ÇANKIRI KARATEKİN ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

YABANİ ZEYTİN (*Olea europaea* L. var. *oleaster*) BİTKİSİ GENOMUNDA MADS-BOX TRANSKRİPSİYON FAKTÖRÜ AİLESİ TANIMLANMASI VE qRT- PZR İLE İFADE ANALİZİ

Günseli BABAOĞLU

BİYOLOJİ ANA BİLİM DALI

ÇANKIRI
2016

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Günseli BABAOĞLU tarafından hazırlanan **"Yabani Zeytin (*Olea europaea* L. var. *oleaster*) Bitkisi Genomunda MADS-Box Transkripsiyon Faktörü Ailesi Tanımlanması ve qRT-PZR İle İfade Analizi"** adlı tez çalışması aşağıdaki jüri tarafından oy birliği / ~~oy çokluğu~~ ile Çankırı Karatekin Üniversitesi Biyoloji Anabilim Dalı'nda **Yüksek Lisans Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Doç. Dr. Turgay ÜNVER

Jüri Üyeleri :

Doç. Dr. Mine TÜRKTAŞ

Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU

Yukarıdaki sonucu onaylarım

Prof. Dr. Sezgin ÖZDEN

Enstitü Müdürü

ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

YABANİ ZEYTİN (*Olea europaea* L. var. *oleaster*) BİTKİSİ GENOMUNDA MADS-BOX TRANSKRİPSİYON FAKTÖRÜ AİLESİ TANIMLANMASI VE qRT- PZR İLE İFADE ANALİZİ

Günseli BABAOĞLU

Çankırı Karatekin Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Biyoloji Anabilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Turgay ÜNVER

Zeytin ağacı, Akdeniz bölgesinde yetişen meyvesinden elde edilen ürünlerle ticari öneme sahip bir bitkidir. Zeytinin ülke ekonomisi ve insan sağlığı üzerine olumlu etkileri önemini arttırmaktadır. Zeytinde büyüme ve gelişim için rol oynayan birçok gen bulunmaktadır. Bu genlerin aktivitesi de transkripsiyon faktörleri (TF) ile düzenlemektedir. Bu şekilde de organizmanın gelişimi, çoğalması, sinyal iletimi, stres cevabı gibi birçok biyolojik yolakta rol oynayan genlerin ifadesi ile düzenlenmektedir. MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi ise, bitki gelişiminde, gametofit embriyo ve tohum gelişiminde, çiçek ve meyve gelişimi, kök ve yaprak morfolojisinin oluşmasında rol oynamaktadır. Bu tez çalışmasında, yabani zeytin genomunda bulunan MADS-Box TF ailesi karakterizasyonu, işlevsel atıflandırılması ve ifade analizi yapılmıştır. Uluslararası Zeytin Genom Konsorsiyumu (UZGK) tarafından elde edilen genom survey dizileme ve dokuya özgü yüksek hacimli transkriptom verileri ayrıntılı olarak analiz edilerek genom düzeyinde MADS-Box TF genlerinin ifade analizi ölçümü yapılmıştır. Çalışma sonucunda, zeytine ait 118 adet MADS-Box TF'nü kodlayan gen tespit edilmiştir. Bunlar ayrıca, 22 genin Mα, 5 genin Mβ, 25 genin Mγ ve 66 genin MIKC olarak sınıflandırılmıştır. Gen ontoloji sonuçlarında; gen ifadesi, üreme, gelişim ile ilişkili genlerin ön plana çıktığı belirlenmiştir. RNA-seq sonuçlarından elde edilen ısı grafiğinde hem dokular arasında hemde farklı aylara ait ifade seviyeleri belirlenmiştir. MADS-Box TF ailesine ait moleküler karakterizasyonun yanı sıra ifade seviyesi dokular arasında farklılık gösteren beş MADS-Box TF seçilerek qRT-PZR ile ifade seviyeleri ölçülmüştür. Bu genlerin dokular arasındaki ifade seviyeleri farkı analiz edilerek miRNA ve aday hedef genleri ile etkileşiminin incelenmesiyle MADS-Box TF genlerin zeytin çiçeği ve tohum gelişiminin yanı sıra vejetatif organ gelişiminde ve yağ biyosentezinde önemli rol oynayabileceği belirlenmiştir.

2016, 83 sayfa

ANAHTAR KELİMELER: MADS-Box, *Olea europaea* L., qRT-PZR, transkripsiyon faktörü, zeytin

ABSTRACT

MSc. Thesis

IDENTIFICATION AND EXPRESSION ANALYSIS OF MADS-BOX TRANSCRIPTION FACTOR FAMILY GENES IN WILD OLIVE (*Olea europaea* L. var. *oleaster*) GENOME

Günseli BABAOĞLU

Çankırı Karatekin University
Institute of Science
Department of Biology

Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Turgay ÜNVER

Olive tree that grown in Mediterranean region, is commercially important for its fruits. The positive impacts of olive on country economy and human health increases its importance. Several genes take place in olive for growth and developmental stages. The activities of these genes are regulated by transcription factors. In this way, the genes that functions in many biological pathways like development, reproduction, signal transduction and response to stress can be regulated. MADS-Box transcription factor family plays role in plant, gametophyte, embryo, flower and fruit development and as well as in morphological development of root and leaf tissues. In this study, the characterization, functional annotation and expression analysis of MADS-Box TFs was performed in wild type olive genome. The data obtained from Internatioal Olive Genome Consortium (IOGC) genome survey sequence and tissue specific deep RNA sequence (Seq) was analyzed in detail and genome-wide MADS-Box TF genes expressions were measured. 118 genes encoding MADS-Box TF were detected. These genes classified as Mα, Mβ, Mγ, MIKC and the number of genes was 22, 5, 25, and 66, respectively. Gene ontology analysis showed that gene expression, reproduction and development were significant processes for MADS-Box TFs in olive. RNA-Seq data were used to construct heat map displaying the gene expressions between tissues and seasons. Besides molecular characterization of MADS-Box TFs, five selected MADS-Box TF genes showing differentially expression between tissues were measured via qRT-PCR assays. Also the interaction of these genes with miRNAs and their targets were investigated and it was found that MADS-Box TF genes play active role in olive flower and seed development in addition, these genes might have a role in vegetative organ development and oil biosynthesis.

2016, 83 pages

Key Words: MADS-Box, olive, *Olea europaea* L., qRT-PCR, transcription factor

ÖNSÖZ VE TEŞEKKÜR

Yüksek lisans boyunca bana akademik bilgisiyle yol gösteren ve manevi desteğini her zaman hissederek çalıştığım değerli danışman hocam Doç. Dr. Turgay ÜNVER'e, bilgi ve tecrübesiyle her zaman yanımda olan hocam Doç. Dr. Mine TÜRKTAŞ'a, tez çalışmalarım sırasında bana destek olan Yrd. Doç. Dr. Tuğba GÜRKÖK'e, Yrd. Doç. Dr. Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ ve Yrd. Doç. Dr. Behcet İNAL'a teşekkür ederim.

Laboratuvar çalışmalarımda her zaman yanımda olan ÜNVER lab ekibi Arş. Gör. M.Yusuf PEKMEZCİ, Emine AÇAR, Ümmügülsüm TANMAN ZIPLAR, Yağız ALAGÖZ ve Dr. Esma ÖZHÜNER'e teşekkür ederim.

Hayatımın her aşamasında sonsuz emekleri olan, destekleri hep yanımda olup beni güçlendiren aileme, özellikle anneme, babama, kardeşime; desteği için kuzenim Burak'a ve canım arkadaşım Dilay'a sonsuz teşekkür ederim.

Bu tez çalışması Uluslararası Zeytin Genom Konsorsiyumu ve Çankırı Karatekin Üniversitesi BAP Koordinasyon birimi tarafından FF12035L19 no'lu proje ile desteklenmiştir.

Günseli BABAOĞLU
Çankırı, Mayıs 2016

İÇİNDEKİLER

ÖZET ..... **ii**
ABSTRACT ..... **iii**
TEŞEKKÜR ..... **iv**
SİMGELER DİZİNİ ..... **vii**
ŞEKİLLER DİZİNİ ..... **viii**
ÇİZELGELER DİZİNİ ..... **ix**
1. GİRİŞ **1**
2. KURAMSAL TEMELLER **3**
2.1 Zeytin (*Olea europaea* L.) **3**
2.2 Transkripsiyon Faktörü **5**
2.3 MADS-Box Transkripsiyon Faktörü Ailesi **7**
2.4 Zeytin Bitkisinde Çiçeklenme ve Meyve Oluşumu **10**
2.5 Mikro-RNA (miRNA) **11**
3. MATERYAL VE YÖNTEM **13**
3.1 Materyal **13**
3.2 MADS-Box TF Ailesinin Yabani Zeytin Genomunda Tanımlanması **13**
3.2.1 Analiz için veri hazırlığı **13**
3.2.2 MADS-Box TF ailesinin biyoinformatik olarak tanımlanması **13**
3.2.3 Farklı bitki genomlarında MADS-Box TF ailesinin tanımlanması **14**
3.3 Filogenetik Analiz **14**
3.4 Motif Analizi **14**
3.5 Isı Grafiği **14**
3.6 MADS-Box Domainin 3D Yapısının Belirlenmesi **15**
3.7 MADS-Box TF Genlerinin Gen Ontoloji (GO) Analizi **15**
3.8 miRNA Hedef Genlerinin Belirlemesi **15**
3.7 qRT-PZR ile İfade Seviyeleri Ölçümü **15**
3.7.1 RNA izolasyonu **16**
3.7.2 İzole edilen RNA'ların DNaz ile muamele edilmesi ve yıkanması **16**
3.7.3 qRT-PZR analizi için cDNA sentezi **17**
3.7.4 qRT-PZR ile ifade seviyesi ölçümü **18**
4. BULGULAR **19**
4.1 Yabani Zeytin MADS-Box Genlerinin Belirlenmesi **19**
4.2 Farklı Bitkilerde MADS-Box Genlerinin Tanımlanması **25**
4.3 MADS-Box Genlerinin Filogenetik Analizi **25**
4.4 Motif Analizi Sonuçları **27**
4.5 MADS-Box Genlerin RNA-Dizileme Kütüphanelerinde Isı Grafiği **29**
4.6 MADS-Box Genlerinde Domainlerin 3-D Yapısının Belirlenmesi **30**
4.7 Zeytin MADS-Box TF Genlerinin Ontolojisi **32**
4.8 miRNA Hedef Genleri **33**
4.9 qRT-PZR ile İfade Seviyeleri Ölçümü **42**
4.9.1 RNA izolasyon bulguları **42**
4.9.2 qRT-PZR grafikleri **44**
5. TARTIŞMA VE SONUÇ **46**
KAYNAKLAR **53**
EK-1 Zeytin MADS-Box Genlerinin Blast2GO Sonuçları **60**

ÖZGEÇMİŞ..... 83

SİMGELER DİZİNİ

°C	Celcius
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
µM	Mikromolar
mM	Milimolar
mg	Miligram
ml	Mililitre
ng	Nanogram
pg	Pikogram
pmol	Pikomol
rpm	Dakikada devir

Kısaltmalar

ABA	Absisik Asit
bç	Baz Çifti
cDNA	Komplementer Deoksiribonükleik Asit
dk	Dakika
DNA	Deoksiribonükleik Asit
Gb	Giga Baz
GO	Gen Ontolojisi
HSP	Isı Şok Proteini
miRNA	mikroRNA
mRNA	Mesajcı RNA
NCBI	Ulusal Biyoteknoloji Bilişim Merkezi
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
qRT-PZR	Real Time (Eş zamanlı) Polimeraz Zincir Reaksiyonu
RNA	Ribonükleik Asit
rRNA	Ribozomal RNA
SRF	Serum Yanıtlayıcı Faktör
sn	Saniye
Taq	*Thermus aquaticus*
TF	Transkripsiyon Faktör
tRNA	Taşıyıcı RNA

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1 Türkiye'nin zeytin üretim alanları 4
Şekil 2.2 Transkripsiyon faktörlerinin gen regülasyonu ile ilişkisi 5
Şekil 2.3 Transkripsiyon faktörlerinin RNA Pol II ile etkileşimi 6
Şekil 2.4 Bitkilerde miRNA'ların oluşumu ve çalışma mekanizması 12
Şekil 4.1 Zeytin MADS-Box genlerinin *Arabidopsis thaliana, Eucalyptus grandis* MADS-Box genleriyle birlikte filogenetik şeması 26
Şekil 4.2 Zeytin MADS-Box genlerine ait bağlanma motifleri 27
Şekil 4.3 Elde edilen motiflerin bağlanma bölgeleri 28
Şekil 4.4 Zeytin kütüphanelerinde MADS-Box genlerinin ifade seviyeleri 29
Şekil 4.5 *OeuMADS20* genin 3D yapı modeli 30
Şekil 4.6 *OeuMADS21* genin 3D yapı modeli 31
Şekil 4.7 MADS-Box genlerinin hücresel bileşen bakımından rolü 32
Şekil 4.8 MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından rolü 32
Şekil 4.9 MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından rolü 33
Şekil 4.10 Zeytin dokularndan elde edilen RNA görüntüsü 43
Şekil 4.11 cDNA'ların 18S rRNA primeri ile reaksiyon sonucu görüntüsü 43
Şekil 4.12 *OeuMADS20* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri 44
Şekil 4.13 *OeuMADS49* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri 44
Şekil 4.14 *OeuMADS7* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri 45
Şekil 4.15 *OeuMADS26* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri 45
Şekil 4.16 *OeuMADS67 g*eninin zeytin dokularında ifade seviyeleri 45

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1 qRT-PZR için kullanılan primer listesi 18
Çizelge 4.1 Zeytin MADS-Box genleri 21
Çizelge 4.2 Farklı genomlarda MADS-Box genleri 25
Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri..... 33
Çizelge 4.4 Zeytin dokularından elde edilen RNA konsantrasyonu ve kalite ölçüleri ... 42

1. GİRİŞ

Zeytin, büyük ölçüde Akdeniz havzasında yayılış gösteren bir ağaç türüdür. Bu ağaca ait zeytin meyvesi ve zeytinden elde edilen zeytinyağı dünyada sosyo-ekonomik açıdan birçok alana girmiş ve aynı zamanda insan sağlığı üzerine yararlı etkisinden dolayı yüzyıllardır önemini korumaktadır (Turktas *et al*. 2013, Gümrük ve Ticaret Bakanlığı 2014).

Zeytin ve zeytinyağı üretimi ile ülkemizde yaklaşık 400 bin aileye iş imkânı sağlayarak tarım ekonomisi için öneme sahiptir. Ülkemiz zeytin üretimi açısından incelendiğinde dünya üzerinde ilk beşte olmasına karşın, sektörde yaşanan satış ve üretimde yaşanan sorunlar nedeniyle hak ettiği yeri bulamamaktadır (Doğaka 2015). Zeytin üretiminin ve veriminin arttırılması gibi hedeflerin gerçekleştirilmesinde de haritalama, işlevsel genomik, biyoinformatik gibi teknolojilerden faydalanılması başlıca önem arz etmektedir.

Bu tez çalışmasında, yabani zeytin genomunda MADS-Box transkripsiyon faktörünün biyoinformatik metotlar kullanarak tanımlanması, genlerin farklı genomlardaki homologları ile olan filogenetik ilişkisi, bağlanma motiflerinin belirlenmesi ve işlevsel atıflandırılması gerçekleştirilmiştir. Uluslararası Zeytin Genom Konsorsiyumu (UZGK) tarafından üretilen genom survey dizileme ve dokuya özgü yüksek hacimli transkriptom verileri ayrıntılı olarak analiz edilerek genom düzeyinde tanımlanan genlerin ifade analizi ölçümü yapılmıştır. Ayrıca, meyve, yaprak, pedisel ve gövde dokularında ifade seviyesi farklılık gösteren beş MADS-Box geni seçilerek qRT-PZR ile validasyonu yapılmıştır. Çalışma sonucunda zeytin genomunda transkripsiyon faktör ailelerinden biri olan MADS-Box transkripsiyon faktörü ailesinin analizi ile bitkilerde gelişim ve üreme gibi biyolojik süreçlerde fonksiyonları olan MADS-Box TF genlerinin etkisi hakkında veriler elde edilmiştir.

Zeytin genomunda MADS-Box TF ailesinin tanımlaması ile elde edilen veriler ilerde biyotik ve abiyotik stres faktörlerine genetik cevabın tanımlanması, bu TF'lerin aktivitesini regüle ettiği genlerin farklı biyokimyasal yolaklarda rol alması gibi

çalışmalar için de bir kaynak oluşturmuştur. Zeytin bitkisinde MADS-Box transkripsiyon faktörlerinin karakterizasyonu, *Oleaceae* ailesindeki diğer bitki türleri için de referans oluşturmaktadır.

2. KURAMSAL TEMELLER

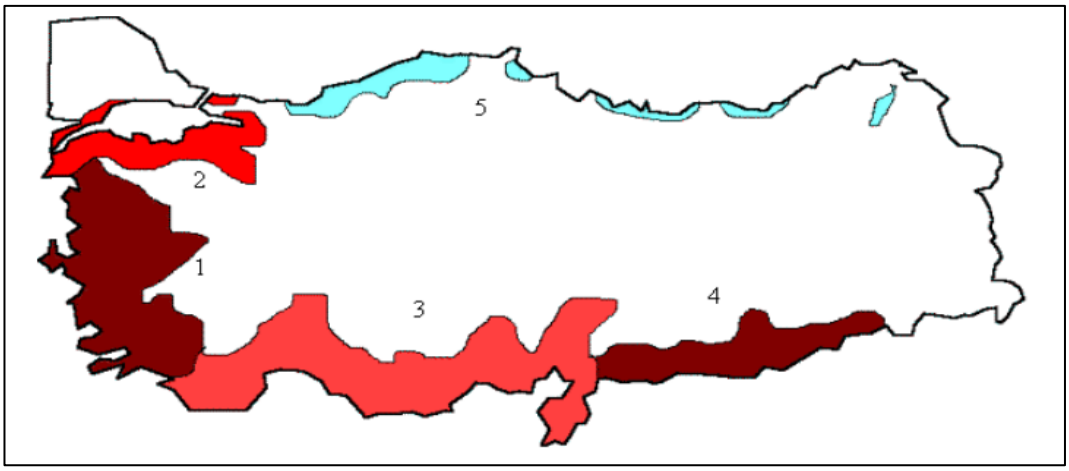
2.1 Zeytin (*Olea europaea* L.)

Olea europaea, Oleaceae familyası Lamiales takımına ait en önemli yağ bitkilerinden bir tanesidir. Zeytin diploid bir bitki olup (2n=46) yaklaşık 1,4 Gb genom boyutuna sahiptir (Unver 2016).

Zeytin büyük ölçüde Akdeniz havzasında İspanya, İtalya, Yunanistan, Fransa, Türkiye, Cezayir gibi ülkeleri de içine alarak yayılım gösteren yerel bir mahsul olmakla birlikte yaprak dökmeyen bir ağaçtır. Akdeniz kökenli olarak tanımlanmasına rağmen, tüketimi birçok bölgede artmaktadır (Ozdemir Ozgenturk *et al*. 2010, Turktas *et al*. 2013, Ramos-Gómez *et al*. 2016).

Anadolu, *Olea europaea* L. türünün 86 üzerinde çeşidi Türkiye'de mevcut olan zeytin kökenli en önemli alanlarından biridir (Ozdemir Ozgenturk *et al.* 2010). Üretim bakımından en fazla tarım alanına sahip olan İspanya 2013 yılında yaklaşık 7.9 milyon zeytin üreterek 1. sırada yer alırken, Türkiye 1,7 milyon ton ile 4. sıradadır. Ayrıca Türkiye İstatistik Kurumu'ndan alınan verilere bakıldığında Türkiye'de, 2014 yılı itibarıyla 8,3 milyon dekar zeytinliğe ait alanı kapsarken bu alandan, 2014 yılında yaklaşık 1,8 milyon ton zeytin üretimi başarılmıştır (Doğaka 2015).

Türkiye zeytin üretim alanlarına bakıldığında bölgenin ağaç sayısı ve üretim miktarlarına göre ilk sırada Ege bölgesi olmak üzere sırasıyla, Marmara, Akdeniz, Güneydoğu Anadolu ve Karadeniz bölgelerindeki üretim alanları Şekil 2.1'de gösterilmiştir (Gümrük ve Ticaret Bakanlığı 2014).



Şekil 2.1 Türkiye'nin zeytin üretim alanları. 1-Ege, 2-Marmara, 3-Akdeniz, 4-Güneydoğu Anadolu, 5-Karadeniz. Coğrafi bölgelerin zeytin üretimi çoktan aza göre sıralanmıştır. (Gümrük ve Ticaret Bakanlığı 2014'den alınmıştır.)

Doğada tarımı yapılmadan kendiliğinden yetişen yabani zeytin ağaçları, büyük ölçüde tüm Akdeniz havzası etrafında dağılmaktadır ve ilk kültüre alınma işaretleri ile en eski uygarlıklardan bazılarının ortaya çıkmasına eşlik etmiştir (Quazzani *et al*. 1993, Besnard and Casas 2016). Yabani zeytinler rüzgâr yoluyla tozlaşma ile ürerken ve onların tohumları ağırlıklı olarak kuşlar tarafından etrafa yayılmaktadır. Yabani zeytinin kültüre alınmış olan zeytin ağacından farkı; dikenli juvenil sürgünlerin varlığı, daha az dolgun mezokarp ve büyük mezokarpında düşük yağ içeriği olan küçük meyvelerle karakterize edilmesi, uzun juvenil aşaması ve zorlu ortamlarda hayatta kalma yetenekleridir (Bouarroudj *et al*. 2016).

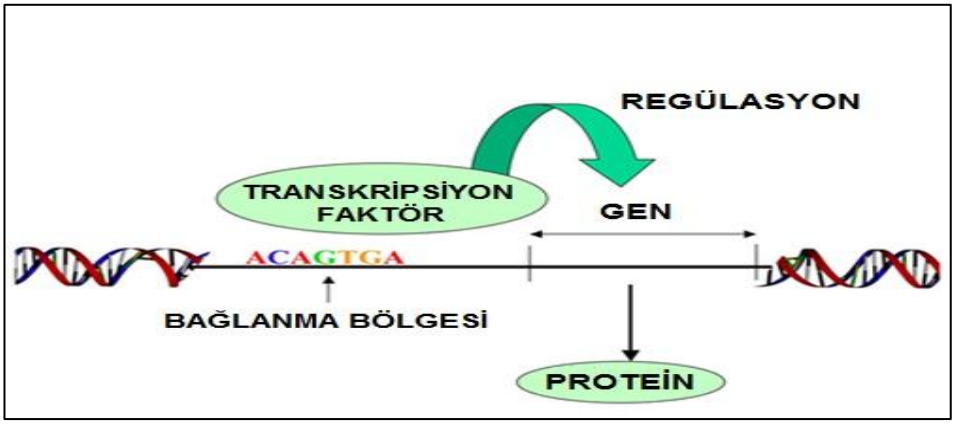
Zeytin ve zeytinyağı üretiminde ticari olarak yabani zeytin olarak bilinen *Olea europaea* L. var. *oleaster* ve onun aşılanması ile üretilmiş en yaygın kültür ağacı olan *Olea europaea* L. çeşitleri kullanılmaktadır (Özkaya vd. 2010).

Zeytin meyvesi ve zeytin ürünleri pek çok alanda kullanılmaktadır. Bu türlerden elde edilen sızma zeytinyağı ve meyve suyu, dünya çapında potansiyel sağlık ve beslenme faydaları nedeniyle önem taşımaktadır. Ekolojik açıdan, zeytin nüfusları nedeniyle büyük rüzgâr direnci ve kuraklık, yangın veya don gibi şartlardan sonra ve çok uzun ömürlü çölleşmeye karşı toprakları korumak görevi edinmiştir. Zeytin çeşitlerinin kuraklık, düşük sıcaklık ve tuzluluk dahil olmak üzere farklı yüksekliklerde, yarı-kurak

iklim koşulları ile karakterize farklı ortamlarda diğer bitki topluluklarıyla kolonizedir (Donaire *et al.* 2011).

2.2 Transkripsiyon Faktörü

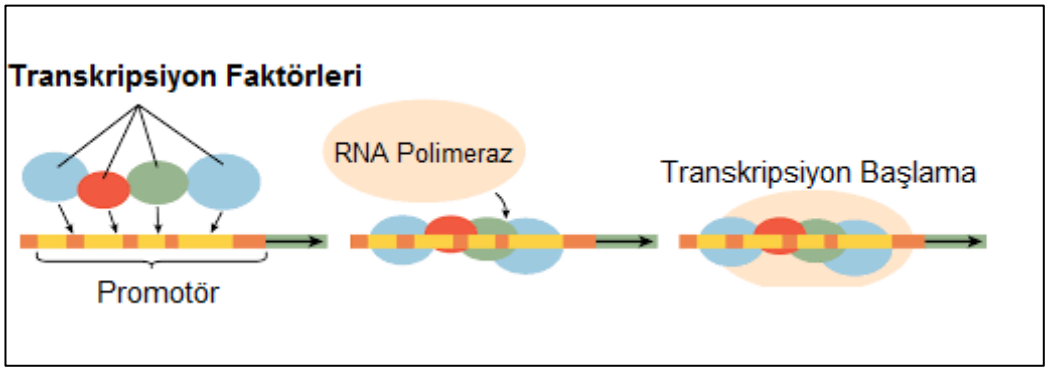
Transkripsiyon düzenlenmesi, kompleks biyolojik sistemlerde gen aktivitesinin düzenlenmesinde temel mekanizmadır. Genlerin başlıca düzenlenmesi gen promotörü ve transkripsiyon faktörü (TF) arasındaki ilişki ile kontrol edilmektedir. TF'ler cis-düzenleyici elementler (veya motifler) içeren spesifik promotör dizilerine bağlanarak gen ifadesinin zamansal ve mekânsal özelliklerini belirler (Liu *et al*. 2016). TF'lerin gen regülasyonu olan ilişkisi Şekil 2.2'de gösterilmiştir. TF'ler böylece, promotör ve / veya karşılık gelen genlerin güçlendirici bölgelerine bağlanma oluşturan ya da alt hedef genlerin transkripsiyonunu bastıran için dizi özgü DNA bağlama domainini kapsamaktadır (Baloglu *et al*. 2014). Tanıma bölgeleri cis-trans etkileşimine ek olarak, aşağı akış hedef genlerinin ekspresyon modelleri aynı zamanda, TF genlerinin mekânsal ve zamansal ifadesi ile de kontrol edilebilir. Bu şekilde, benzer bir DNA bağlama özellikleri olan TF'ler farklı biyolojik süreçleri kontrol edebilir (de Folter *et al*. 2006).



Şekil 2.2 Transkripsiyon faktörlerinin gen regülasyonu ile ilişkisi (http://america.pink., 2016'dan değiştirilerek alınmıştır.)

Ökaryotik genomların transkripsiyonu çekirdek RNA polimeraz (Pol) I, Pol II ve Pol III tarafından yürütülmektedir. Pol I rRNA öncülü transkripsiyonunu yaparken buna karşın, Pol III tRNA'lar gibi küçük kodlanmayan RNA'ları transkribe eder. Pol II mRNA üretmek için protein kodlayıcı genleri transkribe eden 12 alt birimlik bir enzimdir. Pol II

hücre farklılaşması, hücrenin kimliğinin belirlenmesi ve çevresel değişikliklerde hücrelerin yanıtlarını düzenler. Regülasyonun başlangıcında gen ifadesinin kontrol mekanizmasında bir anahtar olmasına rağmen, transkripsiyonun farklı aşamalarında da meydana gelir. Pol II regülasyonunun anlaşılmasında Pol II başlatma kompleksinin detaylı bilgileri ve transkripsiyonu başlatmasında moleküler mekanizmaları kavrama gerektirmektedir ve genel mekanizma Şekil 2.3'de gösterilmiştir (Sainsbury *et al.* 2015).



