tuz, kuraklık, ABA ve GA streslerine karşı hassas olduğunu ve *Arabidopsis*'te aşırı ifadesinin ABA'ya düşük, GA'ya yüksek tolerans etkisini ortaya koymuştur (Wang et al., 2024).

Zhang et al. (2024b), *YABBY* transkripsiyon faktörlerinin çay (*Camellia sinensis*) ve yağ çayı (*C. oleifera*) türlerinde genom çapında, *C. sinensis*'te on, *C. oleifera*'da üç *YABBY* geni tanımlanmış, bu genlerin beş alt gruba ayrıldığı bildirilmiştir. Aynı gruptaki genlerin yapı ve motif düzeyinde yüksek benzerlik saptanmıştır. Evrimsel analiz, *FIL/YAB3* genlerinin en korunumlu genler olduğunu, *YABBY* ailesinin polifiletik bir evrimsel kökeni olduğunu belirtmiştir. Promotör analizlerinde Box4, ARE ve MYB cis-etkili elementlerin yaygın olduğu belirtilmiştir. Transkriptom ve RT-qPCR sonuçları, *CRC* ve *INO* genlerinin çiçek organlarında ifade edildiğini; *CsYABBY10*'un kuraklıkta, *CsYABBY5* ve *CoYABBY3*'ün ise tuz stresinde ifadelerinin arttığını göstermiştir.

Liu et al. (2025), salatalık (*Cucumis sativus*) genomunda *YABBY* genlerinin beş alt gruba ayrıldığını ve evrimsel olarak korunduğunu bildirmiştir. Çoğu *YABBY* proteininin çekirdekte konumlandığını ve dokuya özgü ifade düzeyleriyle yaprak, çiçek ve meyve gelişiminde rol aldığı belirtilmiştir. RT-qPCR analizleri, *CsYABBY* genlerinin kuraklık, tuzluluk ve üşüme streslerinde farklı seviyelerde ifade edildiğini göstermiştir.

Anjum et al. (2025), pancar (*Beta vulgaris*) genomunda altı *BvYABBY* geni tanımlamıştır. Bu genlerin beş alt gruba ayrıldığını bildirmiş ve *BvYABBY* genlerinin beş ila sekiz intron içerdiğini göstermiştir. Promotör analizleri, genlerin ışık duyarlılığı, hormon yanıtı ve abiyotik streslerle ilişkili cis-etkili elementler içerdiğini göstermiştir. Segmental ve tandem gen duplikasyonlarının *YABBY* ailesinin genişlemesinde etkili olduğu, Ka/Ks oranlarının, arındırıcı seçilime işaret ettiği belirtilmiştir.

Zhang et al. (2025), *Solanaceae* familyasında üreme organlarına özgü çalışmasında *YABBY* transkripsiyon faktörlerinin, *Solanaceae* türlerinde çiçek ve meyve gelişimini düzenlediğini ve yüksek korunumlu olduğunu bildirmiştir. Yirmi iki farklı *Solanaceae* türü üzerinde karşılaştırmalı transkriptom analizleri, özellikle domates ve

biber arasında çiçek ve meyveye özgü genler, benzer ifade profilleri göstermiştir. Bu genlerin filogenetik olarak korunmuş *YABBY* alt gruplarında (CRCa, CRCb, INO, *YABBY2a* ve *YABBY2b*) yoğunlaştığı ve benzer işlevlere sahip oldukları belirlenmiştir. Ayrıca, *YABBY* genlerinin çiçek morfogenezi ve meyve gelişiminde *MADS-box*, *MYB*, *bHLH* ve *KNOX* genleriyle etkileşimli ifade profili belirtilmiştir.

Fang et al. (2025), *C. annuum* genomunda dokuz *YABBY* geni tanımlamış ve bu genlerin beş filogenetik alt gruba ayrıldığını belirtmiştir. FIL/YAB3 alt grubunun üç gen, INO ve YAB5 alt grupları yalnızca birer gen içerdiği bildirmiştir. Çoklu hizalama analizleri, tüm üyelerde C₂C₂ çinko parmak ve *YABBY* domainlerinin mevcut olduğunu ve yüksek düzeyde korunmuş olduğunu göstermiştir. Promotör bölgelerinde stres ve hormon yanıtı ile ilişkili cis elementlerin bulunması, *CaYABBY* genlerinin gelişimsel süreçlerin yanı sıra çevresel streslere de yanıt verebileceğini göstermektedir. Çalışmada özellikle *CaYABBY5* geninin petal ve ovaryumda yüksek düzeyde ifade edildiği, çiçek organ kimliğini ve meyve şekillenmesini düzenlediği, ayrıca *CaSEP3* adlı *MADS-box* transkripsiyon faktörü ile etkileşerek çiçek morfolojisinde görev aldığı belirlenmiştir.

Bu çalışmanın amacı Ankara yöresinde Demre veya Ankara sivrisi olarak isimlendirilen *C. annuum* L. cv. “Demre” yerli biber çeşidi kullanılarak *YABBY* gen ailesinin üyelerinin biyoinformatik araçlarla tespiti ve karakterize edilmesidir. Ayrıca kuraklık, tuzluluk, üşüme ve sıcaklık streslerinin bu biber bitkisinde meydana getireceği değişiklikler moleküler, biyokimyasal, fizyolojik ve morfolojik olarak tespit edilecektir. Bu çalışmadan elde edilecek sonuçlar biber bitkisinde ilk defa *YABBY* gen ailesinin genom çaplı analizinin yapılmasının yanı sıra farklı abiyotik stres koşullarındaki rolü hakkında da bilgiler sunacaktır.

2. MATERYAL ve YÖNTEM

2.1. YABBY Gen Ailesinin Tanımlanması ve İlişkili Dizilerin Elde Edilmesi

Arabidopsis *YABBY* gen ailesinin protein sekans bilgileri TAIR'den (<https://www.arabidopsis.org/>) indirilmiştir (Lamesch et al., 2012). Biber genomuna ait *YABBY* gen ailesinin genom, transkript, CDS ve protein dizileri, NCBI Gene veri tabanından (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/gene>) UCD-10X-F1 sürümü (Assembly: UCD10Xv1.1 (GCF_002878395.1)) temin edilmiştir (Brown et al., 2015).

Biber genomundaki *YABBY* proteinleri, NCBI BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) aracı kullanılarak ve ayrıca gizli Markov modeli (HMM) taraması için HMMER (v3.3) yazılımı Python aracılığıyla kullanılarak tanımlanmıştır (Eddy, 2011; Bhat, 2022). İlişkili olmayan diziler Expasy Decrease Redundancy aracı (http://web.expasy.org/decrease_redundancy/) ile filtrelenmiştir. İlgili dizilerde *YABBY* domaininin varlığı HMMER veri tabanı (<http://www.ebi.ac.uk>) kullanılarak doğrulanmıştır. Tanımlanan *YABBY* proteinlerinin teorik izoelektrik noktası (pI) ve moleküler ağırlıkları Expasy ProtParam aracı (<http://web.expasy.org/protparam>) ile belirlenmiştir.

2.2. CaYABBY Genlerinin Kromozomal Dağılımı

CaYABBY genlerinin pozisyon bilgisi ve kromozomal lokasyonlarını belirlemek için NCBI-Genome veri tabanı kullanılmıştır (NCBI Resource Coordinators, 2018). Tanımlanan 9 adet *C. annuum* *YABBY* geninin, biber genomunda bulunduğu kromozomlar üzerinde yerleşimleri belirlenmiştir. Bu genlerin kromozomal dağılımı ve konumları, MG2C (<http://mg2c.iask.in/mg2c%5Fv2.1/>). Çevrimiçi aracı kullanılarak görselleştirilmiştir. MG2C'de genler için gerekli olan giriş bilgileri, NCBI'den elde edilerek araca yüklenmiştir (Chao et al., 2021).

2.3. Biberde YABBY Genlerinin Yapısı, Kromozomal Yerleşimi ve Motif Analizi

CaYABBY proteinlerine ait ekzon-intron bölgeleri Gene Structure Display Server v2.0 uygulaması ile analiz edilmiştir (Hu et al., 2015). Hem genom dizileri hem de kodlanan DNA (CDS) dizileri CaYABBY genlerinin pozisyon bilgisini tahmin etmede

kullanılmıştır. *YABBY* gen ailesinin *C. annuum* kromozomu üzerindeki konumu ve büyüklüğü tespit edilmiştir.

CaYABBY proteinlerinin ilave korunmuş motifleri “Multiple EM for Motif Elicitation (MEME)” aracı ile belirlenmiştir (Bailey et al., 2006). Belirlenen motifler InterPro veri tabanının varsayılan ayarları kullanılarak taranmıştır (Blum et al., 2025). Ayrıca korunmuş bölge dizi analizleri için YABBY domainlerinin dizi logo analizleri WEBLOGO online web aracı kullanılarak çizilmiştir (Crooks et al., 2004.).

2.4. CaYABBY Genlerinin Filogenetik Analizi ve Dizi Hizalama

CaYABBY proteinlerine ek olarak *A. thaliana*, *S. lycopersicum* ve *O. sativa* *YABBY* gen ailelerine ait protein dizileri Phytozome (<http://www.phytozome.net>) veri tabanından indirilmiştir (Goodstein et al., 2012). Sonra ClustalW aracı kullanılarak dizi hizalama yapılmıştır. Son olarak MEGA 11 uygulamasında Poisson Modelini takiben 1000 tekrarlı bootstrap değeri ile Neighbor-joining (NJ) yöntemi ile filogenetik ağaç oluşturulacaktır (Tamura et al., 2021; Kurt et al., 2024). Elde edilecek olan ağaç, İnteraktif Yaşam Ağacı (iTOL) web arayüzü (<https://itol.embl.de/>) ile şekillendirilmiştir (Letunic & Bork 2011).

2.5. Biber YABBY Gen Ailesinin Hücre İçi Lokalizasyonu ve Promotor Analizleri

CaYABBY genlerinin promotör bölgeleri, her gen için transkripsiyon başlangıç bölgesine göre 2000 bp upstream bölge olarak tanımlanmıştır. Bu diziler PlantCare veri tabanında (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>) taranarak cis-etkili elementlerin varlığı ve tekrar sayıları belirlenmiştir; her bir tespit edilen motif, promotör dizisi içinde tekrar eden eşleşmelerin sayısı olarak kaydedilmiştir. Hücre içi lokalizasyonlar WoLF PSORT aracı (<https://wolfpsort.hgc.jp/>) kullanılarak tahmin edilmiştir (Rombauts et al., 1999; Horton et al., 2007).

2.6. Biberde YABBY Proteinlerinin Homoloji Modellemesi

Önceden belirlenen YABBY protein dizileri ile proteinlerin homoloji modellemesini ve Phyre² (<https://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index>) web veri tabanı kullanılarak 3 boyutlu yapıları elde edilmiştir (Powell et al., 2025).

2.7. Kullanılan Bitki Materyali

Bu tez çalışmasında Ankara ilinde ekilen Demre yerli biber çeşidi kullanılmıştır.

2.8. Bitki Ekimi ve Büyümesi ve Stres Uygulamaları

Eşit boyutlarda olduğu tespit edilen biber tohumları seçilerek musluk suyu ile 5 dk boyunca yıkanmıştır. Daha sonra 1 dk boyunca %70'lik etil alkol (EtOH) içerisinde karıştırıldıktan sonra 3 defa saf sudan geçirilerek yıkanmıştır. Ardından %1'lik sodyum hipoklorit solüsyonunda 10 dk boyunca bekletilen tohumlar saf su ile iyice yıkanmıştır ve steril filtre kağıdı ile kurutulmuştur. Sterilizasyondan sonra tohumlar toprak ve torf bulunan viyollere ekilerek $25\pm 1^{\circ}\text{C}$ 'de ve 16/8 saat fotoperiyotta çimlendirilmiştir. Gelişim sürecinde 10 yapraklı döneme geçen fideler farklı stres etmenlerine (kuraklık, tuz, üşüme ve sıcaklık) maruz bırakılmıştır. Her uygulama 4 tekrarlı olacak şekilde ayarlanmıştır. Tez çalışmasında tuz stresi oluşturmak için 150 mM NaCl (sodyum klorür) 7 gün boyunca uygulanmıştır. Yine kuraklık stresi için %15 polietilen glikol (PEG6000) 7 gün boyunca uygulanmıştır. Tez çalışmasında üşüme stresi meydana getirmek için ise 10 yapraklı döneme gelen biber fideleri 24 saat boyunca 4°C 'de üşüme stresine maruz bırakılmıştır (Zhang et al., 2022). Yine 10 yapraklı döneme gelen biber fidelerine sıcaklık 40°C 'de 2 saat süreyle uygulanmıştır (Arnaoudova et al., 2020). Sıcaklık ve üşüme stresleri için toprak ve perlit ortamına sahip bir kontrol grubu, tuz ve kuraklık stresleri için hidroponik ortama sahip bir kontrol grubu normal koşullarda hazırlanmıştır. Stres uygulamaları sonucunda bitki örneklerinden fizyolojik parametreler alındı kalan kısmı toplanıp sıvı nitrojen içinde dondurularak biyokimyasal ve moleküler analizlerde kullanılmaya kadar -80°C 'de muhafaza edilmiştir. Tez çalışmasında incelenecek olan fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler parametreler aşağıda açıklanmıştır.

2.9. Biyokimyasal Parametrelerin Ölçümü

Tez çalışmasında malondialdehid (MDA), hidrojen peroksit (H_2O_2), prolin, SOD, POD ve CAT enzim analizleri yapılmıştır.

2.9.1 Malondialdehid (MDA) Ölçümü

Taze yaprak dokusu havanda sıvı azot yardımı ile toz haline getirilmiştir ve 0,2 g örnek mikrosantrifüj tüplerine aktarılmıştır. Hemen sonrasında 2 ml %0,1'lik TCA solüsyonu ile homojenize edilmiştir. Elde edilen homojenatlar, 2 ml'lik mikrosantrifüj

tüplerine aktarılarak 4°C’de 14.000 rpm’de 15 dk süreyle santrifüj edilmiştir. Örneklerin bulunduğu tüplerden süpernatanttan (üst faz) 1 ml alınarak 2 ml’lik mikrosantrifüj tüplerine aktarılmıştır. Süpernatant içeren tüplere 1 ml %20 TCA ve %0,5 TBA içeren solüsyondan eklenip, sonra örnekler 95°C’de 45 dk boyunca su banyosunda bekletilmiştir. Ardından 2 dk boyunca 25±1°C’de, 10 dk’da buz içerisinde bekletilmiştir. Hazırlanan örnekler mikrolaka kuyularına mikropipet ile aktarıldı ve absorbans değerleri 450, 532 ve 600 nm dalga boylarında olmak üzere ölçülmüştür. Ölçüm esnasında blank olarak kullanılan %20 TCA ve %0,5 TBA solüsyonu kullanılmıştır (Shams 2019).

2.9.2. Hidrojen Peroksit (H₂O₂) Ölçümü

Taze yaprak dokusu havanda sıvı azot yardımı ile toz haline getirilmiştir ve 0,2 g örnek mikrosantrifüj tüplerine aktarılmıştır. Hemen sonrasında 2 ml %0,5’lik TCA solüsyonu ile homojenize edilmiştir. Elde edilen homojenatlar, 2 ml’lik mikrosantrifüj tüplerine aktarılarak 4°C 14.000 rpm’de 15 dk santrifüj edilmiştir. Örneklerin bulunduğu tüplerden üst faz mikropipet ile alınıp, 2 ml’lik mikrosantrifüj tüplerine aktarılmış ve yaklaşık olarak 30 dk +4°C’de bekletilmiştir. Sonra mikrolaka kuyularının içerisinde 50 µl üst faz ve 150 µl H₂O₂ solüsyonu eklenmiştir. Blank olarak H₂O₂ solüsyonu 290, 580, 870 µM konsantrasyonlarında 3 tekrür olacak şekilde 200 µl yüklenir ve 390 nm dalga boyunda absorbans ölçümleri gerçekleştirilmiştir. Farklı yoğunluğa sahip H₂O₂ solüsyonlarının ölçüm değerlerine göre bir standart eğri oluşturularak örneklerin H₂O₂ içeriği hesaplanmıştır (Shams 2019).

2.9.3. Prolin Ölçümü

1 ml’de 200 µg prolin içeren stok çözeltiden tüplere 0.2, 0.4, 0.6, 0.8, 1.0, 1.2, 1.4, 1.6, 1.8 ve 2.0 ml aktarılır, her tüpün üzeri 2 ml’ye tamamlanmıştır. Ardından tüplere 2 ml glasiyal asetik asit ve 2 ml asit ninhidrin çözeltisi eklenmiştir. Tüpler 100°C’de 60 dk boyunca su banyosunda bekletildikten sonra buz içerisinde 10 dk boyunca bırakılmıştır. Her bir tüpe 4 ml toluen eklenip vorteks ile 30 sn boyunca çalkalanır, üstte kalan renkli faz mikropipet ile yeni tüpe alınmıştır. Daha sonra oda sıcaklığında 520 nm dalga boyunda absorbansları ölçülmüştür. Yatay ekseninde prolin değerleri (µg), dikey ekseninde A₅₂₀ (nm) değerleri olmak üzere standart eğrisi grafiği elde edilmiştir.

Fidelerin dokularındaki prolin miktarı için soğutulmuş havanda 10 ml %3'lük sülfosalisilik asit içerisinde öğütülen doku örneklerinden 0,1 g tartılmıştır. Oluşan homojenat Whatman filtre kağıdında süzülmüştür. Süzülen örnekten 2 ml alınarak 520 nm'de absorbansları ölçülüp, bir önceki aşamadaki gibi bir standart eğri grafiği elde edilmiştir. Elde edilen veriler aşağıdaki formüle göre prolin miktarı; g dokuda μmol prolin türünden belirlenmiştir (Bates et al., 1973; Shams 2019).

$$\frac{\mu\text{mol proline}}{g(\text{taze ağırlık})} = \left(\frac{A_{520\text{nm}} \times 1\text{mL toluene}}{\frac{115.5 \mu\text{g}}{\mu\text{mol}}} \right) \quad (1)$$

2.9.4. SOD Enzim Aktivitesinin Belirlenmesi

Mikrolaka kuyularına sırasıyla her bir örnekten 20 μl örnek, 170 μl SOD reaksiyon solüsyonu ve 10 μl riboflavin solüsyonu yüklenmiştir. Mikroplaka 10 dk boyunca 40 W flüoresan ışık (beyaz ışık) altında bekletilmiştir. Sonra 560 nm dalga boyunda absorbans değerleri ölçülmüştür. 560 nm dalga boyunda gözlemlenen nitro mavi tetrazolyum (NMT) reaksiyonun indirgenmesinin %50 inhibisyonuna neden olan enzim miktarı, 1 enzim ünitesi (U/g) olarak değerlendirilmiştir (Shams, 2019).

2.9.5. POD Enzim Aktivitesinin Belirlenmesi

Enzim ölçümü için hazırlanan 0,1 M Na_2HPO_4 çözeltisine 21 μl H_2O_2 %35'lik ve 30 μl gayakol eklenmiştir. POD aktivitesi 470 nm absorbans değerinde 1 dk boyunca 15 sn aralıklarla ölçülmüştür. Reaksiyon ölçümünde 5 μl örnek ve 145 μl POD reaksiyon çözeltisi 3 tekrerrür halinde yüklenecek ve ölçüm yapılmıştır. 1 enzim ünitesi 1 dk boyunca absorbansı 0,01 artıran miktar olarak değerlendirilmiştir ve sonuçlar U/g olarak hesaplanmıştır (Shams, 2019).

2.9.6. CAT Enzim Aktivitesinin Belirlenmesi

Katalaz (CAT) aktivitesi, H_2O_2 'nin 240 nm'deki absorbansındaki azalmanın izlenmesine dayanan spektrofotometrik mikrolaka yöntemiyle belirlenmiştir. Reaksiyon karışımı olarak 180 μl 50 mM fosfat tamponu (pH 7.0) içerisine 10 μl 100 mM H_2O_2 ilave edilip homojenize edilmiştir 10 μl örnek eklendikten sonra absorbans 240 nm'de 25°C'de 1 dk boyunca her 15 s'de bir ölçülmüştür. Her örnek üç tekrerrür halinde çalışılmıştır ve blank olarak reaksiyon karışımına enzim yerine tampon eklenmiştir. Bir enzim ünitesi (U/g) deney koşullarında 1 dk süresince absorbansı 0.01 birim artıran/azaltan enzim

miktarı olarak tanımlanmıştır; sonuçlar örnek taze ağırlığına normalize edilerek bildirilmiştir (Chance & Maehly, 1955; Jin et al., 2014)

2.10. Fizyolojik Parametrelerin Ölçümü

Tez çalışmasında fizyolojik parametreler olarak hücre membran hasarı (HMH, %) ve klorofil miktarı (SPAD) değerleri elde edilmiştir.

2.10.1. Hücre Membran Hasarı (HMH, %)

Yaprak örneklerinin orta kısmından çapı 2 cm olan disk şeklinde kesim yapıp saf su ile yıkanmıştır. Yıkanan örnekler 15 ml saf su eklenen steril kapaklı tüplere alınır ve 25°C'de 24 saat bekletilmiştir. Bu süre sonunda EC metre ile EC₁ değeri ölçülüp, örnekler 120°C'de 20 dk otoklavlanmıştır. Sıcaklık değeri 25°C olduğunda EC₂ değeri ölçülmüştür. EC₁ ve EC₂ değerleri ile hücre membran hasarı formülü aşağıdaki gibi hesaplanmıştır (Shams 2019).

$$HMH = \left(\frac{EC_1}{EC_2} \right) \times 100 \quad (2)$$

2.10.2. Klorofil Miktarı (SPAD)

Her bir uygulama grubu için rastgele seçilen (koyu yeşil olan) üstteki yaprakların orta damarına gelmeyecek şekilde tam orta kısımlarından ölçüm yapılmıştır. Sonra klorofil metre (Soil Plant Analysis Development) yapılan 3 tekerrürlü ölçümlerin ortalaması alınarak hesaplanmıştır (Rodriguez et al., 2004).

2.10.3 Morfolojik Parametrelerin Ölçümü

Kök uzunluğu, sürgün uzunluğu, bitki boyu, kök yaş ve kuru ağırlığı, sürgün yaş ve kuru ağırlığı ölçüldü ve kök sürgün oranı hesaplanmıştır.

