

T.C.  
ONDOKUZ MAYIS ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

PATATES (*Solanum tuberosum* L.) GENOTİPLERİNDE  
TRANSPOZON HAREKETLERİNİN BELİRLENMESİ

MOHAMMED ABED

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

SAMSUN  
2019

Her hakkı saklıdır.

## TEZ ONAYI

Mohammed ABED tarafından hazırlanan “**Patates (*Solanum tuberosum* L.) Genotiplerinde Transpozon Hareketlerinin Belirlenmesi**” adlı tez çalışması .../.../... tarihinde aşağıdaki jüri tarafından Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı’nda **Yüksek Lisans Tezi** olarak kabul edilmiştir.

**Danışman** Dr. Öğr. Üyesi Yılmaz KAYA  
Ondokuz Mayıs Üniversitesi  
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

### Jüri Üyeleri

**Başkan** Doç. Dr. Hasan Murat AKSOY  
Ondokuz Mayıs Üniversitesi  
Bitki Koruma Anabilim Dalı

**Üye** Dr. Öğr. Üyesi Sevgi MARAKLI  
Amasya Üniversitesi  
Tıbbi Hizmetler ve Teknikler Bölümü

**Üye** Dr. Öğr. Üyesi Yılmaz KAYA  
Ondokuz Mayıs Üniversitesi  
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

**Yukardaki sonucu onaylarım ..../..../2019**

**Prof. Dr. Bahtiyar ÖZTÜRK**  
Enstitü Müdürü

## ETİK BEYAN

Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

03/05/2019

Mohammed ABED

## ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

### **Patates (*Solanum tuberosum* L.) Genotiplerinde Transpozon Hareketlerinin Belirlenmesi**

Mohammed ABED

Ondokuz Mayıs Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Yılmaz KAYA

*Solanaceae* familyasının bir üyesi olan patates, dünyanın en önemli bitkilerinden birisidir ve günümüzde iki yüz civarında türü, dört binden fazla çeşit içerdiği bilinmektedir. Transpozonlarca zengin patates bitkisinde transpozon çalışmaları patates genom projesi ile ivme kazanmıştır. Transpozonlar, genom içinde yer değiştirebilme özelliğine sahip hareketli DNA dizileridir. Bu DNA dizileri, transpozisyon vasıtasıyla bir kromozomal bölgeden bir diğerine hareket ederler. Retrotranspozonlar, genom içindeki hareketli genetik elementlerdir ve patates genomunun yüzde 50'sinden fazlasını oluşturur. Bu çalışmada; *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* retrotranspozonlarının hareketleri, patates (*Solanum tuberosum* L.) bitkisinin 19 çeşidinde, IRAP-PCR moleküler marker tekniği kullanılarak incelenmiştir. İncelenen çeşitlerin yumru ve yaprak dokularından örnek alınmıştır. Çeşitler arasındaki polimorfizm Jaccard benzerlik katsayısı formülü kullanılarak tespit edilmiştir. Yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* transpozonları için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları sırasıyla % 0-20, % 0-92, % 0-100, % 0-83, % 0-60 ve % 0-88 aralığında; yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde ise *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* transpozonları için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları sırasıyla % 0-20, % 0-64, % 0-63, % 0-57, % 0-40 ve % 0-20 aralığında tespit edilmiştir.

Mayıs, 2019; 88 Sayfa

**Anahtar Kelimeler:** *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like*, Retrotranspozon, IRAP-PCR

## ABSTRACT

Master's Thesis

### **Determination of Transposon Movements in Potato (*Solanum tuberosum* L.) Genotypes**

Mohammed ABED

Ondokuz Mayıs University  
Institute of Science and Technology  
Department of Agricultural Biotechnology

Supervisor: Asst. Prof. Dr. Yılmaz KAYA

Potato is a member of the Solanaceae family, one of the most important plants in the world and today that it contains more than two hundred species and more than four thousand cultivars. Transposon studies in transposon rich potato plants have gained momentum with potato genome project. Transposons are moving DNA sequences that are capable of displacement within the genome. These DNA sequences move from one chromosomal region to another by transposition. Retrotransposons are moving genetic elements within the genome and constitute more than 50 percent of the potato genome. In this study; *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* and *Copia like* retrotransposon movements were investigated in 19 varieties of the potatoes (*Solanum Tuberosum* L.) by using PCR-IRAP molecular marker technique. The samples were obtained from the tuber and leaf tissues. Polymorphism between varieties was determined using the Jaccard similarity index formula. The ratio of polymorphisms between varieties in PCR products obtained from leaf samples for *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* and *Copia like* transposons 0-20%, 0-92%, 0% 100, 0-83%, 0-60% and 0-88% respectively and also the ratio of polymorphisms between varieties in the PCR products obtained from tuber samples for *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* and *Copia like* transposons 0-20%, 0-64%, 0-63%, 0-57%, 0-40% and 0-20% respectively were detected in the range.

May, 2019, 88 Pages

**Keywords:** *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* and *Copia like*, Retrotransposon, IRAP-PCR

## ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜRLER

Bu çalışma, Ondokuz Mayıs Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalı'nda Yüksek Lisans tezi olarak gerçekleştirilmiştir.

“Patates (*Solanum tuberosum* L.) Genotiplerinde Transpozon Hareketlerinin Belirlenmesi” konulu bu araştırmayı bana öneren ve konu üzerinde çalışma fırsatını veren, bilimsel düşünce, bilgi birikimi ve tecrübelerinden yararlandığım danışman hocam sayın Dr. Öğr. Üyesi Yılmaz KAYA başta olmak üzere, öğrenimim boyunca emeği geçen bütün hocalarıma sonsuz saygı ve şükranlarımı sunarım. Bilgi, tecrübe ve eleştirileriyle tezime katkıda bulunan saygıdeğer jüri üyelerim olan, Doç. Dr. Hasan Murat AKSOY ve Dr. Öğr. Üyesi Sevgi MARAKLI'ya çok teşekkür ederim.

Tüm deneysel çalışmalarım boyunca bilgisini, tecrübelerini ve emeğini esirgemeyen Sayın Doç. Dr. Şahane Funda ARSLANOĞLU'na, Sayın Arş. Gör. Zafer SEÇGİN'e ve doktora öğrencisi Sayın Gökhan GÖKDEMİR'e çok teşekkür ederim. Tez çalışmam ve yüksek lisans eğitimim süresince, bilgi ve deneyimlerimizi paylaştığımız ve her daim paylaşacağımıza inandığım değerli arkadaşlarım yüksek lisans öğrencisi Esmail Kelil HAJI, yüksek lisans öğrencisi Süleyman Faruk KIRKINCI ve yüksek lisans öğrencisi Cihat Erdem BÜLBÜL'e teşekkürlerimi sunarım.

Hayatım boyunca, her konuda maddi ve manevi desteğini hissettiğim, tecrübeleriyle yolumu aydınlatıp bugünlere gelmemde büyük emeği olan aileme ve sevgili eşime teşekkürlerimi arz ederim. Değerli aileme ve eşime ithaf ettiğim bu çalışmanın bilime ve insanlığa yararlı olmasını temenni ederim.

Bu tez çalışmasında materyal sağlayan Niğde Patates Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'ne teşekkürlerimi arz ederim.

Bu tez çalışması; Türkiye Bursları kapsamında, “Yurtdışı Türkler ve Akraba Topluluklar Başkanlığı” tarafından desteklenmiştir.

Bu tez çalışması, PYO.ZRT.1904.18.019 numaralı Bilimsel Araştırma Projesi olarak Ondokuz Mayıs Üniversitesi tarafından desteklenmiştir.

Mayıs, 2019, Samsun

Mohammed ABED  
Ziraat Mühendisi

## İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	i
ABSTRACT.....	ii
ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜRLER.....	iii
İÇİNDEKİLER .....	iv
SİMGELER VE KISALTMALAR.....	v
ŞEKİLLER LİSTESİ .....	vii
ÇİZELGELER LİSTESİ .....	viii
1. GİRİŞ.....	1
2. GENEL KISIMLAR.....	3
2.1. Patates Bitkisi ( <i>Solanum tuberosum</i> L.).....	3
2.2. Patates Bitkisinde Biyoteknolojik Çalışmalar .....	7
2.3. Transpozonlar .....	12
2.3.1. Transpozonların biyolojik önemleri ve fonksiyonları.....	13
2.3.2. Transpozonların sınıflandırılması, hareket mekanizmaları ve yapıları ...	14
2.3.3. Otonom ve otonom olmayan transpozable elementler .....	20
2.3.3.1. Otonom LTR retroelementleri.....	21
2.3.3.2. Otonom olmayan LTR retroelementler .....	22
2.4. IRAP ‘Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism’ .....	23
3. MALZEME VE YÖNTEM.....	25
3.1. Örneklerin Eldesi.....	25
3.2. Deney Tasarımı .....	29
3.3. DNA İzolasyonu.....	31
3.4. DNA Analiz Yöntemleri .....	33
3.4.1. Agaroz jel elektroforezi.....	33
3.4.2. Spektrofotometrik analiz .....	33
3.5. IRAP- PCR Analizleri .....	34
3.5.1. <i>Sukkula</i> retrotranspozonu için IRAP-PCR analizi .....	34
3.5.2. <i>Nikita</i> retrotranspozonunun IRAP-PCR analizi .....	35
3.5.3. <i>P-Tst-1</i> , <i>P-Tst-3</i> , <i>P-Tst-6</i> retrotranspozonlarının IRAP-PCR analizi.....	36
3.5.4. <i>Copia like</i> retrotranspozonunun IRAP-PCR analizi.....	36
3.5.5. Polimorfizmin hesaplanması .....	36
4. BULGULAR .....	37
4.1. DNA İzolasyonu.....	37
4.2. IRAP-PCR Analizi Sonuçları.....	39
4.2.1. <i>Sukkula</i> IRAP-PCR sonuçları .....	39
4.2.2. <i>Nikita</i> IRAP-PCR sonuçları .....	43
4.2.3. <i>P-Tst -1</i> IRAP-PCR sonuçları .....	47
4.2.4. <i>P-Tst-3</i> IRAP-PCR sonuçları .....	51
4.2.5. <i>P-Tst-6</i> IRAP-PCR sonuçları .....	55
4.2.6. <i>Copia like</i> IRAP-PCR sonuçları .....	59
5. TARTIŞMA VE SONUÇ.....	63
KAYNAKÇA .....	66
EKLER.....	75
ÖZGEÇMİŞ .....	77

## SİMGELER VE KISALTMALAR

### SİMGELER

$\mu\text{g}$	Mikrogram
$\mu\text{l}$	Mikrolitre
Bç	Baz çifti
cm	santimetre
dH <sub>2</sub> O	Distile su
g	gram
Kb	Kilo baz
L	Litre
M	Molar
MB	Megabaz
ml	Mililitre
mm	Milimetre
mM	Milimolar
ng	Nanogram
rpm	Dakikadaki devir sayısı (Revolutions per minute)
V	Volt
w/v	Ağırlık/Hacim (Weight to volume)
$\mu\text{m}$	Mikrometre

## KISALTMALAR

A	Adenin
BA	6-Benzilaminopurin
C	Sitozin
cDNA	Tamamlayıcı DNA
CTAB	Setil Trimetil Amanyum Bromür (Cetyltrimethyl Ammonium Bromide)
DNA	Deoksiribonükleik asit
EDTA	Etilendiamin tetraasetik asit
EtBr	Etidyum bromür
G	Guanin
GA <sub>3</sub>	Giberellik Asit
IAA	İndol-3-Asetik Asit
INT	İntegraz
IRAP	Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism
LARD	Large Retrotransposons Derivatives
LINE	Long Interspersed Nuclear Elements
LTR	Long Terminal Repeats
MITEs	Miniature Inverted Transposable Elements
NAA	Naftalen Asetik Asit
NCBI	National Center for Biotechnology Information
ORF	Open Reading Frame
PBS	Primer Bağlanma bölgesi (Primer Binding Site)
PCR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu (Polymerase Chain Reaction)
PPT	Polypurine Tract
PR	Proteaz
RBIP	Retrotranspozon Temelli İnsersiyon Polimorfizmi (Retrotransposon-Based Insertion Polymorphism)
REMAP	Retrotranspozon-Mikrosatellit Çoğaltılmış Polimorfizm (Retrotransposon-Microsatellite Amplified Polymorphisms)
RH	RNaz H
RT	Ters Traskriptaz (Reverse Transcriptase)
SINE	Short Interspersed Elements (Kısa Dağılmış Tekrar Dizileri)
SSAP	Diziye Özgü Çoğaltım Polimorfizmi (Sequence-Specific Amplified Polymorphism)
T	Timin
TAE	Tris-Asetat-EDTA
TIR	Terminal Inverted Repeats
UTL	Untranslated Leader Sequence
UV	Ultra-violet

## ŞEKİLLER LİSTESİ

Şekil 2.1. Patates bitkisinin dünya ülkelerine dağılışı .....	3
Şekil 2.2. Patates bitkisinin besinsel değerleri .....	5
Şekil 2.3. Türkiye'nin 2015 yılında tohumluk bitki ithalatında ilk 10 bitki .....	7
Şekil 2.4. Transgenik patateslere kazandırılan özellikler .....	10
Şekil 2.5. LTR ve TIR dizileri .....	15
Şekil 2.6. LTR dizilerinin yapısı .....	15
Şekil 2.7. Transpozonların sınıflandırılması .....	18
Şekil 2.8. LTR retrotranspozonları .....	21
Şekil 2.9. <i>Ty3/Gypsy</i> LTR retroelement yapısı .....	22
Şekil 2.10. Otonom olmayan <i>Ty3/Gypsy</i> LTR retroelement yapısı .....	23
Şekil 2.11. IRAP markır çalışma prensibi .....	24
Şekil 3.1. Metotun ana hatlarına dair şema .....	30
Şekil 4.1. 19 Patates Çeşidindeki gDNA İzolasyon Sonuçları .....	37
Şekil 4.2. Yaprak örneklerinde <i>Sukkula</i> IRAP-PCR sonucu .....	39
Şekil 4.3. Yumru örneklerinde <i>Sukkula</i> IRAP-PCR sonucu .....	39
Şekil 4.4. Yaprak örneklerinde .....	43
Şekil 4.5. Yumru örneklerinde <i>Nikita</i> IRAP-PCR sonucu .....	43
Şekil 4.6. Yaprak örneklerinde <i>P-Tst-1</i> IRAP-PCR sonucu .....	47
Şekil 4.7. Yumru örneklerinde <i>P-Tst-1</i> IRAP-PCR sonucu .....	47
Şekil 4.9. Yumru örneklerinde <i>P-Tst-3</i> IRAP-PCR sonucu .....	51
Şekil 4.10. Yaprak örneklerinde <i>P-Tst-6</i> IRAP-PCR sonucu .....	55
Şekil 4.11. Yumru örneklerinde <i>P-Tst-6</i> IRAP-PCR sonucu .....	55
Şekil 4.12. Yaprak örneklerinde <i>Copia like</i> IRAP-PCR sonucu .....	59
Şekil 4.13. Yumru örneklerinde <i>Copia like</i> IRAP-PCR sonucu .....	59

## ÇİZELGELER LİSTESİ

Çizelge 2.1. Dünyada önemli patates üreticisi ülkeler.....	6
Çizelge 2.2. Türkiye’de yıllara göre patatesin ekim alanı, üretim ve verimleri .....	6
Çizelge 2.3. İllere göre sofralık 2015 patates ekim alanları ve üretimi .....	7
Çizelge 2.4. Patatesteki zararlılara ve stres koşullarına karşı yapılan çalışmalar .....	11
Çizelge 3.1. Patates çeşitleri .....	25
Çizelge 3.2. 19 Patates çeşitlerinin özellikleri .....	26
Çizelge 3.3. 50X TAE tamponunun içeriği .....	33
Çizelge 3.4. IRAP-PCR çalışmasında kullanılan primer dizileri.....	34
Çizelge 3.5. IRAP-PCR bileşenleri.....	35
Çizelge 3.6. IRAP-PCR koşulları .....	35
Çizelge 4.1. 19 Patates yumrularından DNA izolasyon sonuçları.....	38
Çizelge 4.2. <i>Sukkula</i> retrotranspozonu bant sayıları .....	40
Çizelge 4.3. Yaprak örneklerinde <i>Sukkula</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	41
Çizelge 4.4. Yumru örneklerinde <i>Sukkula</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	42
Çizelge 4.5. <i>Nikita</i> retrotranspozonu bant sayıları.....	44
Çizelge 4.6. Yaprak örneklerinde <i>Nikita</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları .....	45
Çizelge 4.7. Yumru örneklerinde <i>Nikita</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları .....	46
Çizelge 4.8. <i>P-Tst-1</i> retrotranspozonu bant sayıları.....	48
Çizelge 4.9. Yaprak örneklerinde <i>P-Tst -1</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	49
Çizelge 4.10. Yumru örneklerinde <i>P-Tst -1</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	50
Çizelge 4.11. <i>P-Tst-3</i> retrotranspozonu bant sayıları.....	52
Çizelge 4.12. Yaprak örneklerinde <i>P-Tst-3</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	53
Çizelge 4.13. Yumru örneklerinde <i>P-Tst-3</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	54
Çizelge 4.14. <i>P-Tst-6</i> retrotranspozonu bant sayıları.....	56
Çizelge 4.15. Yaprak örneklerinde <i>P-Tst-6</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	57
Çizelge 4.16. Yumru örneklerinde <i>P-Tst-6</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	58
Çizelge 4.17. <i>Copia like</i> retrotranspozonu bant sayıları .....	60
Çizelge 4.18. Yaprak örneklerinde <i>Copia like</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	61
Çizelge 4.19. Yumru örneklerinde <i>Copia like</i> retrotranspozonu polimorfizm oranları ..	62

## 1. GİRİŞ

Solanaceae (Patlıcangiller) familyasının bir üyesi olan patates, dünyanın en önemli bitkilerinden biridir. Üretim bakımından dünyada çeltik, buğday ve mısırdan sonra dördüncü sırada gelmekte ve her yıl yaklaşık 400 milyon ton üretilmektedir. Aynı zamanda tek yıllık bir kültür bitkisi olan patates And dağlarında yabani form olarak keşfedilmiş ve ilk olarak Avrupa kıtasında kültüre alınmaya başlanmıştır. İçerdiği yüksek miktarda besin değeri ve antioksidan içeriğinden dolayı çok tercih edilmektedir. Ayrıca, yapısında bol miktarda karbonhidrat, protein, vitamin ve mineral maddeler bulundurmaktadır. Bu ve benzeri özelliklerinden dolayı 2008 yılında FAO tarafından “gizli hazine” olarak tanımlanmıştır. Günümüzde yumru oluşturan yaklaşık iki yüz adet yabani patates türü bulunmaktadır. Bununla birlikte son yıllarda hastalıkların ve çevresel stres faktörlerinin olumsuz etkilerinin artmasından dolayı üretiminde büyük zorluklar görülen bitkiler arasında hiç kuşkusuz patates bitkisi de yer almaktadır (Abed ve Demirhan, 2018).

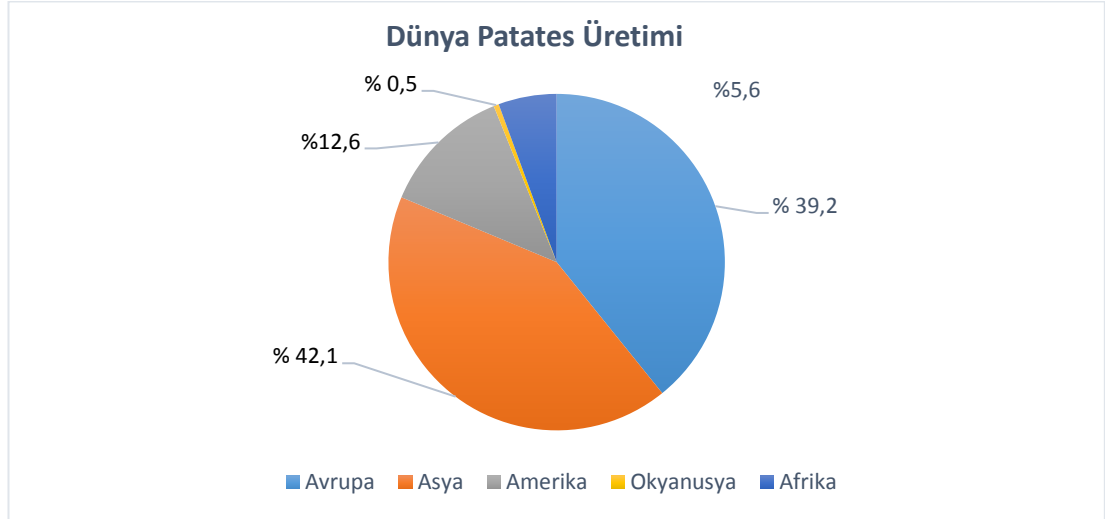
Bitki genomlarının yaklaşık %50–90 kadarı transpozonlardan oluşmuştur. Örneğin patates bitkisinin %59’u transpozonlardan oluşmaktadır. Transpozonlar tarafından oluşturulan genom hareketlerine transpozisyon denir. Transpozon, kromozom üzerinde yeni bir yerleşim noktasına hareket eden DNA dizisidir. İlk kez Barbara McClintock tarafından 1948 yılında mısır bitkisinde tanımlanmıştır (McClintock, 1948). Genel olarak transpozonlar genomdaki transpozisyon mekanizmalarına göre retrotranspozonlar ve DNA transpozonları olmak üzere iki gruba ayrılırlar (Bennetzen, 2000; Pagnotta vd, 2009). Transpozonlar, kromozomlarda yeni yerleştikleri yerlerdeki genlerin anlatımlarında önemli değişikliklere neden olabilirler. Bununla birlikte replikasyonla çoğalan retrotranspozonlar da genom obezitesine neden olurlar. Transpozonlar; insersiyon, inversiyon, delesyon, duplikasyon gibi olayları uyararak mutasyonlara ve böylece yeni alellerin oluşumlarına da katkıda bulunurlar. Bu yeni oluşumlar evrimsel süreçte yeni türlerin oluşumunda etkili bir mekanizma olarak görülmektedir (Bennetzen, 2000; Pagnotta vd, 2009; Schulman vd, 2004).

Günümüzde transpozonlar, prokaryotlarda klasik antibiyotik direnç markırı, ökaryotlarda insersiyon mutasyonları, haritalama, gen klonlama, transgenik organizmaların eldesi gibi amaçlarla moleküler genetik uygulamalarında yaygın olarak kullanılmaktadır. (Bergman ve Quesneville, 2007). Retrotranspozonlar, hareketleri ile genomda yeni bir bölgede lokasyon oluşturduğundan moleküler markır olarak kullanılmaktadırlar. Retrotranspozon temelli moleküler markırlar kullanılarak polimorfizm oranları belirlenebilmektedir. Polimorfizmin belirlenmesinde kullanılan en yaygın markır tekniği IRAP (Inter Retrotransposon Amplified Polymorphism) metodudur (Leigh vd, 2003; Schulman vd, 2004). IRAP, iki komşu retrotranspozon arasında kalan bölgenin PCR ile çoğaltılmasına dayanır. Retrotranspozonlar kendilerini kopyalayıp sonra bu kopyalarını genomda çeşitli yerlere yerleştirirler. Retrotranspozonlar önce transkripsiyon yoluyla kendilerini bir RNA molekülü olarak kopyalarlar, sonra bu RNA (çoğu zaman transpozon tarafından kodlanan) bir ters transkriptaz tarafından tekrar DNA'ya dönüştürülür ve genomda yeni bir bölgeye girer. Retrotranspozonlar uzun uç tekrar dizilerine (Long Terminal Repeat; LTR) sahip olup olmadıklarına göre iki gruba ayrılırlar. LTR'li retrotranspozonların LTR dizilerinde, promotörler ve retrotranspozisyon için gerekli olan en az iki enzimin genleri bulunur. LTR'li retrotranspozonlar, retrovirüslere çok benzerler ama virüs olarak paketlenmelerini sağlayan env (envelope) genine sahip değildir.. Virüs benzeri retrotranspozonlar paketlenemedikleri için hücreler arası hareket etmezler. LTR'li retrotranspozonlar insan genomunun % 8'ini oluştururlar. Günümüze kadar bitkilerde retrotranspozonlar üzerine yapılan çalışmalarda, retrotranspozonların evrimi, çeşitliliği, rekombinasyonu ve bir türün evrimini nasıl etkiledikleri gibi çalışmalara yoğunluk verilmiştir. Bu çalışmada ise 19 patates çeşitinde yumru ve yaprak dokularından alınan genomik DNA (gDNA) örneklerinde *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* and *Copia like* retrotranspozonunun hareketleri araştırılmıştır.

## 2. GENEL KISIMLAR

### 2.1. Patates Bitkisi (*Solanum tuberosum* L.)

Patates (*Solanum tuberosum* L.), *Solanaceae* familyasının *Solanum* cinsi içerisinde yer alan tek yıllık kültür bitkisidir. Geniş adaptasyon yeteneğine sahip olup, 70° kuzey ve 50° güney enlem dereceleri arasında bulunan ülkelerde deniz seviyesinden 3500-4000 m yüksekliğe kadar olan alanlarda yetiştirilebilmektedir. Anavatanı olan Güney Amerika'daki And dağlarının yüksek yaylalarından Dünya'ya yayılmıştır. Asya kıtası, global patates üretiminde dominant durumda olup yaklaşık dünya patates üretiminin % 42.1'ini karşılamaktadır (Şekil 2.1). (Berkas, 2002) Berkas(2002)'a göre; Türkiye'ye ilk defa 1853 yılında Sakarya nehri vadisinde, Karadeniz boğazı yakınlarında Adapazarı yöresinde olmak üzere batı bölgelerimizde patates tarımına başlanmıştır. Doğu bölgelerimizde ise Rusya ile Kafkaslardan girerek patates tarımına başlanmış ve buradan tüm ülkeye yayılmıştır (Spooner vd, 2005). Geniş kullanım alanı, yüksek verim potansiyeli ve besin kalitesi nedeniyle tarımsal öneme sahip bitkilerden biridir (Caligari, 1992).