Şekil 2.3 Transkripsiyon faktörlerinin RNA Pol II ile etkileşimi
(https://www.boundless.com., 2016'dan değiştirilerek alınmıştır.)

Çeşitli bitki gelişim süreçleri yönleri ve çevresel değişikliklere yanıtlara aracılık ederek gen düzenleyici ağlarında çok önemli bir rol oynar. Özellikle, mRNA metabolizmasında transkripsiyon sonrası kontrol sıcaklık dalgalanmaları, bitki yanıtların transkripsiyon faktörünün faaliyetlerini düzenleyen bir önemli moleküler düzeni olduğunu göstermektedir. Organizmanın gelişimi (Wagner *et al.* 2016), sinyal iletimi (Zhu 2002), stres cevabı (Berkowitz *et al.* 2016) gibi birçok biyolojik yolakta rol oynayan genlerin ifadelerini düzenlemektedirler. Ayrıca, biyotik ve abiyotik streslere, bitki yanıtlarında önemli bir rol oynar (Agarwal *et al.* 2006). Dolayısıyla, transkripsiyon faktörü faaliyetleri koordineli verilen büyüme koşulları altında, optimal büyüme ve hayatta kalmak için çeşitli hücresel sinyal ağlarında ince ayar sinyal iletim yollarının çeşitli adımlarında düzenlenir. Transkripsiyon faktörü faaliyetlerinin düzenlenmesinde yatan köklü biyokimyasal ve moleküler mekanizmaların, gen transkripsiyonu düzenlediği, RNA, metabolizma, transkripsiyon sonrası düzenleme, protein çevirisine, post-translasyonel modifikasyonlar ve kontrollü bir protein dönüşümünü içerir (Seo *et al.*

2013). Bu sebeple de, genlerin ifadesinin regülâsyonunun anlaşılması açısından TF'lerin ifadelerinin tespiti büyük önem taşımaktadırlar.

TF'ler DNA-bağlama ve multimerizasyon alanlarda birincil ve/veya üç-boyutlu yapısı benzerliklere dayalı 40-60 ailelere gruba ayrılabilir (Baloglu *et al*. 2014). Şimdiye kadar bitkilerde 60'a yakın TF ailesi tanımlanmıştır. Örneğin; bu ailelerden biri olan MADS-Box transkripsiyon faktörü ailesi mayalarda (Li *et al.* 2016), hayvanlarda (Cao *et al.* 2016, Sakuma *et al*. 2016, Mughal *et al*. 2015, Kuzniewska *et al*. 2015) ve bitkilerdeki (Grimplet *et al*. 2016, Nakatsuda *et al*. 2016, Irfan *et al*. 2016) süreçlerin düzenlenmesinde anahtar rol oynamaktadır.

2.3 MADS-Box Transkripsiyon Faktörü Ailesi

MADS-Box transkripsiyon faktörleri, bitki gelişiminde hemen hemen her aşamada önemli roller oynamaktadır. Bu ailenin bitki ve üyeleri için en iyi çalışılan gen ailelerinden birini içermektedir. MADS-Box TF ailesine ait birçok genin çiçekli bitkiler arasında fonksiyonları korunmuş, ancak bazı evrim sırasında belirli türlerde yeni işlevler kazanmıştır (Smaczniak *et al.* 2012).

MADS adı; üyeleri olan Maya (Saccharomyces cerevisiae)'dan Mini Chromosome Maintenance 1 (MCM1), *Arabidopsis thaliana*'dan Agamous (AG), *Antirrhinum majus* L.'den Deficiens (DEF) ve insanlardan Serum Responsive Factor (SRF) üyelerinin baş harflerinden türetilmiştir (Altamura *et al*. 2016).

Tüm MADS-Box genleri, N-terminal bölgesinde yaklaşık 60 aminoasit ile karakterize edilen bir MADS-Box domaini kodlayan; bu domain DNA, hedef gen düzenleyici bölgesinde CArG-Box (CC[A/T]6GG) bölgesine bağlanma için sorumludur (Tian *et al.* 2015, Wei *et al.* 2015). *İn vitro* ve *in vivo* deneylerde; genlerin DNA dizilerinin düzenlenmesi sırasında MADS-Box domain faktörlerinin CArG-Box olarak adlandırılan motife bağlandığını göstermiştir (Nakatsuda *et al.* 2016). Bu ortak DNA motifi CC(A/T)6GG (belirlenmiş CArG-Box) dyad simetrisini gösterir ve herhangi bir ölçüde değişikliğe izin vermemektedir. Analizler sonucunda CArG-Box ve SRE (serum

response element) elemanı işlevsel değiştirilebilir olduğunu ve *SRF in vitro* CArG-Box bağlandığı göstermiştir (de Folter *et al.* 2006).

Geçtiğimiz 25 yıl boyunca, çok sayıda MADS-Box geninin işlevleri model türler olan *A. thaliana* ve diğer çiçekli bitkilerde ortaya çıkarılmıştır. Önemli MADS-Box gen araştırmaları için model bitki türlerinden olan aslanağzı (*Antirrhinum majus*) (Schwarz-Sommer *et al.* 2003), domates (*Solanum likopersikum*) (Hileman *et al.* 2006), petunya (*Petunia hybrida*) (Gerats and Vandenbussche 2005), gerbera (*Gerbera hybrida*) (Teeri *et al.* 2006) ve pirinç (*Oryza sativa*) kullanılmıştır.

Bitkilerde meyvenin insan sağlığı için yararlı kabul edilemesine rağmen çiçek ve meyve gelişimini kontrol eden moleküler ve genetik mekanizmaları hakkında pek çok bitkide bilgi sahibi olunmamaktadır. Başlangıçta çiçek organında kimlik belirleme genleri olarak tanımlanan MADS-Box transkripsiyon faktörleri, özellikle üreme süreçlerinde, bitki gelişiminde önemli rol oynamaktadır. Genlerin bu aile faz geçişi, çiçek ve gametofit gelişimi ve meyve gelişimi de dahil olmak üzere üreme süreçlerinin her aşamasında müdahil olduğu bildirilmiştir (Xu *et al.* 2014).

Bitki MADS-Box transkripsiyon faktörleri evrimsel soya dayalı iki tip olarak sınıflandırılırlar. MADS-Box gen ailesi protein alanı yapısına göre, iki gruba ayrılarak, tip I ve tip II olarak adlandırılır. Tip I grubundan olan genler ortak MADS alanını kodlayan yalnızca ~180 bç'lik bir DNA sekansına sahip bir heterojen gruptur. Tip I genler başlangıçta Arabidopsis genom dizisinin tamamlanmasından sonra keşfedilmiştir. Bu genler Mα, Mβ, Mγ veMδ olarak dört alt-sınıfa sınıflandırılabilir (Smaczniak *et al.* 2012, Rameneni *et al*. 2014).

Tip 2 MADS-Box genleri MIKC tip genleri olarak da adlandırılır ve dört korunmuş domain içerir. MIKC yapısı; N-terminal olarak konumlandırılmış DNA-bağlayıcı MADS domain, bunu takiben dimerizasyon ve üst seviyede kompleks formasyon için temel olan K (Keratin) ve I (Intervening) domaini, son olarak da protein kompleks formasyonu ve transkripsiyonel regülasyonda rol olabilen değişken C-terminal domainini içerir (Xu *et al.* 2014). Ancak, Tip 1 MADS-Box genleri K domain

içermemektedir. I domainin dizisi ve yapısal farklılıklarına göre MIKC* ve MIKCC olarak iki alt sınıfa sınıflandırılır (Hou *et al.* 2014). MIKC tip genleri yapısal farklılıklar temel alınarak 11 farklı alt aileye ayrılır (Wie *et al* 2015).

MIKCC tipe ait farklı alt aile üyeleri genellikle farklı çicekli bitki türlerinde fonksiyonları korunmuş olanlarla benzerlikler göstermektedir. Örneğin; çiçeklerde stamen ve karpellerin belirlenmesinde farklı angiosperm türlerindeki AGAMOUS (AG) genleriyle oluşturulmuştur. Benzer bir şekilde, DEFICIENS (DEF) ve GLOBOSA (GLO) alt aileleri stamen ve petal belirlenmesi kontrolünde, ve SQUAMOSA (SQUA) SEPALLATA [SEP veya AGAMOUS-LIKE 2 (AGL2)] üyeleri çeşitli angiospermlerde organ belirlenmesinde ve floral meristemde korunmuş rollere sahiptir (Smaczniak *et al.* 2012). AGL12 ve AGL17 alt ailesi üyeleri çoğunlukla kök gelişiminde rol aldığı gözükmektedir (Hou *et al.* 2013). Ayrıca, SEP-benzeri genler domates, şeftali ve elma etli meyve gelişiminin düzenlenmesinde rol oynamaktadır. Diğer dört MADS-Box transkripsiyon faktörü alt ailesi, AGL24, SOC1, FLC ve SVP, çiçeklenme zamanının düzenlenmesinde çiçeklenmeyi teşvik ederek rol oynadığı tespit edilmiştir (Tian *et al.* 2014). Şaşırtıcı bir şekilde birçok MIKCC- tip genleri bir veya daha fazla gelişimsel süreç ve aşama görevlidirler.

MADS-Box gen ailesinin en dikkat çekici özelliği, bitki büyüme ve gelişimi gibi farklı yönlerde farklı fonksiyonlarda zaman kontrolü, meristem kimliği, çiçek organı kimliği, meyve olgunlaşması, embriyo gelişimi, kök ve yaprakları gibi bitkisel organların gelişimininde rol aldığı ortaya konulmuştur (Tian *et al.* 2014, Saha *et al.* 2015).

A. thaliana'da MADS-Box gen fonksiyonları incelendiğinde, bu genlerin gametofit (Colombo *et al.* 2008, Dreni *et al*. 2016), embriyo ve tohum gelişimi (Bemer *et al.* 2010), sporofitik gelişim (Hoffmann *et al.* 2013), çiçek ve meyve gelişimi (Seymour *et al.* 2011, Shima *et al*. 2013), kök ve yaprak morfolojisinin düzenlenmesi (Gan *et al.* 2012) olmak üzere birçok biyolojik süreçte rol aldığı görülmektedir.

2.4 Zeytin Bitkisinde Çiçeklenme ve Meyve Oluşumu

Zeytin, anemofil bir bitki olması sebebiyle çiçeklerinin tozlaşması genellikle rüzgâr yoluyla gerçekleşmektedir. Tozlaşmanın normal bir biçimde olabilmesi için havanın, polen tozlarının dişi organ üzerinde kalabileceği kadar nemli ve sıcak olması gerekmektedir (www.akdenizbirlik.org.tr., 2016).

Zeytin ağaçlarının çiçeklenme sürecini etkileyen en önemli faktörlerden bir tanesi sıcaklık olarak kabul edilmektedir. Zeytin ağacının çiçeklenmesi için gereken bir yıllık periyodda; yaz mevsimi öncesinde tomucuk oluşur ve ilkbahara kadar soğuk periyodda dormanside kalır. Kış sonunda ise tomurcuklanır ve baharda tomurcuğun çiçeklenmeye geçmesiyle çiçek yapısı gelişir ve bu bir yıllık döngü ile karakterizedir. Bitki gelişimi üzerindeki sıcaklık ve fotoperiyod gibi tüm faktörler bitki örtüsü gelişimi ve özellikle çiçeklenme üzerinde güçlü bir etki göstermektedir. Bölgeler düzeyinde iklimsel çeşitlilik olmasından dolayı zeytin ağacında çiçeklenme tarihleri deülkeler arasında belirgin farklılıklar göstermektedir (Barut ve Ertürk 2002, Orlandi *et al*. 2005).

Çiçek oluşumundan sonra zeytin meyvesi gelişimi ve olgunlaşması aylarca süren yavaş ve uzun bir süreçtir. Bir çiçek salkımı üzerinde 3-5, bazende tek meyve bulunur. Haziran sonunda küçük olan meyveler Temmuz ayı sonuna doğru iç fındık şeklini alır ve zeytin danelerinde yağ oluşmaya başlamıştır. Meyvelerde gelişme rengi ile de kendini gösterir. Başlangıçta koyu yeşil olan daneler giderek açık yeşil, açık sarı, koyu kırmızı ve en sonda mor rengi alır. Menekşe rengi lekelerin görülmesinden, kabuk ve etin son renklenme zamanına kadar süren devre, olgunlaşma devresi olarak kabul edilmektedir. Birçok çeşitte bu değişimler, bir ağacın bütün meyvelerinde aynı zamanda olmamakta, dolayısıyla olgunlaşma kademeli olarak meydana gelmektedir (www.akdenizbirlik.org.tr., 2016). Ağaçlar aynı zeytinlikte ve yetişme şartları aynı dahi olsa olgunlaşma zamanı aynı değildir. Olgunlaşma süresi, coğrafik koşullara (yetişme sahasının enlem derecesine), iklim şartlarına, tarımsal uygulamalara, bakım tedbirlerine, ürün miktarına ve çeşit özelliklerine bağlı olarak değişmektedir (Yıldız 2005).

Meyve olgunlaşması moleküler açıdan incelendiğinde, *Pyrus ussuriensis*'de meyve olgunlaşması üzerine yapılan bir çalışmada farklı ifade olmuş genler bitki hormon genleri olan etilen, ABA, oksin, GA, brassinosteroitleri ve MADS, NAC, WRKY ve HSP gibi transkripsiyon faktörlerini içerdiği öne sürülmüştür (Huang *et al*. 2014).

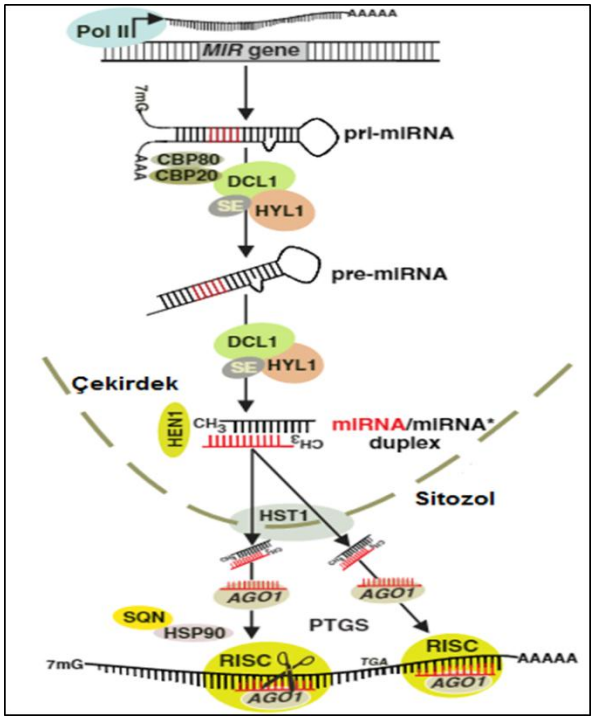
Ocarez and Mejia (2016) yaptıkları çalışmada *Vitis vinifera* bitkisinde MADS-Box alt ailelerinden AGL11'in meyve ve tohum gelişiminde doğrudan rol aldığını bildirmiştir. Yapılan farklı bir çalışmada ise *Brassicaceae* ailesinde MADS-Box TF ailesinin meyve gelişimi ve morfolojisinde önemli rol oynadığı belirtilmiştir (Langowski *et al.* 2016). *Solanum lycopersicum* bitkisinde hücresel sinyalizasyon ve metabolizmada çok sayıda genin transkripsiyonunu kontrol ederek meyve olgunlaşmasında önemli rol oynadığı vurgulanmıştır (Irfan *et al*. 2016). Elitzur *et al.* (2016) tarafından yapılan çalışmada domatesden farklı olarak muz meyvesinin *(Musa accuminate* L.) olgunlaşmasının kontrolünde SEPALLATA MADS-Box alt ailesi grubudan en az iki genin gerekli olduğu belirtilmiştir.

2.5 Mikro-RNA (miRNA)

miRNA'lar 19-25 nükleotit uzunluğunda tek iplikli, endojen protein kodlamayan küçük RNA'lardır (Eldem *et al*. 2012). Post transkripsiyonel seviyede ya mRNA'ların yıkımını sağlayarak ya da hedef genleriye komplementerlik oluşturarak translasyonu engelleme yoluyla gen ifadesini negatif yönde düzenlediği tespit edilmiştir (da Silva *et al.* 2016).

Bitkilerde olgun miRNA'nın oluşum süreci çoklu biyolojik işlevleri gerektirmektedir. Başlangıç molekülü çoğunlukla, RNA bağımlı RNA polimerazın kalıp olarak endojen veya ekzojen kaynaklı bir RNA'yı kullanarak sentezlediği çift zincirli RNA'dır. Öncelikle bitki miRNA genleri Pri-miRNA'lara RNA Pol II ile transkripsiyonu sağlanır. Uzun Pri-miRNA molekülüne etki eden RNaz III grubu bir endonükleaz (Drosha), bu kıvrılmış RNA parçasını zincirin geri kalan kısmından ayırır ve böylelikle saç tokası benzeri miRNA öncülleri pre-miRNA molekülü oluşur ve saç tokası yapısının katlanma bölgeleri RNaz III enzimi olan HYL1 ve SERRATE yardımı ile DCL1 tarafından kesilir. Pre-miRNA çekirdek zarında bulunan özel bir taşıyıcı sistem ile sitoplazmaya

taşınır (Wahid *et al.* 2010, Eldem *et al*. 2012). miRNA oluşumu ve mekanizması Şekil 2.4'de gösterilmiştir.



Şekil 2.4 Bitkilerde miRNA'ların oluşumu ve etki mekanizması (Khraiwesh *et al.* 2012'den değiştirilerek alınmıştır.)

Bitki miRNA'ları organ gelişiminden, çiçeklenme zamanına (Huo *et al.* 2016), yağ biyosentezi (Benning 2011, Li *et al*. 2015) metabolizması gibi birçok biyolojik süreçte rol almaktadır.

3. MATERYAL VE YÖNTEM

3.1 Materyal

Tez kapsamında kullanılan örnekler Zeytin Araştırma İstasyonu'na ait zeytin bahçesinden yabani zeytin (*Olea europaea* L. var. *oleaster*)'e ait meyve, yaprak, gövde, pedisel dokularından elde edilmiştir.

3.2 MADS-Box TF Ailesinin Yabani Zeytin Genomunda Tanımlanması

3.2.1 Analiz için veri hazırlığı

Bitki Transkripsiyon Faktör veri tabanından (http://planttfdb.cbi.pku.edu.cn/ v3.0); elma (*Malus domestica*), papaya (*Carica papaya*), hurma (*Phoenix dactylifera*), bambu (*Phyllostachys heterocycla*), kavak (*Populus trichocarpa*), şeftali (*Prunus persica*), ayva (*Pyrus bretschneideri*), mandalina (*Citrus clementina*), portakal (*Citrus sinensis*), kahve (*Theobroma cacao*), üzüm (*Vitis vinifera*) ve muz (*Musa accuminata*) bitkilerine ait MADS-Box TF ailesi aminoasit dizileri indirilmiştir.

Pfam (http://pfam.xfam.org/) veri tabanından SRF DNA bağlayıcı domaini (PF00319) ve K-Box (PF01486) domaini elde edilmiştir. Ayrıca, *Arabidopsis thaliana*'ya ait 109 adet MADS genlerinin protein dizileri alınmıştır (https://www.arabidopsis.org/).

3.2.2 MADS-Box TF ailesinin biyoinformatik olarak tanımlanması

UZGK tarafından elde edilen zeytin genom survey dizisi üzerinde NCBI BLAST 2.2.28 yazılımında tBLASTn algoritması kullanılarak veri tabanlarından elde edilen TF protein dizileri genom üzerinde belirlenmiştir. Sonuçlardan elde edilen gen değerleri E-değeri 0,1 altında olanlar seçilmiştir. Tekrar eşleşme gösteren genler belirlenip manuel olarak silinerek olası gen adayları belirlenmiştir. Bulunan olası aday MADS-Box genleri Pfam veri tabanında TF domain varlığı doğrulanmıştır. Ayrıca PlantTFCAT (http://plantgrn.noble.org/PlantTFcat/) internet aracı ile analiz edilmiştir.

3.2.3 Farklı bitki genomlarında MADS-Box TF ailesinin tanımlanması

Eucalyptus grandis, Vitis vinifera, Populus trichocarpa türlerine ait genom bilgileri Phytozome 10.2v kullanılarak tanımlanmıştır. Analiz veri seti oluşturulan protein dizileri tBLASTn algoritması kullanılarak genom lokasyonları belirlenmiştir.

3.3 Filogenetik Analiz

Zeytin MADS-Box genleri Muscle ile (http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/muscle/) *Arabidopsis thaliana* ve *Eucalyptus grandis* MADS-Box genleride kullanılarak varsayılan parametrelerle hizalanmıştır. MEGA 6 adlı yazılım kullanılarak filogenetik ilişki ortaya çıkarılmıştır (parametreler: *p*-distance, bootstrap iteraitons:1000) (Myburg *et al.* 2014).

3.4 Motif Analizi

Korunmuş motiflerin lokalizasyonu için, 118 *OeuMADS* genlerinin nükleotit dizileri motif ortaya çıkarma aracı MEME kullanılarak varsayılan parametrelerle belirlenmiştir (http://meme.nbcr.net/meme/cgi-bin/meme.cgi) (Rameneni *et al.* 2014).

3.5 Isı Grafiği

Bu tez kapsamında UZGK tarafından yabani zeytine ait kütüphanlerde yapılan RNA-dizileme çıktılarından yararlanılmıştır. Yabani zeytin kütüphaneleri arasındaki gen ifade farklılıkları, RPKM (Reads Per Kilobase per Million mapped reads) yani her haritalandırılmış milyon okuma başına karşılık gelen kilobaz okuma sayısı hesaplanmıştır. Meyve, yaprak, pedisel ve gövde örneklerinde farklı aylara ait ayrı ayrı karşılaştırılması sonucu ısı grafikleri (heatmap) PermutMatrix 1.9.3 yazılımı (http://en.bio-soft.net/chip/PermutMatrix.html) ile orijinal değerlerle birlikte Öklid uzaklığı ve McQuitty metodu seçilerek belirlenmiştir.

3.6 MADS-Box Domainin 3D Yapısının Belirlenmesi

MADS TF proteinlerinin ikincil yapısının tespit edilmesi, DNA bağlanma özelliğine yönelik kayda değer bilgi sunmaktadır. Bu nedenle, Phyre2 internet aracı kullanarak, *in silico* olarak belirlenmiş olan MADS domainlerinin yapısı ortaya çıkarılmıştır (Protein Homology/Analogy Recognition Engine; http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2).

3.7 MADS-Box TF Genlerinin Gen Ontoloji (GO) Analizi

Gen ontoloji, sürekli olarak kapsamlı bir şekilde güncellenen herhangi bir organizmadaki genin özelliklerini ve ürünlerini tanımlamak için kesin tanımlanmış bir kavram sunan uluslararası bir standart gen fonksiyonel sınıflandırma sistemidir. Genlerin moleküler fonksiyonu, hücresel bileşen ve biyolojik işlevi olarak üç sınıfa ayırır. Blast2GO 3.2 yazılımı kullanarak 118 *OeuMADS* geninin sınıflandırılması yapılmıştır (http://www.blast2go.com) (Conesa and Götz 2008).

3.8 miRNA Hedef Genlerinin Belirlemesi

Bilindiği üzere, 18-24 baz uzunluğundaki kısa, endojen ve tek iplikli mikroRNA'lar post-transkripsiyonel düzeydeki gen regülasyon işlevini hedef gen üzerindeki baskılayıcı etkisi ile gerçekleştirmektedir. Hayvanlardan farklı olarak bitkilerdeki miRNA'lar hedef gen ile yüksek derecede korunumlu baz eşleşmesi yaparlar ve genel olarak hedef mRNA'nın parçalanmasına yol açarlar (Eldem *et al*. 2012). miRNA'ların genel olarak transkipsiyon faktörlerini hedef aldığı ortaya konmuştur. Zeytin MADS-Box transkripsiyon faktörü genlerini hedefleyen miRNA'ları bulmak için PsRNATarget (http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/) yazılımı ile analiz gerçekleştirilmiştir.

3.7 qRT-PZR ile İfade Seviyeleri Ölçümü

Yabani zeytine ait meyve, yaprak, pedisel ve gövde dokularında RNA-dizileme sonucunda elde edilen veriler ile ifade seviyesi farklılık gösteren beş MADS-Box geni

seçilerek meyve, yaprak, pedisel ve gövde dokularında Temmuz ve Kasım ayı dönemlerindeki ifadeleri qRT-PZR ile ölçülmüştür.

3.7.1 RNA izolasyonu

Öncelikle her bir örnek için 1 ml % 75 lik ethanol çözeltisi, 500 ml isopropilalkol çözeltisi, 0.2 ml kloroform çözeltisi kullanılacak şekilde çözeltiler hazırlanarak -20°C'ye kaldırılmıştır. 2 ml'lik ependorf tüplere 1ml TRIzol® reaktifi konulmuştur. Örneklerimize ait dokulardan yaklaşık 100 mg alınarak havanda sıvı azot kullanılarak toz haline getirilip ve toz numuneler hızlıca TRIzol® reaktifi bulunan tüplere eklenip vortekslenerek iyice karışması sağlanmıştır. Bu tüpler oda sıcaklığında 10 dakika bekletilmiştir. Daha sonra tüplerin üzerine 0.2 ml kloroform çözeltisi eklenmiştir. Tüpler iyice karıştırılarak 5 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir. Arkasından 15 dk 4°C'de 15.000 rpm'de santrifüj edilmiştir. Üstteki sıvı faz yeni 2 ml'lik ependorf tüplere alınmıştır. Üzerine 500 ml isopropilalkol eklenip, yumuşakça karıştırılarak 10 dk oda sıcakılığında bekletilmiştir. Daha sonra 15.000 rpm'de 10 dk 4°C'de santrifüj edilip üstteki süpernatant atılmıştır. Dipte çökmüş olan RNA'ya 1ml % 75'lik ethanol eklenerek bir kez yıkanmıştır. Tüpler 5 dakika 8000 rpm'de 4°C'de santrifüj edilmiştir. Arkasından ethanol dökülmüş tüplerde ethanolün uçması ve kuruması için 10 dk ağzı açık bir şekilde bekletilmiştir. Tüpler kuruduktan sonra oluşan RNA peletinin durumuna göre yaklaşık 40-50 µl steril su eklenerek RNA'lar çözülmüştür. Çözüm işlemi için ısı inkübasyonundan yararlanılmıştır. Böylece 57°C'de tüpler 2-3 dk bekletilerek RNA'nın daha iyi çözünmesi sağlanmıştır. Ardından RNA'nın kalitatif ve kantitatif özelliklerini belirlemek için agaroz jel, Nanodrop 2000 (Thermo), Bioanalyzer 2100 (Agilent) gibi araçlar kullanılmıştır. Daha sonra RNA örnekleri -80°C'de saklanmıştır.

