



Şeker Pancarı (*Beta Vulgaris*) ve Yabani Akrabalarında Genom Dizileme, Güncel Yaklaşımlar

Derleme/ Review Article

Atf için: Dirim, E., Arslan, M., Say, A., 2022. Şeker Pancarı (*Beta Vulgaris*) ve Yabani Akrabalarında Genom Dizileme, Güncel Yaklaşımlar. Erciyes Tarım ve Hayvan Bilimleri Dergisi 5(2):56-61

To Cite: Dirim, E., Arslan, M., Say, A., 2022. Current Approaches in Genome Sequencing of Sugar Beet (*Beta Vulgaris*) and Its Wild Relatives. Journal of Erciyes Agriculture and Animal Science, 5(2): 56-61

Emine DİRİM¹, Mehmet ARSLAN^{*1}, Ahmet SAY¹

¹ Erciyes University, Faculty of Agriculture, Department of Agricultural Biotechnology, Kayseri, Turkey
sorumlu yazar: mehmetarslan@erciyes.edu.tr

Emine DİRİM ORCID ID: 0000-0001-8802-0978, Mehmet ARSLAN ORCID ID: 0000-0002-0530-157X,
Ahmet SAY ORCID ID: 0000-0001-5259-7580

Yayın Bilgisi

Geliş Tarihi: 17.08.2022

Revizyon Tarihi: 19.08.2022

Kabul Tarihi: 09.09.2022

Doi: doi: 10.55257/ethabd.1163396

Anahtar Kelimeler

Şeker pancarı, genom dizileme, genetik çeşitlilik, bitki ıslahı

Keywords

Sugar beet, genome sequencing, genetic diversity, plant breeding

Özet

Şeker pancarı (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*), hem gıda hem de şeker üretimi için yetiştirilen, ekonomik olarak önemli kültür bitkilerinden biridir. Yetiştiriciler, istekleri doğrultusunda bitki özelliklerini geliştirmek için ıslah çalışmaları sürdürmektedirler. Şeker pancarı ıslahı ile birlikte; verimli, şeker içeriği yüksek, dayanıklı üstün çeşitler geliştirilmektedir. Bununla birlikte, kültür pancarlarındaki düşük genetik çeşitlilik, hastalık ve zararlılara hassasiyet gibi özellikleri iyileştirmek amacıyla yabani akrabalarından yararlanılmaktadır. Yabani akrabalar belirli habitatlara adapte olduklarından, pancar yetiştirme havuzu için önemli bir genetik kaynak oluştururlar. Genom dizileme yoluyla pancarda bulunan genlerin ve alellerin sayısı, kimliği ve çeşitliliği hakkında bilgi edinmek, pancarlarda yeni özellikleri tanıtmak ve geliştirmek için önemlidir. Bitkinin yabani akrabalarında bulunan özellikler olan tolerans ve direnç özelliklerini kültür çeşitlerine aktarmak için bu özelliklerin belirlenmesi gerekir. Bu amaçla şeker pancarının genetik tabanının genişletilmesi, ekolojik açıdan önemli özelliklerin korunması açısından önemlidir. Bunun için kültür pancarı ve yabani akrabalarının genetik bilgilerinin belirlenmesi ve birbirlerine göre filogenetik sınıflandırılmaları çok önemlidir.

Current Approaches in Genome Sequencing of Sugar Beet (*Beta Vulgaris*) and Its Wild Relatives

Abstract

Sugar beet (*Beta vulgaris* L. ssp. *vulgaris*) is one of the economically important crops grown for both food and sugar production. Breeders continue breeding studies to improve plant characteristics in line with their wishes. Along with sugar beet breeding; productive, high sugar content, durable superior varieties are being developed. However, their wild relatives are used to improve traits such as low genetic diversity, disease and pest susceptibility in cultivated beets. As wild relatives are adapted to specific habitats, they constitute an important genetic resource for the beet growing pond. Obtaining information about the number, identity and diversity of genes and alleles found in beets through genome sequencing is important for introducing and developing new traits in beets. In order to transfer the tolerance and resistance traits, which are the traits found in the wild relatives of the plant, to the cultivars, these traits must be determined. For this purpose, expanding the genetic base of sugar beet is important in terms of preserving ecologically important characteristics. For this, it is very important to determine the genetic information of cultivated beet and its wild relatives and to classify them according to each other phylogenetic.