Şekil 2.1. Patates bitkisinin dünya ülkelerine dağılışı (Beyhan, 2017)

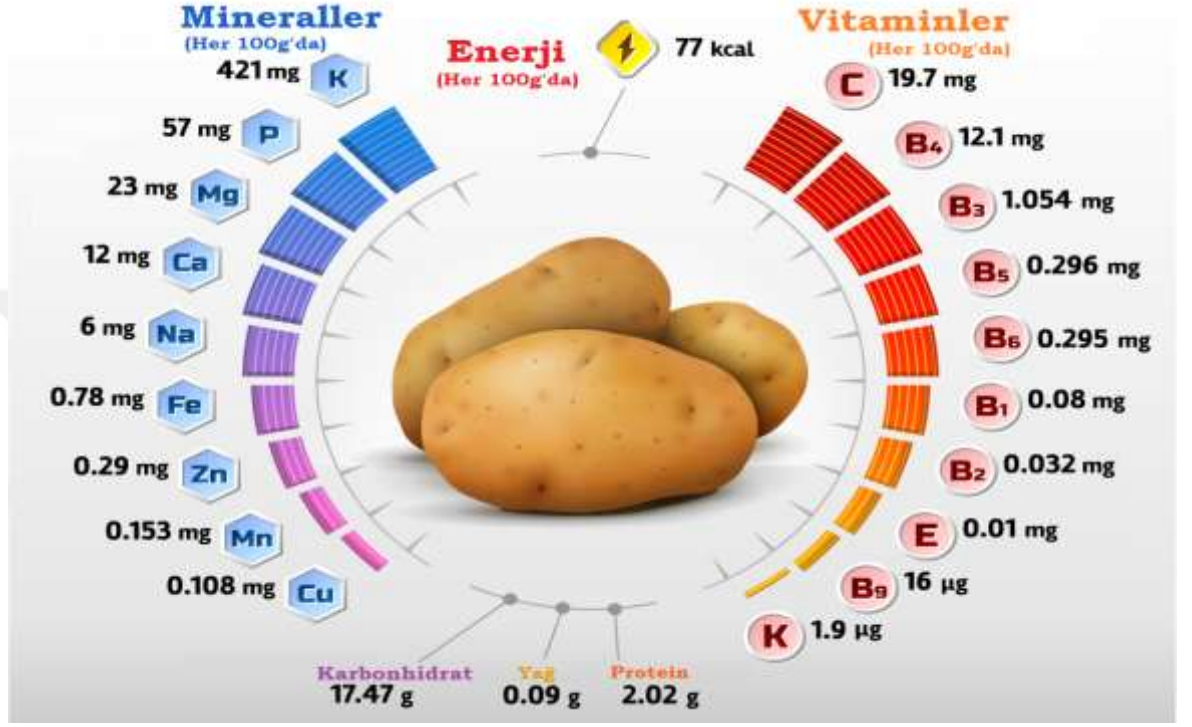
Günümüzde üretimi yapılan patates (*Solanum tuberosum* L.), *Solanum* cinsine aittir. *Solanum* cinsi yaklaşık 2.000 kadar tür içermekte olup, bunlardan 150 kadarı yumru oluşturma özelliğine sahiptir (Sleper ve Poehlman, 2006). En fazla üretimi

yapılan patates (*Solanum tuberosum* L.) yabancı bir tür olan *Solanum brevicaulle*'nin kültüre alınıp geliştirilmesi sonucu elde edilmiştir (Bártová ve Bárta, 2006). İslah çalışmalarında, *Solanum acaule*, *Solanum chacoense*, *Solanum demissum*, *Solanum stoloniferum* ve *Solanum vernei* türleri de kullanılmaktadırlar. Yabancı patates türleri biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı daha dayanıklıdırlar. Patatesin yabancı türleri, barındırdıkları önemli karakteristik özelliklerinden dolayı ıslah açısından önemlidirler (Hijmans, 2003). İslah çalışmalarında kullanılan yabancı patates türlerinden *Solanum acaule* soğuğa karşı dayanıklılık gösterirken, diğer türler özellikle hastalık etmenlerine karşı dayanıklıdırlar. *Solanum acaule*, *Solanum demissum* ve *Solanum stenotomum* türleri kuraklık stresine dayanıklılık için, *Solanum demissum* ve *Solanum bulbocastanum* türleri ise geç yanıklık (mildöyü hastalığı) hastalığına karşı dayanıklılık geliştirmek için kullanılmaktadır (Huamán ve Spooner, 2002).

*Solanum* cinsinin haploid kromozom sayısı  $n=12$ 'dir. (Anonim, 2019). Diploid ( $2n=2x=24$ ) ve hekzaploid ( $2n=6x=72$ ) arasında değişen poliploid bir dizi oluşturmaktadır. Triploid ve pentaploid türler sadece Anddağlarının yaylalarında yetişirken, diploid türler daha yaygındır. Kültürü yapılmakta olan tetraploidler ise ıslah çalışmalarında kullanılmaktadır (USDA, 2016b).

Patates, dünyada temel bitkisel gıda kaynağı olarak üretilen buğday, mısır ve pirinçten sonra 4. sırada yer almaktadır. Türkiye, iklim ve toprak özellikleri yönünden patates üretimi için oldukça avantajlı bir konuma sahip olup ülkenin neredeyse tamamında ve yılın hemen hemen her döneminde patates üretimi yapılabilmektedir. Ayrıca patates bir çapa bitkisi olduğu için ekim nöbetinde de önemli bir yere sahiptir (Cao vd, 1996). Haşlanarak veya kızartılarak taze tüketildiği gibi sanayide konserve, dondurulmuş parmak patates, cips, püre, granül ve toz gibi formlarda işlenmekte ve pazarlanmaktadır. Ayrıca yan ürün olarak hayvan yemi, nişasta, un, alkol ve biyoetanol yapımında da değerlendirilen çok yönlü bir üründür. Yumruları; karbonhidratlar, proteinler, vitaminler ve de mineraller açısından oldukça zengindir (Anonim, 2019). Brown'a (2005) göre; (Brown, 2005) 100 g'lık patates yumrusunun normal bir insanın gereksinim duyduğu günlük proteinin minimum %7'sini, demirin %10'unu, C vitamininin %20- 50'sini, B1 vitamininin %10'unu ve enerjinin %32'sini karşılamaktadır. Patateste bulunan vitaminlerin de günlük beslenmede büyük payı vardır. Özellikle vücutta depo edilemeyen suda çözünen vitamin B grubu vitaminlerinden Tiamin (Thiamine), Riboflavin (Riboflavine), Niasin (Niacin) ve C

vitamini bakımından zengindir (Şekil 2.2.) (Brown, 2008). Her geçen gün artan dünya nüfusu, insanların ihtiyaç duydukları gıda maddesi ihtiyacını da artırmıştır ve patates bitkisinin önemi, kaliteli ve dengeli beslenmeye katkısından dolayı özellikle az gelişmiş ve gelişmekte olan ülkelerde açıkça ortaya çıkmaktadır (Abed ve Demirhan, 2018).



Şekil 2.2. Patates bitkisinin besinsel değerleri (USDA, 2016a)

Dünyada en önemli patates üreticisi olan ülkeler Çin, Hindistan, Rusya, ABD ve Ukrayna'dır (Çizelge 2.1.). Sayılan ülkelerin dünya patates üretimindeki payları % 50'yi aşmaktadır. 2017 yılında Türkiye 4.7 milyon tonluk üretimi ile dünyadaki patates üretiminde 16. sırada yer almaktadır (Brown vd, 1993).

**Çizelge 2.1.** Dünyada önemli patates üreticisi ülkeler (2017) (FAO, 2016)

Sıra	Ülkeler	Ekim alanı (ha)	Üretim (ton)
1.	Çin	5.815.140	99.122.420
2.	Hindistan	2.130.000	43.770.000
3.	Rusya	2.030.858	31.107.797
4.	Ukrayna	1.311.600	21.750.290
5.	ABD	407.810	19.990.950
6.	Almanya	242.500	10.772.100
7.	Bangladeş	475.699	9.474.099
8.	Polonya	311.620	8.872.445
9.	Fransa	175.225	6.834.680
10.	Hollanda	155.594	6.534.338
11.	Belarus	292.401	5.985.810
12.	İngiltere	139.000	5.373.000
13.	İran	161.771	5.164.891
14.	Mısır	184.592	5.029.022
15.	Cezayir	156.196	4.782.690
16.	Türkiye	144.706	4.750.00
17.	Kanada	141.157	4.620.000
18.	Peru	318.380	4.570.670
19.	Malawi	172.870	4.535.960

Türkiye’de son 10 yıllık veriler göz önünde bulundurulduğunda patates üretiminin sürekli olarak 4 milyon tonun üzerinde olduğu görülmektedir Çizelge 2.2. Sadece bir istisna olarak 2013 yılında 2012 yılına göre %18’lik bir düşüş görülmesi ile 3.9 milyon ton patates üretimi gerçekleştirilmiştir (Bulley vd, 2011; Van Eck vd, 2007).

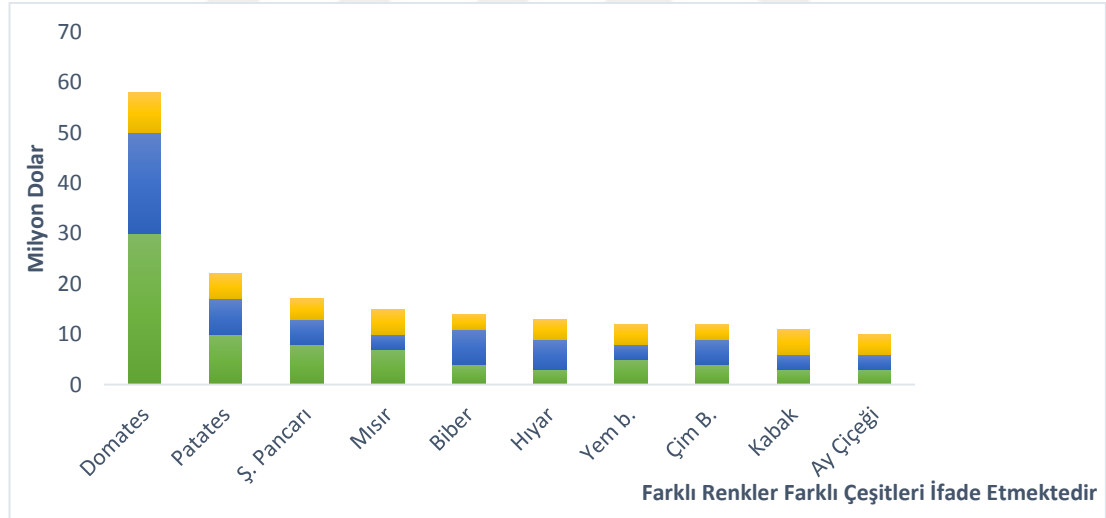
**Çizelge 2.2.** Türkiye’de yıllara göre patatesin ekim alanı, üretim ve verimleri (TÜİK, 2017)

Yıllar	Ekilen alan (ha)	Verim (kg)	Üretim (ton)
2007	1 525 975	2 771	4 227 726
2008	1 478 883	2 838	4 196 522
2009	1 428 738	3 078	4 397 711
2010	1 388 660	3 250	4 513 453
2011	1 429 849	3 226	4 613 071
2012	1 720 867	2 786	4 795 122
2013	1 250 297	3 158	3 948 000
2014	1 297 032	3 212	4 166 000
2015	1 538 787	3 093	4 760 000
2016	1 448 572	3 279	4 750 000
2017	1 428 835	3 359	4 800 000

Türkiye’de hemen hemen her ilde patates üretimi yapılmaktadır. Üretim yoğun olarak sırasıyla Niğde, Nevşehir, İzmir, Konya, Afyon ve Kayseri illerinde gerçekleştirilmekte; bu illeri sırasıyla Bolu, Adana, Nevşehir, Aksaray, Bitlis izlemektedir. Toplam patates üretiminin yaklaşık % 75’i bu illerde üretilmektedir (Çizelge 2.3) (Singh ve Rajini, 2004). Tohumluk bitki ithalatında domates tohumundan sonra ikinci sırayı patates tohumu almaktadır. 2015 yılında yurt dışından getirilen patates tohumlarının maliyeti 20 milyon doları aşmıştır (Şekil 2.3).

**Çizelge 2.3.** İllere göre sofralık 2015 patates ekim alanları ve üretimi (TÜİK, 2017)

İller	Ekilen alan (dekar)	Üretim (ton)	Verim (kg/da)
Niğde	227.466	674.773	2.966
Konya	126.780	493.748	3.895
Afyon	149.424	434.929	2.911
İzmir	114.671	407.745	3.556
Nevşehir	69.901	301.039	4.307



**Şekil 2.3.** Türkiye’nin 2015 yılında tohumluk bitki ithalatında ilk 10 bitki (TÜİK, 2017)

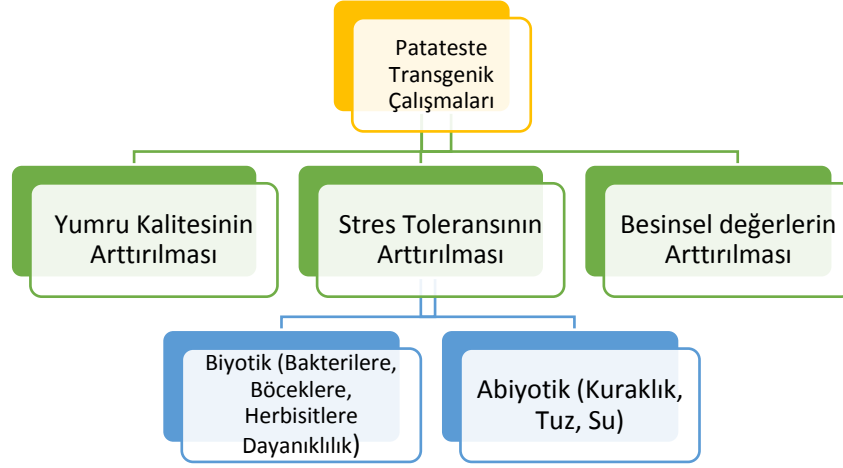
## 2.2. Patates Bitkisinde Biyoteknolojik Çalışmalar

Patates bitkisinin doku kültürü çalışmaları, bitkinin büyümesi ve gelişmesi için kültür ortamı olan, ışık ve sıcaklığın gerekli düzeyde ayarlanabildiği ve optimum şartların temin edilebildiği bitki doku kültürü laboratuvarlarında gerçekleştirilmektedir. Doku kültürü yöntemlerinden mikro çoğaltım yöntemi ile yıl boyunca mevsim şartlarının

olumsuz etkilerinin olmamasından dolayı birçok bitki vejetatif olarak çoğaltılabilmektedir (Lizarraga vd, 1991). Doku kültürü laboratuvarlarının sağladığı optimum koşullar ile patates bitkisinde, son yıllarda artış gösteren virüs, bakteri gibi hastalıklar ve çevresel stres faktörlerinin olumsuz etkilerinden uzak, sağlıklı ürün elde edilmiştir. Doku kültürü metotları kullanılarak bitkisel üretimde kalite artırma mümkün olmakta ve hastalıklarla mücadele için geliştirilen ürünlerin çalışmalarının yapılması için önemli bir yer tutmaktadır. Patates bitkisi bu metotların en çok kullanıldığı bitki türlerinden birisidir. (Novak vd, 1980) tarafından “Cira, Nora, Radka ve Blanik” patates çeşitlerinde MS ortamında oksin (IAA, NAA), sitokinin (K, BAP) ve Gibberellik Asit (GA3) ormonlarının farklı konsantrasyonlarını kullanarak yaptıkları çalışmada, GA3 hormonlarının test konsantrasyonlarının tümünde sürgün ve kök oluşumunu gözlediklerini ifade etmişlerdir. Sonuçta, GA3 hormonunun sürgün ve kök oluşumu üzerinde etkin hormon olduğunu ifade etmişlerdir. Ayrıca sitokinin hormonların sürgün gelişimi için uygun olduğunu fakat artan K konsantrasyonunun bitki gelişimini engelleyici etkiye sahip olduğunu da belirtmişlerdir. Çalışmanın devamında farklı hormonların aynı ortama ilave edilmesinin etkilerini de gözlemlemişlerdir. Oksin+sitokinin ve oksin+sitokinin+GA3 hormonlarının aynı ortamda ilave edilmesi sonuçlarında Cira çeşidinde GA3 ile düşük konsantrasyonlarda K ve IAA intreaksiyonunda optimal ve hızlı gelişim gözlemlemişlerdir. Ayrıca NAA hormonu sitokinin hormonları ile birlikte kullanıldığında NAA hormonunun önemli miktarda inhibitör etkide bulunduğu belirtilmiştir (Novak vd, 1980).

Günümüzde, biyoteknolojik yöntemler kullanılarak yapısında olan/olmayan gen veya genler başarılı bir şekilde tarımsal değer bakımından önemli bitkilerin yapısına aktarılabilmektedir. Bu yöntemler kullanılarak yapılan çalışmalar son yıllarda birçok farklı uygulama alanlarının oluşmasına neden olmuştur. 1980’li yıllarda ilk genetiği değiştirilmiş tütün ve 1996 yılında ilk ticareti yapılan transgenik domates kullanılmaya başlanmıştır. İlerleyen yıllarda ise transgenik çalışmaların önemli bir kısmı ise patates üzerinde yapılmıştır. Patates bitkisinde ilk transgenik çalışmalar 1995 yılında Amerika’da Kolarado patates böceğine karşı direnç sağlamak için, “Russet Burbank” çeşidinden olan ve “NewLeaf™” olarak adlandırılan patatese *CryIII*A geni aktarılmasıyla başlanmıştır. Ticareti yapılan ilk transgenik patates çeşiti “Russet Burbank” olmuştur. İlk biyoteknolojik ürünlerden biri olan patates bitkisi, bu tarz çalışmalar için ideal bir bitki olduğunu göstermektedir (USDA, 2015). Her ne kadar

ilk transgenik ürünlerden birisi patates olsa da ilk başlarda bu bitki için geleneksel ıslah çalışmalarına ağırlık verilmiştir. Fakat geçtiğimiz son yüzyılda patates bitkisinde istenilen düzeyde verim elde edilememiştir. Patates bitkisinde yapılması beklenen ıslah çalışmaları; verim ve kalite artışı, hastalıklara ve böceklerle karşı direnç ve su ihtiyacının karşılanmasıdır. Patates üreticileri ilk başlarda verim, taze pazar temini, kalite artırımı, muhafaza veya depolama işlemlerine odaklanmışlardır. Bu işlemleri yaparlarken aynı zamanda patates hastalıklarına çözüm bulmayı da amaçlamışlardır. Patates bitkisinde genetik çeşitlilik ve dayanıklılık ıslah çalışmaları için yabancı türlerden yararlanılmıştır. Bu konuda zengin bir kaynak olunca da hastalık direnci ve yumru kalitesini artırmak gibi alanlarda kayda değer başarılar elde edilebilmiştir. Patates bitkisinde yapılan çalışmalarda en önemli husus, yumru kalitesinin arttırmak ve hastalık etmenlerinin zararlarını en aza indirmektir (Jansky, 2000). Yabancı formlardan yetiştirilen patateslerde, biyotik ve abiyotik stres faktörleri başta olmak üzere zararlılara karşı tolerans artırmada birçok çalışmalar yapılmıştır (Şekil 2.4). Patates bitkisi kullanılarak yapılan biyoteknolojik çalışmalar incelendiğinde en fazla tercih edilen çalışmaların, bitkinin stres koşullarına dayanıklılığının, yumru kalitesinin ve besinsel değerlerinin artırılması üzerine yapıldığı görülmektedir (Çizelge 2.4). Bazı çeşitlerin sıklıkla tercih edilmesi, bazı genetik karmaşalar, önceden doğal şartlarda gerçekleşen durumlar ıslah çalışmalarını sınırlandırmaktadır. Bundan ötürü endüstriyel çalışmalarda yabancı formlardan elde edilen sadece birkaç özellik kullanılabilir. Biyoteknolojik yöntemler bazı yeni genlerin kolay teşhis edilmesine, izole edilmesine ve aktarımına olanak sağlamaktadır (Hirsch vd, 2013). Rekombinant DNA yöntemleri, geleneksel yöntemler ile kıyaslandıklarında bazı avantajlar ve dezavantajlara sahiptir. Geleneksel ıslah çalışmaları ile iki heterozigot tetraploid ebeveynin, farklı fenotipik özelliklerinin döllere aktarılmasını sağlamaktadır. Fakat bazı çalışmalarda az miktarda da olsa her iki ebeveyn den aktarılması istenmeyen özelliklerinden bir kısmı da aktarılabilmektedir. Dolayısı ile istenmeyen özellikler geri çaprazlama yöntemleri ile uzaklaştırılmalıdır. Bu tarz çalışmalarda, yeni bir patates çeşidinin ticari olarak değerli bir ürün haline gelmesi uzun bir süre (10-15 yıl) alabilmektedir.



**Şekil 2.4.** Transgenik patateslere kazandırılan özellikler (Halterman vd, 2016)

Zararlılara karşı direnç kazandırılmış patates türlerinin üretimine başlanması ile kullanılan pestisit miktarının azaltılması hedeflenmektedir. Patates bitkisinin suya olan ihtiyacını düzenleyen genin susturulması su eksikliğinde patates yetiştirilmesine olanak tanıyabilmektedir. Son 15 yılda ekili patatesi, patates mantarı hastalığına neden olan *Phytophthora infestans* patojenine karşı dirençli hale getirmek için yabancı türlerinden birkaç genin tanımlanması ve klonlanmasında önemli mesafeler katedilmiştir. Örneğin *P. infestans* suşuna karşı direnç sağlamak için *Solanum demissum*'dan *R1*, *R2* ve *R3a* (Bouwmeester vd, 2014), *S. bulbocastanum*'dan *Rpi-blb1*, *Rpi-blb2* ve *Rpi-blb3* (Du vd, 2015; Ron ve Avni, 2004), *S. venturii*'den *Rpi-vnt1.1* (Kang vd, 2005; Kanyuka vd, 2005) ve *S. mochiquense* elde edilen *Rpi-mcq1* genleri kullanılabilmektedir (Nicaise vd, 2003). Gen aktarım işleminde kullanılan bu genler, sahip oldukları genetik varyasyonlardan dolayı geç yanmazlığa dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesinde kullanılmaktadırlar. Patateste transgenik çalışmalar; yumru kalitesinin arttırılması, stres toleransının arttırılması, biyotik (bakterilere, böceklerle, herbisitlere), abiyotik (kuraklık, tuz, su) streslere karşı dayanıklılık, besinsel değerlerin arttırılması, varyasyonlardan dolayı dayanıklı çeşitlerin geliştirilmesi olarak sıralanabilir. 2011 yılında Fortuna adlı biyoteknoloji şirketi (BASF), iki direnç geni, *Rpi-blb1* (RB) ve *Rpi-blb2* geni aktarılan ve geç yanmazlığa neden olan patates çeşitlerinin kullanılması için başvuru da bulunmuştur. Fakat bu geliştirilen patates çeşidi pazarlarda satılmamıştır. Yine benzer bir çalışmada Simplot tarafından geliştirilen “InnateTm” patatesinin ikinci jenerasyonu geç yanmazlık direnci göstermiştir (Jones vd, 1994; Nicaise vd, 2003; Paal vd, 2004). Yabancı patates

türlerinden geç yanıklık direnci sağlamak için yukarıda sayılan çeşitlerden ayrı *S. tuberosum* ssp., *Andigena* ve *S.acaule*'den sırasıyla izole edilen *Rx1* ve *Rx2* genleri, patates virüsü X'e (Duan vd, 2012), karşı direnci arttırmak için geliştirilmiştir (Ruffel vd, 2002). Yukarıda sayılan çalışmalar sadece birkaç patates hastalığı için geliştirilmiş çalışmalar olsa da yeni hastalıklar için patates bitkisi üzerinde çalışmalar devam etmektedir. Yaygın olarak kullanılan direnç genleri olan *PRR* ve *R* genlerinden başka *eIF4E* geni gibi yeni genler de kullanılmaya başlanmıştır. *eIF4E* geni de virüslere karşı direnç sağlamak için kullanılmaktadır (Baum vd, 2007; Huang ve Ingber, 2005). Bunun yanı sıra patatesteki zararlılara ve stres koşullarına karşı yapılan diğer çalışma özetleri çizelge 2.4' te ayrıntılı olarak vermiştir.

**Çizelge 2.4.** Patatesteki zararlılara ve stres koşullarına karşı yapılan çalışmalar (PVX: Patates X virüsü, PVY: Patates Y virüsü, PLVVR: Patates yaprak kıvrıcıklığı virüsü)

No	Aktarılan gen	Kaynak	Kazandırılmak istenen özellik	Referans
1.	<i>PVXCP, PVYCP, PLRVCP</i>	PVX, PVY, PLVVR	Virüs direnci	(Huisman vd, 1992)
2.	<i>R1, R2, R3a</i>	Patates	Fungus direnci	(Huang ve Ingber, 2005; Lokossou vd, 2009)
3.	<i>Rpi-blb1, Rpi-blb2, Rpi-blb3</i>	Patates	Fungus direnci	(Lokossou vd, 2009; Song vd, 2003; Van Der Vossen vd, 2003; Vossen vd, 2005)
4.	<i>Gro1-4; Gpa2</i>	Patates	Nematot direnci	(Paal vd, 2004)
5.	<i>CBP20</i>	<i>A.thaliana</i>	Kuraklık tolerans	(Papp vd, 2004)
6.	<i>Cry IIIA</i>	<i>B.thuringensis</i>	Böcek direnci	(Kamenova vd, 2008)
7.	<i>Cry III</i>	<i>B.thuringensis</i>	Böcek direnci	(Lee vd, 2004)
8.	<i>Cry 1B</i>			
8.	<i>Rpi-vnt1.1</i>	Patates	Fungus direnç	(Foster vd, 2009; Pel vd, 2009)
9.	<i>Rpi-mcq1</i>	Patates	Fungus direnç	(Foster vd, 2009)
10.	<i>Cry 1A</i>	<i>B.thuringensis</i>	Böcek direnci	(Hur vd, 2004)

### 2.3. Transpozonlar

Transpozonlar, genom içinde yer değiştirebilme özelliğine sahip DNA dizileridir. Bu DNA dizileri, transpozisyon vasıtasıyla bir kromozomal bölgeden bir diğerine hareket ederler. *Plasmodium* cinsinin birkaç türü hariç, tüm ökaryotlarda ve neredeyse tüm prokaryotlarda bulunan transpozonlar, ökaryotik genomların büyük çoğunluğunu oluştururlar (Bowen ve Jordan, 2002; Grzebelus, 2006; Huang vd, 2009; Jurka, 2008; Okamoto ve Hirochika, 2001; Wicker vd, 2007). Transpozonlar, bitki genomlarının yaklaşık % 50-90 (Ek 1), hayvan genomlarının da % 3-45'ini oluştururlar. Prokaryotların çoğunda % 1-3 olarak bulunan transpozonların yüzde miktarı, mayada (*Saccharomyces cerevisiae* Meyen ex E.C. Hansen) % 3, memelilerde % 25-45, insanlarda % 45 ve Graminaceae'de ve Liliaceae'de % 90-98'dir (Bowen ve Jordan, 2002; Lerat, 2010; Mansour, 2007; Roberts vd, 2008; Schulman ve Kalendar, 2005; Wessler, 2006c; Wicker vd, 2007). Mısır bitki hücresinde kromozom kırılmaları ve bunun genetik sonuçları ile ilgili yapılan çalışmada, kontrol elementleri (controlling elements) olarak adlandırılan transpozonlar keşfedilmiştir. Boyanan örnekleri inceleyen McClintock (1953), iki element yoluyla mutasyon oluştuğunu bildirmiştir. Mutasyona neden olan bu ilk elementi "activator" (Ac), mutasyon aktivitesini kontrol eden ikinci elementte "dissociator" (Ds) olarak tanımlanmıştır (McClintock, 1953). Bu iki elementin mısır bitki hücresinin 9. kromozomu üzerinde pozisyonlarını değiştirdiğini fark etmiş ve çalışmanın sonunda Ac elementinin kendi hareketini kontrol edebildiğini bildirmiştir. McClintock (1956), bu hareketi "transpozisyon" olarak isimlendirmiş ve ayrıca mısır bitkisinde "suppressor-mutator" sistemi olarak isimlendirilen ikinci bir transpozisyon sistemini de bildirmiştir.

