



T.C.  
KIRŞEHİR AHİ EVRAN ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI



**TÜRKİYE'DE YETİŞEN BAZI FİĞ (*Vicia L.*)  
TÜRLERİNİN MOLEKÜLER FİLOGENETİK  
ANALİZİ VE DÜNYADAKİ TÜRLERİ İLE  
KARŞILAŞTIRILMASI**

**ZEYNEP ÖZDOKUR**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**KIRŞEHİR**

**2024**



T.C.

KIRSEHİR AHİ EVRAN ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI



**TÜRKİYE'DE YETİŞEN BAZI FİĞ (*Vicia L.*)  
TÜRLERİNİN MOLEKÜLER FİLOGENETİK  
ANALİZİ VE DÜNYADAKİ TÜRLERİ İLE  
KARŞILAŞTIRILMASI**

**ZEYNEP ÖZDOKUR**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**DANIŞMAN**

**DR. ÖĞR.ÜYESİ MEVLÜDE ALEV ATEŞ**

**KIRSEHİR**

**2024**

**KIRŐEHİR AHİ EVRAN ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**  
**YÜKSEK LİSANS TEZ ÇALIŐMASI**  
**ETİK BEYANI**

Kırőehir Ahi Evran Üniversitesi Bilimsel Araőtırma ve Yayın Etiđi Yönergesini okuduđumu ve anladığımı ve Kırőehir Ahi Evran Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tez Yazım Kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez çalışmasında;

- Tez içinde sunduđum verileri, bilgileri ve dokümanları akademik ve etik kurallar çerçevesinde elde ettiđimi,
- Tüm bilgi, belge, deđerlendirme ve sonuçları bilimsel etik kurallarına uygun olarak sunduđumu,
- Tez çalışmasında yararlandığım eserlerin tümüne uygun atıfta bulunarak kaynak gösterdiğimi,
- Kullanılan verilerde ve ortaya çıkan sonuçlarda herhangi bir deđişiklik yapmadığımı,
- Tez olarak sunduđum bu çalışmanın özgün olduđunu,

bildirir, aksi bir durumda bu konuda hakkımda yapılacak tüm yasal işlemleri ve aleyhime doğabilecek tüm hak kayıplarını kabullendiđimi beyan ederim. ..../...../20....

Zeynep ÖZDOKUR

<b>İÇİNDEKİLER DİZİNİ.....</b>	<b>I</b>
<b>TEŞEKKÜR.....</b>	<b>II</b>
<b>ÖZET .....</b>	<b>III</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>IIV</b>
<b>TABLolar DİZİNİ.....</b>	<b>V</b>
<b>ŞEKİLLER DİZİNİ.....</b>	<b>VI</b>
<b>SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ.....</b>	<b>VII</b>
<b>1. GİRİŞ.....</b>	<b>1</b>
<b>2.ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR.....</b>	<b>7</b>
2.1.Fabaceae (Leguminosae-Baklagiller) Familyasının Genel Özellikleri.....	7
2.2. <i>Vicia</i> L. Cinsi İle İlgili Genel Özellikler.....	9
2.3. <i>Vicia</i> L. Cinsi İle Yapılan Bazı Filogenetik Çalışmalar .....	10
<b>3.MATERYAL VE METOT .....</b>	<b>19</b>
3.1.Bitki Materyali.....	19
3.2.Genomik DNA İzolasyonu .....	20
3.3.PZR Çalışmaları.....	23
3.4.Dizi Analizi.....	24
<b>4.BULGULAR VE TARTIŞMA .....</b>	<b>27</b>
<b>5.SONUÇ VE ÖNERİLER .....</b>	<b>39</b>
<b>6.KAYNAKLAR.....</b>	<b>41</b>
<b>ÖZGEÇMİŞ .....</b>	<b>49</b>

## TEŐEKKÜR

Yüksek Lisansa başlamamda ve lisans ders sürecinde kendisini tanıdığım günden bu zamana kadar gösterdiği sakin ve sabırlı hali ile her zaman bana örnek olmasının yanı sıra bir bilim insanının nasıl çalışması gerektiğini kendisinden öğrendiğim değerli danışmanım Dr. Öğr.Üyesi Mevlüde Alev ATEŐ'e büyük bir içtenlikle teşekkür ederim.

Bu tez Kırşehir Ahi Evran Üniversitesi BAP koordinatörlüğü (ZRT.A4.23.004 kodlu proje) tarafından desteklenmiştir. Teşekkür ederim.

Hayatımın her alanında her daim yanımda olan varlıklarını büyük bir coşkuyla hissettiren sevgili aileme, babam Fırat YILDIRIM, annem Hatice YILDIRIM, ablam Rabia TEBER, kuzenim Asuman ŞÖHMELİOĞLU ve sevgili eşim Turgut ÖZDOKUR'a teşekkür ediyorum.

Haziran, 2024

Zeynep ÖZDOKUR

## ÖZET

### YÜKSEK LİSANS TEZİ

## TÜRKİYE'DE YETİŞEN BAZI FİĞ (*Vicia L.*) TÜRLERİNİN MOLEKÜLER FİLOGENETİK ANALİZİ VE DÜNYADAKİ TÜRLERİ İLE KARŞILAŞTIRILMASI

ZEYNEP ÖZDOKUR

KIRŞEHİR AHI EVRAN ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANABİLİM DALI

Danışman: Dr.Öğr.Üyesi Mevlüde Alev ATEŞ  
Yıl: 2024 Sayfa: 49  
Jüri: Dr.Öğr.Üyesi Mevlüde Alev ATEŞ  
Prof. Dr. Fahriye ERCAN  
Prof. Dr. Seher KARAMAN

Fabaceae familyasının gıda ve yem sanayisinde kullanılan ekonomik öneme sahip en önemli cinslerinden birisi olan *Vicia L.*, toplam 102 takson (63 tür, 22 alttür, 17 varyete) ile ülkemizde temsil edilmektedir. Tarımı yapılan çok az türü bulunmaktadır. Özellikle bazı türler besin değeri açısından önemli yem bitkisi olarak karşımıza çıkmaktadır. Tez kapsamında ülkemizde doğal yayılış gösteren ve ticari öneme sahip türler (6 tür, 1 alttür ve çeşitleri) arasındaki moleküler filogenetik ilişkilerin belirlenmesi amacıyla nükleer ribozomal genlerin iç transkribe boşluklarındaki ITS gen bölgesi (ITS1+5.8s +ITS2) kullanılmıştır. Yapılan PZR çalışmaları ile elde edilen verilerle cins içerisindeki filogenetik ilişkiler Maksimum Likelihood ilişkisindeki GTR (General Time Reversibl Model) parametresinde Gamma dağılımı ile çizdirilmiş ve moleküler filogenetik ağaç elde edilmiştir. Aynı familyaya ait *Astragalus mongolicus* ve *Lupinus luteus* türleri ile başka çalışmalarda verileri olan *Vicia* cinsine ait çalışılan türler NCBI veri bankasından alınmış ve analize dahil edilmiştir. Ayrıca ITS2 gen bölgesine ait sekonder yapıların çizdirilmesi ile de moleküler veriler 2 boyutlu hale getirilerek görselleştirilmesi sağlanmıştır. Gibbs serbest enerji değerleri de çıkartılarak türler arasındaki farklılıklar gösterilmiştir. Sonuç olarak *Vicia* cinsine ait türler filogenetik çalışmalarda yaygın olarak kullanılan ITS gen bölgesine dayalı ilişkilendirmelerde birbirleri ile morfolojik verilere paralel olarak moleküler filogenetik ağaçta yer almıştır.

**Anahtar Kelimeler:** Fabaceae , *Vicia L.*, ITS, filogenetik, Gibbs serbest enerji

## ABSTRACT

### MASTER'S THESIS

## MOLECULAR PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SOME VECH (*Vicia* L.) SPECIES GROWING IN TURKEY AND COMPARISON WITH SPECIES IN THE WORLD

ZEYNEP ÖZDOKUR

KIRŞEHİR AHİ EVRAN UNIVERSITY  
INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES  
DEPARTMENT OF AGRICULTURAL BIOTECHNOLOGY

**Supervisor:** Assist.Prof.Dr. Mevlüde Alev ATEŞ  
Yıl: 2024 Sayfa: 49  
**Juries:** Assist.Prof.Dr. Mevlüde Alev ATEŞ  
Prof. Dr. Fahriye ERCAN  
Prof. Dr. Seher KARAMAN

*Vicia* L., a very significant genus in the Fabaceae family that has economic importance in the food and feed business, is present in our nation with a total of 102 taxa, including 63 species, 22 subspecies, and 17 variations. Only a limited number of species are farmed. Certain species are particularly significant as fodder plants due to their high nutritional content. The thesis focused on using the ITS gene region (ITS1+5.8s+ITS2) inside the inner transcribed regions of nuclear ribosomal genes to establish the molecular phylogenetic links between naturally occurring and economically significant species in Türkiye (6 species, 1 subspecies and varieties). The PCR investigations provided data that was used to construct a molecular phylogenetic tree, which depicted the evolutionary connections within the genus. The Maximum Likelihood method was used, using the Gamma distribution in the GTR parameter, to exhibit these relationships. The species *Astragalus mongolicus* and *Lupinus luteus*, which are both members of the same family, were selected from the NCBI database along with additional species from the *Vicia* genus that have been previously examined. These species were included in the study. Furthermore, the molecular data was transformed into a 2-dimensional representation by illustrating the secondary structures of the ITS2 gene region. The Gibbs free energy values were retrieved and the variations between different species were shown. Consequently, species from the *Vicia* genus were included into the molecular phylogenetic tree with morphological data, using the ITS gene region, a commonly used tool in phylogenetic research.

**Keywords:** Fabaceae, *Vicia* L., ITS, phylogeny, Gibbs free energy

## TABLolar DİZİNİ

Sayfa No

<b>Tablo 2.1.</b> <i>Vicia</i> L. Cinsinin Taksonomik Hiyerarşisi.....	<b>10</b>
<b>Tablo 3.1.</b> PZR karışımında kullanılan bileşenler ve miktarları.....	<b>23</b>
<b>Tablo 3.2.</b> ITS Gen Bölgesi İçin PZR Makinesinde Amplifiye Şartları.....	<b>24</b>
<b>Tablo 4.1.</b> <i>Vicia</i> L. Örnekler Listesi .....	<b>27</b>
<b>Tablo 4.2.</b> NCBI Veri Bankasından Alınan <i>Vicia</i> L. Örneklerin Listesi.....	<b>30</b>
<b>Tablo 4.3.</b> MEGA 11 Programında Hesaplatılan İstatistiksel Veriler.....	<b>31</b>
<b>Tablo 4.4.</b> Çalışılan 6 Farklı Türe Ait $\Delta G$ Değerleri .....	<b>38</b>



## ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 1.1. <i>Vicia</i> L. Cinsine Ait Çiçek Görseli .....	3
Şekil 2.1. Fabaceae Familyasının Sistematikteki Yeri.....	7
Şekil 2.2. Fabaceae Familyasının Şematik Gösterimi.....	8
Şekil 3.1. <i>Vicia</i> L. Türlerine Ait Tohumlar.....	19
Şekil 3.2. <i>Vicia</i> L. Cinsine Ait Tohumların Çimlenmeye Bırakılması .....	20
Şekil 3.3. Yeşil Yaprakların Sıvı Azot Yardımıyla Ezilmesi Ve Toz Haline Getirilmesi.....	22
Şekil 3.4. Agorose Jel Elektroforez Tekniği Yükleme Görüntüsü .....	22
Şekil 4.1. İzole Edilen Total DNA'ların Jel Elektroforez Görüntüsü .....	28
Şekil 4.2. ITS Gen Bölgesinin Jel Elektroforez Görüntüsü .....	28
Şekil 4.3. ITS Dizilenmiş Örneklerin Kromotogramından Bir Bölüm .....	29
Şekil 4.4. <i>Vicia</i> L. Türlerinin ITS Bölgesinde Rastlanan Mutasyonlar .....	32
Şekil 4.5. <i>Vicia</i> L. Türlerine Ait Filogenetik İlişkiyi Gösteren Filogenetik Ağaç .....	33
Şekil 4.6. Çalışılan <i>Vicia</i> L. Türlerine Ait mFold Programında Çizdirilen ITS2 İkincil Yapılar .....	35-36

## SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

<b>Simgeler</b>		<b>Açıklama</b>
$^{\circ}C$	:	Santigrat Derece
$\mu l$	:	Mikro Litre
$ml$	:	Mili Litre
$gr$	:	Gram
%	:	Yüzde Simgesi
$\Delta G$	:	Gibbs serbest Enerjisindeki Değişim

<b>Kısaltmalar</b>		<b>Açıklama</b>
<b>M.Ö</b>	:	Milattan Önce
<b>ITS</b>	:	İnternal Transcribed Spacer
<b>PZR</b>	:	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
<b>DNA</b>	:	Deoksiribonükleik Asit
<b>ISSR</b>	:	Inter Simple Sequence Repeat
<b>QTL</b>	:	Quantitative Trait Loci (Kantitatif Karakter Lokus)
<b>AFLP</b>	:	Amplified Fragment Length Polymorphism
<b>DDBJ</b>	:	DNA Japon Data Bankası
<b>SSR</b>	:	Simple Sequence Repeat
<b>PIC</b>	:	Polimorfizm Bilgi İçeriği
<b>MS</b>	:	Murashige Skoog
<b>TAE</b>	:	Tris Asetat Edta
<b>UV</b>	:	Ultraviyole
<b>MEGA</b>	:	Molecular Evolutionary Genetics Analysis
<b>NCBI</b>	:	National Center for Biotechnology
<b>AICc</b>	:	Corrected Akaike İnförmasiyon Kriteriyonu
<b>GTR</b>	:	General Time Reversibl Model
<b>RNA</b>	:	Ribonükleik asit
<b>bç</b>	:	Baz Çifti

## 1. GİRİŞ

Dünya üzerinde henüz tanımlanmış 8.7 milyon canlı türünün bulunduğu tahmin edilmektedir. Ülkemiz biyoçeşitlilik açısından 200 milyon yıllık mazisiyle yeryüzünde avantajlı bir konuma sahiptir. Türkiye’yi diğer ülkelerin doğal florasından ayıran birçok önemli etken vardır. Akdeniz, İran-Turan ve Avrupa-Sibiryaya fitocoğrafik bölgelere sahip olması ve yer yer mikro iklimlerin görülmesi, farklı yeryüzü şekillerine sahip olması, dört mevsimi yaşaması, yeraltı kaynak çeşitliliği, denizlerin, akarsuların, göllerin varlığı, çeşitli göç yollarının uğrağı olması ülkemizin, zengin bir floraya ve çok farklı vejetasyonları bünyesinde barındırması avantajlarını oluşturmuştur.

Bioçeşitlilik veya biyolojik çeşitlilik, bir alandaki genlerin, cinslerin, ekosistemlerin ve ekolojik olayların oluşturduğu bir bütün olarak tanımlanmaktadır (Polat, 2017). Genel anlamda bir yerdeki tüm canlı türlerini (bitki, hayvan ve mikroorganizma) içerisinde barındıran biyoçeşitlilik, genelden özele doğru; ekosistem çeşitliliği, tür çeşitliliği, genetik çeşitlilik olarak 3 kısma ayrılmaktadır.

Genetik çeşitlilik (tür içi çeşitlilik) “ayrı bir yaşam oluşturan ya da aynı yaşam içerisinde bulunan bireylere ait genlerin çeşitliliğidir (Polat, 2017).” Aynı türe dâhil olan bireylerin paydaş genleri barındırmaları, tür içi genetik çeşitliliği oluşturur. Genetik çeşitlilik, biyoçeşitliliğin devamlılığı açısından hayati bir oluşumdur. Genetik çeşitlilik belirli bir nüfus, varyete, alt-tür ya da cinsin dâhil olduğu gen ayrımları ile tespit edilir. Türler bu ölçüm ile akrabalık derecelerini oluşturur veya akrabalık oluşturmaz.

Ülkeler için kaynak tüketimi, gelişimi bakımından bitki biyoçeşitliliğinin yüksek olması önemli bir veridir. Biyoteknolojik olanaklar ele alındığında ise gen havuzu oluşturmada bu çeşitliliğinin ne kadar kıymetli olduğunu bir kez daha karşımıza çıkarmaktadır. Bu açıdan bakıldığında özellikle az bulunan ve endemik türler çok mühim hale gelmektedir. Ülkemiz, Avrupa’nın sahip olduğu doğal floranın tamamı kadar endemik özellikli türü bünyesinde barındırmaktadır (Avcı, 2018). Ülkemizin zengin florası ile ilgili çok çeşitli araştırmalar yapılmış eserler ortaya çıkmış ancak bu eserler bile flora zenginliğimizi tam olarak ortaya koyamamıştır (Kaplan, 2014). Türkiye florası toplamda 11707 taksondan (tür ve tür altı) oluşmaktadır. Ülkemizde baklagillerin oluşturduğu Fabaceae familyası 1348 taksonu ile familyalar arasında ikinci sırayı alırken, 22 alt tür ve 17 varyete ile *Vicia* L. cinsi Fabaceae familyası içerisinde üçüncü sırada yer almaktadır (Gedik ve ark., 2013; <https://bizimbitkiler.org.tr/yeni/demos/technical/>, Erişim tarihi: Haziran 2024).

Özellikle tarım alanındaki faaliyetlerin çoğalması ve bu alandaki biyoteknolojik metotların yenilenmesi ile ülkelerin tarımsal farkındalıkları değişmiş ve genetik kaynaklar hızla önem kazanmıştır. Bitki genetik kaynaklarının önemine ve varlığına değinen Rus bilim insanı Nikolai I. Vavilov, ilk gen bankasını kurmuş ve “ekilen her bitki belirli bir bölgeden ıslah edilmiştir ve bütün yabancı varyeteleri de o bölgede yayılım göstermektedir.” ifadesini kullanmış, genetik kaynakların ve doğal yayılım alanlarının arasındaki ilişkiye dikkat çekmiştir (İlhan, 2017). Vavilov, dünyada kültürü yapılmış bitkilerin orijinlerini belirlemek amacıyla (Yakın doğu ve Akdeniz) ülkemizin de içinde bulunduğu (Altındal ve Akgün, 2015) 9 gen merkezi belirlemiştir (İlhan, 2017).