1. GİRİŞ

Şeker pancarı (*Beta vulgaris* L.) yüksek oranda şeker içeren, çift çenekli, yabancı döllenmiş, şeker amaçlı tek yıllık ve tohum amaçlı ise iki yıllık olarak yetiştirilen bir bitkidir. Şeker pancarında kromozom sayısı $x=9$ olup diploid bitkiler $2n=2x=18$, triploid bitkiler $2n=3x=27$, tetraploid bitkiler $2n=4x=36$ kromozomludur. Ticari hibritlerin çoğu diploid veya triploid yapıdadır. Şeker pancarı genom büyüklüğü tahminleri 731 Mbp ile 758 Mbp arasında değişmektedir (Peto ve Boyes 1940, Dohm ve ark 2014).

Pancar; ıspanak, kinoa, amarant, karabuğday ve *Opuntia* gibi bitkileri içeren bir taksonomik grup olan Caryophyllales takımına bağlı *Beta* cinsine dahildir. *Beta* cinsi, şeker, sofralık ve yaprak pancarı (pazı) ve ayrıca yabancı pancar *Beta vulgaris* ssp. *maritima* (deniz pancarı) ve *B. vulgaris* ssp. *adanensis* dahil olmak üzere *Beta vulgaris* ssp. *adansoni*'in tüm kültür formlarını içerir. *Beta* cinsine bağlı ek türler *B. macrocarpa* ve *B. patula*'dır (McGrath ve ark, 2011). *Beta* cinsinde, alt türler ve türler çaprazlanabilir. Bitki yabancı akrabaları (CWR), insanlar tarafından seleksiyon geçiren kültür çeşitlerinden daha fazla genetik varyasyona sahip ve kültür çeşitleri ile yakından ilişkili türlerdir. Bu nedenle bitkilerin geliştirilmesi için önemli bir genetik kaynaktır. CWR, zararlılara ve hastalıklara ve kuraklık ve tuzluluk gibi abiyotik streslere karşı yeni dirençli özellikler taşıyan birincil germplazm kaynağıdır ve birçok ticari bitkinin (buğday, pirinç, arpa, patates) ıslah programında yaygın olarak kullanılmaktadır (Maxted ve ark, 2006). Zorlu çevre ve iklim koşullarına iyi adapte olmuş CWR tarafından sağlanan gen havuzu, bitki yetiştiriciliğinin iyileştirilmesi için, bitkilerin halihazırda değişen iklimde büyümeye adapte olabilmesi için paha biçilmez bir kaynak oluşturmaktadır. Domestikasyon süreci genellikle genetik kaymaya neden olarak, genetik çeşitliliği azaltmaktadır ve dolayısıyla hızla gelişen ve mahsul verimliliği üzerinde giderek daha zararlı bir etkiye sahip olan biyotik ve abiyotik streslere dayanıksız bitkiler ortaya çıkmaktadır. Buna karşılık, mahsullerin yabancı akrabalarının çok daha yüksek seviyelerde genetik çeşitlilik ve özellikle yerel adaptasyon süreçlerinin altında yatan faydalı adaptif genler/aleller barındırması beklenir. Bitki verim ve kalitesinin geliştirmek için CWR genleri, uzun yıllardır yaygın olarak kullanılmaktadır (Tanksley ve ark, 1997).