Bu sistem, iki genli transpozabl elementlerin bir dizisini kapsamaktadır (Cameron vd, 1979; Finnegan vd, 1978; McClintock, 1956). 1983 yılında Nobel ödülüne layık görülen McClintock, genom organizasyonu ve genom stabilitesi ile ilgili düşüncelerin değişmesini sağlamıştır. 1980'li yıllarda *Caenorhabditis elegans* ve insan'da (Paulson vd, 1987; Rosenzweig vd, 1983) 1990'lı yıllarda ise hareketli elementler tanımlamıştır (Daboussi vd, 1991). Hareketli elementler bu zamana kadar neredeyse tüm organizmalarda bulunmuştur. Mısır bitki genomunun % 75'ten fazlası (Baucom vd, 2009) ve insan genomunun da yaklaşık % 45'i (Lander vd, 2001) bu hareketli elementlerden oluşmaktadır. Transpozonlar hareketlilikleri bakımından aktif transpozonlar ve inaktif transpozonlar olmak üzere ikiye ayrılırlar. Hareketli olanların

büyük çoğunluğu, isimlerinin aksine inaktif transpozonlardan oluşur. Türlerin evriminin erken evrelerinde bu inaktif transpozonlar, transpozisyon yapmış ve bugünkü bulunduğu kromozomal bölgelere yerleşmişlerdir. Bu yüzden inaktif transpozonlar, moleküler fosil olarak da adlandırılmaktadır. Ancak transpozonların aktif veya inaktif olması tamamen kalıcı bir durum değildir. Çevresel koşulların değişmesi bu elementleri aktif veya inaktif hale dönüştüren epigenetik oluşumu değiştirebilmektedir (Wessler, 2006a). Çoğu transpozonlar iki temel özellik taşırlar. Birincisi, genom içinde bir yerden diğerine hareket edebilme özelliği (transpozisyon), ikincisi de genomdaki kopya sayılarını arttırabilme (replikasyon) özelliğidir (Bennetzen, 2000). Bazı dizilerin genomda çok fazla miktarda bulunmasından ve konak genomlarından daha hızlı replike olduklarının anlaşılmasından dolayı, transpozonların kendi türlerinin devamlılığından başka bir amacı olmayan elementler olduğu varsayılmış ve transpozonlara bencil DNA ismi verilmiştir (Okamoto ve Hirochika, 2001).

### **2.3.1. Transpozonların biyolojik önemleri ve fonksiyonları**

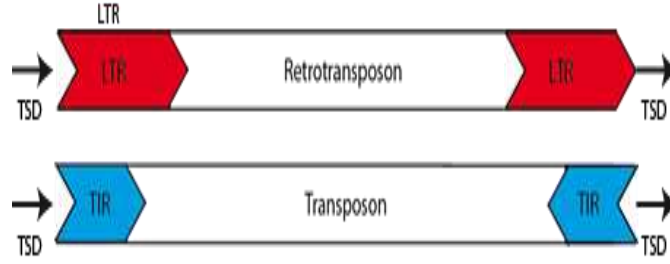
Teorik olarak, yer değiştirebilme özelliğine sahip elementler, gen kodlayan bir bölgeye girebilir ve o geni inaktif hale getirebilir ya da genin çevresindeki bir bölgeye yerleşerek genin düzenini değiştirebilirler. Bazen de gen dışı bölgelere yerleşebilir ve burada sayılarını arttırabilirler. Pratik olarak transpozonlar, bilim insanları tarafından birçok amaçla kullanılmaktadır. Bu epigenetik düzenlenmeyle transpozonlar, embriyonik gelişim esnasında doku değişiminden, ergin bireydeki çeşitli dokuların değişimlerinden korunmalarına kadar birçok olayda görev yapmaktadır. Transpozabl elementler, genomda ekzon bölgelerine yerleşerek değişimlere neden olabilirler. Bu şekilde meydana getirdikleri null mutasyonlar sonucunda özel fenotipik varyasyonlar oluşabilir. *Drosophila*'da hem P elementinin hem de copia elementinin ekzon dizileri arasına girmesi; kodlama yapan dizileri ve kırmızı göz pigmentinin üretimini değiştirmiştir. Sonuçta, pigment eksikliği olan beyaz göz oluşmuştur. Pigment oluşumundaki bu değişiklik ile canlılar, laboratuvar şartlarında hayatlarını devam ettirirken doğal ortamlara uyum sağlamama ihtimali vardır (Rubin vd, 1982). Transpozabl elementler, genlerin düzenleyici bölgelerindeki dizileri değiştirebilir. *Drosophila*'da yellow geninin 5' upstream bölgesine *gypsy* elementinin eklenmesi sonucunda özel dokularda yellow geninde anlatım kaybı izlenmiştir (Corces ve Geyer, 1991). Mısır bitkisinde ise, *Adh1* geninin TATA kutusuna Mu (Mutator) elementinin

eklenmesi sonucu dokuya özgü RNA anlatımının farklılaştığı gözlemlenmiştir (Kloeckener-Gruissem vd, 1992). İntronların içine giren transpozabl elementlerin birçoğu mRNA'nın işlenmesi sürecinde ayrıldıkları için gen ürünlerinde bir farklılığa neden olmazlar. Transpozonlar, kromozom yapısı için ayrıca çok önemli başka özelliklere de sahiptirler. Kromozom yapısının oluşumu sırasında birçok transpozon, sentromer ve telomer bölgelerine yerleşmiş ve yerleştikten sonra inaktif olmuşlardır. Ökaryotlarda kromozomların heterokromatin bölgeleri çoğunlukla bu moleküler fosillerden oluşmaktadır. Bundan başka transpozonlar, aktif olarak kromatin yapısının oluşumunda, sentromer fonksiyonunda ve sinaptonemal komplekslerin bir araya gelmesinde, dolayısıyla hücre bölünmesinde çok önemli rol oynar (Biemont, 2009; Thornburg vd, 2006). Aynı zamanda, genomların evrimine de büyük katkı sağladığı düşünülmektedir (Jurka, 2008; Lippman vd, 2004; Venner vd, 2009; Wessler, 2006a). Günümüzde moleküler fosil olarak adlandırılan inaktif elementler, doğal seçimde başarılı olabilen ve genoma zarar vermeyen elementlerdir. Çünkü mutasyona sebep olan transpozonların, konak genomlarına zarar vermeleri durumunda organizma yaşayamayacak, böylece de yeni genler döllere aktarılamayacaktır. Meydana gelen mutasyonlar, gen ve genom düzeyinde meydana getirdikleri yapısal ve işlevsel değişiklikler ile, gerektiğinde yeni alleller oluşturarak çeşitlilik ve fenotipik esneklik sağlarlar. Araştırmacılar türlerin evrimsel geçmişinde tek bir genin replikatif transpozisyon yoluyla gen ailelerini oluşturduğunu ve bu sayede türlerin farklı gelişimsel ortamlara uyum sağlayabildiğini düşünmektedir (Bergman ve Quesneville, 2007; Wessler, 2006b; Wicker vd, 2007).

### **2.3.2. Transpozonların sınıflandırılması, hareket mekanizmaları ve yapıları**

Bütün transpozabl elementler, genomda bir bölgeden diğer bölgeye hareket etme yeteneğine sahiptir. Hareketli elementlerin birçoğu transpozisyon yoluyla genomda kopya sayılarını arttırabilir (Le Rouzic vd, 2007). 1989 yılında Finnegan, aracı moleküle göre ilk transpozabl element sınıflandırma sistemini önermiştir. Bu sistemde, hareketli elementler transpozisyon mekanizmasına göre iki sınıfa ayrılmıştır: RNA (Sınıf I veya retrotranspozonlar) ya da DNA (Sınıf II veya DNA transpozonları). Sınıf I retrotranspozonlarının transpozisyon mekanizması kopyala ve yapıştır (copy and paste), Sınıf II'nin ise kes ve yapıştır (cut and paste) olarak isimlendirilir (Finnegan, 1989). Retrotranspozonlar (Ek 2), LTR (Long Terminal Repeat - Uzun Uç Tekrarları) dizileri ile sınırlandırılırken; DNA transpozonlarının uç kısımlarında TIR (Terminal

Inverted Repeat) dizileri bulunur (Şekil 2.5). LTR ve TIR dizileri transpozisyonda önemli görevlere sahiptirler.



**Şekil 2.5.** LTR ve TIR dizileri. LTR dizileri, TIR dizilerinden daha büyüktür. Her iki dizide siyah oklar ile Hedef Bölge Duplikasyonları (Target Site Duplications - TSD) gösterilmiştir. TSD, integrasyon mekanizmasından kaynaklanan çoğaltılmış genomik dizidir (<http://gydb.org/index.php/LTRs>).

LTR dizileri, genellikle 5'-TG...CA-3' ters tekrarlar ile başlayıp biten (Şekil 2.6), hareketli genetik elementlerin iç bölgelerini sınırlandıran ve kodlama yapmayan DNA dizileridir (Voytas ve Boeke, 2002).



**Şekil 2.6.** LTR dizilerinin yapısı (<http://gydb.org/index.php/LTRs>).

LTR dizileri; U3, R ve U5 olmak üzere üç bölgeye ayrılır. U3 bölgesi, 200-1.200 nükleotit uzunluğunda ve promotörlerin olduğu yerdir. R bölgesi, tekrarlardan oluşur. U5 bölgesi, 75-250 nükleotit uzunluğunda ve transkripsiyonu yapılmış genomun ilk bölümünü oluşturur. PBS olarak adlandırılan 18 nükleotitlik bölge, genellikle 5' LTR'nin ucunda bulunur. PBS, hücresel tRNA'nın ucunu tamamlayıcıdır ve 5' LTR'nin R-U5 bölgesine tamamlayıcı olan DNA ipliğinin sentezlenmesi için ters transkriptaz (reverse transcriptase - rt) tarafından primer olarak kullanılır. PPT ise 3' LTR ucunda görülür ve konak hücre genomuna birleşmiş viral DNA formu olan proviral DNA ipliğinin sentezlenmesinde görevlidir. Bazı durumlarda LTR'ler arası rekombinasyon, LTR dizilerinin tek kalmasına sebep olmaktadır. Genomda tek başına kalan LTR dizilerine solo-LTR denir (Shirasu vd, 2000), ve arpanın Rar 1 bölgesindeki dizilerde retrotranspozon varlığını araştırmış ve 18 kb'lık aralıklarla toplanan 66 kb'lık alanlarda üçlü genler bulmuştur. Bazı organizmalarda solo-LTR kopyaları, genomda bulunan her elemente ait kopyaların sayısından bile çoktur (Gu

vd, 2004; Kalendar vd, 2000; Marco ve Marin, 2005; Shirasu vd, 2000). TIR dizileri, transpozaz tarafından tanınan DNA bağlanma bölgeleri içerir ve böylece transpozon genomik DNA'dan kolayca ayrılarak hareket eder (Craig, 2002). TIR dizileri, transpozon aileleri arasında farklı sayıda ve uzunlukta olmasına rağmen genellikle iki işlevsel domene ayrılır; ilk dömen, iki ya da üç baz çiftlik uç tekrarlar ihtiva edip hareket mekanizmasında görev alırken; ikinci dömen transpozona özgü tanıma ve bağlanma için gereklidir (Craig, 2002; Szabó vd, 2010). Otonom olmayan (hareket etmek için gerekli enzimleri kodlamayan) transpozabl elementler, MITEs (Miniature Inverted-Repeat Transposable Elements - Minyatür Evrik Tekrarlı Transpozabl Elementler) olarak adlandırılır. MITE dizilerinin keşfi iki sınıflı sistemin değişmesini sağlamıştır. Çok küçük olmalarının (100-500 bç) dışında Sınıf II (DNA) transpozonlarına benzerler ve transpozisyonları için gerekli olan genleri bulundurmazlar. Genomda bulunan başka transpozonların transpozazları vasıtasıyla hareket ettikleri düşünülmektedir. Bugün kullanılan hiyerarşik sınıflandırma, Thomas Wicker tarafından 2007 yılında önerilmiştir (Wicker vd, 2007). Bu sınıflandırma, bir yandan Finnegan'ın ikili sistemini baz alırken, bir yandan da mekanik ve enzimatik kriterler kullanmaktadır. Hiyerarşik bir sınıflandırma olduğundan; sınıf, alt sınıf, takım, üstaile, aile ve alt aile terimleri kullanılır (Şekil 2.7). En üst takson olan sınıf, ikili sınıflandırmadaki gibi RNA transpozonları ve DNA transpozonları içerir. Retrotranspozon olarak adlandırılan, sınıf I transpozonları, transpozisyon aracı olarak RNA'yı kullanan RNA transpozonlarıdır. Bir RNA polimeraz enzimi vasıtası ile transpozonun mRNA'ya transkripsiyonu yapılır ve ardından ters transkriptaz vasıtası ile bu mRNA, cDNA'ya dönüştürülür. Sentezlenen cDNA genomdaki hedef bölgeye yerleşerek yeni konumunu alır. Kopyala ve yapıştır olarak adlandırılan bu transpozisyon çeşidinde kopya sayısı artar ve sonuçta genom büyüklüğü artmış olur (Huang vd, 2009; Marco ve Marin, 2005; Wicker vd, 2007). Retrotranspozonlar, transpozisyon mekanizmalarına, organizasyonlarına ve ters transkriptaz filogenisine göre beş alt sınıfa ayrılabilir: DIRS benzeri elementler, Penelope benzeri elementler (PLEs), LINE ile SINE dizileri ve LTR retrotranspozonları. DIRS benzeri elementler, LTR retrotranspozonlarından farklı birçok özelliğe sahiptir. DIRS benzeri elementler, tirozin rekombinaz (tyrosine recombinase - YR) kodlar ama bir aspartik proteaz (ap) kodlamaz (Poulter ve Goodwin, 2005). Penelope benzeri elementler (PLEs), *Drosophila virilis*'ten izole edilmiştir. Tek bir ORF kodlayan PLE, rt ve endonükleaz (en) olmak üzere iki temel domene sahiptir ve böylece ökaryotik retroelementler

arasında farklı bir sınıf oluşturur (Evgen'ev ve Arkhipova, 2005). LINE dizileri yaygın olarak bulunan ve LTR dizileri içermeyen, otonom elementlerdir. Transpozisyon için gerekli proteinleri kodlayan ORF, bir poly (A) dizisi ve polimereaz II promotörü ile 6.000 bç uzunluğa kadar çıkabilen ve genomda 500.000 kopya kadar bulunan retrotranspozon kökenli dizilerdir. İnsan genomunun yaklaşık % 20'si LINE dizilerinden oluşur. SINE'ler ise otonom olmayan retrotranspozonlardır. SINE dizileri, bir iç promotöre ve genellikle poly (A) uca sahip kısa elementlerdir. Kodlama yapmamaları nedeni ile hareketleri için diğer genlere ihtiyaç duyarlar. LINE'ler kendi hareketlerini yürütürler. Ek olarak, SINE'lerin genom içine girişleri için gerekli proteinleri de sağlarlar. LTR'li retrotranspozonlar, LTR dizilerinde promotörleri ve retrotranspozisyon için gerekli olan en az iki enzimin genlerini taşır. Hem yapı hem de transpozisyon mekanizması açısından retrovirüslere çok benzerler. Tek farkları, virüs olarak paketlenmelerini sağlayan env “envelope” genine sahip olmamalarıdır. Virüs benzeri retrotranspozonlar, paketlenemedikleri için başka hücrelere bulaşmazlar. Bu elementler *env* genini edinmek veya kaybetmek yoluyla birbirlerine dönüşebildikleri için, retrovirüslerin evrim sürecinde ökaryotlardaki LTR'li retrotranspozonlardan kökenlenmiş olabileceği sanılmaktadır (Feschotte vd, 2002; Marco ve Marin, 2005; Wicker vd, 2007).

Sınıflandırma		Yapı	HBD	Kod	Bulunduğu Organizmalar
Takım	Üst familya				
<b>Sınıf I (Retrotranspozonlar)</b>					
LTR	Copia	→ GAG AP INT RT RH →	4-6	RLC	P, M, F, O
	Gypsy	→ GAG AP RT RH INT →	4-6	RLG	P, M, F, O
	Bel-Pao	→ GAG AP RT RH INT →	4-6	RLB	M
	Retrovirus	→ GAG AP RT RH INT ENV →	4-6	RLR	M
	ERV	→ GAG AP RT RH INT ENV →	4-6	RLE	M
DIRS	DIRS	→ GAG AP RT RH YR →	0	RYD	P, M, F, O
	Ngao	→ GAG AP RT RH YR →	0	RYN	M, F
	VIPER	→ GAG AP RT RH YR →	0	RYV	O
PLE	Penelope	← RT EN →	Değişken	RPP	P, M, F, O
LINE	R2	← RT EN →	Değişken	RIR	M
	RTE	← APE RT →	Değişken	RIT	M
	Jockey	← ORF1 APE RT →	Değişken	RIJ	M
	L1	← ORF1 APE RT →	Değişken	RIL	P, M, F, O
	I	← ORF1 APE RT RH →	Değişken	RII	P, M, F
SINE	tRNA	← RT EN →	Değişken	RST	P, M, F
	75L	← RT EN →	Değişken	RSL	P, M, F
	5S	← RT EN →	Değişken	RSS	M, O
<b>Sınıf II (DNA transpozonları) - Altsınıf 1</b>					
TIR	TcI-Mutator	← Tase* →	TA	DTT	P, M, F, O
	hAT	← Tase* →	8	DTA	P, M, F, O
	Mutator	← Tase* →	9-11	DTM	P, M, F, O
	Merlin	← Tase* →	8-9	DTE	M, O
	Transib	← Tase* →	5	DTR	M, F
	P	← Tase →	8	DTP	P, M
	PiggyBac	← Tase →	TTAA	DTB	M, O
	PIF-Harbinger	← Tase* ORF2 →	3	DTH	P, M, F, O
	CACTA	← Tase ORF2 →	2-3	DTC	P, M, F
Crypton	Crypton	← YR →	0	DYC	F
<b>Sınıf II (DNA transpozonları) - Altsınıf 2</b>					
Helitron	Helitron	← RPA Y2 HEL →	0	DHH	P, M, F
Maverick	Maverick	← C-INT ATP CYP POL B →	6	DMM	M, F, O

Semboller			
→	Long Terminal Repeats	←	Terminal Inverted Repeats
—	Kodlanmayan bölgelerde diagnostik şekil	—	Birden fazla ORF içeren bölge
—		—	Kodlanmayan bölge
<b>Protein kodlayan domainler</b>			
AP, Aspartik proteinaz	APE, Apürinik endonükleaz	ATP, ATPaz paketleme	C-INT, C-integraz
EN, Endonükleaz			CYP, Sistein proteaz
ENV, Envelope protein (Kılıf proteini)	GAG, Kapsid proteini	HEL, Helikaz	INT, İntegraz
POL B, DNA polimeraz B	RH, RNaz H	RPA, Replikasyon proteini A (Sadece bitkilerde bulunur)	ORF, Fonksiyonu bilinmeyen açık okuma bölgeleri
YR, Tirozin rekombinaz	Y2, YY motifli YR	Tase, DDE motifli transpozaz	RT, Revers transkriptaz
<b>Bulunduğu organizmalar</b>			
P, Plants (Bitkiler)	M, Metazoans (Metazoalar)	F, Fungi (Mantarlar)	O, Others (Diğer organizmalar)

Şekil 2.7. Transpozonların sınıflandırılması (Wicker ve diğ., 2007)

LTR'li retrotranspozonlar, gag ve pol adlı iki gen içerirler (Şekil 2.8). Gag geni, kılıf yapısında bir proteini, pol geni ise çok fonksiyonlu bir polipeptidi kodlar. Bu polipeptid, aspartik proteinaz (ap), ters transkriptaz (rt), RNaz H (rh) ve integras (int) aktivitelerine sahiptir. LTR'li retrotranspozonlar bitki genomlarının büyük çoğunluğunu kapsar. Birçok bitkide, genomun % 40-70'ini LTR'li retrotranspozonlar oluşturmaktadır (Pearce vd, 1996; SanMiguel vd, 1996; Shirasu vd, 2000). *A. thaliana* genomunun % 15 kadarı, arpa (*Hordeum vulgare* L.) ve buğday (*Triticum* sp.) gibi bazı türlerin genomlarının da %70-80 kadarı bu dizilerden oluşmuştur. Retrotranspozonlar genom boyunca bulunmalarına rağmen tahıllarda sıklıkla biri diğerinin içinde olacak şekilde yerleşmişlerdir. Retrotranspozon denizleri “retrotransposon seas” olarak isimlendirilen bu bölgeler, gen adalarını çevreler (Bernet ve Asins, 2003; Gu vd, 2004; Ramakrishna vd, 2002; SanMiguel vd, 1996). LTR'li retrotranspozonlar evrim sürecinde genom boyutlarının hızlı bir şekilde artmasını sağlamıştır; buna karşın çok küçük bir kısmı aktiftir. Sınıf II transpozonları ise, transpozisyon aracı olarak RNA'yı kullanmayan DNA transpozonlarıdır. DNA transpozonları iki farklı tipte hareket ederler: kendilerini buldukları lokustan kesip çıkararak (konservatif) veya kendilerini replike ederek (replikatif) genomun başka bir bölgesine yerleşirler (Wicker vd, 2007). Sınıf II elementler iki alt sınıfa ayrılır: Alt sınıf I; TIR ve Crypton (tyrosine recombinase) dizilerini içerirken alt sınıf II, Helitron ve Maverick gruplarından oluşur (Şekil 2.6). Helitron, ökaryotlarda bulunan bir transpozondur ve yuvarlanma (rolling-circle) mekanizması ile çoğalır. Maverick, uzun terminal evrik tekrarlar (Long Terminal Inverted Repeats) şeklinde bulunur; fakat diğer ORF dizilerini içermez. DNA transpozonlarının hepsi kes-yapıştır mekanizmasını kullanarak hareket etmez. Alt sınıf I ve alt sınıf II transpozonlar, kendilerini yeni bir hedef bölgeye kopyalarlar. Replikatif transpozisyonda, transpozabl element reaksiyon boyunca eşleşir ve bu sadece retrotranspozonlar için değil, aynı zamanda Sınıf II transpozonlar için de belli bir özelliktir (Duval-Valentin vd, 2004). DNA transpozonları, genellikle otonom elementler olup basit bir yapıya sahiptirler. Çoğunun gövde kısmında transpozaz enzimini kodlayan tek bir gen ve bu genin iki ucunda transpozaz enziminin rekombinasyon işlemi için gerekli ters çevrilmiş tekrarlar olan TIR dizileri yer almaktadır. Bu kısa tekrarlar genellikle 10-40 bp uzunluğunda olmakla beraber, 200 bp uzunluğunda da olabilirler. Otonom olmayan elementler transpozaz kodlayan geni içermezler; ancak içerdikleri TIR dizileri ve otonom bir transpozonun üretmiş olduğu transpozaz sayesinde genomda hareket

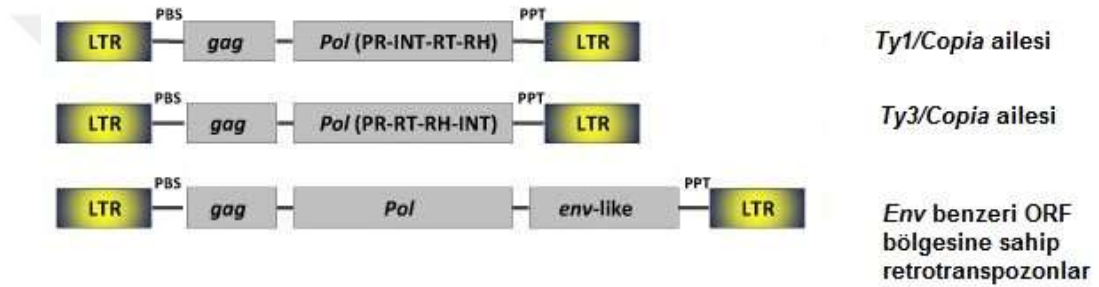
edebilirler. DNA transpozonlarının transpozisyonu sırasında gerekli başka bir enzim de rezolvazdır. Rezolvaz transpozonun bağlanmasını sağlar (Feschotte vd, 2002; Smit ve Riggs, 1996; Wessler, 2006a). Bir DNA parçası transpozaz enzimini şifrelemese dahi yardımcı bir transpozonun transpozaz enzimi aracılığıyla genomda hareket etmeye devam edebilir. Transpozaz, transpozonun iki ucundaki DNA'yı ve hedef noktasındaki DNA'yı yapışkan uçlar oluşturacak şekilde keserek genomdan transpozonu çıkarır ve yeni konumuyla bütünleştirir. Rezolvaz enzimi bütünleştirme aşamasında tek zincirli kesikler oluşturarak, transpozon DNA'sının onu çevreleyen DNA ile bütünleşmesini sağlar. Konak hücreye ait olan DNA polimeraz açık kalmış tek zincirli yerleri doldurur, DNA ligaz da şeker-fosfat zincirini kapayınca transpozisyon tamamlanmış olur. Bazı transpozazlar DNA molekülünün herhangi bir yerine bağlanırken, bazıları da kendine özgü dizilere bağlanır. Transpozazlar transkripsiyonel baskılayıcılar da olabilir; bu transpozazların kendi promotörleri vardır ve metilasyon vasıtasıyla bağlanmalarını etkiler. Böylece oteregülasyon sağlanmış olur.

