

Fasulyenin Yüksek Sıcaklık Koşullarında Anormal Gelişim Morfolojisinin Moleküler Mekanizması

Şükran YILDIZ^{1*}, Dilek TEKDAL²

¹Mersin Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoteknoloji ABD, Mersin

²Mersin Üniversitesi, Fen Edebiyat Fakültesi, Biyoteknoloji Bölümü, Mersin

¹<https://orcid.org/0000-0001-7896-4748>

²<https://orcid.org/0000-0002-4545-9005>

*Sorumlu yazar: dilektekdal@mersin.edu.tr

Araştırma Makalesi

Makale Tarihiçesi:

Geliş tarihi: 31.01.2024

Kabul tarihi: 11.08.2024

Online Yayınlanma: 17.03.2025

Anahtar Kelimeler

Bitişik yapraklılık

Bitlis-76

FASCIATA geni

Fasulye

Yüksek sıcaklık

ÖZ

Baklagiller protein içeriğinin yüksek olmasından kaynaklı olarak dünyada ve ülkemizde en çok tüketilen gıdalar arasında bulunmaktadır. Baklagiller arasında yer alan fasulye zengin besin değerinden dolayı insan gıdasında oldukça önemli bir yere sahiptir. Fakat, küresel ısınma ile artan sıcaklık yetiştirilen bitkilerin strese girmesine sebep olmaktadır. Çok yüksek sıcaklıklarda yetiştirilen bitkilerde verim kayıpları yaşanmakta ve aynı zamanda genlerinde bazı mutasyonlar meydana gelmektedir. Bu çalışmada, Bitlis-76 (*Phaseolus vulgaris* L.) fasulye genotipi Mersin Üniversitesi sera alanında yetiştirilmiştir. Bitkinin yetiştirildiği bahar döneminde ani yükselen sıcaklık nedeni ile bitkide anormal morfolojide organ gelişimi gözlenmiştir. Bitkinin yapraklarında ve meyvesinde ayrılmama durumu olarak nitelendirilen bitişik yapraklılık ve bitişik bakla durumu saptanmıştır. Bu nedenle, organların ayrılmama durumunun aydınlatılması sebebiyle *P. vulgaris*'in bitişik yaprak ve baklasından RNA izolasyonu yapılmıştır. Ancak, baklasından kaliteli RNA izolasyonu gerçekleştirilemediğinden ileri analizler bitişik yapraklardan elde edilen RNA ile gerçekleştirilmiştir. Literatürde organ gelişimi üzerine etkili olduğu bilinen *Wuschel* (*WUS*), *Clavata* (*CLV*) ve *Fasciata* (*FAS*) genlerinin ekspresyon seviyesi incelenmiş ve Bitlis-76 fasulye genotipinde gözlenen ayrılmama durumu üzerine bu genlerin etkileri araştırılmıştır. Bitişik yapraktaki *FAS* geninin ekspresyonu kontrol bitkisine göre oldukça yüksek çıkmıştır. Sürgün apikal meristem hücrelerinin düzenlenmesinde sorumlu olduğu bilinen *FAS* geninin ifade düzeyinin Bitlis-76 fasulye genotipine ait bitişik yaprak örneklerinde yüksek çıkması bu genin bu durum üzerinde etkili olabileceği şeklinde yorumlanmıştır. Sunulan bu çalışma Bitlis-76 fasulye genotipinde oluşan anormal yaprak gelişimi üzerine *FAS* geninin etkisini araştıran ilk çalışma olma niteliğindedir.

Molecular Mechanism of Abnormal Developmental Morphology of Bean under High Temperature Conditions

Research Article

Article History:

Received: 31.01.2024

Accepted: 11.08.2024

Available online: 17.03.2025

ABSTRACT

Legumes are among the most consumed foods in the world and our country due to their high protein content. Beans have an essential for human nutrition among the legumes due to their rich nutritional value. However, the increased

Keywords:

