



Alınış tarihi (Received): 19.02.2019

Kabul tarihi (Accepted): 13.09.2019

Tarımsal Biyoteknolojide DNA Uygulamaları

Hülya KUDUĞ^{a,*}

^a Tokat Gaziosmanpaşa Üniversitesi, Mühendislik ve Doğa Bilimleri Fakültesi, Genetik ve Biyomühendislik Bölümü, 60250, Tokat.

* Sorumlu yazar e-posta: hulya.kudug@gop.edu.tr

ÖZET: Tarımsal üretimde geleneksel yöntemlerin yerini DNA temelli modern biyoteknolojik yöntemlerin alması dünyada hızla artan nüfusun ihtiyaçlarını karşılamak üzere önemli rol oynamaktadır. Bugüne kadar DNA teknolojisinin tarımsal üretimde uygulanması üzerine birçok çalışma yapılmıştır ve bu teknoloji moleküler biyolojideki gelişmeler ile sürekli olarak güncellenmektedir. DNA dizi bilgisinin kullanılması, gen aktivitesi, bitki yapısı ve mekanizması ile ilgili bitki özelliklerinin genom çapında analiz ile iyileştirilmesini mümkün kılmaktadır. Transgenik teknoloji, gen ekspresyon bilgisinin kullanımı ve DNA moleküler markörleri (işaretleyici) tarımda DNA uygulamalarının mevcut araçları olup tarımsal üretimde verimliliğin ve kalitenin artırılması, çeşitli stres faktörlerinin neden olduğu kayıpların azaltılması, germ plazma kaynağının kullanımının teşvik edilmesi, etkin üreme ve bitki büyümesinin düzenlenmesi amacıyla yaygın olarak kullanılmaktadır.

Anahtar Kelimeler – Tarım, DNA Teknolojisi, DNA Markörleri, Gen Ekspresyonu

DNA Applications in Agricultural Biotechnology

ABSTRACT: The adoption of DNA-based modern biotechnological methods to replace conventional methods in agricultural production plays an important role in meeting the rapidly growing population in the world. To date, many studies have been carried out on the application of DNA technology in agricultural production and these studies have been continuously updated with advances in molecular biology. Use of DNA sequence information makes it possible to improve the plant traits related to gene activity, plant architecture and mechanism by genome-wide analysis. Transgenic technology, gene expression information and DNA molecular markers are current tools of DNA applications, which have been widely used in agricultural production to improve quality and efficiency, reduce losses caused by various stress factors, promote the use of germ plasma sources and regulate effective reproduction and plant growth.

Keywords – Agriculture, DNA Technology, DNA Markers, Gene Expression

1. Giriş

Tarımda modern DNA tekniklerinin uygulanması verimliliğin artırılması, ürün kalitesinin geliştirilmesi, pestisit kullanımının azaltılması, toprak ve suyun tarımsal kirliliklerden korunması gibi farklı imkânlar sunmaktadır. Germ plazmasının genetik analizi, türlerin tanımlanması, büyüme durumunun genetik yapı ile ilişkilendirilmesi gibi DNA esaslı biyoteknolojik teknikler artan dünya nüfusu ile ortaya çıkabilecek gıda ihtiyacı, kirlilik gibi problemlerin önüne geçilmesi konusunda alternatif bilimsel bir çalışma alanıdır. Tarımsal biyoteknolojinin en önemli uygulamaları DNA markörlerinin kullanımı, gen ifadesi bilgisinin kullanımı ve transgenik ürünlerin geliştirilmesini kapsamaktadır.

2. DNA Markörlerinin Tarımsal Uygulamaları

Moleküler markör çalışmalarının 1980'li yıllarda Restriksiyon Parça Uzunluk Polimorfizmi (RFLP) ve Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PCR) teknikleri ile sınırlı olmasından dolayı RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA/Rastgele Çoğaltılmış DNA Polimorfizmi), SNP (Single Nucleotide Polymorphism/Tek Nükleotid Polimorfizmi), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism/Çoğaltılmış Parça Uzunluğu Polimorfizmi), SRAP (Sequence-Related Amplified Polymorphism/Dizi İle İlişkili Çoğaltılan Polimorfizm) gibi çok sayıda moleküler markör geliştirilmiştir. Yeni nesil moleküler markörler morfolojik, sitolojik ya da biyokimyasal işaretleyicilere kıyasla yüksek polimorfizm belirleme ve hızlı sonuç verme, çevresel koşullardan ya da bitki gelişimsel süreçlerinden etkilenmeme gibi avantajlara sahiptir. Bu nedenle evrimsel genetik çalışmalar, genetik çeşitlilik analizi, genetik haritalama, bitki gen kaynaklarının korunması, tarımsal açıdan önemli genlerin klonlanması ve markör destekli üreme çalışmalarında sıklıkla kullanılmaktadır (Fang ve ark., 2016).