### **2.3.3. Otonom ve otonom olmayan transpozable elementler**

MITE gibi dizilerin keşfinden sonra, transpozonlar transpozisyon aracına göre değil, tamamen enzimolojik olarak sınıflandırılmıştır. Kullanılan ölçütlerden biri, transpozonun kendi transpozisyonu için gerekli olan enzimleri üretip üretmemesidir. Buna göre, otonom elementler kendi transpozisyonları için gerekli enzimleri, özellikle transpozazı kodlayabilen transpozonlardır. Otonom olmayan transpozabl elementler, otonom olan elementlerde bulunan ve kodlanan dizilerden bazılarını içerebilir ya da hiçbirini içermezler (Tanskanen vd, 2007). Transpozabl elementlerin her iki sınıfı, ters transkriptaz ya da transpozaz enzimlerini kodlayan dizileri mutasyon sonucu kaybederse, hareket yeteneklerini kaybedebilirler ve bu durumda bile diğer elementler gerekli enzimleri üretmeye devam ettiği için transpozonlar genom içinde hareketlerini sürdürebilirler. Bir transpozonun otonom olarak adlandırılabilmesi için onun transpozisyon için gerekli tüm domenleri üretebilmesi gerekmektedir. Bazı transpozonlar, genlerden bir kısmını kodlayamazken diğer genleri kodlamaya devam edebilirler. CACTA süperailesi bu çeşit transpozonlara örnek verilebilir. Bu aile, transpozaz genini kodlayamaz ama ikinci ORF dizisini (Wicker vd, 2003) içerir.

### 2.3.3.1. Otonom LTR retroelementleri

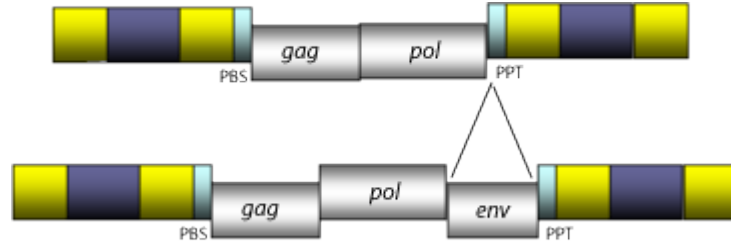
LTR dizileri kısa ve ters tekrarlardan oluşur. Herhangi bir protein kodlamalarına rağmen elementin transkripsiyonu ile ilgili promotörleri ve özellikleri içerirler (Kumar ve Bennetzen, 1999). LTR retroelementleri, 5' LTR kısmında primer bağlanma bölgesi (Primer Binding Site – PBS) ve 3' LTR kısmında polipürin sistemi (Polypurine Tract – PPT) dizileri içerir. İç bölgelerde, LTR retroelementlerinin transpozisyonları ve çoğalma evreleri için gerekli ürünleri kodlayan gag ve pol (bazı durumlarda env) domenleri (Eickbush ve Jamburuthugoda, 2008) bulunur. Otonom LTR retroelementleri ise dizi benzerliği ve diğer özellikler yönünden, *Ty1/Copia*, *Ty3/Gypsy*, Bel/Pao ve Retroviridae aileleri olmak üzere dörde ayrılırlar (Şekil 2.8).



Şekil 2.8. LTR retrotranspozonları ([http://gydb.org/index.php/LTR\\_retroelements](http://gydb.org/index.php/LTR_retroelements))

*Ty1/Copia* retroelementleri ökaryotlarda bulunan en önemli LTR retroelementler olarak düşünülmektedir (Eickbush ve Malik, 2002). *Ty1/Copia* LTR elementlerinin, tek hücreli alglerden bitki ve hayvanlara kadar yaygın olarak bulunması, evrimsel süreçte *Ty3/Gypsy* LTR retroelementleri ile ortak atadan geldiğini düşündürmektedir (Llorens vd, 2009). *Ty1/Copia* iç bölgesi, diğer LTR transpozonlarında olduğu gibi benzer domenler kodlamasına rağmen bunların sıraları farklıdır. Bitkilerde tanımlanan bazı *Ty1/Copia* LTR retroelementleri bu domenlere ilave olarak env dizisini de kodlar (Havecker vd, 2005). *Ty1/Copia* LTR retroelementleri, diğer LTR retroelementleri ile genom organizasyonu bakımından benzerlik gösterirler. Bu benzerlikler; 100-1300 nükleotid dizisi içeren 5' LTR ve 3' LTR bölgeleri, tRNA'nın 3' ucuna tamamlayıcı ve retrotranskripsiyonu başlatıcı bölge olan 18 nükleotid dizisi içeren PBS, iç domenlerin gag, pol, ve retrovirüslerde olduğu gibi env bölgeleri içermesi olarak sayılabilir. *Ty3/Gypsy* LTR retroelementleri ise, LTR retrotranspozonları ile retrovirüslerin oluşturduğu bir ailedir (Şekil 2.9). *Ty3/Gypsy* LTR retroelementlerinin diğer LTR retroelementlerle olan genom yapıları

ve benzerlikleri, evrimsel süreçte LTR retroelement sisteminin anlaşılmasında rol oynamıştır (Llorens vd, 2009).



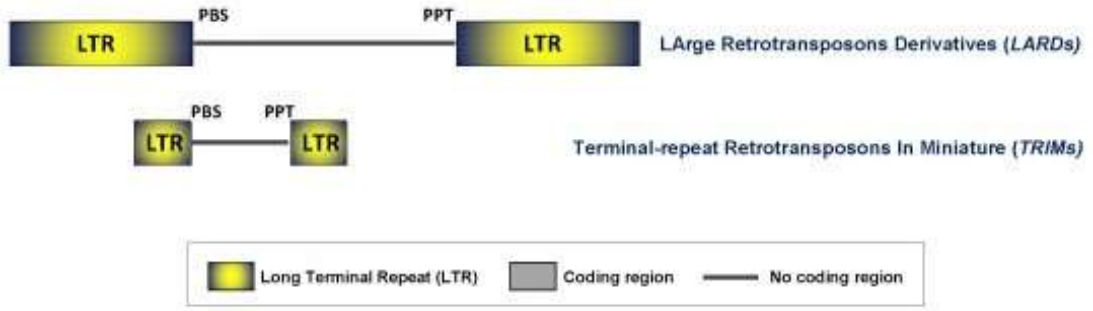
**Şekil 2.9.** *Ty3/Gypsy* LTR retroelement yapısı (<http://gydb.org/index.php/Ty3/Gypsy>)

*Ty3/Gypsy* LTR retroelementinin yapısı omurgalı endojen retrovirüslerine (Alfa Retrovirüs, Beta Retrovirüs ve Delta Retrovirüs gibi) benzemektedir. 5' LTR dizilerinin 3' ucunda PBS bölgesi bulunur. Bu bölge, *Ty1/Copia* LTR retroelementlerinde olduğu gibi tRNA'nın 3' ucuna tamamlayıcıdır ve retrotranskripsiyonu başlatıcı 18 nükleotitlik dizi içerir. PBS bölgesinden sonra gag, pol ve retrovirüslerde env domenleri bulunur (Şekil 2.5).

### 2.3.3.2. Otonom olmayan LTR retroelementler

LTR retroelementleri, otonom elementlerde olduğu gibi LTR, PBS ve PPT dizilerini taşırlar; fakat kodlama yapmazlar. Otonom olmayan iki sınıf LTR retrotranspozonu; LARD (Large Retrotransposons Derivatives - Büyük Retrotranspozon Türevleri) ve TRIM (Terminal Repeat Retrotransposon in Miniature - Uç Tekrarlı Retrotranspozon Minyatürleri)'dir. Bu elementler hareketlerini diğer otonom olan elementlerin yardımıyla sağlar. Otonom olmayan LTR retroelementleri sadece bitkilerde tanımlanmıştır. LARD dizileri, 5.5-8.5 kb uzunluğunda ve kodlama yapmayan bölgesini sınırlandıran 3.5 kb büyüklüğündeki LTR dizilerinden oluşmaktadır (Şekil 2.9). Çoğalma ve integrasyon aşamalarında *Ty3/Gypsy* LTR retroelementlerinin kodladığı proteinleri kullandıkları için bu elementlerden evrimleştikleri düşünülmektedir (Kalendar vd, 2004). TRIM elementleri, 540 bp'den daha kısadır (Şekil 2.6). Bu diziler, 100-250 bp uzunluğundaki küçük LTR dizileri ile sınırlandırılan 100-300 bp'lik PBS ve PPT dizilerini içeren kodlama yapmayan bir iç bölgeye sahiptir. Monokotiledon ve dikotiledon bitki türlerinde tanımlanan bu elementler, bitki genomunu etkiler (Witte vd, 2001). LARD dizileri, tamamen Triticale genomlarında,

özellikle arpa ile ilişkili bitkilerde *Sukkula* benzeri elementler olarak bulunmasına rağmen, Triticale ve çeltik dışında da tanımlanmışlardır (Jiang vd, 2002).



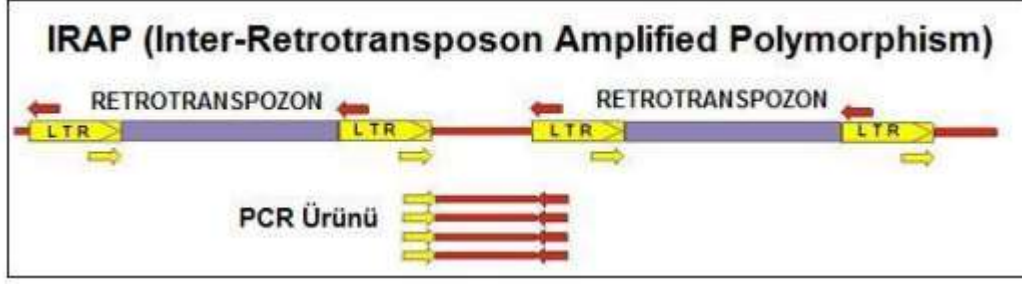
**Şekil 2.10.** Otonom olmayan *Ty3/Gypsy* LTR retroelement yapısı (<http://gydb.org/index.php/Ty3/Gypsy>).

#### 2.3.4. LTR retrotranspozonlarının yapısı ve yaşam döngüsü

LTR retrotranspozonlarının hepsi, genellikle 5'- TG...CA-3' dizisini içeren kısa tekrarlar ile sınırlandırılmıştır. Otonom elementlerde, 5' LTR promotör işlevini, 3' LTR ise terminatör (sonlandırıcı) ve poliadenilasyon aktivitelerini sağlar (Casacuberta ve Santiago, 2003). LTR dizisi, birkaç yüz baz çifti (mısır: Bs1 ve çeltik: Tos17) uzunluğunda olabileceği gibi, binlerce baz çifti de (*RIRE3* gibi) içerebilir (Kumar ve Bennetzen, 1999; Witte vd, 2001). LTR dizileri arasında iç kodlama bölgesi yer alır. Otonom elementlerin bu bölgesinde, retrotranspozonun paketlenmesi için gerekli olan gag proteini ile proteaz (pr), rt, rh ve int dizilerini içeren pol geni bulunmaktadır. Proteaz enzimi POL poliproteinini degrade eder. Rt ve rh, çoğalan RNA'nın genoma girmesini, int ise retrotranspozonun yeni cDNA kopyasının, genomda yeni bir yere girmesini sağlar (Havecker vd, 2004).

#### 2.4. IRAP 'Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism'

Retrotranspozonların integrasyonları genomik DNA ve korunmuş uçları arasında yeni ek yerleri oluşturduğundan, markır olarak kullanılabilir. Polimorfizmleri retrotranspozon insersiyonu ile belirlemekte kullanılan markır sistemleri; genelde bu uçlar arasındaki ve bitişik DNA bölgelerinin bazı bileşenlerinin polimeraz zincir reaksiyonu yoluyla çoğaltılmasına dayanır (Şekil 2.11). Kalendar ve Schulman (2006) ( bu amaçla ; REMAP ve IRAP olmak üzere iki yöntem geliştirmişlerdir.



Şekil 2.11. IRAP markır çalışma prensibi

IRAP (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism), retrotranspozonlar arasındaki polimorfik bölgelerin çoğaltılması temeline dayanır. Bu yöntem, markır bantları oluşturmak için restriksiyon enzim sindirimine veya ligasyona ihtiyaç duymamaktadır. IRAP markırları dışarı bakan primerler kullanılarak iki ardışık retrotranspozondan elde edilir. PCR'da kullanılan primerler, retrotranspozonun LTR dizilerinin uç kısımlarına göre tasarlanır; ileri primerler retrotranspozonun 3' LTR dizisine göre, geri primerler ise 5' LTR dizisine göre tasarlanır. Retrotranspozonların LTR dizileri çoğu zaman % 90-95 oranında benzerlik gösterdikleri için PCR'da tek bir primer, hem ileri hem de geri olarak kullanılabilir.

### 3. MALZEME VE YÖNTEM

#### 3.1. Örneklerin Eldesi

Tez çalışmamız için 19 adet tescilli patates çeşidinin 15'i Niğde Patates Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden tedarik edilmiştir. Geri kalan 4 tanesi ise tescilli çeşit olarak firmalardan temin edilmiştir. Kullanılan patates çeşitleri ve ilgili özellikleri Çizelge 3.1 ve Çizelge 3.2' de listelenmiştir.

**Çizelge 3.1.** Patates çeşitleri (TTSM, 2018)

Sıra No	Çeşitler	Tescil Yılı
1	El Mundo	2017
2	Arizona	2018
3	Agria	1992
4	Alegria	2011
5	Desiree	1975
6	Burren	2011
7	Rivira	2015
8	Sylvana	2014
9	Agata	1996
10	Nahita	2016
11	Lady Olympia	2005
12	Laura	2016
13	Lady Claire	2006
14	Murat bey	2017
15	Çağlı	2017
16	Melody	2010
17	Fatih	2015
18	Nam	2016
19	Merebil	1997

**Çizelge 3.2.** 19 Patates çeşitlerinin özellikleri

Çeşit Adı	İslah yöntemi	P1XP2	Özellik	Tavsiye edilen bölgeler
El Mundo	Melezleme	HE 95-0251 x Valor	Orta Erkenci, çeşitli nematod hastalıklarına dirençli	Ege, Akdeniz, Karadeniz, Doğu Anadolu, İç Anadolu
Arizona	Melezleme	UK 150-19D22 x MASCOTTE	Oldukça duyarlı yaprak mantarına hassas, az derecede yumru mantarına hassas, A ve Yn virüsüne iyi dirençli, virüs X'e bağışık, altın nematodunun A etmenine dirençli.	Ege, Akdeniz, Karadeniz, Doğu Anadolu, İç Anadolu
Agria	Melezleme	OuartsX Semja	Orta erkenci, orta derecede yaprak mantarına hassas, az derecede yumru mantarına hassas, A ve Yn virüsüne iyi dirençli, virüs X'e bağışık, altın nematodunun A etmenine dirençli.	Ege, Akdeniz, Karadeniz, Doğu Anadolu, İç Anadolu
Alegria	Melezleme	'Divina' x '3.169 010-86'	Orta erkenci, orta derecede yaprak mantarına hassas, az derecede yumru mantarına hassas, A ve Yn virüsüne iyi dirençli, virüs X'e bağışık, altın nematodunun A etmenine dirençli.	Ege, Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Desiree	Melezleme	Urgenta x Depesche	Orta erkenci, yaprak mantarına orta dirençli, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematoduna hassas A tipine dayanıklı	Ege, Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Burren	Melezleme	Marfona x Spunta	Erkenci, yaprak mantarına orta, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematoduna hassas A tipine dayanıklı	Ege, Akdeniz, Karadeniz, Doğu Anadolu, İç Anadolu

**Çizelge 3.2. (Devam)**

Riviera	Melezleme	Minerva x Alcmaria	Çok Erkenci , Yaprak mantarına hassas, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematodunun hassas A Tipine dayanıklı	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Sylvana	Melezleme	Fabula x Xantia	Erkenci , Yaprak mantarına hassas, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematodunun hassas A Tipine dayanıklı	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Agata	Melezleme	BM52.72 x SİRCO	Çok erkenci, Yaprak mantarına hassas, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematodunun A Tipine dayanıklı	Ege,Akdeniz, Karadeniz, Doğu Anadolu , İç Anadolu
Nahita	Mutasyon Islahı	Marfona	Erkenci , Yaprak mantarına hassas, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematodunun hassas A Tipine dayanıklı	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Lady Olympia	Melezleme	Agria x KW78-34-470	Çok geçici , mukavemet A Virüsü Dayanıklı Adi Uyuz Yüksek X Virüsü Dayanıklı Bruising Yüksek Y Virüsü Dayanıklı Bakteriyel Halka Çürüklüğü Yüksek	Ege,Akdeniz, Karadeniz, doğu Anadolu, İç Anadolu
Laura	Melezleme	Saskia x MPI 49 540 2	Çok erkenci, Yaprak mantarına dayanıklı, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematodunun A Tipine dayanıklı	Ege ,Akdeniz, Karadeniz, doğu Anadolu, İç Anadolu
Lady Claire	Melezleme	Agria x KW 78-34-470	Orta erkenci , MUKAVEMET A Virüsü Dayanıklı Adi Uyuz Yüksek X Virüsü Dayanıklı Bruising Yüksek Y Virüsü Dayanıklı Bakteriyel Halka Çürüklüğü Yüksek	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu

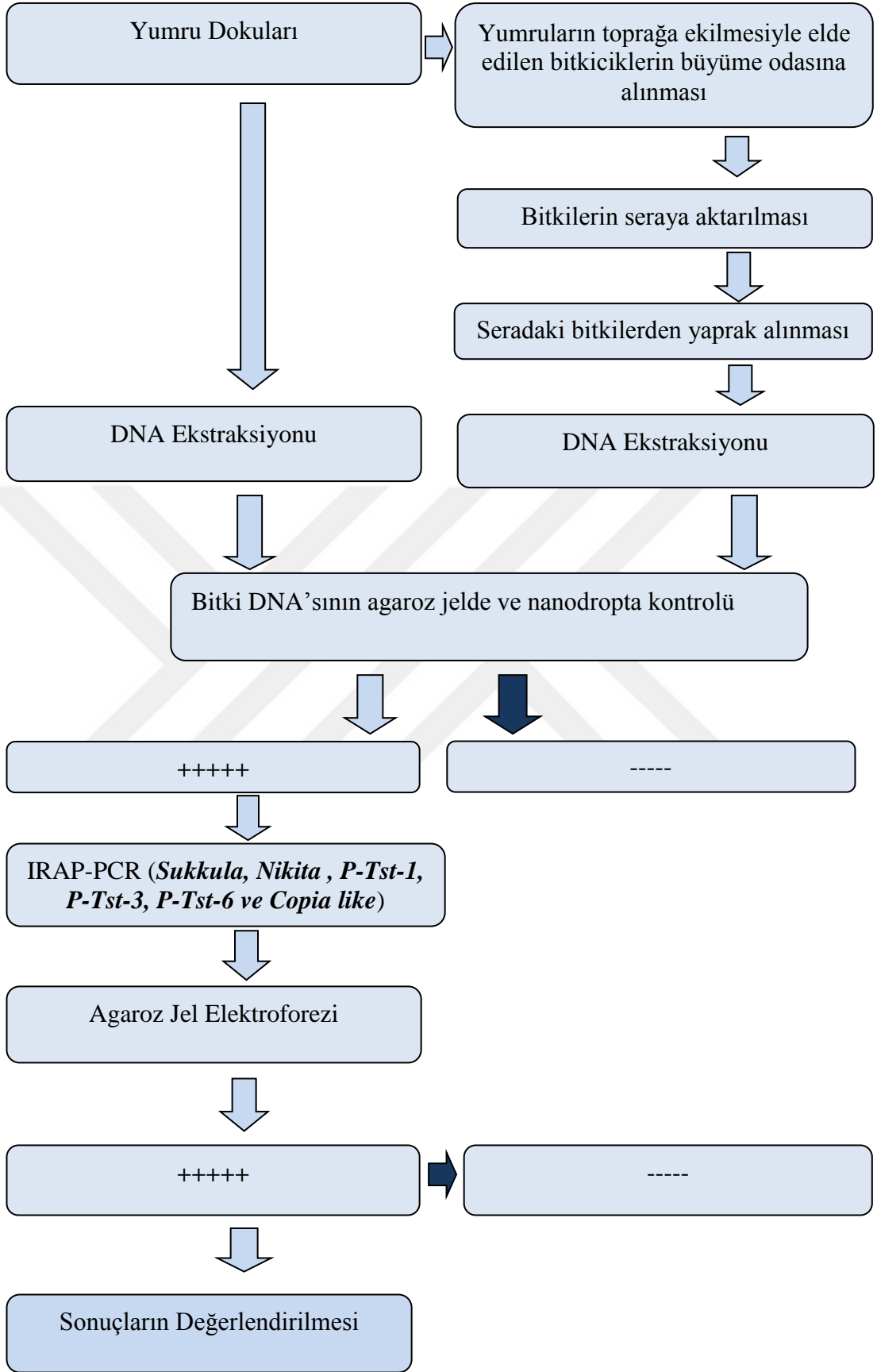
**Çizelge 3.2. (Devam)**

Murat bey	Melezleme	Panda x Anais	Orta erkenci , MUKAVEMET A Virüsü Dayanıklı Adi Uyuz Yüksek X Virüsü Dayanıklı Bruising Yüksek Y Virüsü Dayanıklı Bakteriyel Halka Çürüklüğü Yüksek	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Çağlı	Melezleme	Granola x Huincul	Erkenci , Yaprak mantarına hassas, Yn virüsüne çok dayanıklı, siğile bağışıklı, altın nematodunun hassas A Tipine dayanıklı	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Melody	Melezleme	VE7445 x W72.22.496	Orta geççi , Karabacak ve Rhizoctonia'ya dayanıklıdır. A Virüsü Dayanıklı Adi Uyuz Yüksek X Virüsü Dayanıklı Bruising Yüksek Y Virüsü Dayanıklı Bakteriyel Halka Çürüklüğü Yüksek	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Fatih	Melezleme	MF-1 x TS-4	Orta erkenci, A Virüsüne Dayanıklı, X Virüsüne Dayanıklı, Çürüklüğe Dayanıklı Y Virüsü Dayanıklı Bakteriyel Halka Çürüklüğü Yüksek	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Nam	Melezleme	Provento x Anais	Orta erkenci, A Virüsüne Dayanıklı, X Virüsüne Dayanıklı, Çürüklüğe Dayanıklı, Y Virüsüne Dayanıklı Bakteriyel Halka Çürüklüğü Yüksek	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, G.doğu Anadolu, İç Anadolu
Merebil	Melezleme	Nena x m75-364	Erkenci , Karabacak ve Rhizoctonia'ya Dayanıklıdır.Y,A Virus Drenci	Ege, ,Akdeniz, Karadeniz, Doğu Anadolu, İç Anadolu

- Çok Erkenci: 80 günden önce
- Erkenci: 81-90 gün
- Orta Erkenci: 91-110 gün
- Geççi: 111-120 gün
- Çok Geççi: 121 günden fazla

### 3.2. Deney Tasarımı

Patates yumru ve yapraklarından alınan örneklerle 6 farklı retrotranspozon polimorfizmi incelenmiştir. Yumruların toprağa ekilmesiyle elde edilen bitkiler iklimlendirme odasında 10-15 gün bekletilmiştir. Sonra seraya götürülmüştür. Serada büyütülen bitkilerin yaprak kısımları alındıktan sonra bu yumru ve yapraklardan izole edilen genomik DNA'nın kalıp olarak kullanılması ile *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* olmak üzere altı retrotranspozonun polimorfizmi IRAP-PCR yapılarak belirlenmiştir. Jaccard benzerlik katsayısı formülü kullanılarak, farklı dokulardan alınan örnekler arasındaki benzerlik oranı hesaplanmıştır. *Sukkula* ve *Nikita* gibi retrotranspozonlar ilk önce arpa bitkisinde bulunmuşken *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* gibi diğer retrotranspozonlar patateslerde bulunmuştur. Bu araştırmada transpozon çalışması için kullanılan *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* retrotranspozon primerlerinin kullanımı patates bitkisi (*Solanum tuberosum* L.) için Türkiye'de ilk defa yapılmıştır. Deney tasarımı Şekil 3.1'de verilmiştir.



Şekil 3.1. Metotun anahatlarına dair şema

### 3.3. DNA İzolasyonu

Patates yumru ve yaprakları, toprak parçacıklarından arındırmak için tazyikli su ile yıkanmıştır. Yumru, steril bıçak kullanılarak iki parçaya ayrılmıştır ve kabuklarından ayrılarak iç kısım elde edilmiştir. İç kısım, küçük dilimler halinde kesilmeden önce yeniden tazyikli suda yıkanmıştır. Dilimler; daha ileri analizlerde değerlendirilmesi amacıyla, -80 °C'de saklanacak homojen beyaz bir toz elde etmek için, sıvı azot kullanılarak öğütülmüştür.

Genomik DNA, bazı değişikliklerle birlikte (Wulff vd, 2002) tarafından tarif edildiği gibi CTAB yöntemi ile izole edilmiştir. Patates yumrularından ve yapraklarından CTAB yöntemi ile DNA izolasyonu; kalitatif PCR analizlerinde kontrol grubu olarak gerçekleştirilmiştir. İşlemlerin güvenilirliğini ve tekrarlanabilirliğini kontrol amacıyla DNA izolasyonu her bir örnek için üçer kez tekrar edilmiştir. Olası bir kontaminasyonu engellemek için izolasyonda kullanılacak malzemeler ve çözeltiler (CTAB tamponu) 1.2 atm basınçta, 121 °C'de, 15 dakika bekletilerek otoklavlanmıştır. İşlem sırasında ortamdan kaynaklanabilecek kontaminasyon riskine karşı örnek yerine su kullanılarak da (izolasyon kontrolü) işlem basamakları uygulanmıştır.

