

EDİTÖRLER

Prof. Dr. Süleyman ÇİLEK

Doç. Dr. İlyas BOLAT

Doç. Dr. Melih ÖZTÜRK

Alanında Araştırmalar
ve Değerlendirmeler

ZİRAAT, ORMAN VE SU ÜRÜNLERİ

Haziran 2025

İmtiyaz Sahibi • Yaşar Hız
Genel Yayın Yönetmeni • Eda Altunel
Yayına Hazırlayan • Gece Kitaplığı
Editörler • Prof. Dr. Süleyman ÇİLEK
Doç. Dr. İlyas BOLAT
Doç. Dr. Melih ÖZTÜRK

Birinci Basım • Haziran 2025 / ANKARA

ISBN • 978-625-388-414-7

© copyright
Bu kitabın yayın hakkı Gece Kitaplığı'na aittir.
Kaynak gösterilmeden alıntı yapılamaz, izin almadan
hiçbir yolla çoğaltılamaz.

Gece Kitaplığı
Adres: Kızılay Mah. Fevzi Çakmak 1. Sokak Ümit Apt
No: 22/A Çankaya/ANKARA Tel: 0312 384 80 40

www.gecekitapligi.com
gecekitapligi@gmail.com

Baskı & Cilt
Bizim Buro
Sertifika No: 42488

Ziraat, Orman ve Su Ürünleri Alanında Araştırmalar ve Değerlendirmeler

Haziran 2025

Editörler:

Prof. Dr. Süleyman ÇİLEK

Doç. Dr. İlyas BOLAT

Doç. Dr. Melih ÖZTÜRK

İÇİNDEKİLER

BÖLÜM 1

“İKLİM KRİZİ VE PLASTİK KİRLİLİĞİ; SU VE ORMAN EKOSİSTEMLERİNDE TEHDİTLERİN KESİŞİMİ”

Mustafa İlker SÜRER, Nilüfer YAZICI1

BÖLÜM 2

GWAS VE HAYVANCILIK: GENETİK TEMELLERİN AYDINLATILMASI VE ISLAH ÇALIŞMALARI

Mehmet SARAÇOĞLU17

BÖLÜM 3

TARIMDA TUZLULUK STRESİ YÖNETİMİ: BİTKİ BÜYÜME DÜZENLEYİCİLERİNİN ROLÜ

Güney AKINOĞLU45

BÖLÜM 4

BOR YAPISININ TIBBİ AROMATİK BİTKİ EKSTRATIYLA AHŞABA EMPRENYESİ VE TEKNOLOJİK ÖZELLİKLERE ETKİSİ

Hatice ULUSOY, Hüseyin PEKER, Erdinç YILDIRIM65



BÖLÜM

1

İKLİM KRİZİ VE PLASTİK KİRLİLİĞİ: SU VE ORMAN EKOSİSTEMLERİNDE TEHDİTLERİN KESİŞİMİ

Mustafa İlker SÜRER¹

Nilüfer YAZICI²

¹ Dr. misurer@gmail.com, ORCID: 0000-0002-2735-9545.

² Prof. Dr. ISUBÜ Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Bölümü, niluferyazici@isparta.edu.tr,

ORCID: 0000-0002-4397-5639

İKLİM KRİZİ VE PLASTİK KİRLİLİĞİ; SU VE ORMAN EKOSİSTEMLERİNDE TEHDİTLERİN KESİŞİMİ

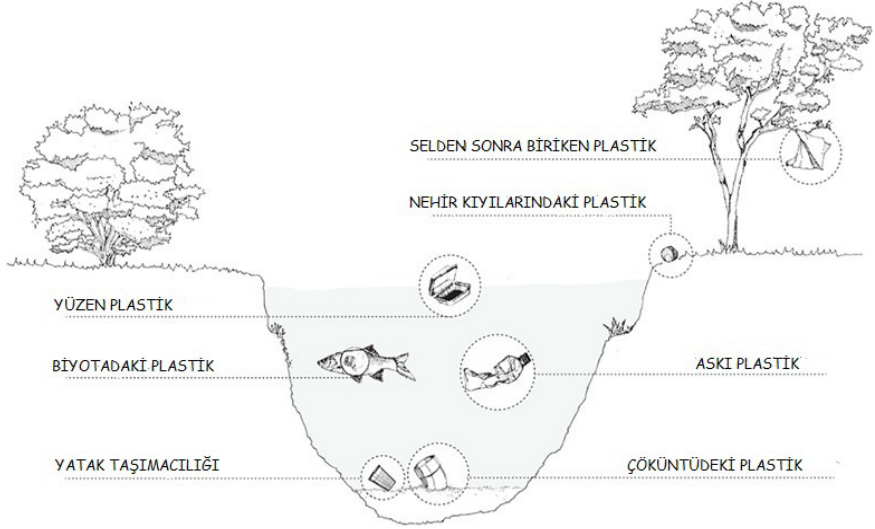
GİRİŞ

Sanayi devriminden bu yana fosil yakıt tüketimi, ormanların yok edilmesi, tarımsal üretim gibi insan kaynaklı faaliyetler; karbondioksit ve metan gibi doğal sera gazlarının atmosfere salınımını büyük ölçüde artırmıştır. Sera gazı yoğunluğundaki bu yükseliş, doğal sera etkisinin dengesini bozmuş ve atmosfer sıcaklığının artmasına yol açmıştır. Bu süreç günümüzde de devam etmektedir. Küresel ısınmanın en önemli olası sonucu ise, canlı yaşamını kapsayan biyosferde meydana gelen iklim değişiklikleridir.

Plastik malzemelerin sanayi ölçeğinde kitlesel üretimi 1950’li yıllarda başlamış ve bu süreç zamanla çevresel sorunların temel kaynaklarından biri haline gelen mikroplastiklerin ortaya çıkmasına zemin hazırlamıştır. Özellikle son yıllarda bu mikroskobik plastik parçacıkların insan sağlığı üzerinde potansiyel tehditler oluşturması nedeniyle ciddi endişelere neden olmaktadır. (Gündoğdu, 2018). Plastiklerin pek çok alanda sağladığı avantajlara rağmen, kullanım sonrasında ortaya çıkan yüksek miktardaki atık ve çevreye yayılma eğilimleri ciddi çevresel sorunlara yol açmaktadır. Bu sorunun temel nedenlerinden biri plastik ürünlerin sınırlı kullanım ömrüne sahip olmasıdır. Ayrıca tekrar kullanılabilirliklerinin ve geri dönüşüm oranlarının düşük seviyelerde kalması tek kullanımlık plastiklerin yaygınlaşmasına neden olmuş ve bu da çevresel yükü önemli ölçüde artırmıştır (Geyer ve ark., 2017).

Bu mikroplastiklerin denizler, akarsular, okyanuslar, atmosfer, toprak ve özellikle orman ekosistemlerinde de yaygın olarak bulunması endişelerin artmasına neden olmaktadır (Şekil 1). Su kaynaklarının yanı sıra orman topraklarında da biriken mikroplastikler, boyutlarının küçük olması sebebiyle besin zincirinin temel halkalarını oluşturan organizmalar tarafından kolaylıkla yutulmakta ve böylece ekosistemde yaygınlaşmaktadır. Ayrıca mikroplastikler ağır metaller gibi çeşitli çevresel kirleticileri taşıyarak hem doğa hem de insan sağlığı üzerinde daha karmaşık etkiler yaratabilmektedir. İklim değişikliğinin etkisiyle artan sıcaklıklar ve değişen hava koşulları, plastik atıkların çevrede daha hızlı parçalanmasına ve mikroplastik oluşumunun hızlanmasına yol açarken, orman yangınları gibi olaylar da mikroplastiklerin toprak ve atmosferde daha geniş alanlara yayılmasını kolaylaştırmaktadır. İnsanların ise ağız yoluyla, solunum sistemiyle veya deri temasıyla mikroplastiklere maruz kalmaları, potansiyel sağlık risklerinin ortaya çıkmasına sebep olmaktadır. Bununla birlikte, mikroplastiklerin tanımlanması ve ölçümüne dair standartların olmaması, farklı şekil ve boyutlarda bulunmaları, sağlık üzerindeki etkilerinin tam olarak anlaşılm-

mamış olması ve gıdalardaki mikroplastik varlığına ilişkin sınırlı veriler, insanlarda mikroplastik risklerinin değerlendirilmesini güçleştirmektedir (GKGM,2023).



Şekil 1. Tatlısu sistemlerindeki plastik bolluğuna genel bakış (Wires, 2019)

İKLİM KRİZİNİN SU VE ORMAN EKOSİSTEMLERİNE ETKİLERİ

Su, tüm canlıların ve ekosistemlerin yaşamsal gereksinimi olup “temiz ve erişilebilir su” insanlık, medeniyetler ve yaşamın temelini oluşturmaktadır. Benzer şekilde ormanlar ve orman dışındaki ağaçlık alanlar için de su hayati bir öneme sahiptir. Ormanların varlığını sürdürebilmesi, ağaçların ve diğer bitki ile canlıların gelişimi ve yaşamlarının devamı için yeterli ve düzenli su temini gereklidir. İklim değişikliğine bağlı olarak yağış düzenlerindeki değişiklikler, orman ekosistemlerini doğrudan etkilemektedir. Azalan yağış miktarları ve artan kuraklık, ormanların sağlığını tehdit etmekte; bu durum böcek salgınları ve orman yangınları gibi sorunları tetiklemektedir (Şekil 2). Bu çevresel baskılar, orman ağaç türlerinde dönüşümlere yol açmakta ve değişen ekolojik koşullara dayanıklı, uyum sağlayabilen bitki türlerinin gerekliliğini ortaya çıkarmaktadır. Ayrıca ormanlar suyun yönetimi ve kullanımı üzerinde de önemli bir role sahiptir. Evsel, tarımsal, endüstriyel ve ekolojik amaçlarla ihtiyaç duyulan suyun miktarının sağlanması, su kalitesinin korunması ve artırılması, yüzey ile yeraltı su akışlarının düzenlenmesi, kuraklık etkilerinin azaltılması, heyelan, sel ve taşkın gibi doğal afetlerin önlenmesi ve etkilerinin hafifletilmesi gibi

birçok alanda ormanların su döngüsü üzerindeki etkileri büyüktür (Karacabey, 2023).



Şekil 2. Orman yangınları (Gekader, 2023)

Ormanlar su tüketimi açısından önemli bir rol oynamakta olup bu durum tarım, hayvancılık ve benzeri diğer arazi kullanım türlerinde suyun kullanılabilirliğini azaltabilecek bir etki yaratmaktadır. Bununla birlikte ağaçlar ve orman ekosistemleri; gölgeleme sağlama, toprağın su emme kapasitesini artırma, su kalitesini iyileştirme, toprak erozyonunu ve bozulmasını önleme gibi birçok hayati ekosistem hizmeti sunmaktadır. Özellikle kurak ve yarı kurak bölgelerde gerçekleştirilecek ormancılık faaliyetlerinin, ormanların su döngüsü üzerindeki işlevleri göz önünde bulundurularak dikkatli bir şekilde planlanması ve ağaçlandırma çalışmalarının bu doğrultuda uygulanması büyük önem taşımaktadır (Karacabey, 2023).

İklim değişikliğinin, ağaç ve bitki türlerinin uyum yetenekleri ile büyüme dönemleri üzerinde önemli etkiler yaratacağı öngörülmektedir. Bitkilerin gelişim süreçleri; sıcaklık, yağış düzenleri ve atmosferdeki karbondioksit (CO_2) yoğunluğu gibi çevresel faktörlerle doğrudan ilişkilidir. İklimsel değişimlere karşı türlerin verdiği tepkiler ise farklılık gösterebilmektedir. Örneğin; bazı türler, artan sıcaklık koşullarında daha hızlı büyüme eğilimi gösterirken, bazıları bu duruma olumsuz tepkiler verebilir. Bazı ağaç türleri, ilkbaharda tomurcuklanma sürecine girebilmek için kış aylarında belirli bir süre düşük sıcaklıklara maruz kalmaya ihtiyaç duyabilir. Bu türler kış sıcaklıklarının yeterince düşmediği bölgelerde gelişimlerini sürdüremeyebilir. Buna karşılık filizlenme için yüksek sıcaklık gereksinimi duyan türler ise artan sıcaklıklardan olumlu yönde etkilenebilir. Bu değişimler uzun vadede, yerli türlerin yerini yüksek sıcaklıklara veya kuraklık stresine daha dayanıklı farklı türlerin almasına neden ola-

bilir. İklim değişikliğinin orman ekosistemlerinin bileşimi ve işleyişi üzerinde önemli etkiler yaratabileceğini ortaya koymaktadır. Yapılan projeksiyonlara göre, 2050 yılına kadar küresel ölçekte ormanların yaklaşık üçte birinde tür bileşiminde değişiklikler meydana geleceği öngörülmektedir. Bu değişimle birlikte, yeni tür kombinasyonlarının ve değişen ekolojik koşulların etkisiyle farklı orman tiplerinin oluşması muhtemel olacaktır. Artan sıcaklıklara bağlı olarak orman yangınlarının, zararlı organizma salgınlarının ve hastalıkların daha sık ve şiddetli hale gelmesi de bu süreçte karşılaşılabilecek olumsuz etkiler arasında yer almaktadır. Öte yandan, tropikal ormanların yaklaşık %8'inin halihazırda yok olduğu raporlanmakta; bu kayıpla birlikte bölgede yaşayan on binlerce tür ya yok olma riskiyle karşı karşıya kalmakta ya da yaşam alanlarını terk etmek zorunda kalmaktadır (Green vd., 2003; Bakkenes vd., 2006; Clarke, 2007).