Contiguous leaves
Bitlis-76
FASCIATA gene
Beans
High temperature

temperature with global warming causes the plants grown to be stressed. Plants grown at very high temperatures experienced yield losses, and at the same time, some mutations occur in their genes. In this study, the bean genotype Bitlis-76 (*Phaseolus vulgaris* L.) was grown in the greenhouse area of Mersin University. In the spring period when the plant was grown, abnormal organ development morphology was observed due to the sudden increase in temperature. Contiguous leaves and adjacent pods, characterized as non-separation, were observed in the leaves and fruit of the plant. Therefore, RNA was isolated from adjacent leaves and pods of *P. vulgaris* to elucidate the non-separation state of the organs. However, since quality RNA isolation from the pod could not be performed, further analyzes were performed with RNA from adjacent leaves. The expression level of *WUSCHEL* (*WUS*), *CLAVATA* (*CLV*), and *FASCIATA* (*FAS*) genes, which are known to be influential on organ development in the literature, were examined, and the effects of these genes on the non-disjunction observed in the Bitlis-76 bean genotype were investigated. Expression of the *FAS* gene in the adjacent leaf was significantly higher than in the control plant. Because the expression level of the *FAS* gene, known to regulate shoot apical meristem cells, was high in adjacent leaf samples belonging to the Bitlis-76 bean genotype, it was interpreted that this gene may affect this situation. This study is the first to investigate the effect of the *FAS* gene on abnormal leaf development in the Bitlis-76 bean genotype.

To Cite: Yıldız Ş, Tekdal D., 2025. Fasulyenin yüksek sıcaklık koşullarında anormal gelişim morfolojisinin moleküler mekanizması. Kadirli Uygulamalı Bilimler Fakültesi Dergisi, 5(1): 59-69.

Giriş

Dünya nüfusu yaklaşık 7,5 milyar kişiden oluşmaktadır ve 2050 yılına kadar bu oranın 9-10 milyara ulaşacağı bildirilmektedir (Anonim 2022a). Bu durum göz önünde bulundurulduğunda, artan nüfusa karşılık olarak insan beslenmesi için gıda veriminin artırılması gerekmektedir. Fakat, insan gelişiminde en büyük etkene sahip olan proteinin elde edildiği gıdalar sera gazı emisyonlarından, su eksikliğinden, yüksek sıcaklıklardan ve birçok dış etmenlerden büyük oranda etkilenmektedir (Poore ve Nemecek, 2018). Oluşan biyotik ve abiyotik streslerden kaynaklı verim düşüşlerine rağmen insanlar vücut sağlığını desteklemek için esansiyel amino asitler açısından zengin ve yüksek oranda protein tüketmek zorundadır (Anonim 2022b). Yüksek kaliteli proteinin ana kaynakları olarak et, kümes hayvanları, balık, yumurta, kabuklu yemişler ve baklagiller ile süt, yoğurt ve peynir gibi ürünler gösterilmektedir (Godfray ve ark., 2018). İnsan tüketiminde önemli bir yere sahip olan bitkisel kaynaklar içerisinde bitkisel proteinin ana kaynağını (%22) oluşturan baklagiller, et ürünlerine alternatif olarak insan beslenmesinde önemli yer tutmaktadır (Adak ve ark., 2010). Zengin besin değerinin yanı sıra baklagiller, azot fiksasyonu yoluyla toprak kalitesini arttırmakta ve azotlu gübrelere olan ihtiyacı azaltmaktadır (Foyer ve ark., 2016).

Baklagil türleri arasında yer alan fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.), Fabaceae familyasının besin değeri açısından en zengin üyeleri arasında yer almaktadır (Kaplan, 2003). Gen merkezinin Amerika ve Güney Asya olduğu belirtilen fasulye (*P. vulgaris*) sıcak-ılıman iklimlere iyi adapte olmuş ve dünyada oldukça geniş bir ekim alanına sahip sıcak iklim bitkisidir. Çimlenme döneminde sıcak,

çiçeklenme döneminde ise kuraklığa ve düşük nisbi neme hassastır. Fakat, çok yüksek sıcaklıklarda diğer pek çok bitki gibi strese girmektedir ve verim kaybı ile genlerinde bazı mutasyonlar oluşmaktadır (Şehirli, 1988). Bu genlerden bazıları bitkinin toprak üstü gelişiminden sorumlu olan ve sürgün apikal meristem (SAM) hücrelerinin düzenlenmesinde yardımcı olan *Wuschel* (*WUS*), *Clavata* (*CLV*) ve *Fasciata* (*FAS*) genleridir.