2.11. Moleküler Parametrelerin Belirlenmesi

Bu çalışmada, *YABBY* gen ailesinin mRNA ifade düzeylerinin incelenmesi için her bir deney grubuna ait kök ve sürgün dokuları ayrı olarak izole edilmiş ve analizlerde bu doku ayrımı temel alınmıştır. Biber bitkilerinden izole edilen RNA'lar ile cDNA analizi PCR cihazı kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Elde edilen cDNA örnekleri ile RT-

qPCR analizi gerçekleştirilerek elde edilen veriler ile uygun primer tasarımı yapılacak ve mRNA ifade analizleri ile ilgili gen ailesine ait üyelerin ifade seviyeleri belirlenmiştir.

2.11.1. RNA İzolasyonu

Bitki örnekleri sıvı azot ile önceden soğutulmuş havanda öğütülmüş ve yaklaşık 50-100 mg toz haline getirilmiş materyal her biri ayrı etiketlenmiş mikrosantrifüj tüplerine aktarılmıştır. Her tüpe 0,5 mL Trizol reaktifi eklenmiş ve homojenizasyon sağlandıktan sonra örnekler oda sıcaklığında 5 dakika inkübe edilmiştir. Ardından 0,2-0,5 mL kloroform ilave edilip, 15 saniye kuvvetlice çalkalanmış, 10 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir. Örnekler 12.000 g'de 4°C'de 15 dakika santrifüj edilerek faz ayrımı sağlanmıştır. Üst faz dikkatlice yeni etiketli tüplere aktarılmış ve RNA çöktürmek için eşit hacimde izopropanol eklenmiştir.

Karışımlar oda sıcaklığında 10 dakika bekletilmiş ve aynı koşullarda 10 dakika santrifüj edilmiştir.

Oluşan RNA peletleri %75'lik etanol ile yıkanmış, 7.500 g'de 4°C'de 5 dakika santrifüj edilmiştir. Etanol uzaklaştırıldıktan sonra peletler kısa süre oda sıcaklığında kurutulmuş ve 100 µL DEPC ile muamele edilmiş su eklenerek çözündürülmüştür. Çözdürme işlemi 55-60°C su banyosunda 5-10 dakika gerçekleştirilmiştir. Elde edilen total RNA örneklerinin miktar ve saflıkları NanoDrop spektrofotometresinde $A_{260/280}$ değerleri kullanılarak belirlenmiştir.

2.11.2. Agaroz Jel Elektroforezi

%1,2'lik agaroz jel mikrodalga fırında homojen bir çözünme olana dek ısıtılacak ve üzerine buharlaşmasının azaldıktan sonra 3 µl EtBr (10 mg/ml etidyum bromid) eklenmiştir. 3 µl yükleme boyası (2X RNA loading dye), 3 µl RNA örneği 80-100 volt aralığında bir değerde 40 dk boyunca yürütülmüştür. UV Transilimünatör cihazına yüklenen jelde görüntüleme yapılarak bant görüntüleri değerlendirilmiştir.

2.11.3. cDNA Sentezi

Ön aşama olarak ölçümleri yapılan total RNA değerleri steril saf su ile eşitlenmiştir. Aşamalarda Thermo Scientific RevertAid Birinci Zincir cDNA Sentez Kiti bileşen protokolüne göre aşağıdaki işlemler yapılmıştır. cDNA sentez karışımı buz üzerinde aşağıda belirtildiği gibi hazırlanmıştır.

Tablo 2.1. cDNA bileşen ve konsantrasyonları

Bileşen Adı	Miktarı
Toplam mRNA (1 µg'a kadar)	1 µL
5x Reaksiyon Buffer	2 µL
Ribolock RNase inhibitör	0,5 µL
Revertaid M-MULYRT	0,5 µL
dNTP	1 µL
DNase/RNase free su	5 µL
Toplam	10 µL

Kullanılmadan önce solüsyonlar vortekslenip santrifüj edilmiştir. Pipet yardımı ile hassas bir şekilde karıştırılmıştır. Hazırlanan karışım, PCR cihazında, 25°C'de 10 dk primer bağlanma süresi, 42°C'de 60 dk inkübe edilmesi. 70°C'de 5 dk bekleme süresi ile çalışılmıştır. Daha sonra karışım, -20°C'de bir sonraki aşamada kullanılmak üzere saklanmıştır.

2.11.4. Kantitatif Real Time PCR Analizleri

CaYABBY gen ailesinin üyelerine ait spesifik primerler tasarlanarak kantitatif real time PCR (RT-qPCR) deneyleri ile ölçümler Nucleogene SYBR Green Master Mix (2X) bileşenine ait protokol doğrultusunda yapılmıştır.

Tablo 2.2. RT -PCR reaksiyon bileşenleri

RT -PCR Bileşenleri	Bileşen Miktarı
SYBR Green	5 µl
İleri primer (10 µM)	0.5 µl
Geri primer (10 µM)	0.5 µl
Steril saf su	2.0 µl
cDNA [1:10]	2.0 µl
Son Hacim	10. µl

Tablo 2.3. RT-qPCR koşulları

Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
95	10 dk	
95	15 sn	
58-63	30 sn	40 Döngü
72	30 sn	

2.12. Çalışmada Kullanılan Primerler

Çalışmada kullanılan primerler Tablo 2.4'te verilmiştir. İlgili genlere ait transkript sekansı kullanılarak Integrated DNA Technologies (IDT) Primer Quest Aracı kullanılarak primerler tasarlanmıştır. Housekeeping gen olarak biber bitkisine ait β -aktin geni kullanılmıştır (Yuce et al., 2025).

Tablo 2.4. RT-qPCR çalışmasında kullanılan primerler

Gen Adı	İleri Primer	Geri Primer
<i>CaYABBY1</i>	CCTGCTAGACCTGGATTTGATG	CCTGCTTTTATGCGTTGGATC
<i>CaYABBY2</i>	AGATGGGAGTAGAGGCTATGG	TTGTAGGCAGAAGGAACACG
<i>CaYABBY3</i>	AGAACCCCTATCACAAGCAAC	GCCTTGATCCTCTGAATCTCTTC
<i>CaYABBY4</i>	CGATATAAGTCACAGGGAGGC	GTTGACATGCGTTGGGTTTC
<i>CaYABBY5</i>	GAGGAGATTCAGAGGATTAAGGC	TTATCAGTCTCCAACATGAGCC
<i>CaYABBY6</i>	GCCCAGTTATAGCCTCTTCAG	CCTTCAGCCTCTTGATCTCTTC
<i>CaYABBY7</i>	CGTGTTCCTTCTGCCTACAAC	TCCAGCTTGAGTCCAAAGTG
<i>β-aktin</i>	GTCCTTCCATCGTCCACAGG	GAAGGGCAAAGGTTACAACA

2.13. Verilerin Değerlendirilmesi

Morfolojik, fizyolojik ve biyokimyasal parametrelerden elde edilen verilerin analizi için bu çalışmada elde edilen parametrelere ait veriler tam şansa bağlı olarak ve tüm stres etmenlerinde ayrı ayrı olmak üzere 1 (genotip) \times 2 (tuz stresi), 1 (genotip) \times 2 (kuraklık stresi), 1 (genotip) \times 2 (üşüme stresi), 1 (genotip) \times 2 (sıcaklık stresi) faktöriyel düzende SPSS programı kullanılarak varyans analizine uygun olarak yapılmıştır. Ortalamalar arasındaki farklılıklar %5 önem seviyesinde Tukey testi ile belirlenmiştir.

Kuraklık, tuz, üşüme ve sıcaklık stresi uygulanan biber *YABBY* genlerine ait ifade profilleri *β -aktin* ile karşılaştırılmıştır. Karşılaştırma verileri istatistiksel olarak $2^{-\Delta\Delta Ct}$ (Livak & Schmittgen 2001) metoduna göre ve kontrol ile uygulamalar arasındaki fark One Way ANOVA ile analiz edilmiştir (Dunnett 1955). Bu verilere ait istatistiksel anlamlılık dereceleri, ortalamaları, standart sapma Graphpad Prizm 8 ile yapılmıştır.

3. ARAŞTIRMA BULGULARI ve TARTIŞMA

Bu çalışmada, biber genomundaki *YABBY* gen ailesi genom çapında analiz edilmiş ve tespit edilen genlerden *CaYABBY1/7* genlerinin transkript dizilerinden primerleri tasarlanmıştır. Aynı zamanda Demre (Ankara Sivrisi) biber genotipinin üşüme, sıcaklık, tuz ve kuraklık streslerine verdiği fizyolojik, morfolojik ve biyokimyasal yanıtları sürgün ve kök dokularında belirlenmiştir. Son olarak tasarladığımız *YABBY* primerleri ile Demre biber çeşidinde stres altındaki sürgün ve kök dokularından alınan biyolojik tekerrürler ifade düzeyleri RT-qPCR analizleriyle belirlenmiştir. Bu kapsamda, *CaYABBY* gen ailesinin yapısal özellikleri, evrimsel ilişkileri ve promotör düzeyindeki düzenleyici bileşenleri bütüncül biçimde incelenerek stres altında değişebilecek potansiyel fonksiyonel bileşenleri ortaya konmuştur. Abiyotik stres uygulamalarıyla elde edilen fizyolojik ve biyokimyasal verilerin, RT-qPCR sonuçlarının değerlendirilmesi, *YABBY* genlerinin stres koşullarındaki muhtemel görevlerine yönelik daha güçlü bir moleküler bağlam sağlamıştır.

3.1. Biber Genomunda Tanımlanan *YABBY* Gen Ailesinin Özellikleri

Bu çalışmada *C. annuum* genomunda yer alan *YABBY* gen ailesi üyeleri tanımlanmış ve biyoinformatik yöntemler kullanılarak yapısal ve fonksiyonel özellikleri incelenmiştir. Yapılan analizler sonucunda biber genomunda toplam 9 *YABBY* geni belirlenmiştir. Tanımlanan *YABBY* genleri *CaYABBY1*, *CaYABBY2*, *CaYABBY3*, *CaYABBY4*, *CaYABBY5*, *CaYABBY6*, *CaYABBY7*, *CaYABBY8* ve *CaYABBY9* olarak adlandırılmıştır. *CaYABBY* genlerine ilişkin hangi kromozomda bulunduğu, başlangıç ve bitiş noktaları, protein uzunlukları, izoelektrik noktaları, moleküler ağırlıkları, kararsızlık indeksleri ve NCBI erişim numaraları Tablo 3.1’te verilmiştir.

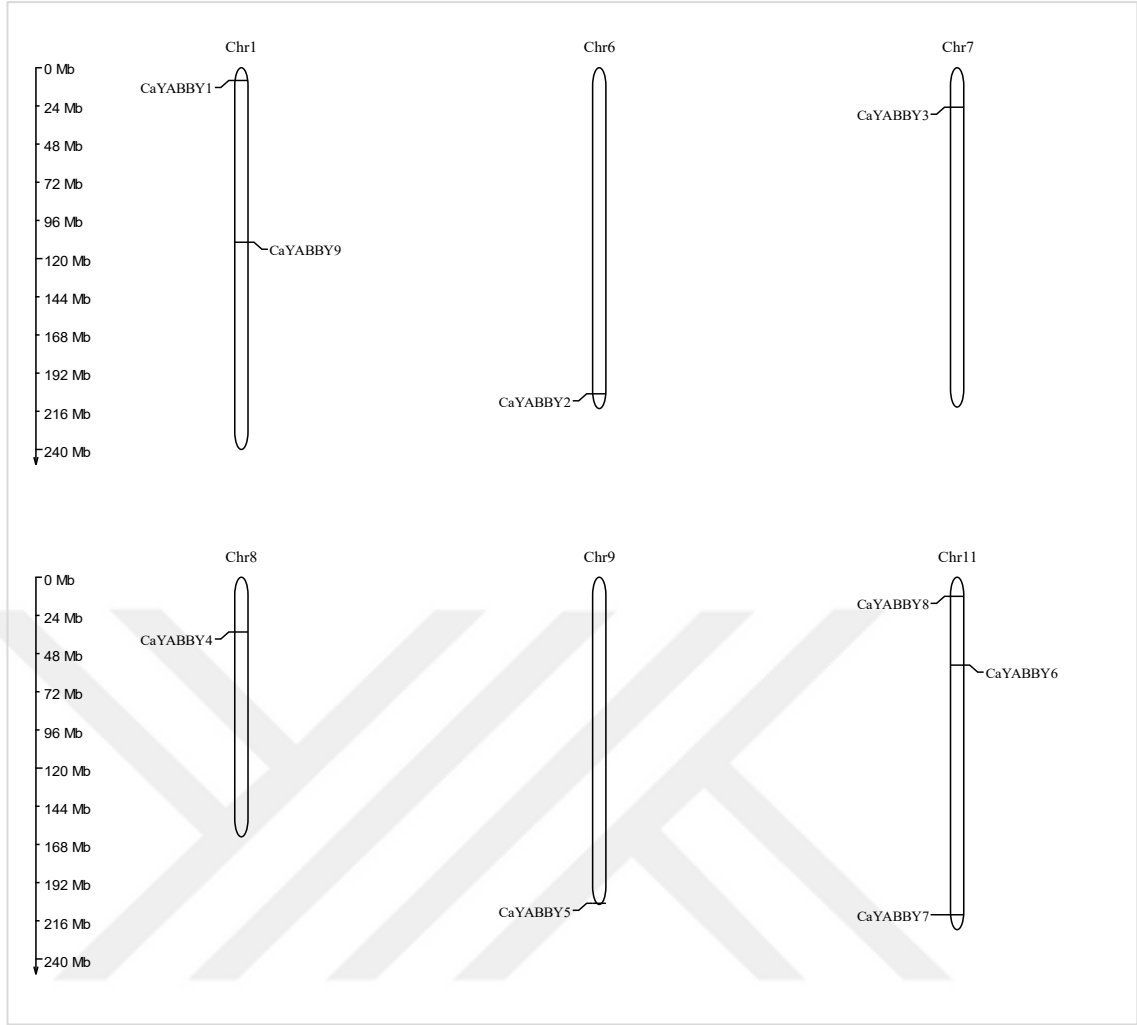
Bu genlerin kromozomal dağılımı farklı kromozomlarda konumlanmış olup, özellikle Chr01 ve Chr11 üzerinde birden fazla üyenin yer aldığı belirlenmiştir. Amino asit uzunlukları 148 ile 217 aa arasında değişen bu genlerin moleküler ağırlıkları yaklaşık 16,69 kDa ile 24,24 kDa arasında hesaplanmıştır. İzole edilen proteinlerin izoelektrik noktaları (pI) 7,21 ile 9,42 arasında değişmekte olup, bu değerler proteinlerin genellikle hafif bazik özellik gösterdiğine işaret etmektedir. ProtParam analizine göre, genlerin kararlılık indeksleri farklılık göstermekte olup bazı üyeler kararsız protein sınıfına yaklaşmaktadır (örneğin, *CaYABBY2*: 57,15).

Tablo 3.1. *C. annuum* L. YABBY Protein Katalođu

Gen Adı	NCBI Eriřim No (Gene ID)	Kromozom No	Kromozom Lokasyonu	Amino Asit Sayısı	Moleköl Ađırlığı (kDa)	pI	Kararsızlık İndeksi
<i>CaYABBY1</i>	107867308	Chr01	8679489-8683178 (+)	217	24,25	7,24	49,82
<i>CaYABBY2</i>	107875693	Chr06	218412664-218420007 (+)	190	21,11	8,77	57,15
<i>CaYABBY3</i>	107877768	Chr07	26531303-26537281 (-)	149	17,03	9,42	41,79
<i>CaYABBY4</i>	107845662	Chr08	36671780-36676189 (-)	217	24,09	7,21	53,57
<i>CaYABBY5</i>	107840782	Chr09	218674291-218681198 (-)	196	22,46	8,69	43,87
<i>CaYABBY6</i>	107847221	Chr11	58900502-58902923 (-)	215	24,08	8,54	47,53
<i>CaYABBY7</i>	107848616	Chr11	226214523-226220819 (-)	148	16,70	9,11	46,89
<i>CaYABBY8</i>	107847068	Chr11	12524038-12527776 (-)	170	19,11	8,78	40,39
<i>CaYABBY9</i>	107855239	Chr01	116825013-116829399 (-)	193	21,47	9,03	55,83

3.2. CaYABBY Genlerinin Kromozomal Dađılımı

CaYABBY genlerinin pozisyon bilgisi ve kromozomal lokasyonlarını belirlemek için ise NCBI-Genome veri tabanı kullanılmıřtır (NCBI Resource Coordinators, 2018). Tanımlanan 9 adet biber YABBY geninin biber genomunda 1, 6, 7, 8, 9 ve 11. kromozomları üzerinde yerleřim göstermektedir (řekil 3.1.). MG2C’de NCBI-Gene veri tabanından elde edilen gen ID, bařlangıç ve bitiş pozisyonları, kromozom ID’si kromozom uzunluk bilgileri ve renk bilgilerini içerecek řekilde hazırlanmıřtır. Böylece biber YABBY gen ailesinin genom üzerindeki konumları net bir řekilde haritalanmıř ve görsel olarak sunulmuřtur.



Şekil 3.1. *C.annuum* genomunda *YABBY* genlerinin kromozomal dağılımı

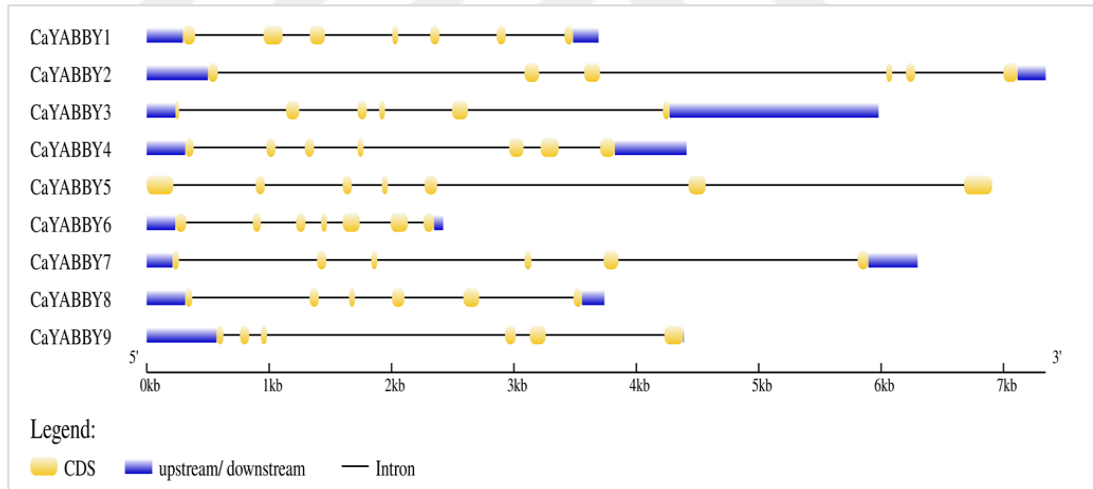
3.3. CaYABBY Genlerinin Ekzon ve İtron Bölgeleri

CaYABBY gen ailesinin ekzon-intron organizasyonu üzerine yapılan analizler, bu gen ailesinin evrimsel süreçte yapısal çeşitlilik kazandığını göstermektedir. Benzer şekilde, farklı bitki türlerinde yapılan genom-çaplı analizlerde de *YABBY* gen ailesinin ekzon-intron düzeninin büyük ölçüde çeşitlilik gösterdiği, bu çeşitliliğin ise çoğunlukla ekzon sayısındaki varyasyon, intron uzunluklarındaki değişimler ve duplikasyon sonrası oluşan yapısal yeniden düzenlemelerden kaynaklandığı bildirilmiştir (Inal et al., 2017; İlhan 2018). Bu çalışmada, CaYABBY genlerinin yapısal organizasyonu Gene Structure Display Server v2.0 kullanılarak analiz edilmiştir (Hu et al., 2015). Elde edilen sonuçlara göre CaYABBY gen ailesinde toplam 49 intron ve 58 ekzon tespit edilmiştir. Ekzon sayıları genler arasında farklılık göstermekte olup *CaYABBY2*, *CaYABBY3*, *CaYABBY7*,

CaYABBY8, *CaYABBY9* genlerinde 6, *CaYABBY1*, *CaYABBY4*, *CaYABBY5*, *CaYABBY6*, 7 ekzon tespit edilmiştir (Şekil 3.2.).

Bulgular daha ayrıntılı incelendiğinde, *CaYABBY5* geninde üst ve alt akış bölgelerinin (promotör bölgeye yakın 5' ucu ve transkripsiyon sonlanma bölgesine yakın 3' ucu) görselde temsil edilmediği görülmüştür. Bu durum, genin regülasyon bölgeleri veya uç dizilerinde farklılıklar olabileceğini düşündürmektedir. Ayrıca *CaYABBY9* geninde 3' tarafındaki downstream bölgesinin oldukça kısa olduğu tespit edilmiştir. Genin 3' UTR (çevrilmemiş bölge) uzunluğundaki bu farklılık, transkripsiyon sonrası düzenleme, mRNA kararlılığı veya translasyon etkinliği üzerinde etkili olabilecek olası bir yapısal varyasyonu işaret etmektedir (Yang et al., 2018).

Bu gözlemler, *YABBY* gen ailesinde farklı türlerde rapor edilen ekzon-intron çeşitliliği ve uç bölgelerdeki yapısal farklılıklarla paralellik göstermektedir (Zhang et al., 2013; Zhao et al., 2021). Literatürde belirtildiği üzere, bu çeşitlilik genlerin hem evrimsel adaptasyonunda hem de abiyotik stres yanıtlarındaki işlevsel farklılaşmasında rol oynamaktadır.