Bitki kökenli genlerin modifikasyonu, türden türe aktarılması, yabancıdan kültür formlarına transformasyonun her geçen gün ilgi odağı olmaktadır. Son yıllarda kültür türünün gen havuzunda bulunan yabancı genlerinin belirlenmesine yönelik çalışmaların hedeflenmesi ise kültür bitkilerinin gen modifikasyonlarını kolaylaştıracağı gibi özellikle marker free transgenik yaklaşımlarla transformasyonların yapılması halinde dünya genelinde transgene teknolojilerini daha optimistik hale getirecektir. Yabancıdan genlerin (ORF: Open

Reading Fragment ve Kontrol bölgelerinin) klonlanması, lokasyonlarının, ailelerinin vb. belirlenmesi ise genom düzeyinde yabancı türlerin tüm verisinin ortaya çıkarılması ile mümkün olmaktadır. Bu nedenle son 1-2 yılda referans genomu dizilenmiş bitki türlerinin, yabancı tür/formlarının dizileri başlatılmış ve tarımsal anlamda önemli özellikleri kontrol eden genlerin yabancı bitkilerde tespitine yönelenmiştir (Varshney ve Tuberosa, 2007).

1.1. GENOM DİZİLEMEDE KULLANILAN GENETİK YÖNTEMLER

1.1.1. Tüm genom dizileme (WGS)

Beta vulgaris için ilk referans genom oluşturulmuştur. Tüm genom dizileme (WGS) verileri ile popülasyon genetik çalışmaları, evrimi popülasyon açısından anlamak için önemlidir. Bu yöntem önemli pancar genotiplerinde çeşitliliği ve nükleotid varyasyonlarını belirlemeyi sağlar. Çeşitlilik ve genotip özellikleri belirlenir ve genetik kontrol ile ürün verimliliği ve sürdürülebilirliği sağlanır.

Yeni nesil dizileme (NGS) metodları ile, tek baz çözünürlüğünde ve yüksek kalitede milyonlarca okuma (reads) üretilmektedir. Fakat bu okumalar, genetik alfabedeki (A,G,C,T,U) harflerin diziliminden oluşur ve anlamsal olarak bir şey ifade etmemektedir. Bu nedenle, NGS sistemleri tarafından üretilmiş okumaların analiz edilerek işlevsel olarak anlamlı bir hale getirilmesi gerekir. Bu nokta da güvenilir ve kapsamlı biyoinformatik analizler çok büyük önem taşır. Son yıllarda farklı yeni nesil dizileme metodları kullanılarak yapılan çalışmalarda, şeker pancarı ve yabancı akrabaları için referans genom dizileri, spesifik genlerin genom ile kromozomlar üzerinde yerleri ve işlevleri belirlenmiştir (Dogan ve ark, 2017).

1.1.2. Bakteriye Yapay Kromozom (BAC)

Genom dizileme için, genomun DNA fragmentleri (parçaları) uygun vektörlere klonlanmalıdır. Bu amaçla kullanılan yaygın vektörlerden biri bakteri yapay kromozomu (BAC)'dur. BAC bakteri hücrelerine (*E. coli*) DNA parçasını klonlamak için tasarlanan yapay bir DNA molekülüdür. Temeli *E. coli* hücrelerinden gelen ve bakteri hücreleri arasında konjugasyonun olmasını sağlayan doğal F plazmitleri oluşturmaktadır. 150 ila 300 kb uzunluğundaki DNA parçaları BAC içerisine klonlanabilir. Bu vektörler *in vivo* ve *in vitro* da kararlılıklarını sürdürebilmektedirler. Kopya sayıları birim hücreye iki adettir. Büyük genomların analizinde yoğun şekilde kullanılırlar. Şeker pancarı genom dizileme çalışmalarında yaygın olarak kullanılan bir yöntemdir (Fu ve Dooner, 2000).