2.1. Tohum Tanımlaması ve Tohum Saflığının Analizi

Bitki türlerinin tanımlaması ve tohum saflık testleri uzun yıllar önce fenotipik özelliklerine dayalı olarak gerçekleştirilmekteydi. Hızla artan ürün çeşitliliği ve bazı türler arasındaki yakın evrimsel ilişkiler, tür isimlerinin ve onların yerel isimlerinin karıştırılması gibi nedenler bitki kaynaklarının bir araya getirilmesi, sınıflandırılması ve korunmasını zorlaştırmaktadır. Geleneksel bitki çeşidi tanımlama tekniklerinin yetersizliği daha kararlı, basit ve doğru bir tekniğin geliştirilmesini gerekli kılmıştır. DNA moleküler markör teknolojisi, yüksek özgüllük, seçicilik, basitlik, doğruluk ve genetik kararlılığa sahip olma gibi avantajların yanında çevresel etkilerden bağımsız DNA düzeyindeki farklılıkları yansıtabilmektedir ve bu nedenle de tohum saflığının belirlenmesinde oldukça güvenilirdir. DNA moleküler markör teknolojisi, pirinç (*Oryza sativa*), buğday (*Triticum aestivum*), mısır (*Zea mays*), pamuk (*Gossypium hirsutum*), üzüm (*Vitis vinifera*) vb. bitki çeşitlerinin ve bu çeşitlerin tohum saflıklarının tanımlanmasında kullanılmıştır.

DNA markörlerinin kullanımı, DNA parmak izi bilgilerinin doğrudan kullanılarak kullanışlı bilgiye dönüştürülmesi ve farklı türlerin tanımlanması açısından önemlidir. İlk çalışmalarda mevcut teknolojinin yeterli olmaması ve DNA parmak izi bilgisine kolay erişilememesi tarımsal üretimde türlerin tanımlanması ile ilgili araştırmalarda kısıtlamalara neden olmuştur. Daha önceki çalışmalarda DNA markörleri ile tanımlama çalışmalarının sonuçları, elektroforez bantları bilgilerini taşıyan veritabanları ile ikili tablolar ve küme analizleri kullanılarak analiz edilmiştir, fakat elde edilen bilgiler oldukça soyut olmak ile birlikte sıradan bir kültürü tanımlamada kullanmak için zor bir yöntem olarak görülmektedir.

Son zamanlarda, manuel kültivar tanımlama şemasının (Manual Cultivar Identification Diagram-MCID) geliştirilmesi ve uygulanması ile (Nicolas ve ark., 2012; Zhang ve ark., 2012) DNA markörleri kültivar tanımlamada daha kullanışlı hale gelmiştir. MCID'de, DNA markör primer ve polimorfik bantlara ait bilgiler, yapay çizim yoluyla kültivar tanımlama şemasına (Cultivar Identification Diagram-CID) işaretlenmektedir. Bilim adamları RAPD moleküler teknolojisini asma, nar, mandalina ve limon çeşitlerinin tanımlanmasında kullanmışlardır (Zhang ve ark., 2012; Zhao ve ark., 2011; Mu ve ark., 2012). Oluşturulan CID, üzüm ve nar ekinlerinin tanımlanmasında kullanılacak primer ve polimorfik bantların bilgilerini içermektedir. DNA markörü ve MCID teknolojilerinin birlikte

kullanımı kültür tarımında DNA markörlerinin avantajlarını açık şekilde ortaya koymaktadır.

2.2. Bitkisel Gen Kaynaklarının Değerlendirilmesi

Bitki gen kaynaklarının korunması ve değerlendirilmesi, ebeveyn türlerinin çeşitliliğinin korunarak germ plazma kaynağının verimli ve doğru olarak kullanılması açısından önemlidir. DNA moleküler markör teknolojisi, bitki genetik kaynaklarının korunması, tanımlanması, değerlendirilmesi, araştırılması ve geliştirilmesi için önemli bir teknik araçtır. Pirinç ve asma gibi tarla bitkilerinin genetik çeşitliliği Basit Tekrarlı Diziler (Simple Sequence Repeats-SSR) markör ile analiz edilmiş ve elde edilen sonuçlar bu bitkiler için önemli bir teorik temel sağlamıştır (Ram ve ark., 2007). DNA moleküler markör teknolojisi, farklı bitkilerin germ plazma kaynaklarını değerlendirmek için etkin bir teknoloji haline gelmiştir. DNA moleküler markör kullanımı ile sadece bitkinin germ plazma kaynağının genetik bütünlüğü korunmakla kalmaz aynı zamanda genetik çeşitlilik ve germ plazma kaynaklarının evrimsel süreçleri de incelenebilir. Germ plazma kaynaklarının DNA seviyesinde çeşitliliği ve kökenleri ile bunların evrimsel ilişkileri hakkındaki bilgiler, en iyi özelliklere sahip germ plazma kaynaklarının daha iyi kullanılması ve korunması için önemli bir bilimsel temel oluşturulmasına yardımcı olmaktadır (Fang ve ark., 2016).

2.3. Melez Gücü (Heterosis) Tahmini

Melez gücü tahminleri ile türlerin yok olması büyük ölçüde azaltılmakta, üreme döngüsü kısaltılmakta ve üreme verimliliğini arttırmak için üreme yeteneği artırılmaktadır. DNA markör teknolojisi ile herhangi bir yaşam dönemine veya organa spesifik pozitif markörler ya da pozitif lokus tespit edilebilir ve daha sonra bu lokusun heterozigotluğuna dayanan melez gücü tahmin edilebilir. Bu teknik genetik yakınlığa dayalı melez gücü tahmininin sapmasını ortadan kaldırmaktadır. Bazı durumlarda genetik mesafenin heterosisle ilişkisi olmamaktadır. DNA markörleri izozime dayalı melez gücü tahminlerinin getirmiş olduğu kısıtlamaları gidermektedir. Son yıllarda, moleküler markörlerin kullanımı, mısır, pirinç, pamuk, kolza ve diğer mahsullerde melez gücünün öngörülmesi için kullanılmıştır. Örneğin, Percy ve arkadaşları (2006), koza sayısı ve pamuğun ağırlığının heterosisinin, moleküler markörün genetik mesafesi ile önemli ölçüde ilişkili olduğunu bulmuşlardır.