Küresel iklim değişikliği, su döngüsünde ve orman ekosistemlerinde önemli değişikliklere yol açmaktadır. Artan sıcaklıklar, buharlaşmayı hızlandırırken yağış modellerini değiştirmekte, su kaynaklarının mevcudiyetini ve kalitesini olumsuz yönde etkilemektedir (UNEP, 2022). Orman alanlarında sıcaklık artışı, kuraklık ve yangın risklerinin yükselmesine sebep olarak ekosistem sağlığını tehdit etmektedir (OGM, 2022). İklim sisteminde meydana gelen bozulmalar ve değişen iklim rejimleri karşısında türlerin verdiği tepkiler; düzey, hız ve biçim açısından farklılık göstereceğinden pek çok ekosistemin yapısı, bileşenleri, verimliliği ve coğrafi dağılımı önemli ölçüde etkilenebilecektir. Ancak bu beklenen ekolojik dönüşümlerin çoğunun, iklim değişikliklerini takiben onlarca yıl hatta yüzyıllar sürebilecek gecikmelerle gerçekleşebileceği öngörülmektedir. Flora ve faunanın yaşam alanlarının yer değiştirmesiyle birlikte, yeni gelen türlerin etkisiyle bazı bölgelerde biyolojik çeşitlilikte geçici ya da yerel düzeyde artışlar da gözlemlenebilecektir.

PLASTİK KİRLİLİĞİNİN SU VE ORMAN EKOSİSTEMLERİNDEKİ YAYILIMI

Plastik materyaller; hafiflikleri, esneklikleri, dayanıklılıkları, sağlamlıkları, düşük maliyetleri ve su ile korozyona karşı dirençli yapıları nedeniyle ticari ve endüstriyel alanlarda oldukça yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Bu çok yönlü özellikleri plastiği küresel ölçekte yoğun şekilde tüketilen bir malzeme haline getirmiştir. Ancak plastiğin çevresel açıdan en büyük sorunu, doğada son derece yavaş bozulması ve bu nedenle kalıcı kirlilik oluşturmalarıdır. Özellikle tek kullanımlık plastik ürünlerin geri dönüşüme kazandırılmadan atık haline gelmesi; hava, toprak ve deniz ekosistemlerinde ciddi kirliliklere yol açmakta, bu durum ise “plastik kirliliği” olarak tanımlanmaktadır. Günümüzde plastik kaynaklı çevresel kirlilik giderek büyüyen küresel bir çevre sorunu haline gelmiştir. Küçük boyutlu

plastik parçacıklar, dünya genelinde hızla yayılmakta olup, okyanuslar, kıyı bölgeleri, tatlı su gölleri ve nehirlerde ciddi bir su kirliliği problemi oluşturmaktadır. Mikroplastikler, çok küçük olmaları nedeniyle sucul canlılar tarafından kolaylıkla yutulabilmekte ve bu durum besin zinciri yoluyla daha büyük canlılara da ulaşabilmektedir (Şekil 3). Bu nedenle deniz ürünleri aracılığıyla mikroplastiklerin tüketimi; kimyasal, fiziksel ve biyolojik açıdan çeşitli sağlık riskleri doğurabilecek potansiyele sahip olabilmektedir (Tokaç, 2018).



Şekil 3. Mikroplastik yutan balık (MAG, 2019)

Su kirliliğinin son yıllarda daha fazla dikkat çeken boyutlarından biri de plastik atıkların oluşturduğu kirliliktir. Özellikle deniz ve okyanuslara ulaşan plastiklerin büyük bir kısmı, karasal kaynaklı büyük plastik atıklardan köken almaktadır. Bu büyük plastik atıklar, rüzgâr, dalga hareketleri ve güneş ışığındaki ultraviyole ışınlarının etkisiyle zamanla daha küçük parçalara ayrılarak mikroplastik haline dönüşmekte, nehirler ve göller aracılığıyla denizel sistemlere taşınmaktadır. Günümüzde plastikler pek çok tüketim ürününde yer almakta olup, mikroplastik olarak adlandırılan daha küçük parçacıklar bazı kişisel bakım ve temizlik ürünlerine üretim aşamasında aşındırıcı etki yaratması amacıyla doğrudan eklenmektedir. Ayrıca tekstil sektöründe yaygın olarak kullanılan sentetik lifler de mikroplastik türlerinden biri olarak sucul ortamlarda önemli bir kirlilik kaynağı oluşturmaktadır (GESAMP, 2016; Wu ve ark., 2017).

Bu yönüyle toprak, oluşumu binlerce yıl süren doğal bir süreç sonucunda meydana geldiği için insan ölçeğinde yenilenmesi mümkün olmayan bir kaynak olarak değerlendirilmektedir (Dominati ve ark., 2016).

Toprak, doğal çevrenin temel bileşenlerinden biri olup, yaşamın devamlılığı açısından vazgeçilmez bir ekosistem işlevi görmektedir (Daily ve ark., 1997). Toprak, hava ve su ile olan etkileşimi sayesinde; atmosfer (hava), biyosfer (bitkiler ve organizmalar) ve hidrolojik çevrimlerde yer alan karbon (C), oksijen (O₂) ve su gibi temel elementlerin döngüsünde hayati rol oynamaktadır. Bu bağlamda, mikroplastiklerin toprak özellikleri üzerindeki potansiyel etkilerinin kapsamlı bir şekilde anlaşılması büyük önem taşımaktadır (Şekil 4).



Şekil 4. Plastik materyal ve parçacıklar (AKD,2024)

Mikroplastikler (5 mm'den küçük plastik parçacıklar; 0,1 mikrometreden küçük olanlar ise nanoplastikler olarak tanımlanır) ya daha büyük plastik atıkların parçalanması yoluyla ya da doğrudan çevreye salınımları sonucunda oluşmaktadır. Deniz canlıları üzerindeki etkilerine dair çok sayıda çalışma bulunmasına rağmen, mikroplastiklerin karasal ekosistemler üzerindeki olası etkileri büyük ölçüde araştırılmamış ve bilinmezliğini korumaktadır. Okyanuslardaki plastik kirliliğinin büyük kısmı, aslında karasal kaynaklardan türemekte; bu plastikler üretildikten sonra kullanılmış ve çoğu zaman uygun şekilde bertaraf edilmeden doğaya bırakılmıştır. Bu nedenle mikroplastiklerin ekolojik açıdan en erken ve en doğrudan etkileşime geçtiği ortamların karasal ekosistemler olduğu söylenebilir. Ayrıca mikroplastiklerin toprak omurgasızları, karasal mantarlar ve bitki tozlayıcıları gibi ekosistem işlevlerinin sürdürülmesinde kritik rol oynayan kara canlılarıyla etkileşimde bulunduğu dair bilimsel kanıtlar giderek artmaktadır (de Souza Machado ve ark., 2018).

Mikroplastik kirliliği, yalnızca denizel ekosistemlerle sınırlı kalmayıp, giderek karasal ekosistemlerde özellikle orman alanlarında da yayıl-

maktadır. Araştırmalar, mikroplastiklerin orman topraklarında birikerek toprak mikrobiyomunun bileşimini değiştirdiğini ve toprak solunumunun arttığını göstermektedir. Örneğin, düşük yoğunluklu polietilen (LDPE) ve polyester liflerinin topraklara eklenmesiyle, bakteriyel toplulukların kontrol grubundan farklılaştığı ve toprak solunumunun 8 kat arttığı gözlemlenmiştir. Bunun yanı sıra, mikroplastiklerin toprak faunasını özellikle yer solucanları gibi ekosistem mühendislerini olumsuz etkileyerek, toprak yapısını ve su geçirgenliğini bozabileceği bildirilmiştir. Ayrıca mikroplastiklerin toprakta bulunan ağır metaller gibi kirleticileri adsorbe ederek, bu maddelerin biyoyararlanabilirliğini artırabileceği ve bu durumun bitkiler aracılığıyla besin zincirine geçebileceği endişesi bulunmaktadır. Bu bulgular, mikroplastiklerin orman ekosistemlerinde ekosistem işlevlerini ve biyoçeşitliliği olumsuz etkileyebileceğini ve bu etkilerin iklim değişikliği gibi çevresel stres faktörleriyle birleşerek daha belirgin hale gelebileceğini göstermektedir (Ling Ng ve ark., 2021). Ormanlık alanlarda biriken plastik atıklar toprak yapısını bozmakta, mikrobiyal çeşitliliği azaltmakta ve yangın riskini artırmaktadır (Şekil 5). Türkiye’de orman yangınlarının bazıları insan kaynaklı plastik atıkların etkisiyle başlamaktadır (OGM, 2022).



Şekil 5. Ormanda bırakılan plastikler (OMTF, 2024)

İKİ KRİZİN KESİŞİM NOKTALARI: ÇOKLU BASKILAR VE EKOSİSTEM TEPKİLERİ

İklim değişikliği ve plastik kirliliği, sıklıkla ayrı ayrı çevresel sorunlar olarak ele alınmaktadır; ancak son araştırmalar, bu iki sorunun birbirini güçlendiren ve karmaşık etkileşimler oluşturan bir ilişki içinde olduğunu göstermektedir (Ford ve ark., 2022). Plastiklerin üretimi, kullanımı ve atık

yönetimi süreçleri, sera gazı emisyonlarına katkıda bulunarak iklim değişikliğini hızlandırmaktadır. Örneğin, fosil yakıtlardan türetilen plastikler, üretim sürecinde yüksek miktarda karbon salınımına neden olmaktadır. Plastik atıklar, yanıcı yapıları nedeniyle kolayca tutuşabilen materyaller arasında yer alır. Özellikle yangın durumlarında, plastiklerin hızla alev alması ve rüzgarın etkisiyle yangının daha geniş alanlara yayılması söz konusu olabilir. Bu durum, hem yangının kontrol altına alınmasını zorlaştırır hem de çevresel tahribatın boyutunu artırabilir (Gekader, 2023).

Plastik kirleticiler, gıda maddeleri de dahil olmak üzere çevrede ve günlük kullanım ürünlerinde yaygın olarak bulunmaktadır. Plastik üretiminde yaşanan hızlı artış dikkate alındığında, gelecekte bu malzemelere yönelik çevre dostu alternatiflerin geliştirilmesi zorunlu hale gelmektedir. Günümüzde plastik atıkların yalnızca yaklaşık %9'u geri dönüştürülmekte, geri kalan büyük bölümü ise atık bertaraf tesislerinde (örneğin, çöplüklerde) işlenmekte ya da yağmur suları ve rüzgar aracılığıyla okyanuslara taşınarak çevresel kirliliğe neden olmaktadır (Trimarchi ve ark., 2021). İklim değişikliği ile plastik kirliliğinin birlikte oluşturabileceği muhtemel etkileşimler, biyojeokimyasal döngülerde bozulmalara yol açabilir ve bu durum okyanusların karbon yutağı işlevini yerine getirmesini zorlaştırabilir (Ford ve ark., 2022). Ancak bu iki küresel çevre sorununun ekosistemler üzerindeki etkileşimli etkilerine dair bilimsel çalışmalar hâlâ yetersizdir.