Meristem genişlemesi *Wuschel* (*WUS*) geni ve bu genin negatif düzenleyicileri olan *Clavata* (*CLV*), *Fasciata* (*FAS*) ve *Stamina Pistilloida* (*STP*) gibi diğer arasındaki etkileşim ile kontrol edilmektedir (Bäurle ve Laux, 2003). *WUS* proteini, sürgün ve çiçek meristemlerinde hücre popülasyonlarının korunmasında merkezi bir rol oynamaktadır (Laux ve ark., 1996; Mayer ve ark., 1998; Veit, 2004). *WUS*, her sürgün meristeminde uygun sayıda pluripotent gövde hücrelerini koruyarak sürgün meristeminin boyutunu pozitif olarak düzenlemektedir. *CLV*'ler, *WUS* ifadesini baskılayarak meristemlerin boyutlarını negatif olarak düzenlemektedir (Schoof ve ark., 2000; Reddy, 2008). Örneğin, *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh ile yapılan bir çalışmada *WUS-1* mutantlar oluşturulmuştur ve bunun sonucunda birkaç yaprak oluşuktan sonra sürgün meristemlerin kaybolduğu gözlenmiş olup bu durumun *WUS* üretiminin olmadığı meristemlerde hücre popülasyonunun korunamamasından kaynaklı olabileceği şeklinde yorumlanmıştır (Laux ve ark., 1996). Bunun tam tersi olarak, *WUS*'un ektopik ekspresyonu, sürgün meristemlerin boyutunu arttırmaktadır ve dokulardaki sürgünlerin ve somatik embriyoların ortaya çıkmasıyla sonuçlanan meristem hücrelerin anormal birikimini indüklemektedir (Zuo ve ark., 2002; Gallois ve ark., 2004). *FASCIATA* (*FAS1* ve *FAS2*) geni apikal meristemlerin organizasyonu ve fonksiyonunun düzenlenmesinde etkili rol almaktadır. Ayrıca, *FAS* genlerinin, *Arabidopsis* bitkisinde kromatin montaj faktörü 1 (chromatin assembly factor-1; CAF-1)'in altı birimine karşılık geldiği belirlenmiştir. *FAS* kompleksinin fonksiyonel rolünün, DNA replikasyonu yoluyla epigenetik durumların stabil yayılmasını sağlayarak (muhtemelen CAF-1 aktivitesi yoluyla), apikal meristemlerde gen ekspresyonunun stabil kalmasını kolaylaştırmak olduğu belirtilmiştir (Kaya ve ark., 2001).

Sıcaklık etkisiyle sürgün apikal meristemin düzenlenmesinden sorumlu olan *WUS*, *CLV* ve *FAS* genlerinin ekspresyonlarında yüksek sıcaklık nedeni ile meydana gelen değişimler bitkinin yaprak, meyve veya çiçeklerinde değişikliklere sebep olduğundan bu çalışmada sera'da yetiştirilen Bitlis-76 fasulye genotipinde meydana gelen birleşik yaprak ve bakla örnekleri üzerinde çalışılmıştır. Bitki dokusunda anormal yapıda yaprak ve baklaların oluşması verim kayıplarına sebep olacağından protein bakımından zengin bitkisel bir besin olan fasulyelerde bu farklılıklarının moleküler olarak incelenmesi oldukça önemlidir. Fasulyede meydana gelen birleşik yaprak ve bakla

durumunun moleküler mekanizmaların aydınlatılmasına dair bir çalışma bulunmadığından yapılan bu çalışmanın literatürdeki boşluğun giderilmesinde kaynak olacağı düşünülmektedir.

Materyal ve Metod

Bitki materyalinin yetiştirilmesi

Bu araştırmada, *P. vulgaris*'un bir yerel popülasyonu olan Bitlis-76 genotipi kullanılmıştır. Bitlis-76 tohum rengi siyah renk skalasına sahip olup bakla yapısı kısadır (Akça ve Tekdal, 2023). Bitlis-76 tohumları Mersin Üniversitesi sera alanında Nisan 2020 tarihinde hindistan cevizi kabuğu ve torf (1:1) karışımı bulunan bir viyole ekilmiştir. Tohum ekimini takip eden 4. günden itibaren çimlenmeler başlamıştır. Çalışma 3 tekrarlı ve her tekrar 10 adet tohum içerecek şekilde gerçekleştirilmiştir. Viyolde gelişen bitkiler saksılara transfer edilmeden önce budanmıştır. Bitkiler saksılara aktarılırken ilk stresi ortadan kaldırmak ve kök teşvikini arttırmak amacıyla can suyu ile birlikte humik fulvik asit (%39) (Erdal ve ark., 2014) uygulaması yapılmıştır. Bitkiler çimlendikten sonra bahçe toprağı ile doldurulmuş saksıya aktarılmıştır. Bitkiler serada doğal ışık altında %80 bağıl nemde büyütülmüştür. Morfolojik incelemeler sırasında gözlenen birleşik yaprak ve bakla materyalleri hasat edilmiş ve sıvı azot kullanılarak dondurulmuştur. Aynı şekilde ileri analizlerde kontrol olarak kullanılmak üzere Bitlis-76 bitkisinde normal yapıda bulunan yaprak ve bakla materyalleri de alınmış ve hızlıca sıvı azot uygulaması ile (-196°C) dondurulmuştur. Örnekler RNA izolasyonu gerçekleşinceye kadar -80°C'de muhafaza edilmiştir.