2.4. Genetik Harita Oluşturulması

Genetik harita, kromozom rekombinasyonu ve temel olarak genetik markörler ile nispi uzunluk ve değişim oranını kullanan kromozom doğrusal bağlantı haritasıdır. Kantitatif karakter lokusu (Quantitative Trait Loci-QTL) haritalaması, markör destekli seleksiyon, gen haritası tabanlı klonlama ve karşılaştırmalı genomik vb. alanlarda teorik ve uygulama açısından önemlidir. DNA moleküler markör tekniği ile oluşturulan genetik haritalar moleküler düzeyde genetik lokusların bağlantılarını analiz etme imkânı vermektedir. Genetik haritadan elde edilen genetik lokus bağlantı bilgileri, morfoloji, fizyoloji veya biyokimyaya dayanan geleneksel genetik tekniklerinden elde edilebilecek bilgidan çok daha fazlasını vermektedir. Ayrıca, daha kısa sürede sonuç verirken markör yoğunluğu geleneksel yöntemlere göre daha yüksektir. Son yıllarda, moleküler markör teknolojisinin hızlı gelişimi ile birçok ürün için genetik haritalar çizilmiştir. Örneğin, DArT markörleri kullanılarak buğdayın (Solomon ve ark., 2007), SSR markörü kullanılarak pamuğun (Cui ve ark., 2006) bağlantı haritası oluşturulmuştur. Tarla bitkileri ve ekonomik açıdan önemli

bitkilerin çoğunun, bağlantı haritalarının oluşturulması çalışmaları tamamlanmıştır ve bu haritaların genomik kompozisyon ve genetik yapı bilgisinin anlaşılması ile ürün üretimine yardımcı olacağı düşünülmektedir.

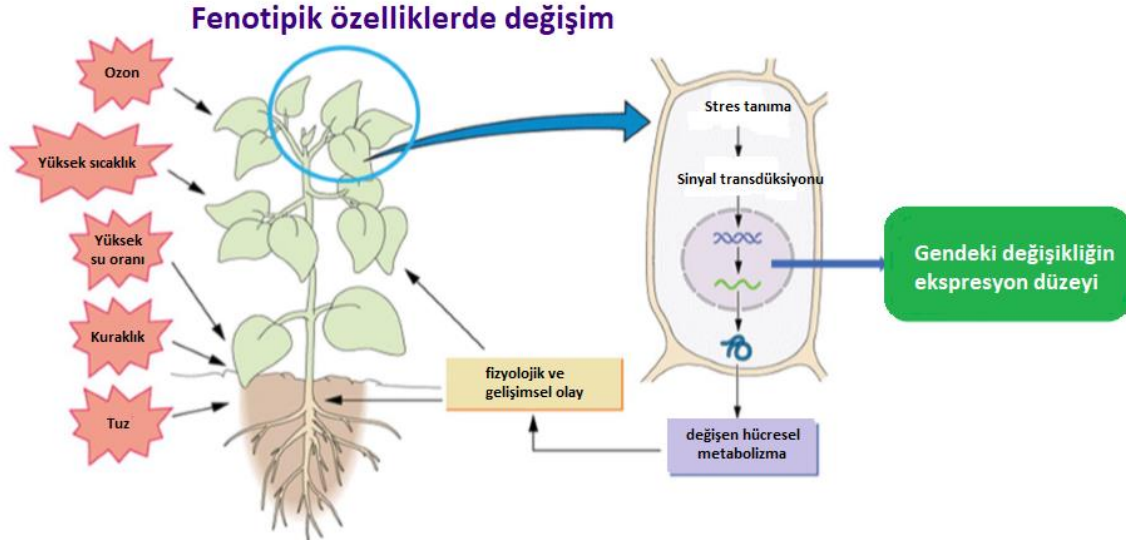
2.5. Gen Haritalama, Klonlama ve Markör Destekli İslah