Şekil 3.2. *C. annuum* *YABBY* genlerinin ekzon ve intron bölgeleri

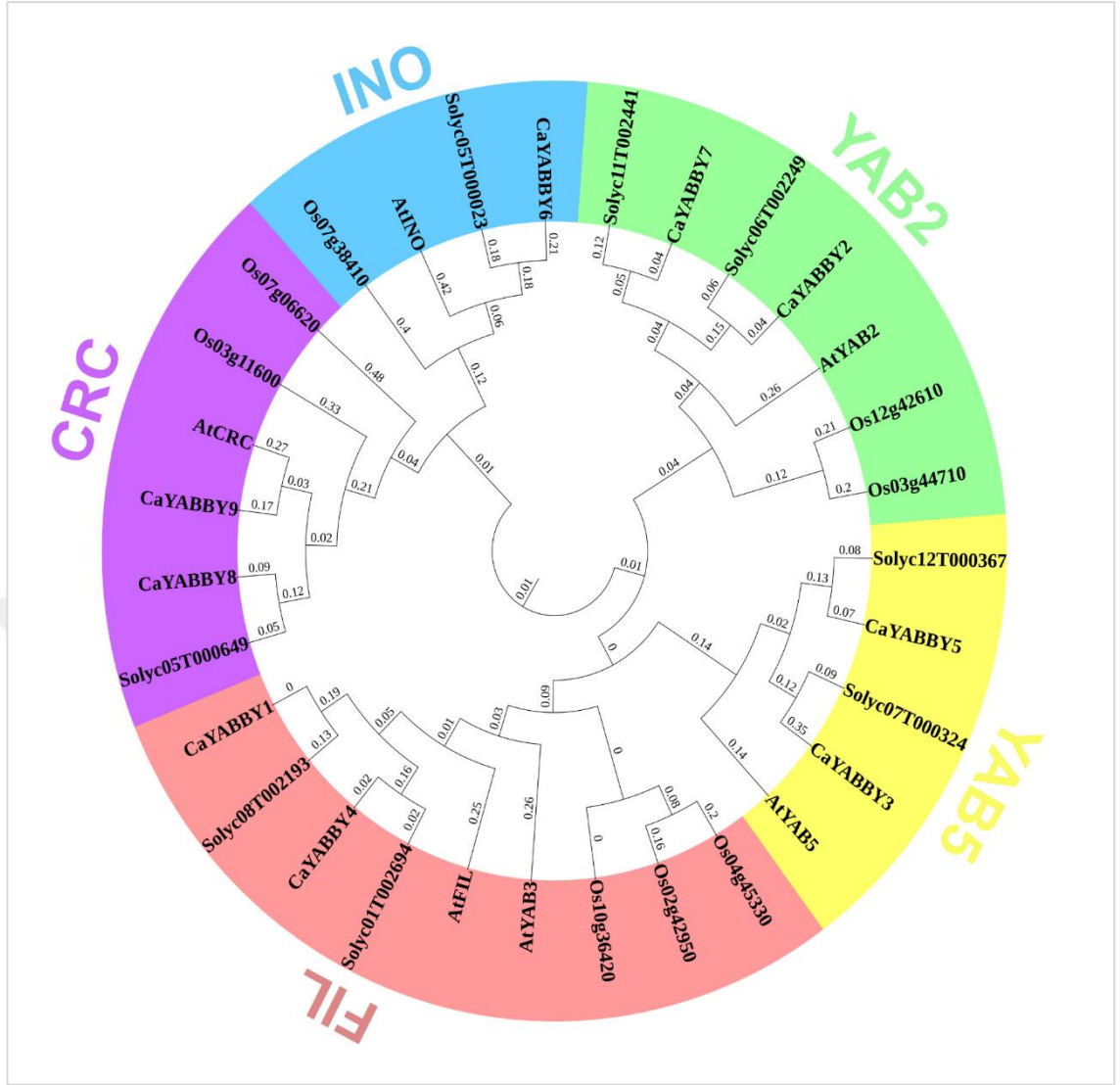
3.4. *CaYABBY* Proteinlerinin Türler Arası Filogenetik Analizi

C. annuum'a ait *CaYABBY* proteinlerinin filogenetik analizi, *A. thaliana*, *O. sativa*, *S. lycopersicum* türlerinden seçilen *YABBY* genleriyle birlikte yürütülmüştür. MEGA11 kullanılarak aminoasit dizileri üzerinden 1000 bootstrap tekrarıyla komşu katılım (Neighbor-Joining) yöntemi uygulanmış ve sonuçlar iTOL platformunda

görselleştirilmiştir. Şekil 3.3'te dalların yanındaki sayılar, 1000 bootstrap tekrarı değerlerini göstermektedir.

Analizler, CaYABBY proteinlerinin FIL, YAB2, CRC, INO ve YAB5 olmak üzere beş ana alt gruba ayrıldığını göstermiştir. CaYABBY2/7 proteinleri AtYAB2 (AT1G08465), Solyc11T002441, Solyc06T002249, Os03g44710 ve Os12g42610 proteinleri ile, CaYABBY3/5 proteinleri AtYAB5 (AT2G26580), Solyc07T000324 ve Solyc12T000367 proteinleri ile ortoloji göstermiştir. CaYABBY1/4 proteinleri AtFIL (AT2G45190), AtYAB3 (AT4G00180), Solyc01T002694, Solyc08T002193, Os02g42950, Os04g45330 ve Os10g36420 proteinleri ile, CaYABBY8/9 proteinleri, AtCRC (AT1G69180), Solyc05T000649, Os03g11600 ve Os07g06620 proteinleri ile, CaYABBY6 proteini ise AtINO (AT1G23420), Solyc05T000023 ve Os07g38410 proteinleri ile ortoloji göstermiştir (Şekil 3.3.).

Fang et al., (2025)'in CaYABBY proteinleri ile yaptığı filogenetik analiz sonuçları ile bizim bulgularımız arasında alt grup üyelik sayıları bakımından bazı farklılıklar gözlemlenmiştir. FIL/YAB3 alt grubunda bu çalışmada iki gen tespit edilirken Fang et al., (2025) üç gen bildirmiştir. Benzer şekilde, YAB5 alt grubunda bu çalışmada iki gen belirlerken Fang et al., (2025)'de yalnızca bir gen bulunmuştur. INO alt grubunda ise her iki çalışmada da yalnızca bir gen bulunması, bu alt grubun tek genli ve evrimsel olarak korunmuş yapısını desteklemektedir. Her iki çalışmada da YAB5 alt grubunun yalnızca dikotiledon bitkilerde bulunduğu ve çeltik gibi monokotlarda bulunmadığı gözlemlenmiştir (Hao et al., 2022; Zhang et al., 2023b). Ayrıca, CaYABBY genlerinin *A. thaliana*, *S. lycopersicum* ve *O. sativa* homologları ile gösterdiği ortoloji ilişkileri, alt grupların işlevsel korunumu açısından Fang et al., (2025) ile genel uyumu göstermektedir. Bu sonuçlar, CaYABBY ailesinin alt grup yapısının temel olarak korunmuş olduğunu, ancak gen sayılarında türler arası küçük farklılıklar bulunduğunu ortaya koymaktadır.

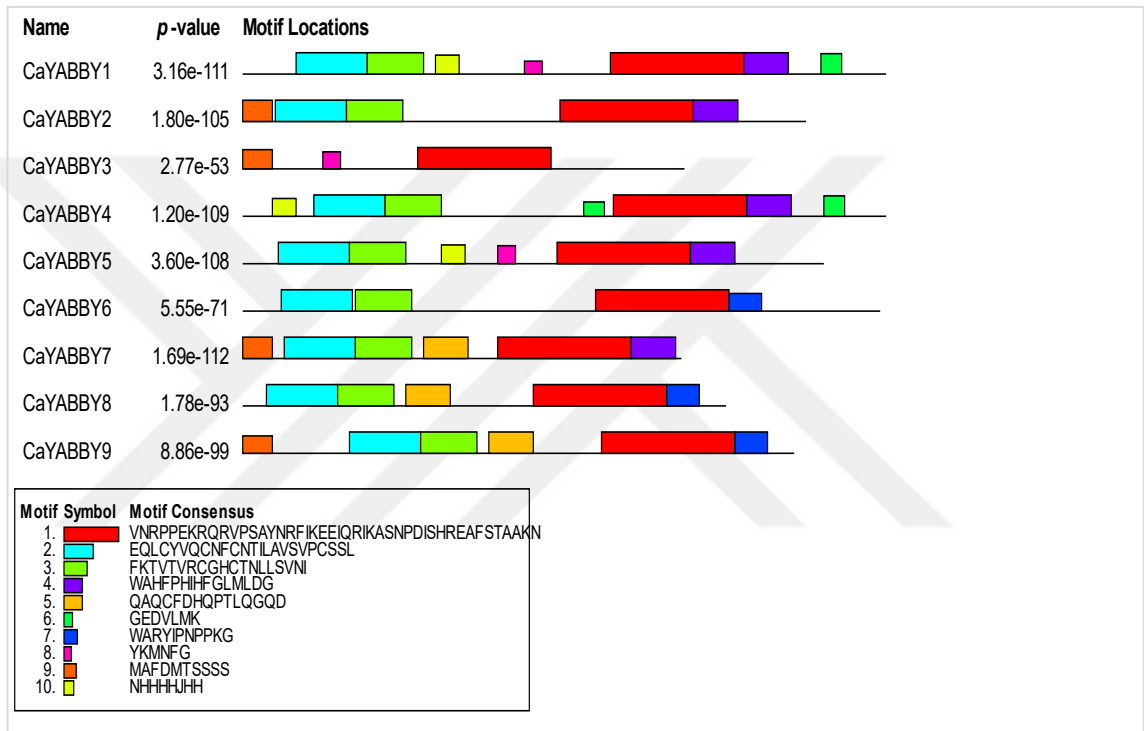


Şekil 3.3. *C. annuum*, *A. thaliana*, *S. lycopersicum* ve *O. sativa* bitkilerine ait YABBY proteinlerinin filogenetik ağacı

3.5. CaYABBY Korunmuş Dizi Motifleri

CaYABBY protein ailesi üzerinde gerçekleştirilen MEME ve FIMO tabanlı motif taramaları, toplam 10 yüksek düzeyde korunmuş motifin varlığını ortaya koymuştur (Bailey et al., 2006). Analiz çıktıları, tüm CaYABBY üyelerinde C-terminal YABBY ve N-terminal YABBY domainlerini temsil eden Motif 1 ve Motif 2 ve Motif 3'ün istikrarlı biçimde korunduğunu (Şekil 3.4.) ve bu motiflerin InterProScan sonuçlarıyla da (Tablo 3.2) YABBY ailesine özgü yapısal domaini doğruladığını göstermektedir (Inal et al., 2017; İlhan 2018).

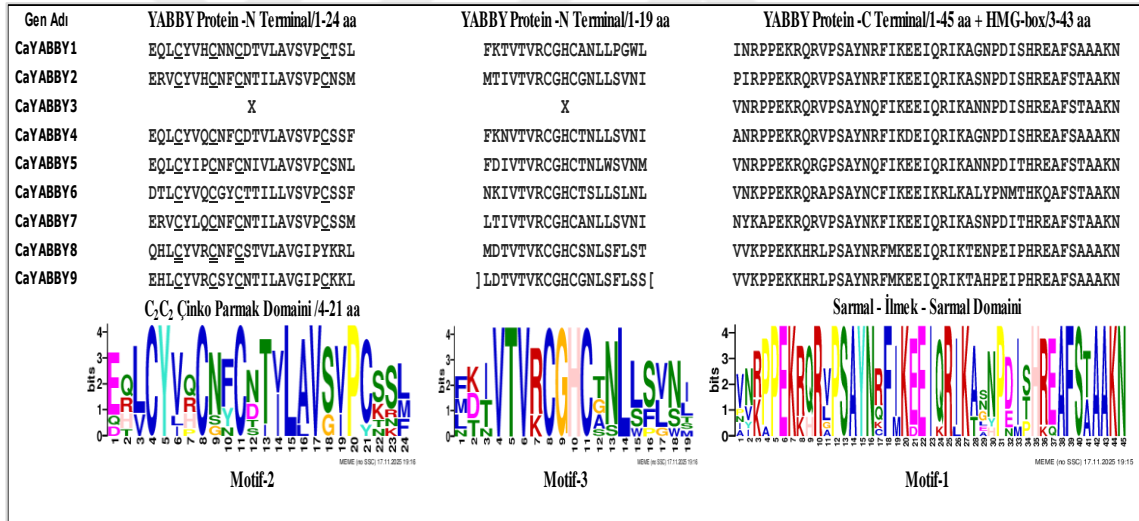
Motiflerin genler arasındaki konumlanma düzeni büyük ölçüde benzer olsa da CaYABBY3 izoformunda Motif 2, -3 ve -4 tespit edilmemiştir (Şekil 3.4.). Buna ek olarak *CaYABBY9* geni motif üç dizisine sahip olmasına rağmen domain analizinde herhangi bir domain ile eşleşme göstermemiştir (Şekil 3.5.). Bu, genlerin *YABBY* ailesi içinde sınırlı fakat belirgin bir yapısal ayrışma gösterdiğini ortaya koymaktadır. Bu farklılık, motif organizasyonunun yalnızca *CaYABBY* ailesine özgü değil, *Solanaceae* türlerinde bildirilen varyasyonlarla da uyumlu olduğunu göstermektedir (Li et al., 2019; Mazhar et al., 2023).



Şekil 3.4. CaYABBY proteinlerinde tahmin edilen motiflerin dağılımı

CaYABBY proteinlerinde, N-terminalde bulunan C2C2 tip çinko parmak dizisi (2Cys2Cys), *YABBY* ailesine özgü transkripsiyon faktörlerinde yaygın olarak tanımlanan yapısal motiflerden biridir; bu domain birçok türde korunmuş ve hem DNA bağlanmasında hem de protein-protein etkileşimlerinde işlev gördüğü gösterilmiştir (İlhan 2018; Van Hai et al., 2025). C-terminal kısımda yer alan sarmal-döngü-sarmal yapılu *YABBY* domaini, klasik HMG kutusuna benzerlik gösterir ve DNA bağlayıcı/regülatör bir yapı olarak çalışmaktadır (Gross et al., 2018; Shen et al., 2022). Bu iki domain, *YABBY* proteinlerinin morfogenez, organ gelişimi ve stres yanıtı işlevlerinin temeli olarak kabul edilir (Zuo et al., 2024).

Yüksek korunum düzeyi sergileyen Motif 1, Motif 2 ve Motif 3'ün varlığı (Şekil 3.5.), YABBY proteinlerinin bilinen DNA bağlanma ve transkripsiyonel düzenleme işlevlerinin evrimsel olarak kararlı biçimde taşındığını destekleyen genom çaplı çalışmalarla da örtüşmektedir (Finet et al., 2016; Romanova et al., 2021). Buna karşın daha kısa motiflerde gözlenen değişkenlik, *CaYABBY* üyeleri arasında fonksiyonel ayrışma olasılığına işaret eden *Solanaceae* genomik verileriyle paralellik göstermektedir (Zhang et al., 2023b; Fang et al., 2025). Özellikle *CaYABBY3*'te gözlenen Motif 2 ve Motif 3'ün eksikliği (Şekil 3.4., Şekil 3.5), bu genin YABBY domaininin çevresinde küçük ölçekli bir yeniden yapılanma geçirmiş olabileceğine işaret eden motif evrimi modelleriyle uyumludur (Lu et al., 2021; Wang et al., 20224; Li et al., 2025). *Solanaceae* genomlarında tanımlanan benzer domain kayıpları ve motif sapmaları, bu tür varyasyonların söz konusu genlerde adaptif bir yeniden düzenlenme veya kısmi fonksiyonel farklılaşma sürecinin ürünü olabileceğini göstermektedir (Zhao et al., 2023; Mazhar et al., 2023).



Şekil 3.5. *CaYABBY* gen ailesindeki korunmuş domainler ve tahmin edilen motif dizileri

Şekil 3.5'te *CaYABBY3* geninde YABBY-N ve çinko parmak domainini temsil eden Motif 2 ve Motif 3'ün olmadığını göstermek için X kullanılmıştır. Motif 2'ye ait dizilerde C (sistein) amino asidi, C2C2 çinko parmak dizisini vurgulamak için altı çizili gösterilmiştir. Motif sıraları bu motiflerin *CaYABBY* proteinlerindeki konumlarına göre belirlenmiştir (sırasıyla Motif 2-3-1 için başlangıç ve bitiş konumlarının sınır değerleri: 6-61, 33-80, 60-171 aa aralığındadır).

Tablo 3.2. CaYABBY gen ailesin tahmin edilen motiflerin dizi bilgileri

Motif No	En İyi Muhtemel Eşleşme	Genişlik (aa)	Konum (aa)	Domain
Motif-1	VNRPPEKRQRVPSAYNRFIKEEQRIKASNPDI ISHREAFSTAAKN	45	1..45	YABBY (C)
Motif-2	EQLCYVQC�FNCNTVLAVSVPCSSL	24	1...24	YABBY (N)
Motif-3	FKIVTVRCGHCTNLLSVNI	19	1..19	YABBY (N)
Motif-4	WAHFPHIHFGMLMDG	15		NA
Motif-5	QAQCFDHQPTLQGQD	15		NA
Motif-6	GEDVLMK	7		NA
Motif-7	WARYIPNTPKG	11		NA
Motif-8	YLMNFG	6		NA
Motif-9	MALAMTSSSS	10		NA
Motif-10	NHHLHLHH	8		NA

C, N; YABBY domain terminal bölgesi, NA; domain eşleşmesi yok.

3.6. CaYABBY Genlerinin Promotör Analizleri

Dokuz YABBY geninin transkripsiyon başlangıç bölgesinden 2000 bp üst akış dizileri, biber genomundan alınarak, PlantCARE veri tabanı ile bu genlerin promotörlerindeki cis-etkili elementlerin analizi için kullanılmıştır. Promotör analizinde, MYB, MYC, TATA-box, AT~TATA-box, CAAT-box, Box 4 ve Unnamed_4 cis-etkili elementlerinin dokuz CaYABBY geninin promotör bölgelerinde tespit edilmiştir. (Tablo 3.3.). Bu elementlerin tüm genlerde bulunması Chen et al., (2022), yalancı parlak brom için YABBY ailesi ile yapılan promotör analizinin sonucu ile benzerlik göstermektedir.

Stres yanıtı elementler; ARE, LTR, MBS, STRE ve TCA CaYABBY1-2 ve CaYABBY6-7'de daha yoğun kümelenmiş, CaYABBY5'te ise hiç belirlenmemiştir. Işık yanıtı elementlerden Box 4, G-box ve GT1-motif birçok CaYABBY promotöründe bulunmuştur ve birçok element CaYABBY4, CaYABBY5 ve CaYABBY8'de yoğunlaşmıştır. Hormon yanıtı motifler (ABRE, GARE-motif, TATC-box, TCA-element, TGACG-motif vb.) çoğu gende bulunmuştur. Bu elementlerin çoğu CaYABBY4-5-6'da daha yoğun bir kümelenmiştir. Temel promotör elementlerinden TATA-box, AT~TATA-box ve CAAT-box tüm genlerde tespit edilmiş ve bu motifler her bir gen için en yüksek tekrar eden elementlerdir (Tablo 3.3). Bağlayıcı element olan MYB ve gelişimsel element olan MYC tüm CaYABBY genlerinde tespit edilirken, iki gruba ait diğer elementler ise daha az dağılım göstermiş ve çoğunlukla CaYABBY6 ile CaYABBY9'da bulunmuştur. Diğer elementlerden henüz adlandırılmamış ve işlevi bilinmeyen, Unnamed_4 elementi tüm CaYABBY genlerinde yoğun bir şekilde tespit edilmiştir. Yara yanıtı elementlerden WUN-motif birçok gende bulunurken diğer elementler daha az bulunmuştur (Tablo 3.3).

Tablo 3.3. *CaYABBY1-9* genlerinin promotör bölgelerinde bulunan cis-etkili elementler

Kategori	cis-etkili elementler	CaYABBY1	CaYABBY2	CaYABBY3	CaYABBY4	CaYABBY5	CaYABBY6	CaYABBY7	CaYABBY8	CaYABBY9
Stres Yant Elementleri	ARE	2	2	2	2		2			1
	DRE1									1
	LTR	2	1	1	1			1		1
	MBS	2					1	1	1	1
	STRE	3	4		2			2		
	TCA	2	4				1	2	1	
	TC-rich repeats		1						1	
Wbox						2				
Işığa Yant Elementleri	3-AF1 binding site					1				
	AE-box			1	1	1	1			
	ATCT-motif					1				
	Box 4	4	1	8	4	8	5	2	8	10
	chs-CMA1a				1			1	1	
	chs-CMA2a							1		
	GA-motif	1								
	GATA-motif	1	5		1			1		
	G-box	2	2	1	3	2	1	3	1	
	GC-motif				1					
	GT1-motif	2	1	1			2	1	2	1
	I-box	1	1						2	
	LAMP-element						1			
	L-box	1								
	MRE	1		1	1	1				
	P-box					1			1	
Sp1				1						
TCCC-motif							1			
TCT-motif	2			1	1			1	1	
Hormon Duyarlı Elementler	ABRE	2	2	1	3	4	1	2		
	ABRE3a				2	2	1			
	ABRE4				2	2	1			
	as-1			1		1	2	1		
	AT-ABRE					1				
	CGTCA-motif					1	2	1		
	ERE		1		1	4	2	3		3
	GARE-motif				2		1			
	TATC-box	4	1				1			
	TCA-element		1	2		1	1			
	TGA-box						1			
	TGACG-motif			1		1	2	1		
TGA-element								1		
Temel Promotör Elementleri	AT-TATA-box	3	6	8	8	9	8	20	13	6
	AT-rich element						1			
	CAAT-box	44	36	32	25	20	34	31	34	45
	CCGTCC motif						1			
	CCGTCC-box						1			
	TATA			1				1	4	2
TATA-box	36	36	58	47	76	68	92	112	75	
Bağlayıcı Elementler	Box III								1	
	MBSI							1		
	Myb-binding site				3		3			
	MYB-like sequence	1	1	2		2		1		2
MYB	6	2	3	4	3	8	3	3	5	
Gelişimsel ve Dokuya Özgü Elementler	CAT-box			1			1	1		1
	dOCT		1							
	GCN4_motif						1			1
	HD-Zip1									1
	MYC	3	3	3	2	3	2	2	1	3
	O2-site	1					1			
RY-element				2		1				
Yara Duyarlı Elementler	A-box						1			
	ACE					1	1			
	WRE3	1						1		
	WUN-motif	1			2	4	1		1	1
	F-Box	1								
Diğer Elementler	AAGAA-motif	2	1	3				1	1	
	CTAG-motif						1			
	CGTCA-motif			1			2	1		
	Unnamed_1	1		2	1	1		2		
	Unnamed_2				1					
	Unnamed_4	13	6	12	9	6	5	6	4	9
Unnamed_6							1			

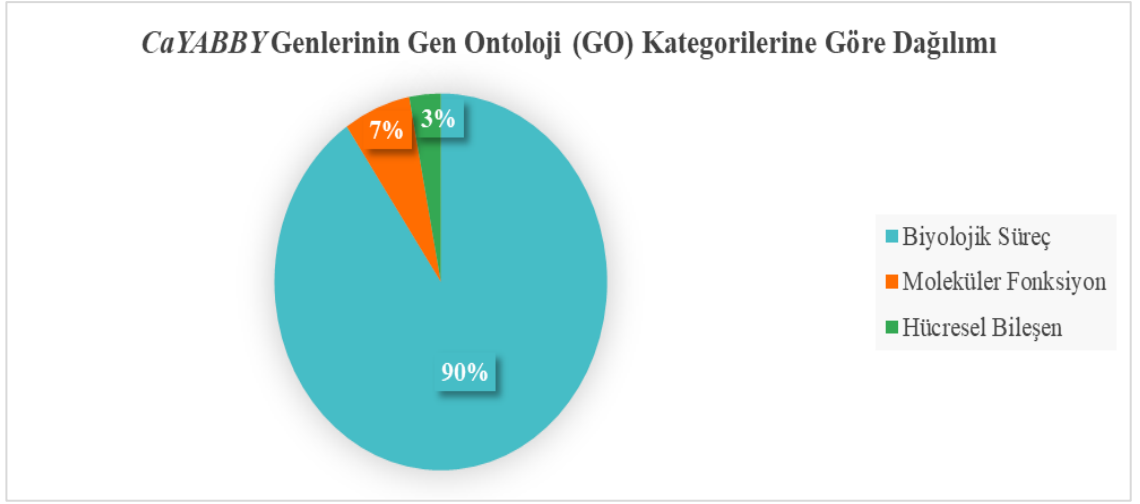
CaYABBY genlerinde bulunan *cis*-etkili elementin bulunduğu satırda, elementin bulunma sıklığını gösteren sayıların rengi; tüm üyelerde bulunuyorsa kırmızı, yalnızca bir üyede bulunmuyorsa yeşil, yalnızca iki üyede bulunmuyorsa mavi renkli olarak belirtilmiştir.