Plastik ürünlerin doğaya bilinçsizce bırakılması ve uygun yollarla bertaraf edilmemesi, ciddi çevresel problemlere yol açmaktadır. Bu çevre sorununun temeli ise çoğunlukla karasal alanlarda atılan plastiklerle atılmaktadır. Hafif yapılarından dolayı plastik şişeler ve poşetler gibi atıklar, rüzgarın etkisiyle kolayca su kaynaklarına taşınmakta ve ardından yüzeyde sürüklenerek deniz ve okyanuslara yayılmaktadır (Şekil 6). Her yıl en az 8 milyon ton plastiğin denizlere ulaştığı bildirilmektedir. Günümüzde denizlerde 150 milyon tonun üzerinde plastik atık bulunduğu tahmin edilmekte; bu eğilim devam ederse, 2050 yılına kadar okyanuslarda balıklardan daha fazla plastik bulunabileceği öngörülmektedir (Kosior ve Crescenzi, 2020; Ocean Conservancy, 2016; Jambeck ve ark., 2015). Aynı zamanda plastiklerin çevreye salınması iklim değişikliğinin etkilerini artırmaktadır. Yükselen sıcaklıklar plastiklerin daha hızlı bozulmasına ve mikroplastiklerin çevreye yayılmasına neden olmaktadır. Bu mikroplastikler, su ve toprak ekosistemlerinde birikerek biyoçeşitliliği tehdit etmekte ve ekosistem işlevlerini bozabilmektedir. Özellikle okyanuslarda, mikroplastikler fitoplanktonların büyümesini uyarabilirken, diğer durumlarda toksik etkiler göstererek ekosistem dengesini bozabilmektedir (Feng Wei, 2024) Giderek artan plastik atık miktarıyla birlikte, doğaya bırakılan plastik materyaller; güneş ışığı, rüzgâr, su akıntıları, dalgalar ve çeşitli canlıların etkisiyle fiziksel olarak parçalanarak daha küçük boyutlara ayrılmaktadır. Bu şekilde

oluşan plastik parçacıklar “sekonder mikroplastikler” olarak tanımlanmaktadır. Diğer yandan, kozmetik ürünler, kişisel bakım malzemeleri, boyalar ve temizlik ürünleri gibi bazı ticari ürünlerin üretimi sırasında, işlevsel amaçlarla doğrudan eklenen küçük plastik tanecikler de bulunmaktadır. Bu parçacıklar ise “primer mikroplastik” olarak adlandırılmaktadır (Verschoor, 2015).



Şekil 6. Mikroplastikler, plastik şişeler ve market poşetleri gibi ürünler (Indyturk, 2019)

İklim değişikliğiyle mücadele ve plastik kirliliğinin azaltılması amacıyla, fosil kaynaklı plastiklerin yerine geçebilecek alternatif malzemelerin araştırılması önem taşımaktadır. Bu bağlamda, kısmen ya da tamamen yenilenebilir kaynaklardan üretilen biyo- bazlı plastikler ile biyolojik olarak parçalanabilen plastikler, geleneksel plastiklere olası alternatifler olarak önerilmektedir. Ancak bu tür malzemelerin de çevresel ve sağlık açısından bazı olumsuz etkileri bulunmaktadır (Altman, 2021; Gündoğdu ve ark., 2022). Ayrıca yeniden kullanım, geri kazanım ve geri dönüşüm gibi atık yönetimi hiyerarşisinde yer alan diğer stratejilerin de dikkate alınması gerekmektedir (Altman, 2021).

Nano ve mikro boyuttaki primer plastiklerin başlıca kaynakları arasında plastik peletler, kişisel bakım ürünleri, boyalar, çamaşır yıkama sonucu oluşan atık sular, kanalizasyon sistemleri, okullarda yer alan plastik yüzeyli koşu pistleri, yapay çim alanlar, şehir içi kauçuk kaplı yollar ve araç lastiklerinin aşınmasıyla ortaya çıkan parçacıklar yer almaktadır. Buna karşılık, sekonder mikroplastikler; plastik torba ve şişe gibi kent atıkları, balıkçılıkla ilgili faaliyetler sonucu oluşan atıklar, tarımsal amaçlı kullanılan örtü filmleri ve diğer büyük plastik materyallerin çevreye dağılmasıyla ortaya çıkmaktadır (An ve ark., 2020).

Mikro ve nanoplastiklerin konsantrasyonları arttıkça, olumsuz etkilerinin önemli ölçüde gelişmesi, tüm ekosistemleri etkilemesi ve nihayetinde iklim değişikliğini hafifletmek için hayati önem taşıyan okyanusun karbon tutma kapasitesini azaltması muhtemeldir (Averda, 2022).

Nano ve mikroplastiklerin en yoğun şekilde biriktiği alanlar, okyanuslar ve denizler gibi sucul ekosistemlerdir. Bu ortamlarda bulunan plastik parçacıkları, deniz canlıları tarafından kolaylıkla tüketilebilmekte ve bu sayede deniz ürünleri aracılığıyla insan gıda zincirine dahil olabilmektedir (Lebreton ve ark., 2018). Ekosistem içerisinde oluşan nano ve mikroplastiklerin tamamı sucul ortamlara ulaşmamakta, bir bölümü ise atmosferde asılı kalarak hava yoluyla yayılmaktadır. Bu durum, insanların yalnızca su ve besin yoluyla değil, aynı zamanda solunum sistemi aracılığıyla da bu parçacıklara maruz kalabileceğini göstermektedir (Wu ve ark., 2019). İklim değişikliği ve plastik kirliliği arasındaki bu karşılıklı etkileşimler, her iki sorunun da çözülmesi için bütünsel ve entegre yaklaşımların gerekliliğini ortaya koymaktadır.

SONUÇ VE ÖNERİLER

Plastik kirliliği ile iklim değişikliğinin birbiriyle bağlantılı sorunlarını etkili biçimde ele alabilmek için; küresel politikaların ve düzenlemelerin güçlendirilmesini, teknolojik yeniliklerin teşvik edilmesini, atık yönetiminin iyileştirilmesini, toplumsal katılımın artırılmasını ve uluslararası iş birliğinin geliştirilmesini içeren çok yönlü bir stratejiye ihtiyaç duyulmaktadır. Bu strateji, sürdürülebilir uygulamaları desteklemeli, ekonomik teşvikleri kullanmalı, kamu katılımını artırmalı ve çevresel etkileri azaltmaya yönelik sürekli bilimsel araştırmaları önceliklendirmelidir. Örneğin, tek kullanımlık plastiklerin yasaklanması, plastik ürünlerin yeniden kullanımı ve geri dönüşümü ile döngüsel ekonominin teşvik edilmesi, ayrıca biyolojik temelli veya biyolojik olarak parçalanabilir, çevresel etkisi daha düşük alternatif malzemelere yönelmek önemli adımlar arasındadır. Bu tür önlemler, plastik kirliliği ile iklim değişikliği arasındaki olumsuz döngüyü kırmak, bu iki küresel krizi eş zamanlı olarak ele almak ve hem çevresel hem ekonomik zararları azaltarak daha sürdürülebilir, dirençli bir gelecek inşa etmek açısından hayati öneme sahiptir.

İklim değişikliğinin yol açtığı ya da gelecekte ortaya çıkaracağı olumsuz etkiler yalnızca insan yaşamını değil, tüm canlı organizmaları ve ekosistemleri kapsamaktadır. Artan sıcaklıkla birlikte buharlaşma hızı kazanmakta ve topraktaki nem oranı azalmaktadır. Bu durum, nemli ortamlarda varlığını sürdüren bitki, hayvan ve mikroorganizma çeşitliliğinde değişimlere neden olmaktadır. Canlı türlerinin değişen iklim koşullarına uyum sağlama hızlarındaki farklılıklar, ekosistemlerin

denmesini doğrudan etkilemektedir. Hızlı uyum yeteneğine sahip türler yerel popülasyonlarını artırırken, adaptasyonu yavaş olan türlerde azalma, göç ya da yok olma riski ortaya çıkmaktadır. Aynı zamanda biyolojik sistemlerin verimliliğinde düşüş yaşanması ve üreme dönemlerinde meydana gelebilecek kaymalar, ekolojik döngüyü ve besin zincirlerini olumsuz yönde etkileyebilir. Bu zincirde oluşabilecek bir kopukluk, diğer türlerin besin kaynaklarının azalmasına ve dolayısıyla popülasyon kaybına veya tamamen yok olmalarına yol açabilir. Ayrıca toprak yapısında oluşabilecek değişiklikler, faydalı mikroorganizmaları olumsuz etkileyebileceği gibi, zararlı mikroorganizmaların yayılımını da artırabilir. İklim değişikliğinin geri döndürülemez etkilerinden korunmak adına, ormanlar, sulak alanlar, göller ve denizler gibi kara ve su ekosistemlerinin vazgeçilmez parçaları olan yaşam destek sistemleri için gerekli önlemlerin ivedilikle alınması gerekmektedir (Demir, 2009).

Tarım faaliyetleri sonucunda mikroplastiklerin toprak ortamına karıştığı ve bu parçacıkların gelecekte uzun süre toprağın yapısında bozulmadan kalabileceği anlaşılmaktadır. Diğer kirleticilerde olduğu gibi, mikroplastikler de gelecek kuşakların besin güvenliği açısından ciddi bir tehdit oluşturabilecek önemli bir risk unsurudur.

Mikroplastikler, küresel çevre sağlığı açısından önemli bir tehdit unsuru olup, iklim değişikliğine de katkı sağlayan etmenlerden biridir. Plastikler, sahip oldukları endüstriyel faydalar ve giderek genişleyen kullanım alanları nedeniyle, kısa vadede tamamen yasaklanmaları ya da kullanımının ciddi şekilde sınırlandırılması gerçekçi görünmemektedir. Mikroplastiklerin su kaynaklarına ulaşmasıyla birlikte, besin zinciri aracılığıyla çevreye ve insan sağlığına yönelik ciddi tehditler oluşturduğu bilinmektedir. Bu durum, iklim değişikliğiyle birlikte değerlendirildiğinde, ekosistemler üzerindeki baskının daha da arttığı görülmektedir. Dolayısıyla, iklim değişikliği ve plastik kullanımına ilişkin toplumsal farkındalığın yükseltilmesi ile birlikte bu konuda kamuoyunun basın ve yayın organları yoluyla bilinçlendirilmesi büyük önem taşımaktadır (Tutoğlu, 2019).

Çevre; insanların ve diğer tüm canlıların yaşamları süresince sürekli etkileşim içinde oldukları fiziksel, kimyasal, biyolojik, sosyal, ekonomik ve kültürel unsurları içeren bir bütündür. Hayatın devamı için vazgeçilmez olan hava, su ve toprak; insan sağlığı açısından hayati öneme sahiptir. Bireylerin sağlıklı bir yaşam sürdürebilmesi, ancak sağlıklı bir çevrenin varlığıyla mümkündür. Temiz, güvenli ve yaşanabilir bir çevre, tüm canlıların temel hakkıdır (İbadullayeva vd., 2019).

KAYNAKLAR

- AKD. (2024). *Plastik Kirliliği*. <https://akdenizkoruma.org.tr/tr/calismalarimiz/ekosistem-restorasyonu/b/plastik-kirliligi> (Erişim tarihi: 1 Haziran 2025)
- Altman, R. (2021). The myth of historical biobased plastics. *Science*, 373(6551), 47–49.
- An, L., Li, Q., Deng, Y., Wu, W., Gao, Y., & Ling, W. (2020). Sources of microplastic in the environment. In *Microplastics in terrestrial environments* (pp. 143–159). Springer.
- Averda. (2022). *Plastic waste: A major contributor to global warming*. <https://www.averda.com/rsa/news/plastic-waste-a-major-contributor-to-global-warming> (Erişim tarihi: 27 Mayıs 2025)
- Bakkenes, M., Eickhout, B., & Alkemade, R. (2006). Impacts of different climate stabilisation scenarios on plant species in Europe. *Global Environmental Change*, 16(1), 19–28.
- Clarke, H. (2007). Conserving biodiversity in the face of climate change. *Agenda*, 14(2), 157–170.
- Daily, G. C., Matson, P. A., & Vitousek, P. M. (1997). Ecosystem services supplied by soil. In G. C. Daily (Ed.), *Nature's services: Societal dependence on natural ecosystems* (pp. 113–132). Island Press.
- De Souza Machado, A. A., Lau, C. W., Till, J., Kloas, W., Lehmann, A., Becker, R., & Rillig, M. C. (2018). Impacts of microplastics on the soil biophysical environment. *Environmental Science & Technology*, 52(17), 9656–9665.
- Demir, A. (2009). Küresel iklim değişikliğinin biyolojik çeşitlilik ve ekosistem kaynakları üzerine etkisi. *Ankara Üniversitesi Çevre Bilimleri Dergisi*, 1(2), 37–54.
- Dominati, E. J., MacKay, A. D., Bouna, J., & Green, S. (2016). An ecosystems approach to quantify soil performance for multiple outcomes: The future of land evaluation? *Soil Science Society of America Journal*, 80, 438–449.
- Feng Wei, X., Yang, W., & Hedenqvist, M. S. (2024). Plastic pollution amplified by a warming climate. *Nature Communications*, 15, 2052. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-46127-9>
- Ford, H. V., Jones, N. H., Davies, A. J., Godley, B. J., Jambeck, J. R., Napper, I. E., Suckling, C. C., Williams, G. J., Woodall, L. C., & Koldewey, H. J. (2022). The fundamental links between climate change and marine plastic pollution. *Science of the Total Environment*, 806(Pt 1), 150392. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150392>
- Gekader. (2023). *Orman yangınlarında görünmeyen tehlike: Plastik atıkların ormanları sarması*. <https://gekader.org.tr/orman-yanginlarinda-gorunmeyen-tehlike-plastik-atiklarin-ormanlari-sarmasi/> (Erişim tarihi: 1 Haziran 2025)