Moleküler markörler hedef lokuslara bağlanabilen, önemli genetik özelliklerle ilgili genleri ortaya çıkarabilen, bu genlerin harita destekli klonlama ve markör destekli üremeleri için kolaylık sağlayabilen teknolojik araçlardır. Üreticiler, DNA moleküler markörlerini kullanarak hedef genin kesin lokasyonuna dayalı olarak hedef genlerin birbirleriyle yakından bağlantılı veya birlikte ayrılan moleküler belirteçlerden faydalanabilirler. Bu markörler ile yavru bireylerde hedef genin varlığı belirlenirken aynı zamanda arzu edilen bireylerin elde edilip edilmedikleri de saptanabilmektedir. Moleküler destekli üreme, zaman alıcı, eksik ya da yanlış bilgi verme olasılığı olan geleneksel ıslah yöntemlerinin eksikliklerini telafi etmektedir. Günümüzde moleküler destekli ıslah teknolojileri, ürün yetiştirmede yaygın olarak kullanılmaktadır ve bir dizi yeni ürün çeşidi ve hattının geliştirilmesine olanak sağlamaktadır. Jena ve Mackill (2008) ve Shi ve arkadaşları (2009), en yüksek ürün kalitesi özelliklerini seçmek için moleküler markör destekli yetiştirme tekniklerini uygulamışlardır ve pirinci rüzgara karşı ve soya fasulyesinin ise soya fasulyesi mozaik virüsüne karşı dirençli olup olmadığını seçmeyi başarmışlardır. Genetik harita tabanlı klonlama teknolojisi, DNA moleküler belirteçler ve markör genetik bağlantı haritası temelinde geliştirilen gen klonlaması için uygun bir teknolojidir. Hedef genin moleküler belirteçler ile doğru yere lokasyonu, hedef gene yakından bağlantılı moleküler markörlerin prob olarak kullanılması ve hedef genin büyük parçalarının klonlanabildiği genomik kütüphanenin taramasında markör teknolojisinden yararlanılmaktadır. Harita temelli klonlama teknikleri pirinç ve mısırdaki en iyi agronomik, büyüme, gelişme ve dirençlilik ile ilişkili genlerin tanımlanması ve klonlanmasında başarıyla kullanılmıştır. Harita temelli klonlama tekniği yöntemi ile Tamura ve arkadaşları (2014) tarafından, pirinçte tuz ve sineklere dirençli genler başarı ile klonlanmıştır.

3. Gen Ekspresyon Bilgilerinin Tarımsal Üretimde Uygulanması

Geleneksel tarımda bir bitkinin büyüme ve gelişme şartları ile birlikte fenolojik dönemi de tarımsal üretim açısından oldukça önemlidir. Bu bilgiler ürünlerin fenotipik özelliklerinin gözlemlenmesi ve kaydedilmesi ile elde edilmektedir. Bu yöntem, geleneksel tarımda sezgisel, basit ve etkin bir şekilde kullanılmaktadır. Fakat fenotipik özelliklerin ortaya çıkması daima uzun zaman almaktadır ve ürünlerin gerçek büyüme ve gelişme durumu ile ilgili uzun süreçler sonunda bilgi edinilmesini ve sonrasında tekrar gerektiren çalışmalarda geri dönülmesini zorlaştırmaktadır. Buna karşılık, bitkinin her özelliği genetik olarak kontrol edilmekte ve gen bilgisi gerçek büyüme, gelişme ve metabolik durumunu eş zamanlı olarak daha net yansıtmaktadır. Ayrıca, genin ekspresyonu her zaman fenotipin ortaya çıkmasından daha erkendir. Bu nedenle gen düzeyinde ürünlerin büyüme ve gelişme durumunun izlenmesi ve teşhis edilmesi, ortaya çıkabilecek olumsuz durumları ve zararlarını meydana gelmeden önce tahmin etmeyi ve önleyici tedbirleri almayı mümkün kılmaktadır (Şekil 1). Modern moleküler biyoloji tekniklerindeki ilerlemeler araştırmacılara son derece zengin ve hatta gereğinden fazla gen bilgisi sağlamaktadır. Gen ekspresyon profili, ekolojik olarak etkilenmiş veya hastalıklı fenotiplerin hücresel ekspresyon modelleri arasındaki ilişkiyi ele almak için yaygın olarak kullanılsa da, bu bilgiler laboratuvar denemeleri ile sınırlıdır ve büyüme ve gelişme ile ilgili gen bilgilerinin tarımsal

üretimde uygulanması gereklidir. Bu nedenle, gen bilgilerini uygun ve kolay erişilebilir bilgilere dönüştürecek teknikler veya yöntemler gereklidir.



Şekil 1. Gen ekspresyon bilgisinin bitki büyüme durumunu yansıtması (Fang ve ark., 2016)
Figure 1. Gene expression information reflecting plant growth status (Fang ve ark., 2016)

Moleküler biyoloji ile biyoteknolojinin iç içe olduğu bilim çağında, gen bilgilerinin tarımsal üretimde kullanılması kaçınılmazdır. Araştırmacılar, bitkilerin büyüme durumlarını gözlemlemek veya izlemek ve tarımsal alan yönetimine yol gösterebilmesi için genetik bilgileri kullanabilmektedirler. Böylece gübreleme ve sulama gibi tarımsal önlemlerin verimliliği artırılabilir, ürünlerin büyüme, olgunlaşma ya da diğer önemli süreçleri düzenlenebilir (Fang ve ark., 2016).