1.1.3. Filogenetik analiz

Filogeni/evrimsel analizi tür içi veya türler arasında evrimsel ya da dizisel benzerliklerin analiz edilmesidir. Bir filogenetik ağaç, taksonlar (veya diziler) ve bunların varsayımsal ortak ataları arasındaki ilişkilerin bir tahminidir (Nei 2000, Felsenstein 2004). Günümüzde filogenetik ağaçların çoğu moleküler verilerden (DNA veya protein dizileri) oluşturulmuştur. Geçmişte, moleküler filogenetik ağaçların çoğunun amacı, bu diziler tarafından temsil edilen türler arasındaki ilişkileri tahmin etmektir. Günümüzde ise, dizilerin kendi aralarındaki ilişkileri anlamayı içerecek şekilde genişlemiştir. Filogeni analizleri aynı zamanda genlerin işlevlerini, deneysel olarak belirlemek ve mikrobiyal salgınlara yol açan mekanizmaların aydınlatılması (Hall ve Barlow, 2006) gibi amaçlarla da yapılmaktadır. Bir filogenetik ağaç oluşturmak için dört farklı adım gerekir: (Adım 1) Öncelikle bir dizi homolog DNA veya protein dizisini belirlenir ve elde edilir, (Adım 2) bu diziler hizalanır ve (Adım 3) hizalanmış dizilerden bir ağaç oluşturulur.

1.1.4. Sinteny Analizi

Syntenic genler orijinal olarak aynı kromozom üzerinde bulunan genler olarak tanımlanır. Karşılaştırmalı genom analizi olarak da bilinen Synteny analizi farklı türlerin genomları arasında korunmuş homolog genlerin ve gen düzeninin analiz edilmesidir. Synteny analizi, hem gen hem de genom düzeyindeki evrimsel çalışmaların temeli olduğu için karşılaştırmalı genom analizinin en önemli alanlarından biridir. Pratik olarak, yeni sıralanmış genomların gen açıklamasını geliştirmeye yardımcı olur. Alternatif olarak daha pratik bir yaklaşım olan bu yöntem, ilk olarak aynı kromozom üzerinde birlikte meydana gelen homolog genetik lokuslar olarak tanımlanan synteny bloklarının tanımlanmasına dayanır. Synteny blokları, ortak bir atadan türetilen ortak bir homolog gen sırasını paylaşan genomlar arasındaki kromozom bölgeleri olarak tanımlanır. 'Korunmuş synteny' veya 'collinearity' gibi alternatif isimleri de vardır. Türler arasındaki ve türler içindeki genom sentezinin karşılaştırılması, filogenetik ağaç boyunca birçok soyda kromozom sayısı ve yapısının çeşitliliğine yol açan evrimsel süreçleri incelemek için oldukça önemli bir yöntemdir (Liu ve ark, 2018).

Günümüzde yapılan çalışmalarda, synteni, birbiriyle karşılaştırılan iki kromozom seti içindeki düzen bloklarının korunması olarak değerlendirilir. İki tür arasındaki synteny tanımlayan çalışmalarda bir türden kromozomlar renklendirilir ve daha sonra bu renkli bölgeler diğer türün kromozomlarıyla eşleştirilirler. Bu sayede tür içi ve türler arası varyasyonların sitogenetik düzeyde karşılaştırılmasında yaygın olarak kullanılmaktadır (Myers, 2008).

1.1.5. Floresan In Situ Hibridizasyon (FISH) Tekniği ve Karyotip Analizi

Floresan in situ hibridizasyon (FISH) yöntemi, floresan problemleri hücre çekirdeğindeki spesifik kromozomal bölgelere bağlayarak kromozomal farklılıkların saptanmasını sağlayan moleküler sitogenetik bir yöntemdir. Aynı zamanda hücresel düzeyde kromozomlardaki fonksiyonel protein kodlayan DNA dizilerinin lokasyonunun belirlenmesi için etkili bir yöntemdir. Moleküler sitogenetikteki gelişmeler, genom bölgelerinin boyama ve bantlama tekniklerinin yaygınlaşmasını sağlamıştır. Yaygın bantlama yöntemleri sadece bir çalışmada bir hücre için tüm genomu taramada yetersiz kalmaktayken, Floresan In situ hibridizasyon (FISH), kromozomları ve gen bölgelerini boyama için floresan moleküllerin kullanıldığı bir teknik olarak bantlama teknikleriyle birlikte iyi bir değerlendirme aracıdır. Floresan işaretleme, In situ hibridizasyon prensibine göre, prob ve örnek arasında melez bir yapı meydana gelmesiyle sinyale dönüşen bir işlemdir (Hu ve ark, 2014).