3.7. *CaYABBY* Genlerinin Ontoloji Analizleri

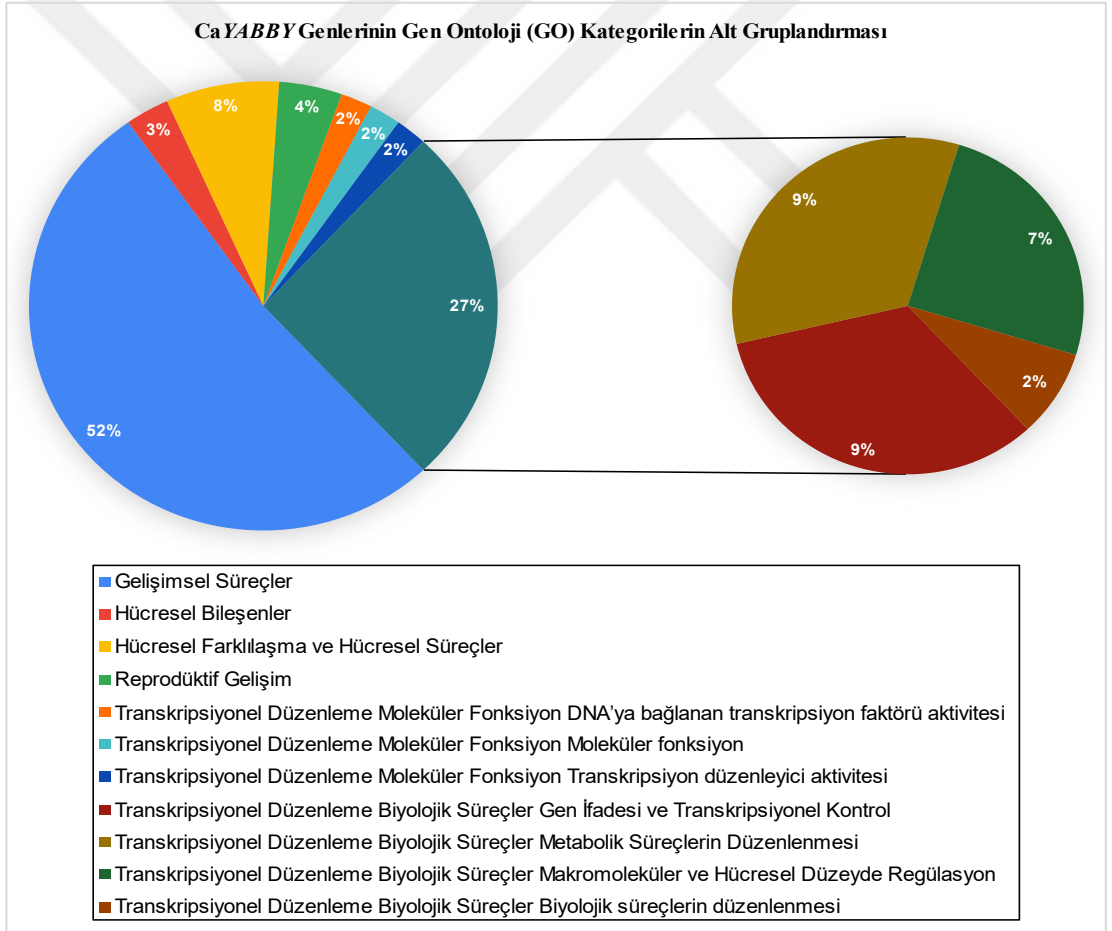
CaYABBY gen ailesine ait ontoloji sınıflandırması, bu genlerin büyük çoğunluğunun biyolojik süreç kategorisinde (208), daha az oranda moleküler fonksiyon (15) ve hücresel bileşen (7) sınıflarına ait olduğunu göstermektedir (Şekil 3.6). Bu durum, *CaYABBY* gen ailesinin temel olarak gelişimsel süreçlerde ve transkripsiyonel düzenleme de görev aldığı destekler niteliktedir. Alt ontolojik dağılımda ise; gelişimsel süreçler (120), transkripsiyonel düzenleme (75) ve hücresel süreçler (18) gibi fonksiyonel gruplar tespit edilmiştir (Şekil 3.7).

Bu dağılım, *YABBY* gen ailesinin organ gelişimi, hücre farklılaşması ve stres yanıtı gibi çoklu biyolojik süreçlerde aktif rol oynadığını göstermektedir (Huang et al., 2013; Yang et al., 2018). Moleküler fonksiyon kategorisindeki düşük sayıda atama, gen ailesinin doğrudan katalitik veya yapısal değil; daha çok düzenleyici roller üstlendiğine işaret etmektedir (Bowman et al., 1999; Sarojam et al., 2010). *YABBY* proteinlerinin transkripsiyon faktörü olarak işlev görmesi ve gelişimsel süreçlerin çoğunda görev alması, bitkilerde bu gen ailesinin morfo-fonksiyonel farklılaşmadaki önemli olduğunu gösterir (Tanaka et al., 2012). Özellikle gelişimsel süreçlerdeki baskın ontolojik ifadeler, *CaYABBY* genlerinin yaprak, çiçek ve meyve gelişimindeki rolünü doğrulamaktadır (Mazhar et al., 2023).

GO anotasyonlarının alt gruplarında, DNA-bağlanma, transkripsiyon faktörü aktivitesi daha yoğun görülmektedir. Bu bulgu, *YABBY* proteinlerinin bilinen transkripsiyonel düzenleme rollerini yansıtır ve gelişimsel süreçlerde sinyal düzenleme ağlarına entegre bir şekilde çalıştıklarını doğrular (Buttar et al., 2020). Hücresel bileşen kategorisinin sınırlı sayıda olması, proteinlerin büyük çoğunluğunun çekirdekte işlev gördüğünü desteklemektedir.



Şekil 3.6. CaYABBY genlerinin gen ontoloji kategorilerine göre genel dağılımı (Biyolojik Süreç (208), Moleküler Fonksiyon (15), Hücreyel Bileşen (7))



Şekil 3.7. CaYABBY genlerinin fonksiyonel gruplara göre alt ontolojik dağılımı (Gelişimsel Süreçler (120), Transkripsiyonel Düzenleme (75), Hücreyel Bileşenler (7), Hücreyel Farklılaşma ve Hücreyel Süreçler (18), Reprodüktif Gelişim (10))

3.8. Tanımlanan CaYABBY Proteinlerinin Hücre İçi Lokalizasyonu

Wolf PSORT web veri tabanı ile yapılan hücre içi lokalizasyon analizleri sonucunda elde edilen Tablo 3.4.'teki veriler incelendiğinde *CaYABBY* proteinlerinin büyük çoğunluğu çekirdek lokalizasyonlu olarak belirlenmiştir. En yüksek çekirdek lokalizasyon oranı *CaYABBY3* (13.5), *CaYABBY2* (13) ve *CaYABBY8* (13) proteinlerinde saptanmıştır. Bu sonuçlar YABBY proteinlerinin ontoloji analizlerinde gözlemlenen transkripsiyon faktörü aktivitesi ile uyumludur. Bazı genlerde ise ek lokalizasyon bölgeleri dikkat çekmiştir: *CaYABBY5* sitoplazmik ağırlıklı lokalizasyon göstermiştir. *CaYABBY7* geni ise kloroplast, mitokondri, plazma zarı, endoplazmik retikulum, ekstrasellüler sıvı ve vakuol gibi farklı alt hücrel bölgelere dağılmıştır. Sitoplazma ve mitokondri yerleşimleri, proteinin çok fonksiyonlu olabileceğini veya hücre içi taşıma mekanizmalarıyla ilişkili alternatif işlevlere sahip olduğunu düşündürmektedir. Benzer durum, bazı bitki transkripsiyon faktörlerinde post-translasyonel düzenleme veya ikincil fonksiyonlara yönelik veriler rapor edilmiştir (Stone et al., 2005; Hao et al., 2022).

Bu çeşitlilik, *YABBY* gen ailesinin yalnızca çekirdek içi transkripsiyonel kontrol mekanizmalarına değil, aynı zamanda hücrel sinyal ağlarına da katılabileceğini göstermektedir. Benzer şekilde, farklı hücrel lokalizasyon düzeyleri, YABBY proteinlerinin fonksiyonel çeşitliliğini destekler (Liu et al., 2022).

Tablo 3.4. CaYABBY Genlerine Ait Proteinlerin Hücre İçi Lokalizasyonları

Gen Adı	Protein ID	Hücrel Lokalizasyon
<i>CaYABBY1</i>	XP_016568967.1	nucl: 12, chlo: 1, vacu: 1
<i>CaYABBY2</i>	XP_047269994.1	nucl: 13, chlo: 1
<i>CaYABBY3</i>	XP_016579963.2	nucl: 13.5, cyto_nucl: 7.5
<i>CaYABBY4</i>	XP_016545580.1	nucl: 11, cyto: 2, cysk: 1
<i>CaYABBY5</i>	XP_016540174.1	cyto: 11, nucl: 2, chlo: 1
<i>CaYABBY6</i>	XP_016546914.1	nucl: 12, cyto: 1, cysk: 1
<i>CaYABBY7</i>	XP_016548879.2	chlo: 3, extr: 3, nucl: 2.5, cysk_nucl: 2, cyto: 1, mito: 1, plas: 1, vacu: 1, E.R.: 1
<i>CaYABBY8</i>	XP_016546797.1	nucl: 13, plas: 1
<i>CaYABBY9</i>	XP_016555723.2	nucl: 12, mito: 1, plas: 1

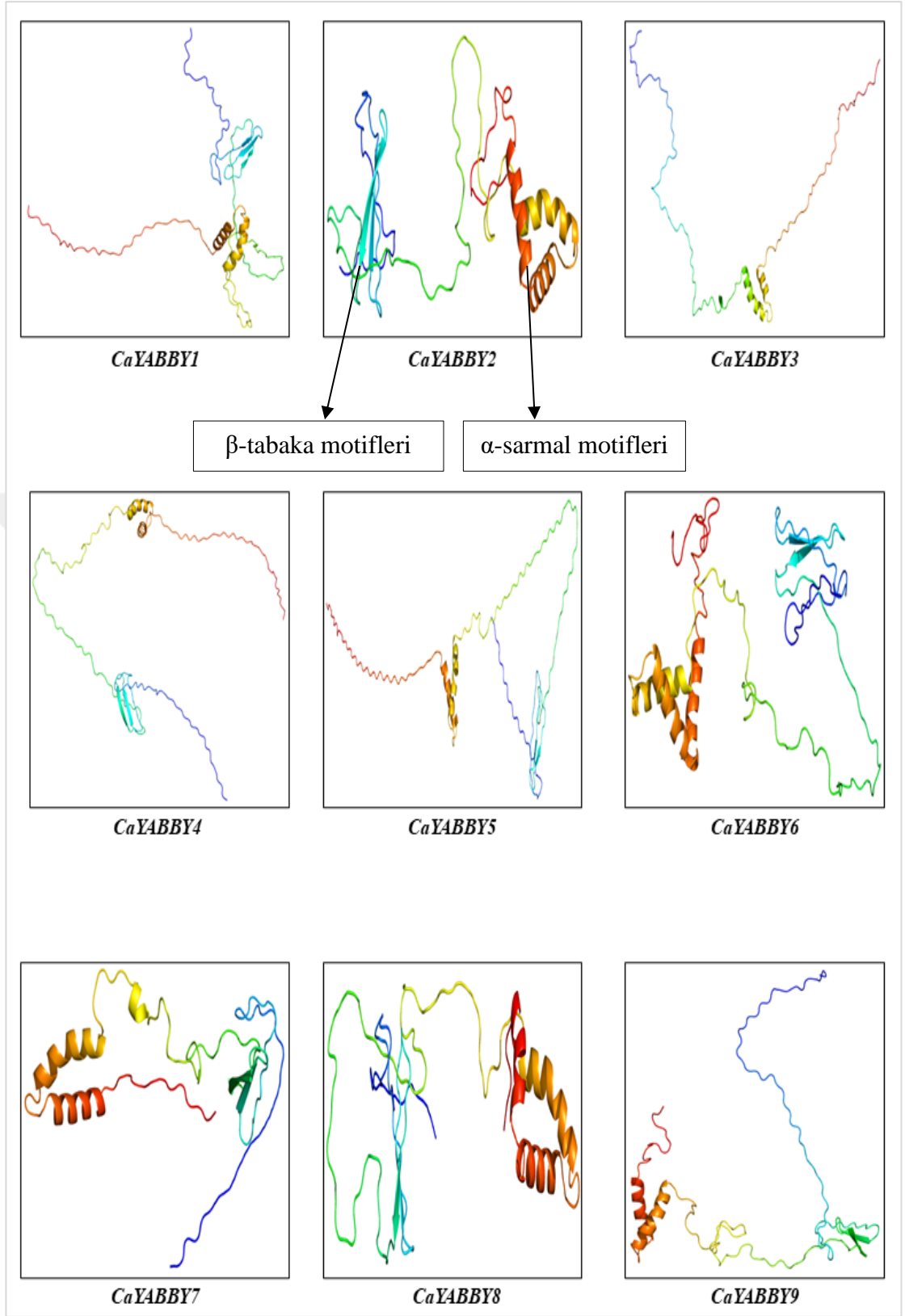
Cyto: Sitoplazma, nucl: çekirdek, chlo: kloroplast, mito: mitokondri, vacu: vakuol, plas: plazma, cysk: iskele, E.R.: endoplazmik retikulum, extr: ekstrasellüler sıvı,

3.9. CaYABBY Proteinlerinin Homoloji Modellemesi

Phyre² homoloji modelleme aracı ile yapılan analizler CaYABBY proteinlerinin yapısal organizasyonuna ilişkin önemli ipuçları sağlamıştır. Modeller, YABBY proteinlerine özgü çekirdek domainlerinin korunduğunu, ancak *CaYABBY3*'te YABBY-N domaini ve çinko parmak gibi karakteristik bölgelerde farklılık olduğunu göstermiştir (Şekil 3.8.). Bu yapısal farklılık, *CaYABBY3*'ün gen ailesi içinde işlevsel olarak farklılaşmış bir gen olabileceğine işaret etmektedir (Zhao et al., 2017; Fang et al., 2025).

Yapısal analizler genler arasında alfa sarmalı ve beta iplik dağılımlarında belirgin örüntüler ortaya koymuştur. CaYABBY1-2, CaYABBY4-9 proteinlerinde alfa sarmalı yapılar (%13-25) ve beta iplikler (%8-14) dengeli bir şekilde korunmuştur. Bu durum, YABBY proteinlerinde beklenen heliks-döngü-heliks katlanma motifleriyle tutarlıdır ve fonksiyonel domain bütünlüğünün yüksek olduğunu göstermektedir. Özellikle CaYABBY7 ve CaYABBY9'da alfa sarmalı oranının yüksek olması, YABBY ailesine özgü transkripsiyon faktörü katlanma özelliklerini desteklemektedir (Romanova et al., 2021). Buna karşın CaYABBY3'te beta iplik oranının %3'e düşmesi, ikincil yapı organizasyonunda belirgin bir eksiklik olduğunu ortaya koymuştur. Bu eksiklik, daha önce motif analizlerinde gözlenen Motif-2-3 kayıplarıyla yapısal düzeyde örtüşmektedir.

CaYABBY3'teki eksiklik, diğer proteinlerden farklı olarak β -iplik oranının oldukça düşük olmasıyla birlikte değerlendirildiğinde, bu genin potansiyel olarak kaybolmuş veya değiştirilmiş bir fonksiyona sahip olabileceğini düşündürmektedir. Literatürde benzer domain kayıplarının gen ailesi içi fonksiyonel farklılaşma süreçlerine eşlik ettiği bildirilmiştir (Li et al., 2019; Lu et al., 2021).



Şekil 3.8. CaYABBY proteinlerinin 3B yapı modellemesi

3.10. Morfolojik ve Fizyolojik Parametreler

Deneysel Olarak Ölçülen Parametreler: Sürgün Uzunluğu (mm), Kök Uzunluğu (mm), Kök Yaş Ağırlığı (g) ve Kök Kuru Ağırlığı (g), Sürgün Yaş Ağırlığı (g) ve Sürgün Kuru Ağırlığı (g), Klorofil İçeriği (SPAD) ve Hücre membran Hasarı (HMH).

Uygulamaların kök uzunluğu (KU), sürgün kuru ağırlığı (SKA), kök yaş ağırlığı (KYA), kök kuru ağırlığı (KKA) ve SPAD üzerine önemli ($p<0,01$, $p<0,05$) etkileri Tablo 3.5.'te gösterilmektedir. Uygulamaların etkisi değerlendirildiğinde, sürgün uzunluğu (SU), KU, sürgün yaş ağırlığı (SYA), SKA, KYA, KKA ve SPAD değerlerinin kontrole göre daha az değerlere sahip olduğu belirlenmiştir. Buna karşın, HMH değerinin kontrole kıyasla üşüme ve sıcak streslerinde daha yüksek değere sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 3.5.).

Uygulamalar içerisinde SU, KU, SYA ve SPAD değişkenleri arasında en düşük değer sıcak stresinde gözlemlenirken, SKA, KYA ve KKA değişkenlerinde ise en düşük değer üşüme stresinde elde edilmiştir. Bu değerler sırasıyla 0,39, 0,39 ve 1,21 olarak kaydedilmiştir. Diğer taraftan HMH değişkeninde en düşük değere kontrol grubu (%52,20) sahip olmuştur (Tablo 3.5.)

Tablo 3.5. Üşüme ve sıcak streslerinin biberin fizyolojik ve morfolojik karakterleri üzerine etkisi

Uygulama	SU (cm)	KU (cm)	SYA (g)	SKA (g)	KYA (g)	KKA (g)	SPAD	HMH (%)
Kontrol 1	24,00a	12,00a	3,50a	0,77a	0,77a	1,85a	0,18a	52,13a
Üşüme	22,67a	10,50ab	2,89a	0,39b	0,39b	1,21b	0,14b	55,20a
Sıcak	21,50a	10,00b	2,83a	0,53c	0,54b	1,38b	0,12b	54,87a
Ortalama	22,72	10,83	3,07	0,56	1,48	0,15	54,07	48,10
Uygulamanın Ortalama Karesi(df=2)	4,69 ^{öd}	0,03*	0,12 ^{öd}	0,11**	0,33**	0,00**	8,49**	175,18 ^{öd}
Ortalama Hata Karesi (df=6)	0,29	0,01	29,76	0,00	0,01	0,00	0,23	49,18

¹: Aynı sütunda aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklar Tukey testine göre %5 önem seviyesinde önemsizdir, **, * ve öd: Sırasıyla çok önemli ($p<0,01$), önemli ($p<0,05$) ve önemsiz ($p>0,05$)

Uygulamaların SU, SYA, SKA, KYA ve KKA üzerine önemli ($p<0,01$, $p<0,05$) etkileri Tablo 3.6.'de gösterilmektedir. Uygulamaların etkisi değerlendirildiğinde, SU, KU, SYA ve SKA değerlerinin kontrole göre daha az değerlere sahip olduğu belirlenmiştir. Buna karşın, SPAD ve HMH değerinin kontrole kıyasla tuz ve kuraklık stresinde daha yüksek değere sahip olduğu kaydedilmiştir (Tablo 3.6.). Yine kontrole

göre KYA ve KKA değerleri kuraklık stresinde daha yüksek değere (sırasıyla 1,88, 0,14 g) sahip olduğu tespit edilmiştir.

Uygulamalar içerisinde, SU, KU, SYA, SKA, KYA ve KKA değişkenleri arasında en düşük değer tuz stresinde belirlenmiştir. SPAD değeri tuz stresinde 49,80, kuraklık stresinde ise 49,83 olarak ölçülmüştür. HMH ise tuz stresi altında %71,03, kuraklık stresi altında %70,1 olarak kaydedilmiştir (Tablo 3.6.).