- GESAMP. (2016). *Sources, fate and effects of microplastics in the marine environment: Part two of a global assessment* (P. J. Kershaw & C. M. Rochman, Eds.). Rep. Stud. GESAMP No. 93, 220 s.
- Geyer, R., Jambeck, J., & Law, L. K. (2017). Production, use, and fate of all plastics ever made. *Science Advances*, 3(7), e1700782.
- GKGM. (2023). *Mikroplastiklerin insan ve çevre sağlığı üzerindeki etkileri hakkında bilimsel görüş*. Tarım ve Orman Bakanlığı Gıda ve Kontrol Genel Müdürlüğü.
- Green, R. E., Harley, M., Miles, L., Scharlemann, J., Watkinson, A., & Watts, O. (2003). *Global climate change and biodiversity*. University of East Anglia.
- Gündoğdu, S. (2018). Plastik kirliliği ve etkileri. Adana: Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Su Ürünleri Fakültesi. <http://aves.cu.edu.tr/Image-OfByte.aspx?Resim=8&SSNO=1&USER=2368> (Erişim tarihi: 28 Haziran 2025)
- Gündoğdu, S., Walker, T. R., Almroth, B. C., Coffin, S., & Gwinnett, C. (2022). Editorial: Alternatives to petroleum-based plastics as a potential solution to the global plastic pollution crisis in marine environments: Do they provide sustainable solutions? *Frontiers in Marine Science*, 9, 1066113. <https://doi.org/10.3389/fmars.2022.1066113>
- Indyturk. (2019). Plastik atıklar ekinlerin yetişmesinde önemli rol oynayan yer solucanlarının büyümesini engelliyor. <https://www.indyturk.com/node/70661/haber/plastik-at%C4%B1klar-ekinlerin-yeti%C5%9Fmesinde-%C3%B6nemli-rol-oynayan-yer-solucanlar%C4%B1n%C4%B1n> (Erişim tarihi: 1 Haziran 2025)
- İbadullayeva, J., Jumanıyazova, K., Azimzadeh, S., Canıgür, S., & Esen, F. (2019). The effects of environmental pollution on human health. *Türk Tıp Öğrencileri Araştırma Dergisi*, 1(3), 52–58.
- Jambeck, J. R., Geyer, R., Wilcox, C., Siegler, T. R., Perryman, M., Andrady, A., Narayan, R., & Law, K. L. (2015). Plastic waste inputs from land into the ocean. *Science*, 347(6223), 768–771.
- Karacabey, B. (2023). İklim değişikliğinin Türkiye orman ekosistemlerine etkisi. In *İklim Değişikliği ve Türkiye İklim Ölçüm Ağı* (Bölüm 16). Türkiye Bilimler Akademisi. <https://doi.org/10.53478/TUBA.978-625-8352-56-6.ch16>
- Kosior, E., & Crescenzi, I. (2020). Solutions to the plastic waste problem on land and in the oceans. In T. M. Letcher (Ed.), *Plastic waste and recycling* (pp. 415–446). Academic Press.
- Lebreton, L., Slat, B., Ferrari, F., Sainte-Rose, B., Aitken, J., Marthouse, R., Hajbane, S., Cunsolo, S., Schwarz, A., Levivier, A., Noble, K., & Reisser, J. (2018). Evidence that the Great Pacific Garbage Patch is rapidly accumulating plastic. *Scientific Reports*, 8(1), 4666.

- MAG. (2019). Türkiye’de bir insan günlük olarak 3.800 adet plastik partikül yutma riskiyle karşı karşıya. <https://mikroplastik.org/turkiyede-bir-insan-gunluk-olarak-3-800-adet-plastik-partikul-yutma-riskiyle-karsi-karsiya/> (Erişim tarihi: 2 Haziran 2025)
- Ng, E. L., Lin, S. Y., Dungan, A. M., Colwell, J. M., Ede, S., Lwanga, E. H., Meng, K., Geissen, V., Blackall, L. L., & Chen, D. (2021). Microplastic pollution alters forest soil microbiome. *Journal of Hazardous Materials*, 409, 124606. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.124606>
- Ocean Conservancy. (2016). *30th Anniversary—International coastal cleanup*. <https://tamugir.tdl.org/bitstream/handle/1969.3/29296/2016-data-release-1.pdf?sequence=1> (Erişim tarihi: 28 Haziran 2025)
- OGM. (2022). *Orman Genel Müdürlüğü Yangın Raporu*.
- OMTF. (2024). Ormanlardaki çöpler çevre için neden ciddi bir sorundur? <https://one-more-tree.org/blog/2024/11/01/why-is-litter-in-forests-a-serious-problem-for-the-environment/> (Erişim tarihi: 2 Haziran 2025)
- Tokaç, A. (2018). Denizel çevrede plastik kirliliği birikimi, sosyo-ekonomik ve ekolojik açıdan incelenmesi. *Perşembe Seminerleri*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.18422.91207>
- Trimarchi, M., Kiger, P. J., & Giuggio, V. M. (2021). Top 10 eco-friendly substitutes for plastic. *HowStuffWorks*. <https://science.howstuffworks.com/environmental/green-tech/sustainable/5-plastic-substitutes.htm> (Erişim tarihi: 2 Haziran 2025)
- Tutoğlu, N. (2019). Sucul ortamdaki mikroplastiklerin insan sağlığına etkisi ve arıtma yöntemlerinin araştırılması (Uzmanlık tezi). Tarım ve Orman Bakanlığı, Ankara.
- UNEP. (2022). *Plastic and climate change*. United Nations Environment Program.
- Verschoor, A. J. (2015). *Towards a definition of microplastics: Considerations for the specification of physico-chemical properties*. <https://rivm.openrepository.com/bitstream/handle/10029/575986/20150116.pdf> (Erişim tarihi: 28 Haziran 2025)
- Wires. (2019). Plastic debris in rivers. <https://wires.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/wat2.1398> (Erişim tarihi: 29 Haziran 2025)
- Wu, W. M., Yang, J., & Criddle, C. (2017). Microplastics pollution and reduction strategies. *Frontiers of Environmental Science & Engineering*, 11(1), 6.
- Wu, P., Huang, J., Zheng, Y., Yang, Y., Zhang, Y., He, F., Chen, H., Quan, G., Yan, J., Li, T., & Gao, B. (2019). Environmental occurrences, fate, and impacts of microplastics. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 184, 109612.



BÖLÜM

2

GWAS VE HAYVANCILIK: GENETİK TEMELLERİN AYDINLATILMASI VE ISLAH ÇALIŞMALARI

Mehmet SARAÇOĞLU¹

¹ Dr. Mehmet SARAÇOĞLU, ORCID: 0000-0002-5845-2099

GİRİŞ

Tarihsel olarak, tavuklar, domuzlar, sığırlar, koyunlar ve diğer hayvan türleri, evcilleştirilerek insan ihtiyaçlarına yönelik çeşitli ürünler sunmak üzere dönüştürülmüştür (Frantz ve ark., 2015; Chessa ve ark., 2009). Bu evcilleştirme süreçleri ve hayvan yetiştirme faaliyetleri, günümüzde modern çiftlik hayvanı ırklarının yüksek üretim performanslarına ulaşmalarını sağlamıştır. Bu ilerleme, biyoloji ve genetik alanlarındaki gelişmelerle desteklenmiş ve ekonomik özelliklerin genomik varyantlar tarafından düzenlendiği giderek daha fazla kabul edilmektedir. Dolayısıyla, bu ekonomik özelliklerin genetik temellerini anlamak, yüksek verimli çiftlik hayvanları yetiştirmek için kritik bir önem taşımaktadır (Tan ve ark., 2023).

Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), popülasyonlardan elde edilen genetik varyantlarla belirli özellikler arasındaki ilişkileri tespit etmek amacıyla kullanılan bir araştırma yöntemidir. Bu çalışmaların temel hedefi, hastalık biyolojisini daha iyi anlamak ve elde edilen bilgilerle hastalıkların önlenmesine veya daha etkili tedavi yöntemlerinin geliştirilmesine katkı sağlamaktır. Ancak, bir genetik varyant ile bir özellik arasındaki ilişki, hedef gen veya varyantın fenotipik farklılıklarla nasıl ilişkili olduğunu doğrudan açıklamayan karmaşık bir süreçtir; bu nedenle GWAS'tan biyolojik sonuçlara ulaşmak doğrudan değildir. Ancak, yeni veri türleri, moleküler teknolojiler ve analitik yöntemler, bu bilgi boşluğunu kapatmak için önemli fırsatlar sunmaktadır. Ayrıca, GWAS'lar, genetik ve çevresel faktörlerin hastalık riskindeki rolünü daha iyi tanımlamak, risk tahminleri yapmak (kişiselleştirilmiş tıbbi mümkün kılmak) ve doğal seleksiyon ile popülasyon farklılıklarını araştırmak için de başarıyla kullanılmaktadır (Visscher ve ark., 2017).

GWAS, özellikle insan gibi model organizmalarda (Klein ve ark., 2005; Buniello ve ark., 2019) yaygın olarak kullanılan temel bir tekniktir. Günümüzde, fenotipleme ve genotipleme teknolojilerindeki hızlı gelişmeler sayesinde, mısır, pirinç, sorgum, pamuk, soya fasulyesi, keçi ve domuz gibi bitki ve hayvan türlerinde de yüksek kaliteli genotip-fenotip ilişkileri belirlenmiştir (Liu ve Yan, 2019; Song ve Tian, 2019). Örneğin, mısırdaki, moleküler ve hücresel düzeyden (metabolitler) bireysel morfolojik ölçeklerde (tarımsal verim, üreme özellikleri) ve çevresel faktörlerle (biyotik ve abiyotik stres toleransı) etkileşime kadar çeşitli özellikler incelenmiş ve bunlar farklı genetik varyantlarla ilişkilendirilmiştir (Liu ve Yan, 2019; Xiao ve Liu, 2017). Bu durum, genotip-fenotip ilişkilerinin entegrasyonunu sağlayacak kaynakların oluşturulmasının, kompleks kantitatif özelliklerin genetik yapısını daha iyi anlamak açısından ne kadar önemli olduğunu ortaya koymaktadır.

Son birkaç on yılda, çiftlik hayvanlarında ekonomik özelliklere katkıda bulunan genetik lokusların çözülmesi amacıyla genom çapında ilişkilendirme çalışmaları yapılmıştır. Bu çalışmalarda, tüm genomu kapsayan genetik varyantlar test edilerek genotip-fenotip ilişkileri belirlenmeye çalışılmıştır (Tan ve ark., 2023; Ghosh ve ark., 2018).

İlk GWAS çalışması 2005 yılında yayımlanmış ve yaşa bağlı maküler dejenerasyonu incelemiştir; bu çalışmada 96 vaka, 50 kontrol ve sınırlı sayıda tek nükleotid polimorfizmi (SNP) kullanılmıştır (Klein ve ark., 2005). 2008 yılında ise, çiftlik hayvanları üzerinde yapılan çalışmalar, balık pulu hastalığı (ichthyosis fetalis) ile ilişkili sığır resesif genetik kusurlarını ortaya koymuştur. Bu tür çalışmalar, genetik kusurların önlenmesi için markör seçimine olanak tanımış ve hayvan ıslahı uygulamalarına yeni bir bakış açısı kazandırmıştır (Charlier ve ark., 2008).

Günümüzde, gelişmiş dizileme stratejileri ve düşen genotipleme maliyetleri sayesinde, daha büyük popülasyonlar ve milyonlarca varyant içeren kompleks özellik GWAS'ları yapılabilmektedir. Özelliklere dair varyantlarla ilgili birikim, çiftlik hayvanlarının ıslahında önemli ilerlemeler kaydedilmesini sağlamıştır (Tan ve ark., 2023).