3.1. Bitki Fenolojisini Tanımlayan Gen Bilgisi

Bitki fenolojisi, bitkilerin iklimsel koşullara büyüme, gelişme ve aktivite olarak cevap vermesi buna bağlı olarak tohum çimlenmesi, yaprak, çiçek, meyve büyümesi gibi morfolojik özelliklerin ortaya çıkma zamanını ve bitki yaşam döngüsünde gelişimsel safhaların değişimini ifade etmektedir. Fenolojik olaylar gözlemlenerek, ürünün ekimi, mevsimsel değişimi, yetiştirme yönetimi, hastalıklara ve zararlı canlılara karşı kontrolü ile ilgili bilgiler elde edilebilmektedir. Ancak, fenolojik dönemi gözlemlemek ve kaydetmek, çok fazla zaman ve iş gücü gerektirirken aynı zamanda oldukça maliyetlidir ve elde edilen veriler, tarla, iklim, coğrafi çevresel etkiler, tarımsal faaliyetler gibi faktörler ile sınırlıdır. Böylece fenoloji ve fenolojik dönem farklı yıllarda farklılık gösterebilirken elde edilen bilgiler çoğu zaman bir sonraki yıl için referans olacak kadar yeterli değildir. Bu nedenle, fenolojik olaylar, bitkilerin fenolojik safhalarını doğru bir şekilde tanımlamak için yetersiz kalmaktadır. Bitki büyümesi ve gelişiminde rol oynayan genlerin ifadesi, bitki büyümesi ve çevresel koşulların birlikte düzenlenmesinden etkilenmektedir, bu nedenle araştırmacılar, gen bilgisini yani gen fenolojisini kullanarak, bitki büyümesinin fenolojik dönemlerini daha doğru bir şekilde tanımlamakta ve gen fenolojisine bağlı olarak erken büyüme planları oluşturularak uygun yönetimler geliştirebilmektedirler.

Çevresel değişiklikler, bitki fenolojisinin ilerlemesine veya gecikmesine neden olduğunda, moleküler düzeyde ilgili genlerin ifadesi, fenolojik davranışın ortaya çıkışından daima daha

önce gerçekleşmektedir. Bu durum zamanında ve uygun bir değerlendirme ile tarımsal işlemlerin planlanmasına olanak sağlar. Wang ve arkadaşları (2014) üzümde çiçek gelişimi ile ilişkili APETALA1 ve APETALA3 genlerinin ekspresyonundaki değişimleri incelemişlerdir. Elde ettikleri üzüm fenolojisine ait bilgiler üzüm üretiminde gübreleme, çiçek ve meyve düşmesini engelleme, çiçek ve meyve gelişimini teşvik etmede yol gösterici niteliktedir.

Bitki büyüme ve gelişimi ile ilgili genlerin ortaya çıkarılması ile ilgili çalışmalar araştırmacıların, farklı gelişim aşamalarındaki farklı fenolojik olayları sistematik, kesin ve hızlı bir şekilde tanımlamalarını sağlamaktadır. Bu durum fenolojiyi tanımlamak ve uygun önlemleri almak için gen bilgisinin kullanımını daha basit, daha verimli ve daha düşük maliyetli hale getirmektedir (Wang ve ark., 2014).

3.2. Stres Altında Bitki Büyüme Durumunun Tahmini

Gen ekspresyonu bilgisi, çevresel koşulların bitki büyüme ve gelişmesi üzerindeki etkilerinin tahmin edilerek uygun önlemlerin alınması için kullanılmaktadır (Şekil 1). Tarımsal üretimde bitkiler çeşitli biyotik veya abiyotik stresler ile karşı karşıya kalmaktadır. Bu durum tarımsal verimde azalma ve kalitenin düşmesi ile sonuçlanarak tarımsal üretimi doğrudan etkilemektedir.

Geçmiş çalışmalarda ürünlerin stres altında büyüme durumları fenotipik özellikleri aracılığıyla gözlenmiştir. Bu fenotipik özelliklerin ortaya çıkması belirli bir süre gerektirmesinden dolayı stres durumlarının ürün üzerindeki etkisinin gözlemlenmesini zorlaştırmaktadır. Stres altındaki ürünlerin fenotipik özellikler gözlemlendikten ve önlem alındıktan sonra bitkinin normal duruma geri getirilmesi de çoğunlukla zordur. Bu nedenle, stres altındaki ürünlerin iyileştirilmesinde büyüme durumunun fenotipik olarak gözlemlenmesi birçok dezavantajı beraberinde getirmektedir.

Birçok bitki türü kuraklık, yüksek tuz veya düşük sıcaklık gibi stres koşullarına karşı transkripsiyonel seviyede cevap veren genlere sahiptir. Bu genlerin ekspresyon seviyeleri stres koşullarına bağlı olarak artar veya azalır. Stres ile ilişkili genlerin ekspresyon bilgileri, bitkinin olumsuz büyüme koşulları ile karşılaşma durumlarının tahminlenmesi ile doğru zamanda gerekli önlemlerin alınabilmesine olanak sağlamaktadır.

Krasensky ve Jonak (2012) kuraklık, yüksek sıcaklık ve tuzluluk şartlarında strese bağlı genlerin ekspresyon modellerini incelemişlerdir. Salisilik asit, jasmonik asit, absisik asit ve kalsiyum iyonu gibi çevresel stresler ile ilişkili bitki sinyalizasyonunda etkin genlerin ifadelerindeki başlangıç, son ve ara zamanlardaki değişimler, stres altındaki bir bitkinin büyüme durumu ile ilgili bilgi vermektedir. Bir genin farklı çevresel koşullar altında ve gelişim aşamalarında, farklı dokulardaki ekspresyon bilgileri ile ilgili araştırmalar, moleküler düzeyde stres altındaki bir bitkinin büyüme durumunun tahmin edilmesini desteklemektedir. Bu araştırmalar, yalnızca stres altındaki bitkinin metabolik olaylarının anlaşılmasına katkıda bulunmakla kalmayıp, aynı zamanda tarımsal üretimin artırılmasında ve kaynak tüketiminin azaltılmasında da önemli bir rol oynamaktadır.