Tablo 3.6. Tuz ve kuraklık streslerinin biberin fizyolojik ve morfolojik karakterleri üzerine etkisi

Uygulama	SU (cm)	KU (cm)	SYA (g)	SKA (g)	KYA (g)	KKA (g)	SPAD	HMH (%)
Kontrol 2	25,00a	13,63a	4,40a	0,58	1,87	0,12	49,60	61,53b
Tuz	21,50a	11,90a	3,20b	0,43	0,91	0,10	49,80	71,03a
Kuraklık	21,73a	12,72a	4,23a	0,47	1,88	0,14	49,83	70,14a
Ortalama	22,74	12,75	3,94	0,49	1,55	0,12	49,75	67,57
Uygulamanın Ortalama Karesi(df=2)	10,55**	2,27öd	1,27*	0,02*	0,89**	0,12*	0,07öd	75,63 ^{öd}
Ortalama Hata Karesi (df=5)	0,50	1,32	0,05	0,00	0,00	0,00	0,23	40,77

¹: Aynı sütunda aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklar Tukey testine göre %5 önem seviyesinde önemsizdir, **, * ve öd: Sırasıyla çok önemli (p<0,01), önemli (p<0,05) ve önemsiz (p>0,05)

3.11.Biyokimyasal Parametreler

Ölçülen Parametreler: Hidrojen Peroksit (H₂O₂), Malondialdehit (MDA) ve Prolin Miktarı, Peroksidaz (POD), Askorbat Peroksidaz (APX), Süperoksit Dismutaz (SOD) ve Katalaz (CAT) Enzim Aktivitesi (EU/g).

Uygulamaların H₂O₂, MDA, prolin, POD, APX, SOD ve CAT üzerine önemli (p<0,01, p<0,05) etkileri Tablo 3.7.'de gösterilmektedir. Üşüme ve sıcak stresi altında H₂O₂ seviyelerinde sırasıyla 10,76 µmol/g ve 11,37 µmol/g ulaşan bir artış tespit edilmiştir. Yine, üşüme ve sıcak streslerinin kontrole göre MDA miktarını ve prolin içeriğini arttırdığı kaydedilmiştir. MDA miktarında artışın üşüme stresinde en yüksek değere (1,43 µmol/g) sahip olduğu belirlenmiştir. Aynı zamanda, prolin içeriğindeki en yüksek değer (0,85 µmol/g) üşüme stresinde belirlenmiştir (Tablo 3.7.).

Uygulamaların POD enzim aktivitesi üzerine etkisi değerlendirildiğinde, en yüksek değer üşüme stresinde (0,52 EU/g) belirlenirken, en düşük değer 0,25 EU/g ile sıcak stresinde tespit edilmiştir. Bu sonuç, APX ve CAT enzim aktivitesi ile aynı olup,

APX enzim aktivitesi deęerleri uşüme ve sıcak stresinde sırasıyla 0,55 EU/g ve 0,40 EU/g ölçülürken, CAT enzim aktivitesi 0,36 EU/g ve 0,05 EU/g olarak kaydedilmiştir. Diğer taraftan, SOD enzim aktivitesi kontrolde elde edilen deęere (22,92 EU/g) göre her iki stres grubunda da daha yüksek deęere sahip olduęu görülmüştür. Bu deęerler uşüme ve sıcak streslerinde sırasıyla 31, 48 ve 29,17 EU/g olarak ölçülmüştür (Tablo 3.7.).

Tablo 3.7. Uşüme ve sıcak streslerinin biberin biyokimyasal, prolin ve antioksidan enzim aktiviteleri üzerine etkisi

Uygulama	H ₂ O ₂ (µmol/g)	MDA (µmol/g)	PROLİN (µmol/g)	POD (EU/g)	APX (EU/g)	SOD (EU/g)	CAT (EU/g)
Kontro2 1	8,96b	0,59b	0,43b	0,36a	0,49a	22,92b	0,07b
Uşüme	10,76ab	1,43a	0,85a	0,52a	0,55a	31,48a	0,36a
Sıcak	11,37a	0,71b	0,47b	0,25a	0,40a	29,17a	0,05b
Ortalama	10,57	0,91	0,58	0,38	0,48	27,85	0,16
Uygulamanın Ortalama Karesi(df=2)	4,69*	0,01**	0,16**	0,05**	0,01**	58,57**	0,09**
Ortalama Hata Karesi (df=6)	0,70	0,00	0,00	0,01	0,00	1,01	0,00

¹: Aynı sütunda aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklar Tukey testine göre %5 önem seviyesinde önemsizdir, **, * ve öd: Sırasıyla çok önemli (p<0,01), önemli (p<0,05) ve önemsiz (p>0,05)

Uygulamaların H₂O₂, MDA, prolin, APX, SOD ve CAT üzerine önemli (p<0,01, p<0,05) etkileri Tablo 3.8'te gösterilmektedir.

Tuz ve kuraklık streslerinde H₂O₂ seviyelerinde (sırasıyla 15,23 µmol/g ve 15,35 µmol/g) artış olduęu tespit edilmiştir. Yine, tuz ve kuraklık streslerinin kontrole göre MDA miktarını ve prolin içeriğini arttırdığı kaydedilmiştir. MDA miktarında artışın kuraklık stresinde en yüksek deęere (2,48 µmol/g) sahip olduęu belirlenmiştir. Prolin içeriğindeki en yüksek deęer (3,45 µmol/g) tuz stresinde belirlenmiştir (Tablo 3.8.).

Uygulamaların POD enzim aktivitesi üzerine etkisi deęerlendirildiğinde en yüksek deęer tuz stresinde (0,67 EU/g) belirlenirken en düşük deęer 0,59 EU/g ile kontrol 2'de tespit edilmiştir. Bu sonuç, APX enzim aktivitesi ile benzer olup APX enzim aktivitesi deęerleri tuz ve kuraklık stresinde sırasıyla 0,77 EU/g ve 0,53 EU/g olarak belirlenmiş ve kontrol 2 en düşük APX enzim aktivitesi deęerine (0,41 EU/g) sahip olmuştur. Buna karşın SOD enzim aktivitesinde en yüksek deęere 32,25 EU/g ile kontrol 2 sahip olmuştur ve en düşük deęer 21,61 EU/g ile tuz stresinde elde edilmiştir. CAT enzim aktivitesi ele alındığında en yüksek deęer (0,21 EU/g) tuz stresinde elde edilmiştir. En düşük deęer ise 0,04 EU/g ile kuraklık stresinde tespit edilmiştir (Tablo 3.8.).

Tablo 3.8. Tuz ve kuraklık streslerinin biberin biyokimyasal, prolin ve antioksidan enzim aktiviteleri üzerine etkisi

Uygulama	H ₂ O ₂ (μ mol/g)	MDA (μ mol/g)	PROLİN (μ mol/g)	POD (EU/g)	APX (EU/g)	SOD (EU/g)	CAT (EU/g)
Kontro2 2	11,26b	1,28c	0,38b	0,59a	0,41c	32,25a	0,06b
Tuz	15,23a	1,52b	3,45a	0,67a	0,77a	21,61c	0,21a
Kuraklık	15,35a	2,48a	3,37a	0,64a	0,53b	28,47b	0,04b
Ortalama	13,94	1,76	2,40	0,63	0,57	27,45	0,026
Uygulamanın Ortalama Karesi(df=2)	15,84**	0,93**	8,43**	0,00öd	0,09**	87,61**	0,02*
Ortalama Hata Karesi (df=5)	0,18	0,00	0,05	0,00	0,00	0,36	0,00

¹: Aynı sütunda aynı harfle gösterilen ortalamalar arasındaki farklar Tukey testine göre %5 önem seviyesinde önemsizdir, **, * ve öd: Sırasıyla çok önemli (p<0,01), önemli (p<0,05) ve önemsiz (p>0,05)

Bu çalışmada, biber bitkisinde tuz, kuraklık, sıcaklık ve üşüme streslerinin morfolojik, fizyolojik ve biyokimyasal etkileri değerlendirilmiştir. Dört abiyotik strete de büyüme parametrelerinin kontrol 1/2'ye göre azaldığı, buna karşın oksidatif stres göstergelerinde artış gözlemlenmiştir. Bulgular, her bir stres faktörünün farklı metabolik yanıt mekanizmalarını uyardığını ortaya koymuştur.

Tuz stresinde sürgün uzunluğu %14, kök uzunluğu %13 oranında azalmış, buna karşın HMH %71 yükselmiştir (Tablo 3.6.). Bu durum, iyonik birikim sonucu oluşan ozmotik dengesizliğin hücre zarı bütünlüğünün bozulduğunu gösterir. H₂O₂ (15,23 μ mol/g) ve MDA (1,52 μ mol/g) düzeylerindeki artış, oksidatif hasarın belirginleştiğini, buna karşılık prolin miktarının (3,45 μ mol/g) yaklaşık dokuz kat artması (Tablo 3.8.), hücre içi ozmoregülasyon mekanizmasının etkin biçimde devreye girdiğini gösterir (Kacjan Maršić et al., 2021; Zamani et al 2024). Ayrıca SOD aktivitesindeki azalma (32,25'ten 21,61 EU/g'a) ve CAT aktivitesindeki artış (0,06'dan 0,21 EU/g'a) redoks dengesinin antioksidan enzimlerle düzenlendiğini doğrular (Zamani et al 2024). Ek olarak, biberde tuzluluk etkisini hafifleten dışsal düzenleyiciler üzerine yapılan çalışmalar, kitosanın kadmiyum (Cd) stresinde MDA ve H₂O₂ düzeylerini düşürerek hücre zarı bütünlüğünü koruduğunu; strigolakton uygulamasının ise tuz stresinde oksidatif hasarı belirgin şekilde azalttığını bildirmiştir (Ekinci et al., 2024; Yuce et al., 2025). Bu çalışmaların sonuçları, mevcut bulgularımızdaki MDA ve H₂O₂ artışlarının doğal stres yanıtı olduğunu ve dışsal düzenleyicilerle bu baskının azaltılabileceğini ortaya koymuştur.

Kuraklık stresi, bitki büyümesinde önemli azalmalarla birlikte prolin (3,37 μ mol/g), MDA (2,48 μ mol/g) ve H₂O₂ (15,35 μ mol/g) düzeylerinde ise artışa neden

olmuştur (Tablo 3.6). Antioksidan sistemde APX (0,41'den 0,53 EU/g'a) ve POD (0,59'dan 0,64 EU/g'a) aktivitelerindeki artış, suyun azalmasına karşın artan ROT'ların etkinleştiğini gösterir (Tablo 3.8.). Bu eğilim, kuraklık koşullarında prolin birikimi ve APX aktivitesi artışı bulgularıyla paralellik gösterir (Poudyal et al., 2023; Iqbal et al., 2023). Bununla birlikte SOD ve CAT aktivitelerindeki düşüş (sırasıyla 32,25'ten 28,47 EU/g'a ve 006'dan 0,04 EU/g'a) stres şiddetinin antioksidan savunma kapasitesinin üst sınırını aştığını ve enzimatik sistemin yetersiz olduğuna işaret eder (Tablo 3.8).

Sıcaklık stresinde, sürgün yaş ağırlığında %19'luk azalma ve H₂O₂ düzeyinde (8,96'dan 11,37 µmol/g'e) belirgin bir artış olmuştur (Tablo 3.5.). Dang et al., (2018), biber bitkisi ile yaptıkları sıcaklık stresi çalışmasında sürgün kısımlarında su kaybına bağlı ağırlık kayıpları olduğunu ve 24 saat boyunca 42°C stres uygulaması ile kontrol bitkilerinde H₂O₂ birikimi tespit etmiştir. POD ve CAT aktivitelerinde sırasıyla %30 ve %28 oranında azalma görülmesi, sıcaklık stresinin hücredeki antioksidan kapasitesini baskıladığını, buna karşın SOD aktivitesinin (22,92'den 29,17 EU/g'a) yükselmesiyle süperoksit radikallerinin kısmen kontrol altında tutulduğunu gösterir (Zargar et al., 2025). Bu durum, sıcaklık stresi koşullarında devreye giren erken adaptif yanıtı işaret eder.

Üşüme stresinde, kök uzunluğu %13, sürgün kuru ağırlığı %49 oranında düşmüştür. Buna karşın prolin miktarı 0,43'ten 0,85 µmol/g'a, MDA 0,59'dan 1,43 µmol/g'a yükselmiştir (Tablo 3.5.). Bu bulgular, düşük sıcaklıkta prolin ve MDA artışı bildiren sonuçları ile uyumludur (Pei et al., 2024). Biberde soğuk stresinde molibden uygulaması ile MDA birikiminin azalması, mevcut çalışmamızda gözlenen artışın mineral destek olmadan oksidatif baskının daha belirgin hale geldiğini göstermesi açısından önemlidir (Dere, 2023). SOD (22,92'den 31,48 EU/g'a) ve APX (0,49'dan 0,55 EU/g'a) aktivitelerindeki artış, düşük sıcaklığın tetiklediği oksidatif hasarın enzimatik yollarla dengelendiğini gösterir (Tablo 3.7). CAT aktivitesinde (0,07'den 0,36 EU/g'a) belirgin artış (Tablo 3.7) ise bu genotipin üşüme stresinde savunma mekanizmasını hızlı bir şekilde aktive edebildiğini ortaya koymuştur (Altaf et al., 2022; Pei et al., 2024).

Genel olarak dört abiyotik stresin tümünde büyüme parametreleri azalırken, prolin ve MDA seviyeleri ile bazı enzim aktiviteleri artmıştır. Elde edilen veriler biber bitkisinin stres türüne bağlı olarak farklı enzimatik savunma stratejileri geliştirdiğini, özellikle prolin birikimi ve CAT-SOD sisteminin stres toleransında kritik rol oynadığını gösterir.

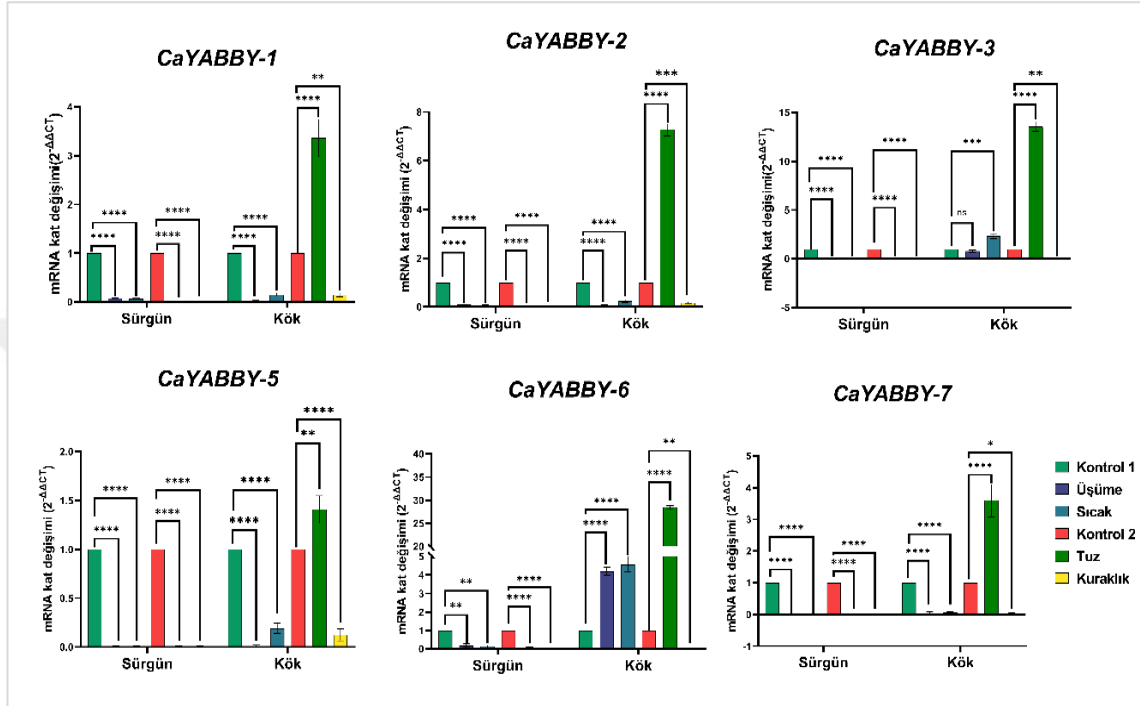
3.12. Kantitatif Real Time PCR (RT-qPCR) Analizleri

CaYABBY gen ailesine ait altı genin üşüme, sıcaklık, tuz ve kuraklık koşullarındaki transkripsiyonel yanıtları, $2^{-\Delta\Delta Ct}$ yöntemi kullanılarak sürgün ve kök dokularında değerlendirilmiştir. İstatistiksel anlamlılık düzeyleri ns (anlamsız), * $p < 0.05$ (anlamlı), ** $p < 0.01$ (yüksek derece anlamlı), *** $p < 0.001$ (çok yüksek derecede anlamlı) ve **** $p < 0.0001$ (son derece anlamlı) olarak yorumlanmıştır. Çubuklar ortalama \pm SH (n=3) gösterir (Şekil 3.9.). Elde edilen RT-qPCR sonuçları, *CaYABBY* gen ailesinin dokuya ve stres türüne özgü belirgin bir ifade düzeyine sahip olduğunu göstermiştir (Şekil 3.9.). Gen ailesinin büyük bölümü (*CaYABBY1*, *CaYABBY2*, *CaYABBY3*, *CaYABBY5* ve *CaYABBY7*), sürgün dokusunda tüm stres uygulamaları altında belirgin bir aşağı regülasyon sergilemiştir (Şekil 3.9.). Aynı genlerde kök dokusunda ise tuz stresi dışındaki üç stres koşulunda (üşüme, sıcaklık, kuraklık) benzer şekilde güçlü bir aşağı regülasyon gözlenmiştir. Bu durum, söz konusu genlerin Demre genotipinde abiyotik stres koşullarında özellikle sürgün dokusunda baskılandığını ve stres yanıtında potansiyel olarak negatif düzenleyici veya sınırlı düzeyde görev üstlenen unsurlar olabileceğine işaret eder.

Kök dokusunda tuz stresi, gen ailesinin tamamında belirgin düzeyde pozitif yönlü ifade artışına neden olmuş ve bu yanıt, özellikle *CaYABBY6* geninde istisnai düzeyde bir indüksiyonla ortaya çıkmıştır. *CaYABBY6*, kontrol koşuluna göre yaklaşık 30 kata ulaşan ($p < 0.0001$) artış değeriyle, tuz stresine karşı en baskın yanıt veren üye konumundadır (Şekil 3.9.). Diğer 5 gendeki yukarı regülasyon düzeyleri de anlamlı bulunmuş; artış değerleri yaklaşık 1.4-14,3 kat aralığındadır. Bu sonuçlar, *CaYABBY* gen ailesinin özellikle kök dokusunda tuz stresine bağlı adaptasyon mekanizmalarında önemli bir rol üstlendiğini güçlü biçimde desteklemektedir.

Bulgular ayrıca gen ailesinin altı üyesinin ısı stresine karşı farklılaşmış stres yanıtı sergilediğini göstermiştir. *CaYABBY6*, kök dokusunda üşüme ve sıcaklık uygulamalarında sırasıyla yaklaşık olarak 4,3-4,5 katlık bir yukarı regülasyon göstermiştir ($p < 0.0001$). Benzer şekilde *CaYABBY3* kök dokusunda sıcaklık stresi altında yaklaşık 2 katlık anlamlı bir artış sergilemiş ($p < 0.001$), ancak kök dokusunda üşüme stresindeki değişimi istatistiksel olarak anlamsız bulunmuştur (ns). Bu ifadeler, *CaYABBY* gen ailesinin yalnızca tuz stresine değil, ısı stresine de belirli üyeler düzeyinde yanıt verdiğini ortaya koymuştur.

Bu bulgular genel olarak, *CaYABBY* gen ailesi üyelerinin abiyotik stres koşullarında belirgin bir fonksiyonel özelleşme gösterdiğini; tuz stresine yönelik kök temelli adaptasyon yanıtlarında *CaYABBY6*'nın kritik bir konuma sahip olduğu, *CaYABBY3* ve *CaYABBY6*'nın ise sıcaklık değişimlerine karşı dokuya özgü pozitif düzenleyici roller üstlendiğini ortaya koymaktadır.



Şekil 3.9. Sürgün ve kök dokusunda kontrol 1, üşüme, sıcak, kontrol 2, tuz ve kuraklık uygulanan Demre biberinde altı *YABBY* geninin ifade düzeyinin değerlendirilmesi

Bu çalışmadan elde edilen RT-qPCR sonuçları, *CaYABBY* gen ailesinin abiyotik streslere karşı belirgin biçimde doku ve gen-özümlerini göstermektedir. Özellikle *CaYABBY6*'nın kök dokusunda üşüme ve sıcak streslerinde yaklaşık 3,3-4,5 kat artış göstermesi ve tuz stresine karşı yaklaşık 30 katlık artış göstermesi, bu genin biberde abiyotik stres toleransında merkezi bir düzenleyici olabileceğine işaret eder. *CaYABBY3*'ün kökte tuz ve sıcaklık stresi altında artış göstermesi, buna karşın sürgünde bu streslere yanıt vermemesi ise aile içinde işlevsel ayrışma olduğunu gösterir. Bu bulgular, *YABBY* ailesinin yalnızca gelişim süreçlerinde değil, stres koşullarında da gen-ve doku-özümlerini farklı roller üstlendiğini ortaya koymuştur (Inal et al., 2017; Zhang et al., 2024b).

Fang et al., (2025), CaYABBY üyelerinin gelişimsel ifade profillerini Zunla biberine ait veriler ile çalışmış ve *CaYABBY3*'ün çiçek ve genç meyve dokularında yüksek, *CaYABBY6*'nın ise genel olarak düşük gen ifadesi düzeyine sahip olduğunu ve *CaYABBY5*'in petal ve ovaryumda çok yüksek düzeyde ifade edildiğini bildirmiştir. Bu sonuçlardaki gelişimsel doku-temelli ayrışma, çalışmamızdaki *CaYABBY3* ve *CaYABBY6*'nın stres altında gösterdiği güçlü ve dokuya özgü tepkilerle uyumludur. Bu durum, *CaYABBY* gen ailesinin hem gelişimsel hem de çevresel koşullar altında farklı genlere dağıtılmış çok yönlü işlevlere sahip olduğunu gösterir.

Bulgular ayrıca *Solanaceae* ailesindeki diğer türlerle de uyumludur. Domateste *YABBY* ailesi ile yapılan genom çaplı analiz, promotörlerde tuz ve kuraklıkla ilişkili *cis*-elementlerin yoğunluğu bildirilmiştir (Huang et al., 2013). Yine aynı familyadan olan patateste (*S. tuberosum* L.) yapılan *in silico* RNA-seq tabanlı gen ifade analizi *YABBY* genlerinin çoğunun tuz, kuraklık, sıcak ve üşüme streslerine karşı diferansiyel ifade gösterdiğini ortaya koymuştur (Mazhar et al., 2023). Bu da biberde gözlenen tuz/kök-özgü indüksiyon düzeyinin filogenetik açıdan tutarlı olduğunu gösterir.