RNA izolasyonu, agaroz jel elektroforezi ve cDNA sentezi

Total RNA izolasyonunda -80°C'de muhafaza edilen birleşik yaprak ve bakla örnekleri ile kontrol örnekleri (normal yapılı yaprak ve bakla örnekleri) (~500 mg) için kit (Zymo Research, Quick-RNA Kit, ABD) kullanılmış olup izolasyon üretici firmanın talimatları doğrultusunda gerçekleştirilmiştir (Tekdal, 2015). Total RNA izolasyonu sırasında tüm adımlar oda sıcaklığında gerçekleşmiştir (25±2°C). Yaklaşık 100 mg örnek sıvı azot ile öğütülmüş ve RNA Lysis Buffer ile muamele edilerek Spin-Away filtresi sarı) içerisine aktarılmıştır. Örnek, 16.000 x g hızında santrifüj edilerek süzülen süpernatant 1:1 oranında etanol (%95-100) ile karıştırılmıştır. Karışım bir Zymo-Spin kolonuna (yeşil) aktarılmış ve santrifüj edilmiştir. Altta kalan süpernatant atıldıktan sonra, kolon içerisinde kalan RNA'lara DNase I4 uygulanmıştır. Ardından kolona 400 µl RNA Prep Buffer eklenmiş ve santrifüj edilmiştir. Bu işlem, kolona sırasıyla 700 µl ve 400 µl RNA Wash Buffer eklenerek tekrarlanmıştır. Son olarak, kolon dikkatlice nükleaz içermeyen steril bir tüpe yerleştirilmiş ve 100 µl DNase/RNase-Free su eklenerek santrifüj edilmiştir. Nano Drop spektrofotometre kullanılarak 260 nm'de izole edilen RNA'ların absorbans değerine bakılmıştır.

İzole edilen RNA'lardan 5 µl alınarak üzerine 1 µl loading dye ilave edilmiş ve örnekler %2'lik agaroz jelde 0.5x TBE (Tris Base, Boric Acid, EDTA) tamponu eklenerek çalışılmıştır. Jel %0.1 etidyum bromür solüsyonu ile boyanmıştır. Amplifikasyon ürünlerinin varlığı, UV ışığı altında fotoğraflanarak belirlenmiştir. Jel görüntüsünden sonra RNA'sı tespit edilen materyallerin RNA'larının cDNA sentezi SensiFast™ cDNA Synthesis Kit (Bioline) kullanılarak üretici firmanın talimatları doğrultusunda gerçekleştirilmiştir.

Kantitatif Gerçek Zamanlı PCR Analizi (qPCR)

SybrGreen kantifikasyonu için Real-Time PCR koşulları, Roche LightCycler 480 II SybrGreen I Master veri sayfasına dayalı olarak belirlenmiştir. Göreceli kantitatif PCR sonuçları, üreticinin talimatlarına göre SensiFAST™ SYBR® No-ROX Kit (Bioline) kullanılarak gerçekleştirilmiştir. mRNA seviyeleri, Dr. Dilek Tekdal'ın doktora tez çalışmaları kapsamında sentezini gerçekleştirdiği WUS, CLV ve FAS primerleri (Tekdal, 2015; Tablo 1) kullanılarak qRT-PCR ile değerlendirilmiştir. Fabaceae'nin 18S rRNA'sından türetilen primer (Song 2005; Tablo 1), bir dahili kontrol olarak kullanılmış ve ifade, 18S rRNA ifadesine göre normalleştirilmiştir.

Tablo 1. Quantitative Real-Time (qRT) PCR analizinde kullanılan primerlere ait bilgiler

Gen İsmi	Kısaltma	Sekans (5' - 3')	Tanım	Referans
<i>WUSCHEL B</i>	<i>WUS3</i>	CTTCTGYTGARATGRTTACTG	WUS3/sense primer	(Tekdal, 2015)
	<i>WUS4</i>	GCATAGGGAATAAAGGGAG	WUS4/antisense primer	
<i>FASCIATA B</i>	<i>FAS1</i>	TGGAGGAGAGYGAVCTTCC	FAS1/sense primer	(Tekdal, 2015)
	<i>FAS3</i>	AAACAACACRCTACTYTTTCCAC	FAS3/antisense primer	
<i>CLAVATA B</i>	<i>CLV3</i>	GGGASMCTTCTGRTTG	CLV3/sense primer	(Tekdal, 2015)
	<i>CLV4</i>	ATGATGYAGHGGRTCTGGACC	CLV4/antisense primer	
18S rRNA	18S-F	TACCGTCCTAGTCTCAACCATAA	18S/sense primer	(Song, 2005)
	18S-R	AGAACATCTAAGGGCATCACA	18S/antisense primer	