#### CTAB Ekstraksiyon Tamponu ve İçeriklerinin Hazırlanması

- i. % 2 (w/v) CTAB
- ii. 1,42 M NaCl
- iii. % 0,2 (w/v) PVP 40
- iv. 5 mM Askorbik Asit
- v. 20 mM EDTA (pH: 8)
- vi. 100 mM Tris-HCl
- vii. % 0,02 2-merkaptoetanol

## CTAB Yöntemiyle DNA İzolasyonu

1. DNA eldesi için yumru ve yapraklar (200-250 mg) havanda sıvı azot ile iyice ezilir.
2. 2 mL tüp içerisine 0,5 mL'ye gelene kadar ezilmiş örnek yerleştirilir. Sonra üzerine 1 mL CTAB çözeltisi eklenir.
3. Tüp, vorteksenerek karıştırılır.
4. Tüpün üzerine 10 µL RNaz (10 mg/mL) ve 20 µL proteinaz K (20 mg/mL) eklenir ve hafifçe vortekslenir.
5. Tüp, 65 °C'de 1 saat su banyosunda bekletilir. 5 dakika aralıklarla ters düz edilerek hafifçe karıştırılır.
6. 10.000 rpm devirde 10 dakika süreyle santrifüj uygulanır.
7. Süpernatant başka bir tüpe aktarılır. (700-800 µL)
8. Üzerine eşit hacimde kloroform ve 24:1 oranında izoamil alkol eklenir. Sonrasında tüp, ters düz edilerek hafifçe karıştırılır.
9. 10.000 rpm devirde 10 dakika süreyle santrifüj uygulanır.
10. Santrifüjden çıkarılan tüpün üst fazı yeni bir santrifüj tüpüne aktarılır ve üzerine eşit hacimde izopropanol eklenir. Yeni tüp ters düz edilerek hafifçe karıştırılır. Sonra örnekler -20 °C'de bir gece bekletilir.
11. Ertesi gün 3000 rpm devirde 5 dakika santrifüj uygulanır.
12. Sonrasında süpernatant atılır ve DNA dibe çöktürülür.
13. DNA bulunan tüp 1 mL etanol ile yıkanır. 3000 rpm devirde santrifüj uygulanır.
14. Etanolün uzaklaştırılması için tüpler, etüv içerisinde, 37 °C'de kurumaya bırakılır.
15. DNA, nükleaz içermeyen su içerisinde çözdürülür. (80-100 µL)
16. DNA varlığının kontrolü için izole edilmiş DNA, % 1'lik agaroz jel elektroforezinde yürütülür. Nanodrop spektrofotometresinin (Thermo Scientific NANO DROP 2000/2000c) absorbans okumalarıyla saflık ve yoğunluk belirlenir. İzole edilen DNA sonraki çalışmalar için -20 °C'de saklanır.

### 3.4. DNA Analiz Yöntemleri

İzole edilen DNA'lar elektroforetik ve spektrofotometrik yöntemler kullanılarak analiz edilmiştir.

#### 3.4.1. Agaroz jel elektroforezi

İzole edilen genomik DNA bantlarının kalitatif analizi % 1'lik agaroz jel elektroforezi ile gerçekleştirilmiştir. %1'lik agaroz jelin hazırlanmasında 100 mL IX Tris-Asetat-EDTA (TAE) tampon sistemi kullanılmıştır. Agaroz (Sigma, A5073), % 1'lik jel için 1g tartılmıştır. Stok 50X TAE tamponunun (Çizelge 3.3) sulandırılmasıyla hazırlanan, 100 mL IX TAE tamponu tartılan agarozla birlikte behere eklenmiştir. Agaroz tamamen çözünene kadar mikrodalga fırında 2 dakika süre ile çözündürülmüştür. Oda sıcaklığında yaklaşık 60 °C'ye kadar soğutulan jelle son konsantrasyonu 0.5 ng/μl olacak şekilde 4 μl EtBr eklenip karıştırılmıştır. Jel tarağın yerleşmiş olduğu yatay elektroforez kasetine dökülerek 30 dakika boyunca polimerize olması için bekletilmiştir. Katılaştıran agaroz jel, IX TAE tamponu içeren yatay elektroforez tankının içine yerleştirilmiştir. 4 μl örnek, 1 μl yükleme boyası (5X DNA Loading Dye BIO-37045, BIOLINE) ile karıştırıldıktan sonra taraklarla oluşturulan kuyucuklara DNA markını (katalog no yaz) ile birlikte yüklenerek 80 V sabit gerilimde, 60 dakika yürütülmüştür. Yürütme işleminden sonra DNA'lar UV transillüminatör ile görüntülenmiştir.

**Çizelge 3.3.** 50X TAE tamponunun içeriği

Adı	İçeriği
50X TAE tamponu	242 g Tris bazı (Bioshop, TRS001.1), 57,1 mL Glasiyalasetik asit (Sigma, A9967), 37,2 g Na <sub>2</sub> EDTA (pH 8.0)

#### 3.4.2. Spektrofotometrik analiz

Örneklerden izole edilen genomik DNA'ların miktarının hesaplanması ve saflıklarının kontrol edilmesinde spektrofotometrik yöntem (Nanodrop 2000C, Thermo) kullanılmıştır. DNA'ların miktar tayini, 260 nm dalga boyunda ölçülen absorbans

değerlerine göre yapılmıştır. Çift iplikli DNA molekülü için 1 optik densite (O.D.) değeri 50 µg/ml'ye karşılık geldiği için DNA'ların konsantrasyonu aşağıda verilen formüle göre hesaplanmıştır: DNA (µg/ml)= A<sub>260</sub>× sulandırma kat sayısı × 50

Saflık kontrolü için ise DNA'nın 260 ve 280 nm dalga boylarındaki UV ışığını soğurma değerlerinin oranı (A<sub>260</sub>/A<sub>280</sub>) kullanılmıştır. Bu oran 1.8-2.0 değer aralığında ise genomik DNA'nın saf olduğu kabul edilmiştir (Sambrook vd, 1989).

### 3.5. IRAP- PCR Analizleri

*Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6*, *Copia like* retrotranspozon polimorfizmi, IRAP-PCR yöntemi kullanılarak analiz edilmiştir. Bu retrotranspozonlara ait diziler NCBI veri tabanında temin edilmiş ve her biri için LTR dizilerine uygun olarak IRAP primerleri tasarlanmıştır (Çizelge 3.4).

**Çizelge 3.4.** IRAP-PCR çalışmasında kullanılan primer dizileri.

Primer adı	Primer dizileri	T <sub>m</sub> °C
<i>Sukkula</i>	5'GGA ACG TCG GCA TCG GGC TG 3'	62
<i>Nikita</i>	5'ACC CCT CTA GGC GAC ATCC 3'	61.0
<i>P-Tst-1</i>	5'ATG ACT AAA TCT GCC TAC TCATTC AAC A 3'	60.7
<i>P-Tst-3</i>	5'ACT AAA AAT CTGCCT ACT CAT TCA ACA CTC 3'	62.7
<i>P-Tst-6</i>	5'ACT AAA TCT GCC TAC TCA TTC AACACT C 3'	62.2
<i>Copia like F</i>	5' GGGCTTGGTTCGAAAGGTTT 3'	57.3
<i>Copia like R</i>	5' TCTGAGGCAAGACGTTCCCT 3'	57.3

- (*Sukkula*, *Nikita* , *P-Tst-1* , *P-Tst-3* , *P-Tst-6* , *Copia like* (Sentomer® DNA Teknolojileri) retrotranspozonları için IRAP-PCR reaksiyonu kurulmuştur. PCR bileşenleri ve koşulları Çizelge 3.13 - 3.14 - 3.15 - 3.16 - 3.17 - 3.18'te verilmiştir.

#### 3.5.1. *Sukkula* retrotranspozonu için IRAP-PCR analizi

Patates genomunda *Sukkula* retrotranspozonlarının varlığının ve hareketlerinin incelenmesi amacıyla toplam 19 patatesten elde edilen genomik DNA örnekleri IRAP-

PCR yöntemiyle analiz edilmiştir. 200 µL PCR tüpünde karıştırılan IRAP-PCR bileşenleri Çizelge 3.5’de, IRAP-PCR koşulları ise Çizelge 3.6’da verilmiştir. IRAP PCR ürünleri, 3.4.1’deki gibi hazırlanan %1’lik agaroz jel kullanılarak 80 V gerilimde 60 dakikalık sürede gerçekleştirilen elektroforez sisteminde görüntülenmiştir.

**Çizelge 3.5.** IRAP-PCR bileşenleri

PCR Bileşeni	Miktar (µl)
PCR master mix Bio Mix™ RED	12.5
Primer Sentomer® DNA Teknolojileri	2
DNA	4
Nükleaz İçermeyen Su	6.5
Toplam	25

**Çizelge 3.6.** IRAP-PCR koşulları

Basamak	Sıcaklık (°C)	Süre	Döngü Sayısı
Başlangıç Denatürasyonu	94	3'	1
Denatürasyon	94	20"	34
Bağlanma	*	30"	
Uzama	72	2'	
Son Uzama	72	7'	1

\* *Sukkula* için 58 °C, *Nikita* için 52 °C, *P-Tst-1* için 40 °C, *P-Tst-3* için 46 °C, *P-Tst-6* için 48 °C, *Copia like* için 40 °C

### 3.5.2. *Nikita* retrotranspozonunun IRAP-PCR analizi

Patates genomunda *Nikita* retrotranspozonlarının varlığının ve hareketlerinin incelenmesi amacıyla toplam 19 patatesten elde edilen genomik DNA örnekleri IRAP-PCR yöntemiyle analiz edildi. 200 µL PCR tüpünde karıştırılan IRAP-PCR bileşenleri Çizelge 3.5’de, IRAP-PCR koşulları ise Çizelge 3.6’da verilmiştir. IRAP-PCR

ürünleri, 3.4.1'deki gibi hazırlanan %1'lik agaroz jel kullanılarak 80 V gerilimde 60 dakikalık sürede gerçekleştirilen elektroforez sisteminde görüntülenmiştir.

### **3.5.3. *P-Tst-1, P-Tst-3, P-Tst-6* retrotranspozonlarının IRAP-PCR analizi**

Patates genomunda NCBI veritabanından alınan *P-Tst-1*, *P-Tst-3* ve *P-Tst-6* retrotranspozonlarının varlığının ve hareketlerinin incelenmesi amacıyla toplam 19 patatesten elde edilen genomik DNA örnekleri IRAP-PCR yöntemiyle analiz edildi. 200 µL PCR tüpünde karıştırılan IRAP-PCR bileşenleri Çizelge 3.5'de, IRAP-PCR koşulları ise Çizelge 3.6'da verilmiştir. IRAP-PCR ürünleri, 3.4.1'deki gibi hazırlanan %1'lik agaroz jel kullanılarak 80 V gerilimde 60 dakikalık sürede gerçekleştirilen elektroforez sisteminde görüntülenmiştir.

### **3.5.4. *Copia like* retrotranspozonunun IRAP-PCR analizi**

Patates genomunda NCBI veritabanına Primer3 Output programıyla yüklenen X52387.1 erişim numarasına sahip *Copia* retrotranspozonlarının varlığının ve hareketlerinin incelenmesi amacıyla toplam 19 patatesten elde edilen genomik DNA örnekleri IRAP PCR yöntemiyle analiz edildi. 200 µL PCR tüpünde karıştırılan IRAP-PCR bileşenleri Çizelge 3.5'de, IRAP-PCR koşulları ise Çizelge 3.6'da verilmiştir. IRAP-PCR ürünleri, 3.4.1'deki gibi hazırlanan %1'lik agaroz jel kullanılarak 80 V gerilimde 60 dakikalık sürede gerçekleştirilen elektroforez sisteminde görüntülenmiştir.

### **3.5.5. Polimorfizmin hesaplanması**

IRAP-PCR sonucuna göre örnekler arasındaki polimorfizmi hesaplamak için Jaccard Benzerlik Katsayısı kullanılmıştır. Bu amaçla jelde belirgin olarak görülen monomorfik ve polimorfik bantlar sayılmıştır. Elde edilen sonuçlara Jaccard Benzerlik Katsayısı formülü uygulanarak örnekler arasındaki % benzerlik oranları hesaplanmıştır (Jaccard, 1908).

$$J \text{ (Jaccard Benzerlik Katsayısı)} = \frac{MAB}{MB + MA + MAB}$$

MB: A bireyinde olmayan, B bireyinde var olan niteliklerin (bant) sayısı.

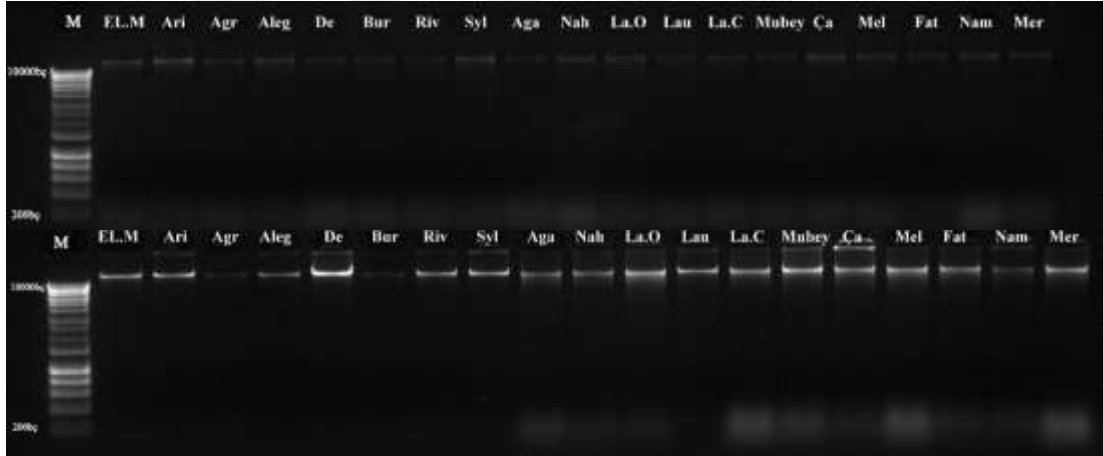
MA: A bireyinde var olan, B bireyinde olmayan niteliklerin sayısı.

MAB: Hem A hem de B bireyinde var olan niteliklerin sayısı.

## 4. BULGULAR

### 4.1. DNA İzolasyonu

Tez çalışmamızda; DNA izolasyonu, 19 patates çeşidinin yumru ve yapraklarından alınan örnekler üzerinde CTAB yönteminin kullanılmasıyla yapılmıştır. Yumrulardan izole edilen genomik DNA'ların %1'lik agaroz jel görüntüsü Şekil 4.1'de verilmiştir. Elde edilen DNA miktarı ve saflığı Epoch marka spektrofotometrede (Nano Drop 2000C) ölçülmüş ve PCR reaksiyonu için 20 ng/μl olacak şekilde seyreltilmiştir (Çizelge 4.1). Elde edilen jel görüntüsü ve spektrofotometrik ölçüm sonuçlarına göre genomik DNA izolasyonunun her çeşit için başarılı bir şekilde yapıldığı görülmüştür.



Şekil 4.1. 19 Patates Çeşidindeki gDNA İzolasyon Sonuçları

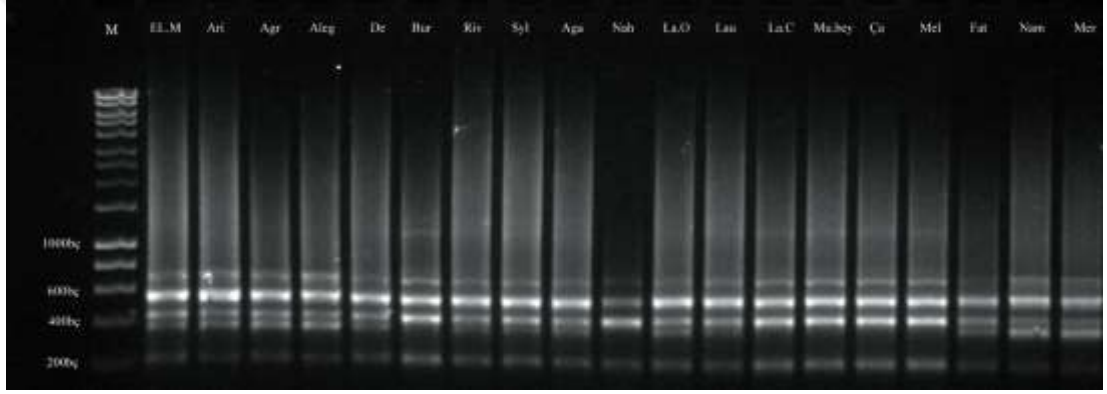
**Çizelge 4.1.** 19 Patates yumrularından DNA izolasyon sonuçları (NanoDrop2000C).

Yaprak			Yumru		
ÖRNEK Adı:	DNA MİKTARI (ng/µl)	DNA SAFLIĞI (260/280)	ÖRNEK Adı:	DNA MİKTARI (ng/µl)	DNA SAFLIĞI (260/280)
EL Mundo	146,7	1,80	El Mundo	131,5	1,85
Arizona	122,5	1,70	Arizona	143,9	1,80
Agria	77,6	1,71	Agria	145,0	1,90
Alegria	110,5	1,70	Alegria	219,4	1,80
Desiree	96,9	1,64	Desiree	176,6	1,97
Burren	82,1	1,70	Burren	511,5	2,01
Rivira	139,8	1,80	Rivira	157,4	1,81
Sylvana	102,7	1,73	Sylvana	268,2	1,88
Agata	1000,3	1,98	Agata	926,2	1,97
Nahita	896,8	1,82	Nahita	918,8	1,82
Lady	856,8	1,89	Lady	820,5	1,88
Olympia			Olympia		
Laura	39,1	1,81	Laura	145,6	1,80
Lady Claire	2281,4	1,95	Lady Claire	2104,2	1,95
Murat bey	1382,8	1,94	Murat bey	1469,4	1,94
Çağlı	714,0	2,18	Çağlı	872,9	1,90
Melody	376,4	1,90	Melody	1644,9	2,01
Fatih	1072,7	1,92	Fatih	1026,5	1,92
Nam	1038,5	2,08	Nam	798,3	1,96
Merebil	1565,3	2,00	Merebil	1862,5	1,96

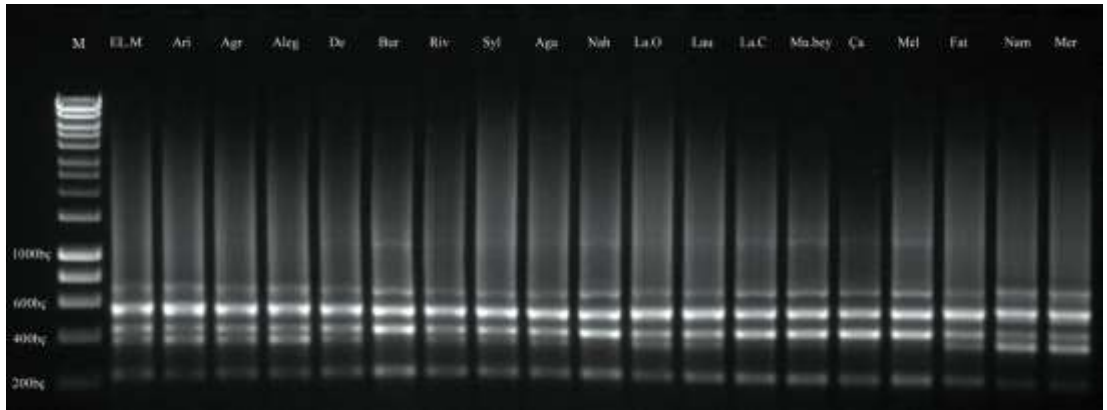
## 4.2. IRAP-PCR Analizi Sonuçları

### 4.2.1. *Sukkula* IRAP-PCR sonuçları

Yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Sukkula* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-20 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 6 bant sırası (200-1000 bp) içerisinde 4-5 tane olacak şekilde tespit edilmiştir (Şekil 4.2, Çizelge 4.2 ve Çizelge 4.3). Yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Sukkula* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-20 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 5 bant sırası (200-1000 bp) içerisinde 4-5 tane olacak şekilde tespit edilmiştir (Şekil 4.2, Çizelge 4.3 ve Çizelge 4.4).



Şekil 4.2. Yaprak örneklerinde *Sukkula* IRAP-PCR sonucu



Şekil 4.3. Yumru örneklerinde *Sukkula* IRAP-PCR sonucu

**Çizelge 4.2.** *Sukkula* retrotranspozonu bant sayıları

Çeşit	No	Yaprak		Yumru	
		Pozitif	Negatif	Pozitif	Negatif
EL.M	1	5	1	4	1
Ari	2	5	1	4	1
Agr	3	5	1	4	1
Aleg	4	5	1	4	1
De	5	5	1	4	1
Bur	6	5	1	4	1
Riv	7	5	1	4	1
Syl	8	5	1	4	1
Aga	9	5	1	5	0
Nah	10	4	2	4	1
La. O	11	5	1	4	1
Lau	12	4	2	4	1
La. C	13	5	1	4	1
Mubey	14	5	1	5	0
Ça	15	4	2	4	1
Mel	16	4	2	4	1
Fat	17	5	1	4	1
Nam	18	5	1	4	1
Mer	19	5	1	4	1

**Çizelge 4.3.** Yaprak örneklerinde *Sukkula* retrotranspozonu polimorfizm oranları

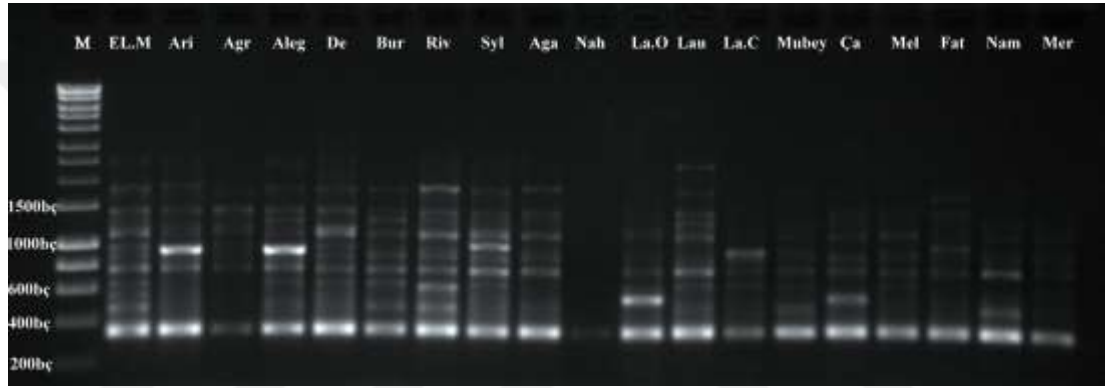
	EL.M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
<b>EL.M</b>	-																		
<b>Ari</b>	0	-																	
<b>Agr</b>	0	0	-																
<b>Aleg</b>	0	0	0	-															
<b>De</b>	0	0	0	0	-														
<b>Bur</b>	0	0	0	0	0	-													
<b>Riv</b>	0	0	0	0	0	0	-												
<b>Syl</b>	0	0	0	0	0	0	0	-											
<b>Aga</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	-										
<b>Nah</b>	20	20	20	20	20	20	20	20	20	-									
<b>La.O</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	-								
<b>Lau</b>	20	20	20	20	20	20	20	20	20	0	20	-							
<b>La.C</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	20	-						
<b>Mubey</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	20	0	-					
<b>Ça</b>	20	20	20	20	20	20	20	20	20	0	20	0	20	20	-				
<b>Mel</b>	20	20	20	20	20	20	20	20	20	0	20	0	20	20	0	-			
<b>Fat</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	20	0	0	20	20	-		
<b>Nam</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	20	0	0	20	20	0	-	
<b>Mer</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	20	0	0	20	20	0	0	-

Çizelge 4.4. Yumru örneklerinde *Sukkula* retrotranspozonu polimorfizm oranları

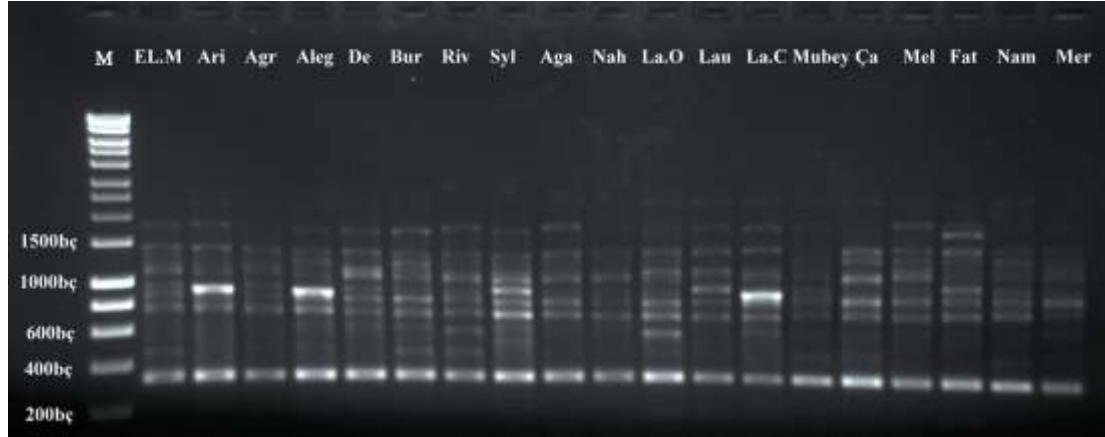
	EL.	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer	
<b>EL.M</b>	-																			
<b>Ari</b>	0	-																		
<b>Agr</b>	0	0	-																	
<b>Aleg</b>	0	0	0	-																
<b>De</b>	0	0	0	0	-															
<b>Bur</b>	0	0	0	0	0	-														
<b>Riv</b>	0	0	0	0	0	0	-													
<b>Syl</b>	0	0	0	0	0	0	0	-												
<b>Aga</b>	20	20	20	20	20	20	20	20	-											
<b>Nah</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	-										
<b>La.O</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	-									
<b>Lau</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	-								
<b>La.C</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	-							
<b>Mubey</b>	20	20	20	20	20	20	20	20	0	20	20	20	20	-						
<b>Ça</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	20	-					
<b>Mel</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	20	0	-				
<b>Fat</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	20	0	0	-			
<b>Nam</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	20	0	0	0	-		
<b>Mer</b>	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0	0	0	20	0	0	0	0	0	-

#### 4.2.2. *Nikita* IRAP-PCR sonuçları

Yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Nikita* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-92 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 12 bant sırası (200-2500 bç) içerisinde 1-12 tane olacak şekilde tespit edilmiştir. Yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Nikita* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-64 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 15 bant sırası (200-2500 bç) içerisinde 6-13 tane olacak şekilde tespit edilmiştir (Şekil 4.5, Çizelge 4.6 ve Çizelge 4.7).