3.7.2 İzole edilen RNA'ların DNaz ile muamele edilmesi ve yıkanması

RNA izolasyonu aşamasında muhtemel DNA kalıntılarının RNA dizilemesini olumsuz etkilememesi için total RNA'ya Qiagen RNeasy Mini Kiti kullanarak DNaz muamelesi yapılmıştır. İzole edilen RNA'ların yıkanması için QIAGEN firmasına ait RNeasy Mini Kit (74204, Valencia, CA) kullanılmıştır. Kit protokolüne göre 10.000 ng miktarında

RNA alarak yıkama işlemi şu şekilde yapılmıştır: 2 ml'lik ependorf tüp içerisine 10 µl buffer RDD, 2.5 µl DNaz, yıkanması istenen RNA örnek miktarı ve üzerine toplam hacim 100 µl olacak şekilde steril su konulmuştur. 10 dk oda sıcaklığında inkübasyonu yapılmıştır. Bu tüp içerisine 350 µl Buffer RLT eklenip, iyice karıştırılmıştır. Üzerine 250 µl %100 etanol eklenerek pipetaj yapılıp, iyice karıştırılmıştır. Bu tüpte toplanan sıvının tamamı RNeasy Mini spin column içine yerleştirilmiştir. 15 sn 8000 g'de santrifüj edilmiştir. Spin column altında toplanan sıvı atılmıştır. RNeasy Mini spin column üzerine 500 µl Buffer RPE eklenmiştir. 15 saniye 8000 g'de santrifüj edilmiştir. Altta toplanan sıvı atılmıştır. Tekrar RNeasy Mini spin kolon üzerine 500 µl Buffer RPE eklenmiştir. 2 dk 8000 g'de santrifüj edilmiştir. Altta toplanan sıvı atılmıştır. En son kalan sıvıların uzaklaştırılması için tekrar 1dk 8000 g'de santrifüj edilmiştir. RNeasy Mini spin kolon yeni 1.5 ml'lik tüp içine yerleştirilmiştir. Daha sonra kolonun üzerine 30-50 µl arası içinde RNaz enzimi olmayan su eklenmiştir. Daha sonra 10 dk oda sıcaklığında inkübe edildikten sonra 1 dk 8000 g'de santrifüj edilerek yıkanan RNA'lar 1.5 ml'lik tüpte toplanarak RNA elüsyon gerçekleştirilmiştir. RNA miktarını ve kalitesini ölçmek için NanoDrop 2000c (Thermo Scientific, Waltham, US) cihazı ve jel elektroforezi kullanılmıştır. Elektroforez için %2'lik agaroz jel hazırlanmış 1:1 oranında 3 µl RNA örneği, 1 µl yükleme boyası ile karıştırarak agaroz jele yükleme yapılmıştır.

3.7.3 qRT-PZR analizi için cDNA sentezi

Eş zamanlı PZR ile bazı genlerin doğrulamasını yapmak amacı ile materyalden elde edilen RNA'dan cDNA elde etmek için Fermentas Kiti (Fermentas, Ontario, Canada) kullanılmıştır. Eşit miktarda RNA ile çalışmaya başlamak amacıyla, her bir dokuya ait total RNA'lardan 1000 ng olacak şekilde, ayarlanarak RNA kullanılmıştır. 1X için1 µl Oligo dT, 1000 ng RNA olacak şekilde üzerine su eklenerek toplam hacim 11 µL'ye tamamlanmıştır. Tüpler PZR cihazında 65°C'de 5 dk bekletildikten sonra hemen buza gömülmüş ve en az 2 dk buzda tutulmuştur. Ardından herbir tüpe 4 µL 5X Buffer, 2 µL 10 mM dNTP, 1 µL RNase out, 2 µL "Revers Transkriptaz" enzimi konularak toplam hacim 20 µL ye tamamlanmıştır. 37°C'de 60 dk PZR cihazına konulmuş ve 70°C'de 5 dk bekletilmiştir ve 4°C'de reaksiyon sona erdirilmiştir. Ardından oluşturulan tüm

cDNA'lar, 18S rRNA primerleri ile PZR optimizasyonu yapılmış ve cDNA'ların oluşup oluşmadığının kontrolü %2'lik jel yürütülerek belirlenmiştir.

3.7.4 qRT-PZR ile ifade seviyesi ölçümü

İfade durumlarında değişiklik olan genlere özgü primerler için primer3 programı ile (http://primer3plus.com) 5 adet primer dizayn edilmiştir ve dizayn edilen primerler Çizelge 3.1'de listelenmiştir. Bu genlerin bitkideki anlatım düzeyleri qRT-PZR (Roche Light Cycler 480) ile gösterilmiştir. qRT-PZR 96 kuyucuklu optik platelerde 0,1 µl primer (100 pmol), 2 µl cDNA, 10 µl FastStart SYBR Green I Master Mix (Roche Applied Science, Penzberg, Germany) ve toplam hacim 20 µl olacak şekilde nükleaz içermeyen su ile tamamlanarak gerçekleştirilmiştir. Normalizör olarak 18S rRNA geni kullanılmıştır. PZR program aşağıda verildiği gibi ayarlanmıştır; 95°C'de 5 dk ön ısıtma; 95 °C'de 10 s, 53 °C''de 20 s ve 72°C'de 10 s (50 döngü). Fluoresan sinyalleri 530 nm'de 65°C'den 95°C'ye kadar her bir 0.5°C derecede kaydedilmiştir. Son olarak sonuçlar "Roche Light Cycler 480 Software" yazılımı aracılığı ile analiz edilmiştir.

Çizelge 3.1 qRT-PZR için kullanılan primer listesi

Gen Adı	**Primer**
OeuMADS20 (*Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8*)	F: 5'- GGGAAGGGGAAGAGTTGAGT-3', R: 5'- ATGCAGGCACCAGTAGCATA-3'
OeuMADS49 (*MADS-Box protein SVP-benzeri*)	F: 5'- AAAATGGTCGAGGGAGGACT -3', R: 5'- CCCGATGACAAAGGACTGAT -3'
OeuMADS7 (*Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9*)	F: 5'- ATCACTGGAGAGGCAACTCG-3', R: 5'- CACGGCCATAGCCAATATCT -3'
OeuMADS26 (*Fruitfull-benzeri*)	F: 5'- GGGGAGAGGTAGGATTCAGTT-3', R: 5'-CTCAAAGAGCTTTCCCTTGG-3'
OeuMADS67 (*MADS-Box transkripsiyon faktör 23*)	F: 5'- GAAGAAGGCCAAGGAGCTTT-3', R: 5'- TTCTCAGGCTTTCTGCTTCC-3'

4. BULGULAR

4.1 Yabani Zeytin MADS-Box Genlerinin Belirlenmesi

Yabani zeytin genomunda yapılan BLAST analizleri sonucunda 118 adet zeytin MADS-Box domaini içeren gen tespit edilmiştir. 22 genin Mα, 5 genin Mβ, 25 genin Mγ ve 66 genin MIKC grubunda olarak bulunmuştur. 118 adet zeytin MADS-Box genlerinin ayrıntılı olarak analizleri sonucunda elde edilen bulguları Çizelge 4.1'de verilmiştir.

NCBI Blast sonuçlarına göre MIKC ailesinde alt aileler belirlenmiştir. Belirlenen alt ailelerden bazılarına bakıldığında bunlardan *AGL15* genlerinin Arabidopsis'te üreme dokularında güçlü absisyon ve yaşlanmayı geciktirdiği bildirilmiştir (Rameneni *et al.* 2014). Zeytin genomu 3 adet *AGL15* geni içermektedir (*OeuMADS78, OeuMADS88, OeuMADS89*).

AGL17 genleri, pirinç genomu üzerinde yapılan bir çalışmada vejetatif gelişme ve stres yanıtlarında olasılıkla farklı işlevleri vardır (Puig *et al.* 2013). *OeuMADS2, OeuMADS57, OeuMADS61* genlerinin *AGL17* geni içerdiği belirtilmiştir. *AGL17* ile aynı soydan bulunan *AGL16*'nın *OeuMADS62* ile benzerdir.

SVP, AP3/PI, AG/SHP, SOC1, SEP, AGL6, , SQUA ve *AGL12* genleri farklı türlerde çiçek organ gelişimi, çiçeklenme zamanı kontrolü, tohum ve kök gelişiminde çeşitli fonksiyonlar içerir (Rameneni *et al*. 2014). *SVP geni OeuMADS15, OeuMADS17, OeuMADS49, OeuMADS68, OeuMADS69, OeuMADS71, OeuMADS72, OeuMADS75, OeuMADS96, OeuMADS97*'de; *AP3/PI* geni *OeuMADS29, OeuMADS50*'de; *AG* geni *OeuMADS18*'de; *SOC1 OeuMADS33, OeuMADS39, OeuMADS51, OeuMADS79, OeuMADS103, OeuMADS105*; *SEP* geni *OeuMADS1, OeuMADS6, OeuMADS27, OeuMADS106, OeuMADS112'*de; *AGL6* geni *OeuMADS107*'de; *AGL12* geni *OeuMADS3, OeuMADS9, OeuMADS16, OeuMADS90, OeuMADS91'*de içermektedir.

Çizelge 4.1 Zeytin MADS-Box genleri

Adı	Domain	E-Değeri (PFAM)	NCBI BLAST Sonucu	Tip	Grup	Nükleotit uzunluğu (nt)	Moleküler Ağırlığı (kDa)
OeuMADS1	MADS-Box	2.5e-26	SEP1	Tip-2	MIKC	726	59251,8
OeuMADS2	MADS-Box	1.3e-15	AGL17	Tip-2	MIKC	1167	96274,3
OeuMADS3	MADS-Box	4.3e-23	AGL12	Tip-2	MIKC	630	50631,6
OeuMADS4	K-Box	3.1e-18	AGL11	Tip-2	MIKC	447	35883.0
OeuMADS5	MADS-Box	2.6e-26	AGL5	Tip-2	MIKC	822	67443,7
OeuMADS6	K-Box	8.2e-08	CMB1/ SEP3	Tip-2	MIKC	360	28663.9
OeuMADS7	MADS-Box	2.2e-26	AGL9	Tip-2	MIKC	720	58571,3
OeuMADS8	MADS-Box	4.8e-27	AGL11	Tip-2	MIKC	480	38607,0
OeuMADS9	MADS-Box	6.6e-23	AGL12	Tip-2	MIKC	393	32088,6
OeuMADS10	MADS-Box	1.9e-18	AGL80	Tip-1	Mγ	387	30742,8
OeuMADS11	MADS-Box	6e-19	AGL80	Tip-1	Mγ	381	30202,2
OeuMADS12	MADS-Box	1.8e-12	AGL62	Tip-1	Mα	321	26110,1
OeuMADS13	MADS-Box	7.7e-14	AGL80	Tip-1	Mγ	558	45032,2
OeuMADS14	MADS-Box	7.9e-11	AGL80	Tip-1	Mγ	558	45074,3
OeuMADS15	MADS-Box	5.5e-26	SVP	Tip-2	MIKC	687	55190,3
OeuMADS16	K-Box	1.5e-17	AGL12	Tip-2	MIKC	426	34183.5
OeuMADS17	MADS-Box	1.5e-23	SVP	Tip-2	MIKC	714	57642,0
OeuMADS18	K-Box	3.2e-10	AG	Tip-2	MIKC	543	44716.3
OeuMADS19	MADS-Box	2.2e-24	AGL18	Tip-2	MIKC	1227	102205,6
OeuMADS20	MADS-Box	1.4e-25	AGL8	Tip-2	MIKC	333	26491,9
OeuMADS21	MADS-Box	4.2e-22	AGL62	Tip-1	Mα	654	53210,9
OeuMADS22	MADS-Box	1.8e-24	AGL62	Tip-1	Mα	645	53408,4
OeuMADS23	MADS-Box	5.4e-23	AGL62	Tip-1	Mα	654	53074,7
OeuMADS24	MADS-Box	1.8e-24	AGL62	Tip-1	Mα	645	53344,2
OeuMADS25	MADS-Box	3.1e-24	AP3	Tip-2	MIKC	516	41397,7
OeuMADS26	MADS-Box	3.6e-25	AGL8	Tip-2	MIKC	291	24037,5
OeuMADS27	MADS-Box	1e-26	CMB1/SEP4	Tip-2	MIKC	510	41367,8
OeuMADS28	MADS-Box	3.4e-20	AGL66	Tip-2	MIKC	324	26865,4
OeuMADS29	MADS-Box	8e-24	SvPI-1	Tip-2	MIKC	642	51847,1

Çizelge 4.1 Zeytin MADS-Box genleri (devam)

Adı	Domain	E-Değeri (PFAM)	NCBI BLAST Sonucu	Tip	Grup	Nükleotit uzunluğu (nt)	Moleküler Ağırlığı (kDa)
OeuMADS31	MADS-Box	1.1e-17	AGL80	Tip-1	Mγ	615	49834,4
OeuMADS32	MADS-Box	1.7e-26	AG-Like	Tip-2	MIKC	1020	83269,1
OeuMADS33	MADS-Box	1.5e-27	SOC1	Tip-2	MIKC	480	38454,4
OeuMADS34	MADS-Box	6.8e-14	AGL80	Tip-1	Mγ	558	45132,2
OeuMADS35	MADS-Box	2.4e-13	AGL80	Tip-1	Mγ	579	47109,6
OeuMADS36	MADS-Box	6.7e-19	AGL62	Tip-1	Mα	855	69295,5
OeuMADS37	MADS-Box	8e-16	AGL86	Tip-1	Mγ	966	77966,4
OeuMADS38	MADS-Box	5.4e-28	AGL14	Tip-2	MIKC	234	19093,2
OeuMADS39	MADS-Box	5.2e-10	AGL14/SOC1	Tip-2	MIKC	618	48949,6
OeuMADS40	MADS-Box	2.1e-21	AGL62	Tip-1	Mα	618	50506,0
OeuMADS41	MADS-Box	6.8e-21	AGL62	Tip-1	Mα	681	55350,5
OeuMADS42	MADS-Box	7.3e-23	AGL8	Tip-2	MIKC	1011	84261,5
OeuMADS43	MADS-Box	2.1e-20	ANR-1/AGL104	Tip-2	MIKC	270	22462,8
OeuMADS44	MADS-Box	7.9e-08	AGL86	Tip-1	Mγ	669	53924,7
OeuMADS45	MADS-Box	2.4e-09	MADS56/AGL93	Tip-1	Mβ	822	67160,4
OeuMADS46	MADS-Box	6.7e-10	AGL93	Tip-1	Mβ	405	31881,6
OeuMADS47	MADS-Box	0.00013	AGL93	Tip-1	Mβ	678	55501,5
OeuMADS48	MADS-Box	8.1e-21	AGL18	Tip-2	MIKC	306	25483,7
OeuMADS49	MADS-Box	7.2e-24	SVP	Tip-2	MIKC	633	51023,6
OeuMADS50	K-Box	2e-06	SvPI-1	Tip-2	MIKC	336	27566.6
OeuMADS51	MADS-Box	5.6e-26	SOC1	Tip-2	MIKC	306	24981,7
OeuMADS52	MADS-Box	3.7e-14	MADS56/AGL86	Tip-1	Mγ	960	74044,2
OeuMADS53	MADS-Box	0.00022	FCA-like	Tip-2	MIKC	1215	100985,3
OeuMADS54	MADS-Box	3.3e-05	FCA-like	Tip-2	MIKC	1242	103557,3
OeuMADS55	MADS-Box	2.8e-16	MADS23/AGL18	Tip-2	MIKC	279	22704,0
OeuMADS56	MADS-Box	4.3e-05	MADS56/AGL93	Tip-1	Mβ	330	26460,9
OeuMADS57	MADS-Box	1e-24	MADS23/AGL17	Tip-2	MIKC	744	60042,3
OeuMADS58	MADS-Box	4.7e-19	AGL61	Tip-1	Mα	957	76789,4
OeuMADS59	MADS-Box	1.3e-24	FBP24	Tip-2	MIKC	837	68209,0

Çizelge 4.1 Zeytin MADS-Box genleri (devam)

Adı	Domain	E-Değeri (PFAM)	NCBI BLAST Sonucu	Tip	Grup	Nükleotit uzunluğu (nt)	Moleküler Ağırlığı (kDa)
OeuMADS60	MADS-Box	1.7e-17	MADS17/AGL62	Tip-1	Mα	513	40220,9
OeuMADS61	MADS-Box	1.2e-25	AGL17	Tip-2	MIKC	189	15039,5
OeuMADS62	K-Box	4.5e-18	AGL16/MADS23	Tip-2	MIKC	387	31382.1
OeuMADS63	MADS-Box	6e-26	AGL8	Tip-2	MIKC	930	77158,6
OeuMADS64	MADS-Box	9.8e-19	AGL80	Tip-1	Mγ	417	32900,9
OeuMADS65	MADS-Box	5.8e-27	AGL1	Tip-2	MIKC	381	32375,0
OeuMADS66	MADS-Box	1.2e-06	AGL62	Tip-1	Mα	243	19708,6
OeuMADS67	MADS-Box	6.2e-25	MADS23	Tip-2	MIKC	708	56614,5
OeuMADS68	MADS-Box	4.8e-14	SVP	Tip-2	MIKC	669	53804,7
OeuMADS69	MADS-Box	7.8e-10	SVP	Tip-2	MIKC	213	18019,1
OeuMADS70	MADS-Box	1e-19	AGL62	Tip-1	Mα	690	56202,2
OeuMADS71	K-Box	1.9e-14	SVP/JOINTLESS	Tip-2	MIKC	414	32730.1
OeuMADS72	K-Box	5.8e-14	SVP	Tip-2	MIKC	483	38241.3
OeuMADS73	K-Box	2.1e-24	AP1/FUL	Tip-2	MIKC	246	20042.2
OeuMADS74	MADS-Box	6.2e-05	MADS56/AGL93	Tip-1	Mγ	489	39418,1
OeuMADS75	MADS-Box	8.6e-26	SVP	Tip-2	MIKC	1041	84079,0
OeuMADS76	MADS-Box	4.7e-15	AGL80	Tip-1	Mγ	999	82033,8
OeuMADS77	MADS-Box	4.5e-15	AGL92	Tip-1	Mγ	1020	83845,0
OeuMADS78	MADS-Box	1.9e-24	AGL15	Tip-2	MIKC	819	66388,5
OeuMADS79	MADS-Box	6.8e-27	SOC1	Tip-2	MIKC	732	59339,2
OeuMADS80	MADS-Box	1.5e-09	AGL86	Tip-1	Mγ	1599	131966,2
OeuMADS81	MADS-Box	9.3e-10	MADS56/AGL86	Tip-1	Mγ	1104	90725,1
OeuMADS82	MADS-Box	6.7e-19	AGL62	Tip-1	Mα	420	33739,2
OeuMADS83	MADS-Box	3e-12	AGL62	Tip-1	Mα	858	69062,2
OeuMADS84	MADS-Box	1.3e-18	AGL62	Tip-1	Mα	600	47838,4
OeuMADS85	MADS-Box	5.6e-05	AGL93	Tip-1	Mβ	171	139022,0
OeuMADS86	MADS-Box	1.2e-21	AGL62	Tip-1	Mα	447	36153,2
OeuMADS87	MADS-Box	0.00012	AGL86	Tip-1	Mγ	342	27106,1
OeuMADS88	MADS-Box	2.3e-21	AGL15	Tip-2	MIKC	621	50112,6

Çizelge 4.1 Zeytin MADS-Box genleri (devam)

Adı	Domain	E-Değeri (PFAM)	NCBI BLAST Sonucu	Tip	Grup	Nükleotit uzunluğu (nt)	Moleküler Ağırlığı (kDa)
OeuMADS89	MADS-Box	2.9e-23	AGL15	Tip-2	MIKC	312	26038,3
OeuMADS90	K-Box	6.6e-21	AGL12	Tip-2	MIKC	351	27857.3
OeuMADS91	MADS-Box	1.2e-22	AGL12	Tip-2	MIKC	537	43104,2
OeuMADS92	K-Box	1.3e-15	defh21/ FBP24	Tip-2	MIKC	591	48887.4
OeuMADS93	MADS-Box	4.3e-14	AGL62	Tip-1	Mα	351	28178,1
OeuMADS94	MADS-Box	2.1e-18	AGL62	Tip-1	Mα	588	46536,8
OeuMADS95	MADS-Box	4.4e-22	AGL62	Tip-1	Mα	615	49908,4
OeuMADS96	MADS-Box	1e-24	SVP/JOINTLESS	Tip-2	MIKC	657	53148,2
OeuMADS97	MADS-Box	4.7e-25	SVP/JOINTLESS	Tip-2	MIKC	762	61562,2
OeuMADS98	MADS-Box	1.1e-24	AP1	Tip-2	MIKC	729	59064,5
OeuMADS99	MADS-Box	4.8e-13	AGL80	Tip-1	Mγ	579	47093,5
OeuMADS100	MADS-Box	7.4e-13	AGL80	Tip-1	Mγ	558	45260,4
OeuMADS101	MADS-Box	1.1e-13	AGL80	Tip-1	Mγ	558	45124,3
OeuMADS102	MADS-Box	2.3e-13	AGL80	Tip-1	Mγ	579	47051,5
OeuMADS103	K-Box	6.1e-17	AGL19/SOC1	Tip-2	MIKC	282	22923.0
OeuMADS104	K-Box	2.5e-24	AGL8	Tip-2	MIKC	504	41295.6
OeuMADS105	MADS-Box	1.5e-17	SOC1	Tip-2	MIKC	666	54670,7
OeuMADS106	MADS-Box	2.7e-26	AGL9/SEP3	Tip-2	MIKC	810	65867,5
OeuMADS107	MADS-Box	2.9e-27	MADS6/AGL6	Tip-2	MIKC	738	59536,1
OeuMADS108	MADS-Box	2.8e-16	AGL80	Tip-1	Mγ	501	40630,1
OeuMADS109	MADS-Box	4.7e-15	AGL92	Tip-1	Mγ	1020	83620,8
OeuMADS110	MADS-Box	1.7e-16	AGL92	Tip-1	Mγ	924	75730,1
OeuMADS111	MADS-Box	4.1e-26	AGL8	Tip-2	MIKC	969	80154,9
OeuMADS112	MADS-Box	2.9e-26	SEP1	Tip-2	MIKC	846	68634,1
OeuMADS113	K-Box	2.9e-27	DEFH28/ FRUITFULL-like	Tip-2	MIKC	594	48254.0
OeuMADS114	MADS-Box	2.9e-25	MADS23/AGL18	Tip-2	MIKC	711	56390,9
OeuMADS115	MADS-Box	2.6e-07	AGL61	Tip-1	Mα	303	25156,9
OeuMADS116	MADS-Box	5.5e-19	AGL62	Tip-1	Mα	855	69547,8

Çizelge 4.1 Zeytin MADS-Box genleri (devam)

Adı	Domain	E-Değeri (PFAM)	NCBI BLAST Sonucu	Tip	Grup	Nükleotit uzunluğu (nt)	Moleküler Ağırlığı (kDa)
OeuMADS117	MADS-Box	9.3e-20	AGL62	Tip-1	Mα	654	53453,3
OeuMADS118	MADS-Box	1.6e-15	AGL86	Tip-1	Mγ	996	80537.2

4.2 Farklı Bitkilerde MADS-Box Genlerinin Tanımlanması

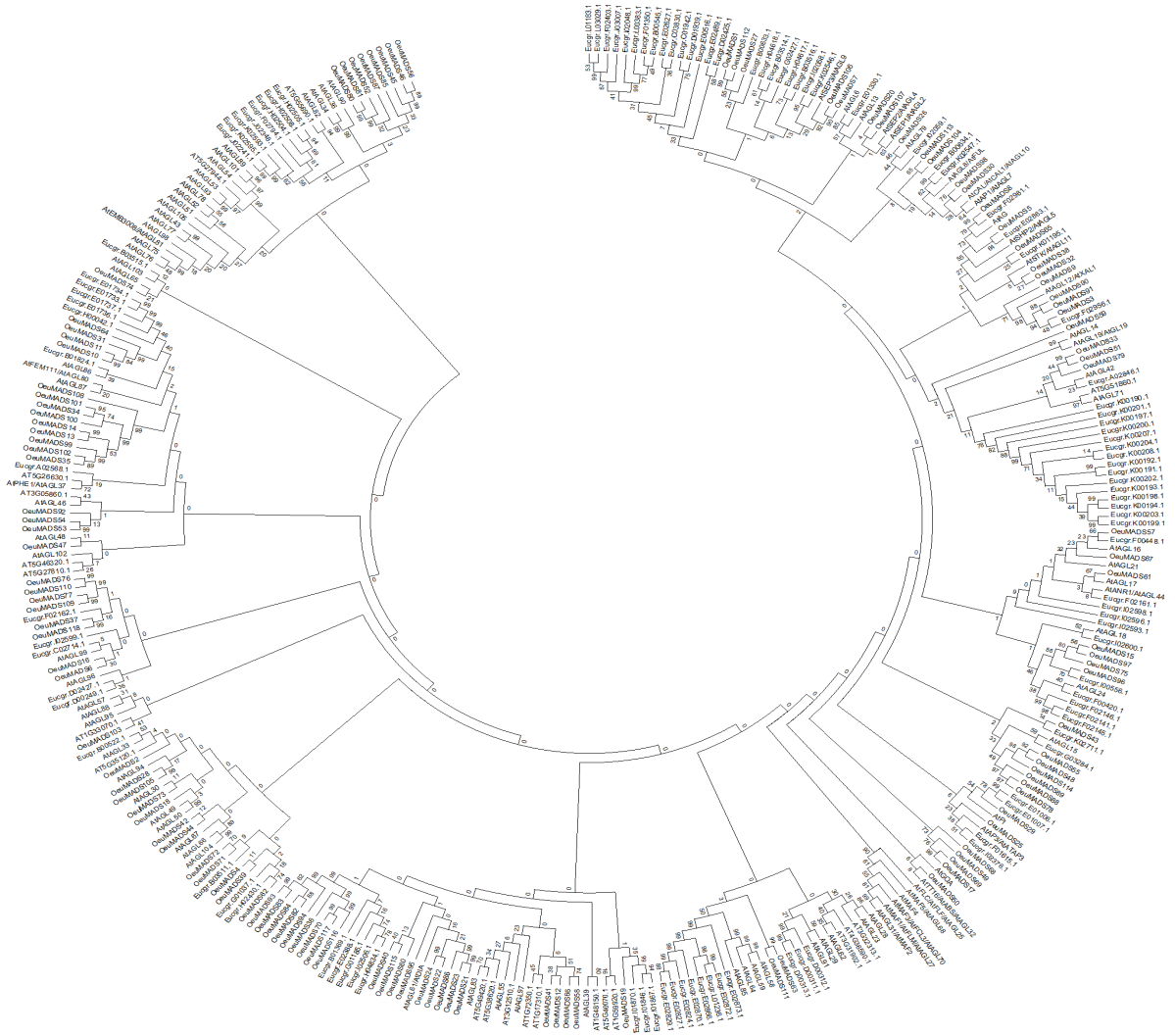
Arabidopsis thaliana, *Eucalyptus grandis* ve *Populus trichocarpa* genomları üzerinde oluşturulan veri seti ile MADS-Box genleri Blast analizleri ile tanımlanmıştır. Analizler sonucunda elde edilen MADS-Box gen verileri Çizelge 4.2'de verilmiştir.