Türkiye’ de yem bitkileri tarımının önemli bir kısmı çayır ve meralardan karşılanır. Yem bitkilerinin tarımı, bitkisel ve hayvansal üretimin güvencesini sağlamaktadır. Yem bitkileri; toprağın fiziksel ve kimyasal içeriğinin iyileştirilmesinde, toprakta organik madde artımına, toprağın yağış rejimine uymasına, toprak kuraklığı ve aşınmaların önlenmesine, topraktan yüksek verim alınmasına, drenaja, ekonomik ve tabii yollardan meydana gelecek olumsuzlukların önlenmesinde, toprak yorgunluğu ve zararlılarla mücadelede, evcil ve yabancı hayvanlar için besin kaynağı oluşturmada çok önemli bir yere sahiptir. Yem bitkileri, flora ve fauna çeşitliliğinin en önemli etkenlerinden olduğu için gen kaynaklarının belirlenmesinde bu kaynakların korunmasında ve geliştirilmesinde büyük önem arz etmektedir (Özkan, 2020).

Baklagiller (Fabaceae-Leguminosae), orkide (Orchidaceae) ve asterlerden (Asteraceae) sonra en büyük çiçekli bitki familyasıdır (Harder ve ark., 2011). Fabaceae familyası 18.000’ den fazla çiçekli türü, yaklaşık 650 cinsi ile oldukça çeşitlidir. Ülkemizde bu familyaya ait 69 cins ve 1128 takson bulunmaktadır. Endemik türlerin sayısı 375’tir ve kalıtım oranı %39,1’dir (Arslan ve ark., 2012). Fabaceae familyası fiziksel, kimyasal ve biyolojik toprak özellikleri açısından hem gıda temininde hem toprak ıslahında kullanılmaktadır (Özpinar ve ark., 2006). İnsanlık tarihinde ilk kültüre alınan familyalar arasında yer almaktadır. Öyle ki dünya üzerinde çeşitli yerlere dağılım gösteren bu grup üyeleri buldukların yerin şartlarına uyum sağlayarak çok geniş bir varyete ve çeşitlilik ortaya çıkmasına sebep olmuştur. Böylece meydana gelen yerel ve doğal flora arasında yer alan türlerin yabancı akrabalarla yakınlığının saptanması biyotik ve abiyotik oluşumların sebeplerinin anlaşılmasında köprü görevini üstlenmektedir (Özpinar ve ark., 2017).

*Vicia* L. cinsi Fabaceae familyasında en çok yayılım gösteren cinslerden biri olup *Vicia* ve *Vicilla* olmak üzere iki alt cinse ayrılmış (Gedik ve ark., 2013) ve toplam 6

seksiyonda (*Cracca*, *Ervum*, *Euvicia*, *Faba*, *Anatropostylia*, *Trigonellopsis*) toplanmış (Deveci, 2022), ve ilk kayıtlarda 64 türü, 22 alt türü ve 18 çeşidinin varlığı, beş türü ve üç alt türünün ise endemik olduğu belirlenmiştir (Kahraman ve ark., 2013). M.Ö 7000’li yıllara kadar uzanan geçmişiyle ilk kültüre alınan yem bitkileri arasındadır. Kültürü yapılan *Vicia* türlerinin büyük çoğunluğu Asya, Avrupa en çok da Akdeniz ülkelerinden köken almıştır (Turgut ve ark., 2006). Dünyada *Vicia* L. cinsi içerisinde takribî 334 takson bulunmakta, bu taksonların 59 tanesi ülkemizde doğal plantasyon halinde kendiliğinden var olmaktadır (Turan ve ark.,2018). Özellikle ülkemizin Doğu ve Güneydoğu Anadolu bölgelerinde *Vicia* türleri genetik farklılaşma potansiyeli açısından Dünya’da üçüncü sırada yer almaktadır (Öztürk, 2009; Deveci, 2022). David ve Plitmann (1970) ülkemizde fiğ taksonları üzerinde tamamladıkları araştırmalarına göre *Vicia* cinsinin 59 türü olduğu ve bunların altısının endemik olduğu yayınlansalar da, güncel verilerimizi içeren Bizim Bitkiler web sayfasında bulunan kayıtlara göre ise 63 tür, 22 alttür, 17 varyete ve bunlardan 11 tanesinin de endemik tür olduğunu belirtmiştir (<https://bizimbitkiler.org.tr/yeni/demos/technical/>, Erişim tarihi: Haziran 2024). (Şekil 1.1).



**Şekil 1.1.** *Vicia* L. cinsine ait çiçek görseli (<https://kocaelibitkileri.com/wp-content/uploads/1753/03/Vicia-sativa-standart-1-scaled.jpg>)

*Vicia* türleri arasında genel bağlamda tarımı yapılan tür sayısı 14 civarındadır (Deveci, 2022). Ancak ülkemizde yaygın olarak *V. sativa* (adi-yaygın fiğ), *V. pannonica* (macar fiğ), *V. faba* (bakla fiğ) çeşitlerinin tarımı yapılmaktadır. Tarımı yapılan bu *Vicia* türlerinden gıda ve yem sanayisinde yararlanıldığı gibi; nadasa bırakılan topraklar için ekim nöbeti bitkisi olmaları, meralarda, silo yemi, park bahçelerde süs bitkisi, tane üretimi ve yeşil gübre olarak kullanılmaktadır (Turan, 2018). Yüksek protein kaynağı sebebi ile hayvanların severek tükettiği *Vicia* türleri gerek doğrudan gerek ise karışımlar halinde hayvanlara verilmektedir. Biyoindikatör olarak kullanılan taksonları olması sebebiyle denizlerdeki petrol kirliliğinin yok edilmesi amacıyla *Vicia* cinsinin bazı türlerinden faydalanıldığı belirtilmiştir (Yıldız, 2014). Tarımı yapılmayan doğada kendi kendine yetişen *V. cracca* L. (Kuş fiği) yabani ve bal arıları için iyi bir nektar potansiyeli taşımaktadır (Gözen, 2012). Çiftlik tarımında rotasyona sokulan *Vicia* türleri, hastalık, zararlı ve yabancı ot mücadelesinde toprağın verimliliğini ve organik madde miktarını arttırdığı için etkin bir rol oynamaktadır. Aynı zamanda köklerindeki simbiyotik olarak yaşayan toprağa havadaki azotu bağlaması nedeniyle organik tarımda da önemli bir yere sahiptir (Başbağ ve ark., 2012). Ayrıca ekonomik özelliklerinin yanı sıra *Vicia* türlerinin ülkemizde geniş yayılım alanı göstermesi birçoğunun kendi kendine var olması da önemli ekolojik unsur oluşturmaktadır. *V. faba*'nın parazitik ve tozlayıcı böceklerle etkileşimleri, çevresel adaptasyon ve etkilerle ilgili özellikler, toprak *Rhizobia* ile etkileşimde azot fiksasyonu ve yeni ve büyük fenotipleme eylemlerine olan talebi güçlendiren biyoenerji potansiyeli hakkında daha fazla bilgiye ihtiyaç vardır. (Duc ve ark., 2008).

Ülkemiz fiğ türlerinin gen merkezi konumunda olmasına karşın bu bitkilerden gerek araştırmalarda gerekse tarım alanlarında yeterince fayda sağlandığı söylenemez (Tamkoç ve ark., 2004). Öyle ki bilimsel araştırmalara bile sadece ekonomik değeri yüksek fiğ türleri (*V. faba* L., *V. sativa* L., *V. villosa* Roth, *V. narbonensis* L.) çoğunlukla ıslah genetiği çalışmalarına konu olmuştur (Gözen, 2012; Deveci, 2022). Bu sebeple ülkemizde yapılacak olan sitogenetik, karyolojik, moleküler genetik çalışmalar yeni türlerin tespit edilip filogenetik ilişkilerin belirlenmesi amacı ile büyük önem arz etmektedir.

Teknolojinin gelişmesiyle birlikte bitki biyoteknolojisindeki ve biyoinformatikteki gelişmeler özellikle popülasyon genetiği, evrim, filogeni ve taksanomi gibi alanlara önemli bilgiler sağlayıp türlerin akrabalık derecelerinin anlaşılması, tarımda modern ıslah çalışmalarında ve kültüre alınan türler içindeki problemleri çözümede ülkelere tarımsal statüler kazandırmaktadır. Bitki çeşitliliği,

tarımsal kaynaklı biyoteknoloji çalışmalarında gerekli olan genetik kaynağı oluşturmaktadır. Popülasyonların yaşam serüvenleri, gen akışları, yüksek düzeyde gösterdikleri allelik varlığının belirlenmesi, nüfus kontrolü, üremesi, ekolojisi, değişen çevre şartlarına adaptasyonu, kalıtımsal özelliklerin nesilden nesile aktarımına ve yabancı türlerinin yakınlık derecelerine ışık tutarak bu konular hakkında bilgi sahibi olmamıza ve uygun koruma ve yönetim stratejileri oluşturmamıza olanak sağlamaktadır. Bu sayede farklı yerel şartlara uyum özellikleri, popülasyonların evrim potansiyelinin himaye altına alınması ve tarımda modern ıslah çalışmalarında ülkelere avantaj sağlanmaktadır. Bitkilerde öncelikle fizyolojik, morfolojik, sitolojik özellikler saptanmış, genetik varyasyonları tanımlama aracı olarak kullanılmış ancak bitki sistematigi çalışmalarında yetersiz kalması nedeniyle çevresel faktörlerden ve yüksek polimorfizmden etkilenmeyen moleküler markörler geliştirilmiştir (Yılmaz, 2021). Kullanılan markörlerden genellikle genotipler arası genetik uzaklığın belirlenmesinde, çeşitlerin tanımlanması ve korunmasında, bağlantı ve genetik haritalamalarda, seleksiyonda, nitel ve nicel özelliklerin ıslahında faydalanılmaktadır. Aynı zamanda yeni çeşitlerin kayda geçirilmesinde ve sertifikasyonunda istikrarlı, yüksek verimli ve kaliteli çeşitlerin tespitinde tarla denemeleri ve laboratuvar testleri ile moleküler markörlerin kullanımı oldukça önemli bir hal almıştır (Yorgancılar ve ark., 2015)

ITS (Internal Transcribed Spacer); 18S, 5.8S, 26S korunmuş gen bölgelerinin arasında bulunan yakın akraba ve taksonların karşılaştırılmasında kullanılan bölgelerdir. ITS; filogenetik çalışmalarda yeterli veri sunabilecek kadar uzunluğa sahip olması, PZR ile kolaylıkla çoğaltılabilir olması, rDNA bölgelerine göre, nükleotid değişim hızının yüksek olması, cins ve tür seviyelerindeki filogenetik çalışmalarda açıklayıcı olması, yüksek kopya sayısına sahip olması gibi özellikleri barındırması bakımından filogenetik çalışmalarda oldukça sık kullanılmaktadır. Ayrıca ITS bölgesinin bir kısmı olan ITS2 bölgesinin ikincil yapı formu hücrelerin RNA aktivitelerinde görülmektedir. Özellikle ökaryotik ITS2 bölgesi 4 sarmal ve motiflerle ortaklaşa özelliklere sahiptir (Coleman, 2007). Korunmuş motif ve bölgeler, sarmallarla birlikte ikincil yapının moleküler sistematik alanında güvenilirliğini desteklemektedirler. Bitkiler aleminde sistematik karakterler genellikle morfolojik olmalarına ve son dönemde moleküler verilerle desteklenmelerine rağmen, ITS2 bölgesinin ikincil yapısı moleküler veri ile çizdirilen 2 boyutlu görüntüsü ile tıpkı bir morfolojik veri gibi güvenilir olmaktadır. Hem yüksek hem de düşük taksonomik seviyelerdeki ilişkilerin ikincil yapıdaki baz etkileşimlerinin değerlendirilmesi, filogenetik ilişkilerin tahminlerinin ilerletilmesi için bu yapının son

yıllarda kullanımı önemli hale gelmiştir (Telford ve ark. 2005; Zhang ve ark. 2015; Sümer Ercan ve ark., 2022).

*Vicia* türleri ile ilgili çalışmalara bakıldığında genel itibariyle sitogenetik, karyolojik, morfolojik, anatomik araştırmalara rastlanılmıştır. Yapılan DNA dizi araştırmaları ile geleneksel morfolojik sonuçlar karşılaştırıldığında benzerlik ve farklılık düzeyinde çelişkiler ortaya çıkmış eski sınıflandırma düzeninde oluşan problemlerden dolayı DNA dizi çalışmalarına ve modern çalışmalara yönelim başlamıştır (Kaplan, 2014). Dünya üzerinde *Vicia* türlerinde oluşan DNA dizi analizlerine rastlanırken ülkemizde bu çalışmaların lokal düzeyde kaldığı ve araştırma sayısının azlığı dikkat çekmiştir. Moleküler düzeyde yapılan bu çalışmaların sonraki araştırmalar için bir zemin ve tamamlayıcı unsur olduğu düşünülmektedir. Ülkemiz başta fiğ için olmak üzere 5 mikro gen merkezinden biri olması sebebiyle DNA dizi analizlerinin yapılması ve filogenetiğin belirlenmesi büyük önem arz etmektedir.

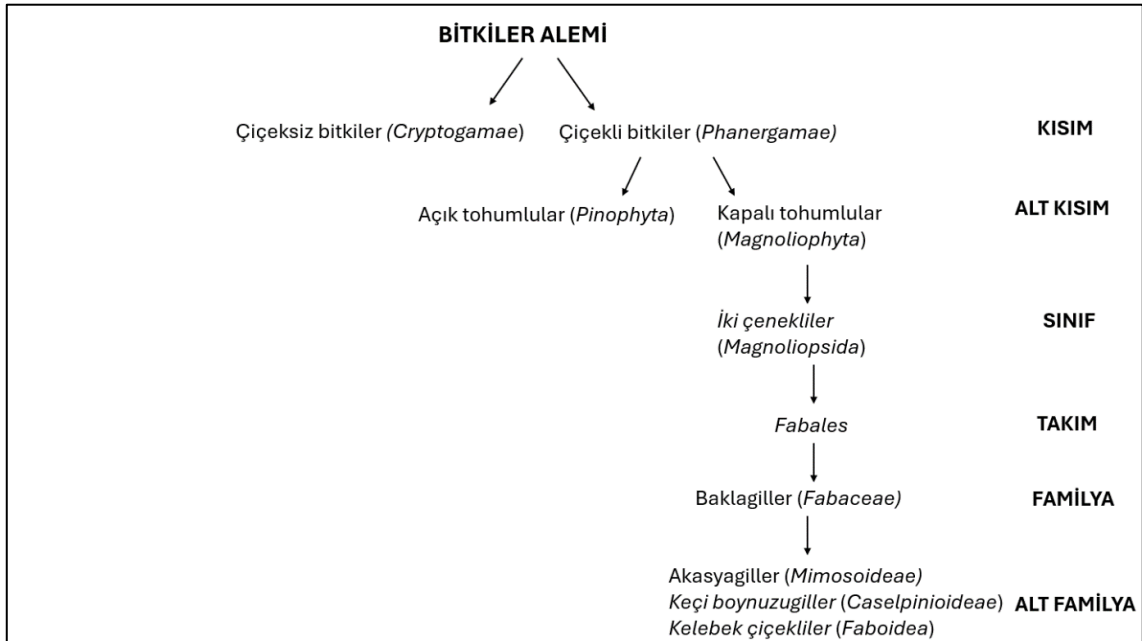
Yapılan bu tez çalışmasında Türkiye’de yayılım gösteren bazı *Vicia* türlerinin moleküler filogenetik analizi ITS gen bölgesi ile yapılarak ülkemizden köken aldığı düşünülen bazı fiğ türlerinin dünya üzerindeki moleküler pozisyonları ve diğer fiğ türleri ile filogenetik akrabalık ilişkilerinin ortaya çıkarılması amaçlanmaktadır.



## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

### 2.1 Fabaceae (Leguminosae-Baklagiller) Familyasının Genel Özellikleri

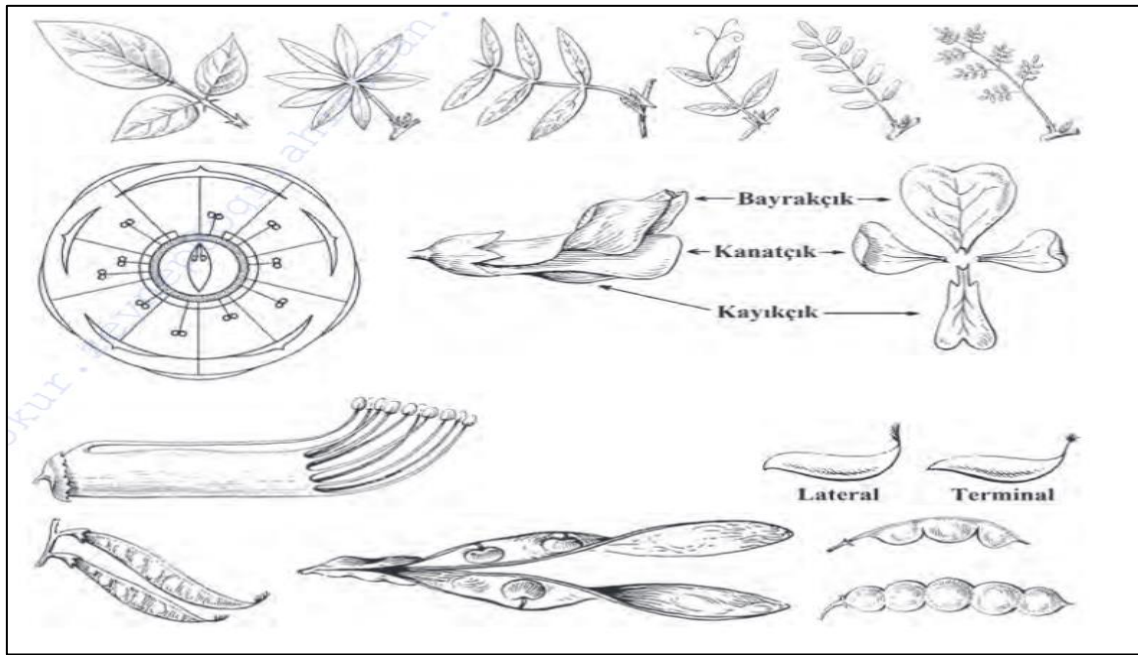
Baklagiller familyasının meyvelerinin el ile hasat edilmesinden dolayı “Leguminosae” kelimesi Latince toplamak anlamına gelen “Legere” den türediği düşünülmektedir (Kaplan, 2014). Fabaceae (Leguminosae) familyası 727 cins, 1927 tür ile Antarktika kıtası hariç yeryüzünde hemen hemen tüm kıtalarda yayılış gösteren bitkiler alemi içerisinde üç büyük familyadan biridir (Ducke, 1949; Souza ve Benko-Iseppon, 2004; Yıldız, 2014). İnsanoğlunun beslenmesinde sebze ve tane olarak, hayvan beslenmesinde, toprak reformunda (yeşil gübre ve ekim nöbeti), süs bitkisi, baharat bitkisi (mavi taş yoncası, çemen), boya (katırtırnağı), ilaç bitkisi (keçi sakalı, çemen), genellikle subtropik ve tropik bölgelerde üretimi yapılan bitkilerden zambak, parfüm, sabun ve ağaç sanayinde olmak üzere çok geniş alanlarda kullanılmaktadır (Deveci, 2022).