Şekil 4.4. Yaprak örneklerinde *Nikita* IRAP-PCR sonucu



Şekil 4.5. Yumru örneklerinde *Nikita* IRAP-PCR sonucu

**Çizelge 4.5.** *Nikita* retrotranspozonu bant sayıları

Çeşit	No	Yaprak		Yumru	
		pozitif	negatif	pozitif	negatif
EL.M	1	12	0	11	4
Ari	2	7	5	8	7
Agr	3	7	5	11	4
Aleg	4	10	2	13	2
De	5	9	3	7	8
Bur	6	8	4	12	3
Riv	7	8	4	12	3
Syl	8	10	2	10	5
Aga	9	8	4	8	7
Nah	10	1	11	7	8
La. O	11	9	3	9	6
Lau	12	7	5	8	7
La. C	13	7	5	10	5
Mubey	14	9	3	10	5
Ça	15	6	6	10	5
Mel	16	7	5	7	8
Fat	17	6	6	6	9
Nam	18	7	5	10	5
Mer	19	6	6	8	7

Çizelge 4.6. Yaprak örneklerinde *Nikita* retrotranspozonu polimorfizm oranları

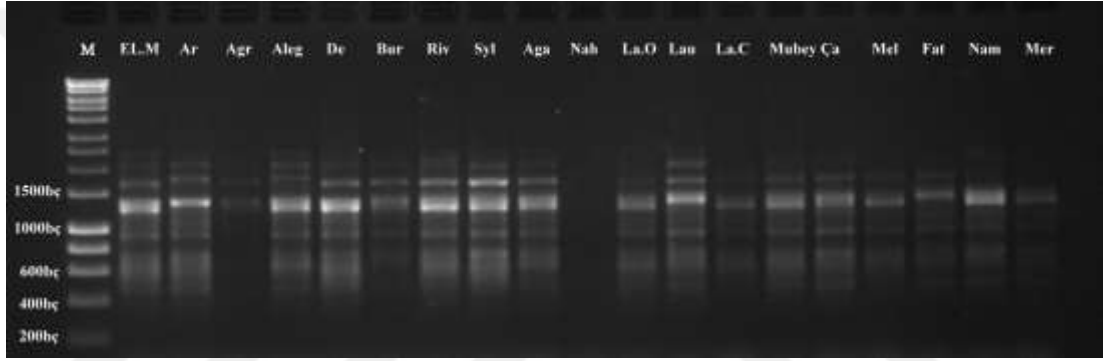
	EL. M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
EL.M	-																		
Ari	42	-																	
Agr	42	0	-																
Aleg	17	30	30	-															
De	25	22	22	10	-														
Bur	33	13	13	20	11	-													
Riv	33	13	13	20	11	0	-												
Syl	17	30	30	0	10	20	20	-											
Aga	33	13	13	20	11	0	0	20	-										
Nah	92	86	86	90	89	88	88	90	88	-									
La.O	25	22	22	10	0	11	11	10	11	89	-								
Lau	42	0	0	30	22	13	13	30	13	86	22	-							
La.C	42	0	0	30	22	13	13	30	13	86	22	0	-						
Mubey	25	22	22	10	0	11	11	10	11	89	0	22	22	-					
Ça	50	14	14	40	33	25	25	40	25	83	33	14	14	33	-				
Mel	42	0	0	30	22	13	13	30	13	86	22	0	0	22	14	-			
Fat	50	14	14	40	33	25	25	40	25	83	33	14	14	33	0	14	-		
Nam	42	0	0	30	22	13	13	30	13	86	22	0	0	22	14	0	14	-	
Mer	50	14	14	40	33	25	25	40	25	83	33	14	14	33	0	14	0	14	-

Çizelge 4.7. Yumru örneklerinde *Nikita* retrotranspozonu polimorfizm oranları

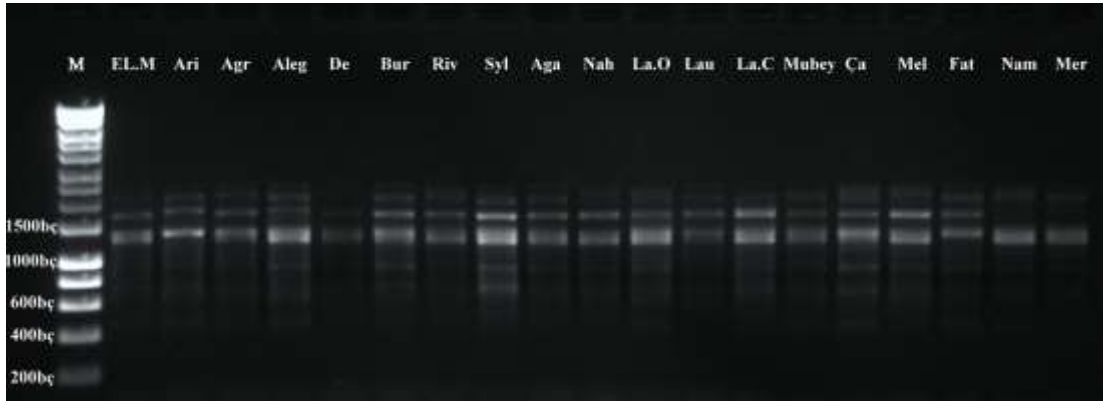
	EL.	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
<b>EL.M</b>	-																		
<b>Ari</b>	28	-																	
<b>Agr</b>	0	28	-																
<b>Aleg</b>	16	39	16	-															
<b>De</b>	37	13	37	46	-														
<b>Bur</b>	9	33	9	8	42	-													
<b>Riv</b>	9	33	9	8	33	0	-												
<b>Syl</b>	9	20	9	23	30	17	17	-											
<b>Aga</b>	28	0	28	39	0	33	33	20	-										
<b>Nah</b>	37	0	37	39	0	42	42	30	0	-									
<b>La.O</b>	18	11	18	31	22	25	25	10	11	22	-								
<b>Lau</b>	28	0	28	39	13	33	33	20	0	13	11	-							
<b>La.C</b>	9	20	9	23	30	17	17	0	20	30	10	20	-						
<b>Mubey</b>	9	20	9	23	30	17	17	0	20	30	10	20	0	-					
<b>Ça</b>	9	20	9	23	30	17	17	0	20	30	10	20	0	0	-				
<b>Mel</b>	37	0	37	46	0	42	42	30	0	0	22	0	30	30	30	-			
<b>Fat</b>	46	25	46	54	14	50	50	40	25	14	34	25	40	40	40	14	-		
<b>Nam</b>	9	20	9	23	30	17	17	0	20	30	10	20	0	0	0	30	40	-	
<b>Mer</b>	28	0	28	39	13	33	33	20	0	13	11	0	20	20	20	13	25	20	-

#### 4.2.3. *P-Tst-1* IRAP-PCR sonuçları

Yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *P-Tst-1* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-100 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 10 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 0-10 tane olacak şekilde tespit edilmiştir. Yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *PTst-1* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-63 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 9 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 3-8 tane olacak şekilde tespit edilmiştir (Şekil 4.8, Çizelge 4.9 ve Çizelge 4.10).



Şekil 4.6. Yaprak örneklerinde *P-Tst-1* IRAP-PCR sonucu



Şekil 4.7. Yumru örneklerinde *P-Tst-1* IRAP-PCR sonucu

**Çizelge 4.8.** *P-Tst-I* retrotranspozonu bant sayıları

Çeşit	No	Yaprak		Yumru	
		pozitif	negatif	pozitif	negatif
EL.M	1	9	1	7	2
Ari	2	8	2	7	2
Agr	3	4	6	7	2
Aleg	4	10	0	8	1
De	5	8	2	4	5
Bur	6	5	5	8	1
Riv	7	6	4	3	6
Syl	8	8	2	8	1
Aga	9	8	2	6	3
Nah	10	0	10	6	3
La. O	11	6	4	8	1
Lau	12	9	1	3	6
La. C	13	5	5	7	2
Mubey	14	8	2	4	3
Ça	15	7	3	8	1
Mel	16	6	4	6	3
Fat	17	5	5	7	2
Nam	18	7	3	5	4
Mer	19	5	5	3	6

**Çizelge 4.9.** Yaprak örneklerinde *P-Tst -I* retrotranspozonu polimorfizm oranları

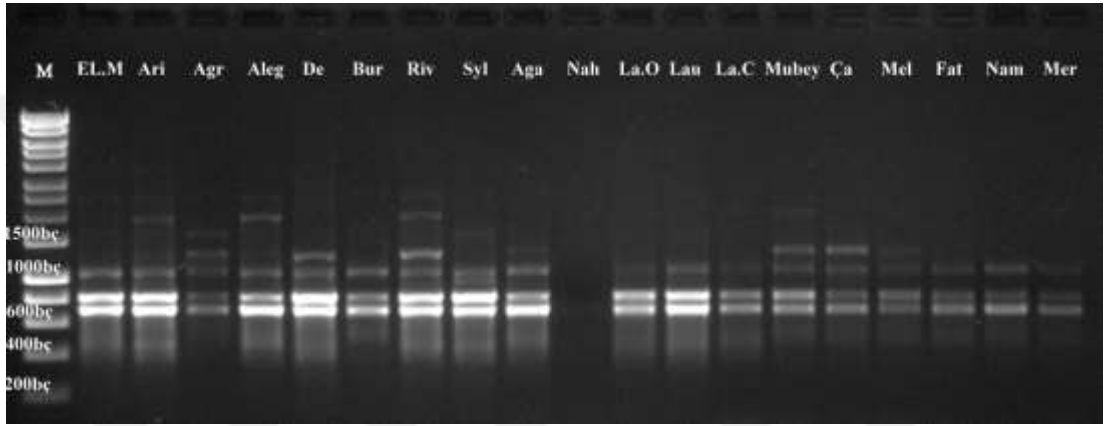
	EL.M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
EL.M	-																		
Ari	11	-																	
Agr	56	50	-																
Aleg	10	20	60	-															
De	11	0	50	20	-														
Bur	46	38	20	50	38	-													
Riv	33	25	33	40	25	17	-												
Syl	11	0	50	20	0	38	25	-											
Aga	11	0	50	20	0	38	25	0	-										
Nah	100	100	100	100	100	100	100	100	100	-									
La.O	33	25	33	40	25	17	0	25	25	100	-								
Lau	0	11	56	10	11	46	33	11	11	100	33	-							
La.C	46	38	20	50	38	0	17	38	38	100	17	46	-						
Mubey	11	0	50	20	0	38	25	0	0	100	25	11	38	-					
Ça	22	13	43	30	13	29	14	13	13	100	14	22	29	13	-				
Mel	33	25	33	40	25	17	0	25	25	100	0	33	17	25	14	-			
Fat	46	38	20	50	38	0	17	38	38	100	17	46	0	38	29	17	-		
Nam	22	13	43	30	13	29	14	13	13	100	14	22	29	13	0	14	29	-	
Mer	46	38	20	50	38	0	17	38	38	100	17	46	0	38	29	17	0	29	-

Çizelge 4.10. Yumru örneklerinde *P-Tst -I* retrotranspozonu polimorfizm oranları

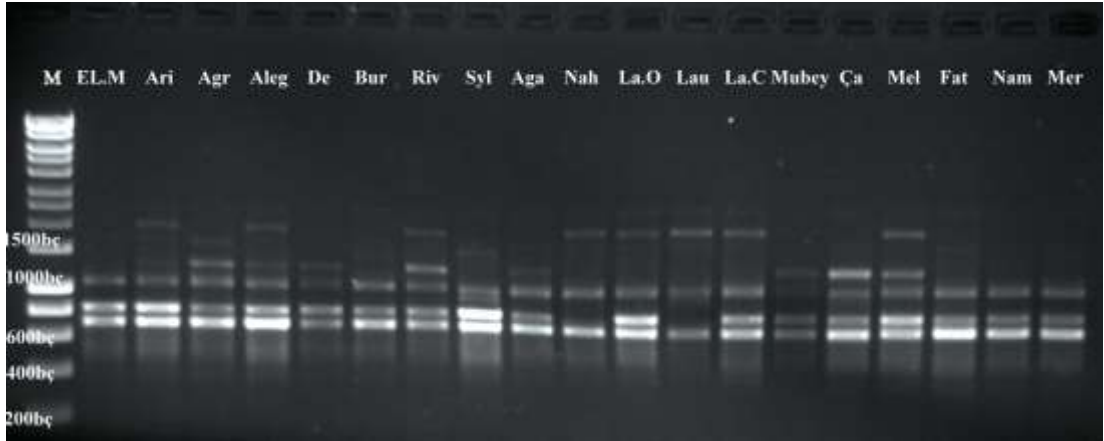
	EL.M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
EL.M	-																		
Ari	0	-																	
Agr	0	0	-																
Aleg	13	13	13	-															
De	43	43	43	50	-														
Bur	13	13	13	0	50	-													
Riv	53	53	53	63	25	63	-												
Syl	13	13	13	0	50	0	63	-											
Aga	14	14	14	25	33	25	50	25	-										
Nah	14	14	14	25	33	25	50	25	0	-									
La.O	13	13	13	0	50	0	63	0	25	25	-								
Lau	57	57	57	63	25	63	0	63	50	50	63	-							
La.C	0	0	0	13	43	13	57	13	14	14	13	57	-						
Mubey	43	43	43	50	0	50	25	50	33	33	50	25	43	-					
Ça	13	13	13	0	50	0	63	0	25	25	0	63	13	50	-				
Mel	14	14	14	25	33	25	50	25	0	0	25	50	14	33	25	-			
Fat	0	0	0	13	43	13	57	13	14	14	13	57	0	43	13	14	-		
Nam	29	29	29	38	20	38	40	38	17	17	38	40	29	20	38	17	29	-	
Mer	57	57	57	63	25	63	0	63	50	50	63	0	57	25	63	50	57	40	-

#### 4.2.4. *P-Tst-3* IRAP-PCR sonuçları

Yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *P-Tst-3* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-83 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 9 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 0-6 tane olacak şekilde tespit edilmiştir. Yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *PTst-3* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-57 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 10 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 3-7 tane olacak şekilde tespit edilmiştir(Şekil 4.11, Çizelge 4.12 ve Çizelge 4.13).



Şekil 4.8. Yaprak örneklerinde *P-Tst-3* IRAP-PCR sonucu



Şekil 4.9. Yumru örneklerinde *P-Tst-3* IRAP-PCR sonucu

**Çizelge 4.11.** *P-Tst-3* retrotranspozonu bant sayıları

Çeşit	No	Yaprak		Yumru	
		pozitif	negatif	pozitif	negatif
EL.M	1	6	3	3	7
Ari	2	6	3	7	3
Agr	3	5	4	6	4
Aleg	4	5	4	7	3
De	5	4	5	4	6
Bur	6	3	6	3	7
Riv	7	6	3	5	5
Syl	8	5	4	6	4
Aga	9	4	5	4	6
Nah	10	1	8	3	7
La. O	11	3	6	6	4
Lau	12	3	6	4	6
La. C	13	3	6	6	4
Mubey	14	5	4	4	6
Ça	15	4	5	6	4
Mel	16	4	5	7	3
Fat	17	3	6	7	3
Nam	18	3	6	3	7
Mer	19	3	6	3	7

Çizelge 4.12. Yaprak örneklerinde *P-Tst-3* retrotranspozonu polimorfizm oranları

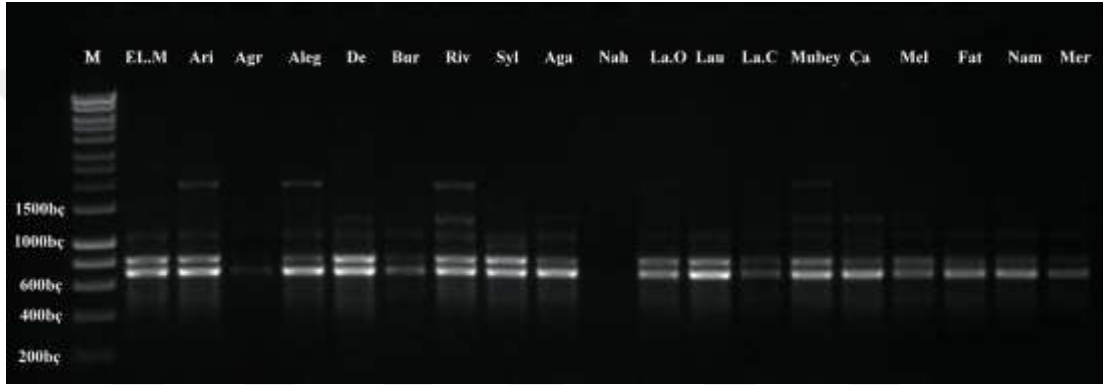
	EL.	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
<b>EL.M</b>	-																		
<b>Ari</b>	0	-																	
<b>Agr</b>	17	17	-																
<b>Aleg</b>	17	17	0	-															
<b>De</b>	33	33	20	20	-														
<b>Bur</b>	50	50	40	40	25	-													
<b>Riv</b>	0	0	17	17	33	50	-												
<b>Syl</b>	17	17	0	0	20	40	17	-											
<b>Aga</b>	33	33	20	20	0	25	33	20	-										
<b>Nah</b>	83	83	80	80	75	67	83	80	75	-									
<b>La.O</b>	50	50	40	40	25	0	50	40	25	67	-								
<b>Lau</b>	50	50	40	40	25	0	50	40	25	67	0	-							
<b>La.C</b>	50	50	40	40	25	0	50	40	25	67	0	0	-						
<b>Mubey</b>	17	17	0	0	20	40	17	0	20	80	40	40	40	-					
<b>Ça</b>	33	33	20	20	0	25	33	20	0	75	25	25	25	20	-				
<b>Mel</b>	33	33	20	20	0	25	33	20	0	75	25	25	25	20	0	-			
<b>Fat</b>	50	50	40	40	25	0	50	40	25	67	0	0	0	40	25	25	-		
<b>Nam</b>	50	50	40	40	25	0	50	40	25	67	0	0	0	40	25	25	0	-	
<b>Mer</b>	50	50	40	40	25	0	50	40	25	67	0	0	0	40	25	25	0	0	-

Çizelge 4.13. Yumru örneklerinde *P-Tst-3* retrotranspozonu polimorfizm oranları

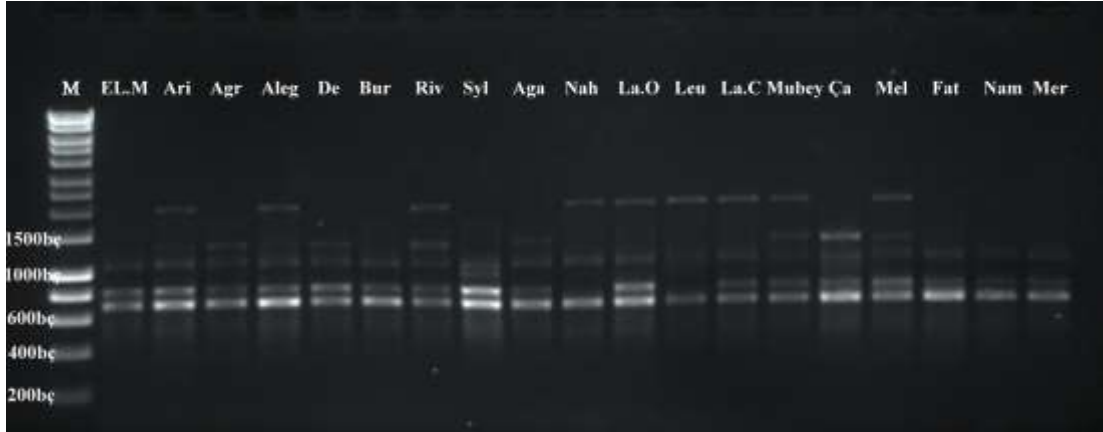
	EL.M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
EL.M	-																		
Ari	57	-																	
Agr	50	14	-																
Aleg	57	0	14	-															
De	25	43	33	43	-														
Bur	0	57	50	57	25	-													
Riv	40	29	17	29	20	40	-												
Syl	50	14	0	14	33	50	17	-											
Aga	25	43	33	43	0	25	20	33	-										
Nah	0	57	50	57	25	0	40	50	25	-									
La.O	50	14	0	14	33	50	17	0	33	50	-								
Lau	25	43	33	43	0	25	20	33	0	25	33	-							
La.C	50	14	0	14	33	50	17	0	33	50	0	33	-						
Mubey	25	43	33	43	0	25	20	33	0	25	33	0	33	-					
Ça	50	14	0	14	33	50	17	0	33	50	0	33	0	33	-				
Mel	57	0	14	0	43	57	29	14	43	57	14	43	14	43	14	-			
Fat	57	0	14	0	43	57	29	14	43	57	14	43	14	43	14	0	-		
Nam	0	57	50	57	25	0	40	50	25	0	50	25	50	25	50	57	57	-	
Mer	0	57	50	57	25	0	40	50	25	0	50	25	50	25	50	57	57	0	-

#### 4.2.5. *P-Tst-6* IRAP-PCR sonuçları

Yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *P-Tst-6* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-60 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 5 bant sırası (600-2000 bç) içerisinde 0-5 tane olacak şekilde tespit edilmiştir. Yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *PTst-6* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-40 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 6 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 3-5 tane olacak şekilde tespit edilmiştir (Şekil 4.14, Çizelge 4.15 ve Çizelge 4.16).



Şekil 4.10. Yaprak örneklerinde *P-Tst-6* IRAP-PCR sonucu



Şekil 4.11. Yumru örneklerinde *P-Tst-6* IRAP-PCR sonucu

**Çizelge 4.14.** *P-Tst-6* retrotranspozonu bant sayıları

Çeşit	No	Yaprak		Yumru	
		pozitif	negatif	pozitif	negatif
EL.M	1	3	2	3	3
Ari	2	4	1	5	1
Agr	3	2	3	4	2
Aleg	4	4	1	5	1
De	5	4	1	4	2
Bur	6	4	1	3	3
Riv	7	4	1	5	1
Syl	8	3	2	4	2
Aga	9	4	1	4	2
Nah	10	0	5	3	3
La. O	11	4	1	4	2
Lau	12	3	2	3	3
La. C	13	3	2	4	2
Mubey	14	5	0	5	1
Ça	15	4	1	5	1
Mel	16	2	3	5	1
Fat	17	2	3	3	3
Nam	18	3	2	3	3
Mer	19	3	2	3	3

**Çizelge 4.15.** Yaprak örneklerinde *P-Tst-6* retrotranspozonu polimorfizm oranları

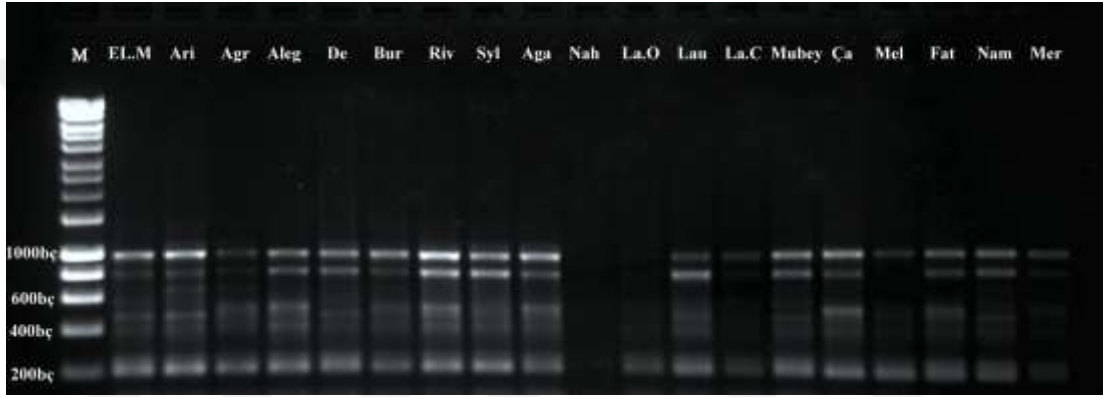
	EL.M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
EL.M	-																		
Ari	25	-																	
Agr	33	50	-																
Aleg	25	0	50	-															
De	25	0	50	0	-														
Bur	25	0	50	0	0	-													
Riv	25	0	50	0	0	0	-												
Syl	0	25	33	25	25	25	25	-											
Aga	25	0	50	0	0	0	0	25	-										
Nah	100	100	100	100	100	100	100	100	100	-									
La.O	25	0	50	0	0	0	0	25	0	100	-								
Lau	0	25	33	25	25	25	25	0	25	100	25	-							
La.C	33	50	33	50	50	50	50	33	50	100	50	33	-						
Mubey	40	20	60	20	20	20	20	40	20	100	20	40	40	-					
Ça	25	0	50	0	0	0	0	25	0	100	0	25	25	20	-				
Mel	0	25	33	25	25	25	25	0	25	100	25	0	0	60	50	-			
Fat	33	50	0	50	50	50	50	33	50	100	50	33	33	60	50	0	-		
Nam	0	25	33	25	25	25	25	0	25	100	25	0	0	40	25	33	33	-	
Mer	0	25	33	25	25	25	25	0	25	100	25	0	0	40	25	33	33	0	-

**Çizelge 4.16.** Yumru örneklerinde *P-Tst-6* retrotranspozonu polimorfizm oranları

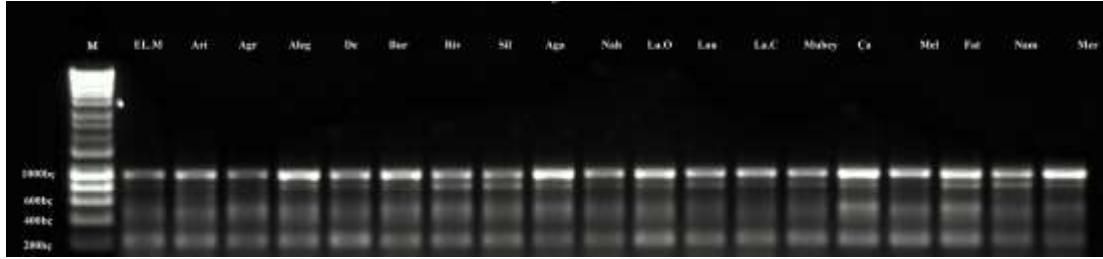
	EL. M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
<b>EL.M</b>	-																		
<b>Ari</b>	40	-																	
<b>Agr</b>	25	20	-																
<b>Aleg</b>	40	0	20	-															
<b>De</b>	25	20	0	20	-														
<b>Bur</b>	0	40	25	40	25	-													
<b>Riv</b>	40	0	20	0	20	40	-												
<b>Syl</b>	25	20	0	20	0	25	20	-											
<b>Aga</b>	25	20	0	20	0	25	20	0	-										
<b>Nah</b>	0	40	25	40	25	0	40	25	25	-									
<b>La.O</b>	25	20	0	20	0	25	20	0	0	25	-								
<b>Lau</b>	0	40	25	40	25	0	40	25	25	0	25	-							
<b>La.C</b>	25	20	0	20	0	25	20	0	0	25	0	25	-						
<b>Mubey</b>	40	0	20	0	20	40	0	20	20	40	20	40	20	-					
<b>Ça</b>	40	0	20	0	20	40	0	20	20	40	20	40	20	0	-				
<b>Mel</b>	40	0	20	0	20	40	0	20	20	40	20	40	20	0	0	-			
<b>Fat</b>	0	40	25	40	25	0	40	25	25	0	25	0	25	40	40	40	-		
<b>Nam</b>	0	40	25	40	25	0	40	25	25	0	25	0	25	40	40	40	0	-	
<b>Mer</b>	0	40	25	40	25	0	40	25	25	0	25	0	25	40	40	40	0	0	-

#### 4.2.6. *Copia like* IRAP-PCR sonuçları

Yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Copia like* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-88 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 7 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 1-7 tane olacak şekilde tespit edilmiştir. Yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Copia like* transpozonu için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları % 0-20 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise toplam 5 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 4-5 tane olacak şekilde tespit edilmiştir(Şekil 4.17, Çizelge 4.18 ve Çizelge 4.19).