4. SONUÇ VE ÖNERİLER

4.1. Sonuç

CaYABBY gen ailesinde yapılan ekzon-intron analizleri, genlerin yapısal çeşitliliğinin hem evrimsel hem de işlevsel açıdan önemini ortaya koymuştur. İntron ve ekzon sayılarında gözlenen farklılıklar, gen ailesi üyelerinin evrimsel süreçte dinamik bir yapı kazandığını ve farklı gelişimsel süreçler ile stres koşullarında fonksiyon çeşitliliğine işaret etmektedir.

Filogenetik analizler, *CaYABBY* gen ailesinin beş ana alt grup (FIL, YAB2, CRC, INO ve YAB5) içinde toplandığını ve biber genomunda bu aileyi temsil eden dokuz genin bulunduğunu göstermiştir. *CaYABBY* genlerinin türler arasında güçlü ortolojik ilişkiler göstermesi, *YABBY* ailesinin yapısal olarak korunduğunu ortaya koymaktadır.

CaYABBY proteinleri ile yapılan motif ve domain analizleri, tüm üyelerde C-terminal ve HMG-kutusu içeren *YABBY* domainlerini temsil eden motif 1 ve *YABBY* - N terminal ve C2C2 tipi çinko parmak domainini içeren Motif 2 ve Motif 3'ün yüksek düzeyde korunduğunu, buna karşın kısa motiflerde sınırlı varyasyonlar bulunduğunu göstermiştir. Özellikle *CaYABBY3* geninde Motif 2 ve Motif 3 bulunmaması, bu üyenin diğer *YABBY* paraloglarından yapısal olarak ayrıştığını ve *Solanaceae* türlerinde raporlanan domain varyasyonlarıyla uyumlu bir farklılaşma sergilediğini ortaya koymuştur. Sonuçlar, *CaYABBY* ailesindeki motif düzenlerinin evrimsel olarak korunmuş temel *YABBY* genlerinin işlevlerini desteklerken, *CaYABBY3* gözlenen motif kayıplarının fonksiyonel çeşitlenmeden dolayı olabileceğini göstermektedir.

Promotör analizleri, *CaYABBY* gen ailesinin *cis*-etkili elementlerinin hem stres yanıtı (özellikle ARE ve STRE) hem de temel transkripsiyonel aktiviteden sorumlu çekirdek promotör elementleri (TATA-kutusu, CAAT-kutusu ve A~TATA kutusu) açısından zengin olduğunu göstermektedir. Stres yanıtında *CaYABBY5* dışındaki diğer sekiz gende stres yanıtı *cis*-etkili elementin bulunması, *CaYABBY* genlerinin işlevsel çeşitliliğinin yanı sıra gelişimsel süreçler kadar çevresel uyarılara yanıtı da düzenlendiğini ortaya koymaktadır. Fang et al., (2025) tarafından rapor edilen hormon yanıtı ve stres ilişkili *cis*-element dağılımı ile uyumlu olan bulgularımız, *CaYABBY* ailesinin işlevsel olarak korunduğunu fakat türlere göre belirli varyasyonlar içeren bir transkripsiyonel düzenleme yapısına sahip olduğunu göstermektedir. Ek olarak henüz

tanımlanmamış isimsiz cis-etkili elementlerinin varlığı çoğu *YABBY* geninde tanımlanmıştır, Unnamed_4 motifi tüm *CaYABBY* üyelerinde tespit edilmiştir.

CaYABBY gen ailesine ait ontoloji dağılımları, bu genlerin bitki gelişimi ve transkripsiyonel düzenleme süreçlerinde önemli roller üstlendiğini göstermektedir. Özellikle gelişimsel süreçler kategorisinde gözlemlenen yoğunluk, *YABBY* ailesinin düzenleyici işlevlerine işaret etmektedir.

CaYABBY genlerinin çoğunlukla çekirdekte konumlanması, bu genlerin temel olarak transkripsiyonel düzenleyici işlevler üstlendiğini doğrulamaktadır. *CaYABBY7*'nin çoklu lokalizasyon sinyali, bu genin klasik *YABBY* işlevinin ötesinde işlevler üstlenebileceğine işaret etmektedir. Homoloji modelleme sonuçları *CaYABBY* gen ailesinin büyük oranda yapısal korunum sergilediğini, ancak *CaYABBY3*'ün motif kayıpları ile doğru orantılı bir şekilde işlevsel veya yapısal açıdan farklılaştığını göstermektedir.

Çalışma bulguları, *C. annuum* bitkisinin abiyotik stres koşullarına verdiği yanıtların fizyolojik, biyokimyasal ve morfolojik olarak stres türüne göre değişkenlik gösterdiğini ortaya koymuştur. Tuz ve kuraklık stresleri büyüme ve biyokütle üzerinde en belirgin düşüşü sağlarken sıcaklık ve üşüme stresleri artan oksidatif hasarı belirgin bir şekilde dengelemiştir. Tuz koşullarında prolin birikimi ve CAT aktivitesi artarken SOD aktivitesi azalmıştır. Kuraklıkta ise prolinde artış, SOD ve CAT aktivitelerinde düşüş gözlenmiştir. Sıcaklık stresinde artan H₂O₂ düzeyine rağmen SOD aktivitesinin yükselmesi, erken adaptif savunmayı göstermektedir. Üşüme stresinde prolin, MDA, SOD ve APX aktivitelerindeki artış Demre genotipinin düşük sıcaklığa karşı belirli bir dayanıklılığa sahip olduğunu düşündürmektedir.

Bu çalışma, *CaYABBY* gen ailesinin biber bitkisinde abiyotik stres koşullarına karşı dokuya özgü gen ifadesi profillerine sahip olduğunu göstermiştir. *CaYABBY6* özellikle kök dokusunda tuz stresinde güçlü bir şekilde indüklenmiş ve potansiyel bir tuz tolerans regülatörü işlevi göstermiştir. Ayrıca *CaYABBY6*'nın kök dokusunda üşüme ve sıcak streslerine yanıt vermesi, bu geninin abiyotik streslerde dokuya özgü etkisini gösterir. *CaYABBY3* ise sıcak stresine doku-spesifik bir yanıt vererek gen ailesi üyeleri arasında farklı düzeyde stres toleransı göstermiştir. Bazı üyeler (*CaYABBY1* ve *CaYABBY2*) negatif regülatör olarak işlev görebilirken, diğer genler pozitif düzenleyici

olarak görev alabilir. Bu, *CaYABBY* ailesinin stres-adaptasyonundaki işlevsel farklılığını ortaya koyar.

4.2. Öneriler

Gelecekte yapılacak arařtırmalar, *CaYABBY* genlerinde gözlenen yapısal farklılıkların fonksiyonel etkilerini ortaya koymaya odaklanmalıdır. Transkripsiyon sonrası düzenleyici mekanizmaların (UTR bölgelerinin fonksiyonları) arařtırılması, bu genlerin stres adaptasyonundaki rollerini anlamaya yarayacaktır.

Filogenetik analizler dođrultusunda, özellikle FIL, INO ve CRC alt gruplarında yer alan *CaYABBY* genlerinin fonksiyonel dođrulama için *Arabidopsis* veya *Capsicum* bitkilerinde aşırı ifade artışı ya da CRISPR tabanlı mutant analizleriyle fenotipik etkilerinin incelenmesi önerilmektedir. Bu yaklaşımlar, *CaYABBY* genlerinin gelişimsel süreçler ve stres tepkilerindeki rollerinin daha kapsamlı şekilde aydınlatılmasına olanak sağlayacaktır (Fang et al., 2025; Huang et al., 2013).

Stres yanıtı cis-etkili elementlerin işlevselliğine yönelik *CaYABBY* gen ifadesi düzeylerinin belirlenmesi, bu elementlerin fonksiyonel rollerini dođrulamada kritik olacaktır. Unnamed_4 elementinin fonksiyonel analizi, yeni düzenleyici mekanizmaların keşfine katkı sağlayabilir.

Ortolog sonuçlarının deneysel dođrulanması amacıyla *CaYABBY* genlerinin doku-özü ifade profilleri, fonksiyonel validasyon deneyleri (ör. aşırı ifade ettirme veya gen susturma yaklaşımları) ile desteklenmelidir. GO atamalarının biyolojik geçerliliğini artırmak için, stres koşulları altında farklı gelişim evrelerinde gen ifadesi analizleri yapılması önerilebilir.

CaYABBY3 özelinde, protein yapısının modelleme tabanlı yöntemlerle (ör. AlphaFold) analiz edilmesi, motif eksikliđinin yapısal bütünlüğe etkisini ortaya koyabilir. Ayrıca, *CaYABBY3*'ün farklılaşmış işlevini aydınlatmak üzere dokuya özü ifade profilleri ve pozitif seçim analizlerinin yapılması, genin olası fonksiyonel çeşitliliğe eğilimini belirlemede yararlı olacaktır.

Uzun süreli stres koşullarında yapılacak deneysel dođrulamalar, kısa dönemli adaptasyon ve kalıcı tolerans arasındaki farkların ortaya konmasına katkı sağlayacaktır. Tuz ve kuraklık stresine dayanıklı hatların ıslahında prolin birikimi, CAT ve APX aktiviteleri seleksiyon kriteri olarak deđerlendirilebilir. Üşüme ve sıcaklık koşullarında

SOD ve CAT aktivitelerinin belirgin şekilde farklılık göstermesi, bu enzimlerin stres seçiciliği açısından kritik olduğunu göstermektedir. Dolayısıyla ilerleyen araştırmalarda bu iki stres için özellikle SOD izoformlarının ve ısı/soğuk şok proteinleri ile ilişkilerinin moleküler düzeyde analiz edilmesi önerilir.

Bu çalışmada belirgin şekilde öne çıkan *CaYABBY6* ve *CaYABBY3* genlerinin stres koşullarındaki rollerinin daha iyi anlaşılması için ileri düzey fonksiyonel analizlerin (aşırı ifade veya baskılama çalışmaları) değerlendirilmesi yararlı olabilir. Ayrıca, promotör bölgelerinde saptanan stresle ilişkili *cis*-elementlerin işlevsel olarak doğrulanması ve gen ifadelerinin fizyolojik stres göstergeleriyle birlikte ele alınması, *CaYABBY* ailesinin biber stres adaptasyonundaki konumunu net biçimde ortaya koyabilir.



KAYNAKÇA

- Abiko, M., Ohmori, Y., & Hirano, H. Y. (2008). Genome-wide expression profiling and identification of genes under the control of the *DROOPING LEAF* gene during midrib development in rice. *Genes & genetic systems*, 83(3), 237-244. <https://doi.org/10.1266/ggs.83.237>
- AbuQamar, S., Luo, H., Laluk, K., Mickelbart, M. V., & Mengiste, T. (2009). Crosstalk between biotic and abiotic stress responses in tomato is mediated by the AIM1 transcription factor. *The Plant Journal*, 58(2), 347-360. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313x.2008.03783.x>
- Ali, M., Muhammad, I., ul Haq, S., Alam, M., Khattak, A. M., Akhtar, K., Ullah, H., | Khan, A., Lu, G., & Gong, Z. H. (2020). The *CaChiVI2* gene of *Capsicum annuum* L. confers resistance against heat stress and infection of *Phytophthora capsici*. *Frontiers in Plant Science*, 11, 219. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00219>
- Alluqmani, S. M., & Alabdallah, N. M. (2023). Exogenous application of carbon nanoparticles alleviates drought stress by regulating water status, chlorophyll fluorescence, osmoprotectants, and antioxidant enzyme activity in *Capsicum annuum* L. *Environmental Science and Pollution Research*, 30(20), 57423-57433. <https://doi.org/10.1007/s11356-023-26606-0>
- Altaf, M. A., Shu, H., Hao, Y., Mumtaz, M. A., Lu, X., & Wang, Z. (2022). Melatonin affects the photosynthetic performance of pepper (*Capsicum annuum* L.) seedlings under cold stress. *Antioxidants*, 11(12), 2414. <https://doi.org/10.3390/antiox11122414>
- Angon, P. B., Tahjib-Ul-Arif, M., Samin, S. I., Habiba, U., Hossain, M. A., & Brestic, M. (2022). How do plants respond to combined drought and salinity stress? —A systematic review. *Plants*, 11(21), 2884. <https://doi.org/10.3390/plants11212884>
- Anjum, A., Shahfiq, M., Akhtar, S., Ali, M., Jabeen, N., Ali, S., & Chattha, M. B. (2025). Comprehensive genome-wide analysis of plant-specific YABBY transcription factor gene family in beetroot (*Beta vulgaris*) and its association with *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Horticultural Science & Technology*, 8(3), 92-99. <https://doi.org/10.46653/jhst25083092>
- Araz, O., Ekinci, M., & Yildirim, E. (2025). Physiological, Biochemical and Molecular Response of Pepper Genotypes Exposed to Water Deficit. *Journal of Crop Health*, 77(1), 46. <https://doi.org/10.1007/s10343-025-01110-2>
- Arnaoudova, Y., Topalova, E., & Todorova, V. (2020). High temperature effect on the male gametophyte and the photosynthetic activity of two *Capsicum annuum* L. cultivars. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 26(2).
- Bailey, T. L., Williams, N., Mischak, H. E., Li, W. W. 2006. MEME: Discovering and analyzing DNA and protein sequence motifs. *Nucleic Acids Research*, 34: W369-W373. <https://doi.org/10.1093/nar/gkl198>
- Balasubramanian, S., & Schneitz, K. (2002). NOZZLE links proximal-distal and adaxial-abaxial pattern formation during ovule development in *Arabidopsis thaliana*. <https://doi.org/10.1242/dev.129.18.4291>

- Bao, F., Du, D., An, Y., Yang, W., Wang, J., Cheng, T., & Zhang, Q. (2017). Overexpression of *Prunus mume* Dehydrin Genes in Tobacco Enhances Tolerance to Cold and Drought. *Frontiers in plant science*, 8, 151. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00151>
- Bates, L. S., Waldren, R. A., & Teare, I. D. (1973). Rapid determination of free proline for water-stress studies. *Plant and soil*, 39, 205-207. <https://doi.org/10.1007/bf00018060>
- Bhat, S. (2022). Building the Python App. In: Practical Docker with Python. Apress, Berkeley, CA. https://doi.org/10.1007/978-1-4842-7815-4_3
- Blum, M., Andreeva, A., Florentino, L. C., Chuguransky, S. R., Grego, T., Hobbs, E., Pinto, B. L., Orr, A., Paysan-Lafosse, T., Ponamareva, I., Salazar, G.A., Bordin, N., Bork, P., Bridge, A., Colwell, L., Gough, J., Haft, D. H., Letunic, I., Llinares-López, F. & Bateman, A. (2025). InterPro: the protein sequence classification resource in 2025<? mode longmeta?>. *Nucleic acids research*, 53(D1), D444-D456. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae1082>
- Bojórquez-Quintal, E., Velarde-Buendía, A., Ku-González, Á., Carillo-Pech, M., Ortega-Camacho, D., Echevarría-Machado, I., ... & Martínez-Estévez, M. (2014). Mechanisms of salt tolerance in habanero pepper plants (*Capsicum chinense* Jacq.): Proline accumulation, ions dynamics and sodium root-shoot partition and compartmentation. *Frontiers in plant science*, 5, 605. <https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00605>
- Bonaccorso, O. (2017). Identifying downstream targets of FILAMENTOUS FLOWER, a YABBY transcription factor that promotes organ polarity and lateral growth in *Arabidopsis*.
- Borràs, D., Barchi, L., Schulz, K., Moglia, A., Acquadro, A., Kamranfar, I., Balazadeh, S., & Lanteri, S. (2021). Transcriptome-Based Identification and Functional Characterization of NAC Transcription Factors Responsive to Drought Stress in *Capsicum annuum* L. *Frontiers in genetics*, 12, 743902. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.743902>
- Boter, M., Golz, J. F., Giménez-Ibañez, S., Fernandez-Barbero, G., Franco-Zorrilla, J. M., & Solano, R. (2015). FILAMENTOUS FLOWER is a direct target of JAZ3 and modulates responses to jasmonate. *The Plant Cell*, 27(11), 3160-3174. <https://doi.org/10.1105/tpc.15.00220>
- Bouché, N., Yellin, A., Snedden, W. A., & Fromm, H. (2005). Plant-specific calmodulin-binding proteins. *Annu. Rev. Plant Biol.*, 56(1), 435-466. <https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.56.032604.144224>
- Bowman, J. L. (2000). The YABBY gene family and abaxial cell fate. *Current opinion in plant biology*, 3(1), 17-22. [https://doi.org/10.1016/s1369-5266\(99\)00035-7](https://doi.org/10.1016/s1369-5266(99)00035-7)
- Bowman, J. L., & Smyth, D. R. (1999). *CRABS CLAW*, a gene that regulates carpel and nectary development in *Arabidopsis*, encodes a novel protein with zinc finger and helix-loop-helix domains. *Development*, 126(11), 2387-2396. [https://doi.org/10.1016/s1369-5266\(99\)00035-7](https://doi.org/10.1016/s1369-5266(99)00035-7)
- Bowman, J. L., Eshed, Y., & Baum, S. F. (1999). Establishment of polarity in angiosperm lateral organs. *Trends in Genetics*, 15(4), 151-156. [https://doi.org/10.1016/s0168-9525\(01\)02601-4](https://doi.org/10.1016/s0168-9525(01)02601-4)

- Brown, G. R., Hem, V., Katz, K. S., Ovetsky, M., Wallin, C., Ermolaeva, O., Tolstoy, I., Tatusova, T., Pruitt, K. D., Maglott, D. R., & Murphy, T. D. (2015). Gene: A gene-centered information resource at NCBI. *Nucleic Acids Research*, 43(D1), D36-D42. <https://doi.org/10.1093/nar/gku1055>
- Butt, M., Sattar, A., Abbas, T., Hussain, R., Ijaz, M., Sher, A., Shahzad, U., Ullah, S., Brestic, M., Zivcak, M., Gasparovic, K., Aljuaid, B. S., El-Shehaw, A. M. & Zuan, A. T. K. (2021). Morpho-physiological and biochemical attributes of Chili (*Capsicum annum* L.) genotypes grown under varying salinity levels. *PLoS One*, 16(11), e0257893. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0257893>
- Buttar, Z. A., Yang, Y., Sharif, R., Nan Wu, S., Xie, Y., & Wang, C. (2020). Genome wide identification, characterization, and expression analysis of YABBY-gene family in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agronomy*, 10(8), 1189. <https://doi.org/10.3390/agronomy10081189>
- Chao, J., Li, Z., Sun, Y., Aluko, O. O., Wu, X., Wang, Q., & Liu, G. (2021). MG2C: A user-friendly online tool for drawing genetic maps. *Molecular horticulture*, 1(1), 16. <https://doi.org/10.1186/s43897-021-00020-x>
- Cao, Y., Yang, W., Ma, J., Cheng, Z., Zhang, X., Liu, X., Wu, X., & Zhang, J. (2024). An Integrated Framework for Drought Stress in Plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(17), 9347. <https://doi.org/10.3390/ijms25179347>
- Chance, B., & Maehly, A. C. (1955). [136] Assay of catalases and peroxidases. [https://doi.org/10.1016/S0076-6879\(55\)02300-8](https://doi.org/10.1016/S0076-6879(55)02300-8)
- Chaves, M. M., Maroco, J. P., & Pereira, J. S. (2003). Understanding plant responses to drought—from genes to the whole plant. *Functional Plant Biology*, 30(3), 239-264. <https://doi.org/10.1071/fp02076>
- Chaves, M.M., Flexas, J., & Pinheiro, C. (2009). “Photosynthesis under drought and salt stress: regulation mechanisms from whole plant to cell.” *Annals of Botany*, 103(4), 551-560. <https://doi.org/10.1093/aob/mcn125>
- Chen, S., Hou, J., Fu, Y., & Li, H. (2022). Genome-wide identification of YABBY transcription factors in *Brachypodium distachyon* and functional characterization of *Bd DROOPING LEAF*. *Plant Physiology and Biochemistry*, 185, 13-24. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2022.05.030>
- Chen, Y. Y., Hsiao, Y. Y., Li, C. I., Yeh, C. M., Mitsuda, N., Yang, H. X., ... & Tsai, W. C. (2020). Ancestral duplicated *DL/CRC* orthologs display function on orchid reproductive organ innovation. *bioRxiv*, 2020-02. <https://doi.org/10.1101/2020.02.12.945865>
- Chen, Y. Y., Hsiao, Y. Y., Li, C. I., Yeh, C. M., Mitsuda, N., Yang, H. X., ... & Tsai, W. C. (2021). The ancestral duplicated *DL/CRC* orthologs, *PeDL1* and *PeDL2*, function in orchid reproductive organ innovation. *Journal of Experimental Botany*, 72(15), 5442-5461. <https://doi.org/10.1093/jxb/erab195>
- Crooks, G. E., Hon, G., Chandonia, J. M., Brenner, S. E. 2004. WebLogo: A sequence logo generator. *Genome Research*, 14(6): 1188-1190. <https://doi.org/10.1101/gr.849004>
- Cutler, S. R., Rodriguez, P. L., Finkelstein, R. R., & Abrams, S. R. (2010). Abscisic acid: emergence of a core signaling network. *Annual Review of Plant Biology*, 61, 651-679. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042809-112122>