Şekil 2.1. Fabaceae familyasının sistematikteki yeri

Ülkemizde Doğu ve Güneydoğu Anadolu'dan yayılım gösteren baklagiller familya üyelerinin gen merkezi konumuna ev sahipliği etmektedir (Yıldız, 2014). Fabaceae familyası, bitkiler aleminde; Phanerogamae (çiçekli bitkiler) alt aleminde, Angiospermae (kapalı tohumlular) bölümünde, Magnoliopsida (çift çenekliler) sınıfında, Rosales (Fabales, gülgiller) takımı içerisinde yer almaktadır. Ayrıca Fabaceae familyası kendi içerisinde, Mimosoideae (akasyagiller), Caesalpinioideae (keçi boynuzgiller),

Faboideae (kelebek çiçekliler) olmak üzere 3 alt familyaya ayrılmıştır. Faboideae alt familyası Mimosoideae ve Caesalpinoideae alt familyalarına oranla farklı ekolojik şartlara adapte olmuş tür ve çeşitlere sahipken, Mimosoideae ve Caesalpinoideae alt familyaları genellikle odunsu, çalı formundaki, tropik ve subtropik alanlardaki bitkileri kapsamaktadır. Bu sebeple Fabaceae familyasından söz edildiğinde, tüm cins ve türlerin büyük çoğunluğunu oluşturan bu alt familya anlaşılmaktadır (Deveci, 2022). Tropikal kuşaktan ılıman ve soğuk kuşağa kadar tüm Dünya’da yaygın bir familyadır.



**Şekil 2.2.** Fabaceae familyasına ait bitkilerin anatomisinin şematik gösterimi

Fabaceae familyası; tek ya da çok yıllık otsu bitkilerdir, bazıları odunlu ve çalı formundadır. Kökleri, azot bakterileri ile simbiyotik birlik oluşturur. Yaprakları almaşlı, çoğunlukla pinnat ya da trifoliyat, birçok cinsten yaprakların bir bölümü tendril şekline almıştır. Stipül vardır. Yaprak sapının tabanında bir şişkinlik şeklindeki pulvinus sayesinde yapraklar duruşlarını gece ve gündüz değiştirebilirler. Çiçekler genellikle salkım veya başak durumlarında, az çok gösterişli, tam ve kuvvetli zigomorf simetridir. Sepaller 5 adet ve birleşiktir. Petaller 5 adet, farklı şekil ve büyüklükte olup kelebek şeklinde düzenlenmiştir. Üstteki büyük petale bayrakçık, birbirine benzeyen yandaki iki petale kanatçık, az çok birleşmiş olan alttaki iki petale ise kayıkçık adı verilir (Şekil 2.2). Stamen 10 adettir, tamamı serbest, monodelf, diadelf, bazıları ise polidelftir. Ginekeum

genellikle 1 karpellidir. Ovül 2 veya çok sayıdadır, genellikle anatrof, bitegmik ve krassinusellardır. Meyve tipik olarak kuruyunca açılan legümen veya açılmayan lomentumdur (Yıldız, 2014).

Fabaceae familyasında tohumlar; bir ya da daha fazla, bitkiler; dikenli, otsu, çalı, ağaç, sarmaşık formlu, yapraklar; birleşik, bazen basit veya tek yapraklı, genellikle sarmal dizilişlidir, çiçekler; çift eşeyli, bazen tek eşeyli, aktinomorf ve zigomorf, pediselli veya sapsız, hipogin veya perigindir, meyve; legümen, bazen açılmayan, kanatlı drupa benzeri veya enine bölmelidir, kökler ise genellikle kök sebep olan *Rhizobium* bakterileri ile simbiyotik ilişki halinde bulunmaktadır (Kaplan, 2014).

## 2.2. *Vicia* L. Cinsi ile İlgili Genel Özellikler

Tek, çift veya çok yıllık otsu, çoğunlukla tırmanıcı bitkilerdir. Yapraklar sülük (tendril) veya kısa keskin sivri uçlu (mukro) ile sonlanan; parapinnat (birleşik) özellikte, bazen de yaprakçık tek ve çift, tam veya dişli, yan damarlar ana damara bağlı, damarların ağzlaşma (anostomozlar) yaptığı, nadiren nektar bölgeleri barındıran; imparipinnat özellik göstermektedir. Çiçekler salkım (rasemus) ya da tek tek çıkmaktadır. Kaliks straight (düz ağızlı) veya oblique (eğri ağızlı), tüylü ve tüysüz, dişler düzenli veya düzensizdir. Stillus yukarıya doğru tüylü kısa yumuşak veya sadece stigma kısmı tüylü veyahut aşağı doğru sakalsı tüy özelliği gösterir. Meyve (legüm) basık bakla şeklinde tek veya çok tohumludur. Meyve kabuğunun birleşme yeri kanatsızdır. Tohumlar ekseriyetle oval, bazen çökük, hilum çoğu zaman uzuncadır. Endosperma olmadığı için yedek besin elementleri kotilodonlarda depolanmaktadır. Bu sebeple hayvanlar için mühim bir gıda kaynağı olmaktadır (Kaplan, 2014) (Tablo 2.1)

*Vicia* L. cinsi *Lathyrus sativus* L. (mürdümük) ve *Lens culinaris* Medik. (mercimek) cinslerinden güçlükle ayrılır. Hatta *V. faba* L. seksiyonunda bulunan *V. crocea* (Desf.) B.Fedtsch. yanlışlıkla *Lathyrus aereus* (Steven) D.Brandza olarak isimlendirilmiştir. Bu cinsin çoğu türü çevresel ve genetik farklılıklardan dolayı oldukça yüksek oranda varyasyon göstermektedir (Öztürk, 2009).

**Tablo 2.1:** *Vicia* L. cinsinin taksonomik hiyerarşisi

<b>Taksonomik Hiyerarşi</b>	
Regnum	Plantae
Divisio	Spermatophyta
Subdivisio	Angiospermae
Class	Dicotyledoneae
Subclass	Archichlamydeae
Ordo	Fabales
Familia	Fabaceae
Tribus (oymak)	<i>Vicieae</i>
Genus	<i>Vicia</i> L.

En son ülkemizde *Vicia* cinsi; *Faba* L., *Vicia* L., *Anatropostylia* Kupicha, *Ervum* L., *Trigonellopsis* Rech., *Cracca* L. olmak üzere altı seksiyonda toplanmıştır. Çiçek durumunun bağıl uzunluk farkı, yaprak dizilişi ve çiçeklerin rengi, boyutu gibi taksonomik karakter özellikleri sebebiyle cins altı taksonomik durumu flora yazarları tarafından birçok defa düzenlenmiştir (Gözen, 2012).

*Vicia* türleri ülkemizde çayır-meralarda ve doğal olarak yetişebilen bitki olduğu için çoğu zaman istilacı tür grubuna girmektedir (Deveci, 2022). Genellikle ormanlarda, nadasa bırakılan topraklarda, çalılık alanlarda, nemli yerlerde, kumlu topraklarda nadiren kayalık ve sulak kesimlerde yayılım göstermektedir. Tarımda yem bitkisi olarak *V. sativa* L. (yaygın fiğ), *V. pannonica* Crantz. (macar fiğ), *V. villosa* Roth (tüylü fiğ), *V. ervilia* Willd. (burçak), *V. narbonensis* L. (koca fiğ) türlerinin yetiştiriciliği yapılırken ilk kültüre alınan türler ise *V. sativa* L. (fiğ) ve *V. faba* L.(bakla) dır (Avcı, 2018). Yeşil gübre, mera bitkisi, yem, tahıl, tohum, silaj, yeşil ot ve saman olarak kullanılmak için ise en yaygın olarak adi (yaygın) fiğ, macar fiğ, burçak ve koca fiğin tarımı yapıldığı bilinmektedir.

### **2.3 *Vicia* L. ile Yapılan Bazı Filogenetik Çalışmalar**

Bozkurt ve ark. (2013), Türkiye’de doğal olarak yetişen bazı *Vicia* taksonları (*V. sativa* susp. *Sativa*, subsp *nigra* var.*nigra*, subsp *incisa* var.*cordata*, *V. cracca*, subsp *gerardii*, subsp *atroviolacca*, subsp. *Stenophylla*, *V. hybrida*, *V.peregrina* ve

*V.palaestina*) ISSR belirteçleri ile analiz etmişlerdir. PZR analizleri sırasında, 17 primer test edilmesine rağmen yalnızca 3 primer, tüm taksonlar için amplifikasyon üretmiştir. ISSR primerlerinin oldukça yüksek polimorfik lokusa sahip olduğu saptanmıştır. ISSR profillerinden elde edilen dendograma göre tüm taksonlar iki ana kümeye ayrılmıştır; bunlardan biri *Vicia* bölümü, diğeri *Cracca* bölümüdür. *Vicia* bölümü; *V. sativa*, *V. hybrida* ve *V. peregrina* alt kümelerini kapsarken, *Cracca* bölümü; *V. cracca* ve *V. palaestine* alt türlerini içerdiği sunucuna varmışlardır.

Ma ve ark. (2022), *V. sativa* L. cinsinin tüm genomunu belirlemek ve Çin gen plazmasında bulunan *V. sativa* L. cinsinin genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla SSR belirteçleri kullanarak çalışmalar yapmışlardır. Toplam 79.84 GB yüksek kaliteli dizi verisi elde edilip birleştirilmiş Kumer analizlerine göre adi fiğ genomunun genom büyüklüğü, heterozigotluk oranı ve GC içeriği sırasıyla 1568 Mbp, 0.4345 ve %35 olduğu saptanmıştır. Ayrıca toplam 58.175 SSR primer çifti tasarlanarak Çin adi fiğinin yüksek genetik çeşitliliğine sahip olduğu ve iki ana alt gruba ayrılacağı belirlenmiştir. Yapılan bu çalışma ile yeni tanımlanan SSR'lar adi fiğ için gen plazm karakterizasyonu, genetik çeşitlilik ve QTL haritalama çalışmaları için temel moleküler belirteç sağlayacağı kaydedilmiştir.

Sun ve ark. (2022), *Vicia* cinsinin genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla basit dizi tekrarı (SSR) markırları kullanarak analizler yapmışlardır. 201 *Vicia* çeşidinden toplam 12 SSR belirteci kullanarak genetik çeşitliliği ve polimorfizmi inceleyerek 115 alel gen tespit etmişlerdir. Ortalama polimorfizm oranı 0.9033 olarak hesaplanıp 12 türü 3 ana kümeye ayrıldığı belirlenip, *V. norbonensis* ve *V. tibetica* çeşitlerinin popülasyonda %89 genetik varyasyonun gözlendiği ve toplam popülasyonun %11'ini kapsadığı ortaya çıkmıştır. Bu sonuçlar, *Vicia* cinsinin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını açıklığa kavuşturarak, genetik değişkenliğini anlamak ve gelecekteki üreme programları ve genetik değişkenliğini anlamak ve gelecekteki üreme programları, genetik iyileştirme için bir temel oluşturmak amacıyla yararlı bilgiler sağladığı belirtmişlerdir.

Yıldızdoğan ve ark. (2016), *Lens*, *Vicia*, *Lathyrus* ve *Cicer* cinsleri arasındaki genetik ilişkiyi değerlendirmek amacıyla AFLP belirteçleri ve morfolojik özellikler kullanılarak analizler yapılmıştır. 414 AFLP marköründen en bilgilendirici ve polimorfik olan 280 belirteç analiz için kullanılmış, morfolojik belirteç olarak türler arasında dişli stipül sayısı, stipül açısı, pedinküldeki aristalar ve bakla tüylenmeleri değerlendirilmeye alınmıştır. *Lens* cinsindeki türler genetik olarak *Vicia* ve *Lathyrus* cinslerine *Cicer*

cinsinden daha yakın olduđu, sinden daha yakın olduđu, *V. montbretti*, *Lens* cinsinden gözle görülür bir şekilde ayrıldığı sonuçlarına varmışlardır.

Amjad ve ark. (2023), 154 *V. faba* çeşidinin tarımsal-morfolojik özelliklerini belirlemek amacıyla karakter analizi yapmışlardır. Genetik varyasyon için 11 kantitatif, 13 kalitatif agromorfolojik karakter gözlenmiş ve sonuçlar PCA (temel bileşen analizi) kullanılarak analiz edilmiştir. Analiz sonucunda çeşitli özellikler (tohum ağırlığı, bakla uzunluğu, bakla eğrilik derecesi vb.) bakımından pozitif ilişkiler ortaya çıkarılmış, Suudi Arabistan Krallığı'nda *V. faba*'nın genetik çeşitliliğinin anlaşılmasında ve dünya çapında gelecekte kullanılması ve korunması için değerli bir kaynak olduğu anlaşılmıştır.

Mustafa ve ark. (2008), Dünya üzerinde farklı gen merkezlerinden 13 *Vicia faba* çeşidi ile farklı kökenlerden gelen *V. faba* cinsleri arasındaki genetik çeşitliliği ölçmek amacıyla tohum proteinlerinin elektroforetik verileri kullanılarak analizler yapmışlardır. İncelemelerle birlikte *Pisum sativum* dış grup olarak gözlenmiş ve kalıtlar arasında protein bantlarının sayısında geniş farklılıklar bulunmuştur. Elektroforegramlar ile alt-spesifik seviyedeki genetik varyasyonun değerlendirilmesinde ve çeşit tanımlamasında kullanılmak için kimlik profili oluşturulmuştur. Etiyopya'dan köken alan kalıtlar en az protein bandı gösteren ve dış gruba en uzak olan çeşit olduğu saptanmıştır.

Yassiry ve ark. (2023), Irak'ın çeşitli bölgelerinden toplanan 3 çeşit *V. faba* türü arasında akrabalık ilişkilerini belirlemek ve genetik çeşitliliği değerlendirmek amacıyla ITS genini genotiplemek ve tek iplikli konformasyon polimorfizmi ve PZR tekniği uygulanarak, SSCP-PZR yöntemi sonuçlarıyla 3 farklı haplotip modeli oluşturup DNA Data Bank Japan (DDBJ) veri tabanına kaydedilmiştir.

Mustafa ve ark. (2008), Mısır'daki *Vicia faba* çeşitlerinin genetik varyasyonunu belirlemek amacıyla tohum albüminleri, globulinlerden ve 10p tohum ağırlığından elde edilen elektroforetik ve kantitatif veriler analiz edilmiştir. Analiz sonucunda tohum globulinleri ile hem tohum albüminleri hem de tohum ağırlığı arasında negatif korelasyon olduğu, temel bileşen analizi ve küme analizleri Mısır'daki *V. faba* çeşitlerinin genetik varyasyonlarında tohum albüminlerinin tohum globulinlerine göre yüksek rol oynadığı belirlenmiştir.

Hou ve ark. (2022), Çin'in farklı bölgelerinde üretilen 226 *vicia faba* cinsinin genetik çeşitliliğini belirlemek amacıyla basit dizi tekrarı (SSR) markırları ve unigenlerin fonksiyonları çeşitli veri tabanları kullanılarak analizler yapılmıştır. Bu çalışmada toplam 92,43 gb dizileme verisi elde edilmiş ve toplam uzunluğu 178.152,541 bp olan 133.487 unigen dizi bir araya getirilip RNA-Seq analizine dayanarak toplam 5.200 SSR belirteci

geliştirilmiştir. Toplamda 103 SSR belirteci, farklı *Vicia faba* çeşitleri arasında anlamlı ve tekrarlanabilir bantlar elde edilmiş, kümeleme analizi ile 226 *V. faba* cinsi 5 gruba ayrıldığı ortaya çıkmıştır. Genetik çeşitlilik analiz sonucunda farklı *Vicia faba* arasındaki ilişkinin, özellikle aynı bölgede ilişkili olduğu ortaya çıkmıştır.

Oliveria ve ark. (2016), Batı Akdeniz havzasından alınan *Vicia faba* kalıtları ile yabancı akraba türlerin genetik çeşitliliğini ve popülasyon yapısını değerlendirme amacıyla SSR markırları kullanılarak, çalışma yapılmıştır. Portekiz, İspanya ve Fas'tan 53 *V. faba*, 2 *V. johannis* ve 7 *V. narbonensis* çeşitlerinin SSR markırları ile tarama yapılarak, heterozigotluk ve soy içi üreme katsayı seviyeleri, yabancı türlerde ekili *Vicia*'ya göre daha yüksek bir soy içi üreme seviyesine işaret etmiştir.

Yıldırım ve ark. (2022), 5 fiğ (*Vicia*) türüne ait 37 aksesyonun genetik karakterizasyonunu belirlemek amacıyla SSR belirteçleri kullanılarak araştırma yapılmıştır. Toplam 18 adet SSR markörü kullanılmış olup bunlardan 8 tanesi polimorfizm göstermiş ve fiğ katılımlarının genetik analizi için kullanılmıştır. Toplam alel sayısı 35 olup her lokus için ortalama alel sayısı 4,38 olarak belirlenmiş. Ortalama heterozigot oranı 0,49 olarak bulunmuştur. Polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri 0,23 ile 0,77 arasında değişmekte olup ortalama değer 0,44 olarak bulunmuştur. Türler arasında hemen hemen net bir ayırım gözlenmesine rağmen, aynı türün bazı çeşitleri arasında oldukça yüksek benzerlikler bulunduğunu saptamışlardır.

Deveci (2022), Trakya Bölgesi'nde yetişen *Vicia* cinsine ait *V. pannonica subsp. pannonica*, *V. sativa subsp. nigra*, *V. villosa subsp. villosa*, *V. lutea subsp. hirta*, *V. hybrida L.* türleri olmak üzere 7 farklı genotipin kromozom sayıları ve karyolojik özelliklerinin belirlenmesi amacıyla yürütülmüştür. Sitolojik karakterizasyon çalışması Feulgen boyası kullanılarak, karyotip analizi yapılarak idiogramları çizdirilmiştir. Çalışma sonucunda *V. sativa subsp. nigra*, *V. pannonica subsp. pannonica*, *V. lutea subsp. hirta* ve *V. villosa subsp. villosa* kromozom sayısı  $2n=14$ , *Vicia hybrida L.* ise  $2n=12$  olarak tespit edilmiştir. Çalışmada *Vicia* cinsinde yer alan genotiplerin karyotip formülleri; *Vicia sativa subsp. nigra* türü 21-2 nolu genotipte  $4Sm + 3M$  olarak, *Vicia pannonica subsp. pannonica* türü 15-14 nolu genotipte  $4St + 2Sm$ , *Vicia lutea subsp. hirta* türü 7-6 nolu genotipte  $7Sm$ , 15-I-24 nolu genotipte  $7St$  olarak, *Vicia villosa subsp. villosa* türü 15-I-43 nolu genotipte  $6Sm + 1M$ , 120-3 nolu genotipte  $7Sm$ , *Vicia hybrida L.* türü 22-1 nolu genotipte  $5St + 1Sm$  olarak belirlenmiştir. Çalışılan genotipler arasında en küçük kromozom boyuna  $2.391 \mu m$  ile *Vicia sativa subsp. nigra* türü 21-2 nolu genotip sahipken, en büyük kromozom boyuna ise  $8.459 \mu m$  ile *Vicia lutea subsp. hirta* türü 15-

I-24 nolu genotip sahiptir. Kol oranlarında ise en küçük kol oranı 1.500 µm ile *Vicia villosa* subsp. *villosa* türü 15-I-43 nolu genotip, en büyük kol oranına ise 4.754 µm ile *Vicia hybrida* L. türü 22-1 nolu genotipte rastlanmıştır.