Bulgular ve Tartışma

Bitlis-76, Mersin Üniversitesi serasında yetiştirildiği sırada (Şekil 1) ani değişen hava koşulları neticesinde yüksek sıcaklıklara maruz kalmıştır. Serada fideler üzerinde yapılan morfolojik (makroskobik) gözlemler sonucunda bitki dokularında (yaprak ve bakla yapısında) diğer bitkilere göre anormal farklılıklar gözlenmiştir (Şekil 2). Bitlis-76 çeşidine ait 30 birey ile yapılan

çalışma sonucunda 7 bireyde yaprakların bitişik olma durumu saptanmıştır. Bu durumun moleküler mekanizmasının aydınlatılması için birleşik yaprak ve bakla örnekleri hasat edilmiş ve hızlıca dondurularak -80°C de muhafaza edilmiştir.



Şekil 1. Bitlis-76 (*Phaseolus vulgaris* L.)'nin seradaki görüntüsü



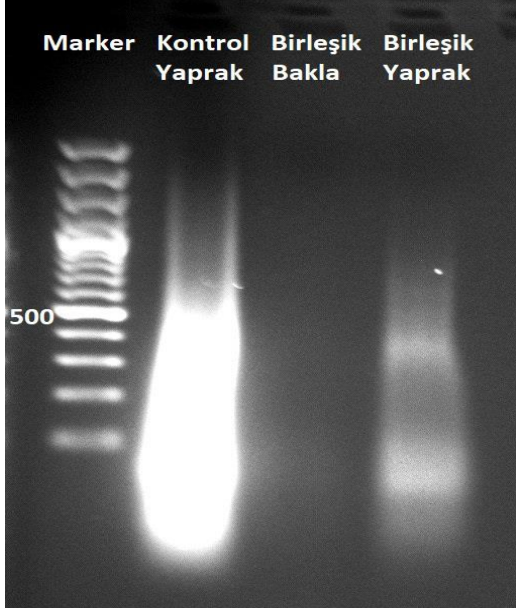
Şekil 2. Bitlis-76 yaprak ve meyve görüntüleri. (A) Kontrol bitkisinin yaprağı, (B) Kontrol bitkisinin meyvesi, (C) Bitişik yaprak, (D) Bitişik meyve

Şekil 2C'de ayrı olması gereken üç yaprağın birleşik morfolojide olduğu görülmektedir. Birleşik bakla yapısı incelendiğinde ise bu bakla yapısında tohum oluşumunun gerçekleşmediği görülmüştür (Şekil 2D).

RNA izolasyonu izole edilen ve -80°C de muhafaza edilen Bitlis-76 fasulye genotipine ait tüm örnekler ile (normal yaprak ve bakla ile birleşik yaprak ve bakla) gerçekleştirilmiştir. Ancak, birleşik bakla ile yapılan RNA izolasyon çalışmaları başarılı olamamış ve ileri analizler kullanmak için ihtiyaç duyulan total RNA'ların izolasyonu gerçekleşmemiştir. Birleşik bakla yapısı incelendiğinde (Şekil 2D) dokunun izolasyon için yeterli düzeyde canlı hücreye sahip olmadığı renk

ve yapısından anlaşılmaktadır. Birleşik bakla örneğinden istenilen düzeyde ve kalitede total RNA'lar izole edilemediğinden ileri analizler yaprak materyalleri ile gerçekleştirilmiştir.

Birleşik yaprak ile normal tip yaprak örneklerinden RNA izolasyonu başarı ile gerçekleştirilmiştir (Şekil 3). İzole edilen RNA'lar ile elektroforez işlemi gerçekleştirilmiş ve izole edilen RNA'ların agaroz jel görüntüleri neticesinde bütünlüğünü koruduğu ve 18S ve 28S ribozomal RNA bantları ile iyi kalitede olduğu görülmüştür (Şekil 3).