Tekniğin uygulanabilmesinde, belirlenmek istenilen nükleik asit sıralarına tamamlayıcı olan tek zincirli DNA veya RNA dizileri kullanılır. Kullanılacak DNA veya RNA dizileri radyoaktif veya radyoaktif olmayan bir etiket ile işaretlenmektedir. Bu etiketleme ile melezleme sonucu oluşan çift zincirli molekül tanımlanabilmektedir. Araştırılan nükleik asit dizisine tamamlayıcı olan ve belirteç görevi yapan tek zincirli özgün nükleik asit parçalarına prob adı verilir. In situ hibridizasyonda tekniğinde kullanılan problemlerin belirlenmesinde, spesifik nükleik asidin cinsi ve uygun etiketleme çeşidi önemli rol oynar (Alberts ve ark, 2002).

Kısaca FISH, floresan işaretleyicilerle etiketlenen, tamamlayıcı DNA'ya, bu DNA dizilerinin yerleşimini görebilmek için hibridizasyona uğrayan veya bağlanan kısa tek zincirli DNA (prob) dizileri ile görüntüleme sağlayan bir yöntemdir. Bu yöntem gen haritalanmasında ve kromozom aberasyonlarının tanımlanmasında kullanılır. Kromozomların çalışılmasında kullanılan birçok teknik, aktif olarak bölünen hücreleri gerektirirken (metafaz kromozomları), FISH aynı zamanda bölünmeyen hücrelere de uygulanabilir (interfaz nükleusu). Metafaz delesyonlarının belirlenmesinde ve interfaz evresinde genelde kromozomların yeniden düzenlenmesinin ve kromozom sayılarının belirlenmesinde kullanılır (Yıldırım ve ark, 2015).

1.1.6. Pool-Seq yöntemi

Son yıllarda sekanslama çalışmalarındaki gelişmeler ile yeni nesil dizileme teknolojileri giderek yaygınlaşmış ve maliyetinin düşmesine yol açmıştır. Ancak, yine de çok sayıda örneğin ayrı ayrı dizilenmesi belli bir maliyet yükü doğurmaktadır. Bu nedenle yeni çözümler üretilmeye çalışılmıştır. Bunlardan biri, bir grup genomdan alınan DNA'ların bir karışım halinde dizilenmesidir. Bu yaklaşıma havuz dizileme ve bu şekilde oluşan veriye de havuz dizileme verisi denir. Bu yaklaşımın amacı, maliyeti

biraz daha azaltmak, süreci hızlandırmak ve varyantları belirleyebilmektir. Havuz dizileme, genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (Genome Wide Association Studies, GWAS), polimorfizm keşfi ve alel frekansı tahmini, popülasyon yeniden dizileme ve genom evrimi gibi farklı araştırma alanlarında kullanılmaktadır. Varyasyonların doğru bir şekilde belirlenebilmesi ve alel frekanslarının tam olarak tahmin edilebilmesi önemlidir. Çünkü, dizileme sırasında oluşan hatalar, düşük frekansa sahip alellerle karıştırılarak, varyant sayısını yükseltebilmekte ve yanıltıcı sonuçlara sebep olabilmektedir (Özdoğan, 2020). Havuz dizileme verisi kullanılırken gerçek varyantların dizileme hataları ile karıştırılması probleminin üstesinden gelebilmek için farklı analizlerle karşılaştırmalı olarak çalışmalar yürütülmektedir.