Tamkoç ve ark. (2004), iki farklı lokasyondan (Çumra ve Selçuk Üniversitesi Kampüsü) seçilen *Vicia sativa* L. cinslerinin morfolojik farklılıklarının belirlenmesi amacıyla 2'si kontrol olmak üzere 12 Fiğ hattı kullanılmıştır. Araştırmada; bitki boyu, biyolojik verim, tohum verimi ve bin tohum ağırlığı üzerinde durulmuştur. İki lokasyon ortalamasına göre bitki boyu 41.0- 54.3 cm, biyolojik verim 281.3- 333.4 kg/da, tohum verimi 30.7- 63.8 kg/da ve bin tohum ağırlığı 38.0-51.2 g arasında değişmiştir.

Kaplan ve ark. (2021), Güneydoğu Anadolu Bölgesi'nde doğal olarak yetişen bazı *Vicia* L. taksonlarını moleküler filogenetik analiz kullanılarak incelemiştir. Araştırma da *Vicia L. taxa*'nın filogenetik ilişkilerini incelemek için ITS bölgesi dizinlenmiştir ve *Lathyrus inconspicuus* L. ve *L. cassius* Boiss dış grup olarak kullanılmıştır. ITS bölge uzunluğu 479-672 bp olarak belirlenmiştir. Ortaya çıkarılan filogenetik ağaçlandırmada *V. narbonensis*, *V. ervilia*, *V. peregrinae*, *V. lathyroides*, *V. cracca* türleri oluşturulan gruplandırma da daha az ayırt edilebilmiştir. *Hipekusa* ve *Lentopsis*. elde edilen verilerin *Vicia* L. taksonlarının taksonomik problemlerinin çözümü açısından güvenilir olduğu görülmüştür.

Avcı (2008), Trakya bölgesinde yayılım gösteren *Vicia* cinsine ait 13 taksonun (*V. articulata*, *V. cracca* subsp. *cracca*, *V. cracca* subsp. *gerardii*, *V. cracca* subsp. *stenophylla*, *V. crocea*, *V. hirsuta*, *V. meyeri*, *V. parviflora*, *V. sibthorpii*, *V. tetrasperma* ve *V. villosa* subsp. *dasycarpa*, *V. villosa* subsp. *eriocarpa* ve *V. villosa* subsp. *villosa*) moleküler filogenetik özellikleri ITS bölgeleri analiz edilerek ortaya çıkarılmasını amaç etmişlerdir. Çalışmalarında bazı herbaryumlardan (EDTU, İSTE ve İSTO) alınan örnekler ve 2014-2016 yıllarında arazi çalışmalarından elde edilen canlı bitki örnekleri kullanılarak DNA izolasyonları yapılarak ITS gen bölgelerinin çoğaltımını yapmışlardır. Elde edilen veriler biyoinformatik ve filogenetik programlar kullanılarak sonuçlar değerlendirilip, klasik taksonomi verileri ile karşılaştırılmıştır.

Kaplan (2014), Güneydoğu Anadolu Bölgesinde yetişen *Vicia* türleri kullanılarak morfolojik ve moleküler çalışmalar yapılmıştır. 2013-2014 yıllarında arazi çalışmalarından elde edilen 580 adet örnek ile araştırılmalar yapılmış ve bölgede yayılışı bilinmeyen, *V. monantha* Retz. subsp. *monantha* Retz. ve endemik bir tür olan *V. caesarea* Boiss.& Bal. tespit edilmiştir. Morfolojik analizler sonucunda gerekli incelemeler yapıp benzerlik ve farklılıklar ortaya konmuştur. Moleküler çalışmalarda *Vicia* L. taksonları iç



grup ve *L. inconspicuous* L. ve *L. cassius* Boiss. türleri ise dış grup olarak belirlenip moleküler işaret bölgeleri (ITS, trnL, kloroplast DNA) kullanılarak analizler yapılmıştır. Çalışma sonucunda ITS gen bölgesi ile oluşturulan ağaçların diğer işaret bölgelere göre daha güvenilir sonuçlar verdiği kaydedilmiştir.

Arslan ve ark. (2012), Türkiye’de doğal olarak yayılım gösteren 11 *Vicia* (*Vicia cracca* subsp. *gerardii*, *V. cracca* subsp. *atroviolacea*, *V. cracca* subsp. *stenophylla*, *V. canescens* subsp. *canescens*, *V. palaestina*, *V. michauxii* var. *stenophylla*, *V. pannonica* var. *pannonica*, *V. hybrida*, *V. sativa* subsp. *nigra* var. *nigra*, *V. sativa* subsp. *nigra* var. *segetalis*, *V. sativa* subsp. *incisa* var. *cordata*) cinsini karyolojik olarak incelemiştir. Çalışma sonucunda kromozom sayıları, karyotipleri ve idiyogramları oluşturulup, bu taksonların kromozom sayıları 2n=10,12,14,24 olarak n-bulunmuş, beş cinsin kromozom sayıları ve karyotip analizi ilk kez rapor edilmiş ve iki taksonun kromozom morfolojisi ilk kez tanımlanmıştır.

Haider ve ark. (2011), Bazı *Vicia* cinslerinin teşhisi için 9 kloroplast bölgesi üzerinde polimeraz zincir reaksiyonu- restriksiyon fragman uzunluğu polimorfizmi (PZR- RFLP) ve 12 konsensüs kloroplast basit dizi tekrar (ccSSR) primer çifti kullanılarak *Vicia* alt cinsinin 22 türünün kloroplast DNA’sındaki polimorfizm araştırılmaya çalışılmıştır. Araştırma sonucunda veriler doğrultusunda kloroplast türüne göre 2 gruba (1. Grup; *V. noeana* ve *V. dionysiensis* ve 2. Grup; *V. serratifolia* ve *V. hyaeniscyamus*) ayrılmıştır ve 4 tür hariç analiz edilen türlerin tümü belirlenerek kaydedilmiştir.

Wang ve ark. (2011), Çin’in farklı bölgelerinden ve bazı bölgelerden 802 *V. faba* ‘nın genetik ilişkilerinin ortaya çıkarmak amacıyla ISSR belirteçleri kullanılarak 209’u polimorfik olan 11 ISSR primeri ile toplam 212 tekrarlanabilir amplifikasyon bandı oluşturmuşlardır. Araştırma sonucunda Kuzey Çin’den gelen türler en yüksek genetik çeşitliliği göstermiş, Çin kış baklası UPGMA kümeleme analizine göre Çin ilkbahar baklasından açıkça ayrılmıştır, farklı bölgelerden gelen Çin baklalarının da ayrımları incelenip, yurtdışından getirilen diğer *V. faba* türlerinin arasındaki farklar UPGMA dendrogramı ile gösterilmiştir. ISSR verilerine dayanarak, Asya, Avrupa ve Afrika’dan erişimlerin gruplandırma sonuçları açıkça coğrafi kökenleriyle ilişkilendirilmiştir.

Yazıcılar ve ark. (2021), 2 adet Yaygın fiğ (*Ankara Moru* ve *Ayaz*) ile 3 adet Macar fiğ (*Ankara Pembesi*, *Tarım Beyazı* ve *Kansur*) çeşitleri kullanılarak çekirdek DNA, kromozom sayımı ve toplam protein miktarına bakılarak genetik çeşitliliğinin belirlenmesi amaçlamışlardır. 5 farklı fiğ (*Vicia* subsp.) popülasyon tohumları MS

ortamına (Murashige Skoog bazal besiyeri 1962) ekleyerek yaprak örnekleriyle flow sitometri analiziyle çekirdek DNA ve total protein miktarına bakılmıştır. 5 farklı fiğ (*Vicia* subsp.) popülasyonlarının kök uçlarından örnek alınarak kromozom sayımı yapılmıştır. Total protein miktarı en çok *Kansur*, *Tarım Beyazı*, *Ankara Moru* ve *Ayaz*, total protein miktarı en az *Ankara Pembesi*, çekirdek DNA miktarı 3.53 pg ile 11.11 pg arasında değişmiş, Flow sitometri sonuçlarına göre *Kansur* ve *Tarım Beyazı* ile *Ankara Pembesi* ve *Ankara Moru* çekirdek DNA oranları birbirine yakın olduğu, *Kansur* kromozom sayısı  $2n=2x=14$ , *Ankara Pembesi*, *Tarım Beyazı*, *Ankara Moru* ve *Ayaz* kromozom sayısı  $2n=2x=12$ 'dir. Proteince zengin ve genom boyutu en büyük olan *Kansur* hattı olduğu sonucuna varılmıştır.

Bosmalı ve ark. (2022), Avrasya kökenli 71 *Vicia* örneğini tanımlamak amacıyla kloroplast trnL, rpoC1 ve ITS2 DNA barkod bölgelerinden yararlanarak çalışma yapmışlardır. Elde edilen trnL verileri ile dendrografik ağaç çizimi yapılmış ancak *Vicia L.* taksonlarının bazılarında yetersiz kümelenme gözlenmiş ve tutarsızlıkların ortadan kalması için ITS2 ve rpoC1 gen bölgelerinin verileri ile kombine edilmiştir. Doğru bir tanımlama için DNA barkod bölgelerinin kombinasyonunun gerekli olduğu çıkarımı yapılmıştır.

Wu ve ark. (2020), 161 *Vicia L.* türlerinin doğru ve etkili tanımlanması amacıyla (matK, rbcL, trnH-psbA, trnL-trnF, ITS1 ve ITS2) bazı gen bölgelerinin analizleri yapılmıştır. Çalışma sonucunda trnH-psbA bölgeleri en yüksek polimorfizme, türler arası ve tür içi mesafeye sahipken, ITS gen bölgelerinin ağaçlandırma analizlerinde iyi bir tanımlama aracı olduğu ortaya çıkarılmıştır.

Han ve ark. (2021), Güney Kore'de bulunan *Vicia L.* taksonu arasındaki genetik mesafeyi bulmak amacıyla DNA barkod bölgelerinin (ITS2, matK ve rbcL) kullanılma olasılıkları değerlendirilmiştir. ITS2 gen bölgesi 19 taksonun 12'sinde barkod bölgeleri arasında tür içi değişkenliği olmadığı halde en iyi filogenetik ayrımı ortaya çıkarmıştır. Çalışma sonucunda; *V. angustifolia* var. *segetilis*, *V. bungei*, *V. villosa*, *V. cracca*, *V. dasycarpa*, *V. hirsuta*, *V. tetrasperma*, *V. amurensis*, *V. hirticalycina*, ve *V. chosenensis* türlerinin ayrımı için etkili bir şekilde kullanılabileceği kanısına varılırken, *V. unijuga*, *V. unijuga* var. *Kaussanensis* türleri için; *V. linearifolia*, *V. unijuga* f. *angustifolia*, *V. nipponica*, *V. amoena*, *V. venosa* var. *cuspidata*, *V. pseudo-orobus*, ve *V. japonica* türlerinin barkod bölgeleriyle incelenmesi gerektiği sonucuna varmışlardır. Ayrıca *Vicilla* ile yakın akraba olduğu veya yakın zamanda türleşmeye uğradığı tespit edilen türler için 39 morfolojik özellik araştırılıp, öne çıkan 16 özellik açısından da analize tabii tutulan

*Vicia* L. türlerinin doğrudan farklılaştığını ortaya koyulmuş ve tüm Güney Kore *Vicia* L. türlerinin morfolojik özellik- DNA barkod lokuslarının kombinasyonu ile ayrımını yapmışlardır.



### 3. MATERYAL VE METOT

#### 3.1.Bitki Materyali

Bu çalışmada bitki materyali olarak dokuz adet *Vicia* L. türü (6 adet), alt türü (1 adet)) ve bunlara ait çeşitleri (4 adet) (*V. pannonica* Crantz. (Pembe çiçekli macar fiğ (Anadolu Pembesi)), *V. villosa* subsp. *dasycarpa* Cav. (tüylü meyveli fiğ), *V. pannonica* Crantz. (Macar fiğ), *V. villosa* Roth (tüylü fiğ (Munzur), *V. sativa* L. (Adi fiğ- yaygın fiğ (Ankara moru), *V. villosa* Roth (tüylü fiğ), *V. narbonensis* L. (koca fiğ), *V. pannonica* Crantz. (beyaz çiçekli macar fiğ), *V. sativa* L. (alinoğlu adi fiğ), *V. faba* L.) tohumu kullanılmıştır (Şekil 3.1). Kullanılan tüm çeşitler Tarım Orman Bakanlığı Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden temin edilmiştir. *Vicia* tür ve çeşitlerine ait tohumlar optimum laboratuvar ortamında kaplara ekimi yapılarak, çimlendirilmeye bırakılmıştır (25° C'de 16 saat ışık 8 saat karanlık) (Şekil 3.2)



Şekil 3.1. *Vicia* L.türlerine ait çalışılan tohumlar



**Şekil 3.2.** Tohumların çimlenmeye bırakılması (25° C’de 16 saat ışık 8 saat karanlık döngü)

### **3.2. Genomik DNA İzolasyonu**

Genomik DNA izolasyonları EURX marka Plant and Fungi DNA saflaştırma kiti ile yapılmıştır. DNA izolasyon protokolü aşamaları şöyledir;

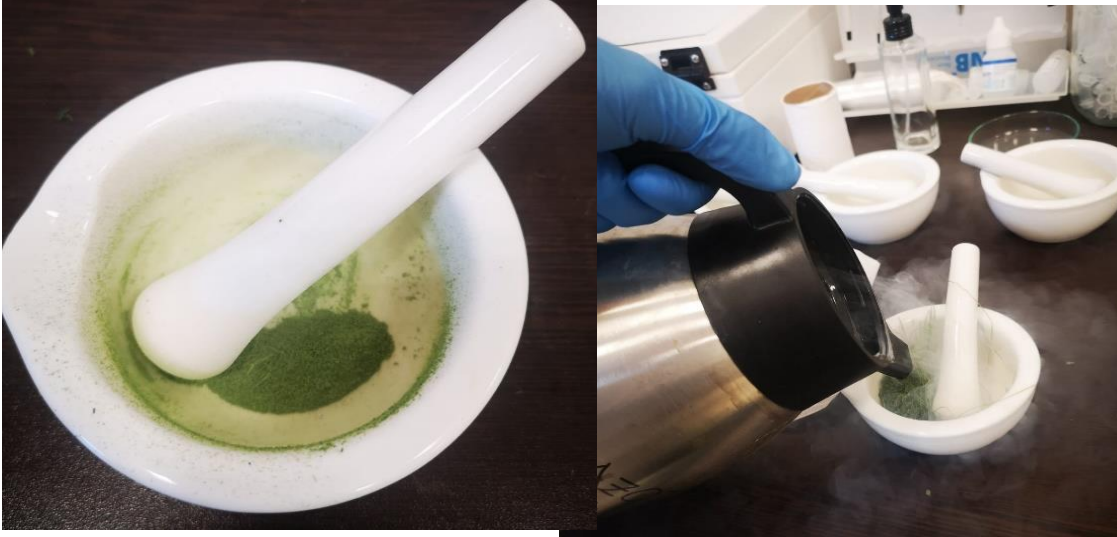
1. 25° C’de 12 000 ışık şiddetinde 16 saat aydınlık, 8 saat karanlık döngü olacak şekilde çimlendirilen örneklerden yeşil yapraklar ve gövdeler ayrı biçimde paketlenerek 40°C hava ile kurutma makinasında kurutuldu.
2. Kurutulan örnekler (-196°C) sıvı azot ile havanlarda toz haline getirilerek, kuru ağırlık 20 mg sınırını geçmeyecek şekilde tartılıp 2 ml’lik tüplere yerleştirildi (Şekil 3.4).
3. Tüplere 400 µl Buffer Lyse P, 3- RNase A ve 10 µl Protein K stok çözelti eklenerek vortekslendi. Bu işlem devam ederken tüpler 2 veya 3 defa ters çevrilerek karışımın iyice karışması amaçlandı. Karışım 65°C’de 30 dakika inkübasyonda bekletildi.
4. İnkübasyon işleminin ardından tüplere 130 µl Buffer AC eklendi ve buz üzerinde 5 dakika bekletildikten sonra 10 dakika boyunca 14 000 x g’de santrifüj edildi.
5. Santrifüj işleminden sonra ortaya çıkan çift fazlı karışımın üst fazı (süpernatant) pipet yardımı ile dikkatlice alınarak 2 ml’lik toplama tüpleri içerisindeki kolonlardan geçirildi ve 1 dakika 12 000 x g’de santrifüj edildi.
6. Elde edilen karışımdan DNA’nın iyice saflaştırması ve istenmeyen materyalin uzaklaştırılması amacıyla 350 µl Buffer Sol P eklendi ve DNA’nın suda çözünmez

duruma gelmesi için 250 µl %96 Etanol eklenip 12 000 x g'de 1 dakika santrifüj edildi.