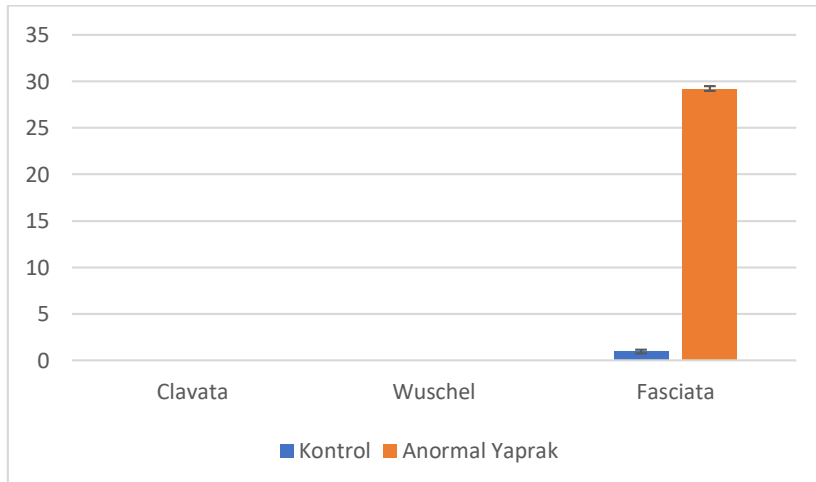
Şekil 3. %2'lik jel elektroforez görüntüsü

İlave olarak, izole edilen RNA'ların agaroz jel görüntüleri incelendiğinde genomik DNA kontaminasyonunun olmadığı görülmektedir. Bu nedenle, gDNA'nın ters transkriptaz polimeraz zincir reaksiyonu sırasında amplifiye edilme gibi bir durum oluşmayacağından izole edilen RNA'lar cDNA sentezi için kullanılmıştır. Toplam RNA izolasyonu, cDNA sentezi ve ardından qRT-PCR analiz sonucunun güvenilirliği açısından en belirleyici faktörlerden biridir. Bu örneklerden cDNA sentezi gerçekleştirilmiş ve sentez sonrası elde edilen cDNA'lar kantitatif RT-PCR analizinde ana materyal olarak kullanılmıştır.

Bitlis-76 fasulye genotipinde yapraklarında oluşan anormal morfolojilerin sebepleri hakkında moleküler olarak daha fazla bilgi edinmek amacı ile *WUS*, *CLV* ve *FAS* genlerinin ekspresyon seviyeleri RT-qPCR kullanılarak analiz edilmiştir. Anormal morfolojideki yaprak örneğinde *WUS*, *FAS* ve *CLV* ekspresyonları küçük miktarlardaki örnekleri belirtmek için daha kullanışlı olduğu düşünülen 96 kuyucuklu plakta toplam 20 µl hacimde qRT-PCR ile araştırılmıştır. Bu veriler, ekspresyon çalışmasının belirli bir gen grubu üzerinde odaklanılmasına yardımcı olmaktadır. qRT-PCR analizi sırasında, Fabaceae familyasında tanımlanan 18S rRNA (Song, 2005; Tablo 1), PCR

reaksiyonlarının sonuçlarını analiz etmek için dahili referans olarak kullanılmıştır ve lineer fazda düşük döngü sayısında hedeflenen genlerin ekspresyon seviyelerinin nicelleştirilmesi için önemlidir.

Gen ekspresyon analizi sonucunda, anormal morfoloji gösteren birleşik yapraktaki *FAS* geninin ekspresyon seviyesinin kontrol bitkisine göre 29,24 kat daha fazla olduğu belirlenmiştir (Şekil 4). Fakat, *CLV* ve *WUS* genlerinin hem kontrol bitkisine ait yaprak materyalinde hem de birleşik yaprak materyalinde ifade seviyelerinin çok düşük olduğu görülmüştür (Şekil 4).



Şekil 4. Bitlis-76 genotipinde kontrol yaprağında ve anormal morfoloji gösteren yaprağındaki *WUS*, *FAS* ve *CLV* genlerinin ekspresyon profilleri

WUS ve *CLV* genlerinin kontrol materyalinde de seviyelerinin çok düşük olmasının nedeni olarak; (1) RT-qPCR sırasında primer bağlanma sorunun yaşanmış olabileceği, (2) bu genlerin yaprak dokusunda ifade düzeylerinin *FAS* geninin ifadesinden etkilenmiş olabileceği ve (3) yaprak dokusu gelişim aşamasında *FAS* ekspresyon seviyesinin keskin bir şekilde artış gösterdiği ve bu nedenle *WUS* ve *CLV* gen ekspresyonunu inhibe edilebileceği şeklinde yorumlanmıştır. İlave olarak, ilgilenilen genlerin çok düşük bir seviyede eksprese edilmesi veya geçici olarak eksprese edilmesi durumunda, transkript miktarının qRT-PCR sırasında sinyali tespit etmek için çok düşük olması da olasıdır. Bu nedenle, *WUS* ve *CLV* genlerinin ekspresyonu üzerine çalışma farklı primerler kullanılarak derinleştirilmelidir. Bununla birlikte, *FAS* geninin birleşik yaprak dokusunda yüksek ekspresyon seviyesinde bulunmasının yapraklarda anormal morfolojilere sebep olabileceği düşünülmektedir.