3.3. Gübre Etkisinin Değerlendirilmesi

Tarımsal üretimde gübreleme zamanı, gübre çeşidi ve gübre miktarı bitkinin büyüme şartlarına ve fenolojisine dayalı olarak değişmektedir. Gübreleme ile ilgili çalışmalarda

uzun deneysel süreç gerekmesi, coğrafi ve çevresel koşulların önemli etkilerinden dolayı gübrelemenin etkisini kesin bir şekilde tespit etmek oldukça zordur. Gübre uygulamalarının başarısızlıkla sonuçlanması aynı zamanda gübre israfı ve çevre kirliliğine neden olmaktadır. Bu nedenle, uygun bir nutrient beslenmesi için gübrelemeye nasıl yatırım yapılacağı, ürünlerin kalitesini ve verimini nasıl etkileyeceği, daha etkin gübrenin ya da bilimsel gübreleme yönteminin nasıl seçileceği konularında modern tarım uygulamaları tercih edilmelidir.

Modern DNA teknolojisi, bitki büyümesini ve gelişimini destekleyen gübrelemenin etkilerinin moleküler düzeyde anlaşılmasını sağlamaktadır. Chu ve arkadaşları (2012; 2013) üzümde yapılan gübreleme sonrasında azot metabolizmasına bağlı olarak bazı genlerin ekspresyon seviyeleri üzerinde meydana gelen değişiklikleri incelemiştir. Glutamin sentetaz (GS) ve glutamat dehidrojenaz (GDH) gibi bazı genlerin ekspresyon seviyelerinin analizi sonuçlarına göre, GS geni en yüksek ekspresyon seviyesine, yaprak gübrelemesine kıyasla toprak gübrelemesinden 6 saat önce ulaşmıştır ve gen ekspresyon seviyeleri yükselerek devam etmiştir. Bu sonuçlar, yaprak gübrelemesinin hızlı bir şekilde etkili olmasının nedenini kısmen ortaya koymuştur. Genetik bilginin kullanımı, geleneksel gübrelemenin ürün büyümesi ve gelişmesi üzerindeki etkisini doğru bir şekilde açıklığa kavuşturmakla kalmayıp aynı zamanda gübrenin kullanım verimliliğini, yaprak gübresi ve toprak gübresi gibi farklı gübreleme yöntemlerinin performanslarını, farklı gübrelerin etkilerini daha doğru bir şekilde değerlendirebilme imkânı sağlamaktadır. Gen ekspresyonu bilgileri, gübrenin bitki içindeki metabolizmasını ve taşınmasını yansıtabilmektedir. Böylece ilgili genin bölgesel ve zaman ile ilişkili ekspresyonu analiz edilerek, farklı türlerdeki bitkilerin farklı büyüme dönemlerinde farklı gübre konsantrasyonlarına karşı gen bilgileri elde edilebilmektedir (Yang ve ark., 2011). Sonuç olarak, bitkinin büyüme ve gelişmesinde gübreleme süresi, gübreleme türü ve miktarı gibi parametreler dikkate alınarak daha uygun gübreleme yöntemleri tespit edilebilmektedir. Bu önlemler, gübre dozajında büyük ölçüde tasarruf sağlanması, tarıma yapılan gereksiz yatırımların azaltılması, çiftçi gelirinin artırılması ve çevre kirliliğinin azaltılması açısından önem taşımaktadır.

4. Tarımda Transgenik Teknoloji Uygulamaları

Transgenik teknoloji ile kalitesi ve verimi daha yüksek, strese dayanıklı (hastalıklara, böceklerle, soğuğa ve herbisitlere dayanıklı) ve genetiği değiştirilerek beslenme kalitesi daha yüksek ürünlerin geliştirilmesi mümkün olmaktadır. Genetiği değiştirilmiş ürünlerin ticarileştirilmesi, üretim maliyetini önemli ölçüde düşürmekte aynı zamanda ekonomik, çevresel ve sosyal faydalar sağlamaktadır (Fang ve ark., 2016).

4.1. Ürün Kalitesi ve Verimin Artırılması

Transgenik teknikler özellikle genetik mühendisliği çalışmaları, ürünlerin besin değeri, lezzet ve dokusunu iyileştirerek kaliteyi artırmaya izin vermektedir. Protein içeriği, amino asit bileşimi, nişasta bileşimi, polisakkarit bileşikler, tohum ve diğer depolama organlarındaki (yumru, yumru kökleri vb.) lipit içeriği değiştirilerek ürünlerin kalitesi geliştirilebilmektedir (Stupak ve ark., 2006). Günümüzde peynir üretiminin %60'ında buzağı peynir mayasının yerine kullanılan ve genetiği değiştirilmiş bakteriler ile elde edilen kimozen kullanılmaktadır. Bu teknoloji 1960'lı yıllardan itibaren daha saf ve güvenilir bir enzim ile %50 daha düşük maliyet ve yüksek verimde peynir üretimine imkân vermektedir.