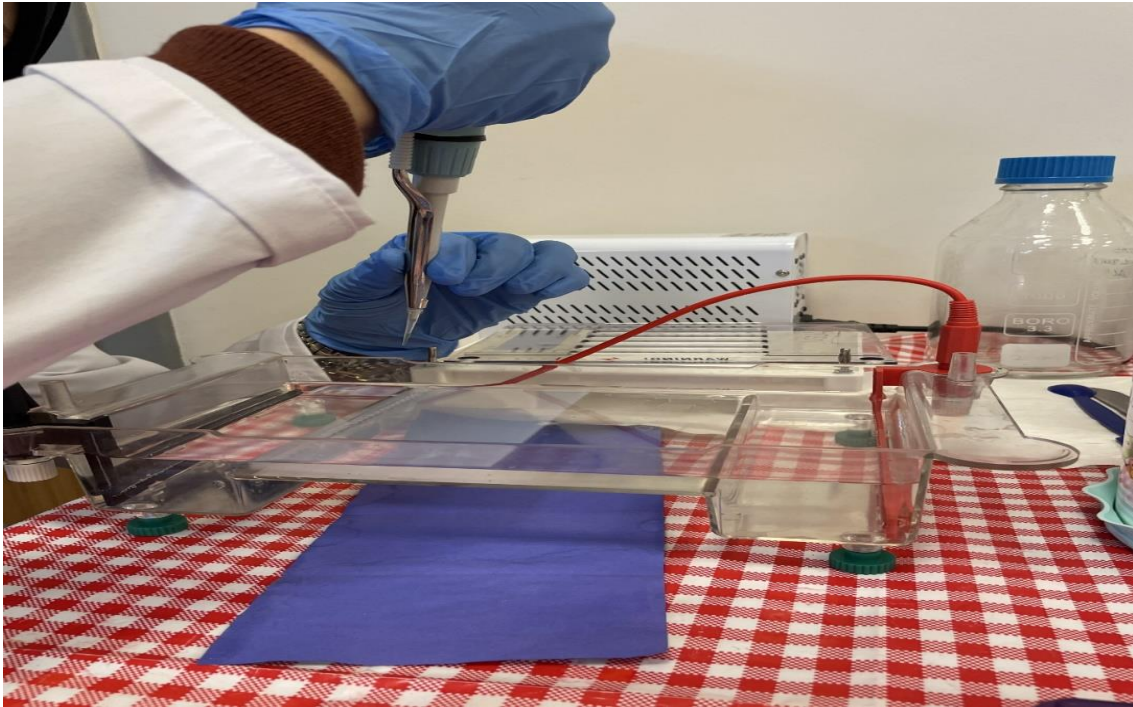
7. Santrifüj işleminden sonra elde edilen karışımdan 600 µl alınarak kolona aktarıldı ve 1 dakika boyunca 11 000 x g'de santrifüj edildi. İşlem bitiminde oluşan sıvı tüplerden uzaklaştırıldı ve işlem birkaç kez daha tekrar edildi.
8. Santrifüj işleminin ardından tüplere 500 µl Buffer Wash PX eklendi ve 1 dakika 11 000 x g'de santrifüj edildi. Bu işlem 3 tekrar olacak şekilde yapıldı.
9. İşlem bitiminde oluşan sıvı kısım ve toplama tüpleri atıldı. Kolon membranının kuruması ve Buffer Wash PX kalıntılarını gidermek amacıyla 1 dakika 11 000 x g'de tekrar santrifüj edildi.
10. Kolonlar 2 ml'lik yeni tüplere yerleştirildi ve DNA'yı ayırtmak ve verimini artırmak amacıyla 150 µl Buffer Elution eklendi ve oda sıcaklığında 2 dakika inkübe edilip, 1 dakika 11 000 xg'de santrifüj edildi.
11. Santrifüj işleminden sonra tüpler içerisinde DNA çözeltisi elde edildi.

Elde edilen DNA'ların varlığının tespiti için agarose jel elektroforez tekniği kullanıldı bu teknikte şu protokol uygulanmıştır:

1. 1 gr agaroz 100 ml 50X TAE tamponu içerisine ilave edildi ve mikrodalga fırına yerleştirildi.
2. Mikrodalga fırından çıkarılan çözelti oda sıcaklığında ilk sıcaklığı geçene kadar bekletildi.
3. Karışım içerisine 3 µl SafeGreen™ Loading Dye boya maddesi eklendi.
4. Hazırlanan çözelti önceden tarakları yerleştirilmiş tank içine döküldü. Tankta hava kabarcığı oluşmamasına dikkat edildi.
5. Jel donduktan sonra taraklar çıkarılıp örneklerden 3 µl TAE tampon çözeltisi içerisindeki jel üzerinde yer alan kuyucuklara yüklendi.
6. Elektroforez içine yerleştirilen jelde kuyulara yüklenen örnekler 90 volt akım ile 40 dakika yürütüldü (Şekil 3.5)
7. Süre sonunda jel UV taranslüminatör vasıtasıyla görüntülendi.



**Şekil 3.3.** Yeşil yaprakların sıvı azot yardımıyla ezilmesi toz haline getirilmesi



**Şekil 3.4.** Agorose jel elektroforez tekniği yükleme görüntüsü

Elde edilen DNA'ların kalite ve varlıklarının kontrolü için %1'lik konsantrasyondaki jelde Thermo Scientific™ DNA Gel Loading Dye (6X) ile 4'1 oranında karıştırılan DNA'lar yürütülmüştür (Şekil 3.4). Daha sonra PZR basamaklarında kullanılmak için DNA'lar sulandırılmıştır (total konsantrasyon 10 ng olacak şekilde).



### 3.3. PZR Çalışmaları

PZR, istenilen gen bölgelerinin çoğaltımında kullanılan tekniklerden bir tanesidir (Şekil 3.3). Cihaz temelli olan bu teknikte öncelikle uygun bağlanma sıcaklıklarının bulunması çalışmalarda öncelik arz etmektedir. Çalışmada Hisao ve ark (1995) çalışmasında kullanılan ve bitkiler için universal olarak değerlendirilen sırasıyla forward ve reverse olarak ITS1 (5'-TCGTAACAAGGTTTCCGT- AGGTG-3') ve ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATA TGC-3') primer çifti kullanılmıştır (ITS1-5.8S-ITS2). Bu sebeple öncelikle primere uygun bağlanma sıcaklığının bulunması için farklı bağlanma sıcaklık optimizasyon denemeleri yapılmıştır. Buna ek olarak uygun çözelti içeriklerinin tespit edilmesi de yine sıcaklık kadar önem arz etmektedir. Bu sebeple yine uygun çözeltinin hazırlanması için çalışmalarda çözelti içerik optimizasyonları da yapılmaktadır.

Bu amaçla farklı sıcaklık ve çözelti optimizasyon koşulları denemiş ve kullanılan koşullar tespit edilmiştir (Tablo 3.1 ve Tablo 3.2). PZR çalışmalarında 0.2 ml'lik steril tüpler kullanılmıştır. Tüplere sırasıyla numara verildikten sonra 1 µl DNA ve 19 µl hazırlanmış olan PZR karışımı ilave edilerek toplam hacim 20 µl'ye tamamlanmıştır (Tablo 3.1).

**Tablo 3.1.** PZR karışımında kullanılan bileşenler ve miktarları

PZR bileşenleri	PZR bileşenlerinin miktarı (tek tüp için)
DNA (10ng)	1 µl
Primer F(10mM)	0,5 µl
Primer R(10mM)	0,5 µl
Master mix buffer	4 µl
ddH <sub>2</sub> O (steril)	14 µl
Toplam hacim	20 µl

**Tablo 3.2.** ITS gen bölgesi için PZR makinesinde amplifiye şartları

Basamak	Sıcaklık	Zaman	Döngü
Ön denatürasyon	95 °C	5 dakika	1
Denatürasyon	95 °C	45 saniye	
Bağlanma	58 °C	30 saniye	35
Primer uzaması	72 °C	45 saniye	
Son uzama	72 °C	10 dakika	1
Son sıcaklık	12 °C	süresiz	

Programın tamamlanmasından sonra istenilen bölgenin amplifiye olup olmadığının tespiti için jel elektroforez tekniği yardımı ile %1.8'lik agarose jel de ürünler 90 volt akımda 40 dakika süreyle yürütülmüş ve UV ışınları ile tespit edilerek bilgisayarlı vilber cihazında görüntü fotoğraflanmıştır (Şekil 4.1).

### 3.3. Dizi Analizi

Jel görüntüsünde doğru yerin çoğaltıldığı tespit edilen PZR ürünleri, Sanger metodu ile çift yönlü dizilemelerinin yapılması için BM Labosis (Ankara) şirketine gönderilmiştir. Firmadan gelen dizileme sonuçları Finch Tv 1.4 adlı programda kromotogramlar halinde görüntülenerek sekansların temizliği kontrol edilmiştir

Kromatogramdan FASTA formatında alınan diziler, Molecular Evolutionary Genetics Analysis 11 (MEGA 11) programında düzenlenmiş ve Clustal W metodu ile hizalanmıştır. Çalışmamızda Tarım Orman Bakanlığı Merkez Araştırma Enstitüsünden temin edilen *Vicia* cinsi tohumların yanında filogenetik ağaçta dünyadaki yerlerinin tespiti için NCBI (National Center for Biotechnology Information) veri bankasından alınan DNA dizileri de eklenmiştir (Dizi listesi Çizelge 3.3 'te verilmiştir). Filogenetik ağacın doğru çizdirilmesi için MEGA11 programındaki Model Test bölümünden Maksimum Likelihood metoduna ait farklı parametreler test ettirilmiş ve çıkan tabloda AICc (Corrected Akaike information criterion- AIC) değerlerine göre GTR (General Time Reversibl Model) parametresinde Gamma dağılımı eklenerek ağaçlar 1000 bootstrapli (tekrarlı) değerle çizdirilmiştir.

ITS2 bölgesinin tüm dizilerin içerisinde çıkarılması amacıyla The ITS2 Database (<https://its2.bioapps.biozentrum.uni-wuerzburg.de/>) web programı kullanılmış ve annotation metodu ile her bir birey için ayrı ayrı kaydedilmiştir. Elde edilen sekanslar

The UNAFold Web Server da ayrı ayrı ikincil yapıları RNA folding (mFOLD) (<http://www.unafold.org/mfold/applications/rna-folding-form.php>) üzerinden çizdirilmiş ve resimler kaydedilmiştir. Yine aynı web server da elde edilen  $\Delta G$  enerji değerleri hesaplatılmış ve tablo olarak verilmiştir.



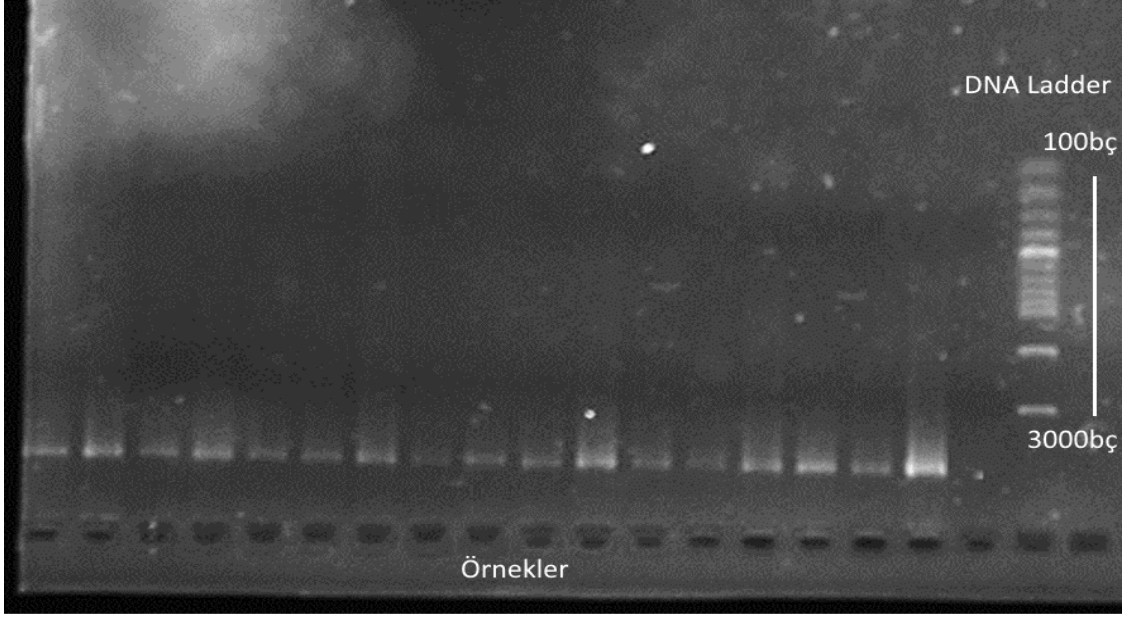
#### 4. BULGULAR VE TARTIŞMA

Tarım Orman Bakanlığı Tarla Bitkileri Merkez Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden temin edilen *Vicia* L. ve araştırmada kullanılan tohumların isimleri tablo 4.1.'de verilmiştir.

**Tablo 4.1. *Vicia* L. örnekler listesi**

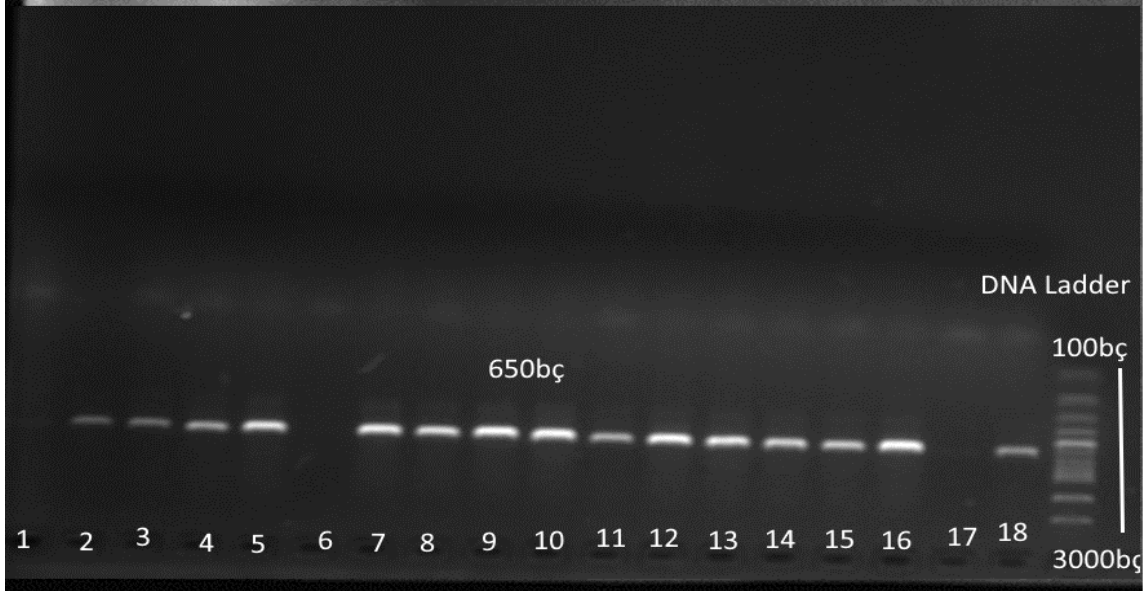
<b>Kullanılan Örnekler</b>	<b>Verilen Numaralar</b>
<i>V. pannonica</i> Crantz (Macar Fiğ, Anadolu pembesi)	Z7
<i>V. pannonica</i> Crantz (Macar Fiğ)	Z6
<i>V. narbonensis</i> L. (Koca Fiğ)	Z5
<i>V. villosa</i> subsp. <i>dasycarpa</i> Cav. (Tüylü Meyveli Fiğ)	Z9
<i>V. villosa</i> Roth (Tüylü Fiğ, Munzur)	Z4
<i>V. pannonica</i> Crantz (Beyaz Çiçekli Macar Fiğ)	Z8
<i>V. sativa</i> L. (Ankara moru, Adi fiğ)	Z1
<i>V. villosa</i> Roth (Tüylü Fiğ)	Z3
<i>V. sativa</i> L. (Alinoğlu, Adi Fiğ)	Z2
<i>V. faba</i> L. (Bakla)	Z10

Uygun DNA saflaştırma kiti yardımıyla elde edilen *Vicia* L. türlerinin DNA çözeltileri agoroz jel elektoroforezinde yürüldükten sonra UV ışığı ile varlıkları ve büyüklükleri tespit edilmiştir (Şekil 4.1).



**Şekil 4.1.** İzole edilen total DNA'ların jel elektroforez görüntüsü

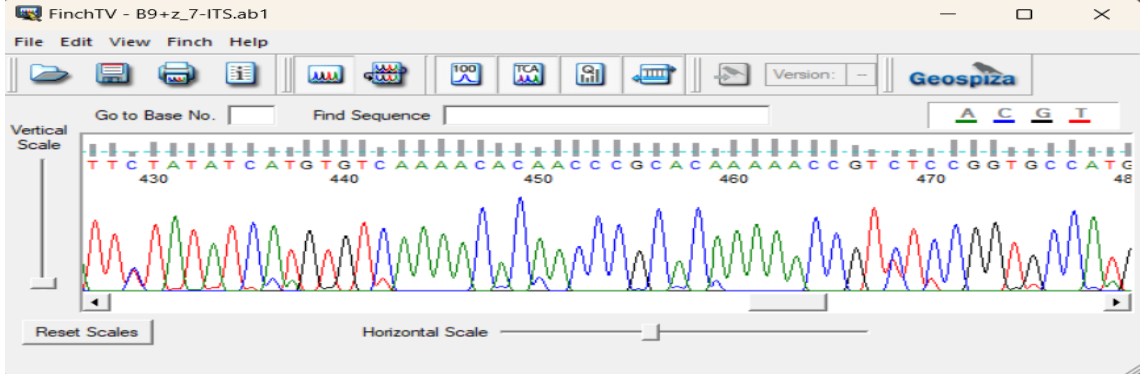
PZR çalışmaları ile amplifiye edilen ITS gen bölgesinin çoğaltıldığıнын kontrol edilmesi için tekrar jel elektroforez yöntemi kullanılmış yürütülen örnekler UV altında bakılarak kontrol edilmiştir (Şekil 4.2).



**Şekil 4.2.** ITS gen bölgesinin jel elektroforez görüntüsü

Jel görüntülenmesinin ardından PZR ile çoğaltımı yapılan örneklerin dizilenmesi için firmaya iletilmiş (BM labosis) ve firmadan gelen sonuçlar Finch Tv 1.4 adlı program

yardımıyla sekanslar kontrol edilmiştir. Kontrol edilen ürünlerin bir örneği Şekil 4.3.'te verilmiştir.



Şekil 4.3. ITS dizilenmiş örneklerin kromotogramından bir bölüm

Çalışmamız da filogenetik ağacın doğruluğunun tespiti için Fabaceae familyasından dış grup olarak *Astragalus mongholicus* ve *Lupinus luteus* türlerine ait taksonlar kullanılmış ve bunlara ait sekans verileri ise NCBI veri bankasından alınmıştır. NCBI veri bankasından alınan ITS gen bölgesi çalışılan bazı araştırmaların aksesyon numaraları ve çalışılan örneklerin bölgeleri Tablo 4.2.'de verilmiştir.