FAS mutantlarında sürgün apikal meristeminde (SAM) farklı fonksiyonel bölgelerin generatif hücre katmanlarının bozulmasına sebep olduğu bildirilmiştir (Kaya ve ark., 2001; Sinjushin 2013). Bu sonuç, *FAS* genlerinin SAM'de bulunan hücrel organizasyonun korunmasında rol aldığını göstermektedir. Ayrıca, SAM'de *WUS* ekspresyonunun ve kök apikal meristemi'nde *SCARECROW*

(*SCR*) ekspresyonunun stabil bir şekilde korunmadığı bildirilmiştir (Kaya ve ark., 2001). *FAS* genleri ağırlıklı olarak apikal meristemlerde eksprese edilmektedir (Leyser ve Furner, 1992). Leyser ve Furner (1992), *Arabidopsis*'in *fas1* ve *fas2*'sini, kök fasiyasyonuna, anormal filotaksiye ve daha kısa köklere neden olan mutasyonlar olarak tanımlanmışlardır (Leyser ve Furner, 1992) ve benzer bulgular Reinholz (1966) yayınında da belirtilmiştir (Reinholz, 1966). Bozulmuş filotaksi ile ilişkili gövde fasiyasyonu, çeşitli bitkilerde bildirilen bir anormalliktir ve bu anormallikler SAM'de meydana gelen kusurlarla ilişkilendirilmiştir (Gorter, 1965). Ayrıca, Kaya ve ark. (2001), *Arabidopsis* T87 ve tütün BY-2 hücreleri kullanarak gerçekleştirdikleri çalışmada, *FAS1* ekspresyonunun G1/S geçişi ile ilişkili olduğunu raporlamışlardır (Kaya ve ark., 2001). Kaya ve ark. (2001) çalışmasının aksine, bu çalışmada *FAS* gen ekspresyonunun kontrol bitkisine göre yüksek çıktığı tespit edilmiştir. *FAS* geninin SAM de bulunan hücrelerin farklılaşmasında ve gelişmesinde rol oynadığı bilinmekte (Kaya ve ark., 2001) olup bu bilgi, bizim çalışmamız sonucunda Bitlis-76 fasulye genotipinde oluşan anormal yaprak yapısının *FAS* geninin aşırı ekspresyonundan kaynaklı olabileceğini destekler niteliktedir. Kaya ve ark. (2001) yaptıkları çalışmada elde ettikleri *FAS* mutant bitkilerden yola çıkarak *FAS* geninin SAM'deki hücrel organizasyonu bozduğunu belirtmişlerdir. Bu çalışmada elde edilen bulgular yüksek seviyede *FAS* geninin ekspresyonunun SAM'deki hücrel organizasyonu değiştirerek anormal yaprak oluşumuna neden olabileceği ihtimalini göstermektedir.

Sonuç

Yaprakta ve baklada oluşan anormallikler verim düşüşlerine neden olmaktadır. Fasulyenin besin değerinin yüksek ve insanların beslenme sağlığı açısından önemini düşünecek olursak verimde oluşabilecek azalmaların sebeplerini anlamak ve sıcaklık ile tetiklenen stres durumunda fasulye genotiplerinde anormal morfoloji oluşumunun moleküler mekanizmasını araştırmak adına bu çalışma yapılmıştır. Yapılan bu çalışmadan elde edilen bilgiler bitkilerin anormal morfoloji gelişimleri üzerine yapılacak çalışmalar için kaynak niteliğindedir.

Araştırmacıların Katkı Oranı Beyan Özeti

Yazarlar makaleye eşit oranda katkı sağlamış olduklarını beyan ederler.

Çıkar Çatışması Beyanı

Makale yazarları aralarında herhangi bir çıkar çatışması olmadığını beyan ederler.

Kaynaklar

Adak MS, Güler M, Kayan N., 2010. Yemelik baklagillerin üretimini artırma olanakları. Ziraat Mühendisliği VII. Teknik Kongresi, 11-14 Ocak 2010, Ankara: Türkiye.

Akça İ, Tekdal D., 2023. Farklı fasulye (*Phaseolus vulgaris* L.) genotipinin Mersin İli iklim koşullarındaki gelişim durumunun morfolojik olarak incelenmesi. Osmaniye Korkut Ata Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 6(3): 1981-1989.