1.1.7. Pan plastom analizi

Kloroplast ve mitokondriyal genler genellikle nükleer genlerden belirgin şekilde farklı filogenetik modeller gösterir. Kloroplastta bulunan DNA (kloroplast genomu), “plastom” olarak adlandırılır. Pan-plastom yöntemi, plastomların yüksek oranda yapısal koruma, tüm türler arasında yüksek DNA içeriği gibi sebeplerle tek ebeveynli kalıtım çalışmalarında ve filogenetik sınıflandırılmanın yeniden yapılandırılması için çok uygun bir yöntemdir. Tarihsel olarak, plastom dizileme ile restriksiyon bölgesi varyantlarından, inversiyonlarından, tek nükleotid varyantlarından (SNV'ler) sistematik bilgiler elde edilmiştir. Bu yöntem, cinsler ve sınıflar düzeyinde ilişkileri gösteren bir dizi yabancı pancar filogenisi oluştursa da bunlar genellikle sadece birkaç türe dayanmakta ve düşük genetik çeşitlilik içermektedir. Buna karşılık, bütün plastom dizilerinin araştırılması filogenetik ilişkilerin belirlenmesini artırabilir.

Gen dizileri ve intergenik bölgeler dahil edilip birleştirilebildiğinden, tüm plastom dizi analizleri türler üzerinde ve hatta aksesyon düzeyinde filogenetik ilişkilerin saptanmasını sağlar. Bu nedenle, plastid genomu, yabancı pancar filogenisi ile ilgili araştırmaların çoğunu açıklığa kavuşturmak için önemli bir yöntemdir.

1.2. ŞEKER PANCARI GENOM ÇALIŞMALARI ve ELDE EDİLEN BULGULAR

Yabancı pancar kromozomlarının organizasyonu, floresan in situ hibridizasyon (FISH) deneylerinde analiz edilmiş ve Beta cinsinin yabancı türlerinin şeker pancarı ile aynı sayıda kromozoma sahip olduğunu ve birçok tekrar eden aileyi paylaştığını göstermiştir. Yabancı pancar referans karyotiplerini oluşturmak için, *B. v. maritima* ve *B. patula* aksesyonlarında çift hedefli FISH deneyleri için problemler olarak *B. vulgaris*'te geliştirilen bir dizi kromozoma özgü terminal BAC kullanılmıştır. Şeker pancarı BAC problemleri, yabancı pancarların her birinde iki homeolog metafaz kromozomu üzerinde terminal konumlarında sürekli olarak FISH sinyalleri üreterek $2n = 18$

kromozomun eşleşmesini ve numaralandırılmasını sağlamıştır (Paesold ve ark, 2012).

İki yabancı pancar ve şeker pancarı aynı sayıda kromozom gösterse de translokasyonlarda farklı olan ve BAC markörlerinin hibridizasyonu ile yeniden düzenlemeler yapılmıştır. Yabancı pancar verilerinin synteny bölgeleri ile iki farklı şeker pancarı kromozomuna bağlandığı veya bir şeker pancarı kromozomunun uzak bölgelerinin bir syntenic yabancı pancar genom dizisi içinde birbirine bağlandığı durumlarda yapısal farklılıklar synteny analizi ile belirginleşmiştir. Referans şeker pancarı genomu RefBeet-1.2'nin birden fazla şeker pancarı sekansı ile en az beş gen yoluyla synteny ilişkisi olan tüm yabancı pancar taslak sekansları analiz edilmiştir. Ek veriler ile dizi okumaları ve yapısal farklılıklar daha ayrıntılı olarak çözümlenmiştir. Bu çalışma ile, şeker pancarı ile synteny ilişkilerine dayanarak sırasıyla toplam 920 *B. patula* sekansı (335.0 Mbp) ve 1060 *B. v. maritima* sekansı (275.4 Mbp) elde edilmiştir ve kromozomlar üzerinde tespit edilen bölgelere atanmıştır (Rodríguez, 2019).

2019 yılında yapılan çalışmada, Madeira takımalarına özgü, nesli tükenmekte olan yabancı pancar türü *Beta patula*'nın ve yakından ilişkili *Beta vulgaris* ssp. *maritima* (deniz pancarı)'nın taslak genom dizileri belirlenmiştir. *B. patula* ve deniz pancarı için kanıta dayalı referans gen setleri üretilmiştir. İki yabancı pancarın genomları ve gen setleri, yetiştirilen kardeş taksonları *B. vulgaris* ssp. *vulgaris* (şeker pancarı) ile karşılaştırılmıştır. Elde edilen sekanslama ve karyotip analiz verileri, yabancı pancarların genetik çeşitliliğinin değerlendirilmesi ve şeker pancarı ıslah araştırmalarına katkı sağlamak amacıyla gerçekleştirilmiştir.