1. GWAS TEKNOLOJİSİNİN TEMEL İLKELERİ

GWAS'lar, popülasyon düzeyindeki bağlantı dengesizliği (LD) ilkesine dayanmaktadır. LD, farklı lokuslardaki aleller arasındaki rastgele olmayan ilişkiyi ifade eder. Bu ilişki, evrimsel kuvvetler, örneğin mutasyon, genetik sürüklenme ve doğal seçim tarafından oluşturulur ve rekombinasyonla bozulur (Hartl ve ark., 1997). Genellikle, fiziksel olarak birbirine yakın olan lokuslar, daha uzak lokuslara kıyasla daha güçlü LD gösterir. Popülasyon büyüklüğü arttıkça, belirli bir mesafedeki LD zayıflar (Hill ve Robertson, 1968). Bağlantı analizi, soy ağlarındaki büyük LD'yi kullanarak genetik işaretleme yapar. LD'nin azalma mesafesi, bir haplotipi işaretlemek için gereken genetik markör sayısını belirler ve bu markörlerin sayısı, popülasyondaki segregasyon yapan varyantların sayısından çok daha küçük olur. Örneğin, insan genomunda yaklaşık 500.000 yaygın SNP, Afrika dışındaki popülasyonlarda yaygın varyasyonu işaretlemek için yeterlidir, oysa toplamda 10 milyonun üzerinde yaygın SNP bulunur (International HapMap Consortium ve ark., 2005).

GWAS çalışmaları, tarihsel evrimsel kuvvetlerin etkisiyle oluşmuş olan DNA varyantları arasındaki korelasyon yapısı (yani bağlantı dengesizliği, LD) üzerine kuruludur ve bu yapıyı kullanır. DNA varyantları ile bir özellik arasındaki ilişkiyi tespit etme gücü; deneysel örneklem büyüklüğüne, popülasyonda segregasyona uğrayan (bilinmeyen) nedensel genetik varyantların etki büyüklüğü dağılımına, bu varyantların frekansına

ve gözlemlenen genotiplenmiş DNA varyantları ile bilinmeyen nedensel varyantlar arasındaki LD'ye bağlıdır.

Bu nedenle, belirli bir özellik veya hastalık için GWAS'ın başarı potansiyeli şu faktörlere bağlıdır:

1. Özelliği etkileyen kaç lokusun popülasyonda segregasyona uğradığı,
2. Bu lokuslardaki etki büyüklüğü ile alel frekansı arasındaki ortak dağılım (genetik mimari),
3. Deneysel örneklem büyüklüğü,
4. GWAS'ta kullanılan genom çapındaki varyant paneli,
5. İncelenen özelliğin veya hastalığın heterojenliği.

Eğer belirli bir özellik veya hastalığın genetik yapısı önceden bilinseydi, belirli varyantları tespit etmek için en uygun deneyler tasarlanabilirdi. Ancak, alel frekansı ile özellik lokusları arasındaki ilişkiye dair birçok teorik çalışma olmasına rağmen, GWAS'ların başlamasına kadar teorik modellerin öngörülerini doğrulamak için çok az ampirik veri bulunmaktaydı.

GWAS'ların yapılabilmesini sağlayan en önemli etmenlerden biri, nispeten ucuz SNP dizileri (array'leri) kullanmanın mümkün olmasıdır. Yaygın olarak kullanılan SNP dizileri içerik açısından farklılık göstermekle birlikte, genellikle 200.000 ile 2.000.000 SNP içerir. Şu ana kadar GWAS'larda taranan genetik varyantların çoğu, popülasyonda yaygın olup, küçük alel frekansı (MAF) %1'den büyük olanlardır.

GWAS yalnızca yaygın varyantlara dayalı dizilim çalışmalarıyla sınırlı değildir; tüm genom dizilemesi (WGS) verileri kullanılarak yapılan ilişkilendirme çalışmaları da GWAS kapsamında değerlendirilebilir. SNP dizilerine dayalı GWAS ile WGS kullanan GWAS'lar arasında süreklilik bulunur; temel fark (maliyet dışında), genomdaki varyasyonların kapsama yoğunluğu ve varyantların MAF spektrumudur (Visscher ve ark., 2017).

Genetik varyantlar arasındaki LD genellikle kare korelasyon katsayısı (r^2) ile ölçülür çünkü bu ölçü, gözlemlenen bir genotip ile gözlemlenemeyen nedensel bir varyant arasındaki ilişkiyi tespit etmek için gereken örneklem büyüklüğüyle doğru orantılıdır. LD r^2 değeri, yalnızca iki lokustaki alel frekanslarının uyumlu olması durumunda yüksek olabilir, bu da neden yaygın SNP dizilerine dayalı GWAS'ların nadir nedensel varyantlarla ilişkili bulguları tespit etmekte yeterince güçlü olmadığını açıklar.

Gözlemlenemeyen varyantların istatistiksel imputasyonu, gözlemlenen genotipler ile gözlemlenemeyen nedensel varyantlar arasındaki kusurlu LD nedeniyle kaybedilen bilginin bir kısmını geri kazandırabilir.

İmputasyon, gözlemlenen çoklu SNP'lerden türetilen haplotiplerin ve tam dizilenmiş bir referans panelinden elde edilen haplotiplerin kullanılmasıyla gözlemlenemeyen genetik varyantların genotiplerinin tahmin edilmesini sağlar.

Son on yılda, GWASdb (Li ve ark., 2016; Li ve Ark., 2012), GWAS Catalog (MacArthur ve ark., 2017; Welter ve ark., 2014), GWASCentral (Beck ve ark., 2014) ve AraGWAS Catalog (Togninalli ve ark., 2018) gibi çeşitli kaynaklar geliştirilerek kamuya açık GWAS ilişkileri sunulmuştur. Bu kaynaklar arasında GWAS Catalog ve AraGWAS Catalog, önemli veritabanlarıdır. İnsanlara yönelik özel bir kaynak olan GWAS Catalog, 4085 yayından elde edilen 7230 çalışmadan türetilmiş toplam 149.855 anlamlı ilişkiyi ($P < 1 \times 10^{-5}$) içermekte olup (Ağustos 2019 itibarıyla) (Buniello ve ark., 2019), insan fenotipleri ve hastalıklarının genetik temellerini çözümlemede yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Arabidopsis için düzenlenmiş ve standartlaştırılmış bir GWAS ilişkileri veritabanı olan AraGWAS Catalog (Togninalli ve ark., 2018) ise, 167'den fazla özellik ve 222.000'den fazla varyant-özellik ilişkisini entegre ederek Arabidopsis araştırmaları için önemli bir kaynak oluşturmuştur (Tian ve ark., 2020).

2. HAYVANCILIKTA GWAS UYGULAMALARI

Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), hayvancılıkta ekonomik açıdan önemli özelliklerin genetik temellerinin aydınlatılmasında kullanılan güçlü bir moleküler genetik analiz yöntemidir. GWAS, tüm genom boyunca yaygın olarak bulunan dizi varyasyonlarını özellikle tek nükleotid polimorfizmleri (SNP) fenotipik veriler ve soy bilgisiyle birlikte analiz ederek, hedeflenen özelliklerle ilişkili genetik lokusları ve düzenleyici elementleri belirlemeyi amaçlar. Bu yaklaşım, klasik QTL (quantitative trait loci) haritalama yöntemlerine kıyasla, daha yüksek çözünürlükte analiz imkânı sunmakta ve küçük etki büyüklüğüne sahip nedensel varyantları tespit etmede üstünlük sağlamaktadır (Hirschhorn ve Daly, 2005).

GWAS metodolojisinin uygulanabilirliği, büyük SNP panellerinin geliştirilmesi ve genotipleme maliyetlerinin düşmesiyle hem insan tıbbında hem de hayvan ıslahında önemli bir ivme kazanmıştır (Visscher ve ark., 2017; Buniello ve ark., 2019). Hayvancılıkta, özellikle sığır, koyun, domuz ve kümes hayvanları gibi türlerde yürütülen GWAS projeleri, verimlilik, büyüme hızı, et ve süt kalitesi, doğurganlık, hastalık direnci gibi çok sayıda karmaşık özelliğin genetik kontrol mekanizmalarının anlaşılmasına katkı sağlamıştır (Tan ve ark., 2023; Ghosh ve ark., 2018). Bu çalışmalar, hem doğrudan ıslah uygulamalarına yön vermekte hem de temel biyolojik süreçlerin anlaşılmasını desteklemektedir.

GWAS'ın temel dayanağı, popülasyon düzeyindeki bağlantı dengesizliği (linkage disequilibrium, LD) yapısıdır. LD, belirli alellerin, genetik rekombinasyonla rastgele dağılmadığı durumlarda gözlemlenen alelik korelasyonlarıdır ve mutasyon, genetik sürüklenme, doğal seçim ve popülasyon tarihi gibi evrimsel kuvvetlerin etkisiyle şekillenir (Hartl ve ark., 1997; Hill ve Robertson, 1968). Bu yapının çözümü sayesinde, gözlemlenen SNP'ler üzerinden gözlemlenemeyen nedensel varyantlara ilişkin çıkarımlar yapılabilen, ayrıca imputasyon teknikleri ile eksik veriler tahmin edilebilmektedir (Altshuler ve ark., 2005).

Günümüzde GWAS, sadece SNP dizileri ile sınırlı kalmayıp, tüm genom dizileme (whole genome sequencing, WGS) verileri kullanılarak da gerçekleştirilebilmektedir. Bu, yaygın varyantların ötesine geçerek nadir varyantların da genetik ilişkilendirme analizlerine dâhil edilmesini sağlamaktadır (Visscher ve ark., 2017). Öte yandan, GWAS'ın başarısı; örneklem büyüklüğü, genetik mimarinin yapısı, kullanılan varyant panelinin kapsamı ve analiz edilen özelliğin biyolojik heterojenliği gibi birçok faktöre bağlıdır.

Hayvan genetik ıslahında GWAS'ın etkin kullanımı, sadece genetik ilerlemenin hızlandırılmasını değil, aynı zamanda genetik hastalıkların önlenmesini, bireysel seleksiyon stratejilerinin optimize edilmesini ve çevresel adaptasyonun artırılmasını da mümkün kılmaktadır (Charlier ve ark., 2008; Liu ve Yan, 2019). Ayrıca, oluşturulan kamuya açık veri tabanları—örneğin GWAS Catalog (Buniello ve ark., 2019) ve hayvanlara yönelik özel veri platformları—bu bilgilerin araştırma toplulukları arasında paylaşılmasını ve yeniden analiz edilmesini kolaylaştırarak, alanın gelişimini daha da hızlandırmaktadır.

Tablo 1, son yıllarda hayvancılık ve kümes hayvanlarında GWAS teknolojisinin çeşitli uygulama alanlarını özetlemektedir. Bu uygulamalar, türler arası karşılaştırmalı genomik çalışmaların da temelini oluşturarak, hayvan biyolojisine dair evrimsel ve fonksiyonel bakış açıları geliştirilmesine katkıda bulunmaktadır.

Tablo 1. Hayvancılık ve Kümes Hayvancılığı Araştırmalarında GWAS Teknolojisinin Uygulanması

Tür	İrk	Araştırma Özellikleri	Gen	Kaynak
Sığır	Endonezya sığırları	Vücut ağırlığı	<i>SUGT1, SF3A3, DSCAM</i>	Putra ve ark. (2024)
	Kanada Holstein sığırları	Üreme	<i>CSh, FSTCc, NRRh</i>	Oliveira ve ark. (2024)
	Qinchuan sığırları	Vücut yapısı	<i>ADAMTS17, ALDH1A3, CHSY1, MAGEL2, MEF2A, SYNM, CNTNAP5, CTNNA3</i>	Yu ve ark. (2023)
	Brezilya et sığırları	Karkas ve et kalite özellikleri	<i>CAST, PLAG1, XKR4, PLAGL2, AQP3/AQP7, MYLK2, WWOX, CARTPT, PLA2G</i> , vb.	Arikawa ve ark. (2024)
Koyun	İspanyol Merino koyunu	Kaliteli yün	<i>EDN2, COL18A1, LRP1B, FGF12, ADAM17</i>	Anaya ve ark. (2024)
	ABD mera koyunları	Uzun ömürlülük ve üreme	<i>LPL, ANOS1, ARHGEF26, ASIC2, ASTN2, ATP8A2, CAMK2D</i> , vb.	Smitchger ve ark. (2024)
	Kolombiyalı Creole kıl koyunu	Et kalitesi	<i>ELOVL2, ARAP2, IBN2, TPM2</i> , vb.	Revelo ve ark. (2023)
	Jinhua × Pietrain	Et rengi	<i>ZBTB17, FAM131C, KIFC3, NTPCR</i> , vb.	Liu ve ark. (2024)
D o - muz	Yorkshire domuzları	Üreme özellikleri	<i>ELMO1, AOA, INSIG2, NUP205, LYPLAL1</i> , vb.	Zhang ve ark. (2023)
	Duroc × Landrace × Yorkshire	Karkasın ekonomik özellikleri	<i>TIMP2, EML1, SMN1</i>	Zhou ve ark. (2023)
	Duroc × Saba, Yorkshire × (Landrace × Saba)	Et kalite özellikleri	<i>GRM8, ANKRD6, MACROD2, CDYL2, CHL1</i> , vb.	Wang ve ark. (2023)