Çizelge 4.2 Farklı genomlarda MADS-Box genleri

Türler	MIKC	Mα	Mβ	Mγ	Mδ	Gruplandırılmamış	Toplam
Eucalyptus grandis	69	19	8	8	1	2	107
Arabidopsis thaliana	39	25	22	16	7	-	109
Populus trichocarpa	56	23	10	6	6	2	103

4.3 MADS-Box Genlerinin Filogenetik Analizi

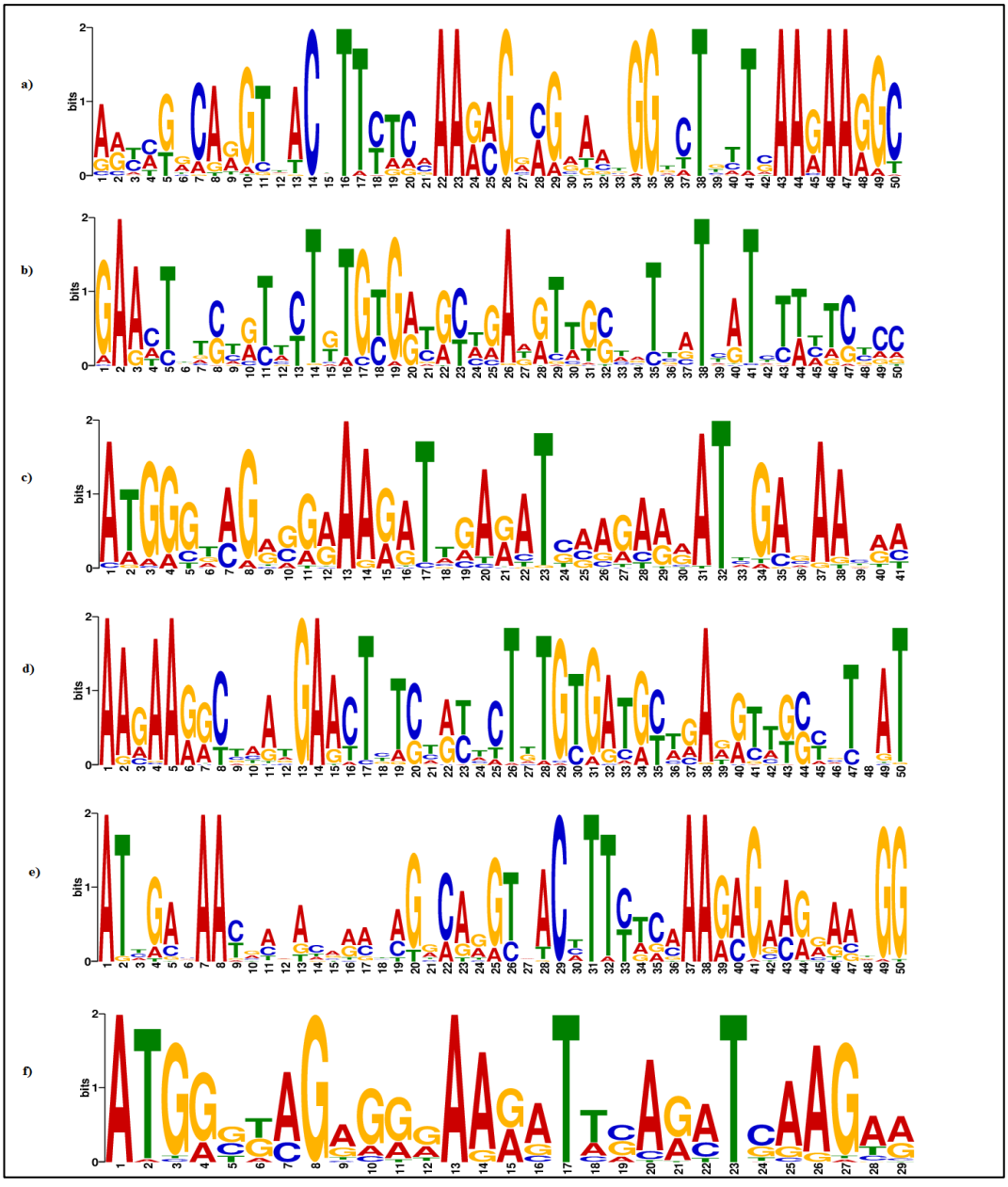
Elde edilen 118 adet Zeytin MADS-Box geni, 109 adet *Arabidopsis thaliana* MADS-Box geni, 103 adet *Eucalyptus grandis* MADS-Box genleri ile birbiri arasındaki filogenetik ilişkiyi ortaya koyulmuştur. Şekil 4.1'de filogenetik şeması gösterilmiştir.



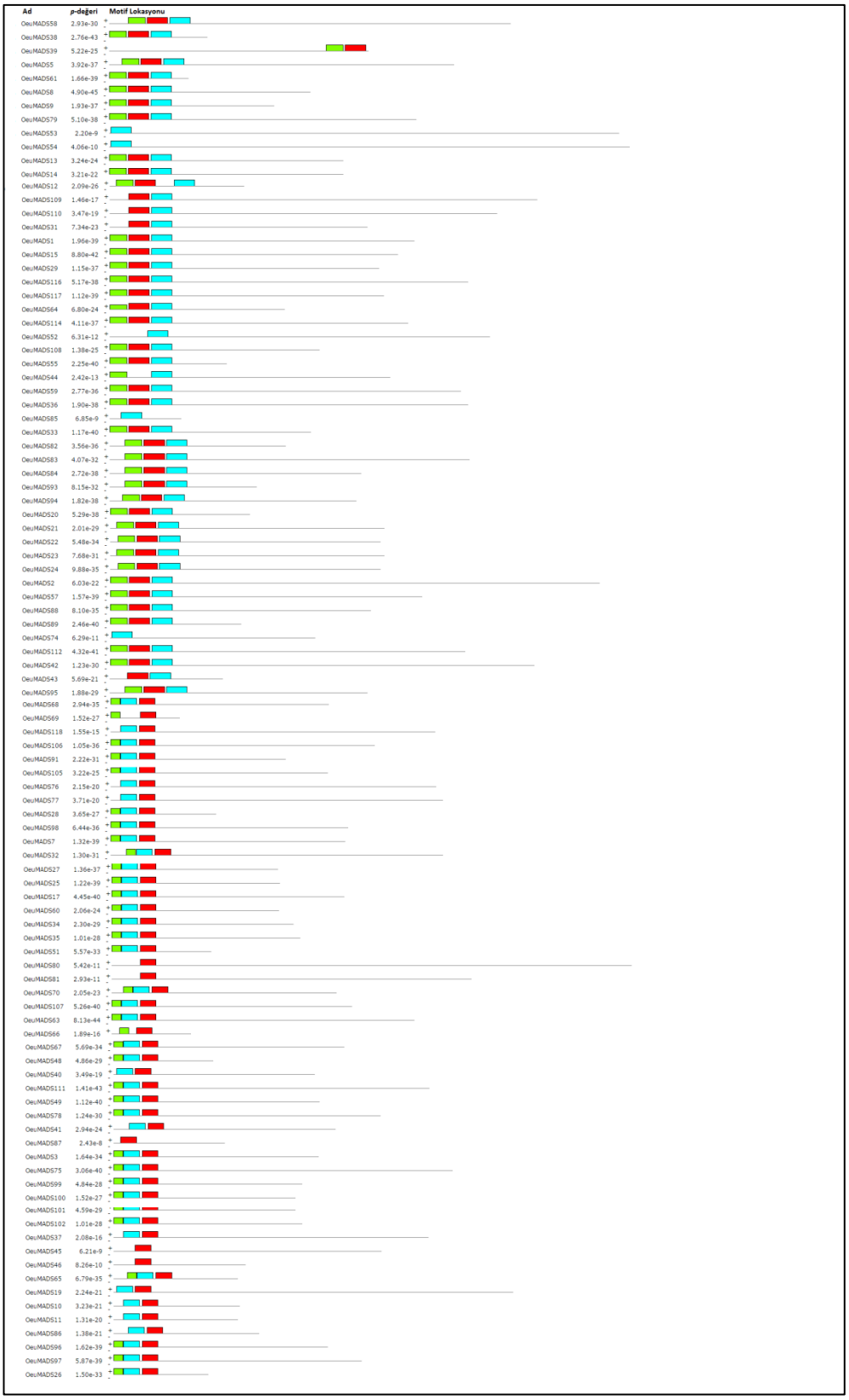
Şekil 4.1 Zeytin MADS-Box genlerinin *Arabidopsis thaliana*, *Eucalyptus grandis* MADS-Box genleriyle birlikte filogenetik şeması

4.4 Motif Analizi Sonuçları

MEME aracılığı ile yapılan motif analizi sonucunda zeytin MADS-Box genlerinin nükleotit dizilerinde altı adet motif belirlenmiştir. Bu motifler Şekil 4.2'de gösterilmiştir. Motiflerin gen üzerinde bağlanma bölgeleri ise Şekil 4.3'de verilmiştir.



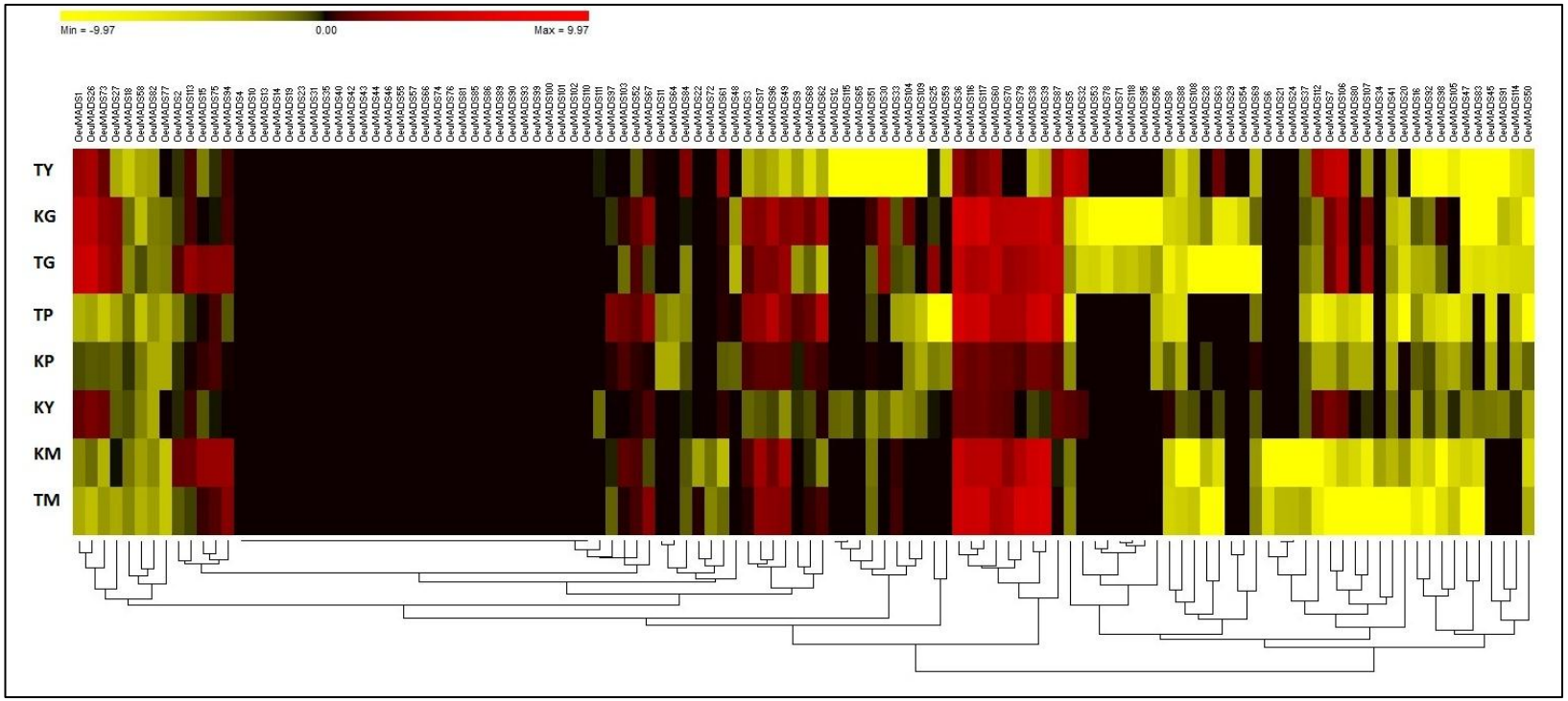
Şekil 4.2 Zeytin MADS-Box genlerine ait bağlanma motifleri (A:Adenin, G:Guanin, C:Sitozin, T:Timin) (a-Motif 1 b-Motif 2 c-Motif 3 d- Motif 4 e-Motif 5 f-Motif 6)



Şekil 4.3 MADS-Box genlerinin motif üzerinde bağlanma domainleri (Mavi: Motif 1 ve 4, Kırmızı: Motif 2 ve 5, Yeşil: Motif 3 ve 6)

4.5 MADS-Box Genlerin RNA-Dizileme Kütüphanelerinde Isı Grafiği

Zeytin Genom Konsorsiyumu tarafından yabani zeytin kütüphanelerinde yeni nesil dizileme ile yapılan RNA-dizileme sonrasında hesaplanan RPKM verilerine göre kütüphaneler arasındaki ifade seviyeleri farkı ısı grafiği ile Şekil 4.4'de gösterilmiştir.



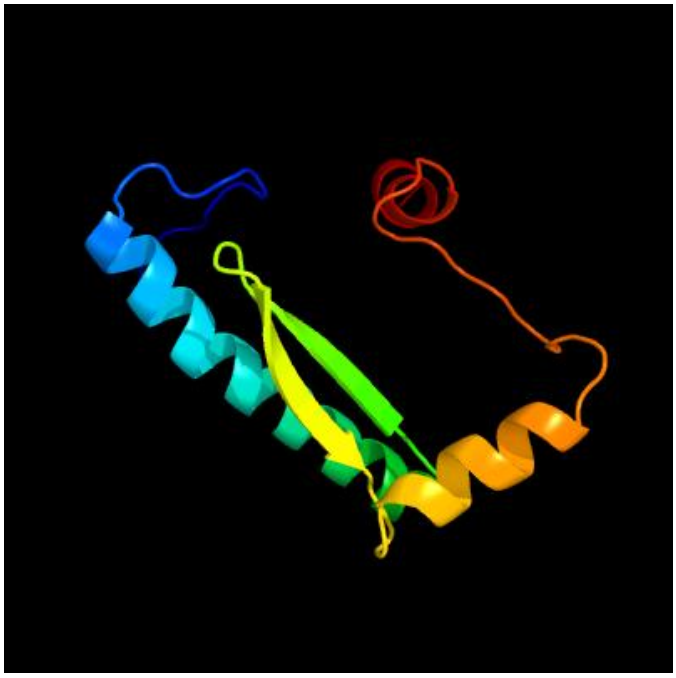
Şekil 4.4 Zeytin RNA-Dizileme kütüphanelerinde MADS-Box genlerinin ifade seviyeleri (TY: Temmuz yaprak, KY: Kasım yaprak, TM: Temmuz meyve, KM: Kasım meyve, TP: Temmuz pedisel, KP: Kasım pedisel, TG: Temmuz gövde, KG: Kasım gövde)

4.6 MADS-Box Genlerinde Domainlerin 3-D Yapısının Belirlenmesi

MADS-Box genlerinde domainlerin 3-D yapı belirlenmesi açısından Blast analizleri sonucunda %100 eşleşen rastgele iki gen seçilerek analiz gerçekleştirilmiştir.

Bu genlerden ilki olan *OeuMADS20* geninin Phyre2 aracılığı ile 3D yapısı aşağıda özetlenmiştir.

Katlanma yapısı: SRF-benzeri
Süperaile: SRF- benzeri
Aile: SRF- benzeri
Güvenirlik: %100 Kapsama: %82
Görüntü renklendirilmesi: N → C terminus
Model boyutları (Å): X:36.465 Y:43.726 Z:44.746



Şekil 4.5 *OeuMADS20* geninin 3-D yapı modeli

Bir diğer gen olan *OeuMADS21* adlı genin Phyre2 aracılığı ile 3-D yapı özellikleri ise;

Katlanma yapısı: SRF-benzeri

Süperaile: SRF- benzeri

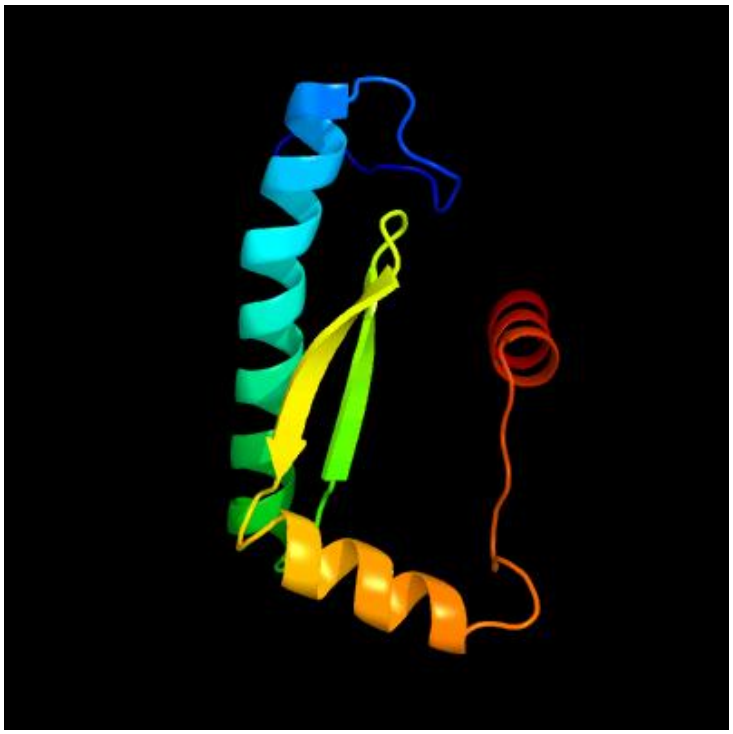
Aile: SRF- benzeri

Güvenirlik: %100 Kapsama: %41

Görüntü renklendirilmesi: N → C terminus

Görüntü renklendirilmesi: N → C terminus

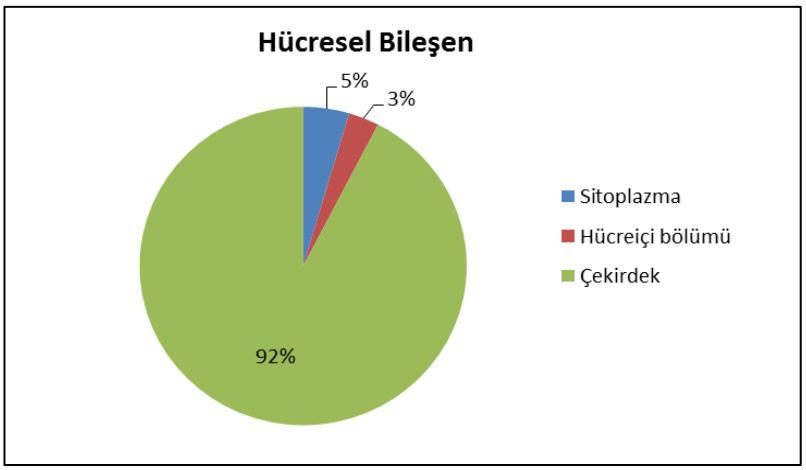
Model boyutları (Å): X:36.160 Y:41.558 Z:45.568



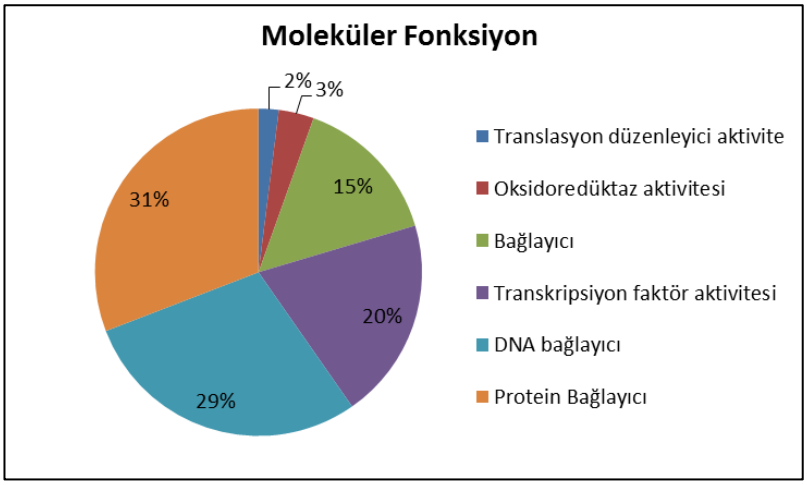
Şekil 4.6 *OeuMADS21* geninin 3D yapı modeli

4.7 Zeytin MADS-Box TF Genlerinin Ontolojisi

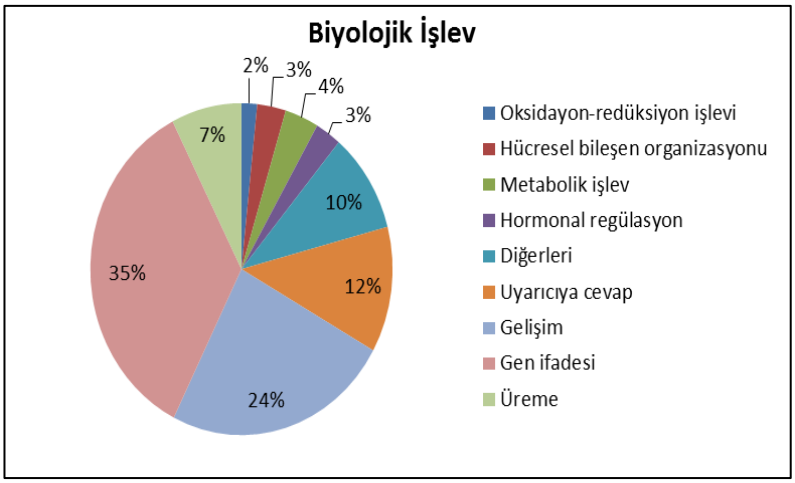
Zeytine ait olan 118 MADS-Box genin Blast2GO analizi sonucunda genlerin moleküler fonksiyonu, hücresel bileşen ve biyolojik işlevi olarak üç sınıfa ayırılarak Şekil 4.7, Şekil 4.8 ve Şekil 4.9'da gösterilmiştir. Hücresel bileşende 62 genin en fazla çekirdek, moleküler fonksiyonda 93 genin protein bağlayıcı, biyolojik işlevde ise 64 genin gen ifadesi büyük oranda belirlenmiştir. 118 adet MADS-Box genlerine ait tüm gen ontoloji sonuçları EK-1'de listelenmiştir.



Şekil 4.7 MADS-Box genlerinin hücresel bileşen bakımından rolü



Şekil 4.8 MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından rolü



Şekil 4.9 MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından rolü

4.8 miRNA Hedef Genleri

Analizler sonucunda belirlenen 118 adet MADS-Box geninin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri belirlenmiştir ve Çizelge 4.3'de gösterilmiştir.

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS1	dps-miR-2567a	miRNA: ACCAGGUUAGAUUUGCGAAACG Hedef Transkript: CGUUUCGCAAAUCAGACCUGAU	*ATP-bağımlı RNA helikaz DBP2-A*	AJ407703
OeuMADS2	gra-MIR8768	miRNA: UUCCAUGUCACAGAGAUGUUG Hedef Transkript: UAUCAACCCUGUGACAUGGAA	Kromozom chr8 scaffold_23, *Vitis vinifera*	TC138808
OeuMADS3	Mmu-miR-7229	miRNA: UACACAGACCAGUGACUUUCUGCA Hedef Transkript: CUGAAAGUCGCUGGCUUGUGUG	Kromozom chr18 scaffold_1 *Vitis vinifera*	TC158122
OeuMADS4	bdi-MIR7746	miRNA: AUAGACUAAGAGUUCCAACAGAAG Hedef Transkript: CUGUUGGGGCUUUGAGUUUAU	Karakterize edilmemiş membran protein	TC174628
OeuMADS5	tca-miR-3825	miRNA: ACCGUGCGGAGAAGACAACAAG Hedef Transkript: UUUGUUUUUUUCUCAGCAUGGU	*Hetrotrimerik G protein alfa altünite*	TC144354
OeuMADS6	ptc-miR6432	miRNA: CGGCUCUAGAGAAAAAGAUGG Hedef Transkript: UAUAUUUUUCUCAAGAGCCG	Kromozom chr8 scaffold_34, *Vitis vinifera*	DB874931

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS7	cpa-miR8146	miRNA: AGGAAGACGGUGAGUAGAAGCCAA Hedef Transkript: CUUUUACUGGCUGUUUUCCU	*Na+/H+ antiporter*	TC158255
OeuMADS8	dps-miR-219	miRNA: UGAUUGUCCAAACGCAAUUCUUG Hedef Transkript: AAGAAUUUCGUUUGGAUAGUCU	Kromozom belirlenmedi scaffold_213, *Vitis vinifera*	TC180587
OeuMADS9	Mmu-miR-7229	miRNA: UACACAGACCAGUGACUUUCUGCA Hedef Transkript: CUGAAAGUCGCUGGCUUGUGUG	Kromozom chr18 scaffold_1 *Vitis vinifera*	TC158122
OeuMADS10	dme-miR-4963	miRNA: GGUUUCAUAACGCAGAGAAUC Hedef Transkript: GUUCUUUACGUUAUGAAAUU	*Aldehit Dehidroge naz ailesi 7 üye A1*	TC158844
OeuMADS11	dme-miR-4963	miRNA: GGUUUCAUAACGCAGAGAAUC Hedef Transkript: GUUCUUUACGUUAUGAAAUU	*Aldehit Dehidroge naz ailesi 7 üye A1*	TC158844
OeuMADS12	bta-miR-2486	miRNA: AAAUGAGGGGCAAAAUCUGUGUU Hedef Transkript: GCACAGGUUUUUCCCUUCAUUA	*Nükleobaz-askorbat taşıyıcı 4*	TC182390
OeuMADS13	gga-miR-1809	miRNA: ACGUGGGAAGUUUGGCAGAGCAUG Hedef Transkript: CCCUGCCAAACUUCCCAAGU	*Glutamin sentetaz*	TC180820
OeuMADS14	gga-miR-1809	miRNA: ACGUGGGAAGUUUGGCAGAGCAUG Hedef Transkript: CCCUGCCAAACUUCCCAAGU	*Glutamin sentetaz*	TC180820
OeuMADS15	hsa-miR-4778	miRNA: AAUUCUGUAAAGGAAGAAGAGG Hedef Transkript: CUUUUUUUUCUUUACAGGGUU	*Selüloz sentetaz*	TC137998
OeuMADS16	hsa-miR-4779	miRNA: UAGGAGGGAAUAGUAAAAGCAG Hedef Transkript: CUGCUGUUUCUGUUCUCUCCUA	Kromozom chr6 scaffold_3 *Vitis vinifera*	TC167324
OeuMADS17	bdi-miR7708a	miRNA: UGUAAUGGUACUGAACAAAGACGC Hedef Transkript: GCUUUUGUUCAGUACUGUUAAA	*Sitokrom P450*	TC140767
OeuMADS18	prd-miR-7924	miRNA: UAUCAUGUUGAACAGAUUGUUG Hedef Transkript: AAUAAUCUGUGAAAUAUGAUA	Kromozom chr14 scaffold_21 *Vitis vinifera*	TC151929
OeuMADS19	dvi-miR-263b	miRNA: CUUGGCACUGGGAGAAUUCACAG Hedef Transkript: AUAAUUCUCUCGGUGCCAAG	Kromozom chr5 scaffold_64 *Vitis vinifera*	TC160272

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS20	gga-mir-577	miRNA: CAUCUUCUACUCUGUUUUCUUCU Hedef Transkript: AUGAGAAGACAGAGUUGGAGGUG	*Sitozolik NADP+-izositrat dehidrogenaz*	TC141014
OeuMADS21	gga-miR-1756b	miRNA: UUCUCUGAUUUACACUAGCUGAG Hedef Transkript: UGGCUAUUGUAAGUCAGGGGA	Kromozom chr1 scaffold_46 *Vitis vinifera*	TC188221
OeuMADS22	ccr-miR-551	miRNA: GCGACCCAUCCUUGGUUUCUG Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS23	gga-miR-1756b	miRNA: UUCUCUGAUUUACACUAGCUGAG Hedef Transkript: UGGCUAUUGUAAGUCAGGGGA	Kromozom chr1 scaffold_46 *Vitis vinifera*	TC188221
OeuMADS24	bdi-miR5049	miRNA: UCCUUCCGACCCAUAUUACUUGU Hedef Transkript: AAGAAAUGUGGGUGGGAAGGA	Kromozom chr3 scaffold_8 *Vitis vinifera*	TC149358
OeuMADS25	bmo-miR-2831	miRNA: UACAAACAAAGCAUUUGUUUGA Hedef Transkript: UAAAACUAGUGCUUUGUUUGUA	Kromozom chr5 scaffold_72 *Vitis vinifera*	TC155983
OeuMADS26	ptr-miR-508	miRNA: UGAUUGUAGCCUUUUUGAGUAGA Hedef Gen: ACUUAAACAGGCUGCAAUCU	Kromozom chr10 scaffold_179, *Vitis vinifera*	TC183652
OeuMADS27	mmu-miR-466f	miRNA: CAUACACACACACAUACACAC Hedef Transkript: GUGUGUGUGUGUGUGUGUG	*Ku70 homolog*	TC154837
OeuMADS28	sma-miR-755	miRNA: UGAGAUUCAACUACUUCAACU Hedef Transkript: GUUGAAGGGUUUGAAUCUCG	*Fasciclin-benzer AGP*	TC138341
OeuMADS29	mtr-miR2669a	miRNA: AAAGUUCAGUCUUCAUAGUAUC Hedef Transkript: GGUAUUAUGAACAUAGAACUUU	*Kalmodulin cam-210*	TC138553
OeuMADS30	oan-miR-7432	miRNA: AGCAAAUGAAUAUCUGUCCUGG Hedef Transkript: CUUGGAUAGUUGUUCAUUUGCU	Kromozom chr7 scaffold_294 *Vitis vinifera*	TC146013
OeuMADS31	gga-miR-1570	miRNA: GAAGGGUGUGCAGAAGAAUGUGA Hedef Transkript: CCCAUUCUUUACCACAUCCUUC	Kromozom chr8 scaffold_88 *Vitis vinifera*	TC146409
OeuMADS32	mmu-miR-5101	miRNA: UUUGUUUGUUUUGCUGAUGCAG Hedef Transkript: GCAUAACCAAAGCAAACAAA	*Mitokondriyal glisin dekarboksilaz kompleks H-protein*	TC142891
OeuMADS33	mdo-miR-22	miRNA: AAGCUGCCAGUUGAAGAACUGC Hedef Transkript: UAGUUCUUUUGUUGGUAGCUU	*PSII 43 kDa protein*	TC138281