Şekil 4.12. Yaprak örneklerinde *Copia like* IRAP-PCR sonucu



Şekil 4.13. Yumru örneklerinde *Copia like* IRAP-PCR sonucu

**Çizelge 4.17.** *Copia like* retrotranspozonu bant sayıları

Çeşit	No	Yaprak		Yumru	
		pozitif	negatif	pozitif	negatif
EL.M	1	5	2	4	1
Ari	2	7	0	5	0
Agr	3	6	1	5	0
Aleg	4	5	2	5	0
De	5	6	1	4	1
Bur	6	5	2	5	0
Riv	7	5	2	5	0
Syl	8	6	1	5	0
Aga	9	5	2	5	0
Nah	10	1	6	4	1
La. O	11	5	2	5	0
Lau	12	5	2	4	1
La. C	13	6	1	4	1
Mubey	14	6	1	4	1
Ça	15	5	2	5	0
Mel	16	5	2	5	0
Fat	17	5	2	5	0
Nam	18	7	0	4	1
Mer	19	7	0	4	1

Çizelge 4.18. Yaprak örneklerinde *Copia like* retrotranspozonu polimorfizm oranları

	EL.	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
<b>EL.M</b>	-																		
<b>Ari</b>	29	-																	
<b>Agr</b>	17	15	-																
<b>Aleg</b>	0	29	17	-															
<b>De</b>	17	15	0	17	-														
<b>Bur</b>	0	29	17	0	17	-													
<b>Riv</b>	0	29	17	0	17	0	-												
<b>Syl</b>	17	15	0	17	0	17	17	-											
<b>Aga</b>	0	29	17	0	17	0	0	17	-										
<b>Nah</b>	80	86	83	80	83	80	80	83	80	-									
<b>La.O</b>	0	29	17	0	17	0	0	17	0	80	-								
<b>Lau</b>	0	29	17	0	17	0	0	17	0	80	0	-							
<b>La.C</b>	17	15	0	17	0	17	17	0	17	83	17	17	-						
<b>Mubey</b>	17	15	0	17	0	17	17	0	17	83	17	17	0	-					
<b>Ça</b>	0	29	29	0	29	0	0	29	0	80	0	0	29	29	-				
<b>Mel</b>	0	29	29	0	29	0	0	29	0	80	0	0	29	29	0	-			
<b>Fat</b>	0	29	29	0	29	0	0	29	0	80	0	0	29	29	0	0	-		
<b>Nam</b>	29	0	15	29	15	29	29	15	29	86	29	29	15	15	29	29	29	-	
<b>Mer</b>	29	0	15	29	15	29	29	15	29	86	29	29	15	15	29	29	29	0	-

Çizelge 4.19. Yumru örneklerinde *Copia like* retrotranspozonu polimorfizm oranları

	EL. M	Ari	Agr	Aleg	De	Bur	Riv	Syl	Aga	Nah	La.O	Lau	La.C	Mubey	Ça	Mel	Fat	Nam	Mer
EL.M	-																		
Ari	20	-																	
Agr	20	0	-																
Aleg	20	0	0	-															
De	0	20	20	20	-														
Bur	20	0	0	0	20	-													
Riv	20	0	0	0	20	0	-												
Syl	20	0	0	0	20	0	0	-											
Aga	20	0	0	0	20	0	0	0	-										
Nah	0	20	20	20	0	20	20	20	20	-									
La.O	20	0	0	0	20	0	0	0	0	20	-								
Lau	0	20	20	20	0	20	20	20	20	0	20	-							
La.C	0	20	20	20	0	20	20	20	20	0	20	0	-						
Mubey	0	20	20	20	0	20	20	20	20	0	20	0	0	-					
Ça	20	0	0	0	20	0	0	0	0	20	0	20	20	20	-				
Mel	20	0	0	0	20	0	0	0	0	20	0	20	20	20	0	-			
Fat	20	0	0	0	20	0	0	0	0	20	0	20	20	20	0	0	-		
Nam	0	20	20	20	0	20	20	20	20	0	20	0	0	0	20	20	20	-	
Mer	0	20	20	20	0	20	20	20	20	0	20	0	0	0	20	20	20	0	-

## 5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Bitki genomunda bulunan transpozon dizileri, gen anlatımlarında ve genom evrimlerinde önemli olmasına rağmen çalışmalar hala başlangıç seviyesindedir. Yapılan bu tez çalışmasında, Türkiye’ de yaygın olarak üretilen ve/veya tüketilen 19 patates çeşidinde transpozon hareketleri, birbirleri arasındaki farklar ve her bir çeşitte yumru ve yaprak arasında transpozon hareketlerinin araştırılması hedeflenmiştir. Bütün örnekler transpozon (*Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like*) hareketleri açısından karşılaştırılarak genetik varyasyonların nedenleri araştırılmıştır. 19 patates çeşidinin, yumru ve yaprak genomik DNA’ları kullanılarak IRAP-PCR yapılmış ve çeşitler arasında ki genetik varyasyonlar araştırılmıştır.

Tez çalışmamızda yaprak örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* transpozonları için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları sırasıyla % 0-20, % 0-92, % 0-100, % 0-83, % 0-60 ve % 0-88 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise *Sukkula* transpozonunda toplam 6 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 4-5 tane, *Nikita* transpozonunda toplam 12 bant sırası (200-2500 bç) içerisinde 1-12 tane, *P-Tst-1* toplam 10 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 0-10 tane, *P-Tst-3* transpozonunda toplam 9 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 0-6 tane, *P-Tst-6* transpozonunda toplam 5 bant sırası (600-2000 bç) içerisinde 0-5 tane ve *Copia like* transpozonunda toplam 7 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 1-7 tane olacak şekilde tespit edilmiştir. Yumru örneklerinden elde edilen PCR ürünlerinde *Sukkula*, *Nikita*, *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* transpozonları için çeşitler arasındaki polimorfizm oranları sırasıyla % 0-20, % 0-64, % 0-63, % 0-57, % 0-40 ve % 0-20 aralığında ve polimorfik bant sayısı ise *Sukkula* transpozonunda toplam 5 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 4-5 tane, *Nikita* transpozonunda toplam 15 bant sırası (200-2500 bç) içerisinde 6-13 tane, *P-Tst-1* transpozonunda toplam 9 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 3-8 tane, *P-Tst-3* transpozonunda toplam 10 bant sırası (400-2500 bç) içerisinde 3-7 tane, *P-Tst-6* transpozonunda toplam 6 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 3-5 tane ve *Copia like* transpozonunda toplam 5 bant sırası (200-1000 bç) içerisinde 4-5 tane olacak şekilde tespit edilmiştir. En yüksek polimorfizm oranı yapraktan alınan örnekte *P-Tst-1* transpozonunda (% 0-100) görülürken, en düşük polimorfizm oranı yapraktan ve

yumrudan alınan örneklerde *Sukkula* transpozonunda (% 0-20) ve yumrudan alınan örnekte *Copia like* transpozonunda (% 0-20) görülmüştür. En yüksek polimorfik banda sahip çeşit *Nikita* transpozonunda 13 bant görülen *Alegria* çeşidi olurken, en düşük polimorfik banda sahip çeşit *P-Tst-1*, *P-Tst-3* ve *P-Tst-6* transpozonlarında bant görülmeyen *Nahide* çeşidi olmuştur.

(Demirel vd, 2018) 18 farklı patates genotipinde 45 farklı inter-PBS transposon markörü kullanarak patates bitkisinde moleküler markör olarak başarı ile kullanmıştır. IRAP-PCR tekniği ise daha kolay uygulanabilir bir metot olup hızlı sonuç alınabilir olması tercih edilme sebeplerindedir. Bunun yanı sıra retrotranspozonlarından kaynaklanan polimorfizmlerin belirlenmesinde sıklıkla tercih edilen modern yöntemlerdendir (Haji, 2019; Yılmaz, 2013). Yapılan patates bitkisinde uygulanabilirliği bu çalışma ile ortaya çıkmıştır.

*Nikita* ve *Sukkula* transpozonları, ilk defa arpa bitkisinde tanımlanmıştır. Bu transpozonlarla yapılan çalışmalar genellikle arpa bitkisi ile sınırlı kalmıştır (Alavi-Kia vd., 2008, Yılmaz, 2013) ve son yıllarda farklı organizmlarda bu transpozon hareketleri tespit edilmiştir (Karlık vd., 2019; Marakli vd.,2019, Cakmak vd., 2017). Bu çalışma ile birlikte literatürde ilk defa çeşitlerde patates bitkisinde transpozon polimorfizme hesaplanmıştır. Polimorfizmlerin birbirlerinde farklı olmalarının sebebi ise çalışılan organizmların birbirlerinden çok farklı olmasıdır.

Patatese özgü *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* transposonları sıklıkla patates bitkisinde çalışılmıştır (Novakova, 2009; Kaya, 2018; Aydın 2019 ). Novakova vd (2009), 20 patates çeşitinde *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* primerleri aracılığıyla ve IRAP-PCR metoduyla çalışmıştır ve ortalama polimorfizm oranları %11 ile % 79 arasında belirlenmiştir. Bu çalışmada ise 19 patates çeşitinde *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* polimorfizm oranları %0 ile % 92 arasında belirlenmiştir. Bu farklılığın sebebi ise kullanılan patates genotiplerinin birbirinde farklı olmasıdır. Novakova vd (2009), sadece yumrudan transpozon analiz yapmış iken bu çalışmada ise yumru ve yapraktan yapılmıştır.

*Copia like* transpozonları patates ve domates gibi çeşitli bitkilerde (Camirand vd, 1990; Flavell vd, 1992; Rogers ve Pauls, 2000; Voytas vd, 1992) sıklıkla çalışılmıştır. Bu çalışma ile de yerel patates çeşitlerinde çalışılmıştır. Sonuçları birbirlerin farklı olmasının en temel sebeplerinde biri ise bu çalışmada kullanılan

primerin bu çalışma kapsamında dizayn edilip kullanılmasıdır. Aynı zamanda genotip çeşitlerinin birbirinde farklı olmasıdır.

Yapılan tez çalışması neticesinde kullanılan 6 retrotranspozon IRAP-PCR sonuçlarına göre birbirinden farklı polimorfizm oranları elde edilmiştir. Bitki genom yapısı ve gen anlatımı için değeri çok olan retrotranspozonları biyolojisi konusunda çalışmalar başlangıç seviyesindedir. Patates bitkisinde retrotranspozon polimorfizmleri çalışmaları çok az olmakla birlikte patates genom projesi (Consortium, 2011) ile daha da ilerlemiştir. Tarımsal biyoteknolojide, moleküler markır yöntemleri, bitki genetik varyasyonlarının incelenmesi için son derece önemli metotlardır. Bunlardan, mikrosatellit, SSR (Basit tekrarlı dizi), CAPS (Bölünmüş Çoğaltılmış Polimorfik Diziler), RAPD (Rasgele Çoğaltılmış Polimorfik DNA), SNP (tek nükleotid polimorfizmi) vb. gibi metotlar patates bitkisinde geniş bir şekilde uygulanmıştır (Bryan vd, 2004; Finkers-Tomczak vd, 2009; Lopez-Pardo vd, 2013). IRAP-PCR yöntemi ile retrotranspozon analizleri bitki yetiştirmede oldukça önemlidir (Yüzbaşıoğlu, 2016) ve patates bitkisinde kullanılmıştır (Novakova vd, 2009). *Sukkula* ve *Nikita* retrotranspozon ile daha önce arpa bitkisinde IRAP-PCR metodu ile polimorfizm analizleri yapılmıştır (Yılmaz, 2013). Bu çalışma ile literatürde ilk defa patates bitkisinde *Sukkula* ve *Nikita* polimorfizm analizleri yapılmıştır. Bununla birlikte bu patates çeşitlerinde retrotranspozon polimorfizmlerinin tanımlanması için *Sukkula* ve *Nikita* primeriyle IRAP-PCR yöntemi daha önce kullanılmamıştır. IRAP metodu RAPD tekniğinden farklı olarak tekrar üretilebilir bir metottur ve ayrıca AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) tekniğinden daha kolay (Bakker vd, 2004) ve daha ucuz bir metoddur (Yüzbaşıoğlu, 2016). Retrotranspozonlara dayalı moleküler markırlar, patates ile ilgili biyoçeşitlilik, filogenetik ve evrimsel araştırmalarda oldukça büyük potansiyel değere sahiptir.

Elde edilen sonuçlar kapsamında patates bitkisinde meydana gelen polimorfizmlerin ortaya çıkarılmasında *P-Tst-1*, *P-Tst-3*, *P-Tst-6* ve *Copia like* transpozonları da patatese özgü transpozonlar olarak araştırılmıştır ve yüksek oranda polimorfizm tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar, bu transpozon dizilerinin, patates çeşitlerinin belirlenmesinde moleküler markır olarak kullanılabileceğini göstermektedir.

## KAYNAKÇA

- Abed, M. M. ve Demirhan, B. 2018. Patates Bitkisine (*Solanum tuberosum* L.) Genel Bir Bakış. *International Journal of Life Sciences and Biotechnology*, 1:1, 1-9.
- Anonim (2019). Production quantities of Potatoes by country. Average 1994 - 2016. Retrieved from <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>
- Bakker, E., Achenbach, U., Bakker, J., van Vliet, J., Peleman, J., Segers, B., van der Heijden, S., van der Linde, P., Graveland, R. ve Hutten, R. 2004. A high-resolution map of the H1 locus harbouring resistance to the potato cyst nematode *Globodera rostochiensis*. *Theoretical and Applied Genetics*, 109:1, 146-152.
- Bártová, V. ve Bárta, J. 2006. *Wild Potato Species: Characterization and Biological Potential for Potato Breeding*,
- Baucom, R. S., Estill, J. C., Chaparro, C., Upshaw, N., Jogi, A., Deragon, J.-M., Westerman, R. P., SanMiguel, P. J. ve Bennetzen, J. L. 2009. Exceptional diversity, non-random distribution, and rapid evolution of retroelements in the B73 maize genome. *PLoS genetics*, 5:11, e1000732.
- Baum, J. A., Bogaert, T., Clinton, W., Heck, G. R., Feldmann, P., Ilagan, O., Johnson, S., Plaetinck, G., Munyikwa, T. ve Pleau, M. 2007. Control of coleopteran insect pests through RNA interference. *Nature biotechnology*, 25:11, 1322.
- Bennetzen, J. L. 2000. Transposable element contributions to plant gene and genome evolution. *Plant Molecular Biology*, 42:1, 251-269.
- Bergman, C. M. ve Quesneville, H. 2007. Discovering and detecting transposable elements in genome sequences. *Briefings in Bioinformatics*, 8:6, 382-392.
- Berksan, Ö. F. 2002. *Patates Tarımı*. Kar Tarım, Ankara.
- Bernet, G. ve Asins, M. 2003. Identification and genomic distribution of gypsy like retrotransposons in Citrus and Poncirus. *Theoretical and Applied Genetics*, 108:1, 121-130.
- Biemont, C. 2009. Are transposable elements simply silenced or are they under house arrest? *Trends in genetics*, 25:8, 333-334.
- Bouwmeester, K., Han, M., Blanco-Portales, R., Song, W., Weide, R., Guo, L. Y., van der Vossen, E. A. ve Govers, F. 2014. The Arabidopsis lectin receptor kinase Lec RK-I. 9 enhances resistance to *Phytophthora infestans* in Solanaceous plants. *Plant Biotechnology Journal*, 12:1, 10-16.
- Bowen, N. J. ve Jordan, I. K. 2002. Transposable elements and the evolution of eukaryotic complexity. *Current issues in molecular biology*, 4, 65-76.
- Brown, C., Edwards, C., Yang, C. P. ve B Dean, B. 1993. *Orange Flesh Trait in Potato: Inheritance and Carotenoid Content*,
- Brown, C. R. 2005. Antioxidants in potato. *American Journal of Potato Research*, 82:2, 163-172.
- Brown, C. R. 2008. Breeding for Phytonutrient Enhancement of Potato. *American Journal of Potato Research*, 85:4, 298.
- Bryan, G. J., McLean, K., Pande, B., Purvis, A., Hackett, C. A., Bradshaw, J. E. ve Waugh, R. 2004. Genetical dissection of H3-mediated polygenic PCN resistance in a heterozygous autotetraploid potato population. *Molecular Breeding*, 14:2, 105-116.

- Bulley, S., Wright, M., Rommens, C., Yan, H., Rassam, M., Lin-Wang, K., Andre, C., Brewster, D., Karunairetnam, S., C Allan, A. ve A Laing, W. 2011. *Enhancing ascorbate in fruits and tubers through over-expression of the L-galactose pathway gene GDP-L-galactose phosphorylase*, 390-397,
- Caligari, P. D. S. 1992. *The Potato Crop: The scientific basis for improvement*. Springer Netherlands, 334-372, Dordrecht.
- Camirand, A., St-Pierre, B., Marineau, C. ve Brisson, N. 1990. Occurrence of a copia-like transposable element in one of the introns of the potato starch phosphorylase gene. *Molecular and General Genetics MGG*, 224:1, 33-39.
- Casacuberta, J. M. ve Santiago, N. 2003. Plant LTR-retrotransposons and MITES: control of transposition and impact on the evolution of plant genes and genomes. *Gene*, 311, 1-11.
- Consortium, P. G. S. 2011. Genome sequence and analysis of the tuber crop potato. *Nature*, 475:7355, 189.
- Corces, V. G. ve Geyer, P. K. 1991. Interactions of retrotransposons with the host genome: the case of the gypsy element of Drosophila. *Trends in genetics*, 7:3, 86-90.
- Craig, N. L. 2002. *Mobile DNA II*. American Society of Microbiology, 3-11.
- Daboussi, M.-J., Langin, T., Deschamps, F., Brygoo, Y., Scazzocchio, C. ve Burger, G. 1991. Heterologous expression of the *Aspergillus nidulans* regulatory gene *nirA* in *Fusarium oxysporum*. *Gene*, 109:1, 155-160.
- Demirel, U., Tındaş, İ., Yavuz, C., Baloch, F. S. ve Çalışkan, M. E. 2018. Assessing genetic diversity of potato genotypes using inter-PBS retrotransposon marker system. *Plant Genetic Resources*, 16:2, 137-145.
- Du, Z.-W., Chen, H., Liu, H., Lu, J., Qian, K., Huang, C.-L., Zhong, X., Fan, F. ve Zhang, S.-C. 2015. Generation and expansion of highly pure motor neuron progenitors from human pluripotent stem cells. *Nature communications*, 6, 6626.
- Duan, H., Richael, C. ve Rommens, C. M. 2012. Overexpression of the wild potato eIF4E-1 variant Eval elicits Potato virus Y resistance in plants silenced for native eIF4E-1. *Transgenic research*, 21:5, 929-938.
- Duval-Valentin, G., Marty-Cointin, B. ve Chandler, M. 2004. Requirement of IS911 replication before integration defines a new bacterial transposition pathway. *The EMBO journal*, 23:19, 3897-3906.
- Eickbush, T. H. ve Malik, H. S. 2002. *Mobile DNA ii*. American Society of Microbiology, 1111-1144.
- Evgen'ev, M. ve Arkhipova, I. 2005. Penelope-like elements—a new class of retroelements: distribution, function and possible evolutionary significance. *Cytogenetic and genome research*, 110:1-4, 510-521.
- FAO (2016). Production quantities of Potatoes by country. Average 1994 - 2016. Retrieved from <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize> [Erişim Tarihi: 29.03.2018]
- Feschotte, C., Jiang, N. ve Wessler, S. R. 2002. Plant transposable elements: where genetics meets genomics. *Nature Reviews Genetics*, 3:5, 329.
- Finkers-Tomczak, A., Danan, S., van Dijk, T., Beyene, A., Bouwman, L., Overmars, H., van Eck, H., Goverse, A., Bakker, J. ve Bakker, E. 2009. A high-resolution map of the *Grp1* locus on chromosome V of potato harbouring broad-spectrum resistance to the cyst nematode species *Globodera pallida* and *Globodera rostochiensis*. *Theoretical and Applied Genetics*, 119:1, 165-173.

- Finnegan, D. J. 1989. Eukaryotic transposable elements and genome evolution. *Trends in genetics*, 5, 103-107.
- Flavell, A. J., Smith, D. B. ve Kumar, A. 1992. Extreme heterogeneity of Ty1-copia group retrotransposons in plants. *Molecular and General Genetics MGG*, 231:2, 233-242.
- Foster, S. J., Park, T.-H., Pel, M., Brigneti, G., Śliwka, J., Jagger, L., van der Vossen, E. ve Jones, J. D. 2009. Rpi-vnt1. 1, a Tm-22 homolog from *Solanum venturii*, confers resistance to potato late blight. *Molecular plant-microbe interactions*, 22:5, 589-600.
- Grzebelus, D. 2006. Transposon insertion polymorphism as a new source of molecular markers. *Journal of fruit and ornamental plant research*, 14, 21.
- Gu, Y. Q., Coleman-Derr, D., Kong, X. ve Anderson, O. D. 2004. Rapid genome evolution revealed by comparative sequence analysis of orthologous regions from four Triticeae genomes. *Plant physiology*, 135:1, 459-470.
- Haji, E. k. 2019. Determination of Transposon Movements in Organically and Conventionally Produced Tomato. master, Ondokuz Mayıs University Department Of Agricultural Biotechnology, 115
- Halterman, D., Guenther, J., Collinge, S., Butler, N. ve Douches, D. 2016. Biotech potatoes in the 21st century: 20 years since the first biotech potato. *American Journal of Potato Research*, 93:1, 1-20.
- Havecker, E. R., Gao, X. ve Voytas, D. F. 2004. The diversity of LTR retrotransposons. *Genome biology*, 5:6, 225.
- Havecker, E. R., Gao, X. ve Voytas, D. F. 2005. The Sireviruses, a plant-specific lineage of the Ty1/copia retrotransposons, interact with a family of proteins related to dynein light chain 8. *Plant physiology*, 139:2, 857-868.
- Hirsch, C. N., Hirsch, C. D., Felcher, K., Coombs, J., Zarka, D., Van Deynze, A., De Jong, W., Veilleux, R. E., Jansky, S., Bethke, P., Douches, D. S. ve Buell, C. R. 2013. Retrospective View of North American Potato (<em>Solanum tuberosum</em> <em>L.</em>) Breeding in the 20<sup>th</sup> and 21<sup>st</sup> Centuries. *G3: Genes/Genomes/Genetics*, 3:6, 1003.
- Huamán, Z. ve Spooner, D. M. 2002. Reclassification of landrace populations of cultivated potatoes (*Solanum* sect. *Petota*). *American Journal of Botany*, 89:6, 947-965.
- Huang, J., Zhang, K., Shen, Y., Huang, Z., Li, M., Tang, D., Gu, M. ve Cheng, Z. 2009. Identification of a high frequency transposon induced by tissue culture, nDaiZ, a member of the hAT family in rice. *Genomics*, 93:3, 274-281.
- Huang, S. ve Ingber, D. E. 2005. Cell tension, matrix mechanics, and cancer development. *Cancer cell*, 8:3, 175-176.
- Huisman, M. J., Cornelissen, B. J. C. ve Jongedijk, E. 1992. Transgenic potato plants resistant to viruses. *Euphytica*, 63:1, 187-197.
- Hur, J., Jung, K.-H., Lee, C.-H. ve An, G. 2004. Stress-inducible OsP5CS2 gene is essential for salt and cold tolerance in rice. *Plant Science*, 167:3, 417-426.
- Jaccard, P. 1908. *Nouvelles Recherches Sur la Distribution Florale*, 223-270,
- Jansky, S. 2000. *Breeding for disease resistance in potato*, 69-155,
- Jiang, N., Bao, Z., Temnykh, S., Cheng, Z., Jiang, J., Wing, R. A., McCouch, S. R. ve Wessler, S. R. 2002. Dasheng: a recently amplified nonautonomous long terminal repeat element that is a major component of pericentromeric regions in rice. *Genetics*, 161:3, 1293-1305.