Kümes Hay.	Wenchang tavukları	Yem verimliliği ve büyüme özellikleri	<i>PLCE1, LAP3, MED28, QDPR, LDB2 ve SEL1L3</i>	Cai ve ark. (2024)
	İtalyan yerel tavukları	Sap ve yumurta kabuğu rengi	<i>MTAP, CDK-N2A, CDKN2B, SL-C7A11 ve MITF</i>	Perini ve ark. (2024)
	Wenshang Barred, Resesif Beyaz, Luxi Mini	Vücut ağırlığı ve boyutu	<i>LCORL, LDB2 ve PPARGC1A</i>	Wang ve ark. (2024)
	Rhode Island Red tavukları	Yumurta kabuğu dayanıklılığı	<i>FRY ve PCNX2</i>	Chen ve ark. (2024)
	Tibet tavuğu, Wenchang tavuğu vb.	Göğüs kası yağ asidi bileşimi	<i>ENO1, ADH1, ASA1, ADH1C, PIK3CD, WISP1, AKT1, PANK3, C1QTNF2</i>	Fan ve ark. (2023)

GWAS, geleneksel genetik araştırma yöntemlerine kıyasla bir dizi önemli avantaj sunmakta ve modern genetik analizlerin temel yaklaşımlarından biri olarak öne çıkmaktadır. Bu yöntemin başlıca üstünlükleri arasında, mutasyon bölgelerinin yüksek doğrulukla belirlenebilmesi, soy bağımsız olarak bağlantı dengesizliği (LD) ve SNP verilerinin etkin biçimde kullanılabilmesi ile yeni aday genlerin keşfedilebilmesi yer almaktadır (Xu ve ark., 2023). GWAS, aynı zamanda biyolojik sistemlerin işleyişine dair yeni moleküler mekanizmaların ortaya konmasına ve karmaşık özelliklerin ırklar arası genetik çeşitliliğine ilişkin daha derin içgörüler elde edilmesine olanak tanır. Gelişmiş bilgi akışı (flux) analizi, artırılmış istatistiksel güç, zaman kazancı ve düşük maliyetli genotipleme olanakları da GWAS'ın temel faydaları arasında gösterilmektedir (Ho ve ark., 2020). Dahası, GWAS verilerinin çeşitli biyoinformatik ağlar ve analiz platformları aracılığıyla paylaşılabirliği, bu yöntemin yalnızca gen tanımlamanın ötesinde çok boyutlu biyolojik yorumlara katkı sağlamasını mümkün kılmaktadır.

Bununla birlikte, GWAS yönteminin bazı sınırlılıkları da bulunmaktadır. Öncelikle, genetik geçmiş çeşitliliği yüksek olan popülasyonlarda ortaya çıkan nüfus tabakalaşması, yanlış pozitif ilişkilere yol açabilmekte ve bu nedenle analizlerde popülasyon yapısının uygun şekilde kontrol edilmesini zorunlu kılmaktadır (He ve ark., 2023). Ayrıca, GWAS sonuçlarının farklı çalışmalar arasında tutarlılığının düşük olması, özellikle SNP etkilerinde gözlemlenen heterojenlik nedeniyle tekrarlanabilirliğin sınırlı kalmasına neden olmaktadır (Ma ve ark., 2023; Shriner ve ark., 2007). Çoğu zaman GWAS ile belirlenen lokuslar, fenotipik varyasyonun yalnızca sınırlı bir

kısmını açıklayabilmektedir; bu durum, yapısal varyantlar, nadir varyantlar ve epigenetik düzenleyiciler gibi diğer genomik bileşenlerin de dikkate alınmasını gerektirmektedir (Mkize ve ark., 2021).

Ek olarak, GWAS'ın genom genelinde tarama yaklaşımı, genetik ağlar ve transkripsiyonel düzenleyici mekanizmalar gibi çok genli etkileşimlerin analize entegrasyonunu sınırlandırmakta, bu da düşük etkili kantitatif özellik lokuslarının (QTL) tespiti açısından yetersizliklere yol açmaktadır (Puig-Oliveras ve ark., 2016). Yöntemin yalnızca DNA düzeyinde veri üretmesi, moleküler düzeyde fonksiyonel biyolojik çıkarımlar yapılmasını da zorlaştırmaktadır. Ayrıca, çok sayıda hipotezin eş zamanlı olarak test edilmesi gerekliliği, minimal etkiye sahip varyantların tespit edilmesini güçleştirmekte ve yanlış negatif sonuçların artmasına neden olabilmektedir (Baron ve ark., 2023).

3. TÜR BAZINDA GWAS ÇALIŞMALARI

3.1. Sığır

GWAS, hayvan ıslahında ekonomik önemi yüksek olan birçok özellik için genetik temelin aydınlatılmasında etkin biçimde kullanılmaktadır. Özellikle süt verimi, süt kalitesi, doğurganlık, büyüme, et kalitesi ve hastalık direnci gibi karmaşık özelliklerin genetik arka planını ortaya koymak amacıyla gerçekleştirilen GWAS çalışmaları, bu özelliklerle ilişkili çok sayıda tek nükleotit polimorfizmini (SNP) tanımlamıştır.

Örneğin, süt verimi üzerine yapılan dört farklı GWAS çalışmasında toplam 734 SNP tanımlanmış olup, bu SNP'lerin çoğunluğu *Bos taurus* kromozomları (BTA) 8, 9, 10, 11, 13, 25 ve 29'da yoğunlaşmıştır. Bu çalışmalar, süt verimi ile ilişkili en önemli varyantlardan birinin DGAT1 genine yakın konumlandığını ortaya koymuştur (Hayes ve ark., 2009; Mai ve ark., 2010). Benzer şekilde, süt kalitesiyle (özellikle yağ asidi bileşimi ile protein ve yağ oranı) ilişkili dört ayrı çalışmada BTA 5, 6, 11, 14, 19 ve 26 üzerinde toplam 547 SNP belirlenmiştir. Bu SNP'ler; ABCG2, PPAR-GC1A, ACSS2, DGAT1, ACLY, SREBF1, STAT5A, GH, FASN, SCD1 ve AGPAT6 gibi süt sentezi ve metabolizmasında rol oynayan genlerle bağlantılı bulunmuştur (Pryce ve ark., 2010; Bouwman ve ark., 2011).

Doğurganlık özelliklerine (örneğin döllenme oranı, blastosist oluşumu, buzağılama sıklığı) yönelik dört çalışmada ise, toplam 198 önemli SNP saptanmış; bunlar çoğunlukla BTA 3, 4, 5, 6, 10, 12, 13, 18, 19, 20, 24 ve 25'te yer almıştır. Bu SNP'lerle ilişkili genler arasında COL1A2 ve ITGB5 öne çıkmıştır. Özellikle ITGB5 geninin sperm fertilizasyon sürecinde işlevsel bir role sahip olduğu gösterilmiştir (Feugang ve ark., 2009; Sahana ve ark., 2011).

Büyüme performansı üzerine yapılan GWAS çalışmalarında (Snelling ve ark., 2010; Bolormaa ve ark., 2011a), toplamda 306 SNP tanımlanmış olup, bu varyantların BTA 3, 5, 7 ve 8'de yoğunlaştığı belirtilmiştir. Et kalitesi (kas içi yağ oranı) ve karkas özellikleri (longissimus kası genişliği, kuyruk yağı miktarı) ile ilişkili çalışmalarda ise sırasıyla 87 ve 127 SNP tespit edilmiştir (Bolormaa ve ark., 2011b).

Hastalıklara direnç açısından yapılan GWAS çalışmaları da dikkat çekicidir. Örneğin, sığır süngerimsi ensefalopatisi (BSE) üzerine yapılan bir analizde, BTA1 üzerindeki 29.15 Mb lokusunda bir SNP ile hastalık arasında anlamlı bir ilişki saptanmış; ayrıca BTA14'te de istatistiksel olarak anlamlılığa yakın bir bölge tanımlanmıştır (Murdoch ve ark., 2011). Sığır tüberkülozu (TB) ile ilişkili bir çalışmada ise BTA22 üzerindeki bir bölgede yer alan SLC6A6 geni ile ilişkili üç SNP tespit edilmiştir (Finlay ve ark., 2012). Benzer şekilde, Paratuberculosis hastalığı ile bağlantılı olarak çeşitli kromozomlarda SNP'ler tanımlanmıştır (Minozzi ve ark., 2012).

Genetik hastalıklar ve fenotipik anomaliler de GWAS çalışmalarıyla aydınlatılmıştır. Örneğin, Dominant Beyaz Fenotip ve işitme kaybı gibi kalıtsal özelliklerin genetik nedenlerini inceleyen çalışmada, yüksek yoğunluklu 770K SNP çipi kullanılarak yapılan analiz sonucunda, BTA22 üzerinde MITF geninin ve özellikle bu genin 7. ekzonundaki bir mutasyonun fenotip ile ilişkilendirildiği gösterilmiştir (Philipp ve ark., 2011).

3.2. Koyun

Koyunlarda GWAS kullanımı, özellikle morfolojik ve kalıtsal hastalık özelliklerinin genetik temellerini anlamaya yönelik ilk çalışmalardan itibaren önemli bulgular üretmiştir. Bu çalışmalardan ilki, Johnston ve arkadaşları (2011) tarafından gerçekleştirilmiş olup, koyunlardaki boynuz tiplerinin kalıtımını incelemiştir. Araştırmada yaklaşık 36.000 SNP kullanılarak yapılan genom çapında ilişkilendirme analizi sonucunda, RXFP2 (Relaxin/insulin-like family peptide receptor 2) geninin boynuz gelişiminde başlıca aday gen olduğu belirlenmiştir. RXFP2 geni, insanlarda ve farelerde birincil cinsel özelliklerin belirlenmesinde önemli bir rol oynamaktadır (Ferlin ve ark., 2008; Yuan ve ark., 2010). Söz konusu çalışmada RXFP2, erkek bireylerde boynuz boyutunu etkileyen önemli bir nicel özellik lokusu (QTL) olarak tanımlanmış ve bu genin varyasyonunun boynuz uzunluğundaki fenotipik varyasyonun %76'sını açıkladığı rapor edilmiştir. Bu oran, insan çalışmalarında genetik varyasyonların çoğunlukla yalnızca küçük bir kısmını açıklayabildiği bulgularla karşılaştırıldığında dikkat çekici bir büyüklüktedir.

Koyunlarda GWAS uygulamasının başka bir önemli örneği, Zhao ve ark. (2011) tarafından gerçekleştirilen ve Corriedale ırkında kalıtsal raşi-

tizmin genetik temellerini araştıran çalışmadır. Araştırma kapsamında koyun kromozomu 6 üzerinde yaklaşık 6 Mb uzunluğunda homozigot bir bölge tanımlanmış ve bu bölge içindeki DMP1 (Dentin Matrix Acidic Phosphoprotein 1) geninde yer alan kritik bir mutasyon tespit edilmiştir. Ekson 6'da yer alan 250C>T geçişi, R145X olarak adlandırılan bir durdurma kodonuna neden olmuş ve böylece proteinin C-terminal ucundaki amino asit dizisinin kesilmesine yol açmıştır (Koshida ve ark., 2010; Feng ve ark., 2006). Genotipleme sonuçlarında, raşitizmden etkilenen tüm bireylerin TT genotipine sahip olduğu, taşıyıcı bireylerin CT ve sağlıklı bireylerin ise CC genotipi taşıdığı belirlenmiştir. Bu mutasyonun, Corriedale koyunlarında kalıtsal raşitizm fenotipiyle doğrudan ilişkili olduğu bildirilmiştir.

Bu iki çalışma, koyunlarda GWAS yönteminin morfolojik özellikler ve kalıtsal hastalıklarla ilgili aday genleri yüksek doğrulukla tanımlamada ne denli etkili olduğunu ortaya koymaktadır. Ayrıca bu bulgular, türler arası genetik varyasyonun ve fenotipik ifadenin farklılıklarını vurgulamak açısından da önem arz etmektedir.