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS34	bmo-miR-2799	miRNA: AGAGGUUUAUGAACAUGAUGAG Hedef Transkript: UAUCGUGUUCAUAGCCCUCU	*Selüloz sentetaz*	TC137997
OeuMADS35	ppc-miR-8222	miRNA: ACGGCGACAUCCUUAGGAGAAA Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS36	mmu-miR-873b	miRNA: ACAAGUUCCUGCAAAUGCACAC Hedef Transkript: GUGAAUUUGUAGCAGCUUGU	*Metallotionein in 3b*	TC166522
OeuMADS37	crm-miR-787	miRNA: UAAGCUCGUCUUUGUUUUCCUGC Hedef Transkript: UGAAAAUAAACACGAGCUUG	*Kunitz tripsin inhibitor*	TC148201
OeuMADS38	hsa-miR-3920	miRNA: ACUGAUUAUCUUAACUCUCUGA Hedef Transkript: AGAGAGUUUUGACAAUCAGU	Kromozom chr14 scaffold_9 *Vitis vinifera*	TC139164
OeuMADS39	eca-miR-9082	miRNA: UUCUUCCUCUCACAACCCUCAGACA Hedef Transkript: CUGGGGGUGGUGAGAAGAAGAA	*60S ribozomal protein*	TC157290
OeuMADS40	gga-miR-1756b	miRNA: UUCUCUGAUUUACACUAGCUGAG Hedef Transkript: UGGCUAUUGUAAGUCAGGGGA	Kromozom chr1 scaffold_46 *Vitis vinifera*	TC188221
OeuMADS41	bdi-miR164a	miRNA: CAUGUGCCCUUCUUCUCCACC Hedef Transkript: UUGGAGGAGUAGGGCACAUG	*Sinnamıl alkol dehidrogenaz*	TC184243
OeuMADS42	bra-miR9558	miRNA: AGAGAUGUCUGGCUUGCAACA Hedef Transkript: UGUUGCAGGCAAAACAUCUUU	Kromozom chr11 scaffold_13 *Vitis vinifera*	TC172341
OeuMADS43	hsa-miR-603	miRNA: CACACACUGCAAUUACUUUUGC Hedef Transkript: AAAAGUAGUAGUAGUGUGUG	*Ubiquitin taşıyıcı protein*	TC143299
OeuMADS44	hsa-miR-4653	miRNA: UCUCUGAGCAAGGCUUAACACC Hedef Transkript: UCUGAAGUCUUGCUCAGGGA	*Fasciclin-benzer AGP 12*	TC153015
OeuMADS45	mtr-miR2087	miRNA: GAAGUAAAGAACCGGCUGCAG Hedef Transkript: UGGAGUUGGCUCUUUACUUC	*Histon H2A*	TC144358
OeuMADS46	ppc-miR-2a	miRNA: UAUCACAGCGCUUGCUUUGACAUG Hedef Transkript: UCAAAACGAGAGUUGUGAUA	Kromozom chr1 scaffold_5 *Vitis vinifera*	TC155172
OeuMADS47	gga-miR-1588	miRNA: CAGGAACCAGCUUUCGGCUCU Hedef Transkript: GGACCCAAAAGCUGGUUCCUU	Kromozom chr17 scaffold_12 *Vitis vinifera*	TC139872

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS48	mmu-miR-496b	miRNA: CAACAUGGCCAAUUCCUUUCAU Hedef Transkript: AAGAAAGGAGUUGGUGGUGUUG	*Hızlı alkalinizasyon faktör 2*	TC139764
OeuMADS49	mtr-miR2642	miRNA: AUGAGUUUCAUCAAAUCAUGU Hedef Transkript: CAGGAUUGCAUGAAACUCAU	Kromozom chr11 scaffold_56 *Vitis vinifera*	DT505879
OeuMADS50	osa-miR440	miRNA: AGUGUCUCCUGAUGAUCGGGACAA Hedef Transkript: CUCGAUUAUCAAGAGAUAUU	Kromozom chr14 scaffold_21 *Vitis vinifera*	TC155820
OeuMADS51	bbe-miR-34g	miRNA: GCAGUGAUGUUAGUUGUUGU Hedef Transkript: ACAACAGUUGACGUUAUUGC	*GDSL-lipaz1*	TC150790
OeuMADS52	ath-miR847	miRNA: UCACUCCUCUUCUUCUUGAUG Hedef Transkript: AUCAAGGAGGAGGGGAGGGA	*RAD51 homolog*	TC176016
OeuMADS53	ssa-miR-725	miRNA: AGCUAGAAACCUUGCCUGAGAU Hedef Transkript: AACUCAGGCAUGAGUUCUAGCU	*Pumilio domain-içeren protein PPD1*	TC138004
OeuMADS54	efu-miR-9262	miRNA: GAUGCCAUUUUGGGCCUGUGGUUU Hedef Transkript: CAUGGGCCCAACUUGGCAUC	Kromozom chr18 scaffold_1, *Vitis vinifera*	TC188388
OeuMADS55	mmu-miR-5135	miRNA: AGGUCUAGGUGGCAAGGGCGUCCU Hedef Transkript: UGCCUUUGCCACCAAGGCCU	*Selüloz sentetaz*	TC137995
OeuMADS56	ppc-miR-2a	miRNA: UAUCACAGCGCUUGCUUUGACAUG Hedef Transkript: UCAAAACGAGAGUUGUGAUA	Kromozom chr1 scaffold_5 *Vitis vinifera*	TC155172
OeuMADS57	mdo-miR-7355	miRNA: CUUCACACUCUUUCCCCUCCA Hedef Transkript: UGGAUGGGAA-GAGUGUGAAG	Kromozom chr2 scaffold_11 *Vitis vinifera*	TC169084
OeuMADS58	rno-miR-760	miRNA: CCCCUCAGGCCACCAGAGCCCG Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS59	cel-miR-79	miRNA: CUUUGGUGAUUCAGCUUCAAUGA Hedef Transkript: UGUUCGAGUUGAAGCACCAAAG	*NADH plastoquinon oksidoredükta z 49 KD altünite*	TC180142
OeuMADS60	bmo-miR-2799	miRNA: AGAGGUUUAUGAACAUGAUGAG Hedef Transkript: UAUCGUGUUCAUAGCCCUCU	*Selüloz sentetaz*	TC137997

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS61	eca-miR-8945	miRNA: CUCAAAGGAUACGGGCUCUUGAA Hedef Transkript: UAAGAGCCUGGAACUUUUGAG	Kromozom chr18 scaffold_1 *Vitis vinifera*	TC174215
OeuMADS62	bmo-miR-3316	miRNA: UGCAUUACUGUUUCUUCGACUCCG Hedef Transkript: GUCGAAGUGUCAGUGAUGCA	*Hücre bölünmesi kontrol protein 48-benzer protein*	TC178188
OeuMADS63	gga-miR-6588	miRNA: UUGCUGGGCUGGGGGAAGAGGAU Hedef Transkript: UCUCUUCCUCCUUCCCAGUAA	*Diadenozin 5',5'''-P1,P4-tetrafosfat hidrolaz*	CV281485
OeuMADS64	dme-miR-4963	miRNA: GGUUUCAUAACGCAGAGAAUC Hedef Transkript: GUUCUUUACGUUAUGAAAUU	*Aldehit dehidrogenaz ailesi 7 üye A1*	TC158844
OeuMADS65	rno-miR-3572	miRNA: UUACACUUGCCCUUUUUUCCCCAG Hedef Transkript: GGAAAAGAAGGAAAGUGUGA	*Metallotionein in 2b*	CV226474
OeuMADS66	tch-miR-9771g	miRNA: GAAAAGUCAUGACGCAUUUUU Hedef Transkript: AAAAACACGUUAUGAUUUUUC	Kromozom belirlenmedi scaffold_332 *Vitis vinifera*	TC139692
OeuMADS67	ath-miR1886.1	miRNA: UGAGAGAAGUGAGAUGAAAUC Hedef Gen: ACUUUCUCUCACUUCUCUCA	*UDP-glukuronik asit dekarboksilaz 2*	TC138168
OeuMADS68	ath-miR1886.1	miRNA: UGAGAGAAGUGAGAUGAAAUC Hedef Gen: ACUUUCUCUCACUUCUCUCA	*UDP-glukuronik asit dekarboksilaz 2*	TC138168
OeuMADS69	tca-miR-3811c	miRNA: UUCUUGCUCAGGGUUUACAUGU Hedef Transkript: AUGUAAACUCUGGGAAAGGA	*BURP domain-içeren protein*	TC138505
OeuMADS70	mmu-miR-873b	miRNA: ACAAGUUCCUGCAAAUGCACAC Hedef Transkript: GUGAAUUUGUAGCAGCUUGU	*Metallotionein in 3b*	TC166522
OeuMADS71	bma-miR-5365a	miRNA: AAUUCGAUUGUGUUCUCUUAAUCA Hedef Transkript: UAAGAGAAUCUAAUUGGAUU	Kromozom chr17 scaffold_85 *Vitis vinifera*	TC162358
OeuMADS72	bma-miR-5365a	miRNA: AAUUCGAUUGUGUUCUCUUAAUCA Hedef Transkript: UAAGAGAAUCUAAUUGGAUU	Kromozom chr17 scaffold_85 *Vitis vinifera*	TC162358
OeuMADS73	gga-miR-6577	miRNA: CAUCUUCUACUCUGUUUUCUUCU Hedef Transkript: AUGAGAAGACAGAGUUGGAGGUG	*Sitozolik NADP+-izositrat dehidrogenaz*	TC141014

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS74	lva-miR-4850	miRNA: UUAUCAUGAUUGUAAGAGGAGG Hedef Transkript: CCUCCUAUUACAAUCAUGAUGG	*Selüloz sentetaz-benzer protein D4*	TC138001
OeuMADS75	mmu-miR-496a	miRNA: AGGUUGCCCAUGGUGUGUUCA Hedef Transkript: UGAUACACCAUGGGCAAUUU	*60S ribozomal protein*	DT488419
OeuMADS76	gra-miR8741	miRNA: UAGCACUGAAGAUGAUGAUGG Hedef Transkript: GAUCAUCAUCUUCAUUGCUA	Kromozom chr10 scaffold_179 *Vitis vinifera*	TC139627
OeuMADS77	gra-miR7504d	miRNA: AGGAAAAAAAAUCUGAUUUGUCAU Hedef Transkript: CAGAUCAGGUUUUUUUUCUU	Kromozom belirlenmedi scaffold_77 *Vitis vinifera*	TC178222
OeuMADS78	gra-miR8693	miRNA: AGGAUGAAAAUAUUGAUGUAGCAU Hedef Transkript: UUAAAUUAAUUUUUUUAUCCU	Kromozom chr8 scaffold_34 *Vitis vinifera*	TC156203
OeuMADS79	aae-miR-12	miRNA: CAGUACUUAUGUUAUGCUCUCU Hedef Transkript: AUAGAGCAUCACA-AAGUACUG	Kromozom chr3 scaffold_8, *Vitis vinifera*	TC151232
OeuMADS80	mdo-miR-221	miRNA: ACCUGGCAUACAAUGUAGAAUUCUGU Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS81	mdo-miR-221	miRNA: ACCUGGCAUACAAUGUAGAAUUCUGU Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS82	mtr-miR396c	miRNA: AUUCAAGAAGGUCGUGGAAAA Hedef Transkript: UUACUAUGAUUUUCUUGAAU	Kromozom chr5 scaffold_2 *Vitis vinifera*	TC156484
OeuMADS83	hvt-miR-H9	miRNA: UUUCUCAUGGACCCCCGAGUUGUGU Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS84	mtr-miR396c	miRNA: AUUCAAGAAGGUCGUGGAAAA Hedef Transkript: UUACUAUGAUUUUCUUGAAU	Kromozom chr5 scaffold_2 *Vitis vinifera*	TC156484
OeuMADS85	gga-miR-1555	miRNA: CAGGGUUAUUGGUUUUGUGUGA Hedef Transkript: CAUACAAGACCGAGAACCCUG	*Sitokrom P450*	TC144466
OeuMADS86	hbr-miR9387	miRNA: GAACACAAUUAUAGGAAUC Hedef Transkript: --	--	--

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS87	mml-miR-511	miRNA: UGUCUUUUGCUCUGCAGUCA Hedef Transkript: GGGCUGCAAAGCAAAAGGCA	Kromozom belirlenmedi scaffold_984, *Vitis vinifera*	TC169503
OeuMADS88	tgu-miR-2979	miRNA: CUCAGUUCCUUGGGUUCUGCUGCU Hedef Transkript: AAUGGAAGAAGCCAAGGAAUUGAG	Kromozom chr10 scaffold_179 *Vitis vinifera*	TC142582
OeuMADS89	dps-miR-2517a	miRNA: UAUUGAUUUGGUGGAUUUGAAAA Hedef Transkript: UUCCAAAUCCACCAAAUCCAAUA	Kromozom chr1 scaffold_5 *Vitis vinifera*	TC167510
OeuMADS90	ssa-miR-15c	miRNA: CGAAUCAUCAUUUGCUGCUUUA Hedef Transkript: AGAGCCACAAAUGAUGAUUCG	*Polifenol oksidaz*	TC161178
OeuMADS91	ssa-miR-15c	miRNA: CGAAUCAUCAUUUGCUGCUUUA Hedef Transkript: AGAGCCACAAAUGAUGAUUCG	*Polifenol oksidaz*	TC161178
OeuMADS92	cel-miR-79	miRNA: CUUUGGUGAUUCAGCUUCAAUGA Hedef Transkript: UGUUCGAGUUGAAGCACCAAAG	*NADH-plastoquinon oksidoredükta z 49 KD altünite*	TC180142
OeuMADS93	mdm-miR396a	miRNA: UUCCACAGCUUUCUUGAACAG Hedef Transkript: UUGUUCAGAAAGGCUGUGGGA	*Aluminyum İndüklenmiş protein-benzerprotein*	TC145864
OeuMADS94	mdm-miR396a	miRNA: UUCCACAGCUUUCUUGAACAG Hedef Transkript: UUGUUCAGAAAGGCUGUGGGA	*Aluminyum İndüklenmiş protein-benzerprotein*	TC145864
OeuMADS95	ptr-miR-508	miRNA: UGAUUGUAGCCUUUUUGAGUAGA Hedef Gen: ACUUAAACAGGCUGCAAUCU	Kromozom chr10 scaffold_179, *Vitis vinifera*	TC183652
OeuMADS96	Ppc -miR-256	miRNA: UGUUGUUUGAGUGCAAACCG Hedef Transkript: CGGUUCUCACUCAAGCAAUA	*Şaperonin CPN60-2, mitokondriyal öncül*	TC156200
OeuMADS97	Hsa-miR-519d	miRNA: CCUCCAAAGGGAAGCGCUUUCUGUU Hedef Transkript: AAAGCGCCUCCUUUUGGGGU	*ADP-şeker difosfataz*	TC140121
OeuMADS98	mmu-miR-7074	miRNA: UAGGCCUUCUCCUCUCCCUGCAG Hedef Transkript: GCAGAGGAGAGGAGAGGGCCUG	*PTD protein*	TC145543
OeuMADS99	eca-miR-8909	miRNA: CCUGAAAUUCUGAUGCACCUCUC Hedef Transkript: AAAGGUGUAUCAGAAUUUGGGG	*RING parmak-benzeri*	TC149573

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS100	gga-miR-1809	miRNA: ACGUGGGAAGUUUGGCAGAGCAUG Hedef Transkript: CCCUGCCAAACUUCCCAAGU	*Glutamin sentetaz*	TC180820
OeuMADS101	mmu-miR-291b	miRNA: AAAGUGCAUCCAUUUUGUUUGU Hedef Transkript: AUCAACAAAAUGGAUGGCACUUU	Kromozom chr5 scaffold_72 *Vitis vinifera*	TC165250
OeuMADS102	eca-miR-9082	miRNA: UUCUUCCUCUCACAACCCUCAGACA Hedef Transkript: CUGGGGGUGGUGAGAAGAAGAA	*60S ribozomal protein*	TC157290
OeuMADS103	ath-miR838	miRNA: UUUUCUUCUACUUCUUGCACA Hedef Transkript: GGGCAAGAAGUAUAAGAGAA	*Hücre içi klorür kanalı*	TC167037
OeuMADS104	dvi-miR-1006	miRNA: GUGAGUUUGAAAUUGAAAUAUGUAAA Hedef Transkript: UGUAUUUUAAUUUUCAACUCAU	Kromozom chr8 scaffold_34 *Vitis vinifera*	TC158242
OeuMADS105	gga-miR-6543	miRNA: GCCUCCUUUCAGGUCACU Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS106	cel-miR-1819	miRNA: AAUCAUGCUCAAAACAUUCGACA Hedef Transkript: --	--	--
OeuMADS107	hsa-miR-96	miRNA: UUUGGCACUAGCACAUUUUUGCU Hedef Transkript: UGGAAAUGUGUUUGUGCCAAG	Kromozom chr14 scaffold_9 *Vitis vinifera*	TC140741
OeuMADS108	cel-miR-8202	miRNA: AGAGACAUUUUGGACAAUUGC Hedef Transkript: CAAUUGUACAGUGUGUCUCU	Kromozom belirlenmedi scaffold_71 *Vitis vinifera*	TC178237
OeuMADS109	gga-miR-1759	miRNA: GCCUCCUCUCCCAUCCUCUCCUUCU Hedef Transkript: AGAAUGGAGGGGGAGGGGGAGGGGGC	Kromozom chr5 scaffold_2 *Vitis vinifera*	TC174644
OeuMADS110	gra-miR7504d	miRNA: AGGAAAAAAAAUCUGAUUUGUCAU Hedef Transkript: CAGAUCAGGUUUUUUUUCUU	Kromozom belirlenmedi scaffold_77 *Vitis vinifera*	TC178222
OeuMADS111	efu-let-7f	miRNA: UGAGGUAGUAGAUUGUAUAGUUGUG Hedef Transkript: UGCUGCUGUGUCGUCUACUACCUCA	*Vakuoler protein sıralama ile ilişkili protein 28 homolog 1*	DB881529

Çizelge 4.3 MADS-Box genlerinin aday miRNA'ları ve aday hedef genleri (devam)

Gen Adı	Homolog miRNA	miRNA-Hedef Transkript Dizisi	Hedef Gen	Hedef Gen Erişim Numarası
OeuMADS112	mmu-miR-6914	miRNA: UCCUGGGGUGGUGGUGGCCACAG A Hedef Transkript: UGGCCACCACUGUCUUGGGA	*Peroksizomal (S)-2-hidroksi-asit oksidaz*	TC138740
OeuMADS113	dme-miR-4968	miRNA: CAGCAACAGCAGCAGCAGCAGA Hedef Transkript: UGCUGCUGCUCCUGUUGCUG	*Asidik ribozomal protein P1a-benzer*	CK113287
OeuMADS114	pma-miR-430d	miRNA: CAAGUGCUUGAUUUUGUUGUGA Hedef Transkript: CAAAACAAGGUUAAGCACUUG	Kromozom chr12 scaffold_36 *Vitis vinifera*	TC144527
OeuMADS115	aly-miR838	miRNA: UUUUCUUCUUCUUCUUGCACA Hedef Transkript: AGGCAAGAAGAAGAAGAAAA	Kromozom chr13 scaffold_17 *Vitis vinifera*	TC138100
OeuMADS116	mmu-miR-873b	miRNA: ACAAGUUCCUGCAAAUGCACAC Hedef Transkript: GUGAAUUUGUAGCAGCUUGU	*Metallotionein in 3b*	TC166522
OeuMADS117	gga-miR-365-1	miRNA: GAGGGACUUUUGGGGGCAGAUGU Hedef Transkript: GCAUCUGCCCUCAAGCGUCCCUU	Kromozom chr16 scaffold_189 *Vitis vinifera*	TC171113
OeuMADS118	hsa-miR-3911	miRNA: UGUGUGGAUCCUGGAGGAGGCA Hedef Transkript: CCUUUUCCAGGAAUCACACA	*Serin asetil transferaz*	TC147311

4.9 qRT-PZR ile İfade Seviyeleri Ölçümü

4.9.1 RNA izolasyon bulguları

RNA izolasyonu sonucunda zeytin dokularından elde edilen RNA miktarı ve kalite oranları Çizelge 4.4'de belirtilmiştir.

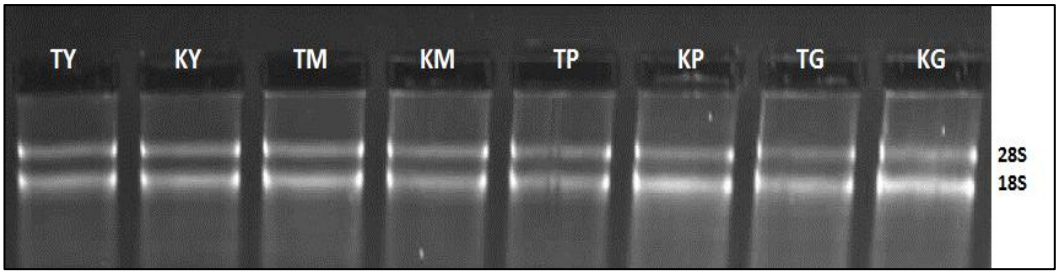
Çizelge 4.4 Zeytin dokularından elde edilen RNA konsantrasyonu ve kalite ölçüm sonuçları

Doku Adı	Konsantrasyon (ng/ul)	A 260/280	A 260/230
Temmuz-Yaprak	2211	2,01	0,94
Kasım-Yaprak	1837,5	1,89	0,65
Temmuz-Meyve	542,9	1,99	1,27
Kasım-Meyve	1885,3	1,76	0,76

Çizelge 4.4 Zeytin dokularından elde edilen RNA konsantrasyonu ve kalite ölçüm sonuçları (devam)

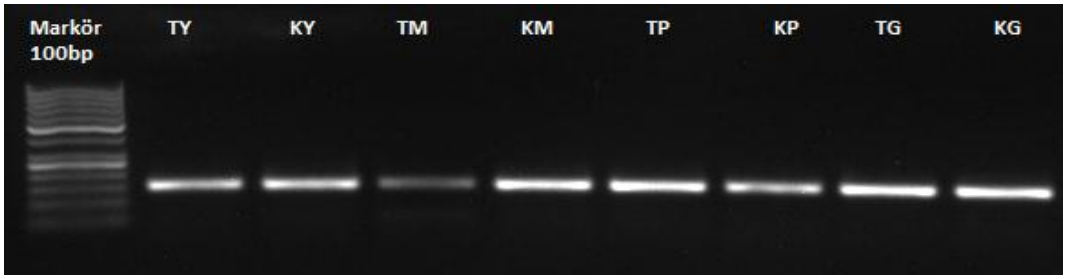
Doku Adı	Konsantrasyon (ng/ul)	A 260/280	A 260/230
Temmuz-Pedisel	236	1,92	1,39
Kasım-Pedisel	1602,3	1,81	0,8
Temmuz-Gövde	822,5	1,92	1,09
Kasım-Gövde	1831,9	1,7	0,97

İzolasyon sonucunda dokulardan elde edilen RNA'lar %2'lik agaroz jelde yürütülerek görüntüleri elde edilmiştir (Şekil 4.15).



Şekil 4.10 Zeytin dokularndan elde edilen RNA görüntüsü (TY: Temmuz yaprak, KY: Kasım yaprak, TM: Temmuz meyve, KM: Kasım meyve, TP: Temmuz pedisel, KP: Kasım pedisel, TG: Temmuz gövde, KG: Kasım gövde)

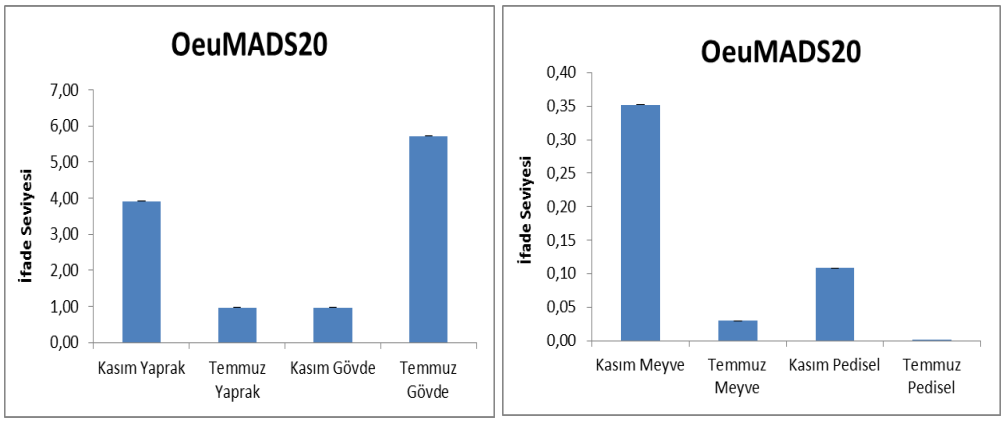
Elde edilen RNA'lar cDNA'ya çevrilip 18S rRNA primerleri kullanarak optimizasyonu gerçekleştirilmiştir ve %2'lik agaroz jelde yürütülerek görüntülenmiştir (Şekil 4.11).