Anonim., 2022a. World population prospects-Population division-United Nations. Department of International Economics. Retrieved from <https://population.un.org/wpp/>. (Accession date: 14.11.2022).

Anonim., 2022b. Protein and amino acid requirements in human nutrition: Report of a joint FAO/WHO/UNU expert consultation. Retrieved from <https://apps.who.int/iris/handle/10665/43411> (Accession date: 14.11.2022).

Bäurle I, Laux T., 2003. Apical meristems: the plant's fountain of youth. BioEssays, 25(10): 961-970.

Erdal İ, Küçükyumuk Z, Taplamacıoğlu D, Toftar B., 2014. Kireçli bir toprakta humik ve fulvik asit uygulamalarının domatesin gelişimi ve beslenmesine etkileri. Toprak Bilimi ve Bitki Besleme Dergisi, 2(2): 70-74.

Foyer CH, Lam HM, Nguyen HT, Siddique KHM, Varshney RK, Colmer TD, Conside MJ., 2016. Neglecting legumes has compromised human health and sustainable food production. Nature Plants, 2(8): 1-10.

Gallois JL, Nora FR, Mizukami Y, Sablowski R., 2004. WUSCHEL induces shoot stem cell activity and developmental plasticity in the root meristem. Genes and Development, 18(4): 375-380.

Godfray HCJ, Aveyard P, Garnett T, Hall JW, Key TJ, Lorimer J, Jebb SA., 2018. Meat consumption, health, and the environment. Science, 361(6399): eaam5324.

Gorter CJ., 1965. Origin of fasciation. W Ruhland (Ed.), Encyclopedia of Plant Physiology, Springer, Berlin: Ed. Ruhland W) 330-351.

Kaplan L., 2003. Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae-Papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. Economic Botany, 57(3): 421-421.

Kaya H, Shibahara K, Taoka K, Iwabuchi M, Stillman B, Araki T., 2001. FASCIATA genes for chromatin assembly factor-1 in *Arabidopsis* maintain the cellular organization of apical meristems. Cell, 104(1): 131-142.

- Laux T, Mayer KF, Berger J, Jürgens G., 1996. The WUSCHEL gene is required for shoot and floral meristem integrity in *Arabidopsis*. *Development*, 122(1): 87-96.
- Leyser HMO, Furner IJ., 1992. Characterisation of three shoot apical meristem mutant of *Arabidopsis thaliana*. *Development*, 116(2): 397-403.
- Mayer KFX, Schoof H, Haecker A, Lenhard M, Jürgens G, Laux T., 1998. Role of WUSCHEL in regulating stem cell fate in the *Arabidopsis* shoot meristem. *Cell*, 95(6): 805-815.
- Poore J, Nemecek T., 2018. Reducing food's environmental impacts through producers and consumers. *Science*, 360(6392): 987-992.
- Reddy GV., 2008. Live-imaging stem-cell homeostasis in the *Arabidopsis* shoot apex. *Current Opinion in Plant Biology*, 11, 88-93.
- Reinholz E., 1966. Radiation induced mutants showing changed inflorescence characteristics. *Arab Information Management Services*, 3, 19-20.
- Schoof H, Lenhard M, Haecker A, Mayer KF, Jürgens G, Laux T., 2000. The stem cell population of *Arabidopsis* shoot meristems is maintained by a regulatory loop between the CLAVATA and WUSCHEL genes. *Cell*, 100(6): 635-644.
- Sinjushin A., 2013. Origin and variation of polymeric gynoecia in Fabaceae: evidence from floral mutants of pea (*Pisum sativum* L.). *Plant Systematics and Evolution*, 300, 717-727.
- Şehirali S., 1988. Yemelik dane baklagiller. Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Yayınları, Ankara.
- Song J., 2005. Genetic diversity and flowering in *Clianthus* and New Zealand *Sophora* (Fabaceae). Massey University Plant Molecular Biology, Palmerston North, New Zealand Doctoral dissertation.
- Tekdal D., 2015. Studies on molecular and genetic characterization of the genes responsible for the multicarpellary gynoecium in *Thermopsis turcica*. Sabanci University Biological Sciences and Bioengineering Doctoral dissertation, İstanbul, Turkey.
- Veit B., 2004. Determination of cell fate in apical meristems. *Current Opinion in Plant Biology*, 7(1): 57-64.
- Zuo J, Niu QW, Frugis G, Chua NH., 2002. The WUSCHEL gene promotes vegetative-to-embryonic transition in *Arabidopsis*. *Plant Journal*, 30(3): 349-359.