3.3. Domuz

Domuz genomu üzerinde gerçekleştirilen genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), hem üretim hem de üreme özellikleriyle ilişkili çok sayıda genetik belirtecin ortaya çıkarılmasına katkı sağlamıştır. Özellikle androstenon, skatol gibi boar taint'e (erkek domuz kokusu) neden olan bileşenlerin düzeyleri ile ilişkili genetik varyasyonların aydınlatılması bu alandaki öncü araştırmalardan biri olmuştur. Duijvesteijn ve ark. (2010) tarafından yürütülen bir çalışmada, *Illumina PorcineSNP60 BeadChip* kullanılarak 987 erkek domuzun genotipi belirlenmiş ve androstenon seviyeleri ile domuz kromozomları 1 ve 6'da yer alan toplam 37 SNP arasında anlamlı ilişki saptanmıştır. Özellikle kromozom 6'daki geniş bir bölge, androjenlerin sentezi ve metabolizmasında görev alan çeşitli aday genleri içermekte olup, androstenon biyosentezinin genetik kontrolüne dair önemli ipuçları sunmaktadır.

Benzer şekilde, Ramos ve ark. (2011) tarafından gerçekleştirilen başka bir çalışmada, skatol düzeylerinin genetik belirleyicileri araştırılmış ve kromozom 6'nın proksimal bölgesinde 16 SNP ile skatol düzeyleri arasında anlamlı ilişki belirlenmiştir. Ancak bu bölgede öne çıkan güçlü aday genlerin varlığına dair doğrudan bir bulgu elde edilememiştir.

Grinflek ve ark. (2011), yaban domuzu lekeli fenotipi üzerine yaptıkları GWAS çalışmasında, ticari Landrace ve Duroc ırklarında 28 farklı kromozomal bölge saptamış; bu bölgelerin özellikle kromozom 1, 2, 3, 5, 6, 7, 10, 11, 13, 14 ve 15 üzerinde kümелendiğini ortaya koymuştur. Bu tür

fenotipik varyasyonların genetik arka planını ortaya koymak, ırk farklılıklarının moleküler düzeyde anlaşılmasına katkı sağlamaktadır.

Üreme performansı açısından bakıldığında, Sironen ve ark. (2010) tarafından yapılan GWAS çalışması, domuz kromozomu 15 üzerinde yaklaşık 0.7 Mb'lık bir bölgede yer alan STK17b ve HECW2 genlerini öne çıkarmıştır. Özellikle HECW2 genindeki bir SNP'nin, spermatogenezin ileri evrelerinde görülen düğümlü akrozom defekti (KAD) ile ilişkili olduğu gösterilmiştir. Bu bulgu, erkek infertilitesiyle ilişkili genetik bozuklukların erken tanımlanması açısından önemli bir ilerleme sağlamaktadır.

Fan ve ark. (2011) tarafından yapılan GWAS çalışmasında, ayak ve bacak yapısı, sırt yağı kalınlığı ve bel kası alanı gibi performans özellikleri incelenmiş ve tespit edilen bazı kromozomal bölgelerin daha önce bildirilen QTL'lerle örtüştüğü saptanmıştır. Aynı zamanda bu çalışmada MC4R, IGF2, BMP2, CHCHD3 ve HOXA gibi yeni aday genler de tanımlanmıştır. Bu genlerin, büyüme ve vücut kompozisyonu ile ilgili önemli fizyolojik süreçlerde yer aldığı bilinmektedir.

Domuzlarda şişmanlık ile ilgili olarak Ponsuksili ve ark. (2011), karaciğer transkriptom düzeylerini de içeren bir GWAS gerçekleştirmiş ve 663 genin transkript düzeyleri ile şişmanlık fenotipi arasında ilişki kurmuştur. Bu genlere ait toplam 4.727 ifade edilen QTL (eQTL) belirlenmiş ve böylece genetik regülasyonun karmaşık yapısına dair önemli veriler sunulmuştur.

Son olarak, Ren ve ark. (2011) tarafından Tibet ve Kele domuzlarında yürütülen bir GWAS çalışmasında, kahverengi kürk rengi ile TYRP1 geninde yer alan c.1484_1489del delesyonu arasında güçlü bir ilişki bulunmuştur. Söz konusu mutasyonun, kahverengi pigmentasyon fenotipini belirlemede kritik rol oynadığı gösterilmiştir. Bu çalışma, morfolojik varyasyonların moleküler genetik düzeyde açıklanmasına önemli katkılar sağlamaktadır.

3.4. Tavuk

Tavuklarda gerçekleştirilen genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), ekonomik öneme sahip çok sayıda fenotipik özelliğin genetik temelini aydınlatılmasına katkı sağlamaktadır. Bu kapsamda, Abasht ve Lamont (2007) tarafından yürütülen ilk GWAS çalışması, iki farklı F₂ tavuk popülasyonu kullanılarak karın yağlanması (abdominal fat, AF) ile ilişkili SNP'lerin belirlenmesini hedeflemiştir. Toplam 3.000 SNP'nin kullanıldığı çalışmada, her iki popülasyonda sırasıyla 15 ve 24 SNP'nin AF ile anlamlı düzeyde ilişkili olduğu gösterilmiştir. Söz konusu SNP'ler 10 farklı kromozoma yayılmış olup, daha ileri analizlerde bu varyantların

gizli alellerle bağlantılı nicel özellik lokusları (QTL) ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. Araştırma, heterozisin söz konusu popülasyonlarda önemli bir etkisi olduğunu ortaya koymuş ve ayrıca epistatik etkileşimlerin hem heterozis hem de gizli alel ekspresyonu açısından ortak bir genetik mekanizma olabileceğini öne sürmüştür.

Tavuk vücut ağırlığı üzerine yapılan bir başka GWAS çalışmasında, Gu ve ark. (2011) tarafından, dokuz SNP ile bu özelliğin ilişkili olduğu belirlenmiştir. Bu SNP'lerin, tavuk kromozomu 4 üzerinde yaklaşık 8,6 Mb'lık bir bölgeye yoğunlaştığı ve bu bölgede yer alan LDB2 geninin, 7 ila 12 haftalık yaş aralığında vücut ağırlığı ile güçlü korelasyon gösterdiği saptanmıştır.

Tavuk büyümesi üzerine yapılan daha geniş kapsamlı bir GWAS ise Xie ve ark. (2012) tarafından gerçekleştirilmiştir. Çalışmada, 18 farklı büyüme özelliğiyle ilişkili toplam 257 SNP etkisi tanımlanmıştır. Bu etkilerin büyük bir kısmının tavuk kromozomu 1 üzerinde yer aldığı ve özellikle 1,5 Mb'lık bir bölgenin büyüme ile en güçlü ilişkiyi gösterdiği rapor edilmiştir. Bu bulgular, büyüme ile ilgili karmaşık genetik ağların daha iyi anlaşılmasına olanak sağlamaktadır.

Yumurta üretimi ve kalite özelliklerine yönelik bir diğer GWAS çalışmasında, Liu ve ark. (2011), Beyaz Leghorn ve Kahverengi Yumurtacı Cüce Tavuklar popülasyonlarını kullanmıştır. Bu çalışmada, yumurta üretim kapasitesi ve kalite özellikleri ile bağlantılı sekiz önemli SNP belirlenmiş; bu SNP'lerin GRB14 ve GALNT1 gibi yumurtalık gelişimi ve fonksiyonu ile ilişkili bilinen genlerle bağlantılı olduğu gösterilmiştir.

3.5. At

Yarış atlarında fiziksel ve fizyolojik özelliklerdeki kalıtsal çeşitlilik, özellikle kas fenotiplerinin performans üzerindeki etkisi göz önünde bulundurulduğunda büyük önem taşımaktadır. Hill ve ark. (2010a, 2010b) tarafından gerçekleştirilen bir GWAS çalışması, 118 elit safkan yarış atı üzerinde yapılmış ve yarış mesafesi yeteneği ile ilişkili en önemli SNP'nin, miyostatin (MSTN) geninden 690 kb uzaklıkta ve kromozom 18 üzerinde bulunduğu tespit edilmiştir. Bu bulgu, MSTN geninin, yarış atlarında performans üzerinde önemli bir etkiye sahip olabileceğini göstermektedir. MSTN, kas gelişimini inhibe eden bir gendir ve bu genin varyantları, kas kitlesi ve dayanıklılık gibi önemli performans göstergeleriyle ilişkilendirilebilir.

Orr ve ark. (2010) tarafından yapılan bir diğer GWAS çalışması, Frizya atlarında cücelik ile ilişkili SNP'leri incelemiş ve insan cüceliği ile ilişkili bilinen bir genin yakınlarında bir SNP tespit edilmiştir. Bu bulgu,

cücelik fenomeninin, genetik olarak benzer mekanizmalarla kontrol edilebileceğini ve bu genetik varyantın diğer türlerde de benzer fenotipik sonuçlar doğurabileceğini düşündürmektedir.

Lavanta Tay Sendromu (LFS), ölümcül kalıtsal bir hastalık olup, bu hastalığın genetik temelini anlamaya yönelik yapılan bir GWAS, RAB27A ve MYO5A genlerinin LFS ile ilişkili olduğunu ortaya koymuştur. MYO5A geninde bir baz delesyonu bulunmuş ve bu mutasyonun LFS için neden-sonuç ilişkisi öne sürülmüştür. Bu bulgu, LFS'nin moleküler temellerine ışık tutarak, tedavi ve genetik izleme için potansiyel hedefler sunmaktadır (Brooks ve ark. 2010).

Tekrarlayan Laringeal Nöropati (RLN), egzersiz sırasında atların solunum sisteminde anormal sesler ve performans düşüşüne yol açan bir hastalıktır. Dupuis ve ark. (2011) tarafından gerçekleştirilen bir GWAS, 234 vakada yapılan analizlerde, Sıcakkanlı atlarda 21. ve 31. kromozomlarda bulunan iki lokusun RLN ile anlamlı bir şekilde ilişkili olduğunu göstermiştir. Bu bulgular, RLN'nin genetik temellerine dair daha derin bir anlayışa sahip olmamıza katkı sağlamakta ve hastalığın tedavi stratejilerinin geliştirilmesine olanak tanımaktadır.

4. GWAS İÇİN YENİ TEKNOLOJİLER VE BİYOİNFORMATİK ARAÇLAR

Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), özellikle tarım ve hayvancılık gibi alanlarda önemli genetik özelliklerin belirlenmesinde devrim niteliğinde ilerlemeler sağlamıştır. Bu çalışmalar, organizmaların genetik yapıları ile fenotipik özellikleri arasındaki ilişkiyi çözme amaçlayan güçlü bir araç sunmakta olup, hızla gelişen teknolojik yenilikler ve biyoinformatik araçlar sayesinde daha da güçlenmiştir. Bu teknolojik gelişmeler, daha büyük ve daha karmaşık popülasyonlar üzerinde incelemeler yapabilmeyi, genetik varyasyonları daha hassas bir şekilde tespit etmeyi ve fenotipleri daha doğru şekilde tanımlamayı mümkün kılmaktadır.

Yeni nesil genetik biyoteknolojiler, GWAS'ın kapsamını ve doğruluğunu önemli ölçüde arttırmıştır. Özellikle, yüksek verimli SNP çipleri ve yüksek çözünürlüklü dizileme teknolojileri bu alanda önemli bir rol oynamaktadır. Illumina BeadChip ve PacBio gibi ileri düzey dizileme platformları, çok sayıda genetik varyantı hızlı ve doğru bir şekilde tespit etme imkânı sunmaktadır. Bu çipler, binlerce SNP'yi aynı anda tarayarak, çok geniş popülasyonlarda genetik varyasyonları keşfetmek için ideal bir çözüm sunar.

Özellikle PorcineSNP60 BeadChip ve EquineSNP50 BeadChip gibi platformlar, domuzlar, koyunlar, atlar ve diğer hayvan türleri gibi tarım ve

hayvancılıkla ilgili popülasyonlarda geniş çapta genetik varyasyonları incelemek için yaygın bir şekilde kullanılmaktadır. Bu araçlar sayesinde, çok sayıda hayvan türünde genetik varyasyonların belirlenmesi kolaylaşmış ve bu varyasyonlar ile ekonomik önemli özellikler arasında ilişkiler daha hızlı ve doğru bir şekilde saptanabilmektedir.

GWAS sonuçlarının doğru yorumlanabilmesi ve anlamlı genetik ilişkilerin ortaya konulabilmesi, biyoinformatik araçların etkin kullanımını gerektirmektedir. PLINK, TASSEL ve GCTA gibi yazılımlar, genetik verilerin analizinde ve QTL (nicel özellik lokusları) haritalamasında önemli araçlardır. Bu yazılımlar, geniş veri setleri üzerinde çalışırken, araştırmacıların genetik varyantları doğru bir şekilde eşleştirmelerini ve anlamlı ilişkilere ulaşmalarını sağlar. Ayrıca, bu araçlar, fenotipik veriler ile genetik verilerin entegre edilmesine yardımcı olur, böylece etkileşimli genetik modeller daha kapsamlı bir şekilde oluşturulabilir.