4.2. Geliştirilmiş Dirençlilik

Transgenik teknoloji yüksek kuraklık, tuz ve soğuğa dayanıklı yeni türlerin yetiştirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır (Bhatnagar-Mathur, 2008). S-adenosilmetiyonin dekarboksilaz (SAMDC) geni aktarılmış tütün, abiyotik stres altında iyi büyüme göstermektedir (Wi ve ark., 2006). Benzer şekilde bakteriyel mannitol-1-fosfat dehidrojenaz (mtID) geni aktarılmış transgenik domateslerin düşük sıcaklık stresine karşı önemli bir direnç gösterdiği bildirilmiştir (Khare ve ark., 2010). Ayrıca, transgenik teknik ile üretilen altın pirinç ve kuraklığa dayanıklı mısır üretim kültürlerinde kullanılmaktadır.

Transgenik pamuk, dünyada ticari olarak kabul edilen ilk transgenik bitkiler arasındadır. Transgenik pamuk, böcek ilacı kullanımının azaltılması, dolaylı olarak verimin artırılması, çevre kirliliğinin en aza indirilmesi, işgücü ve maliyetin azaltılması dâhil olmak üzere birçok önemli çevresel, sosyal ve ekonomik yararlar sunmaktadır. Hastalığa dirençli, abiyotik stres toleransına sahip ve lif kalitesi geliştirilmiş transgenik pamuk bitkilerinin yanı sıra son yıllarda böceklere dirençli ve herbisite toleranslı pamuk türleri transgenik pamuk pazarında baskın iki transgenik pamuk türüdür. Böylece, gelecekte transgenik mahsullerin geliştirilmesine dayalı çalışmalar strese dayanıklılık, kalite iyileştirme, verim artışı, fonksiyonel bileşenler gibi amaçlara odaklanacak, bu durum dünya tarımının gelişmesi için fırsatlar getirecektir.

4.3. Tarımsal Hastalık ve Zararlıların Önlenmesi ve Kontrolü

Transgenik teknoloji, tarımsal hastalık ve böcek zararlılarını kontrol etmek, tarımsal üretimin maliyetini düşürmek, hastalık ve böcek kontrolünün etkisini artırmak, böcek ilacı kirliliğini azaltmak ve ürün üretimini artırmak için yaygın olarak kullanılmaktadır. Bugüne kadar transgenik teknoloji ile pamuk, patates, mısır, soya fasulyesi ve kolza gibi birçok herbisite dayanıklı ürün üretilmiş olup bunların birçoğu ticarileştirme aşamasındadır. Son yıllarda, genetik mühendisliği çalışmaları ile Fusarium solgunluğu ve Verticillium solgunluğuna dirençli transgenik pamuk gibi bitki hastalıklarına dirençli ürünlerin sayısı giderek artmaktadır (Cheng ve ark., 2005).

4.4. Moleküler Tasarım Islahı

Son yıllarda, DNA teknolojisinin tür iyileştirme çalışmaları ile birlikte uygulanması sonucu ortaya çıkan moleküler tasarım ıslahı giderek ilgi çekici hale gelmiştir. Moleküler tasarım ıslahı saha denemelerinden önce ıslah programı ile ilgili bilgileri bilgisayara entegre eder ve uygulama planını birçok faktörü dikkate alınarak simüle eder. Böylece olası en iyi ebeveyn ve soy seçimi için en iyi üretim stratejileri ortaya konularak verim önemli ölçüde artırılmaktadır.

Moleküler tasarım ıslahının bitki ıslahı teknolojisini büyük ölçüde geliştirerek geleneksel ıslah teknolojisinin yerini alacağı ümit edilmektedir. Günümüzde moleküler tasarım ıslahı ile buğday, pirinç, soya fasulyesi ve kolza türleri üzerinde başarıya ulaşılmıştır (Moose ve Munn, 2008). Moleküler tasarım ıslahı yeni ve diğer alanlar ile yüksek derecede entegre olabilen bir araştırma alanıdır; agronomik QTL haritalama ve analizi, önemli özellik ile ilgili genlerin haritalanması ve klonlanması, genetik bağlantı haritasının oluşturulması ve heterosisin öngörülmesi gibi DNA teknikleri bu alanda en çok kullanılan tekniklerdir. Ayrıca moleküler markör destekli üreme ve genetik transformasyon moleküler tasarım ıslahının gelişiminde kullanılan en temel ve en önemli uygulamalardan ikisidir.

Gelecekte moleküler tasarım ıslahı, farklı disiplinleri birleştiren ve sürekli gelişen entegre bir ıslah yöntemi haline gelecektir. Bu teknolojinin ürün ıslah teorisi ve teknolojisinin gelişimi üzerinde derin bir etkiye sahip olacağı ve DNA teknolojisinin bu süreçte yerini doldurulamaz bir rol alacağı beklenmektedir.