**Tablo 4.2.** NCBI veri bankasından alınan *Vicia* L. örneklerinin isimleri ve referans için aksesyon numaraları

<i>Vicia</i> L. Türleri	NCBI Aksesyon Numaraları	Çalışılan Ülke
<i>V. tenuifolia</i> Gaudin	HM470636.1	İran
<i>V. villosa</i> Roth	HM470611.1	İran
<i>V. villosa dasycarpa</i> Cav.	MW540813.1	Mısır
<i>V. villosa dasycarpa</i> Cav.	KJ787141.1	Yeni Zelanda
<i>V. benghalensis</i>	JX506187.1	Almanya
<i>V. benghalensis</i>	JX506186.1	Almanya
<i>V. cracca</i> L.	JX506204.1	Almanya
<i>V. cracca</i> L.	DQ312197.1	Yeni Zelanda
<i>V. hirsuta</i> Gray	HM470620.1	İran
<i>V. hirsuta</i> Gray	MH808489.1	Çin
<i>V. ervilia</i> Willd.	HM470634.1	İran
<i>V. pannonica</i> Crantz	KJ787154.1	Yeni Zelanda
<i>V. pannonica</i> Crantz	JX506268.1	Almanya
<i>V. faba</i> L.	MW843838.1	Çin
<i>V. faba</i> L.	HM470590.1	İran
<i>V. narbonensis</i> L.	HM470591.1	İran
<i>V. narbonensis</i> L.	KJ864960.1	Filistin
<i>V. grandiflora</i> Scop.	HM470609.1	İran
<i>V. grandiflora</i> Scop.	AM087151.1	İtalya
<i>V. sativa</i> L.	MH808491.1	Çin
<i>V. sativa</i> L.	MN532115.1	Tunus
<i>Astragalus mongholicus</i> Bunge	EF685969.1	Çin
<i>Lupinus luteus</i> L.	MW669318.1	Güney Afrika

Kullanılan *Vicia* L. türler, alt tür ve çeşitlere ait istatistiksel verilen MEGA 11 programı yardımıyla hesaplatılmıştır (Tablo 4.3). *Vicia* L. türlerinin, ITS bölgesinin eksik veya bozuk bazların elenmesinden sonra toplam içeriği 633 bç olarak elde edilmiştir. Korunan baz çifti sayısı 418 bç iken çeşitlilik gösteren baz çifti sayısı ise 201bç olmuştur (Bunlardan 90 bç informatik önemli bilgi içermektedir). Türler arası benzerlik oranı 0.035 çıkmıştır. Yüzde 50.3 çıkan GC oranı ITS gen bölgesinin tipik bir özelliğidir. Ortalama



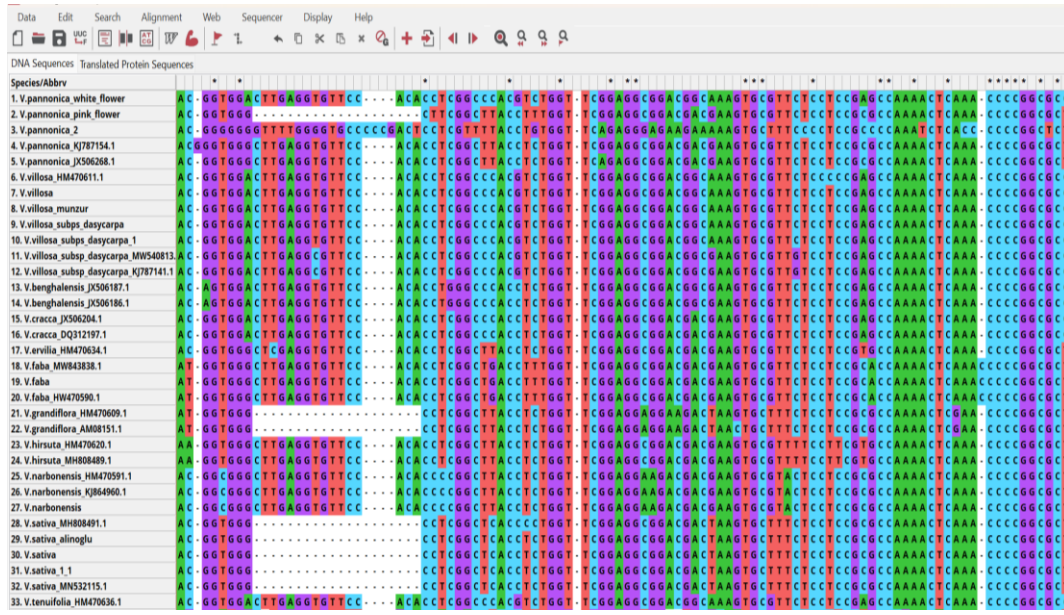
yüzde 50 ile 55 arasında çıkmaktadır ki bu oran ITS gen bölgesinin bu baz çiftleri açısından oldukça zengin olduğunu göstermektedir.

Sonuç olarak elde edilen istatistiksel veriler çalışılan *Vicia* türlerinin birbirlerine oldukça benzer gen bölgesine sahip olduğunu göstermektedir.

**Tablo 4.3.** MEGA 11 programında hesaplatılan istatistiksel veriler

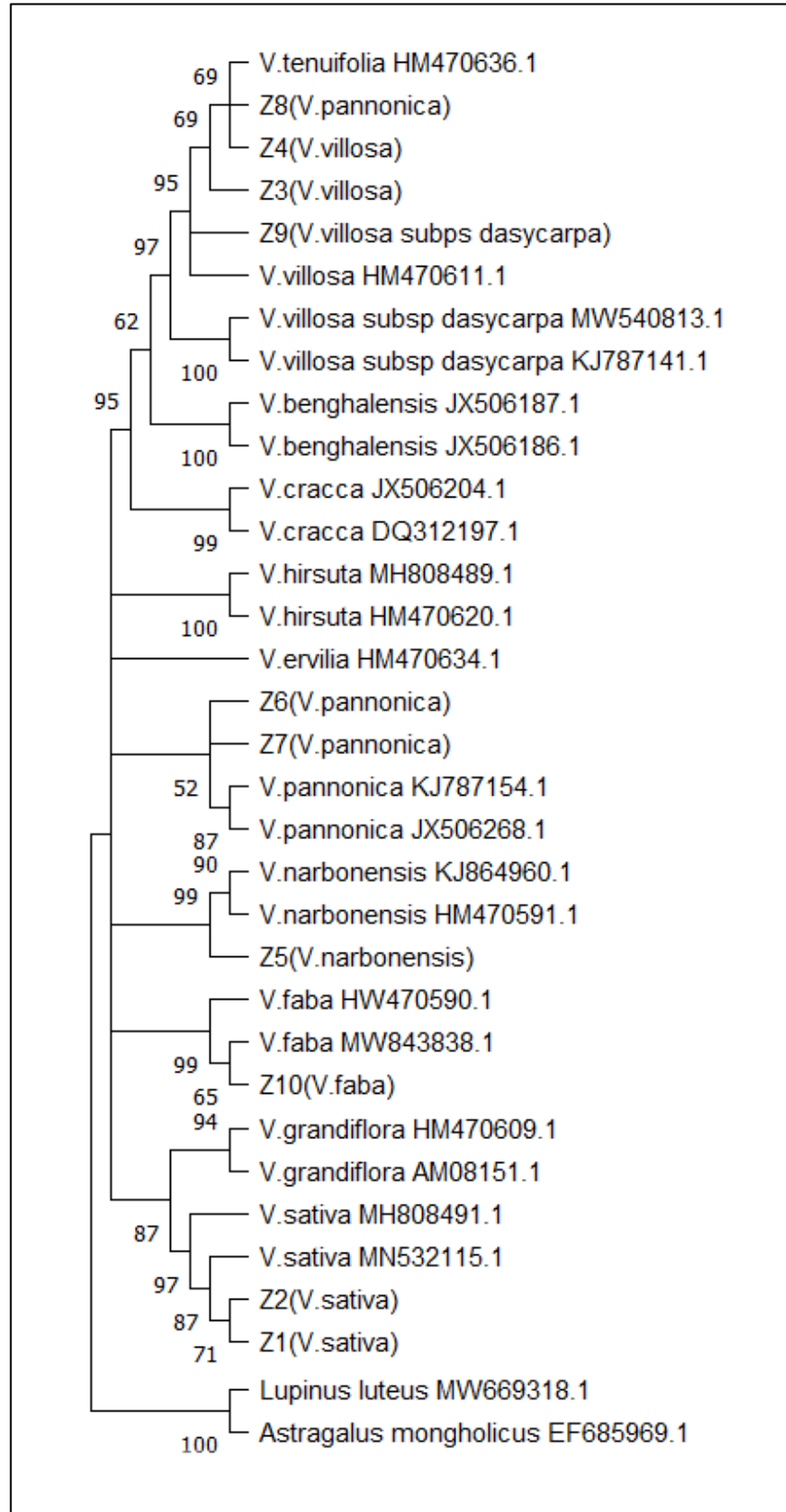
<b>İstatistik veri</b>	<b>Değerler (bç)</b>
Korunan baz sayısı	418
Çeşitlilik gösteren baz sayısı	201
İnformatik bilgiye sahip baz sayısı	90
Tekli baz sayısı	111
Toplam baz sayısı	633
%GC	50.3
Türler arası benzerlik oran ortalaması (d)	0.035

Bu istatistiksel verilere ait değerlerin temsil ettiği mutasyonlar MEGA programında hizalanmış ve bu da hizalama dosyasında görülen dizilemede açıkça görülmektedir (Şekil 4.4). Özellikle, *V.grandifolia*, *V.sativa* türlerine ait ITS bölgelerinde 20 bç'lik delesyon mutasyonları oldukça dikkat çekmektedir. Yine görüntülenen transversiyon ve translasyon değişim mutasyonları da oldukça yoğun olarak görülmektedir. Hizalamalarda ayrıca NCBI veri bankasından alınan *Vicia* L. ait türlere ait sekanslar çalışmamızdaki türlerin sekansları ile paralellik bulunmaktadır ki bu da doğru bölgenin çalışıldığını göstermektedir.



**Şekil 4.4.** *Vicia* L. türlerinin ITS bölgesinde rastlanan mutasyonlar

Çizdirilen filogenetik ağaç (Şekil 4.5) *Vicia* L. cinsine ait türlerin veri setlerinin dış gruptan bağımsız oldukları görülmüştür. Oluşan ağaçta *Vicia* L. türleri her tür kendi alt türü ile konumlanacak şekilde dağılmıştır. *V. grandiflora* ve *V. sativa* türleri delesyon mutasyonunun da varlığı ile güçlü bootstrap değeri ile desteklenen 1. grubu oluşturmaktadır. *V. villosa* ve alt türleri alt kümelene oluştururken, *V. faba* ve *V. narbonensis* türleri 2. kümede kendilerine ait bir dal yaparak konumlanmışlardır. Böylelikle çalışılan Türkiye'ye ait türler diğer dünya türleri ile kıyaslandığında morfolojik verilerle yapılan sistematik anahtarlara uygun şekilde konumlandıkları görülmüştür. Özellikle *V. sativa* ve *V. grandifolia* türlerinin morfolojik olarak da diğer türlerden meyve yapıları ile ayrılmaktadırlar (Kaplan, 2014). Ayrıca en fazla varyasyon gösteren yine *V. sativa* türü olması sebebiyle diğer türlerle akrabalık ilişkilerinin genetik olarak bilinmesi önem arz etmektedir. Yine *V. narbonensis* türünün yapraklarının 1- 3 yaprakçıklı ve yaprakçıkların damarları belirgin olmaması (Kaplan, 2014) ile *V. sativa*'dan morfolojik olarak ayrılması moleküler filogenetik ağaçta da paralel şekilde ayrı durması önemli bir durumdur. Bunlara ek olarak *V. villosa* türü ve alt türleri tek yıllık ya da iki yıllık olmaları, pedünküllerinin birçok çiçekli yapraklarının olması ( 4- 10 çift yaprakçıklı), türü diğer türlerden ayırmaktadır ki bu aynı zamanda filogenetik ağaçta da açıkça görülmektedir.



**Şekil 4.5.** *Vicia* L. türlerine ait filogenetik ilişkiyi gösteren filogenetik ağaç. (Maksimum Likelihood yöntemi ve GTR+G modeli kullanılarak çıkarılmıştır. Bootstrap değerleri 1000 tekrarlı olup yanlarında gösterilmiştir.)

ITS bölgelerinin avantajlı özellikleri, onları DNA barkodlamada, özellikle nesli tükenmekte olan türlerin korunmasında tür tanımlaması için değerli hale getirmiştir (Kress ve ark., 2005, Kress, 2017, Chen ve ark., 2010, China Plant BOL Çalışma Grubu, 2011; Zhang ve Jiang, 2020). Bu nedenle, moleküler filogenetik analizin morfolojik özelliklerin yanına dahil edilmesi, türleşmeye yönelik araştırmalar için kesin bilgiler sunabilir. Çalışmanın sonuçları değerlendirildiğinde özellikle yetiştiriciliği yapılan *Vicia* türlerin, birbirleriyle moleküler ilişkilerinin yakın olması hem ekonomik hem de ekolojik açıdan değerli yeni tür oluşturulması açısından destekleyici olmaktadır

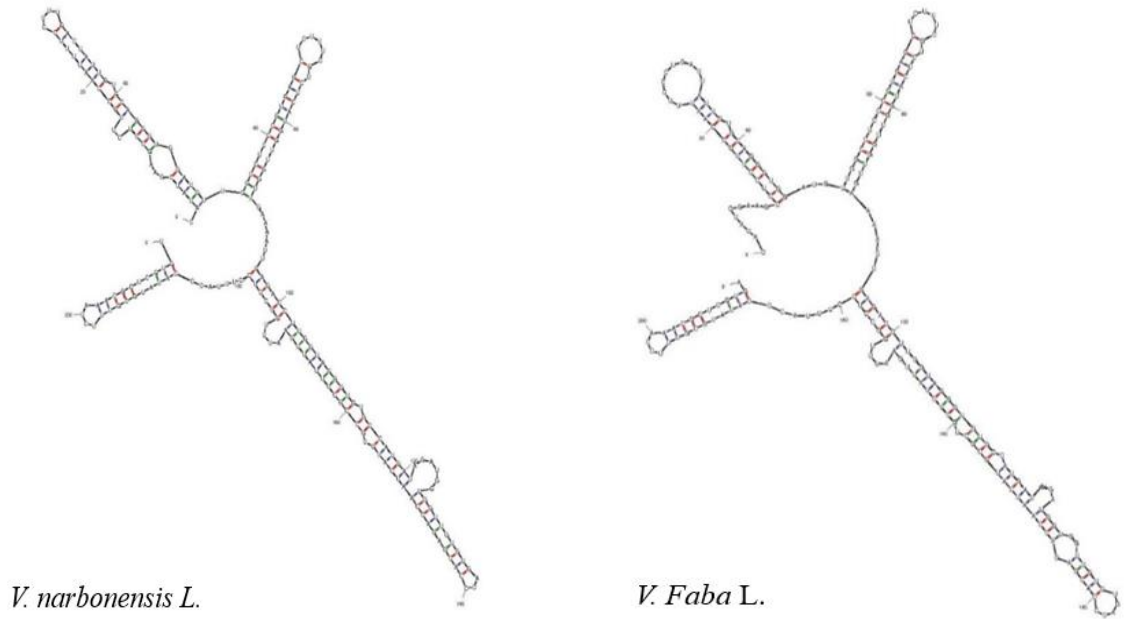
Literatürde Avcı (2008) ve Kaplan (2014) yaptığı çalışmalarda kullandıkları ITS gen bölgesi ile *Vicia* türlerinde yaptıkları çalışmaların sonuçlarına bakıldığında morfolojik verilerle paralel sonuçlar elde etmişlerdir. Hatta Kaplan (2014) çalışmasında bölgede yayılış gösteren ve hayvancılıkta büyük öneme sahip 2 *Vicia* türünü literatüre kazandırmış ve yeni tür olarak kayıt altına almıştır. Elde edilen veriler biyoinformatik ve filogenetik programlar kullanılarak klasik taksonomi verileri ile karşılaştırılmıştır. Moleküler çalışmalarda sonucunda ITS gen bölgesi ile oluşturulan ağaçların diğer işaret bölgelere göre daha güvenilir sonuçlar verdiği kaydedilmiştir. Yapılan bu çalışmamızda da sonuçlarımız Kaplan (2014)'nın yaptığı çalışmayı desteklemekte ve moleküler veri oluşturmada özellikle ITS gen bölgesinin türler arası akrabalık ilişkilerini net bir şekilde ortaya koymaktadır.

Bosmali ve ark. (2022), Avrasya kökenli 71 *Vicia* örneğini tanımlamak amacıyla yaptıkları çalışmada kullandıkları farklı gen bölgelerinden elde ettikleri sonuçlara göre *Vicia* taksonlarının moleküler verilerle ayırımını en iyi ITS gen bölgesi ile yaptığını ve doğru bir tanımlama için DNA barkod bölgelerinin ITS de içeren farklı gen bölgeleri ile kombinasyonunun gerekli olduğu çıkarımını yapmışlardır. Yapılan bu çalışma ile de ITS gen bölgesinin doğal yayılış gösteren türler üzerinde çalışılacak güvenilir bir bölge olduğunu desteklenmiştir.

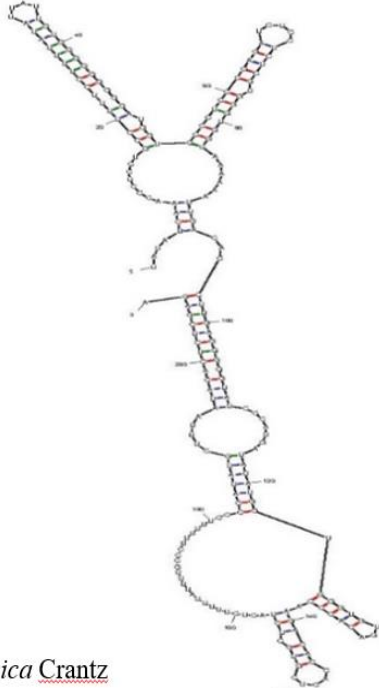
Wu ve ark. (2020) ile Han ve ark. (2021) 'nın yine farklı *Vicia* türlerinin doğru ve etkili tanımlanması amacıyla yapılan çalışmalarda trnH-psbA bölgeleri en yüksek polimorfizme, türler arası ve tür içi mesafeye sahipken, ITS gen bölgelerinin ağaçlandırma analizlerinde iyi bir tanımlama aracı olduğu ortaya çıkarılmıştır. Özellikle ITS2 gen bölgesi 19 taksonun 12'sinde barkod bölgeleri arasında tür içi değişkenliği olmadığı halde en iyi filogenetik ayırımı ortaya çıkarmıştır. Yapılan çalışmalar tezde kullanılan gen bölgesinin literatürde de en güvenilir bölge olduğunu göstermektedir.