- Jones, D. A., Thomas, C. M., Hammond-Kosack, K. E., Balint-Kurti, P. J. ve Jones, J. 1994. Isolation of the tomato Cf-9 gene for resistance to *Cladosporium fulvum* by transposon tagging. *Science*, 266:5186, 789-793.
- Jurka, J. 2008. Conserved eukaryotic transposable elements and the evolution of gene regulation. *Cellular and molecular life sciences*, 65:2, 201-204.
- Kalendar, R., Tanskanen, J., Immonen, S., Nevo, E. ve Schulman, A. H. 2000. Genome evolution of wild barley (*Hordeum spontaneum*) by BARE-1 retrotransposon dynamics in response to sharp microclimatic divergence. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97:12, 6603-6607.
- Kalendar, R., Vicient, C. M., Peleg, O., Ananthawat-Jonsson, K., Bolshoy, A. ve Schulman, A. H. 2004. Large retrotransposon derivatives: abundant, conserved but nonautonomous retroelements of barley and related genomes. *Genetics*, 166:3, 1437-1450.
- Kamenova, I., Batchvarova, R., Flasiński, S., Dimitrova, L., Christova, P., Slavov, S., Atanasov, A., Kalushkov, P. ve Kaniewski, W. 2008. Transgenic resistance of Bulgarian potato cultivars to the Colorado potato beetle based on Bt technology. *Agronomy for sustainable development*, 28:4, 481-488.
- Kang, B. C., Yeam, I., Frantz, J. D., Murphy, J. F. ve Jahn, M. M. 2005. The pvr1 locus in *Capsicum* encodes a translation initiation factor eIF4E that interacts with Tobacco etch virus VPg. *The Plant Journal*, 42:3, 392-405.
- Kanyuka, K., Druka, A., Caldwell, D. G., Tymon, A., McCallum, N., Waugh, R. ve Adams, M. J. 2005. Evidence that the recessive bymovirus resistance locus rym4 in barley corresponds to the eukaryotic translation initiation factor 4E gene. *Molecular plant pathology*, 6:4, 449-458.
- Kloeckener-Gruissem, B., Vogel, J. M. ve Freeling, M. 1992. The TATA box promoter region of maize *Adh1* affects its organ-specific expression. *The EMBO journal*, 11:1, 157-166.
- Kumar, A. ve Bennetzen, J. L. 1999. Plant retrotransposons. *Annual review of genetics*, 33:1, 479-532.
- Lander, E. S. ve Linton, L. M. ve Birren, B. ve Nusbaum, C. ve Zody, M. C. ve Baldwin, J. ve Devon, K. ve Dewar, K. ve Doyle, M. ve FitzHugh, W. ve Funke, R. ve Gage, D. ve Harris, K. ve Heaford, A. ve Howland, J. ve Kann, L. ve Lehoczký, J. ve LeVine, R. ve McEwan, P. ve McKernan, K. ve Meldrim, J. ve Mesirov, J. P. ve Miranda, C. ve Morris, W. ve Naylor, J. ve Raymond, C. ve Rosetti, M. ve Santos, R. ve Sheridan, A. ve Sougnez, C. ve Stange-Thomann, N. ve Stojanovic, N. ve Subramanian, A. ve Wyman, D. ve Rogers, J. ve Sulston, J. ve Ainscough, R. ve Beck, S. ve Bentley, D. ve Burton, J. ve Clee, C. ve Carter, N. ve Coulson, A. ve Deadman, R. ve Deloukas, P. ve Dunham, A. ve Dunham, I. ve Durbin, R. ve French, L. ve Grafham, D. ve Gregory, S. ve Hubbard, T. ve Humphray, S. ve Hunt, A. ve Jones, M. ve Lloyd, C. ve McMurray, A. ve Matthews, L. ve Mercer, S. ve Milne, S. ve Mullikin, J. C. ve Mungall, A. ve Plumb, R. ve Ross, M. ve Shownkeen, R. ve Sims, S. ve Waterston, R. H. ve Wilson, R. K. ve Hillier, L. W. ve McPherson, J. D. ve Marra, M. A. ve Mardis, E. R. ve Fulton, L. A. ve Chinwalla, A. T. ve Pepin, K. H. ve Gish, W. R. ve Chissoe, S. L. ve Wendl, M. C. ve Delehaunty, K. D. ve Miner, T. L. ve Delehaunty, A. ve Kramer, J. B. ve Cook, L. L. ve Fulton, R. S. ve Johnson, D. L. ve Minx, P. J. ve Clifton, S. W. ve Hawkins, T. ve Branscomb, E. ve Predki, P. ve Richardson, P. ve Wenning, S. ve Slezak, T. ve Doggett, N. ve Cheng, J.-F. ve Olsen, A. ve Lucas, S. ve Elkin, C. ve Uberbacher, E. ve Frazier, M. ve Gibbs, R. A. ve Muzny, D. M. ve Scherer, S.

E. ve Bouck, J. B. ve Sodergren, E. J. ve Worley, K. C. ve Rives, C. M. ve Gorrell, J. H. ve Metzker, M. L. ve Naylor, S. L. ve Kucherlapati, R. S. ve Nelson, D. L. ve Weinstock, G. M. ve Sakaki, Y. ve Fujiyama, A. ve Hattori, M. ve Yada, T. ve Toyoda, A. ve Itoh, T. ve Kawagoe, C. ve Watanabe, H. ve Totoki, Y. ve Taylor, T. ve Weissenbach, J. ve Heilig, R. ve Saurin, W. ve Artiguenave, F. ve Brottier, P. ve Bruls, T. ve Pelletier, E. ve Robert, C. ve Wincker, P. ve Rosenthal, A. ve Platzer, M. ve Nyakatura, G. ve Taudien, S. ve Rump, A. ve Smith, D. R. ve Doucette-Stamm, L. ve Rubenfield, M. ve Weinstock, K. ve Lee, H. M. ve Dubois, J. ve Yang, H. ve Yu, J. ve Wang, J. ve Huang, G. ve Gu, J. ve Hood, L. ve Rowen, L. ve Madan, A. ve Qin, S. ve Davis, R. W. ve Federspiel, N. A. ve Abola, A. P. ve Proctor, M. J. ve Roe, B. A. ve Chen, F. ve Pan, H. ve Ramser, J. ve Lehrach, H. ve Reinhardt, R. ve McCombie, W. R. ve de la Bastide, M. ve Dedhia, N. ve Blöcker, H. ve Hornischer, K. ve Nordsiek, G. ve Agarwala, R. ve Aravind, L. ve Bailey, J. A. ve Bateman, A. ve Batzoglou, S. ve Birney, E. ve Bork, P. ve Brown, D. G. ve Burge, C. B. ve Cerutti, L. ve Chen, H.-C. ve Church, D. ve Clamp, M. ve Copley, R. R. ve Doerks, T. ve Eddy, S. R. ve Eichler, E. E. ve Furey, T. S. ve Galagan, J. ve Gilbert, J. G. R. ve Harmon, C. ve Hayashizaki, Y. ve Haussler, D. ve Hermjakob, H. ve Hokamp, K. ve Jang, W. ve Johnson, L. S. ve Jones, T. A. ve Kasif, S. ve Kasprzyk, A. ve Kennedy, S. ve Kent, W. J. ve Kitts, P. ve Koonin, E. V. ve Korf, I. ve Kulp, D. ve Lancet, D. ve Lowe, T. M. ve McLysaght, A. ve Mikkelsen, T. ve Moran, J. V. ve Mulder, N. ve Pollara, V. J. ve Ponting, C. P. ve Schuler, G. ve Schultz, J. ve Slater, G. ve Smit, A. F. A. ve Stupka, E. ve Szustakowki, J. ve Thierry-Mieg, D. ve Thierry-Mieg, J. ve Wagner, L. ve Wallis, J. ve Wheeler, R. ve Williams, A. ve Wolf, Y. I. ve Wolfe, K. H. ve Yang, S.-P. ve Yeh, R.-F. ve Collins, F. ve Guyer, M. S. ve Peterson, J. ve Felsenfeld, A. ve Wetterstrand, K. A. ve Myers, R. M. ve Schmutz, J. ve Dickson, M. ve Grimwood, J. ve Cox, D. R. ve Olson, M. V. ve Kaul, R. ve Raymond, C. ve Shimizu, N. ve Kawasaki, K. ve Minoshima, S. ve Evans, G. A. ve Athanasiou, M. ve Schultz, R. ve Patrinos, A. ve Morgan, M. J. 2001. Initial sequencing and analysis of the human genome. *Nature*, 409, 860.

- Le Rouzic, A., Boutin, T. S. ve Capy, P. 2007. Long-term evolution of transposable elements. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104:49, 19375-19380.
- Lee, K.-R., Kozukue, N., Han, J.-S., Park, J.-H., Chang, E.-y., Baek, E.-J., Chang, J.-S. ve Friedman, M. 2004. Glycoalkaloids and metabolites inhibit the growth of human colon (HT29) and liver (HepG2) cancer cells. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 52:10, 2832-2839.
- Leigh, F., Kalendar, R., Lea, V., Lee, D., Donini, P. ve Schulman, A. H. 2003. Comparison of the utility of barley retrotransposon families for genetic analysis by molecular marker techniques. *Molecular Genetics and Genomics*, 269:4, 464-474.
- Lerat, E. 2010. Identifying repeats and transposable elements in sequenced genomes: how to find your way through the dense forest of programs. *Heredity*, 104:6, 520.
- Lippman, Z., Gendrel, A.-V., Black, M., Vaughn, M. W., Dedhia, N., McCombie, W. R., Lavine, K., Mittal, V., May, B. ve Kasschau, K. D. 2004. Role of transposable elements in heterochromatin and epigenetic control. *Nature*, 430:6998, 471.

- Lizarraga, R., Panta, A., Jayasinghe, U. ve Dodds, J. 1991. Tissue culture for elimination of pathogens. CIP Research Guide 3. *International Potato Center, Lima, Peru*.
- Llorens, C., Muñoz-Pomer, A., Bernad, L., Botella, H. ve Moya, A. 2009. Network dynamics of eukaryotic LTR retroelements beyond phylogenetic trees. *Biology direct*, 4:1, 41.
- Lokossou, A. A., Park, T.-h., van Arkel, G., Arens, M., Ruyter-Spira, C., Morales, J., Whisson, S. C., Birch, P. R., Visser, R. G. ve Jacobsen, E. 2009. Exploiting knowledge of R/Avr genes to rapidly clone a new LZ-NBS-LRR family of late blight resistance genes from potato linkage group IV. *Molecular plant-microbe interactions*, 22:6, 630-641.
- Lopez-Pardo, R., Barandalla, L., Ritter, E. ve Ruiz de Galarreta, J. I. 2013. Validation of molecular markers for pathogen resistance in potato. *Plant Breeding*, 132:3, 246-251.
- Mansour, A. 2007. Epigenetic activation of genomic retrotransposons. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 6:2, 99-107.
- Marco, A. ve Marin, I. 2005. *Retrovirus-like elements in plants*, 81-7736,
- McClintock, B. 1953. Induction of instability at selected loci in maize. *Genetics*, 38:6, 579.
- Nicaise, V., German-Retana, S., Sanjuán, R., Dubrana, M.-P., Mazier, M., Maisonneuve, B., Candresse, T., Caranta, C. ve LeGall, O. 2003. The eukaryotic translation initiation factor 4E controls lettuce susceptibility to the potyvirus Lettuce mosaic virus. *Plant physiology*, 132:3, 1272-1282.
- Novak, F., Zadina, J., Horáčková, V. ve Mašková, I. 1980. The effect of growth regulators on meristem tip development and in vitro multiplication of *Solanum tuberosum* L. plants. *Potato Research*, 23:2, 155-166.
- Novakova, A., Šimáčková, K., Barta, J. ve Čurn, V. 2009. Potato variety identification by molecular markers based on retrotransposon analyses. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 45:1, 1-10.
- Okamoto, H. ve Hirochika, H. 2001. Silencing of transposable elements in plants. *Trends in plant science*, 6:11, 527-534.
- Oliver, K., McComb, J. A. ve Greene, W. 2013. *Transposable Elements: Powerful Contributors to Angiosperm Evolution and Diversity*,
- Paal, J., Henselewski, H., Muth, J., Meksem, K., Menéndez, C. M., Salamini, F., Ballvora, A. ve Gebhardt, C. 2004. Molecular cloning of the potato Gro1-4 gene conferring resistance to pathotype Ro1 of the root cyst nematode *Globodera rostochiensis*, based on a candidate gene approach. *The Plant Journal*, 38:2, 285-297.
- Pagnotta, M. A., Mondini, L. ve Porceddu, E. 2009. Quantification and organization of WIS2-1A and BARE-1 retrotransposons in different genomes of *Triticum* and *Aegilops* species. *Molecular Genetics and Genomics*, 282:3, 245-255.
- Papp, I., Dulai, S. ve Koncz, C. 2004. A mutation in the Cap Binding Protein 20 gene confers drought. *Plant molecular biology*, 55:5, 679-686.
- Paulson, K. E., Matera, A. G., Deka, N. ve Schmid, C. W. 1987. Transcription of a human transposon-like sequence is usually directed by other promoters. *Nucleic acids research*, 15:13, 5199-5215.
- Pearce, S. R., Li, D., Flavell, A., Harrison, G., Heslop-Harrison, J. ve Kumar, A. 1996. The Ty1-copia group retrotransposons in *Vicia* species: copy number, sequence heterogeneity and chromosomal localisation. *Molecular and General Genetics MGG*, 250:3, 305-315.

- Pel, M. A., Foster, S. J., Park, T.-H., Rietman, H., van Arkel, G., Jones, J. D., Van Eck, H. J., Jacobsen, E., Visser, R. G. ve Van der Vossen, E. A. 2009. Mapping and cloning of late blight resistance genes from *Solanum venturii* using an interspecific candidate gene approach. *Molecular plant-microbe interactions*, 22:5, 601-615.
- Poulter, R. ve Goodwin, T. 2005. DIRS-1 and the other tyrosine recombinase retrotransposons. *Cytogenetic and genome research*, 110:1-4, 575-588.
- Ramakrishna, W., Dubcovsky, J., Park, Y.-J., Busso, C., Emberton, J., SanMiguel, P. ve Bennetzen, J. L. 2002. Different types and rates of genome evolution detected by comparative sequence analysis of orthologous segments from four cereal genomes. *Genetics*, 162:3, 1389-1400.
- Roberts, A. P., Chandler, M., Courvalin, P., Guédon, G., Mullany, P., Pembroke, T., Rood, J. I., Smith, C. J., Summers, A. O. ve Tsuda, M. 2008. Revised nomenclature for transposable genetic elements. *Plasmid*, 60:3, 167-173.
- Rogers, S. A. ve Pauls, K. P. 2000. Ty1-copia-like retrotransposons of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Genome*, 43:5, 887-894.
- Ron, M. ve Avni, A. 2004. The receptor for the fungal elicitor ethylene-inducing xylanase is a member of a resistance-like gene family in tomato. *The Plant Cell*, 16:6, 1604-1615.
- Rosenzweig, B., Liao, L. W. ve Hirsh, D. 1983. Target sequences for the *C. elegans* transposable element Tc1. *Nucleic acids research*, 11:20, 7137-7140.
- Rubin, G. M., Kidwell, M. G. ve Bingham, P. M. 1982. The molecular basis of PM hybrid dysgenesis: the nature of induced mutations. *Cell*, 29:3, 987-994.
- Ruffel, S., Dussault, M. H., Palloix, A., Moury, B., Bendahmane, A., Robaglia, C. ve Caranta, C. 2002. A natural recessive resistance gene against potato virus Y in pepper corresponds to the eukaryotic initiation factor 4E (eIF4E). *The Plant Journal*, 32:6, 1067-1075.
- Sambrook, J., Fritsch, E. F. ve Maniatis, T. 1989. *Molecular cloning: a laboratory manual*. Cold spring harbor laboratory press,
- SanMiguel, P., Tikhonov, A., Jin, Y.-K., Motchoulskaia, N., Zakharov, D., Melake-Berhan, A., Springer, P. S., Edwards, K. J., Lee, M. ve Avramova, Z. 1996. Nested retrotransposons in the intergenic regions of the maize genome. *Science*, 274:5288, 765-768.
- Schulman, A. H., Flavell, A. J. ve Ellis, T. H. N. 2004. *Mobile Genetic Elements: Protocols and Genomic Applications*. Humana Press, 145-173, Totowa, NJ.
- Schulman, A. H. ve Kalendar, R. 2005. A movable feast: diverse retrotransposons and their contribution to barley genome dynamics. *Cytogenetic and genome research*, 110:1-4, 598-605.
- Shirasu, K., Schulman, A. H., Lahaye, T. ve Schulze-Lefert, P. 2000. A contiguous 66-kb barley DNA sequence provides evidence for reversible genome expansion. *Genome Research*, 10:7, 908-915.
- Singh, N. ve Rajini, P. 2004. *Free radical scavenging activity of an aqueous extract of potato peel*, 611-616,
- Smit, A. ve Riggs, A. D. 1996. Tiggers and DNA transposon fossils in the human genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 93:4, 1443-1448.
- Song, J., Bradeen, J. M., Naess, S. K., Raasch, J. A., Wielgus, S. M., Haberlach, G. T., Liu, J., Kuang, H., Austin-Phillips, S. ve Buell, C. R. 2003. Gene RB cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 100:16, 9128-9133.

- Spooner, D. M., McLean, K., Ramsay, G., Waugh, R. ve Bryan, G. J. 2005. A single domestication for potato based on multilocus amplified fragment length polymorphism genotyping. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102:41, 14694-14699.
- Szabó, M., Kiss, J. ve Olasz, F. 2010. Functional organization of the inverted repeats of IS30. *Journal of bacteriology*, 192:13, 3414-3423.
- Tanskanen, J. A., Sabot, F., Vicient, C. ve Schulman, A. H. 2007. Life without GAG: The BARE-2 retrotransposon as a parasite's parasite. *Gene*, 390:1-2, 166-174.
- Thornburg, B. G., Gotea, V. ve Makalowski, W. 2006. Transposable elements as a significant source of transcription regulating signals. *Gene*, 365, 104-110.
- TÜİK (2017). Diğer bitkisel ürünler; yenilebilir kök ve yumrular, 1988-2017. Retrieved from [http://www.turkstat.gov.tr/PreIstatistikTablo.do?istab\\_id=60](http://www.turkstat.gov.tr/PreIstatistikTablo.do?istab_id=60) [Erişim tarihi: 30.03.2018]
- USDA (2015). Petitions for determination of nonregulated status.
- USDA (2016a). Composition of Foods Raw, Processed, Prepared. Retrieved from [https://www.ars.usda.gov/ARUserFiles/80400525/Data/SR/SR28/sr28\\_doc.pdf](https://www.ars.usda.gov/ARUserFiles/80400525/Data/SR/SR28/sr28_doc.pdf) [Erişim tarihi: 11.04.2018]
- USDA (2016b). Composition of Foods: Raw, Processed, Prepared.
- Van Der Vossen, E., Sikkema, A., Hekkert, B. t. L., Gros, J., Stevens, P., Muskens, M., Wouters, D., Pereira, A., Stiekema, W. ve Allefs, S. 2003. An ancient R gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato. *The Plant Journal*, 36:6, 867-882.
- Van Eck, J., Conlin, B., Garvin, D. F., Mason, H., Navarre, D. A. ve Brown, C. R. 2007. Enhancing beta-carotene content in potato by rna-mediated silencing of the beta-carotene hydroxylase gene. *American Journal of Potato Research*, 84:4, 331.
- Venner, S., Feschotte, C. ve Biémont, C. 2009. Dynamics of transposable elements: towards a community ecology of the genome. *Trends in genetics*, 25:7, 317-323.
- Vossen, E. A., Gros, J., Sikkema, A., Muskens, M., Wouters, D., Wolters, P., Pereira, A. ve Allefs, S. 2005. The Rpi-blb2 gene from *Solanum bulbocastanum* is an Mi-1 gene homolog conferring broad-spectrum late blight resistance in potato. *The Plant Journal*, 44:2, 208-222.
- Voytas, D. F. ve Boeke, J. D. 2002. *Mobile DNA II*. American Society of Microbiology, 631-662.
- Voytas, D. F., Cummings, M. P., Koniczny, A., Ausubel, F. M. ve Rodermel, S. R. 1992. Copia-like retrotransposons are ubiquitous among plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 89:15, 7124-7128.
- Wessler, S. R. 2006a. Eukaryotic transposable elements: teaching old genomes new tricks. *The implicit genome*, 138-165.
- Wessler, S. R. 2006b. Transposable elements and the evolution of eukaryotic genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103:47, 17600.
- Wessler, S. R. 2006c. Transposable elements and the evolution of eukaryotic genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103:47, 17600-17601.
- Wicker, T., Guyot, R., Yahiaoui, N. ve Keller, B. 2003. CACTA transposons in Triticeae. A diverse family of high-copy repetitive elements. *Plant physiology*, 132:1, 52-63.
- Wicker, T., Sabot, F., Hua-Van, A., Bennetzen, J. L., Capy, P., Chalhoub, B., Flavell, A., Leroy, P., Morgante, M. ve Panaud, O. 2007. A unified classification

- system for eukaryotic transposable elements. *Nature Reviews Genetics*, 8:12, 973.
- Witte, C.-P., Le, Q. H., Bureau, T. ve Kumar, A. 2001. Terminal-repeat retrotransposons in miniature (TRIM) are involved in restructuring plant genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98:24, 13778-13783.
- Wulff, E., Torres, S. ve Vigil, E. G. 2002. Protocol for DNA extraction from potato tubers. *Plant Molecular Biology Reporter*, 20:2, 187-187.
- Yılmaz, S. 2013. Arpa (*Hordeum vulgare* L.) doku kültüründe retrotranspozon hareketlerinin ve ürünlerinin belirlenmesi. Doktora Tezi, İstanbul Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı, 127, İstanbul.
- Yüzbaşıoğlu, G. 2016. Pirinç’de (*Oryza Sativa* L.) GDO ve Transpozon Analizleri. Doktora Tezi, İstanbul Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Moleküler Biyoloji ve Genetik Anabilim Dalı, 85, İstanbul.



## EKLER

**Ek 1:** Temsili kapalı tohumlu (Oliver vd, 2013) bitki genomlarının TE (%).

<b>Dicotyledons</b>								
<b>Aile</b>	<b>Rosaceae</b>		<b>Vitaceae</b>	<b>Brassicaceae</b>	<b>Fabaceae</b>		<b>Solanaceae</b>	
Türler	<i>Malus domestica</i>	<i>Fragaria vesca</i>	<i>Vitis vinifera</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>	<i>Glycine max</i>	<i>Medicago truncatula</i>	<i>Solanum lycopersicum</i>	<i>Solanum tuberosum</i>
Genom büyüklüğü (Mbç)	742	240	487	125	1,115	375	900	844
Haploid kromozom sayıları <sup>a</sup>	17	7	19	5	20	8	12	12
<i>Tip I:</i>								
<i>Retro-TEs</i>								
LTR/ <i>Gypsy</i>	25.2	6.0	14.0	5.2	29.5	1.4	19.7	15.2
LTR/ <i>Copia</i>	5.5	4.6	4.8	1.4	12.5	2.4	6.3	3.8
LTR/ <b>other</b>	0.4	3.8	—	—	—	9.6	35.8	33.2
LINE	6.5	0.2	0.6	0.9	0.25	3.4	0.4	0.7
SINE	—	0.06	—	—	—	0.1	0.2	0.3
Sınıflandırılmamış	—	—	—	—	—	—	—	—
<b>Toplam Retro-TEs</b>	<b>37.6</b>	<b>14.7</b>	<b>19.4</b>	<b>7.5</b>	<b>42.2</b>	<b>16.9</b>	<b>62.3</b>	<b>53.2</b>
<i>Tip II:</i>								
<i>DNA-TEs</i>								
CACTA	—	2.6	0.2	0.9	10.2	0.1	0.1	0.1
Helitron	—	0.07	—	5.6	0.5	0.2	—	—
hAT	0.3	0.6	0.8	0.3	0.04	0.1	0.1	0.2
PIF/Harbin	—	0.2	—	0.2	0.3	0.2	—	0.1
Tc1/Mariner	—	—	—	0.3	0.03	—	—	—
Mutator	—	0.2	0.4	3.1	4.5	0.6	—	—
Diğer	—	—	—	0.1	0.09	—	0.3	0.3
MITE/Tourist	0.6 <sup>b</sup>	0.6 <sup>b</sup>	—	—	0.3	0.1 <sup>b</sup>	—	—
MITE/Stowaway	—	—	—	—	0.5	—	—	—
Sınıflandırılmamış	—	—	—	0.5	—	0.2	0.2	0.4
<b>Toplam DNA-TEs</b>	<b>0.9</b>	<b>5.2</b>	<b>1.4</b>	<b>11.0</b>	<b>16.5</b>	<b>1.4</b>	<b>0.9</b>	<b>1.2</b>
Bilinmeyen	3.9	0.9	0.7	—	—	—	—	—
<b>Toplam TEs</b>	<b>42.4</b>	<b>20.7</b>	<b>21.5</b>	<b>18.5</b>	<b>58.7</b>	<b>18.3</b>	<b>63.2</b>	<b>54.4</b>

## Ek 2: Retrotranspozonların genel sınıflandırılması

---

<b>LTR taşımayan Retrotranspozonlar</b>	SINE LINE		
		Otonom	<b>Copia</b> <i>Tn1, BARE (BARE-2, BARE-1), Horpia</i> <b><u>P-Tst-1, P-Tst-3, P-Tst-6 and Copia like.</u></b>
			<b>Gypsy</b> <i>RIRE-8, BAGY (BAGY-2, Laura, Latidu) Athila (Wham, Sabrina, <u>Nikita</u>)</i>
<b>LTR Retrotranspozonlar</b>	LTR		<b>TRIM</b> Cassandra, Veju
		Otonom olmayan	<b>LARD</b> <b><u>Sukkula</u></b> , Dasheng
			<b>Morgane</b> Morgane

---

- Altı çizili olanlar bu çalışmada kullanılanlardır\*

## ÖZGEÇMİŞ

Adı ve Soyadı : Mohammed ABED  
Doğum Yeri : IRAK / ANBAR  
Doğum Tarihi : 1989  
Yabancı Dili : İngilizce, Türkçe

### Eğitim Durumu

Lise : Al Rumela Lisesi (2007-2011).

Lisans : Al Anbar Üniversitesi, Ziraat Fakültesi,  
Bitki koruma (2007- 2011).

Yüksek Lisans : Ondokuz Mayıs Üniversitesi,  
Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarımsal Biyoteknoloji  
(2016-2019)

### Tezden Üretilen Bildiri/Sunumlar

- I.**Abed M**, Demirhan B.(2018). Patates Bitkisine (*Solanum tuberosum* L.) Genel Bir Bakış. International Journal of Life Sciences and Biotechnology, 1 (1).
- II.**Mohamed Majed Abed**, Özlem Yetgin, E.K. Haji, Gökhan Gökdemir, Mohamad FarajEdbeib, H.M. Aksoy, Y. Kaya (2019). The Use of Jumping Genes as Molecular Marker in Plant Biotechnology. 2<sup>nd</sup> International Conference On Biosciences And Medical Engineering 2019. 11-12 April 2019. Bali, Indonesia.

### Diğer Çalışmalar

- i.**ABED M**, Hadi S, Fadhil N.(2018). Chemical Composition of *Trigonella foenum-graecum* Seeds and Inhibitory Activity of Their Seeds Oil Against Some Microbes. International J. of Life Sciences and Biotechnol., 1 (2), 75-83
- ii.Durmuş M , Yetgin Ö, **Abed M**, Haji E, Akçay K. (2018). Domates Bitkisi, Besin İçeriği ve Sağlık Açısından Değerlendirmesi. International Journal of Life Sciences and Biotechnology, 1 (2), 59-74.
- iii.**Abed M**, Saleh H.(2017). Efficiency of *Beauveria bassiana* (Bals.)Vuill for control of Corn Stem Borer (*Sesamia cretica* Led) in Anbar, Iraq. Journal of Molecular Biology and Biotechnology, 1 (2), 37-42.