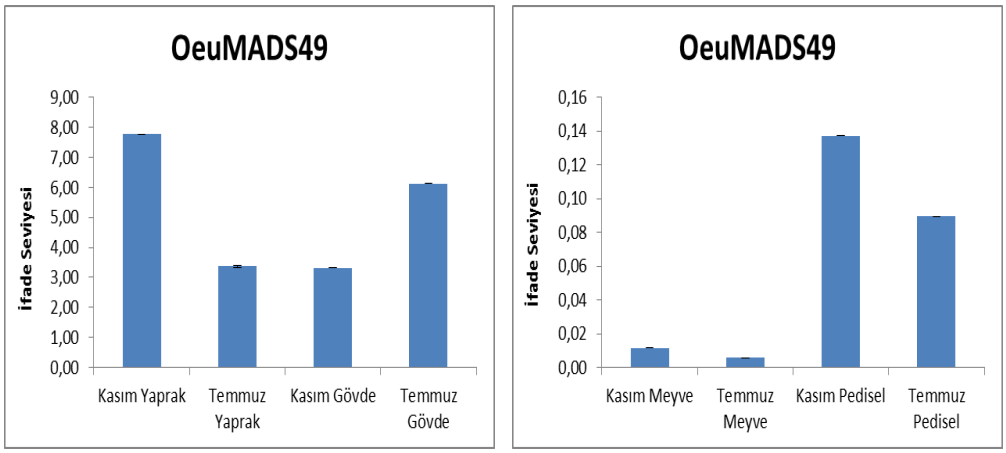
Şekil 4.11 cDNA'ların 18S rRNA primeri ile reaksiyon sonucu görüntüsü (TY: Temmuz yaprak, KY: Kasım yaprak, TM: Temmuz meyve, KM: Kasım meyve, TP: Temmuz pedisel, KP: Kasım pedisel, TG: Temmuz gövde, KG: Kasım gövde)

4.9.2 qRT-PZR grafikleri

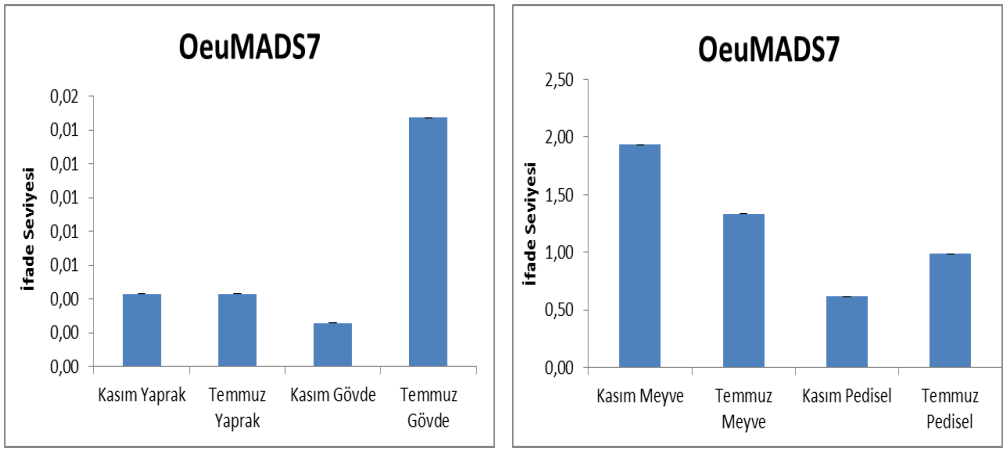
Sonuçlar LightCycler ®480 Software yazılımı aracılığı ile analiz edilmiştir. PZR sonucunda her bir örnek için Ct (Cycle Treshold - Eşik Döngü) değerleri elde edilmiştir. Her bir gene ait ifade değeri 18S geni ile normalize edilmiştir. Ardından, genlerin anlatım düzeyleri 2(-Delta Delta Ct) metodu kullanılarak hesaplanmıştır (Livak and Schmittgen 2001). Analiz sonuçlarına göre genlerin ifade seviyelerini gösteren grafikler Şekil 4.12, Şekil 4.13, Şekil 4.14, Şekil 4.15, Şekil 4.16'da verilmiştir.



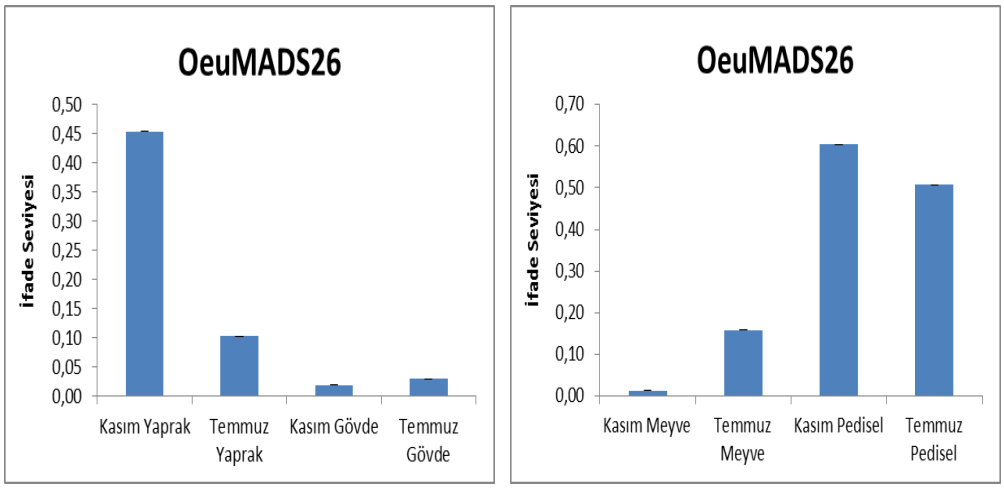
Şekil 4.12 *OeuMADS20* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri



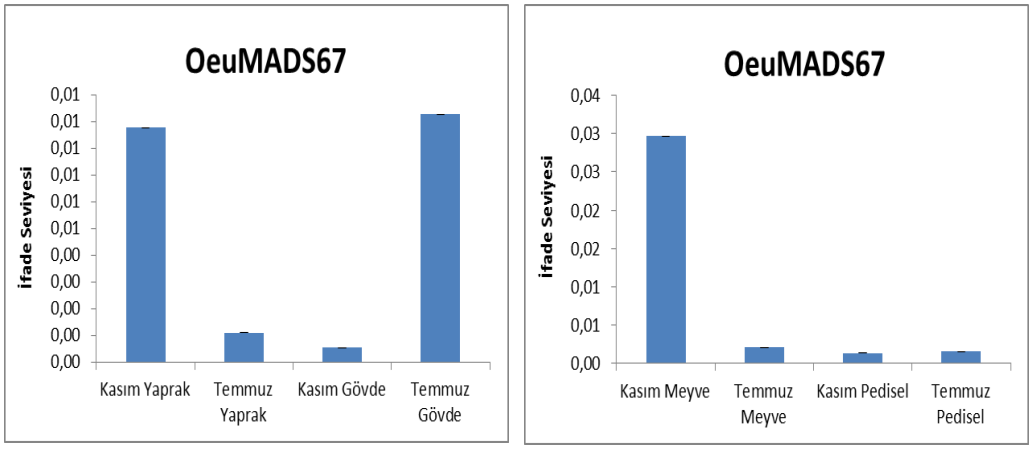
Şekil 4.13 *OeuMADS49* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri



Şekil 4.14 *OeuMADS7*geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri



Şekil 4.15 *OeuMADS26* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri



Şekil 4.16 *OeuMADS67* geninin zeytin dokularında ifade seviyeleri

5. TARTIŞMA VE SONUÇ

Transkripsiyon faktörü ailelerinden birisi olan MADS-Box genleri, çiçekli bitkilerde kökten, meyve gelişimi ve çiçeğe kadar çeşitli gelişimsel süreçleri düzenlemektedir. Çiçek homeotik fonksiyonları dışında MADS-Box genleri çift çenekli çiçekli bitkilerde üreme ve gelişim gibi diğer pek çok süreçlerde çeşitli rollere sahiptir. Çiçek ya da meyve oluşturmayan eğrelti otları ve yosunlar gibi tohumsuz bitkilerde MADS-Box genlerin varlığı ise bitkilerde, bu genlerin rolünün sadece çiçek veya bitki gelişimi ile sınırlı kalmadığını göstermektedir (Rameneni *et al*. 2014).

Son yıllarda gen aileleri ile bağlantılı çalışmalar çeşitli bitkilerin genom dizilemelerinin gerçekleştirilmesi ile hızlı bir ilerleme kaydetmiştir. Tüm genom üzerinde MADS-Box genlerinin analizinin tanımlanması Arabidopsis (Pařenicová *et al.* 2003), kavak (Leseberg *et al*. 2006), pirinç (Arora *et al.* 2007), üzüm (Díaz-Riquelme *et al*. 2009), salatalık (Hu and Liu 2012), soya fasülyesi (Shu *et al.* 2013) gibi bitkilerde başarıyla gerçekleşmiştir. Zeytin genomunun dizilenmesi MADS-Box genlerinin büyük bir kısmının zeytin genomunda tanımlanmasına olanak sağlamıştır. Bu çalışmada Arabidopsis MADS-Box genlerinden (109) daha fazla olarak MADS-Box TF ailesine ait 118 adet zeytin MADS-Box geni tanımlanmıştır.

MADS-Box TF ailesinin yapısal özelliklerine göre tip 1 ve tip 2 olmak üzere iki gruba ayrıldığı daha önce yapılan çalışmalarla ortaya konmuştur (Xu *et al.* 2014). Zeytin genomunda yapılan bu çalışma sonucunda Tip 1 grubuna ait zeytin MADS-Box genleri Mα, Mβ ve Mγ alt ailelerine ayrıldığı görülmüştür. Filogenik dendogram incelendiğinde Mα, Mβ ve Mγ alt ailelerinin kendi aralarında gruplandığı görülmektedir (Şekil 4.1). Daha önce yapılmış olan çalışmalarda Tip 1'e ait bu üç alt ailede ilk olarak paralog genler gruplandırılmış daha sonra ise onların ortolog genleri gruplandırılmıştır. Böylece, Mα Mβ ve Mγ alt ailesi genleri duplikasyon sonucunda yeni üyeler oluşturmuş ya da türlerin farklılaşmasından sonra ayrıldığı belirtilmiştir (Xu *et al.* 2014). Tip 2 MIKC genleri ise AG, AGL17, AGL15, ANR-1, SOC1, SEP, AP3, AP1, FCA-like, PI, AGL12, SVP olmak üzere alt gruplara ayrılmıştır.

Örneğin; *OeuMADS13*, *OeuMADS14*, *OeuMADS34*, *OeuMADS35*, *OeuMADS99*, *OeuMADS100*, *OeuMADS101*, *OeuMADS102*, *OeuMADS108* genlerinin Mγ alt ailesine ait olarak; *OeuMADS36*, *OeuMADS70*, *OeuMADS94*, *OeuMADS82*, *OeuMADS83*, *OeuMADS84*, *OeuMADS93*, *OeuMADS117* genlerinin ise Mα olarak *Arabidopsis thaliana* ve *Eucalyptus grandis'*den farklı olarak kendine has alt ailelerine sahip olduğunu söylenilebilir. Bu durumda MADS-Box TF ailesine ait genlerin türlerin ayrılması sürecinde zeytin ağacına özgü bağlanma bölgelerinin oluşmuş olabileceğini desteklemektedir.

Yabani zeytin kütüphanelerinde yapılan RNA-dizileme sonuçlarından elde edilen ısı grafiğine göre, 30 genin meyve, yaprak, pedisel ve gövdeye ait Temmuz ve Kasım aylarındaki kütüphanelerde ifade seviyesi gözlenmemiştir. Kasım ayı meyvede 19 genin, Temmuz ayı meyvede 18 genin, 30 genin Kasım ayı gövdede, 28 genin Temmuz ayı gövdede, 17 genin Kasım ayı yaprakda, 18 genin Temmuz ayı yaprakda, 20 genin Kasım ayı pediselde ve 21 genin Temmuz ayı pediselde ifade seviyelerinin arttığı belirlenmiştir. Mα grubunu kodlayan transkriptlerin tüm RNA-dizileme kütüphanelerinde genel bir artış gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.4).

AGL15 alt ailesi genlerinden *OeuMADS78*'nin Kasım ve Temmuz aylarına ait gövde kütüphanelerinde ifade seviyelerinin diğer dokulara göre daha fazla azaldığı, *OeuMADS88*'nin ise tüm kütüphanelerde genel bir azalama gösterdiği en çok azalmanın ise Kasım ayı meyve kütüphanesinde olduğu görülmüştür.

AGL15, MADS-Domain ailesinin düzenleyici faktörlerin bir üyedir ve bitki yaşam döngüsünün erken aşamalarında tercihen birikim göstermektedir. Üreme fazı esnasında çiçek tomurcuklarında geçici olarak birikir (Fernandez *et al*. 2000). AGL15 alt ailesini aşırı ifade eden bitkilerin, yaşlanan organlar ve komşu dokulara arasındaki etkileşimlerde dokunun uzun ömürlü kontrolünü, programlanmış yaşlanmayı ve absisyon arasındaki ilişki hakkında bilgiler vermektedir. Yapılan bir araştırmada çiçek organı ve meyvelerde yaşlanma programlarında *AGL15* genlerinin aşırı ekspresyonunun etkisini incelemiş sonucunda, meyve olgunlaşması ve tohum kuruma süreci arasındaki ilişkide görevlidir ve buna göre *AGL15*'in aşırı ifadesi gelişmekte olan meyve

süreçlerini aynı zamanda olgunlaşmasını etkilemektedir (Fang and Fernandez 2002). Başka bir çalışmada ise AGL15 alt ailesi genleri, çanak yaprakları ve taç yaprakları ömrünü artırarak *A. thaliana*'da çiçeklenmeye geçiş ve meyve olgunlaşma dahil olmak üzere yaşa bağlı gelişimsel süreçleri geciktirir (Rameneni *et al*. 2014).

Zeytin *OeuMADS78* ve *OeuMADS88* genlerinin ifadesinin azalması sonucunda *AGL15*'in çiçeklenmeye geçişi ve meyve gelişimini geciktirme etkisinin azalacağı düşünülerek bundan dolayı tam aksine meyve gelişimini ve olgunlaştırmasını destekler nitelikte olduğu düşünülebilir.

AGL17, *OeuMADS2*'nin Kasım ayı meyve ve Temmuz ayı gövde kütüphanesinde ifade seviyesinin artış gösterdiği diğer dokularda ise en fazla düşüşün emmuz ayı pedisel olmak üzere diğer kütüphanelerde ifadesinde genel bir azalama göstermiştir. *OeuMADS61*'in en çok Temmuz ayı yaprak olmak üzere Kasım ayı yaprak, Temmuz ayı gövde ve Kasım ayı gövde dokularında ifadesinin artış gösterdiği, Temmuz ve Kasım ayı pedisel, Temmuz ve Kasım ayı meyve dokularında ifadesinin azaldığı belirlenip, *OeuMADS62*'nin en fazla Temmuz ayı pedisel dokusunda ifade olarak Kasım ve Temmuz ayı meyve, Kasım ve Temmuz ayı pediselde de artış gösterdiği; Temmuz ayı yaprak ve gövde, Kasım ayı gövde dokusunda azalma göstermiştir.

AGL17 alt ailesine bakıldığında, çiçeklenme promotörlerinde rol oynadığı öne sürülüp, fonksiyonel olarak yapılan bir araştırmada ise aşırı ifadesi erken çiçeklenmeye neden olabilmektedir (Ping 2008, Saha *et al*. 2015). *AGL17* ile aynı soydan olan *AGL16* genleri Arabidopsis'de büyük ölçüde kökte ifade olmasına rağmen, yaprak ve gövde dokularında da ifade olarak stomatal gelişim ve çiçeklenme zamanının düzenlenmesinde rol oynar (Wells *et al.* 2015).

Zeytinde *OeuMADS2* ve *OeuMADS62*'nin çiçeklenmeye yol açması açısından bakıldığında Kasım ve Temmuz ayı gövdede aşırı ifade göstermesi gövde ve dallar üzerinde çiçek tomurcuklarının oluşmasına katkı sağlayarak dolayısıyla meyvenin gelişiminde dolaylı yoldan olumlu olarak etki edebildiği düşünülebilir.

Bir diğer alt aile olan *SVP* (Kısa vejetatif fazı) gen ailesine ait *OeuMADS15*, *OeuMADS17* ve *OeuMADS49*'nin; Temmuz ve Kasım ayı yaprak dokularında ifadesinin azaldığı, diğer dokularda ise artış gösterdiği; *OeuMADS68*'in ise Kasım yaprak Temmuz yaprak ve Temmuz gövdede ifadesinin azaldığı, diğer dokularda ise arttığı belirlenip, *OeuMADS69'*in tüm dokularda ifadesinin azaldığı görülmüştür.

SVP; erken çiçeklenmede, vejetatif büyümede ve üreme gelişiminin çeşitli fazlarında rol oynamaktadır (Hartmann *et al.* 2000, Gregis *et al.* 2009). *SVP* gen alt ailesinin zeytin genomunda rol almasıyla birlikte çiçeklenmeye geçişte rol aldığı düşünülebilir ve meyve gelişimine etkisi olduğu düşünülebilir.

118 Zeytin MADS-Box geninin GO sonuçlarına göre hücresel bileşende en fazla yüzdenin transkripsiyon reaksiyonunun gerçekleştiği çekirdek bulunmuştur. Moleküler fonksiyonda ise MADS-Box TF proteinin genom üzerinde bağlanmasıyla ilişkili olarak protein ve DNA bağlayıcının ve de biyolojik işlevde gen ifadesi ve gelişimin en fazla bulunması hücre içerisinde bir transkripsiyon faktör genin protein üretimine kadar işleyişine uygun bulunmaktadır.

qRT-PZR sonuçları incelendiğinde gen ifade seviyelerindeki değişimlerin RNA-dizileme kütüphanelerinden elde edilen değişimler ile benzerlik gösterdiği tespit edilmiştir. Ancak gen ifadelerinin qRT-PZR ve RNA-dizileme kütüphaneleri arasındaki oransal değişimlerinde tam bir korelasyon elde edilememiştir. Bunun sebebi qRT-PZR'de gen ifade seviyelerinin ölçümünün RNA-dizilemeye göre daha gen spesifik çalışmasından ile açıklanabilir. Ayrıca deneyler sürecinde yapılabilecek olan pipetaj hatası, kalibrasyon eksikliği vb. teknik aksaklıklardan dolayıda ifade seviyeleri RNA-dizileme kütüphanelerine göre farklılık gösterebilmektedir

qRT-PZR grafik sonuçları incelendiğinde *OeuMADS20* (*Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8*) geni Kasım ayında yaprak, meyve ve pedisel dokularında Temmuz ayına göre ifade seviyeleri artış göstermiştir. Gövde dokusunda ise Temmuz ayında gösterdiği ifade Kasım ayındaki ifade seviyesine göre daha fazladır.

Yapılan bir araştırmada, FUL/ALG8 alt ailesi genleri bitki gelişimi esnasında yaygın bir biçimde sentezlendiği ortaya koyulmuştur. Ayrıca *FUL/ALG8* sap yapraklarda vasküler gelişiminde arttırıcı bir etki yaptığı belirtilmiştir. Diğer yandan da *FUL* geni alt ailesi meyve gelişiminde de rol oynamaktadır (Gu *et al.* 1998). qRT-PZR ile bakıldığında *Agamous-benzeri MADS-Box protein agl8* geni ifade seviyesinin zeytinde Kasım ayında yaprak ve pedisel dokusunda daha fazla olması bu genin gelişimde daha etkili olduğu öne sürülebilir.

Ayrıca *OeuMADS20*'nin gga-mir-577 ile ilişkisine bakıldığında hedef aday geninin *Sitozolik NADP+-izositrat dehidrogenaz* olduğu belirlenmiştir. Bu genin ise daha önce yapılan bir çalışmada narenciyelerde meyve gelişiminde ifade seviyesinin arttığı kanıtlanmıştır (Sadka *et al.* 2000). Bu sebeple *OeuMADS20'*nin Kasım ayında meyve dokusunda artış göstermesi meyve gelişiminde etkisi olduğu işaret edebilir.

OeuMADS49 (*MADS-Box protein SVP-benzeri*) geni Kasım ayında yaprak, meyve ve pedisel dokularında Temmuz ayına göre ifade seviyeleri artış göstermiştir. Gövde dokusunda ise Temmuz ayında gösterdiği ifadesi Kasım ayına göre fazladır.

SVP, ilk Arabidopsis'te çiçek düzenleyicileri olarak ve daha sonra da çeşitli türlerde meristem kimlik modülatörleri olarak tanımlanmıştır (Lee *et al.* 2008). Kivi meyvesinde yapılan bir çalışmada *SVP* transkriptlerinin çiçek ve meyve dokulardan çoğunlukla çok az olduğu, tomurcuk, sap ve yaprak dokusu içindeki miktarda biriktiği ve yaprak ve tomurcuk dokusunda en bol olduğu bulunmuştur (Wu *et al.* 2012). Zeytin *MADS-Box protein svp-benzeri* geni ise Kasım ayı meyve daha fazla bulunmuştur.

Diğer bir yandan, *OeuMADS49*'un mtr-miR2642 ile etkileşim gösterek *Fosfolipaz A1* aday hedef gen olarak belirlenmiştir. Yapılan çalışmalarda *Fosfolipaz A1*'in fonksiyonuna bakıldığında, bitki membran lipidlerinin mobilizasyonunda görev aldığı söylenebilmektedir. Çalışmada stres aktive lipazlar tarafından serbest bırakılan bitki membran lipidlerinden 18:3'ün jasmonik asit ve metil jasmonat yolak sentezinde oktadekonoid lipoksigenazlar için substrat sağladığı düşünülmektedir. Araştırmalar patojen saldırısı veya çevresel etki ile aktive edilen lipazlar deesterifiying yağ asidi

karakterize etmek için başarı olmuştur. Sonuçlarına bakıldığında ise hem A1 ve A2 fosfolipazların 18:3 membran lipidlerindeki hareketine dahil olduğunu düşündürmektedir (Upchurch 2008). *OeuMADS49*'un Kasım ayı yaprak ve meyve dokularında fazla sentezlenerek hücre membranı lipid metabolizmasına katıldığı öne sürülebilerek yağ metabolizmasıyla ilişkilisi olabileceği düşünülebilir.

OeuMADS7 (*Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9*) geni gövde ve pedisel dokusunda Temmuz ayında Kasım ayına oranla daha fazla ifade edilmiştir. Diğer taraftan meyve dokusunun Kasım ayındaki ifade değeri Temmuz ayına göre daha fazladır.

AGL9 literatürde bakıldığında; çiçek gelişiminde ve sonrasında petaller, stamenler, karpeller de birikerek organ gelişiminin kontrolünde rol almaktadır (Mandel *et al*. 1998).

OeuMADS7'nin cpa-miR8146 ile ilişkisinden yola çıkarak aday hedef gen olarak *Na+/H+ antiporter* olarak bulunmuştur. *Na+/H+ antiporter'lar* biyolojik alem üzerinde yüksek bitkilerden bakterilere kadar membran proteinleri olup hücrelerin pH ve Na+ homeostazında büyük rol oynamaktadır (Padan *et al.* 2001). Diğer yandan çeşitli hücre tiplerinin Na+/H+ değiş-tokuş uyararak izotonik ortamda hacmi ayarlamaktadır. Büyüme faktörleri gibi, Na+/ H+ antiport'lar aktive eder ozmotik değişken aktivitelerde meydan hücre içi [H +] için hassasiyetini arttırırlar (Grinstein *et al*. 1992). Gövde ve pedisel dokusunda Temmuz ayında, meyve dokusunda daha fazla ifade olarak organ gelişiminde büyümeyi destekleyebilir.

OeuMADS26 (*Fruitfull-benzeri*) geni Kasım ayı yaprak ve pedisel dokularında Temmuz ayına göre daha fazla ifade, Temmuz ayı meyve ve gövde dokularında ise Temmuz ayındaki ifadesi Kasım ayına göre daha fazladır.

MADS-Box proteini içeren *FRUITFULL* (*FUL*) geni karpel ve meyve gelişimi için gerekli olduğu daha önceki çalışmalarda belirtilmiştir (Ferrandiz *et al*. 2000). Yapılan bir çalışmada sap yapraklarda en yüksek seviyede ifade edildiği görülmektedir (Teper-

Bamnolker *et al*. 2005). *OeuMADS26* (*Fruitfull-benzeri*) geni Temmuz ayında daha fazla ifade göstererek meyve olgunlaşma aşamalarında görevli olabileceğini göstermektedir.

OeuMADS67 (*MADS-Box transkripsiyon faktör 23*) geni Kasım ayında yaprak ve meyvede Temmuz ayına göre daha fazla, Temmuz gövde ve pedisel de Kasım ayındaki ifadesinden daha fazladır. *Vitis vinifera'*da yapılan bir çalışmada gövde, kökler, yapraklar, çiçekler ve dalları, meyveler olmak üzere dokulardaki ifade seviyelerine bakıldığında MADS23'ün üreme dokularında diğer dokulardan çok daha fazla ifadesinin olduğu görülmüştür (Wang *et al.* 2015). Zeytin meyvesinin Kasım ayında daha fazla ifade olarak meyve gelişimini destekleyebileceği akla getirilmelidir.

OeuMADS67 ise ath-miR1886.1 aracılığıyla hedef gen olarak *UDP-glukuronik asit dekarboksilaz 2* ile etkileşir. *UDP*-glukuronik asit dekarboksilazlar UDP-ksiloz biyosentezine aracılık etmektedir (Bar-Peled *et al*. 2001). UDP-ksiloz ise ksiloglukan dahil olmak üzere bitki hücre çeperinde çeşitli polisakkaritlerin sentezi için gerekli olan bir nükleotid şekerdir ve birçok bitkinin tohumunda bulunmaktadır (Harper *et al.* 2002). *OeuMADS67*'in tohumda şeker birikimi sağlamasına ilişkide bulunarak tohumun meyveye olgunlaşmasıyla şeker kullanımı desteklediği ortaya koyulabilir.

KAYNAKLAR

Agarwal PK., Agarwal P., Reddy MK. and Sopory SK. 2006. Role of DREB transcription factors in abiotic and biotic stress tolerance in plants. Plant cell reports, 25.12, 1263-1274.

Altamura, M. M., Della Rovere, F., Fattorini, L., D'Angeli, S. and Falasca, G. 2016. Recent advances on genetic and physiological bases of in vitro somatic embryo formation. In Vitro Embryogenesis in Higher Plants, 47-85.

Ambros, V. 2003. MicroRNA pathways in flies and worms: growth, death, fat, stress, and timing. Cell, 113(6), 673-676.

Arora, R., Agarwal, P., Ray, S., Singh, A. K., Singh, V. P., Tyagi, A. K. and Kapoor, S. 2007. MADS-box gene family in rice: genome-wide identification, organization and expression profiling during reproductive development and stress. Bmc Genomics, 8(1), 1.

Baloglu, M. C., Eldem, V., Hajyzadeh, M. and Unver, T. 2014. Genome-wide analysis of the bZIP transcription factors in cucumber. PLoS One, 9(4), e96014.

Bar-Peled, M., Griffith, C. L. and Doering, T. L. 2001. Functional cloning and characterization of a UDP-glucuronic acid decarboxylase: the pathogenic fungus Cryptococcus neoformans elucidates UDP-xylose synthesis. Proceedings of the National Academy of Sciences, 98(21), 12003-12008.

Barut, E. ve Ertürk, Ü. 2002. Gemlik zeytin çeşidinde çiçek tomurcuğu farklılaşması ve gelişimi üzerine bir araştırma. Ege Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 16.

Bemer, M., Heijmans, K., Airoldi, C., Davies, B. and Angenent, G. C. 2010. An atlas of type I MADS box gene expression during female gametophyte and seed development in Arabidopsis. Plant physiology, 154(1), 287-300.

Benning, C. 2011. Regulation of Oil Biosynthesis in Algae. Michigan State Univ East Lansing Dept Of Biochemistry.

Berkowitz, O., De Clercq, I., Van Breusegem, F. and Whelan, J. 2016. Interaction between hormonal and mitochondrial signalling during growth, development and in plant defence responses. Plant, cell & environment.

Besnard, G. and Rubio de Casas, R. 2016. Single vs multiple independent olive domestications: the jury is (still) out. New Phytologist, 209(2), 466-470.

Bouarroudj, K., A. Tamendjari, and R. Larbat. "Quality, composition and antioxidant activity of Algerian wild olive (*Olea europaea* L. subsp. *oleaster*) oil." Industrial Crops and Products (2016).

Cao, Y., Wang, L., Zhao, J., Zhang, H., Tian, Y., Liang, H. and Ma, Q. 2016. Serum Response Factor Protects Retinal Ganglion Cells Against High-Glucose Damage. Journal of Molecular Neuroscience, 1-9.

Cloonan, N., Forrest, A. R., Kolle, G., Gardiner, B. B., Faulkner, G. J., Brown, M. K., Taylor, D. F., Steptoe, A. L., Wani, S., Bethel, G., Robertson, A. J., Perkins, A. C., Bruce, S. J., Manning, J. M., Mckernan, K. J. and Grimmond, S. M. 2008. Stem cell transcriptome profiling via massive-scale mRNA sequencing. Nature methods, 5(7), 613-619.