5. Kaynaklar

- Bhatnagar-Mathur, P., Vadez, V., Sharma, K. K., 2008. Transgenic approaches for abiotic stress tolerance in plants: retrospect and prospects. *Plant Cell Rep.* 27(3): 411-424.
- Cheng, H. M., Jian, G. L., Ni, W. C., Yang, H. H., Wang, Z. X., Sun, W. J., Zhang, B. L., Wang, X. F., Ma, C., Jia, S. R., 2005. Increase of Fusarium- and Verticillium-resistance by transferring chitinase and glucanase gene into cotton. *Sci. Agri. Sinica.* 6, 13.
- Chu, J. Q., Wang, W. Y., Fang, J. G., Zhang, C. H., Zhang, Y. P., Song, C. N., 2012. Effects of foliar applied urea on expression of genes related to nitrogen metabolism in Fujiminori grapevine. *J. Plant Nutr. Fertil. Sci.* 18(2): 405-416.
- Chu, J. Q., Yue, L. X., Fang, J. G., Liu, H., Song, C. N., Zhang, A., 2013. Effects of fertilizer application on expression of genes related to nitrogen metabolism in Fujiminori grapevine. *Acta Hort. Sinica.* 40(2): 221-230.
- Cui, F., Ding, A., Li, J., Zhao, C., Wang, L., Wang, X., Qi, X., Li, X., Li, G., Gao, J., Wang, H., 2012. QTL detection of seven spike-related traits and their genetic correlations in wheat using two related RIL populations. *Euphytica.* 186(1): 177-192.
- Fang, J., Zhu, X., Wang, C., Jingui, L.S., 2016. Applications of DNA Technologies in Agriculture. *Current Genomics,* 17 (4): 379-386.
- Jena, K. K., Mackill, D. J., 2008. Molecular markers and their use in marker-assisted selection in rice. *Crop Sci.* 48(4): 1266-1276.
- Khare, N., Goyary, D., Singh, N. K., Shah, P., Rathore, M., Anandhan, S., Sharma, D., Arif, M., Ahmed, Z., 2010. Transgenic tomato cv. Pusa Uphar expressing a bacterial mannitol-1-phosphate dehydrogenase gene confers abiotic stress tolerance. *Plant Cell Tissue Organ Cult.* 103(2): 267-277.
- Krasensky, J., Jonak, C., 2012. Drought, salt and temperature stress induced metabolic rearrangements and regulatory networks. *J. Exp. Bot.* 63(4), 1593-1608.
- Moose, S. P., Mumm, R. H., 2008. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. *Plant Physiol.* 147(3): 969-977.
- Mu, Q., Sun, X., Zhong, G., Wang, X. C., Song, C. N., Fang, J. G., 2012. Employment of a new strategy for identification of lemon (*Citrus limon L.*) cultivars using RAPD markers. *Afr. J. Agric. Res.* 7(14): 2075-2082.
- Percy, R. G., Cantrell, R. G., Zhang, J., 2006. Genetic variation for agronomic and fiber properties in an introgressed recombinant inbred population of cotton. *Crop Sci.* 46(3): 1311-1317.
- Ram, S. G., Thiruvengadam, V., Vinod, K. K., 2007. Genetic diversity among cultivars, landraces and wild relatives of rice as revealed by microsatellite markers. *J. Appl. Genet.* 48(4): 337-345.
- Shi, A., Chen, P., Li, D., Zheng, C., Zhang, B., Hou, A., 2009. Pyramiding multiple genes for resistance to soybean mosaic virus in soybean using molecular markers. *Mol. Breed.* 23(1): 113-124.
- Solomon, K. F., Labuschagne, M. T., Viljoen, C. D., 2007. Estimates of heterosis and association of genetic distance with heterosis in durum wheat under different moisture regimes. *J. Agric. Sci.* 145(3): 239-248.
- Stupak, M., Vanderschuren, H., Gruissem, W., Zhang, P., 2006. Biotechnological approaches to cassava protein improvement. *Trends Food Sci. Technol.* 17(12): 634-641.
- Tamura, Y., Hattori, M., Yoshioka, H., Yoshioka, M., Takahashi, A., Wu, J., Sentoku, N., Yasui, H., 2014. Map-based cloning and characterization of a brown planthopper resistance gene BPH26 from *Oryza sativa L.* ssp. indica cultivar ADR52. *Sci. Rep.*, 2014, 4.
- Wang, C., Han, J., Shanguan, L., Yang, G., Kayesh, E., Zhang, Y., Leng, X., Fang, J., 2014. Depiction of grapevine phenology by gene expression information and a test of its workability in guiding fertilization. *Plant Mol. Biol. Rep.* 32(5): 1070-1084.
- Wi, S. J., Kim, W. T., Park, K. Y., 2006. Overexpression of carnation Sadenosylmethionine decarboxylase gene generates a broad-spectrum tolerance to abiotic stresses in transgenic tobacco plants. *Plant Cell Rep.* 25(10): 1111-1121.
- Yang, X. S., Wu, J., Ziegler, T. E., Yang, X., Zayed, A., Rajani, M. S., Zhou, D., Basra, A. S., Schachtman, D. P., Peng, M., Armstrong, C. L., Caldo, R. A., Morrell, J. A., Lacy, M., Staub, J. M., 2011. Gene

- expression biomarkers provide sensitive indicators of in planta nitrogen status in maize. *Plant Physiol.* 157(4): 1841-1852.
- Zhang, Y. P., Tan, H. H., Cao, S. Y., Wang, X. C., Yang, G., Fang, J. G., 2012. A novel strategy for identification of 47 pomegranate (*Punica granatum*) cultivars using RAPD markers. *Genet. Mol. Res.* 11(3): 3032-3041.
- Zhao, M. Z., Zhang, Y. P., Wu, W. M., Wang, C., Qian, Y. M., Yang, G., Fang, J. G., 2011. A new strategy for complete identification of 69 grapevine cultivars using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Afr. J. Plant Sci.* 5(4): 273-280.