- Dai, M., Hu, Y., Zhao, Y., Liu, H., & Zhou, D. X. (2007). A *WUSCHEL-LIKE HOMEBOX* gene represses a *YABBY* gene expression required for rice leaf development. *Plant physiology*, 144(1), 380-390. <https://doi.org/10.1104/pp.107.095737>
- Dang, F., Lin, J., Xue, B., Chen, Y., Guan, D., Wang, Y., & He, S. (2018). *CaWRKY27* negatively regulates H₂O₂-mediated thermotolerance in pepper (*Capsicum annuum*). *Frontiers in Plant Science*, 9, 1633. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01633>
- Delfine, S., Tognetti, R., Loreto, F., & Alvino, A. (2002). Physiological and growth responses to water stress in field-grown bell pepper (*Capsicum annuum* L.). *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 77(6), 697-704. <https://doi.org/10.1080/14620316.2002.11511559>
- Dere, S. (2023). Effect of molybdenum application in pepper (*Capsicum annuum* L.) under cold stress conditions. *International Journal of Agriculture Environment and Food Sciences*, 7(4), 838-846. <https://doi.org/10.31015/jaefs.2023.4.14>
- Djanaguiraman, M., Prasad, P. V., Boyle, D. L., & Schapaugh, W. T. (2011). High-temperature stress and soybean leaves: Leaf anatomy and photosynthesis. *Crop Science*, 51(5), 2125-2131. <https://doi.org/10.2135/cropsci2010.10.0571>
- Dunnett, C. W. 1955. A multiple comparison procedure for comparing several treatments with a control. *Journal of the American Statistical Association*, 50 (272), 1096-1121. <https://doi.org/10.1080/01621459.1955.10501294>
- Eddy, S. R. (2011). Accelerated profile HMM searches. *PLoS Computational Biology*, 7(10), e1002195. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002195>
- Ekinci, M., Shams, M., Turan, M., Ucar, S., Yaprak, E., Yuksel, E. A., Aydin, M., Ilhan E., Agar, G., Ercisli S. & Yildirim, E. (2024). Chitosan mitigated the adverse effect of Cd by regulating antioxidant activities, hormones, and organic acids contents in pepper (*Capsicum annum* L.). *Heliyon*, 10(17). <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e36867>
- Emmanuel-Ikpeme, C. Henry, P. & Okiri, O. A. (2014). Comparative evaluation of the nutritional, phytochemical and microbiological quality of three pepper varieties. *Journal of food and nutrition sciences*, 2(3), 74-80. <https://doi.org/10.11648/j.jfns.20140203.15>
- Erickson, A. N., & Markhart, A. H. (2001). Flower production, fruit set, and physiology of bell pepper during elevated temperature and vapor pressure deficit. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 126(6), 697-702. <https://doi.org/10.21273/jashes.126.6.697>
- Eshed, Y., Baum, S. F., & Bowman, J. L. (1999). Distinct mechanisms promote polarity establishment in carpels of *Arabidopsis*. *Cell*, 99(2), 199-209. [https://doi.org/10.1016/s0092-8674\(00\)81651-7](https://doi.org/10.1016/s0092-8674(00)81651-7)
- Ezcurra, I., Wycliffe, P., Nehlin, L., Ellerström, M., & Rask, L. (1999). Transactivation of the Brassica napus napin promoter by ABI3 requires interaction of the conserved B2 and B3 domains of ABI3 with different cis-elements. *The Plant Journal*, 19(4), 423-431. <https://doi.org/10.1046/j.1365-313x.2000.00857.x>
- Fang, K., Liu, Y., Wang, Z., Zhang, X., Zou, X., Liu, F., & Wang, Z. (2025). Genome-wide analysis of the CaYABBY family in pepper and functional identification of

- CaYABBY5 in the reoagulation of floral determinacy and fruit morphogenesis. *Journal of Integrative Agriculture*, 24(8), 3024-3039. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2025.03.025>
- Farooq, M., Wahid, A., Kobayashi, N., Fujita, D., & Basra, S. M. A. (2009). Plant drought stress: Effects, mechanisms and management. *Agronomy for Sustainable Development*, 29(1), 185-212. <https://doi.org/10.1051/agro:2008021>
- Feng, R., Zhang, Y., Yu, W., Hu, W., Wu, J., Ji, R., ... & Zhao, X. (2013). Analysis of the relationship between the spectral characteristics of maize canopy and leaf area index under drought stress. *Acta Ecologica Sinica*, 33(6), 301-307. <https://doi.org/10.1016/j.chnaes.2013.09.001>
- Finet, C., Floyd, S. K., Conway, S. J., Zhong, B., Scutt, C. P., & Bowman, J. L. (2016). Evolution of the YABBY gene family in seed plants. *Evolution & Development*, 18(2), 116-126. <https://doi.org/10.1111/ede.12173>
- Finka, A., Mattoo, R. U. H., & Goloubinoff, P. (2012). Meta-analysis of heat- and chemically upregulated chaperone genes in *Arabidopsis thaliana*. *Cell Stress & Chaperones*, 16(1), 15-31. <https://doi.org/10.1007/s12192-010-0216-8>
- Flexas, J., & Medrano, H. (2002). Drought-inhibition of photosynthesis in C3 plants: stomatal and non-stomatal limitations revisited. *Annals of Botany*, 89(2), 183-189. <https://doi.org/10.1093/aob/mcf027>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2023). World food and agriculture- Statistical yearbook 2023. FAO. <https://openknowledge.fao.org/handle/20.500.14283/2>
- Fujita, M., Fujita, Y., Noutoshi, Y., Takahashi, F., Narusaka, Y., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (2006). Crosstalk between abiotic and biotic stress responses: a current view from the points of convergence in the stress signaling networks. *Current opinion in plant biology*, 9(4), 436-442. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2006.05.014>
- Gammoudi, N., Yahia, L. B., Lachiheb, B., & Ferchichi, A. (2016). Salt response in pepper (*Capsicum annuum* L.): components of photosynthesis inhibition, proline accumulation and K⁺/Na⁺ selectivity. *Journal of Aridland Agriculture*. <https://doi.org/10.19071/jaa.2016.v2.2984>
- Gong, P., Song, C., Liu, H., Li, P., Zhang, M., Zhang, J., Zhang, S., & He, C. (2021). *Physalis floridana* CRABS CLAW mediates neofunctionalization of GLOBOSA genes in carpel development. *Journal of Experimental Botany*, 72(20), 6882-6903. <https://doi.org/10.1093/jxb/erab309>
- Goodstein, D. M., Shu, S., Howson, R., Neupane, R., Hayes, R. D., Fazo, J., Mitros, T., Dirks, W., Hellsten, U., Putnam, N., & Rokhsar, D. S. (2012). Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. *Nucleic acids research*, 40(D1), D1178-D1186.
- Gross, T., Broholm, S., & Becker, A. (2018). CRABS CLAW acts as a bifunctional transcription factor in flower development. *Frontiers in Plant Science*, 9, 835. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00835>
- Hao, L., Zhang, J., Shi, S., Li, P., Li, D., Zhang, T., & Guo, H. (2022). Identification and expression profiles of the YABBY transcription factors in wheat. *PeerJ*, 10, e12855. <https://doi.org/10.7717/peerj.12855>

- Hasanuzzaman, M., Nahar, K., & Fujita, M. (2013b). Extreme Temperature Responses, Oxidative Stress and. Abiotic stress: plant responses and applications in agriculture, 169. <https://doi.org/10.5772/54833>
- Hasanuzzaman, M., Nahar, K., Alam, M. M., Roychowdhury, R., & Fujita, M. (2013a). Physiological, biochemical, and molecular mechanisms of heat stress tolerance in plants. *International journal of molecular sciences*, 14(5), 9643-9684. <https://doi.org/10.3390/ijms14059643>
- Holbrook, N. M., Shashidhar, V. R., James, R. A., & Munns, R. (2002). Stomatal control in tomato with ABA-deficient roots: response of grafted plants to soil drying. *Journal of Experimental Botany*, 53(373), 1503-1514. <https://doi.org/10.1093/jxb/53.373.1503>
- Horton, P., Park, K. J., Obayashi, T., Fujita, N., Harada, H., Adams-Collier, C. J., & Nakai, K. (2007). WoLF PSORT: protein localization predictor. *Nucleic acids research*, 35(suppl_2), W585-W587. <https://doi.org/10.1093/nar/gkm259>
- Hrmova, M., & Hussain, S. S. (2021). Plant transcription factors involved in drought and associated stresses. *International journal of molecular sciences*, 22(11), 5662. <https://doi.org/10.3390/ijms22115662>
- Hu, B., Jin, J., Guo, A. Y., Zhang, H., Luo, J., & Gao, G. (2015). GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*, 31(8), 1296-1297. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu817>
- Huang, Z., Van Houten, J., Gonzalez, G., Xiao, H., & van der Knaap, E. (2013). Genome-wide identification, phylogeny and expression analysis of SUN, OFP and YABBY gene family in tomato. *Molecular genetics and genomics*, 288(3), 111-129. <https://doi.org/10.1007/s00438-013-0733-0>
- Hussain, M., Javed, M. M., Sami, A., Shafiq, M., Ali, Q., Mazhar, H. S. U. D., Tabassum, J., Javed, M. A., Haider, M. Z., Hussain, M., Sabir I. A., Ali, D. (2024). Genome-wide analysis of plant specific YABBY transcription factor gene family in carrot (*Dacus carota*) and its comparison with Arabidopsis. *BMC Genomic Data*, 25(1), 26. <https://doi.org/10.1186/s12863-024-01210-4>
- Ilyas, M., Nisar, M., Khan, N., Hazrat, A., Khan, A. H., Hayat, K., Fahad S., Khan A., & Ullah, A. (2021). Drought tolerance strategies in plants: a mechanistic approach. *Journal of Plant Growth Regulation*, 40(3), 926-944. <https://doi.org/10.1007/s00344-020-10174-5>
- Inal, B., Büyük, İ., İlhan, E., & Aras, S. (2017). Genome-wide analysis of *Phaseolus vulgaris* C2C2-YABBY transcription factors under salt stress conditions. *3 Biotech*, 7(5), 302. <https://doi.org/10.1007/s13205-017-0933-0>
- Iqbal, B., Hussain, F., Khan, M. S., Iqbal, T., Shah, W., Ali, B., ... & Ercisli, S. (2023). Physiology of gamma-aminobutyric acid treated *Capsicum annuum* L. (Sweet pepper) under induced drought stress. *Plos one*, 18(8), e0289900. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0289900>
- Islam, M., Nupur, J., Shafiq, M., Ali, Q., Sami, A., & Shahid, M. (2023). In silico and computational analysis of zinc finger motif-associated homeodomain (zf-hd) family genes in chilli (*capsicum annuum* l). *BMC Genomics*, 24(1). <https://doi.org/10.1186/s12864-023-09682-x>

- İlhan, E. (2018). *Eucalyptus grandis* YABBY transkripsiyon faktörlerinin genom bazında analizi. *Türkiye Tarımsal Araştırmalar Dergisi*, 5(2), 158-166. <https://doi.org/10.19159/tutad.408654>
- Jie, G. U. O., Zhou, X. T., Dai, K. L., Yuan, X. Y., Guo, P. Y., Shi, W. P., & Zhou, M. X. (2022). Comprehensive analysis of YABBY gene family in foxtail millet (*Setaria italica*) and functional characterization of SiDL. *Journal of Integrative Agriculture*, 21(10), 2876-2887. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2022.07.052>
- Jin, P., Duan, Y., Wang, L., Wang, J., & Zheng, Y. (2014). Reducing chilling injury of loquat fruit by combined treatment with hot air and methyl jasmonate. *Food and Bioprocess Technology*, 7(8), 2259-2266. <https://doi.org/10.1007/s11947-013-1232-3>
- Juarez, M. T., Twigg, R. W., & Timmermans, M. C. (2004). Specification of adaxial cell fate during maize leaf development. <https://doi.org/10.1242/dev.01328>
- Kacjan Maršić, N., Štolfa, P., Vodnik, D., Košmelj, K., Mikulič-Petkovšek, M., Kump, B., Vidrih, R., Kokalj, D., Piskernik, S., Ferjančič, B., Dragutinović, M., Veberič, R., Hudina, M., & Šircelj, H. (2021). Physiological and Biochemical Responses of Ungrafted and Grafted Bell Pepper Plants (*Capsicum annuum* L. var. *grossum* (L.) Sendtn.) Grown under Moderate Salt Stress. *Plants* (Basel, Switzerland), 10(2), 314. <https://doi.org/10.3390/plants10020314>
- Kajla, M., Yadav, V. K., Khokhar, J., Singh, S., Chhokar, R. S., Meena, R. P., & Sharma, R. K. (2015). Increase in wheat production through management of abiotic stresses: a review. *Journal of Applied and Natural Science*, 7(2), 1070. <https://doi.org/10.31018/jans.v7i2.733>
- Kanaya, E., Nakajima, N., & Okada, K. (2002). Non-sequence-specific DNA binding by the FILAMENTOUS FLOWER protein from *Arabidopsis thaliana* is reduced by EDTA. *Journal of Biological Chemistry*, 277(14), 11957-11964. <https://doi.org/10.1074/jbc.m108889200>
- Kang, W., Sim, Y., Koo, N., Nam, J., Lee, J., Kim, N., Jang, H., Kim, Y. M. & Yeom, S. (2020). Transcriptome profiling of abiotic responses to heat, cold, salt, and osmotic stress of *capsicum annuum* l. *Scientific Data*, 7(1). <https://doi.org/10.1038/s41597-020-0352-7>
- Kang, X., Zhao, L., & Liu, X. (2023). Calcium signaling and the response to heat shock in crop plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(1), 324. <https://doi.org/10.3390/ijms25010324>
- Kang, Y., Lee, K., Hoshikawa, K., Kang, M., & Jang, S. (2022). Molecular bases of heat stress responses in vegetable crops with focusing on heat shock factors and heat shock proteins. *Frontiers in Plant Science*, 13, 837152. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.837152>
- Khan, M. S., Ahmad, D., & Khan, M. A. (2015). Utilization of genes encoding osmoprotectants in transgenic plants for enhanced abiotic stress tolerance. *Electronic Journal of Biotechnology*, 18(4), 257-266. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2015.04.002>
- Kim, M., Jeong, S., Lim, C. W., & Lee, S. C. (2021). Mitogen-activated protein kinase CaDIMK1 functions as a positive regulator of drought stress response and abscisic

- acid signaling in *capsicum annuum*. *Frontiers in plant science*, 12, 646707. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.646707>
- Kong, L., Sun, J., Jiang, Z., Ren, W., Wang, Z., Zhang, M., ... & Xu, J. (2023). Identification and expression analysis of YABBY family genes in *Platycodon grandiflorus*. *Plant Signaling & Behavior*, 18(1), 2163069. <https://doi.org/10.1080/15592324.2022.2163069>
- Kong, X. M., Zhou, Q., Luo, F., Wei, B. D., Wang, Y. J., Sun, H. J., Zhao, Y. B. & Ji, S. J. (2019). Transcriptome analysis of harvested bell peppers (*Capsicum annuum* L.) in response to cold stress. *Plant Physiology and Biochemistry*, 139, 314-324. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.03.033>
- Kraft, K. H. Brown, C. H. Nabhan, G. P. Luedeling, E. Luna Ruiz, J. D. J. Coppens d'Eeckenbrugge, G. & Gepts, P. (2014). Multiple lines of evidence for the origin of domesticated chili pepper, *Capsicum annuum*, in Mexico. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(17), 6165-6170. <https://doi.org/10.1073/pnas.1308933111>
- Kumaran, M. K., Bowman, J. L., & Sundaresan, V. (2002). YABBY polarity genes mediate the repression of KNOX homeobox genes in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 14(11), 2761-2770. <https://doi.org/10.1105/tpc.004911>
- Kurt, S., Bouchard-Côté, A., & Lagergren, J. (2024). Sparse Neighbor Joining: rapid phylogenetic inference using a sparse distance matrix. *Bioinformatics*, 40(12), btae701. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btae701>
- Lamesch, P. Berardini, T. Z. Li, D. Swarbreck, D. Wilks, C. Sasidharan, R., Muller, R., Dreher, K., Alexander, D. L., Garcia-Hernandez, M., Karthikeyan, A. S., Lee, C. H., Nelson, W. D., Ploetz, L., Singh, S., Wensel A., & Huala, E. (2012). The Arabidopsis Information Resource (TAIR): improved gene annotation and new tools. *Nucleic acids research*, 40(D1), D1202-D1210. <https://doi.org/10.1093/nar/gkr1090>
- Larkin, M. A., Blackshields, G., Brown, N. P., Chenna, R., McGettigan, P. A., McWilliam, H., Valentin, F., Wallace, I. M., Wilm, A., Lopez, R., Thompson, J.D., Gibson, T.J., & Higgins, D. G. (2007). Clustal W and Clustal X version 2.0. *bioinformatics*, 23(21), 2947-2948. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btm404>
- Lee, J. Y., Baum, S. F., Alvarez, J., Patel, A., Chitwood, D. H., & Bowman, J. L. (2005). Activation of *CRABS CLAW* in the nectaries and carpels of *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 17(1), 25-36. <https://doi.org/10.1105/tpc.104.026666>
- Letunic, I., & Bork, P. (2024). Interactive Tree of Life (iTOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool. *Nucleic acids research*, 52(W1), W78-W82. <https://doi.org/10.1093/nar/gkae268>
- Li, F., Li, S., Yi, L., Zhao, P., Ma, C., Huang, X., Wang, J., Liu, C., Jiao, B., Mei, X., & Li, C. (2025). Genome-Wide Identification of the YABBY Gene Family in Maize and Its Expression Analysis Under Low Phosphorus and High Nitrogen Stress. *Plants* (Basel, Switzerland), 14(17), 2763. <https://doi.org/10.3390/plants14172763>
- Li, S., Liu, S., Zhang, Q., Cui, M., Zhao, M., Li, N., Wang, S., Wu, R., Zhang, L., Cao, Y., & Wang, L. (2022). The interaction of ABA and ROS in plant growth and

- stress resistances. *Frontiers in plant science*, 13, 1050132. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1050132>
- Li, X., Zhang, H., & Li, Y. (2020b). Comparative genomics of Capsicum and Glycine max YABBY genes. *Frontiers in Plant Science*, 11, 586. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.571138>
- Li, Y., Xu, Y., Chen, Y., Ling, L., Jiang, Y., Duan, H., & Liu, J. (2020a). Effects of drought regimes on growth and physiological traits of a typical shrub species in subtropical China. *Global Ecology and Conservation*, 24, e01269. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01269>
- Li, Z., Li, G., Cai, M., Priyadarshani, S. V., Aslam, M., Zhou, Q., Huang, X., Wang, X., Liu, Y., Qin, Y. (2019). Genome-wide analysis of the YABBY transcription factor family in pineapple and functional identification of *AcYABBY4* involvement in salt stress. *International journal of molecular sciences*, 20(23), 5863. <https://doi.org/10.3390/ijms20235863>
- Lim, J., Lim, C. W., & Lee, S. C. (2022). Role of pepper MYB transcription factor CaDIM1 in regulation of the drought response. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1028392. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1028392>
- Liu, C., Jiang, X., & Yuan, Z. (2024). Plant responses and adaptations to salt stress: a review. *Horticulturae*, 10(11), 1221. <https://doi.org/10.3390/horticulturae10111221>
- Liu, H. C., Liao, H. T., & Charng, Y. Y. (2008). The calmodulin-binding protein kinase 3 is part of heat-shock signal transduction in *Arabidopsis thaliana*. *The Plant Journal*, 55(4), 760-773. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313x.2008.03544.x>
- Liu, H. L., Xu, Y. Y., Xu, Z. H., & Chong, K. (2007). A rice YABBY gene, *OsYABBY4*, preferentially expresses in developing vascular tissue. *Development Genes and Evolution*, 217(9), 629-637. <https://doi.org/10.1007/s00427-007-0173-0>
- Liu, H., Ye, H., Wang, J., Chen, S., Li, M., Wang, G., Hou, N., & Zhao, P. (2022). Genome-Wide Identification and Characterization of YABBY Gene Family in *Juglans regia* and *Juglans mandshurica*. *Agronomy*, 12(8), 1914. <https://doi.org/10.3390/agronomy12081914>
- Liu, T., Sharif, R., Shi, Z., Guo, K., Zhang, Z., Bao, X., & Ali, A. (2025). Transcriptomic analysis reveals the crucial role of YABBY genes family in hormonal induced parthenocarpy in *Cucumis sativus* L. *BMC Plant Biology*, 25(1), 45. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-06018-z>
- Liu, Z., Song, J., Miao, W., Yang, B., Zhang, Z., Chen, W., ... & Liu, Z. (2021). Comprehensive proteome and lysine acetylome analysis reveals the widespread involvement of acetylation in cold resistance of pepper (*Capsicum annuum* L.). *Frontiers in Plant Science*, 12, 730489. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.730489>
- López-Serrano, L., Calatayud, Á., López-Galarza, S., Serrano, R., & Bueso, E. (2021). Uncovering salt tolerance mechanisms in pepper plants: a physiological and transcriptomic approach. *BMC plant biology*, 21(1), 169. <https://doi.org/10.1186/s12870-021-02938-2>
- Lu, Y.-H., Alam, I., Yang, Y.-Q., Yu, Y.-C., Chi, W.-C., Chen, S.-B., Chalhoub, B., & Jiang, L.-X. (2021). Evolutionary Analysis of the YABBY Gene Family in Brassicaceae. *Plants*, 10(12), 2700. <https://doi.org/10.3390/plants10122700>