Colombo, M., Masiero, S., Vanzulli, S., Lardelli, P., Kater, M. M. and Colombo, L. 2008. AGL23, a type I MADS-box gene that controls female gametophyte and embryo development in Arabidopsis. The Plant Journal, 54(6), 1037-1048.

Conesa, A. and Götz, S. 2008. Blast2GO: A comprehensive suite for functional analysis in plant genomics. International journal of plant genomics, 2008.

da Silva, A. C., Grativol, C., Thiebaut, F., Hemerly, A. S. and Ferreira, P. C. G. 2016. Computational identification and comparative analysis of miRNA precursors in three palm species. Planta, 243(5), 1265-1277.

Doğaka, 2015. Tr63 Zeytincilik Sektör raporu.

Dreni, L. and Zhang, D. 2016. Flower development: the evolutionary history and functions of the AGL6 subfamily MADS-box genes. Journal of experimental botany, 67(6), 1625-1638.

Eldem, V., Okay, S. and Unver, T. 2013. Plant microrna: New players in functional genomics. Turkish J Agr and Forestry, 37, 1-21.

Eldem, V., Akçay, U. Ç., Ozhuner, E., Bakır, Y., Uranbey, S. and Unver, T. 2012. Genome-wide identification of miRNAs responsive to drought in peach (*Prunus persica*) by high-throughput deep sequencing. PloS one, 7(12), e50298.

Elitzur, T., Yakir, E., Quansah, L., Zhangjun, F., Vrebalov, J. T., Khayat, E., Giovannoni, J. J. and Friedman, H. 2016. Banana MaMADS transcription factors are necessary for fruit ripening and molecular tools to promote shelf-life and food security. Plant physiology, pp-01866.

Erbay, Z. ve İçier, F. 2008. Zeytin Ağacından Faydalanmanın Yeni Bir Yolu Olarak Zeytin Yaprağı ve Gıda Endüstrisindeki Potansiyel Uygulama Alanları. Akademik Gıda, 6(3), 27-36.

Fang, S. C. and Fernandez, D. E. 2002. Effect of regulated overexpression of the MADS domain factor AGL15 on flower senescence and fruit maturation. Plant Physiology, 130(1), 78-89.

FAO. 2013. Compare Data Production [online]. (14 Ocak 2014), http://faostat3.fao.org/compare/E.

Fernandez, D. E., Heck, G. R., Perry, S. E., Patterson, S. E., Bleecker, A. B. and Fang, S. C. 2000. The embryo MADS domain factor AGL15 acts postembryonically: inhibition of perianth senescence and abscission via constitutive expression. The Plant Cell, 12(2), 183-197.

Gan, Y., Bernreiter, A., Filleur, S., Abram, B. and Forde, B. G. 2012. Overexpressing the ANR1 MADS-box gene in transgenic plants provides new insights into its role in the nitrate regulation of root development. Plant and Cell Physiology, 53(6), 1003-1016.

Gerats, T. and Vandenbussche, M. 2005. A model system for comparative research: Petunia. Trends Plant Sci. 10, 251-256.

Gregis, V., Sessa, A., Dorca-Fornell, C. and Kater, M. M. 2009. The Arabidopsis floral meristem identity genes AP1, AGL24 and SVP directly repress class B and C floral homeotic genes. The Plant Journal, 60(4), 626-637.

Grimplet, J., Martínez-Zapater, J. M. and Carmona, M. J. 2016. Structural and functional annotation of the MADS-box transcription factor family in grapevine. BMC genomics, 17(1), 1.

Grinstein, S., Woodside, M., Sardet, C., Pouyssegur, J. and Rotin, D. 1992. Activation of the Na+/H+ antiporter during cell volume regulation. Evidence for a phosphorylation-independent mechanism. Journal of Biological Chemistry, 267(33), 23823-23828.

Gu, Q., Ferrándiz, C., Yanofsky, M. F. and Martienssen, R. 1998. The FRUITFULL MADS-box gene mediates cell differentiation during Arabidopsis fruit development. Development, 125(8), 1509-1517.

Gümrük ve Ticaret Bakanlığı. 2014. 2013 Yılı Zeytin Ve Zeytinyağı Raporu.

Hartmann, U., Höhmann, S., Nettesheim, K., Wisman, E., Saedler, H. and Huijser, P. 2000. Molecular cloning of SVP: a negative regulator of the floral transition in Arabidopsis. The Plant Journal, 21(4), 351-360.

Hoffmann, R. D. and Palmgren, M. G. 2013. Epigenetic repression of male gametophyte-specific genes in the Arabidopsis sporophyte. Molecular plant, 6(4), 1176-1186.

Hou, X. J., Liu, S. R., Khan, M. R. G., Hu, C. G. and Zhang, J. Z. 2014. Genome-wide identification, classification, expression profiling, and SSR marker development of the MADS-box gene family in Citrus. Plant molecular biology reporter, 32(1), 28-41.

Hu, L. and Liu, S. 2012. Genome-wide analysis of the MADS-box gene family in cucumber. Genome, 55(3), 245-256.

Huang, G., Li, T., Li, X., Tan, D., Jiang, Z., Wei, Y., Juncai, L. and Wang, A. 2014. Comparative transcriptome analysis of climacteric fruit of Chinese pear (*Pyrus ussuriensis*) reveals new insights into fruit ripening. PloS one, 9(9), e107562.

Huo, H., Wei, S. and Bradford, K. J. 2016. DELAY OF GERMINATION1 (DOG1) regulates both seed dormancy and flowering time through microRNA pathways. Proceedings of the National Academy of Sciences, 201600558.

Irfan, M., Ghosh, S., Meli, V. S., Kumar, A., Kumar, V., Chakraborty, N., Chakraborty, S. and Datta, A. 2016. Fruit Ripening Regulation of α-Mannosidase Expression by the MADS Box Transcription Factor RIPENING INHIBITOR and Ethylene. Frontiers in plant science, 7.

Khraiwesh, B., Zhu, J. K. and Zhu, J. 2012. Role of mirnas and sirnas in biotic and abiotic stress responses of plants. Biochimica et Biophysica Acta, 1819, 137-148.

Kogenaru, S., Yan, Q., Guo, Y. and Wang, N. 2012. RNA-seq and microarray complement each other in transcriptome profiling. BMC genomics, 13(1), 1.

Kuzniewska, B., Nader, K., Dabrowski, M., Kaczmarek, L. and Kalita, K. 2016. Adult deletion of SRF increases epileptogenesis and decreases activity-induced gene expression. Molecular neurobiology, 53(3), 1478-1493.

Łangowski, Ł., Stacey, N. and Østergaard, L. 2016. Diversification of fruit shape in the Brassicaceae family. Plant reproduction, 1-15.

Lavee, S. 1989. Aims, methods, and advances in breeding of new olive (*Olea europaea* L.) cultivars. In International Symposium on Olive Growing 286 (pp. 23-36).

Lee, S., Choi, S. C. and An, G. 2008. Rice SVP-group MADS-box proteins, OsMADS22 and OsMADS55, are negative regulators of brassinosteroid responses. The Plant Journal, 54(1), 93-105.

Leseberg, C. H., Li, A., Kang, H., Duvall, M. and Mao, L. 2006. Genome-wide analysis of the MADS-box gene family in *Populus trichocarpa*. Gene, 378, 84-94.

Li, N., Kunitake, E., Endo, Y., Aoyama, M., Kanamaru, K., Kimura, M., Kato, M. and Kobayashi, T. 2016. Involvement of an SRF-MADS protein McmA in regulation of extracellular enzyme production and asexual/sexual development in Aspergillus nidulans. Bioscience, biotechnology, and biochemistry, 1-9.

Li, R., Beaudoin, F., Ammah, A. A., Bissonnette, N., Benchaar, C., Zhao, X., Lei, C. and Ibeagha-Awemu, E. M. 2015. Deep sequencing shows microRNA involvement in bovine mammary gland adaptation to diets supplemented with linseed oil or safflower oil. BMC genomics, 16(1), 1.

Liu, W. and Stewart, C. N. 2016. Plant synthetic promoters and transcription factors. Current opinion in biotechnology, 37, 36-44.

Livak, K. J. and Schmittgen, T. D. 2001. Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2− ΔΔCT method. methods, 25(4), 402-408.

Mandel, M. A and Yanofsky, M. F. 1998. The Arabidopsis AGL9 MADS box gene is expressed in young flower primordia. Sexual Plant Reproduction, 11(1), 22-28.

Mardis, E. R. 2008) Next-generation DNA sequencing methods. Annu. Rev. Genomics Hum. Genet., 9, 387-402.

Mortazavi, A., Williams, B. A., McCue, K., Schaeffer, L. and Wold, B. 2008. Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq. Nature methods, 5(7), 621-628.

Mughal, W., Nguyen, L., Pustylnik, S., da Silva Rosa, S. C., Piotrowski, S., Chapman, D., Du, M., Alli, N. S., Grigull, J., Halayko, A. J., Aliani, M., Topham, M. K., Epand, R. M., Hatch, G. M., Pereira, T. J., Kereliuk, S., McDermott, C., Rampitsch, C., Dolinsky, V. W. and Gordon, J. W. 2015. A conserved MADS-box phosphorylation motif regulates differentiation and mitochondrial function in skeletal, cardiac, and smooth muscle cells. Cell death & disease, 6(10), e1944.

Myburg, A. A., Grattapaglia, D., Tuskan, G. A., Hellsten, U., Hayes, R. D., Grimwood, J., Jenkins, J., Lindquist, E., Tice, H., Bauer, D., Goodstein D.M., Dubchack, I., Poliakov, A., Mizrachi, E., Kullan, A. R. K., Hussey, S. G., Pinard, D., van der Merwe, K., Singh, P., van Jaarsveld, I., Silva-Junior, O. B., Togawa, R. C., Pappas, M. R., Faria, D. A. and Sansaloni, C. P. 2014. The genome of Eucalyptus grandis. Nature, 510(7505), 356-362.

Nakatsuka, T., Saito, M. and Nishihara, M. 2016. Functional characterization of duplicated B-class MADS-box genes in Japanese gentian. Plant cell reports, 35(4), 895-904.

Ozdemir Ozgenturk, N., Oruç, F., Sezerman, U., Kuçukural, A., Vural Korkut, S., Toksoz, F. and Un, C. 2010. Generation and analysis of expressed sequence tags from *Olea europaea* L. Comparative and functional genomics, 2010.

Ocarez, N. and Mejía, N. 2016. Suppression of the D-class MADS-box AGL11 gene triggers seedlessness in fleshy fruits. Plant cell reports, 35(1), 239-254.

Orlandi, F., Vazquez, L. M., Ruga, L., Bonofiglio, T., Fornaciari, M., Garcia-Mozo, H., Domínguez, E., Romano, B. and Galan, C. 2005. Bioclimatic requirements for olive flowering in two Mediterranean regions located at the same latitude (Andalucia, Spain, and Sicily, Italy). Annals of Agricultural and Environmental Medicine, 12(1), 47.

Özkaya, M. T., Tunalıoğlu, R., Eken, Ş., Ulaş, M., Tan, M., Danacı, A., İnan, N. and Tibet, Ü. 2010. Türkiye zeytinciliğinin sorunları ve çözüm önerileri. TMMOB Ziraat Mühendisleri Odası, Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi, 11-15.

Ouazzani, N., Lumaret, R., Villemur, P. and Di Giusto, F. 1993. Leaf allozyme variation in cultivated and wild olive trees (*Olea europaea* L.). Journal of Heredity, 84(1), 34-42.

Padan, E., Venturi, M., Gerchman, Y. and Dover, N. 2001. Na+/H+ antiporters. Biochimica et biophysica acta (BBA)-bioenergetics, 1505(1), 144-157.

Pařenicová, L., de Folter, S., Kieffer, M., Horner, D. S., Favalli, C., Busscher, J., Cook, H. E., Ingram, R. M., Kater, M. M., Davies, B., Angenent, G. C. and Colombo, L. 2003. Molecular and phylogenetic analyses of the complete MADS-box transcription factor family in Arabidopsis new openings to the MADS world. The Plant Cell, 15(7), 1538-1551.

Patterson, S. E. 2001. Cutting loose. Abscission and dehiscence in Arabidopsis. Plant Physiology, 126(2), 494-500.

Ping, H. 2008. Functional characterization of AGL17 in Arabidopsis (Doctora thesis).

Puig, J., Meynard, D., Khong, G. N., Pauluzzi, G., Guiderdoni, E. and Gantet, P. 2013. Analysis of the expression of the AGL17-like clade of MADS-box transcription factors in rice. Gene Expression Patterns, 13(5), 160-170.

Rameneni, J. J., Dhandapani, V., Paul, P., Im, S., Oh, M. H., Choi, S. R. and Lim, Y. P. 2014. Genome-wide identification, characterization, and comparative phylogeny analysis of MADS-box transcription factors in *Brassica rapa*. Genes & genomics, 36(4), 509-525.

Ramos-Gómez, S., Busto, M. D., Albillos, S. M. and Ortega, N. 2016. Novel qPCR systems for olive (*Olea europaea* L.) authentication in oils and food. Food chemistry, 194, 447-454.

Rugini, E. and Lavee, S. 1992. Olive. In: Hammerschlag, F.A., Litz, R.E. (Eds.), Biotechnology of Perennial Fruit Crops. CAB Int., Wellingford, UK, 371–382 p.

Sadka, A., Dahan, E., Or, E. and Cohen, L. 2000. NADP+-isocitrate dehydrogenase gene expression and isozyme activity during citrus fruit development. Plant Science, 158(1), 173-181.

Saha, G., Park, J. I., Jung, H. J., Ahmed, N. U., Kayum, M. A., Chung, M. Y., Hur, Y., Cho, Y., Watanabe, M. and Nou, I. S. 2015. Genome-wide identification and characterization of MADS-box family genes related to organ development and stress resistance in *Brassica rapa*. BMC genomics, 16(1), 1.

Sainsbury, S., Bernecky, C. and Cramer, P. 2015. Structural basis of transcription initiation by RNA polymerase II. Nature Reviews Molecular Cell Biology, 16(3), 129-143.

Sakuma, K., Aoi, W. and Yamaguchi, A. 2016. The intriguing regulators of muscle mass in sarcopenia and muscular dystrophy. Pathophysiological Mechanisms of Sarcopenia in Aging and in Muscular Dystrophy: A Translational Approach.

Schwarz-Sommer, Z., Hue, I., Huijser, P., Flor, P. J., Hansen, R., Tetens, F., Lönning, W. E., Saedler, H. and Sommer, H. 1992. Characterization of the Antirrhinum floral homeotic MADS-box gene deficiens: evidence for DNA binding and autoregulation of its persistent expression throughout flower development. The EMBO Journal, 11(1), 251.

Seo, P. J., Park, M. J. and Park, C. M. 2013. Alternative splicing of transcription factors in plant responses to low temperature stress: mechanisms and functions. Planta, 237(6), 1415-1424.

Seymour, G. B., Ryder, C. D., Cevik, V., Hammond, J. P., Popovich, A., King, G. J., Vrebalov, J., Gioannoni, J. J. and Manning, K. 2011. A SEPALLATA gene is involved in the development and ripening of strawberry (Fragaria× ananassa

Duch.) fruit, a non-climacteric tissue. Journal of experimental botany, 62(3), 1179-1188.

Shima, Y., Kitagawa, M., Fujisawa, M., Nakano, T., Kato, H., Kimbara, J., Kasumi, T. and Ito, Y. 2013. Tomato FRUITFULL homologues act in fruit ripening via forming MADS-box transcription factor complexes with RIN. Plant molecular biology, 82(4-5), 427-438.

Shu, Y., Yu, D., Wang, D., Guo, D. and Guo, C. 2013. Genome-wide survey and expression analysis of the MADS-box gene family in soybean. Molecular biology reports, 40(6), 3901-3911.

Smaczniak, C., Immink, R. G., Angenent, G. C. and Kaufmann, K. 2012. Developmental and evolutionary diversity of plant MADS-domain factors: insights from recent studies. Development, 139(17), 3081-3098.

Tang, F., Lao, K. and Surani, M. A. 2011. Development and applications of single-cell transcriptome analysis. Nature methods, 8(4s).

Teeri, T. H., Uimari, A., Kotilainen, M., Laitinen R., Help H,, Elomaa P. and Albert VA. 2006. Reproductive meristem fates in Gerbera. J. Exp. Bot, 57, 3445-3455.

Teper-Bamnolker, P. and Samach, A. 2005. The flowering integrator FT regulates SEPALLATA3 and FRUITFULL accumulation in Arabidopsis leaves. The Plant Cell, 17(10), 2661-2675.

Tian, Y., Dong, Q., Ji, Z., Chi, F., Cong, P. and Zhou, Z. 2015. Genome-wide identification and analysis of the MADS-box gene family in apple. Gene, 555(2), 277-290.

Tiryaki, G. Y. 2005. Erken Hasatın Zeytinyağı Kalitesi Üzerine Etkileri. Gıda Dergisi, 30(3).

Trapnell, C., Williams, B. A., Pertea, G., Mortazavi, A., Kwan, G., Van Baren, M. J., Salzberg, S. L., Wold, B. J. and Pachter, L. 2010. Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation. Nature biotechnology, 28(5), 511-515.

Turktas, M., Inal, B., Okay, S., Erkilic, E. G., Dundar, E., Hernandez, P., ... and Unver, T. (2013). Nutrition metabolism plays an important role in the alternate bearing of the olive tree (*Olea europaea* L.). PloS one, 8(3), e59876.

Unver, T. 2016. Lessons From Whole Genome Sequencing of Olive Tree (*Olea europaea* L.). In Plant and Animal Genome XXIV Conference. Plant and Animal Genome.

Upchurch, R. G. 2008. Fatty acid unsaturation, mobilization, and regulation in the response of plants to stress. Biotechnology letters, 30(6), 967-977.

Wagner, D. and Weijers, D. 2016. Editorial overview: Growth and development: Signals and communication in plant pluripotency, differentiation and growth. Current opinion in plant biology, (29), v-ix.

Wahid, F., Shehzad, A., Khan, T. and Kim, Y. Y. 2010. MicroRNAs: synthesis, mechanism, function, and recent clinical trials. Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular Cell Research, 1803(11), 1231-1243.

Wang, L., Yin, X., Cheng, C., Wang, H., Guo, R., Xu, X., Zhao, J., Zheng, Y. and Wang, X. 2015. Evolutionary and expression analysis of a MADS-box gene superfamily involved in ovule development of seeded and seedless grapevines. Molecular Genetics and Genomics, 290(3), 825-846.

Wei, X., Wang, L., Yu, J., Zhang, Y., Li, D. and Zhang, X. 2015. Genome-wide identification and analysis of the MADS-box gene family in sesame. Gene, 569(1), 66-76.

Wells, C. E., Vendramin, E., Tarodo, S. J., Verde, I. and Bielenberg, D. G. 2015. A genome-wide analysis of MADS-box genes in peach [*Prunus persica* (L.) *batsch*]. BMC plant biology, 15(1), 1.

Wu, R. M., Walton, E. F., Richardson, A. C., Wood, M., Hellens, R. P. and Varkonyi-Gasic, E. 2012. Conservation and divergence of four kiwifruit SVP-like MADS-box genes suggest distinct roles in kiwifruit bud dormancy and flowering. Journal of experimental botany, 63(2), 797-807.

Xu, Z., Zhang, Q., Sun, L., Du, D., Cheng, T., Pan, H., Yang, W. and Wang, J. 2014. Genome-wide identification, characterisation and expression analysis of the MADS-box gene family in *Prunus mume.* Molecular Genetics and Genomics, 289(5), 903-920.

Yang, T., Xue, L. and An, L. 2007. Functional diversity of miRNA in plants. Plant Science, 172(3), 423-432.

Zhu, J. K. 2002. Salt and drought stress signal transduction in plants. Annual review of plant biology, 53, 247.

EK-1 Zeytin MADS-Box Genlerinin Blast2GO Sonuçları

Çizelge 1.1 Zeytin MADS-Box genlerinin hücresel bileşen bakımından sınıflandırılması

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Hücresel Bileşen
OeuMADS1	GO:0005634	C	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Çekirdek
OeuMADS3	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Çekirdek
OeuMADS4	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS5	GO:0005634	C	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Çekirdek
OeuMADS7	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Çekirdek
OeuMADS8	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL11	Çekirdek
OeuMADS9	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör	Çekirdek
OeuMADS10	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Çekirdek
OeuMADS11	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Çekirdek
OeuMADS13	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Çekirdek
OeuMADS15	GO:0005634	C	MADS-Box protein SVP	Çekirdek
OeuMADS16	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS18	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS20	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Çekirdek
OeuMADS21	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS23	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS25	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Çekirdek
OeuMADS26	GO:0005634	C	Fruitfull-benzeri kısmi	Çekirdek
OeuMADS27	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Çekirdek
OeuMADS28	GO:0005634	C	Agamous-benzeri 66 izsoform 4	Çekirdek
OeuMADS29	GO:0005737	C	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Sitoplazma
OeuMADS29	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Çekirdek
OeuMADS30	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS32	GO:0005634	C	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Çekirdek
OeuMADS33	GO:0005737	C	MADS-Box protein SOC1	Sitoplazma
OeuMADS33	GO:0005634	C	MADS-Box protein SOC1	Çekirdek
OeuMADS34	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Çekirdek
OeuMADS36	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS38	GO:0005737	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Sitoplazma

Çizelge 1.1 Zeytin MADS-Box genlerinin hücresel bileşen bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Hücresel Bileşen
OeuMADS38	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Çekirdek
OeuMADS39	GO:0044424	C	MADS-Box protein SOC1	Hücreiçi Bölümü
OeuMADS40	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS43	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör ANR1-benzeri	Çekirdek
OeuMADS48	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Çekirdek
OeuMADS51	GO:0005634	C	MADS-Box protein SOC1-benzeri	Çekirdek
OeuMADS55	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Çekirdek
OeuMADS57	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Çekirdek
OeuMADS61	GO:0005634	C	Agamous-benzeri 16	Çekirdek
OeuMADS62	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS64	GO:0005634	C	Agamous-like MADS-Box protein AGL80	Çekirdek
OeuMADS65	GO:0005634	C	Plena-benzeri MADS-Box protein	Çekirdek
OeuMADS67	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Çekirdek
OeuMADS69	GO:0005634	C	MADS-Box protein SVP-benzeri izoform x2	Çekirdek
OeuMADS70	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS73	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS75	GO:0005634	C	MADS-Box protein SVP	Çekirdek
OeuMADS78	GO:0044424	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Hücreiçi Bölümü
OeuMADS82	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS83	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS84	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS86	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS89	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15 izoform x1	Çekirdek
OeuMADS90	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS91	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Çekirdek
OeuMADS94	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS96	GO:0005634	C	MADS-Box protein jointless	Çekirdek
OeuMADS97	GO:0005634	C	MADS-Box protein jointless	Çekirdek
OeuMADS98	GO:0005634	C	Apetala 1	Çekirdek
OeuMADS101	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Çekirdek

Çizelge 1.1 Zeytin MADS-Box genlerinin hücresel bileşen bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Hücresel Bileşen
OeuMADS102	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Çekirdek
OeuMADS104	GO:0005634	C	--	Çekirdek
OeuMADS106	GO:0005634	C	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	Çekirdek
OeuMADS107	GO:0005634	C	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	Çekirdek
OeuMADS112	GO:0005634	C	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Çekirdek
OeuMADS116	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek
OeuMADS117	GO:0005634	C	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Çekirdek

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS1	GO:0003677	F	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	DNA bağlayıcı
OeuMADS1	GO:0046983	F	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Protein bağlayıcı
OeuMADS1	GO:0003700	F	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS2	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL17	Bağlayıcı
OeuMADS3	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	DNA bağlayıcı
OeuMADS3	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Protein bağlayıcı
OeuMADS3	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS4	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS4	GO:0046983	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS4	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS5	GO:0003677	F	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	DNA bağlayıcı
OeuMADS5	GO:0046983	F	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Protein bağlayıcı
OeuMADS5	GO:0003700	F	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Transkripsiyon faktör aktivitesi

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS7	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	DNA bağlayıcı
OeuMADS7	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Protein bağlayıcı
OeuMADS7	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS8	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL11	DNA bağlayıcı
OeuMADS8	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL11	Protein bağlayıcı
OeuMADS8	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL11	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS9	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör	DNA bağlayıcı
OeuMADS9	GO:0046983	F	MADS-Box transkripsiyon faktör	Protein bağlayıcı
OeuMADS9	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS10	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	DNA bağlayıcı
OeuMADS10	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Protein bağlayıcı
OeuMADS11	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	DNA bağlayıcı
OeuMADS11	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Protein bağlayıcı
OeuMADS12	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Bağlayıcı
OeuMADS13	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Bağlayıcı
OeuMADS15	GO:0003677	F	MADS-Box protein SVP	DNA bağlayıcı
OeuMADS15	GO:0046983	F	MADS-Box protein SVP	Protein bağlayıcı
OeuMADS15	GO:0003700	F	MADS-Box protein SVP	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS15	GO:0000900	F	MADS-Box protein SVP	translasyon düzenleyici aktivitesi
OeuMADS16	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS16	GO:0046983	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS16	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS18	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS18	GO:0046983	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS18	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS20	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	DNA bağlayıcı
OeuMADS20	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Protein bağlayıcı
OeuMADS20	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS21	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS21	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS22	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Bağlayıcı
OeuMADS23	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS23	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS24	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Bağlayıcı
OeuMADS25	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	DNA bağlayıcı
OeuMADS25	GO:0046983	F	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Protein bağlayıcı
OeuMADS25	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS26	GO:0003677	F	Fruitfull-benzeri kısmi	DNA bağlayıcı
OeuMADS26	GO:0032440	F	Fruitfull-benzeri kısmi	Oksidoredüktaz aktivitesi
OeuMADS26	GO:0046983	F	Fruitfull-benzeri kısmi	Protein bağlayıcı
OeuMADS26	GO:0003700	F	Fruitfull-benzeri kısmi	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS27	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	DNA bağlayıcı
OeuMADS27	GO:0046983	F	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Protein bağlayıcı
OeuMADS27	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS28	GO:0003677	F	Agamous-benzeri 66 izoform 4	DNA bağlayıcı
OeuMADS28	GO:0016491	F	Agamous-benzeri 66 izoform 4	Oksidoredüktaz aktivitesi
OeuMADS28	GO:0046983	F	Agamous-benzeri 66 izoform 4	Protein bağlayıcı
OeuMADS29	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	DNA bağlayıcı

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS29	GO:0046983	F	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Protein bağlayıcı
OeuMADS29	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS30	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS30	GO:0046983	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS30	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS32	GO:0003677	F	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	DNA bağlayıcı
OeuMADS32	GO:0046983	F	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Protein bağlayıcı
OeuMADS32	GO:0003700	F	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS33	GO:0003677	F	MADS-Box protein SOC1	DNA bağlayıcı
OeuMADS33	GO:0032440	F	MADS-Box protein SOC1	Oksidoredüktaz aktivitesi
OeuMADS33	GO:0046983	F	MADS-Box protein SOC1	Protein bağlayıcı
OeuMADS33	GO:0003700	F	MADS-Box protein SOC1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS33	GO:0008134	F	MADS-Box protein SOC1	Transkripsiyon faktör bağlayıcı
OeuMADS34	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Bağlayıcı
OeuMADS36	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS36	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS38	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	DNA bağlayıcı
OeuMADS38	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Protein bağlayıcı
OeuMADS38	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS38	GO:0008134	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Transkripsiyon faktör bağlayıcı
OeuMADS39	GO:0005515	F	MADS-Box protein SOC1	Protein bağlayıcı
OeuMADS40	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS40	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS41	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Bağlayıcı
OeuMADS43	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör ANR1-benzeri	DNA bağlayıcı