Karaman ve ark. (2022) yaptıkları biyoçeşitlilik çalışmasında yine Fabaceae familyasında yer alan *Astragalus* L. cinsinde yaptıkları yeni tür teşhisi çalışmasında ITS gen bölgesini kullanarak seksiyonlar arasındaki filogenetik ilişkiyi belirlemişler ve yeni tür isimlendirmesi yapmışlardır. Çalışmada moleküler verilerin özellikle ITS kodlanmayan rDNA bölgesinin bu gibi yeni tür teşhislerinde oldukça önemli bir yere sahip olduğu gözlemlenmiştir. Yapılan bu çalışmada da aynı familyaya ait *Vicia* cinsinde ITS gen bölgesi türler arası ayırımı oldukça önemli bilgiler vermekte ve sonuçlar morfolojik ayırımla paralellik göstermektedir.

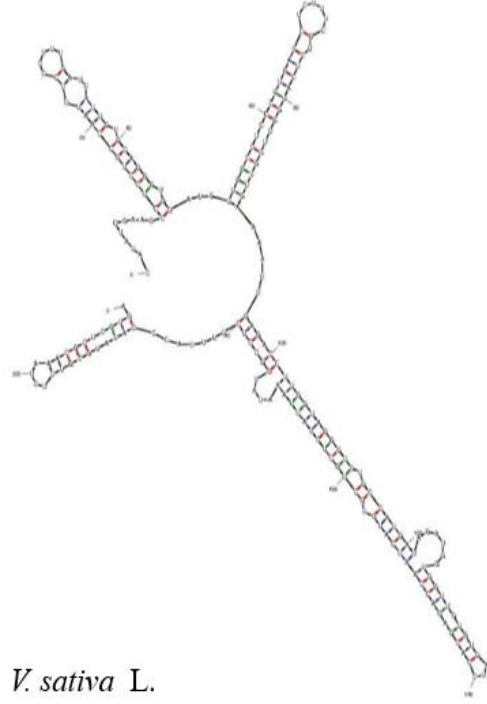
Çalışmada kullanılan gen bölgesi içerisinde özellikli bir yere sahip olan ITS2 bölgesine ait sekanslarla çizdirilen sekonder yapılar (Şekil 4.6) göstermektedir ki dizi üzerinde yer alan ikincil yapıyı oluşturan bazlar türlere göre farklılıklarla 2 boyutlu yapıyı oluşturmaktadırlar. 4 farklı heliks ve farklı motiflerle türler arasındaki benzerlik ve farklılıklar kolaylıkla seçilmektedir. Ayrıca oluşturulan ikincil yapıya ait şekillerin enerji düzeyleri de göstermektedir ki, farklı türlere ait yapılar farklı enerji düzeylerine sahiptir.



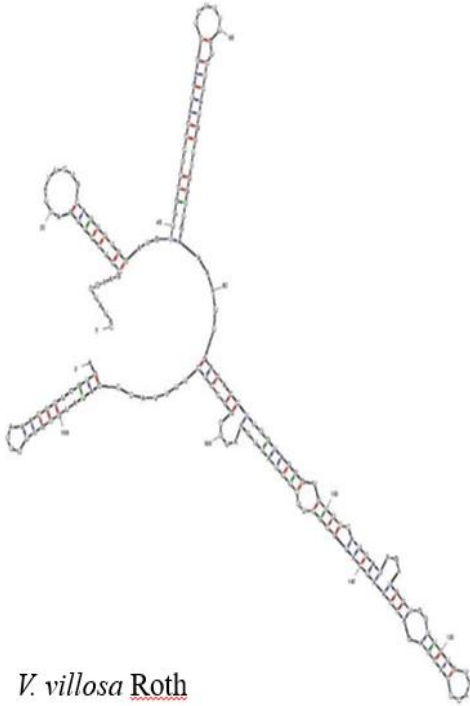
**Şekil 4.6.** Çalışılan *Vicia* L. türlerine ait mFold programında çizdirilen ITS2 ikincil yapılar.



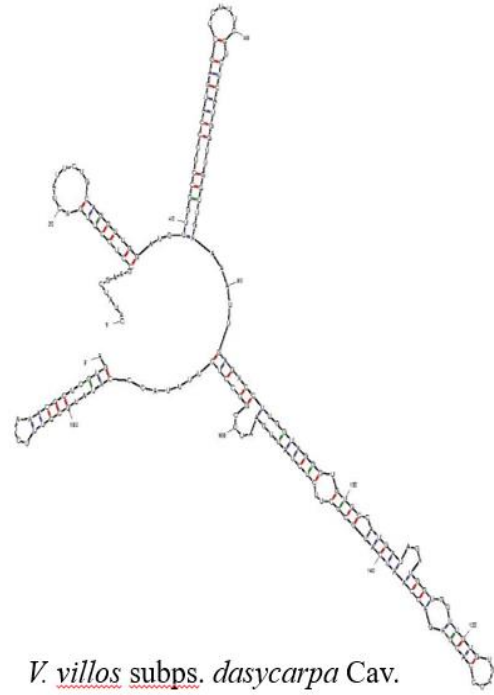
*V. pammonica* Crantz



*V. sativa* L.



*V. villosa* Roth



*V. villos* subsp. dasycarpa Cav.

**Şekil 4.6 (Devamı).** Çalışılan *Vicia* L. türlerine ait mFold programında çizdirilen ITS2 ikincil yapılar.

ITS 2 bölgesi özellikle bitkiler aleminde taksonomik çalışmalarda son yıllarda keşfedilmiş önemli bir barkod bölgesi olarak karşımıza çıkmaktadır. Çalışmada kullanılan *Vicia* cinsine ait türlerde bu barkod bölgesi morfolojik karakterlerin kullanıldığı sistematik sınıflandırma kategorilerine destek vermektedir. Han ve ark. (2021) yaptıkları çalışmada kullandıkları bölgelerden en informatif olanının ITS2 bölgesi olduğunu belirtmeleri, bu çalışmada seçilen bölgenin güvenilirliğini desteklemektedir. Özellikle ikincil yapıda elde edilen tahminlerdeki çizimlerde tür bazındaki farklılıklar oldukça belirgin olarak görülmektedir (Şekil 4.6).

Her ne kadar bitkiler aleminde küçük bir bölge olsa da (200-230bp) ITS 2 bölgesi tüm familyalarda DNA barkod bölgesi olarak sıklıkla kullanılmaktadır. Özellikle tür içi ve aynı cinse ait türler arası ayırma kısa ve kolay amlifiye olması sebebiyle çalışmalarda tercih edilen gen bölgelerinden biri olmuştur. Elbette bu tercih sebeplerinden birisi de görselleştirilebilir olmasıdır. Programlar yardımıyla ITS2 gen bölgesi 2 boyutlu şekillendirilebilmesi ile görsel açıdan da ayrımları göstermekte ve morfo moleküler veri olarak çalışmalara destek vermektedir. Ateş ve ark. (2022) sundukları çalışmada ITS2 bölgesinin hem alt kategori hem de üst kategoride türler arası ayrımlarda oldukça doğru sonuçlar vererek taksonomiye katkı sağladıklarını belirtmişlerdir. Yine çalışmamızda verilen ITS2 analizleri de Ateş ve ark. (2022) destekler nitelikte filogenetik ilişkileri göstermektedir.

ITS 2 bölgesinin program tarafından çizdirilen kısımlarındaki heliksler, halkasal yapılar biyoinformatikte ikincil yapılar hesaplanırken bir enerji oluşturmaktadır. Bu enerji  $\Delta G$  olarak (Gibbs Free Energy) olarak isimlendirilmekte ve her bir türde farklı nükleotid yapıları sebebiyle farklı olmaktadır. Bu enerji yapıları çalışmada kullanılan her bir sekans için mFold programında ayrı ayrı hesaplatılmıştır (Tablo 4.4)

**Tablo 4.4.** Çalışılan 6 farklı türe ait  $\Delta G$  değerleri

Tür ismi	$\Delta G$
<i>V.villosa</i>	-62.60
<i>V.villosa subsp. dasycarpa</i>	-62.00
<i>V.annonica</i>	-50.88
<i>V.sativa</i>	-59.70
<i>V.narbonensis</i>	-55.40
<i>V.faba</i>	-68.90

ITS2 bölgesi rDNA'da olması sebebiyle sadece bitkilerde değil birçok organizmada taksonomik tür teşhislerinde moleküler veri olarak kullanılmaktadır. Sümer Ercan ve ark. (2022) yaptıkları çalışmada bu metodu kullanarak farklı türlere ait *Trichogramma* (Hymenoptera: Trichogrammatidae)'lardaki ITS2 bölgesinin sekonder yapısını da göz önüne alarak tür çeşitliliğinin tespitindeki farklılıkları ortaya koymuşlardır. Yine Ateş ve Karaman (2021) yılında sundukları bir çalışmada *Lathyrus* L. cinsine ait türlerin moleküler filogenetik tanımlamalarında ITS2 bölgesinin sekonder yapısının nasıl kullanıldığını göstermişlerdir. Yapılan bu çalışmamızda da kullanılan farklı *Vicia* L. cinsine ait türlerde ITS2 sekonder yapısının tahmini çizimleri ve bu tahminlerin enerji değerleri moleküler verilerle tür ayırt etmede oldukça güvenilir sonuçlar verdiğini göstermiştir.



## 5 . SONUÇ VE ÖNERİLER

Bitkiler de filogenetik analizler genellikle genetik, evrim, filogeni, ataların belirlenmesi ve taksonomi oluşturma çalışmalarının yanında yaygın olarak bitki ıslahı araştırmalarında kullanılmaktadır. Filogeni çalışmalarının birincil amaçları farklı bölgelerde yetişen ve farklı koşullara adapte olmuş türlerin akrabalık ilişkilerini, yakınlık derecelerini anlamak, yeni tür oluşturma ve bitki ıslahı çalışmalarına destek sağlamaktır. Özellikle DNA barkodlama, bitkileri hem korumak hem de kullanmak için doğru tür tanımlaması ihtiyacının bir sonucu olarak ortaya çıkmıştır. DNA barkodu ile elde edilen genetik diziler, hem filogenetik topluluk ekolojisinde kullanılmak üzere hem de moleküler çalışmalarla morfolojik çalışmaları birbirlerini desteklenmesi için önemli olmaktadır. ITS gen bölgesi ise kodlanmayan bölge olması ve ribozomal sistronlar da bulunması ile diğer gen bölgelerine kıyasla moleküler çalışmalarda sıklıkla kullanılmaktadır. Bölge özellikle moleküler sistematik çalışmalarda avantajları sebebiyle bilim insanlarına önemli veriler sağlamaktadır. Bu bölgeye ek olarak yapılan çalışmalarda son yıllarda ITS2 bölgesinin polimorfizm oranının daha yüksek olduğunun keşfedilmesi ile ayrıca da ITS2 bölgesinin ikincil yapısının yeni algoritmalarla tahmin edilmesi ile de bu bölge tıpkı morfolojik bir karakter gibi moleküler verilerin yansımaları sağlamaktadır. Bu da bilim insanlarına görsel bir veri oluşturarak sonuçların daha detaylı incelenmesi konusunda yardımcı olmaktadır.

Bu çalışmanın sonucu ile elde edilen bilgilerin, *Vicia L.* cinsine ait farklı türlerle filogenetik açıdan yapılacak araştırmalara ve *Vicia* türlerinin iyileştirilme süreçlerine yarar sağlayacağını öngörmekteyiz. Yeryüzünde doğal yayılım gösteren türler, farklı araştırma konuları için gen kaynağı potansiyeli göstermektedir. *Vicia* türlerinin doğada göstermiş oldukları adaptasyon, kolay çoğalışları ile çoğu zaman istilacı tür olmaları, *Vicia* türlerinin farklı tür içi oluşum göstermeleri onların biyoçeşitlilik konusunda önemli bir yere sahip olmalarını sağlamaktadır.

*Vicia L.* cinsine ait türler morfolojik açıdan birbirlerine çok benzemeleri ile morfolojik verilere dayalı sistematik çalışmalarda bu türlerin ayrımı her zaman problemli olmuştur. Özellikle de istilacı tür olmaları kolaylıkla üreyebilmeleri bu cinsin tayin ve teşhisini zorlaştırmaktadır. Bu sebeple de birçok yeni tür olarak ilan edilen türler ya da alt türler sinonime düşmektedir. Yine morfolojik olarak birbirlerine çok benzeyen cinse ait türler seksiyon ayrımlarında yanıltıcı olabilmektedirler. Bu sebepten moleküler açıdan yapılan değerlendirmeler morfolojik çalışmaların önünü açmakta ve yeni tür teşhisi veya

seksiyon belirleme, tayin anahtarını oluřturma ařamalarında klasik sistematik alıřmalarına destek olmaktadır.

Ayrıca yem bitkisi olarak ekonomik neme sahip *Vicia L.* trlerinin molekler alıřmalarından elde edilen veriler bu trlerin geliřtirilmesi ve dnya apında besin deęeri yksek yeni tr ve eřit geliřtirilmesi iin nem arz etmektedir. Genetik olarak yakın trlerin ıřlah alıřmalarında daha iyi sonular vereceęi bilinmektedir. Dnya da yetiřen *Vicia* trleri ile lkemizde yetiřtiricilięi yapılan nemli bazı *Vicia* trlerinin filogenetik zelliklerini bu alıřma ile belirlenmesi alıřmanın hipotezini oluřturmaktadır ki ileriki alıřmalarda tm lkede doęal yayılıř gsteren trlerin de alıřmaya dahil edilmesi ile ekonomik neme sahip trlerin DNA barkodları farklı blgelerle de yapılarak lkemiz biyoeřitlilięine katkı saęlanacak, yapılacak filogenetik, ıřlah vb. gibi alıřmalara destek verebileceęi konusu alıřmanın bilime katkısını ortaya koymaktadır.

lkemizde yetiřtiricilięi yapılan trler ile dnya zerinde alıřılan ve yetiřtiricilięi yapılan bazı *Vicia L.* trlerinin birbirleriyle akrabalık iliřkilerinin olması bu alıřmanın srdrlebilirlięini bizlere gstermiř, doęada kendilięinden yetiřen dięer trlerin bu tr filogenetik akrabalık alıřmalarına eklenerek, yeryznde yetiřen dięer trlerle iliřkilerinin tespitinin hızlandırılıp hem morfolojik teřhis alıřmalarında hem de ıřlah alıřmalarında kullanılmasının lkemiz biyoeřitlilięine katkı saęlayacaęı ngrlmřtr.

## 6 . KAYNAKLAR

- Abbasi, A. R., Sarvestani, R., Mohammadi, B., Bagheri, A. (2014). Drought Stress-Induced Changes At Physiological And Biochemical Levels İn Some Common Vetch (*Vicia Sativa L.*) Genotypes, *Journal Of Agricultural Science And Technology*, 505-516.
- Aldırmaz, S. (2022). Fiğler. Slide Player: [https://Slideplayer.Biz.Tr/Slide/18134828/slayt no 5](https://Slideplayer.Biz.Tr/Slide/18134828/slayt%20no%205). Erişim 2024.
- Altındal, D. ve Akgün, İ. (2015). Bitki Genetik Kaynakları Ve Tahıllardaki Durumu, *Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 147-153.
- Al-Yassiry, Z. A., Alsaffar, M. F., Obaid, A. J., Jameel, Z. İ. (2023). Genetic Diversity And Relationship Among (*Vicia Faba L.*) Using Sscp PCR Sequencing Techniques, *Journal Of Survey İn Fisheries Sciences*, 800-808.
- Arslan, E., Ertuğrul, K., Öztürk, A. B. (2012). Karyological Studies Of Some Species Of The Genus *Vicia L.* (Leguminosae) İn Turkey, *Caryologia: International Journal Of Cytology, Cytosystematics And Cytogenetics*, 106-113.
- Ateş, M. A. ve Karaman Erkul, S. (2021). Using ITS2 secondary structure form to evaluate genetic differences of *Lathyrus L.* genus from middle Anatolia of Turkey. In *7th International Mardin Artuklu Scientific Researches Conference. Mardin, Türkiye*.
- Ateş, M. A., Acar, P., Karaman, S., Mavi İdman, D. Ö., Körüklü, S. T. and Bani, B. (2022). Secondary Structure Form of ITS2 Region: A Significant Labeling Tool at all Taxonomic Levels. *Biodiversity Studies (BiSt)*, 1(2), 37-43.
- Avcı, H. Y. (2018). Trakya'da Yayılış Gösteren Bazı *Vicia L.* (Fabaceae) Taksonlarının Morfolojik Özellikleri ve DNA Sekans Yöntemiyle Moleküler Filogenetik Özelliklerinin Belirlenmesi. Yayınlanmış Yüksek Lisans Tezi, Trakya Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı <https://dspace.trakya.edu.tr/xmlui/bitstream/handle/trakya/3168/0160205.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Aydın, S. Ö. ve Köçkar, F. (2008). Farklı Genomik Dna İzolasyon Yöntemlerinin, *Balıkesir Üniversitesi Fen Edebiyat Fakülte Dergisi*, 52-60.
- Aydınoğlu, B., Karaca, M., Çakmakçı, S., İnce, A. G., Elmasulu, S. Y. (2005). Dna Minisatellit Markırlarından Yararlanılarak Fiğde (*Vicia Sativa L.*) Tane Veriminin

- Önceden Belirlenmesi Olanakları, *Akdeniz Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 169-174.
- Başaran, U., Acar, Z., Mut, H., Aşçı, Ö. Ö. (2006). Doğal Olarak Yetişen Bazı Baklagil Yembitkilerinin Bazı Morfolojik Ve Tarımsal Özellikleri, *Ondokuz Mayıs Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 314-317.
- Başbağ, M., Hoşgören, H., Aydın, A. (2013). Vicia Taxa In The Flora Of Turkey, *Anadolu Tarım Bilim Dergisi*, 59-66.
- Beyazbenli, Ş., Dural, H., Arslan, E., Ertuğrul, K. (2006). Konya Bölgesindeki Bazı Vicia L. (Leguminosae) Türlerinin Tohum Protein Profillerinin Sds-Page Yöntemi İle Belirlenmesi, *Selçuk Üniversitesi Fen Edebiyat Fakültesi Fen Dergisi*, 125-130.
- Bizim Bitkiler (2012). *Vicia L. türleri hiyerarşik listesi*. <https://bizimbitkiler.org.tr/v2/index.php> Erişim Tarihi: 25 Haziran 2024
- Bosmali, I., Lagiotis, G., Haider, N., Osathanunkul, M., Biliaderis, C., Madesis, P. (2022). DNA-based identification of Eurasian Vicia species using chloroplast and nuclear DNA barcodes. *Plants*, 11(7), 947.
- Bozkurt, M., Ertuğrul, K., Uysal, T. (2013). The Determination Of Genetic Relationships Among Some Vicia L. (Vetch) Taxa By Using Issr Markers. *Biological Diversity And Conservation*, 135-139.
- Chen, S., Yao, H., Han, J., Liu, C., Song, J., Shi, L., ... Leon, C. (2010). Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PloS one*, 5(1), e8613.
- China Plant BOL Group 1, Li, D. Z., Gao, L. M., Li, H. T., Wang, H., Ge, X. J., ... Duan, G. W. (2011). Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 108(49), 19641-19646.
- Coleman, A.W. (2007). Pan-eukaryote ITS2 homologies revealed by RNA secondary structure. *Nucleic Acids Res* 35(10):3322–3329
- Dane, F. ve Meriç, Ç. (1999). Vicia L.Nin Üreme Biyoloji I. Polen Morfolojisi, *Tübitak Dergisi*, 55-68.
- Deveci, S. (2022). Trakya Bölgesi Doğal Florasında Bulunan Bazı Yabani Fiğ (Vicia Sp.) Türlerinin Kromozom Sayıları ve Karyotip Karakterizasyonunun Belirlenmesi Yayınlanmış Yüksek Lisans Tezi, Tekirdağ Namık Kemal Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