- Ma, L., Liu, X., Lv, W., & Yang, Y. (2022). Molecular mechanisms of plant responses to salt stress. *Frontiers in Plant Science*, 13, 934877. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.934877>
- Ma, R., Huang, B., Huang, Z., & Zhang, Z. (2021). Genome-wide identification and analysis of the YABBY gene family in Moso Bamboo (*Phyllostachys edulis* (Carrière) J. Houz). *PeerJ*, 9, e11780. <https://doi.org/10.7717/peerj.11780>
- Mazhar, H. S.-U.-D., Shafiq, M., Ali, H., Ashfaq, M., Anwar, A., Tabassum, J., Ali, Q., Jilani, G., Awais, M., Sahu, R., & Javed, M. A. (2023). Genome-Wide Identification, and In-Silico Expression Analysis of YABBY Gene Family in Response to Biotic and Abiotic Stresses in Potato (*Solanum tuberosum*). *Genes*, 14(4), 824. <https://doi.org/10.3390/genes14040824>
- Mehrotra, S., Verma, S., Kumar, S., Kumari, S., & Mishra, B. N. (2020). Transcriptional regulation and signalling of cold stress response in plants: An overview of current understanding. *Environmental and Experimental Botany*, 180, 104243. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2020.104243>
- Miao, W., Song, J., Huang, Y., Liu, R., Zou, G., Ou, L., & Liu, Z. (2021). Comparative Transcriptomics for Pepper (*Capsicum annuum* L.) under Cold Stress and after Rewarming. *Applied Sciences*, 11(21), 10204. <https://doi.org/10.3390/app112110204>
- Mikołajczak, K., Kuczyńska, A., Krajewski, P., Kempa, M., & Nuc, M. (2023). Transcriptome profiling disclosed the effect of single and combined drought and heat stress on reprogramming of genes expression in barley flag leaf. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1096685. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1096685>
- Mittler, R. (2002). Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends in Plant Science*, 7(9), 405-410. [https://doi.org/10.1016/s1360-1385\(02\)02312-9](https://doi.org/10.1016/s1360-1385(02)02312-9)
- Mittler, R., Finka, A., & Goloubinoff, P. (2012). How do plants feel the heat? *Trends in Biochemical Sciences*, 37(3), 118-125. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2011.11.007>
- Naaz, S., Pande, A., & Laxmi, A. (2025). Nitric oxide-mediated thermomemory: a new perspective on plant heat stress resilience. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1525336. <https://doi.org/10.2139/ssrn.5320683>
- NCBI Resource Coordinators. (2018). *Database resources of the National Center for Biotechnology Information*. *Nucleic Acids Research*, 46(D1), D8-D13. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx1095>
- Nisa, M.-ul-, Shafiq, M., Manzoor, M., Bilal, M., Manzoor, T., Anees, M. M., Rizwan, M., Haider, M. Z., Sami, A., Haider, M. S. (2024). Genome-wide Analysis of Plant Specific YABBY Transcription Factor Gene Family in Watermelon (*Citrullus lanatus*) and *Arabidopsis*. *Journal of Applied Research in Plant Sciences*, 5(01), 63-78. <https://doi.org/10.38211/joarps.2024.05.179>
- Opoku, E., Sahu, P. P., Findurová, H., Holub, P., Urban, O., & Klem, K. (2024). Differential physiological and production responses of C3 and C4 crops to climate factor interactions. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1345462. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1345462>
- Oyebamiji, Y. O., Adigun, B. A., Shamsudin, N. A. A., Ikmal, A. M., Salisu, M. A., Malike, F. A., & Lateef, A. A. (2024). Recent Advancements in Mitigating

- Abiotic Stresses in Crops. *Horticulturae*, 10(2), 156.
<https://doi.org/10.3390/horticulturae10020156>
- Padilla, Y. G., Gisbert-Mullor, R., López-Galarza, S., Albacete, A., Martínez-Melgarejo, P. A., & Calatayud, Á. (2023). Short-term water stress responses of grafted pepper plants are associated with changes in the hormonal balance. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1170021. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1170021>
- Parry, M. A., Andralojc, P. J., Khan, S., Lea, P. J., & Keys, A. J. (2002). Rubisco activity: effects of drought stress. *Annals of botany*, 89(7), 833-839. <https://doi.org/10.1093/aob/mcf103>
- Pei, M., Yang, P., Li, J., Wang, Y., Li, J., Xu, H., & Li, J. (2024). Comprehensive analysis of pepper (*Capsicum annuum*) RAV genes family and functional identification of CaRAV1 under chilling stress. *BMC genomics*, 25(1), 731. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10639-x>
- Peleg, Z., & Blumwald, E. (2011). Hormone balance and abiotic stress tolerance in crop plants. *Current Opinion in Plant Biology*, 14(3), 290-295. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2011.02.001>
- Penella, C., Landi, M., Guidi, L., Nebauer, S. G., & Calatayud, Á. (2016). Salt-tolerant rootstock increases yield of pepper under salinity through maintenance of photosynthetic performance and sinks strength. *Scientia Horticulturae*, 201, 115-124. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2016.02.007>
- Poudyal, D., Joshi, B. K., Zhou, R., Ottosen, C. O., & Dahal, K. C. (2023). Evaluating the physiological responses and identifying stress tolerance of Akabare chili landraces to individual and combined drought and heat stresses. *AoB Plants*, 15(6), plad083. <https://doi.org/10.1093/aobpla/plad083>
- Powell, H. R., Islam, S. A., David, A., & Sternberg, M. J. (2025). Phyre2. 2: a community resource for temmikroplaka-based protein structure prediction. *Journal of molecular biology*, 168960. <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2025.168960>
- Qian, Z., He, L., & Li, F. (2024). Understanding cold stress response mechanisms in plants: An overview. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1443317. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1443317>
- Rejeb, I. B., Pastor, V., & Mauch-Mani, B. (2014). Plant Responses to Simultaneous Biotic and Abiotic Stress: *Molecular Mechanisms*. *Plants*, 3(4), 458-475. <https://doi.org/10.3390/plants3040458>
- Rodriguez, M. G., Reynolds M. P., Estrada J. A. E., Gonzales M. T. R. 2004. "Association between canopy reflectance indices and yield and physiological traits in bread wheat under drought and well irrigated conditions", *Aust. J. Agric. Res.*, 55 (11),1139-1147. <https://doi.org/10.1071/ar04214>
- Romanova, M. A., Maksimova, A. I., Pawlowski, K., & Voitsekhovskaja, O. V. (2021). YABBY genes in the development and evolution of land plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 22(8), 4139. <https://doi.org/10.3390/ijms22084139>
- Rombauts, S., Déhais, P., Van Montagu, M., & Rouzé, P. (1999). PlantCARE, a plant cis-acting regulatory element database. *Nucleic acids research*, 27(1), 295-296. <https://doi.org/10.1093/nar/27.1.295>

- Sarojam, R., Sappl, P. G., Goldshmidt, A., Efroni, I., Floyd, S. K., Eshed, Y., & Bowman, J. L. (2010). Differentiating *Arabidopsis* shoots from leaves by combined YABBY activities. *The Plant Cell*, 22(7), 2113-2130. <https://doi.org/10.1105/tpc.110.075853>
- Sawa, S., Ito, T., Shimura, Y., & Okada, K. (1999a). *FILAMENTOUS FLOWER* controls the formation and development of *Arabidopsis* inflorescences and floral meristems. *The Plant Cell*, 11(1), 69-86. <https://doi.org/10.2307/3870839>
- Sawa, S., Watanabe, K., Goto, K., Kanaya, E., Morita, E. H., & Okada, K. (1999b). *FILAMENTOUS FLOWER*, a meristem and organ identity gene of *Arabidopsis*, encodes a protein with a zinc finger and HMG-related domains. *Genes & development*, 13(9), 1079-1088. <https://doi.org/10.1101/gad.13.9.1079>
- Shafiq, M., Manzoor, M., Bilal, M., Manzoor, T., Anees, M. M., Rizwan, M., ... & Haider, M. S. (2024). Genome-wide analysis of plant specific YABBY transcription factor gene family in watermelon (*Citrullus lanatus*) and arabidopsis. *Journal of Applied Research in Plant Sciences*, 5(01), 63-78. <https://doi.org/10.38211/joarps.2024.05.179>
- Shams, M. K., 2019. Tuz Stresinin Biberde Bitki Gelişimi, Fizyolojik ve Biokimyasal Özellikler, DNA Metilasyonu ile Tohum Çimlenmesi Üzerine Etkisi. Yüksek Lisans Tezi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Atatürk Üniversitesi, Erzurum.
- Shao, H. B., Chu, L. Y., Jaleel, C. A., & Zhao, C. X. (2008). Water-deficit stress-induced anatomical changes in higher plants. *Comptes Rendus Biologies*, 331(3), 215-225. <https://doi.org/10.1016/j.crv.2008.01.002>
- She, Z., Huang, X., Aslam, M., Wang, L., Yan, M., Qin, R., ... & Niu, X. (2022). Expression characterization and cross-species complementation uncover the functional conservation of YABBY genes for leaf abaxial polarity and carpel polarity establishment in *Saccharum spontaneum*. *BMC Plant Biology*, 22(1), 124. <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03501-3>
- Shen, Y., Li, X., Ma, G., Zhao, Y., Jiang, X., Gao, L., ... & Liu, Y. (2022). Roles of YABBY transcription factors in the regulation of leaf development and abiotic stress responses in *Camellia sinensis*. *Beverage Plant Research*, 2(1), 1-10. <https://doi.org/10.48130/bpr-2022-0004>
- Sieber, P., Petrascheck, M., Barberis, A., & Schneitz, K. (2004). Organ polarity in *Arabidopsis*. *NOZZLE* physically interacts with members of the YABBY family. *Plant Physiology*, 135(4), 2172-2185. <https://doi.org/10.1104/pp.104.040154>
- Siegfried, K. R., Eshed, Y., Baum, S. F., Otsuga, D., Drews, G. N., & Bowman, J. L. (1999). Members of the YABBY gene family specify abaxial cell fate in *Arabidopsis*. *Development*, 126(18), 4117-4128. <https://doi.org/10.1242/dev.126.18.4117>
- Silva, A. L. J., de Farias, O. R., Corrêa, É. B., de Lacerda, C. F., de Melo, A. S., & Oliveira, M. D. D. M. (2025). Biostimulant modulate the physiological and biochemical activities, improving agronomic characteristics of bell pepper plants under salt stress. *Scientific Reports*, 15(1), 14969. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-99414-w>
- Singh, S., Viswanath, A., Chakraborty, A., Narayanan, N., Malipatil, R., Jacob, J., ... & Thirunavukkarasu, N. (2024). Identification of key genes and molecular pathways

- regulating heat stress tolerance in pearl millet to sustain productivity in challenging ecologies. *Frontiers in Plant Science*, 15, 1443681. <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1443681>
- Stone, S. L., Hauksdottir, H., Troy, A., Herschleb, J., Kraft, E., & Callis, J. (2005). Functional analysis of the RING-type ubiquitin ligase family of *Arabidopsis*. *Plant Physiology*, 137(1), 13-30. <https://doi.org/10.1104/pp.104.052423>
- Strable, J., Wallace, J. G., Unger-Wallace, E., Briggs, S., Bradbury, P. J., Buckler, E. S., & Vollbrecht, E. (2017). Maize YABBY genes *drooping leaf1* and *drooping leaf2* regulate plant architecture. *The Plant Cell*, 29(7), 1622-1641. <https://doi.org/10.1105/tpc.16.00477>
- Sun, W., Huang, W., Li, Z., Lv, H., Huang, H., & Wang, Y. (2013). Characterization of a *Crabs Claw* gene in basal eudicot species *Epimedium sagittatum* (Berberidaceae). *International journal of molecular sciences*, 14(1), 1119-1131. <https://doi.org/10.3390/ijms14011119>
- Taffouo, V. D., Nouck, A. E., Nyemene, K. P., TonfacK, B., Meguekam, T. L., & Youmbi, E. (2017). Effects of salt stress on plant growth, nutrient partitioning, chlorophyll content, leaf relative water content, accumulation of osmolytes and antioxidant compounds in pepper (*Capsicum annuum* L.) cultivars. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 45(2), 481-490. <https://doi.org/10.15835/nbha45210928>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: molecular evolutionary genetics analysis version 11. *Molecular biology and evolution*, 38(7), 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Tanaka, W., Toriba, T., Ohmori, Y., Yoshida, A., Kawai, A., Mayama-Tsuchida, T., ... & Hirano, H. Y. (2012). The YABBY gene *TONGARI-BOUSHII* is involved in lateral organ development and maintenance of meristem organization in the rice spikelet. *The Plant Cell*, 24(1), 80-95. <https://doi.org/10.1105/tpc.111.094797>
- Tang, B., Xie, L., Yang, H., Li, X., Chen, Y., Zou, X., ... & Dai, X. (2022). Analysis of the expression and function of key genes in pepper under low-temperature stress. *Frontiers in Plant Science*, 13, 852511. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.852511>
- Tang, W., Hao, Y., Ma, X., Shi, Y., Dang, Y., Dong, Z., Zhao, Y., Zhao, T., Zhu, S., Zhang, Z., Gu, F., Liu, Z., & Chen, J. (2023). Genome-wide analysis and identification of stress-responsive genes of the CCCH zinc finger family in *Capsicum annuum* L. *Frontiers in plant science*, 14, 1189038. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1189038>
- Toriba, T., Harada, K., Takamura, A., Nakamura, H., Ichikawa, H., Suzaki, T., & Hirano, H. Y. (2007). Molecular characterization the YABBY gene family in *Oryza sativa* and expression analysis of *OsYABBY1*. *Molecular Genetics and Genomics*, 277(5), 457-468. <https://doi.org/10.1007/s00438-006-0202-0>
- Ts, A., Srivastava, A., Tomar, B. S., Behera, T. K., Krishna, H., Jain, P. K., ... & Mangal, M. (2023). Genetic analysis of heat tolerance in hot pepper: insights from comprehensive phenotyping and QTL mapping. *Frontiers in plant science*, 14, 1232800. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1232800>
- Türkiye İstatistik Kurumu (TÜİK), Bitkisel Üretim İstatistikleri (Aralık, 2024)

- Udriște, A., Iordăchescu, M., & Bădulescu, L. (2024). Genetic variation study of several romanian pepper (*capsicum annuum* l.) varieties revealed by molecular markers and whole genome resequencing. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(22), 11897. <https://doi.org/10.3390/ijms252211897>
- Van Hai, T., Trung, N. Q., Bach, N. D., Gioi, D. H., Khanh, L. D., Khoa, T. D., Tinh L. T., Quynh L. T. N., Ha C. D., & Diep, H. T. (2025). Promoter Analysis and Expression Patterns of the YABBY Transcription Factor Family in Cassava (*Manihot esculenta*) under Various Environmental Conditions. *Vietnam Journal of Agricultural Sciences*, 8(1), 2395-2403. <https://doi.org/10.31817/vjas.2025.8.1.05>
- Villanueva, J. M., Broadhvest, J., Hauser, B. A., Meister, R. J., Schneitz, K., & Gasser, C. S. (1999). *INNER NO OUTER* regulates abaxial-adaxial patterning in *Arabidopsis* ovules. *Genes & Development*, 13(23), 3160-3169. <https://doi.org/10.1101/gad.13.23.3160>
- Wahid, A., Gelani, S., Ashraf, M., & Foolad, M. R. (2007). Heat tolerance in plants: An overview. *Environmental and Experimental Botany*, 61(3), 199-223. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2007.05.011>
- Wang, W., Ma, J., Liu, H., Wang, Z., Nan, R., Zhong, T., Sun, M., Wang, S., Yao, Y., Sun, F., & Xi, Y. (2024). Genome-wide analysis of the switchgrass YABBY family and functional characterization of *PvYABBY14* in response to ABA and GA stress in *Arabidopsis*. *BMC Plant Biology*, 24(1), 114. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-04781-7>
- Widuri, L. I., Lakitan, B., Sakagami, J., Yabuta, S., Kartika, K., & Siaga, E. (2020). Short-term drought exposure decelerated growth and photosynthetic activities in chili pepper (*Capsicum annuum* L.). *Annals of Agricultural Sciences*, 65(2), 149-158. <https://doi.org/10.1016/j.aos.2020.09.002>
- Wu, J., Nadeem, M., Galagedara, L., Thomas, R., & Cheema, M. (2022). Effects of Chilling Stress on Morphological, Physiological, and Biochemical Attributes of Silage Corn Genotypes during Seedling Establishment. *Plants (Basel, Switzerland)*, 11(9), 1217. <https://doi.org/10.3390/plants11091217>
- Wu, Y., Liu, J., Zhao, L., Wu, H., Zhu, Y., Ahmad, I., & Zhou, G. (2024). Abiotic stress responses in crop plants: A multi-scale approach. *Journal of Integrative Agriculture*. <https://doi.org/10.1016/j.jia.2024.09.003>
- Xia, J., Wang, D., Peng, Y., Wang, W., Wang, Q., Xu, Y., Li, T., Zhang, K., Li, J., & Xu, X. (2021). Genome-Wide Analysis of the YABBY Transcription Factor Family in Rapeseed (*Brassica napus* L.). *Genes*, 12(7), 981. <https://doi.org/10.3390/genes12070981>
- Xia, Y., Luo, R., Sun, R., Yang, N., Pu, J., Gao, A., & Zhang, H. (2022). Genome-Wide Characterization and Identification of the YABBY Gene Family in Mango (*Mangifera indica*). *Diversity*, 14(10), 861. <https://doi.org/10.3390/d14100861>
- Yamada, T., Ito, M., & Kato, M. (2004). *YABBY2*-homologue expression in lateral organs of *Amborella trichopoda* (Amborellaceae). *International Journal of Plant Sciences*, 165(6), 917-924. <https://doi.org/10.1086/423793>
- Yamaguchi, T., Nagasawa, N., Kawasaki, S., Matsuoka, M., Nagato, Y., & Hirano, H. Y. (2004). The *YABBY* gene *DROOPING LEAF* regulates carpel specification and

- midrib development in *Oryza sativa*. *The Plant Cell*, 16(2), 500-509. <https://doi.org/10.1105/tpc.018044>
- Yang, C., Ma, Y., & Li, J. (2016). The rice *YABBY4* gene regulates plant growth and development through modulating the gibberellin pathway. *Journal of experimental botany*, 67(18), 5545-5556. <https://doi.org/10.1093/jxb/erw319>
- Yang, T., He, Y., Niu, S., & Zhang, Y. (2022). A *YABBY* gene *CRABS CLAW a (CRCa)* negatively regulates flower and fruit sizes in tomato. *Plant Science*, 320, 111285. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2022.111285>
- Yang, Z., Gong, Q., Wang, L., Jin, Y., Xi, J., Li, Z., Qin, W., Yang, Z., Lu, L., Chen, Q., Li, F. (2018). Genome-wide study of *yabby* genes in upland cotton and their expression patterns under different stresses. *Frontiers in Genetics*, 9, 33. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00033>
- Younis, A., Ramzan, F., Ramzan, Y., Zulfiqar, F., Ahsan, M., & Lim, K. B. (2020). Molecular Markers Improve Abiotic Stress Tolerance in Crops: A Review. *Plants*, 9(10), 1374. <https://doi.org/10.3390/plants9101374>
- Yuce, M., Aydin, M., Turan, M., Ilhan, E., Ekinci, M., Agar, G., & Yildirim, E. (2025). Ameliorative effects of SL on tolerance to salt stress on pepper (*Capsicum annuum* L.) plants. *Plant Physiology and Biochemistry*, 223, 109798. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2025.109798>
- Zamani, E., Bakhtari, B., Razi, H., Hildebrand, D., Moghadam, A., & Alemzadeh, A. (2024). Comparative morphological, physiological, and biochemical traits in sensitive and tolerant maize genotypes in response to salinity and pb stress. *Scientific Reports*, 14(1), 31036. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-82173-5>
- Zargar, M., Ramezan, D., Bayat, M., & Soltani Nejad, M. (2025). Alleviation of High Temperature Stress in Bell Pepper through Foliar Application of Melatonin and Sodium Nitroprusside. *Greenhouse Plant Production Journal*, 18-43. <https://doi.org/10.61186/gppj.2.1.18>
- Zhang, J. Liang, L. Xie, Y. Zhao, Z. Su, L. Tang, Y. ... & Li, H. (2022). Transcriptome and metabolome analyses reveal molecular responses of two pepper (*Capsicum annuum* L.) cultivars to cold stress. *Frontiers in Plant Science*, 13, 819630. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.819630>
- Zhang, L., Chong, Y., Yang, X., Fan, W., Cheng, F., Li, Y., ... & Zhang, K. (2025). Comparative Transcriptome Reveals Conserved Gene Expression in Reproductive Organs in Solanaceae. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(8), 3568. <https://doi.org/10.3390/ijms26083568>
- Zhang, S., Wang, L., Sun, X., Li, Y., Yao, J., Nocker, S. V., & Wang, X. (2019). Genome-wide analysis of the *YABBY* gene family in grapevine and functional characterization of *VvYABBY4*. *Frontiers in plant science*, 10, 1207. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01207>
- Zhang, T., Wu, A., Hu, X., Deng, Q., Ma, Z., & Su, L. (2023b). Comprehensive study of rice *YABBY* gene family: evolution, expression and interacting proteins analysis. *PeerJ*, 11, e14783. <https://doi.org/10.7717/peerj.14783>
- Zhang, X., Ma, X., Wang, S., Liu, S., & Shi, S. (2024a). Physiological and Genetic Aspects of Resistance to Abiotic Stresses in *Capsicum* Species. *Plants*, 13(21), 3013. <https://doi.org/10.3390/plants13213013>

- Zhang, X., Yang, X., Zhang, Q., Wang, J., Zeng, T., Xi, Y., & Shen, Q. (2024b). Genome-wide identification and comparative analysis of YABBY transcription factors in oil tea and tea tree. *3 Biotech*, 14(4), 113. <https://doi.org/10.1007/s13205-024-03940-9>
- Zhang, Y., Xu, J., Li, R., Ge, Y., Li, Y., & Li, R. (2023a). Plants' Response to Abiotic Stress: Mechanisms and Strategies. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(13), 10915. <https://doi.org/10.3390/ijms241310915>
- Zhao, S. P., Lu, D., Yu, T. F., Ji, Y. J., Zheng, W. J., Zhang, S. X., Chai, S. C., Chen, Z. Y., Cui, X. Y. (2017). Genome-wide analysis of the YABBY family in soybean and functional identification of *GmYABBY10* involvement in high salt and drought stresses. *Plant Physiology and Biochemistry*, 119, 132-146. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2017.08.026>
- Zhao, S., Zhang, Y., Tan, M., Jiao, J., Zhang, C., Wu, P., Feng, K., Li, L. (2023). Identification of YABBY transcription factors and their function in ABA and salinity response in *Nelumbo nucifera*. *Plants*, 12(2), 380. <https://doi.org/10.3390/plants12020380>
- Zhigila, D. A., AbdulRahaman, A. A., Kolawole, O. S., & Oladele, F. A. (2014). Fruit morphology as taxonomic features in five varieties of *Capsicum annuum* L. Solanaceae. *Journal of Botany*, 2014(1), 540868. <https://doi.org/10.1155/2014/540868>
- Zhou, Y., Li, Q., Yang, X., Wang, L., Li, X., & Liu, K. (2024). Mitigating high-temperature stress in peppers: The role of exogenous no in antioxidant enzyme activities and nitrogen metabolism. *Horticulturae*, 10(9), 906. <https://doi.org/10.3390/horticulturae10090906>
- Zhu, J.K. (2016). Abiotic Stress Signaling and Responses in Plants. *Cell*, 167(2), 313-324. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.08.029>
- Zuo, Jia, et al., Multifunctional transcription factor *YABBY6* regulates morphogenesis, drought and cold stress responses in rice. *Rice*, 2024, 17.1: 69 <https://doi.org/10.1186/s12284-024-00744-6>