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS43	GO:0046983	F	MADS-Box transkripsiyon faktör ANR1-benzeri	Protein bağlayıcı
OeuMADS48	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	DNA bağlayıcı
OeuMADS48	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Protein bağlayıcı
OeuMADS48	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS49	GO:0005488	F	MADS-Box protein SVP-benzeri	Bağlayıcı
OeuMADS50	GO:0005515	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS51	GO:0003677	F	MADS-Box protein SOC1-Benzeri	DNA bağlayıcı
OeuMADS51	GO:0046983	F	MADS-Box protein SOC1-benzeri	Protein bağlayıcı
OeuMADS51	GO:0003700	F	MADS-Box protein SOC1-benzeri	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS52	GO:0005488	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 56-benzeri	Bağlayıcı
OeuMADS53	GO:0005488	F	Çiçeklenme zamanı kontrolü protein fca izoform x1	Bağlayıcı
OeuMADS54	GO:0005488	F	Çiçeklenme zamanı kontrolü protein fca izoform x1	Bağlayıcı
OeuMADS55	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	DNA bağlayıcı
OeuMADS55	GO:0046983	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Protein bağlayıcı
OeuMADS55	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS57	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	DNA bağlayıcı
OeuMADS57	GO:0042803	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Protein bağlayıcı
OeuMADS57	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS57	GO:0008134	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Transkripsiyon faktör bağlayıcı
OeuMADS59	GO:0005515	F	MADS-Box protein FBP24	Protein bağlayıcı
OeuMADS61	GO:0003677	F	Agamous-benzeri 16	DNA bağlayıcı
OeuMADS61	GO:0032440	F	Agamous-benzeri 16	Oksidoredüktaz aktivitesi
OeuMADS61	GO:0046983	F	Agamous-benzeri 16	Protein bağlayıcı
OeuMADS61	GO:0003700	F	Agamous-benzeri 16	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS61	GO:0008134	F	Agamous-benzeri 16	Transkripsiyon faktör bağlayıcı
OeuMADS62	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS62	GO:0042803	F	--	Protein bağlayıcı

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS62	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS62	GO:0008134	F	--	Transkripsiyon faktör bağlayıcı
OeuMADS63	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog izoform	Bağlayıcı
OeuMADS64	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	DNA bağlayıcı
OeuMADS64	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Protein bağlayıcı
OeuMADS65	GO:0003677	F	Plena-benzeri MADS-Box protein	DNA bağlayıcı
OeuMADS65	GO:0046983	F	Plena-benzeri MADS-Box protein	Protein bağlayıcı
OeuMADS65	GO:0003700	F	Plena-benzeri MADS-Box protein	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS66	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Bağlayıcı
OeuMADS67	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	DNA bağlayıcı
OeuMADS67	GO:0032440	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Oksidoredüktaz aktivitesi
OeuMADS67	GO:0042803	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Protein bağlayıcı
OeuMADS67	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS67	GO:0008134	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Transkripsiyon faktör bağlayıcı
OeuMADS69	GO:0003677	F	MADS-Box protein svp-benzeri izoform x2	DNA bağlayıcı
OeuMADS69	GO:0032440	F	MADS-Box protein svp-benzeri izoform x2	Oksidoredüktaz aktivitesi
OeuMADS69	GO:0046983	F	MADS-Box protein svp-benzeri izoform x2	Protein bağlayıcı
OeuMADS69	GO:0003700	F	MADS-Box protein svp-benzeri izoform x2	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS70	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS70	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS71	GO:0005488	F	--	Bağlayıcı
OeuMADS72	GO:0003676	F	--	Bağlayıcı
OeuMADS73	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS73	GO:0046983	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS73	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS75	GO:0003677	F	MADS-Box protein SVP	DNA bağlayıcı
OeuMADS75	GO:0046983	F	MADS-Box protein SVP	Protein bağlayıcı

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS75	GO:0003700	F	MADS-Box protein SVP	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS75	GO:0000900	F	MADS-Box protein SVP	Translasyon düzenleyici aktivitesi
OeuMADS78	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Protein bağlayıcı
OeuMADS80	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL86	Bağlayıcı
OeuMADS81	GO:0005488	F	MADS-Box aile protein	Bağlayıcı
OeuMADS82	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS82	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS83	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS83	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS84	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein agl62	DNA bağlayıcı
OeuMADS84	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS85	GO:0005488	F	Protein agamous-benzeri 52	Bağlayıcı
OeuMADS86	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS86	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS87	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL86	Bağlayıcı
OeuMADS88	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Bağlayıcı
OeuMADS89	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15 izoform x1	DNA bağlayıcı
OeuMADS89	GO:0042803	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15 izoform x1	Protein bağlayıcı
OeuMADS89	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15 izoform x1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS90	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS90	GO:0046983	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS90	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS91	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	DNA bağlayıcı
OeuMADS91	GO:0046983	F	Agamous-benzeri ma MADS-Box ds-Box protein AGL12	Protein bağlayıcı
OeuMADS91	GO:0003700	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS92	GO:0005515	F	--	Protein bağlayıcı

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
Oeu052267.1	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Bağlayıcı
OeuMADS94	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS94	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS95	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Bağlayıcı
OeuMADS96	GO:0003677	F	MADS-Box protein jointless	DNA bağlayıcı
OeuMADS96	GO:0046983	F	MADS-Box protein jointless	Protein bağlayıcı
OeuMADS96	GO:0003700	F	MADS-Box protein jointless	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS96	GO:0000900	F	MADS-Box protein jointless	Translasyon düzenleyici aktivitesi
OeuMADS97	GO:0003677	F	MADS-Box protein jointless	DNA bağlayıcı
OeuMADS97	GO:0046983	F	MADS-Box protein jointless	Protein bağlayıcı
OeuMADS97	GO:0003700	F	MADS-Box protein jointless	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS97	GO:0000900	F	MADS-Box protein jointless	Translasyon düzenleyici aktivitesi
OeuMADS98	GO:0003677	F	Apetala 1	DNA bağlayıcı
OeuMADS98	GO:0046983	F	Apetala 1	Protein bağlayıcı
OeuMADS98	GO:0003700	F	Apetala 1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS100	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Bağlayıcı
OeuMADS101	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Bağlayıcı
OeuMADS102	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	DNA bağlayıcı
OeuMADS104	GO:0003677	F	--	DNA bağlayıcı
OeuMADS104	GO:0046983	F	--	Protein bağlayıcı
OeuMADS104	GO:0003700	F	--	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS105	GO:0005488	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 50-benzeri izoform x1	Bağlayıcı
OeuMADS106	GO:0003677	F	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	DNA bağlayıcı

Çizelge 1.2 Zeytin MADS-Box genlerinin moleküler fonksiyon bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Moleküler Fonksiyon
OeuMADS106	GO:0046983	F	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	Protein bağlayıcı
OeuMADS106	GO:0003700	F	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS107	GO:0003677	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	DNA bağlayıcı
OeuMADS107	GO:0032440	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	Oksidoredüktaz aktivitesi
OeuMADS107	GO:0046983	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	Protein bağlayıcı
OeuMADS107	GO:0003700	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS108	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Bağlayıcı
OeuMADS111	GO:0005488	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog izoform	Bağlayıcı
OeuMADS112	GO:0003677	F	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	DNA bağlayıcı
OeuMADS112	GO:0046983	F	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Protein bağlayıcı
OeuMADS112	GO:0003700	F	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Transkripsiyon faktör aktivitesi
OeuMADS113	GO:0005488	F	--	Bağlayıcı
OeuMADS114	GO:0005488	F	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Bağlayıcı
OeuMADS116	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS116	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Protein bağlayıcı
OeuMADS117	GO:0003677	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	DNA bağlayıcı
OeuMADS117	GO:0046983	F	Agamous-benzeri MADS-Box protein agl62	Protein bağlayıcı

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS1	GO:0006355	P	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS1	GO:0006351	P	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS3	GO:0048589	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gelişim
OeuMADS3	GO:0048527	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gelişim
OeuMADS3	GO:0048765	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gelişim

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS3	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gen ifadesi
OeuMADS3	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gen ifadesi
OeuMADS3	GO:0006826	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Diğerleri
OeuMADS3	GO:0015706	P	Agamous-benzeri ma MADS-Box ds-Box protein AGL12	Diğerleri
OeuMADS3	GO:0048481	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Üreme
OeuMADS3	GO:0010228	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Üreme
OeuMADS3	GO:0010106	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Uyarıcıya cevap
OeuMADS3	GO:0010167	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Uyarıcıya cevap
OeuMADS4	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS4	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS5	GO:0006355	P	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS5	GO:0006351	P	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS7	GO:0001708	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Gelişim
OeuMADS7	GO:0048507	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Gelişim
OeuMADS7	GO:0010093	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Gelişim
OeuMADS7	GO:0048833	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Gelişim
OeuMADS7	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Gen ifadesi
OeuMADS7	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Gen ifadesi
OeuMADS7	GO:0048481	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL9 homolog	Üreme
OeuMADS8	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL11	Gen ifadesi
OeuMADS8	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL11	Gen ifadesi
OeuMADS9	GO:0048589	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Gelişim
OeuMADS9	GO:0048527	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Gelişim
OeuMADS9	GO:0048765	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Gelişim
OeuMADS9	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Gen ifadesi
OeuMADS9	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Gen ifadesi
OeuMADS9	GO:0006826	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Diğerleri
OeuMADS9	GO:0015706	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Diğerleri
OeuMADS9	GO:0048481	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Üreme

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS9	GO:0010228	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Üreme
OeuMADS9	GO:0010106	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Uyarıcıya cevap
OeuMADS9	GO:0010167	P	MADS-Box transkripsiyon faktör	Uyarıcıya cevap
OeuMADS10	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Gen ifadesi
OeuMADS10	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Gen ifadesi
OeuMADS11	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Gen ifadesi
OeuMADS11	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Gen ifadesi
OeuMADS12	GO:0009960	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gelişim
OeuMADS15	GO:0052543	P	MADS-Box protein SVP	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS15	GO:0010582	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS15	GO:0009965	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS15	GO:0010076	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS15	GO:0009556	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS15	GO:0009910	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS15	GO:0045892	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi
OeuMADS15	GO:0017148	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi
OeuMADS15	GO:0045893	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi
OeuMADS15	GO:0006351	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi
OeuMADS15	GO:0009867	P	MADS-Box protein SVP	Hormon regülasyonu
OeuMADS15	GO:0009862	P	MADS-Box protein SVP	Hormon regülasyonu
OeuMADS15	GO:0010310	P	MADS-Box protein SVP	Metabolik işlev
OeuMADS15	GO:0006612	P	MADS-Box protein SVP	Diğerleri
OeuMADS15	GO:0035304	P	MADS-Box protein SVP	Diğerleri
OeuMADS15	GO:0000165	P	MADS-Box protein SVP	Diğerleri
OeuMADS15	GO:0048481	P	MADS-Box protein SVP	Üreme
OeuMADS15	GO:0031348	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS15	GO:0009617	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS15	GO:0009266	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS15	GO:0010363	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS16	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS16	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS16	GO:0006826	P	--	Diğerleri
OeuMADS16	GO:0010106	P	--	Uyarıcıya cevap
OeuMADS16	GO:0010167	P	--	Uyarıcıya cevap
OeuMADS16	GO:0010228	P	--	Üreme

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS16	GO:0015706	P	--	Diğerleri
OeuMADS16	GO:0048481	P	--	Üreme
OeuMADS16	GO:0048527	P	--	Gelişim
OeuMADS16	GO:0048589	P	--	Gelişim
OeuMADS16	GO:0048765	P	--	Gelişim
OeuMADS18	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS18	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS20	GO:0010154	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Gelişim
OeuMADS20	GO:0010077	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Gelişim
OeuMADS20	GO:0009911	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Gelişim
OeuMADS20	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Gen ifadesi
OeuMADS20	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Gen ifadesi
OeuMADS20	GO:0031540	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Metabolik işlev
OeuMADS20	GO:0048481	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL8 homolog	Üreme
OeuMADS21	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS21	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS23	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS23	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS25	GO:0007275	P	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Gelişim
OeuMADS25	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Gen ifadesi
OeuMADS25	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Gen ifadesi
OeuMADS26	GO:0006355	P	Fruitfull-benzeri kısmi	Gen ifadesi
OeuMADS26	GO:0006351	P	Fruitfull-benzeri kısmi	Gen ifadesi
OeuMADS26	GO:0055114	P	Fruitfull-benzeri kısmi	Oksidasyon-redüksiyon işlevi
OeuMADS27	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Gen ifadesi
OeuMADS27	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Gen ifadesi
OeuMADS27	GO:0010364	P	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Hormon regülasyonu
OeuMADS27	GO:0016117	P	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Diğerleri
OeuMADS27	GO:0009836	P	MADS-Box transkripsiyon faktör mads-rin	Üreme
OeuMADS28	GO:0006355	P	Agamous-benzeri 66 izoform 4	Gen ifadesi
OeuMADS28	GO:0006351	P	Agamous-benzeri 66 izoform 4	Gen ifadesi
OeuMADS29	GO:0010093	P	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Gelişim

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS29	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Gen ifadesi
OeuMADS29	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör kısmi	Gen ifadesi
OeuMADS30	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS30	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS32	GO:0006355	P	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS32	GO:0006351	P	Çiçek homeotik protein agamous-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS33	GO:0010077	P	MADS-Box protein SOC1	Gelişim
OeuMADS33	GO:0009911	P	MADS-Box protein SOC1	Gelişim
OeuMADS33	GO:0045893	P	MADS-Box protein SOC1	Gen ifadesi
OeuMADS33	GO:0006351	P	MADS-Box protein SOC1	Gen ifadesi
OeuMADS33	GO:0000060	P	MADS-Box protein SOC1	Diğerleri
OeuMADS33	GO:0055114	P	MADS-Box protein SOC1	Oksidasyon-redüksiyon işlevi
OeuMADS33	GO:0048481	P	MADS-Box protein SOC1	Üreme
OeuMADS33	GO:0043481	P	MADS-Box protein SOC1	Uyarıcıya cevap
OeuMADS33	GO:0009739	P	MADS-Box protein SOC1	Uyarıcıya cevap
OeuMADS33	GO:0010048	P	MADS-Box protein SOC1	Uyarıcıya cevap
OeuMADS36	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS36	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS38	GO:0010077	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Gelişim
OeuMADS38	GO:0009911	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Gelişim
OeuMADS38	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Gen ifadesi
OeuMADS38	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Gen ifadesi
OeuMADS38	GO:0000060	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL14	Diğerleri
OeuMADS39	GO:0050789	P	MADS-Box protein SOC1	Diğerleri
OeuMADS40	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS40	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS43	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör ANR1-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS43	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör ANR1-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS48	GO:0048440	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Gelişim
OeuMADS48	GO:0009910	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Gelişim

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS48	GO:0009555	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Gelişim
OeuMADS48	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Gen ifadesi
OeuMADS48	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Gen ifadesi
OeuMADS48	GO:0043481	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Uyarıcıya cevap
OeuMADS48	GO:0048577	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Uyarıcıya cevap
OeuMADS48	GO:0010048	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL18	Uyarıcıya cevap
OeuMADS51	GO:0006355	P	MADS-Box protein SOC1-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS51	GO:0006351	P	MADS-Box protein SOC1-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS55	GO:0048440	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Gelişim
OeuMADS55	GO:0009910	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Gelişim
OeuMADS55	GO:0009555	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Gelişim
OeuMADS55	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Gen ifadesi
OeuMADS55	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Gen ifadesi
OeuMADS55	GO:0043481	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Uyarıcıya cevap
OeuMADS55	GO:0048577	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Uyarıcıya cevap
OeuMADS55	GO:0010048	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23	Uyarıcıya cevap
OeuMADS57	GO:0052543	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS57	GO:0009556	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Gelişim
OeuMADS57	GO:0010440	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Gelişim
OeuMADS57	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS57	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS57	GO:0048481	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri izoform x1	Üreme
OeuMADS59	GO:0008152	P	MADS-Box protein fbp24	Metabolik işlev
OeuMADS61	GO:0048527	P	Agamous-benzeri 16	Gelişim
OeuMADS61	GO:0006355	P	Agamous-benzeri 16	Gen ifadesi
OeuMADS61	GO:0006351	P	Agamous-benzeri 16	Gen ifadesi
OeuMADS61	GO:0055114	P	Agamous-benzeri 16	Oksidasyon-redüksiyon işlevi
OeuMADS61	GO:0010167	P	Agamous-benzeri 16	Uyarıcıya cevap
OeuMADS61	GO:0007584	P	Agamous-benzeri 16	Uyarıcıya cevap
OeuMADS62	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS62	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS62	GO:0009556	P	--	Gelişim

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS62	GO:0010440	P	--	Gelişim
OeuMADS62	GO:0048481	P	--	Gelişim
OeuMADS62	GO:0052543	P	--	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS64	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Gen ifadesi
OeuMADS64	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL80	Gen ifadesi
OeuMADS65	GO:0006355	P	Plena-benzeri MADS-Box protein	Gen ifadesi
OeuMADS65	GO:0006351	P	Plena-benzeri MADS-Box protein	Gen ifadesi
OeuMADS66	GO:0009960	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gelişim
OeuMADS67	GO:0045010	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS67	GO:0052543	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS67	GO:0033044	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS67	GO:0048589	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gelişim
OeuMADS67	GO:0048527	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gelişim
OeuMADS67	GO:0009556	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gelişim
OeuMADS67	GO:0009887	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gelişim
OeuMADS67	GO:0048765	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gelişim
OeuMADS67	GO:0010440	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gelişim
OeuMADS67	GO:0010090	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gelişim
OeuMADS67	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS67	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS67	GO:0007155	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Diğerleri
OeuMADS67	GO:0010413	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Diğerleri
OeuMADS67	GO:0045492	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Diğerleri
OeuMADS67	GO:0055114	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Oksidasyon-redüksiyon işlevi
OeuMADS67	GO:0048481	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Üreme
OeuMADS67	GO:0010167	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Uyarıcıya cevap
OeuMADS67	GO:0007584	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Uyarıcıya cevap

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS69	GO:0006355	P	MADS-Box protein SVP-benzeri izoform x2	Gen ifadesi
OeuMADS69	GO:0006351	P	MADS-Box protein SVP-benzeri izoform x2	Gen ifadesi
OeuMADS69	GO:0055114	P	MADS-Box protein SVP-benzeri izoform x2	Oksidasyon-redüksiyon işlevi
OeuMADS70	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS70	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS72	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS72	GO:0007165	P	--	Diğerleri
OeuMADS72	GO:0010073	P	--	Gelişim
OeuMADS72	GO:0010629	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS72	GO:0016043	P	--	Diğerleri
OeuMADS72	GO:0031347	P	--	Diğerleri
OeuMADS72	GO:0032268	P	--	Metabolik işlev
OeuMADS72	GO:0044238	P	--	Metabolik işlev
OeuMADS72	GO:0044260	P	--	Metabolik işlev
OeuMADS72	GO:0048438	P	--	Gelişim
OeuMADS72	GO:0048827	P	--	Gelişim
OeuMADS72	GO:0051172	P	--	Metabolik işlev
OeuMADS72	GO:0051707	P	--	Uyarıcıya cevap
OeuMADS72	GO:0070727	P	--	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS72	GO:0071229	P	--	Uyarıcıya cevap
OeuMADS72	GO:0071310	P	--	Uyarıcıya cevap
OeuMADS72	GO:1901701	P	--	Uyarıcıya cevap
OeuMADS72	GO:2000113	P	--	Diğerleri
OeuMADS73	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS73	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS73	GO:0048481	P	--	Gelişim
OeuMADS75	GO:0052543	P	MADS-Box protein SVP	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS75	GO:0010582	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS75	GO:0009965	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS75	GO:0010076	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS75	GO:0009556	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS75	GO:0009910	P	MADS-Box protein SVP	Gelişim
OeuMADS75	GO:0045892	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi
OeuMADS75	GO:0017148	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi
OeuMADS75	GO:0045893	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS75	GO:0006351	P	MADS-Box protein SVP	Gen ifadesi
OeuMADS75	GO:0009867	P	MADS-Box protein SVP	Hormon regülasyonu
OeuMADS75	GO:0009862	P	MADS-Box protein SVP	Hormon regülasyonu
OeuMADS75	GO:0010310	P	MADS-Box protein SVP	Metabolik işlev
OeuMADS75	GO:0006612	P	MADS-Box protein SVP	Diğerleri
OeuMADS75	GO:0035304	P	MADS-Box protein SVP	Diğerleri
OeuMADS75	GO:0000165	P	MADS-Box protein SVP	Diğerleri
OeuMADS75	GO:0048481	P	MADS-Box protein SVP	Üreme
OeuMADS75	GO:0031348	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS75	GO:0010363	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS75	GO:0009617	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS75	GO:0009266	P	MADS-Box protein SVP	Uyarıcıya cevap
OeuMADS78	GO:0048581	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS78	GO:0009791	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS78	GO:0044238	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS78	GO:0048608	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS78	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gen ifadesi
eu047615.1	GO:0044237	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Metabolik işlev
OeuMADS78	GO:0071704	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Metabolik işlev
OeuMADS78	GO:2000242	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS78	GO:0044702	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS81	GO:0031326	P	MADS-Box aile protein	Metabolik işlev
OeuMADS82	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS82	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS83	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS83	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS84	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS84	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS86	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS86	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS88	GO:0048581	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS88	GO:0009791	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS88	GO:0048608	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS88	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gen ifadesi
OeuMADS88	GO:0009987	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Diğerleri
OeuMADS88	GO:2000242	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS88	GO:0044702	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS89	GO:0052543	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS89	GO:0060867	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS89	GO:0009556	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS89	GO:0010262	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gelişim
OeuMADS89	GO:0045892	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gen ifadesi
OeuMADS89	GO:0045893	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gen ifadesi
OeuMADS89	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Gen ifadesi
OeuMADS89	GO:0045487	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Hormon regülasyonu
OeuMADS89	GO:0010047	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS89	GO:0060862	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS89	GO:2000692	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS89	GO:0048481	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Üreme
OeuMADS89	GO:0048577	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL15	Uyarıcıya cevap
OeuMADS90	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS90	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS90	GO:0006826	P	--	Diğerleri
OeuMADS90	GO:0010106	P	--	Uyarıcıya cevap
OeuMADS90	GO:0010167	P	--	Uyarıcıya cevap

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS90	GO:0010228	P	--	Gelişim
OeuMADS90	GO:0015706	P	--	Diğerleri
OeuMADS90	GO:0048481	P	--	Gelişim
OeuMADS90	GO:0048527	P	--	Gelişim
OeuMADS90	GO:0048589	P	--	Gelişim
OeuMADS90	GO:0048765	P	--	Gelişim
OeuMADS91	GO:0048589	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gelişim
OeuMADS91	GO:0048527	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gelişim
OeuMADS91	GO:0048765	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gelişim
OeuMADS91	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gen ifadesi
OeuMADS91	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Gen ifadesi
OeuMADS91	GO:0006826	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Diğerleri
OeuMADS91	GO:0015706	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Diğerleri
OeuMADS91	GO:0048481	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Üreme
OeuMADS91	GO:0010228	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Üreme
OeuMADS91	GO:0010106	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Uyarıcıya cevap
OeuMADS91	GO:0010167	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL12	Uyarıcıya cevap
OeuMADS94	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS94	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS96	GO:0052543	P	MADS-Box protein jointless	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS96	GO:0010582	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS96	GO:0009965	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS96	GO:0010076	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS96	GO:0009556	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS96	GO:0009910	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS96	GO:0045892	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS96	GO:0017148	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS96	GO:0045893	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS96	GO:0006351	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS96	GO:0009867	P	MADS-Box protein jointless	Hormon regülasyonu
OeuMADS96	GO:0009862	P	MADS-Box protein jointless	Hormon regülasyonu

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS96	GO:0010310	P	MADS-Box protein jointless	Metabolik işlev
OeuMADS96	GO:0006612	P	MADS-Box protein jointless	Diğerleri
OeuMADS96	GO:0035304	P	MADS-Box protein jointless	Diğerleri
OeuMADS96	GO:0000165	P	MADS-Box protein jointless	Diğerleri
OeuMADS96	GO:0048481	P	MADS-Box protein jointless	Üreme
OeuMADS96	GO:0031348	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS96	GO:0010363	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS96	GO:0009617	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS96	GO:0009266	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS97	GO:0052543	P	MADS-Box protein jointless	Hücresel bileşen organizasyonu
OeuMADS97	GO:0010582	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS97	GO:0009965	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS97	GO:0010076	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS97	GO:0009556	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS97	GO:0009910	P	MADS-Box protein jointless	Gelişim
OeuMADS97	GO:0045892	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS97	GO:0017148	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS97	GO:0045893	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS97	GO:0006351	P	MADS-Box protein jointless	Gen ifadesi
OeuMADS97	GO:0009867	P	MADS-Box protein jointless	Hormon regülasyonu
OeuMADS97	GO:0009862	P	MADS-Box protein jointless	Hormon regülasyonu
OeuMADS97	GO:0010310	P	MADS-Box protein jointless	Metabolik işlev
OeuMADS97	GO:0006612	P	MADS-Box protein jointless	Diğerleri
OeuMADS97	GO:0035304	P	MADS-Box protein jointless	Diğerleri
OeuMADS97	GO:0000165	P	MADS-Box protein jointless	Diğerleri
OeuMADS97	GO:0048481	P	MADS-Box protein jointless	Üreme
OeuMADS97	GO:0031348	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS97	GO:0010363	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS97	GO:0009617	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS97	GO:0009266	P	MADS-Box protein jointless	Uyarıcıya cevap
OeuMADS98	GO:0006355	P	Apetala 1	Gen ifadesi
OeuMADS98	GO:0006351	P	Apetala 1	Gen ifadesi
OeuMADS104	GO:0006351	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS104	GO:0006355	P	--	Gen ifadesi
OeuMADS106	GO:0048437	P	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	Gelişim

Çizelge 1.3 Zeytin MADS-Box genlerinin biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Gen Adı	GO Terimi	Grup	Gen Tanımlanması	Biyolojik İşlev
OeuMADS106	GO:0003002	P	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	Gelişim
OeuMADS106	GO:0006355	P	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	Gen ifadesi
OeuMADS106	GO:0006351	P	K-Box bölgesi ve MADS-Box transkripsiyon faktör ailesi protein izoform 1	Gen ifadesi
OeuMADS107	GO:0006355	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS107	GO:0006351	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	Gen ifadesi
OeuMADS107	GO:0055114	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 6-benzeri	Oksidasyon-redüksiyon işlevi
OeuMADS112	GO:0006355	P	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS112	GO:0006351	P	Gelişimsel protein sepallata 1-benzeri izoform x1	Gen ifadesi
OeuMADS114	GO:0050789	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Diğerleri
OeuMADS114	GO:0044707	P	MADS-Box transkripsiyon faktör 23-benzeri	Üreme
OeuMADS116	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS116	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS117	GO:0006355	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi
OeuMADS117	GO:0006351	P	Agamous-benzeri MADS-Box protein AGL62	Gen ifadesi

ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Günseli BABAOĞLU

Doğum Yeri : Çankırı

Doğum Tarihi : 02/07/1990

Medeni Hali : Bekar

Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu

Lise : Çankırı Anadolu Lisesi (2008)

Lisans : Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2013)

Yüksek Lisans : Çankırı Karatekin Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü (2016)

Ulusal kongrelerde sunulan sözlü ve poster bildirileri

1) **Günseli Babaoğlu**, Mine Türktaş, Turgay Ünver. Yabani Zeytin (*Olea europaea* L. var. *oleaster*) Bitkisi Genomunda MADS-Box Transkripsiyon Faktörü Ailesi Tanımlanması ve İfade Analizi. IV. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, 21-24 Ağustos 2015, Afyon. (Sözlü)

2) Turgay Ünver, Mine Türktaş, Behçet İnal, Tuğba Gürkök, Esma Özhüner, Ebru Derelli Tüfekçi, Yağız Alagöz, Yusuf Pekmezci, Ummügülsüm Zıplar Tanman, **Günseli Babaoğlu**, Emine Açar, Yeliz Özden. Bitki Biyoteknolojisi İçin Genomik ve Transkriptomik Yaklaşımlar. IV. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, 21-24 Ağustos 2015, Afyon. (Sözlü)