Yabancı pancarlar üzerine yapılan araştırmalar, onların genetik çeşitliliği (Andrelo ve ark, 2017) ile bunların filogeni ve coğrafi dağılımlarını ele almıştır (Richards ve ark, 2014). Bu çalışmalarda moleküler bilgiler kullanılarak birkaç yabancı pancar türü ve alt türlerinin büyük ölçekli markör setleri üretilmiştir. Pancar türleri arasındaki ilişkiyi belirlemek için, şeker pancarı, kırmızı pancar, yem pancarı ve pazı olmak üzere, 23 pancar genotipi, Pool-Seq yöntemi ile sekanslanmıştır. Filogenetik ağaçlar oluşturulmuştur. Bu araştırma, tüm genom kopyalarını doğrularak, beta türünün genom evrimi hakkında daha geniş bir görüş oluşturmuştur. Şeker pancarı, yem pancarı ve pazı bitki türleri arasında kırmızı pancara kıyasla daha fazla paylaşılan varyasyon, soylar arasındaki gen akışında farklılıklar olduğu belirlenmiştir.

Plastomlar genel olarak çok benzer diziler gösterirler ve çoğu farklılık kodlamayan bölgelerde meydana gelir. Yakın ilişkili türlerin filogenetik ilişkilerini çözmek için incelenen diziler arasında yüksek değişkenlik gerektiğinden, pancar ve yabancı pancarlardan elde edilen plastome dizileri, mükemmel bir kaynak sağlar. 2022'de yapılan bir çalışmada, Pancar ve diğer Caryophyllales türlerinin gelecekteki araştırmaları için yeniden kullanılabilir 18 farklı

pancar ve yabani pancar giriři için 19 plastom grubu oluşturulmuřtur ve *Beta* ve *Patellifolia* cinslerindeki sistematik eksiklikleri yeniden gözden geçirmek için kullanılmıřtır. Bu analiz, Betoideae alt familyasının filogenetik iliřkileri konusunda çeřitli katkılar saęlamıřtır: 1) Tüm plastome gruplarının intergenik bölgelerinin dizilerini analiz etmek, yakından iliřkili türlerin filogenisini yüksek güvenilirlikle ortaya çıkarmayı mümkün kılmıřtır. Filogenetik aęaç, yabani pancar cinsi *Beta* ve *Patellifolia*'nın yanı sıra *Beta* ve *Corollinae* adlı iki cinsin net bir ayrımını göstermiřtir.

Özetle, plastomdan türetilen filogeni, gen ve intergenik bölgelerin dahil edilmesinin yanı sıra plastomun kendisinin "doęasından" yararlanır. Pancar

veri kümelerindeki düşük mevcut okuma kapsamına ve düşük genetik çeřitlilięe raęmen, bu oldukça güvenilir bir filogenetik aęaç saęlamıřtır. Ayrıca, daha yüksek hizalama uzunluklarının kullanımı ve amino asitler yerine nükleotidlerin kullanımı, iyi desteklenen filogenilerin oluşturulması için tercih edilmektedir. Bu nedenle, kültüre alınmıř ve yabani pancarlar arasındaki iliřkileri çözmek için tüm plastom temelli yaklařımının en güvenilir olduęu sonucuna varılmıřtır (Sielemann, 2022).