- <https://acikerisim.nku.edu.tr/xmlui/bitstream/handle/20.500.11776/11602/760092.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Duc, G., Bao, S., Baum, M., Redden, B., Sadiki, M., Suso, M. J., . . . Zong, X. (2010). Diversity Maintenance And Use Of *Vicia Faba* L, *Genetic Resources. Field Crops Research*, 270-278.
- Dumanođlu, Z., aan, E., Kkten, K. (2022). Yayın Fiđ (Vicia Sativa L.) Tohumlarına Ait Bazı Morfolojik Ve Fizyolojik zelliklerinin Belirlenmesi zerine Bir Arařtırma, *Mas Journal Of Applied Sciences*, 41-47.
- Erdurmuř, C., Kiremiti, S., kten, M. (2018). Dođal Floradan Toplanan Bazı Fiđ Trlerinin (*Vicia* Sp.) Morfolojik zellikleri, *Mediterranean*, 289-294.
- Fiđler. (2007). Slide Share: <https://www.slideshare.net/Ekrem118/5-Adi-Fi>
- Gedik, O., Kırın, Y., řahin, A. (2013). *Vicia* L. Cinsine Ait Bazı Taksonların Karyolojik Ynden Arařtırılması, *Beu Fen Bilimleri Dergisi*, 12-20.
- Geren, H., Alan, . (2005). demiř Kořullarında Yetiřtirilen Bazı Bakla (*Vicia Faba* Var. Major) eitlerinin Hasıl Verimi Ve Diđer Bazı zellikleri zerinde Bir Arařtırma, *Ege niversitesi Ziraat Fakltesi Dergisi*, 59-66.
- Global Biodiversity Information Facility. (2024). *Vicia Sativa* L.: <https://www.gbif.org/species/2975014>
- Gzen, B. G. (2012). İstanbul evresinin Burak (*Vicia* L.) (Seksiyonlar: *Ervum* ve *Cracca*) Taksonları zerinde Karpolojik ve Mikromorfolojik Arařtırmalar. Yayınlanmış Yksek Lisans Tezi, İstanbul niversitesi Fen Bilimleri Enstits Biyoloji Anabilim Dalı <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezDetay.jsp?id=32Tx1ZM2uKPWMQrgF8vjUw&no=axo7-UPUgbZdqAYC0L2RYQ>
- Haider, N., Nabulsı, I., Miralı, N. (2012). Identifi Cation Of Species Of *Vicia* Subgenus *Vicia* (Fabaceae) Using Chloroplast Dna Data, *Tbitak Dergisi*, 297-308.
- Han, S., Sebastin, R., Wang, X., Lee, K. J., Cho, G. T., Hyun, D. Y., Chung, J. W. (2021). Identification of *Vicia* species native to South Korea using molecular and morphological characteristics. *Frontiers in Plant Science*, 12, 608559.
- Hiywotu, A. M., Abate, A., Worede, F., Marefia, A. (2022). Genetic Variability In Ethiopian Faba Bean (*Vicia Faba* L.) Accessions, *Cogent Food and Agriculture*, 1-15.
- Hou, W., Zhang, X., Liu, Y., Liu, Y., Feng, B. L. (2022). Rna-Seq And Genetic Diversity Analysis Of Faba Bean (*Vicia Faba* L.) Varieties In China, *Peer J*, 2-27.

- Hsiao, C., Chatterton, N.J., Asay, K.H., Jensen, K.B. (1995). Molecular phylogeny of the Pooideae (Poaceae) based on nuclear rDNA (ITS) sequences, *Theoretical Applied Genetics* 90 (3-4), 389-398. doi: 10.1007/BF00221981
- Ismael, B.F.I. (2023) Determination Of Genetic Relationship Using Rapd Marker In Some Species Of Astragalus L. (Fabaceae) From Iraq. Yayınlanmış Yüksek Lisans Tezi, Çankırı Karatekin Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı <https://tez.yok.gov.tr/UlusalTezMerkezi/tezSorguSonucYeni.jsp>
- Issolah, R., Sebkhı, Z., Bouzıane, Z. (2022). Ecological Characterization Of Natural Habitats Of Some Vicia L. Species (Fabaceae) In Northeastern Algeria, *Pakistan Journal Of Botany*, 2253-2261.
- İlhan, D. (2017). Bitki Biyoteknolojisinde Genetik Kaynakların Önemi, Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 134-144.
- Kahraman, A., Binzat, O. K., Musa, D. (2013). Pollen Morphology Of Some Taxa Of Vicia L. Subgenus Vicia (Fabaceae) From Turkey, *Plant Syst Evol*, 1749-1760.
- Kamel, E. (1999). Karyological Studies On Some Taxa Of The Genus Vicia L. (Fabaceae), *Cytologia* , 441-448.
- Kaplan, A. (2014) Güneydoğu Anadolu Bölgesinde Yetişen Vicia L. (Fabaceae) Cinsinin Morfolojik ve Moleküler Revizyonu. Yayınlanmış Doktora Tezi, Dicle Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoloji Anabilim Dalı <https://acikerisim.dicle.edu.tr/xmlui/bitstream/handle/11468/7082/G%C3%BCneydo%C4%9Fu%20Anadolu%20b%C3%B6lgesinde%20yeti%C5%9Fen%20Vicia%20L.%20%28Fabaceae%29%20cinsinin%20morfolojik%20ve%20molek%C3%BCler%20revizyonu.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Kaplan, A., Ertekin, A., Gündüzer, E. (2021). Molecular Phylogenetic Analysis Of Vicia L. (Fabaceae) Taxa Growing İn The Southeastern Anatolia Region Of Turkey:Based On İnternal Transcribed Spacer (Its), *Turkish Journal Of Agriculture - Food Science And Technology*, 1831-1839.
- Karaman Erkul, S., Duman, H., Ateş, M. A. (2022). Astragalus oksutdagensis (Fabaceae), a new species from Turkey. *Nordic Journal of Botany*, 2022(3).
- Kirk, W. D. (2004). Faba Bean: *Vicia faba*. *Bee Word*, 60-62.
- Kocaeli Bitkileri. <https://kocaelibitkileri.com/wp-content/uploads/1753/03/Vicia-sativa-standart-1-scaled.jpg> . Erişim tarihi: Haziran 2024.
- Köse, M., Kardeş, Y. M. (2021). Baklanın (Vicia Faba L.) Besinsel İçeriği Ve Tıbbi Açından Yararları, *Iğdır Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 2371-2379.

- Kress, W.J. (2017). Plant DNA barcodes: Applications today and in the future. *Journal of Systematic and Evolution* 55 (4): 291-307. doi: 10.1111/jse.12254
- Kress, W.J., Wurdack, K.J., Zimmer, E.A., Weigt, L.A., Hanzen, D.H. (2005). Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102 (23): 8369-8374. doi: 10.1073/pnas.0503123102
- Ma, L., Wang, X., Yan, M., Liu, F., Zhang, S., Wang, X. (2022). Genome Survey Sequencing Of Common Vetch (*Vicia Sativa* L.) And Genetic Diversity Analysis Of Chinese Germplasm With Genomicssr Markers, *Molecular Biology Reports*, 313-320
- Ma, L., Wang, X., Yan, M., Liu, F., Wang, X. (2021, 26). Genome Survey Sequencing Of Common Vetch(*Vicia Sativa* L.) And Genetic Diversity Analysis Ofchinese Germplasm With Genomic Ssr Markers, *Molecular Biology Reports*, 313-320
- Maalouf, F., Hu, J., O'sullivan, D. M., Zong, X., Hamwieh, A., Kumar, S., Baum, M. (2017). Breeding And Genomics Status İn Faba Bean (*Vicia Faba*), *Plant Breeding Wiley*, 465-473.
- Mishra, U. K., Tripathi, R., Op Verma, A. S., Brijeshmaurya, Patel, A. (2021). Studies On Genetic Variability, Heritability And Geneticadvance For Quantitative Traits İn Faba Bean (*Vicia faba* L.), *The Pharma Innovation Journal*, 1238-1240.
- Okumuş, A., Gülümser, A. (2004). Determination Of Genetic Diversity In Some Vetches (*Vicia* Spp.) By Seed Proteins, *International Journal Of Biology And Biotechnology*, 1-3.
- Oliveira, H. R., Tomás, D., Silva, M., Lopes, S., Viegas, W., Veloso, M. M. (2016). Genetic Diversity And Population Structure İn *Vicia Faba* L. Landraces And Wild Related Species Assessed By Nuclear Ssrs, *Plos One*, 1-18.
- Orak, A., Şen, C., Nizam, İ., Güler, N., Ersoy, H., Tenikecier, H. S., Salık, V., Demirkan, A. K. (2015). Trakya Bölgesi Doğal Florasında Bulunan Fiğ (*Vicia* Sp.) Türlerinin Belirlenmesi, *Research Gate*: [https://www.researchgate.net/publication/287197304\\_Trakya\\_Bolgesi\\_Dogal\\_Florasinda\\_Bulunan\\_Fig\\_Vicia\\_sp\\_Turlerinin\\_Belirlenmesi\\_Toplanmasi\\_Karakterizasyonu\\_ve\\_Degerlendirilmesi\\_Determination\\_Collecting\\_Characterization\\_and\\_Evaluation\\_of\\_Vetch\\_Vicia\\_sp](https://www.researchgate.net/publication/287197304_Trakya_Bolgesi_Dogal_Florasinda_Bulunan_Fig_Vicia_sp_Turlerinin_Belirlenmesi_Toplanmasi_Karakterizasyonu_ve_Degerlendirilmesi_Determination_Collecting_Characterization_and_Evaluation_of_Vetch_Vicia_sp) Erişim Tarihi: Eylül 2015

- Ozpinar, S., Baytekin, H. (2006). Effects Of Tillage On Biomass, Roots, N-Accumulation Of Vetch (*Vicia Sativa L.*) On A Clay Loam Soil In Semi-Arid Conditions, *Field Crops Research*, 235-242.
- Özkan, U. (2020). Türkiye Yem Bitkileri Tarımına Karşılaştırmalı Genel Bakış Ve Değerlendirme, *Turkish Journal Of Agricultural Engineering Research (Turkager)*, 29-43.
- Özpinar, H., İnal, F. N., Ay, E., Acar, A. A., Sabancı, C. O. (2017). Türkiye Yem Bitkileri Genetik Kaynakları, *Anadolu Ege Tarımsal Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 51-55.
- Öztürk, A. B. (2009). Bazı *Vicia L.* türleri üzerine karyolojik çalışma.
- Polat, N. (2017). Biyoçeşitlilik Ve Önemi. C. Yılmaz İçinde, Terme'nin Biyoçeşitlilik Ve Doğal Ortam Özellikleri (S. 1-10). Samsun.
- Prabhu, S., Rajeswari, D. (2018). Nutritional And Biological Properties Of *Vicia Faba L.*: A Perspective Review, *International Food Research Journal*, 1332-1340.
- Raveendar, S., Lee, J.R., Park, J.W., Lee, G.A., Jeon, Y.A., Lee, Y. J., . . . Chung, J.W. (2015). Potential Use Of Its2 And Matk As A Two-Locus Dna Barcode For Identification Of *Vicia* Species, *Plant Breeding And Biotechnology*, 58-66.
- Sümer Ercan, F., Ateş, M. A., Öztemiz, S. (2022). rDNA-ITS2 characterization of *Trichogramma* species (Hymenoptera: Trichogrammatidae) in Turkey. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 32(1), 50.
- Tamkoç, A., Avcı, M. A. (2004). Doğal Vejetasyondan Seçilen Adi Fiğ (*Vicia Sativa L.*) Hatları Arasındaki Bazı Farklılıkların Belirlenmesi, *Selçuk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 114-117.
- Tan, M. (2018, 02). Fiğ Tarımı. Atatürk University: <https://Tarim.Atauni.Edu.Tr/Wp-Content/Uploads/2018/02/Fi%C4%9f-Tar%C4%B1m%C4%B1.Pdf>
- Telford MJ, Wise MJ, Gowri-Shankar V (2005) Consideration of RNA secondary structure significantly improves likelihood-based estimates of phylogeny: examples from the Bilateria. *Mol Biol Evol* 22(4):1129–1136
- Zhang W, Yuan Y, Yang S, Huang J, Huang L (2015) ITS2 secondary structure improves discrimination between medicinal “Mu Tong” species when using DNA barcoding. *PLoS ONE* 10(7):e0131185. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0131185>
- Turan, N., Özyazıcı, M. A., Açıkbaş, S., Seydoşoğlu, S. (2018). Fiğ (*Vicia Sp.*) Cinslerine Ait Genotiplerin Bazı Makro, III. Uluslararası Mesleki Ve Teknik Bilimler Kongresi, (S. 3705-3712). Gaziantep.



- Turgut, L., Yanar, M., Kaya, A., Tan, M. (2006). Farklı Olgunluk Dönemlerinde Hasat Edilen Bazı Fiğ Türlerinin Ham Besin Maddeleri İçeriği Ve Bunların İn Situ Rumen Parçalanabilirlikleri, *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 181-186.
- Wang, H. F., Zong, X. X., Guan, J. P., Yang, T., Sun, X. L., Ma, Y., Redden, R. (2012). Genetic Diversity And Relationship Of Global Faba Bean (*Vicia Faba L.*) Germplasm Revealed By Issr Markers, *Theor Appl Genet*, 789-797.
- Wu, F. F., Gao, Q., Liu, F., Wang, Z., Wang, J. L., Wang, X. G. (2020). DNA barcoding evaluation of *Vicia* (Fabaceae): Comparative efficacy of six universal barcode loci on abundant species. *Journal of Systematics and Evolution*, 58(1), 77-88.
- Yazıcılar, B., Bezirganoğlu, İ. (2021). Assessment Of Genetic Diversity Among *Vicia Sativa L.* Cultivars By Total Protein Profile, Cytological Analysis And Molecular Characterization, *Euroasia Journal Of Mathematics, Engineering, Natural and Medical Sciences International Indexed And Refereed*, 135-141.
- Yıldırım, C., Okumuş, O., Uzun, S., Turkey, Ş. N., Say, A., Bakır, M. (2022). Genetic Characterization Of Some Species Of Vetch (*Vicia L.*) Grown In Turkey With Ssr Markers, *Journal Of Agricultural Sciences*, 518-524.
- Yıldız, B., Aktoklu, E., (2012) Bitki Sistematigi (İlkin Karasal Bitkilerden Bir Çeneklilere) Ders kitabı, Palme Yayıncılık, 271-275
- Yıldız, H. K. (2014). Türkiye'den Bazı *Vicia L.* (Fabaceae) Taksonlarının Karyotip Analizleri. Yayınlanmış Yüksek Lisans Tezi, Necmettin Erbakan Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Moleküler Biyoloji Ve Genetik Anabilim Dalı <https://acikerisim.erbakan.edu.tr/server/api/core/bitstreams/2beeedd9-7100-41f1-acdb-0719c4303d89/content>
- Yıldızdoğan, Z., İkten, C., Mutlu, N., Tokel, C. (2016). Genetic Relationships Among The Genera *Cicer L.*, *Lathyrus L.*, *Lens Mill.*, And *Vicia L.*, Together With Similarity Of *Lens* Taxa Based On Morphological And Aflp Markers, *Tübitak*, 566-575.
- Yılmaz, A. (2021). Moleküler Markörlerin Bitki İslahındaki Önemi. Moleküler Markörlerin Bitki İslahındaki Önemi, (S. 30-35). Adana.
- Yorgancılar, M., Yakışır, E., Erkoyuncu, M. T. (2015). Moleküler Markörlerin Bitki İslahında Kullanımı, *Bahri Dağdaş Bitkisel Araştırma Dergisi*, 1-12.
- Zhang, D., Jiang, B. (2020). Species identification in complex groups of medicinal plants based on DNA barcoding: a case study on *Astragalus* spp. (Fabaceae) from southwest China. *Conservation Genetics Resources*, 12(3), 469-478.

Zhao, N., Xue, D., Miao, Y., Wang, Y. (2023). Construction Of A High-Density Genetic Map For Faba Bean (*Vicia Faba L.*) And Quantitative Trait Loci Mapping Of Seed-Related Traits, *Frontiers In Plant Science*  
<https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2023.1201103/full> Eriřim Tarihi: 7 Haziran 2023

## ÖZGEÇMİŞ

<b>Kişisel Bilgiler</b>	
<b>Adı Soyadı:</b>	Zeynep ÖZDOKUR
<b>Uyruğu:</b>	T.C.
<b>Orcid Numarası:</b>	0000-0002-5015-2809

<b>Eğitim Bilgileri</b>	
<b>Lisans</b>	
<b>Üniversite</b>	Kırşehir Ahi Evran
<b>Fakülte</b>	Ziraat
<b>Bölümü</b>	Tarımsal Biyoteknoloji
<b>Mezuniyet Yılı</b>	2019
<b>Yüksek Lisans</b>	
<b>Üniversite</b>	Kırşehir Ahi Evran
<b>Enstitü Adı</b>	Fen Bilimleri
<b>Anabilim Dalı</b>	Tarımsal Biyoteknoloji
<b>Mezuniyet Tarihi</b>	2024

<b>Tezden Üretilen Makaleler ve Bildiriler</b>
Özdokur, Z., Ateş, M. A., (2024). Molecular Phylogenetic Analysis Of Some Vech ( <i>Vicia</i> L.) Species Growing In Turkey And Comparison With Species In The World. 4. Uluslararası Ahi Evran Üniversitesi Bilimsel Araştırmalar Kongresi Kırşehir- Türkiye (sözlü sunum)