KAYNAKLAR

- Alberts, B., Johnson, A., Lewis, J., et al. 2002. *Molecular Biology of the Cell*. 4th edition. New York: Garland Science. Isolating, Cloning, and Sequencing DNA
- Andrello, M., et al. 2017. Insights into the genetic relationships among plants of Beta section Beta using SNP markers. *Theoretical and Applied Genetics* 130.9: 1857-1866
- Dogan, M., Eroz, R., Yuce, H., 2017. Ozmerdivenli, R. Yeni Nesil Dizileme (YND) Hakkında Bilinenler (Literatür Taraması). *Düzce Tıp Fakültesi Dergisi*. 19(1): 1-4
- Dohm, J. C., et al. 2014. The genome of the recently domesticated crop plant sugar beet (*Beta vulgaris*). *Nature* 505, 546–549
- Felsenstein, J., 2004. *Inferring phylogenies*. Sunderland (MA): Sinauer Associates
- Fu, H., Dooner, H.K., 2000. A gene-enriched BAC library for cloning large allele-specific fragments from maize: isolation of a 240-kb contig of the bronze region. *Genome Res.* 10(6):866-73
- Hall, B. G., Barlow, M., 2006. Phylogenetic analysis as a tool in molecular epidemiology of infectious diseases. *Ann Epidemiol.* 16: 157–169
- Hu, L., Ru, K., Zhang, L., et al. 2014. Fluorescence in situ hybridization (FISH): an increasingly demanded tool for biomarker research and personalized medicine. *Biomark Res* 2, 3
- Liu, D., Hunt, M., Tsai, J.J., 2018. Inferring synteny between genome assemblies: a systematic evaluation. *BMC Bioinformatics* 19, 26
- Maxted, N., Ford-Lloyd, B. V., Jury, S. L., Kell, S. P., Scholten, M. A., 2006. Towards a Definition of a Crop Wild Relative, *Biodiversity and Conservation*, Vol. 15, No. 8, pp. 2673-2685
- McGrath, J. M., Panella, L., Frese, L., 2011. Beta. in *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources: Industrial Crops* (ed. Kole, C.) (Springer Berlin Heidelberg,)
- Myers, P., 2008. Synteny: Inferring ancestral genomes. *Nature Education* 1(1):47
- Nei, M., Kumar, S., 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. New York: Oxford University Press
- Özdoğan, G. Ö., 2020. Retinoblastom Hastalığında Yeni Nesil Dizileme Veri Analizi İle Bir Ardışık Düzenin Geliştirilmesi (Dokora Tezi, Ankara Yıldırım Beyazıt Üniversitesi, 18
- Paesold, S., Borchardt, D., Schmidt, T. and Dechyeva, D. 2012. A sugar beet (*Beta vulgaris* L.) reference FISH karyotype for chromosome and chromosome-arm identification, integration of genetic linkage groups and analysis of major repeat family distribution. *Plant J.* 72, 600–611
- Peto, F.H., Boyes, J. W., 1940. Comparison of diploid and triploid sugar beet. *Canadian Journal of Research* 18, 273-282
- Richards, C.M., Reeves, P.A., Fenwick, A.L. and Panella, L. 2014. Genetic structure and gene flow in *Beta vulgaris* subspecies *maritima* along the Atlantic coast of France. *Genet. Resour. Crop Evol.* 61, 651–662
- Rodríguez del Río, Á, et al. 2019. Genomes of the wild beets *Beta patula* and *Beta vulgaris* ssp. *maritima*. *The Plant Journal* 99.6: 1242-1253
- Sielemann, K., et al. 2022. Complete pan-plastome sequences enable high resolution phylogenetic classification of sugar beet and closely related crop wild relatives. *BMC genomics*, 23.1: 1-17
- Tanksley, S. D., and McCouch, S. R., 1997. *Seed Banks and Molecular Maps: Unlocking Genetic Potential from the Wild*. Science, Vol. 277, No. 5329, pp. 1063-1066
- Varshney, R.K., Tuberosa, R., 2007. Genomics-Assisted Crop Improvement: An Overview. In: Varshney, R.K., Tuberosa, R. (eds) *Genomics-Assisted Crop Improvement*. Springer, Dordrecht
- Yıldırım, KÖ., Gökalp, F.D., Martin, K., 2015. In situ Hibridizasyon Yöntemleri (In situ Hybridization Techniques). *Düzce Üniversitesi Bilim ve Teknoloji Dergisi*. 3. 613-621