Epistaz, genler arasındaki etkileşimleri inceleyen bir alandır ve GWAS'lar bu etkileşimlerin anlaşılmasında önemli bir rol oynamaktadır. Yeni biyoinformatik araçlar sayesinde, genetik ilişkilerin sadece bireysel varyantlarla değil, aynı zamanda gen-gözlem etkileşimleriyle de anlaşılmasına olanak sağlanmıştır. Bu, genetik varyantların fenotip üzerindeki etkilerinin yalnızca belirli çevresel veya genetik koşullarda ortaya çıkabileceğini gösterir. Epistaz analizi, bu tür karmaşık etkileşimlerin daha iyi anlaşılmasını sağlar.

Genetik bulguları daha güçlü ve güvenilir hale getirmek için, birden fazla GWAS çalışmasının sonuçlarını birleştirmek de önemli bir yöntemdir. Fungur ve MetaGWAS gibi biyoinformatik araçlar, farklı çalışmaların sonuçlarını entegre ederek daha kapsamlı analizler yapılmasına olanak tanır. Bu tür araçlar, farklı popülasyonlardan elde edilen verilerin birleştirilmesine ve böylece daha geniş çaplı genetik bulguların ortaya çıkmasına imkan verir. Meta-analizler, daha küçük etki büyüklüklerine sahip olan genetik faktörlerin tespit edilmesini sağlayarak, çok sayıda farklı faktörün birlikte nasıl çalıştığını daha iyi anlamamıza yardımcı olabilir.

GWAS'ın güçlü biyoinformatik araçlar ile birleştirilmesi, sadece genetik varyasyonların tespit edilmesine olanak tanımakla kalmaz, aynı zamanda biyolojik ağlar ve mekanizmaların derinlemesine analiz edilmesine de olanak sağlar. Bu analizler, genetik varyantların nasıl etkileşimde bulunduğunu, hangi biyolojik süreçleri etkilediklerini ve bu süreçlerin hayvanlardaki ekonomik önemli özelliklerle nasıl ilişkili olduğunu ortaya koyar. Örneğin, biyolojik yollar, genetik varyantların hangi hücresel mekanizmaları etkilediğini ve bunun fenotipik sonuçlara nasıl yansıdığını anlamak için büyük önem taşır.

Sonuç olarak, GWAS için geliştirilen yeni teknolojiler ve biyoinformatik araçlar, genom çapında ilişkilendirme çalışmalarının gücünü artırmış ve bu alandaki araştırmaları daha verimli, hızlı ve doğru hale getirmiştir. Bu ilerlemeler, tarım ve hayvancılıkta daha verimli, sağlıklı ve dayanıklı hayvanların yetiştirilmesi için önemli fırsatlar sunmaktadır.

5. GELECEK ve GWAS

Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), genetik araştırmaların geleceğini şekillendirecek birçok heyecan verici yeniliğe ev sahipliği yapmaktadır. GWAS'ın geleceği, daha büyük, daha çeşitlenmiş popülasyonların ve daha derin genetik verilerin analiz edilmesiyle şekillenecek ve bu, birçok farklı alan için önemli yenilikçi fırsatlar yaratacaktır. Gelişen dizileme teknolojileri, genetik mühendislik ve sistem biyolojisi gibi alanlarda yaşanan ilerlemeler, GWAS araştırmalarının daha derinlemesine analiz edilmesini sağlayarak, genomik araştırmalara olan yaklaşımımızı köklü bir şekilde değiştirecektir. İşte bu alandaki geleceği şekillendiren temel unsurlar:

5.1. Gelişmiş Dizileme Teknolojileri ve Single-Cell Genomics

Gelişen dizileme teknolojileri, GWAS'ın doğruluğunu ve kapsamını önemli ölçüde artıracaktır. Tek hücre genomikleri gibi yenilikçi teknikler, genetik varyasyonu sadece bireysel hücreler düzeyinde analiz edebilmemizi sağlayacak, böylece organizmaların genetik yapılarındaki farklılıkları çok daha hassas bir şekilde keşfedeceğiz. Bu, özellikle karmaşık hastalıklar veya hücresel düzeyde değişen özelliklerin daha iyi anlaşılmasına olanak tanıyacaktır. Örneğin, kanser gibi hastalıkların tedavi stratejilerinde, tek hücre düzeyinde yapılan analizler, tedaviye dirençli hücrelerin tespiti ve genetik değişimlerin izlenmesi açısından önemli bir rol oynayacaktır.

Ayrıca, yüksek çözünürlüklü dizileme teknolojileri, daha fazla genetik varyasyonu tespit etme kapasitesine sahip olacak ve bu sayede karmaşık fenotiplerin (örneğin, verimlilik, hastalık hassasiyeti) genetik temelleri daha ayrıntılı bir şekilde keşfedilebilecektir. Gelişmiş dizileme, genetik verileri daha hızlı ve doğru bir şekilde toplayarak, büyük veri analizini kolaylaştıracak ve bu da GWAS'ın daha geniş popülasyonlarda uygulanabilmesini sağlayacaktır.

5.2. CRISPR-Cas9 ve Gen Düzenleme Teknolojileri

CRISPR-Cas9 ve diğer gen düzenleme teknolojilerinin daha yaygın kullanımı, GWAS bulgularının uygulamalı genetik iyileştirme stratejilerine dönüşmesini sağlayacaktır. GWAS, genetik varyasyonların belirli özel-

liklerle ilişkisini ortaya koysa da bu bilgiyi kullanarak istenilen genetik değişiklikleri yapabilmek, ancak gen düzenleme teknolojilerinin uygulanmasıyla mümkün olacaktır. Gelecekte, CRISPR gibi araçlar kullanılarak, GWAS ile tanımlanan genetik varyasyonlar doğrudan hedeflenerek, istenilen özellikler üzerinde genetik iyileştirmeler yapılabilecektir. Örneğin, verimliliği artırmak veya hastalık hassasiyetini azaltmak için belirli genetik varyantların düzenlenmesi, tarım ve hayvancılık endüstrilerinde devrim yaratabilir.

Bu teknoloji, hayvancılıkta daha dayanıklı, sağlıklı ve verimli hayvanların yetiştirilmesine olanak tanırken, aynı zamanda genetik çeşitliliğin korunmasını sağlayabilir. Ancak bu tür uygulamalar, etik ve biyogüvenlikle ilgili önemli tartışmaları da beraberinde getirecektir.

5.3. Veri Entegrasyonu ve Sistem Biyolojisi Yaklaşımları

GWAS'ın geleceği, sadece genetik verilerle değil, aynı zamanda genomik, proteomik ve metabolomik verilerin entegrasyonu ile şekillenecektir. Sistem biyolojisi yaklaşımları, bu farklı biyolojik katmanların birleştirilmesini sağlayarak daha bütünsel genetik modellerin ortaya çıkmasına olanak tanıyacaktır. Bu tür bir entegrasyon, genetik varyasyonların biyolojik süreçlerle olan ilişkisini anlamada önemli bir adım atılmasını sağlayacaktır.

Özellikle karmaşık hastalıkların veya çevresel faktörlerin etkisiyle gelişen fenotiplerin anlaşılmasında, sistem biyolojisi yaklaşımları büyük bir rol oynayacaktır. Genetik ve çevresel faktörlerin etkileşimleri, biyolojik ağlar ve metabolik yollar arasındaki ilişkiler daha derinlemesine analiz edilecek, böylece bu hastalıkların tedavileri veya yönetimi konusunda daha etkili stratejiler geliştirilebilecektir.

5.4. Hayvancılıkta Genetik Çeşitliliğin Korunması

Gelecekte, hayvancılıkta genetik çeşitliliğin korunması konusu büyük önem taşıyacaktır. Genetik çeşitlilik, türlerin hayatta kalması ve adaptasyon yetenekleri için kritik bir faktördür. GWAS, genetik çeşitliliğin korunmasına katkıda bulunarak, hayvan popülasyonlarında daha sağlıklı ve dayanıklı türlerin yetiştirilmesine yardımcı olacaktır. Bu bağlamda, hayvan ıslahı çalışmalarının yanı sıra, mikrobiyom ve çevresel faktörlerin genetik özellikler üzerindeki etkileri de önemli bir araştırma alanı olacaktır.

Gelecek yıllarda, mikrobiyomun (özellikle bağırsak mikrobiyomu) hayvanların genetik ve fenotipik özelliklerine etkisi daha fazla araştırılacaktır. Mikrobiyom ile genetik etkileşimlerin anlaşılması, hayvanların daha sağlıklı hale getirilmesi ve verimliliklerinin artırılması için yeni yol-

lar sunabilir. Ayrıca, çevresel faktörlerin genetik özellikler üzerindeki etkilerinin belirlenmesi, tarımda daha sürdürülebilir ve çevre dostu uygulamaların geliştirilmesine olanak sağlayacaktır.

Sonuç olarak, GWAS'ın geleceği, genetik teknolojilerin hızla gelişmesi ve daha geniş veri setlerinin entegrasyonu ile şekillenecektir. Bu ilerlemeler, tarım ve hayvancılık endüstrisinde önemli devrimler yaratacak, daha verimli, sağlıklı ve dayanıklı hayvanların yetiştirilmesi için yeni imkanlar sağlayacaktır. Ancak, bu yeniliklerin uygulanmasında karşılaşılabilecek etik ve çevresel sorumluluklar, araştırma topluluğu tarafından dikkatlice ele alınmalıdır.

6. SONUÇLAR ve ÖNERİLER

Genom çapında ilişkilendirme çalışmaları (GWAS), tarım ve hayvancılık gibi alanlarda önemli biyolojik ve ekonomik faydalar sağlayan güçlü bir araç olarak öne çıkmaktadır. Bu çalışma, hayvan genomunun daha derinlemesine anlaşılması ve genetik varyasyonların fenotipik özelliklere nasıl yansıdığına dair büyük bir bilgi kaynağı sunmaktadır. GWAS, belirli genetik varyasyonların biyolojik ve fenotipik özellikler üzerindeki etkilerini anlamamıza önemli katkılar sağlamış olsa da, sonuçların genellikle genetik varyasyonun yalnızca küçük bir kısmını açıkladığı görülmektedir. Bu nedenle, daha büyük, daha çeşitli popülasyonlar üzerinde yapılacak araştırmalarla, genetik varyasyonların daha geniş bir yelpazesi anlaşılabilir ve bu farklar kapanabilir.

Öneriler:

1. **Veri Çeşitliliği:** GWAS çalışmalarının kapsamı daha da genişletilmelidir. Şu ana kadar yapılan çalışmalar, belirli türler ve popülasyonlar üzerinde yoğunlaşmıştır. Ancak, daha geniş popülasyonlar ve nadir ırklar üzerinde yapılacak araştırmalar, genetik varyasyonun daha derinlemesine anlaşılmasına katkı sağlayacaktır. Farklı çevresel koşullarda ve hayvancılık uygulamalarında bulunan çeşitli türler üzerine yapılacak geniş kapsamlı çalışmalar, genetik varyasyonları daha doğru ve kapsamlı bir şekilde ortaya koyabilir.
2. **Çoklu Biyolojik Verilerin Entegrasyonu:** Genetik analizlerin yanı sıra, çevresel faktörlerin, mikroorganizmaların ve mikrobiyomun etkileri üzerine daha fazla çalışma yapılmalıdır. Mikrobiyom ve çevresel faktörlerin hayvanların genetik özellikleriyle etkileşimi, genetik özelliklerin fenotipik sonuçlar üzerindeki etkisini anlamada kritik bir rol oynamaktadır. Bu çevre-genetik etkileşimlerin daha net anlaşılması, hayvan sağlığı ve verimliliği gibi konularda yeni yaklaşımların geliştirilmesine olanak sağlayabilir.

3. Gelişmiş Biyoinformatik Araçlarının Kullanımı: Yeni teknolojiler ve biyoinformatik yazılımlarının entegre edilmesiyle, GWAS sonuçları daha verimli ve doğru bir şekilde analiz edilebilir. PLINK, TASSEL, GCTA gibi mevcut araçların yanı sıra, yeni nesil biyoinformatik yazılımlarının kullanımı, verilerin daha doğru bir şekilde yorumlanmasını ve daha sağlam sonuçların elde edilmesini sağlayacaktır. Ayrıca, biyolojik anlam taşıyan genetik bulgular, daha hızlı bir şekilde tarımsal ve hayvansal ıslah çalışmalarına dönüştürülebilecektir. Bu durum, hayvan ıslahını hızlandıracak ve daha verimli, sağlıklı hayvan popülasyonlarının oluşturulmasına yardımcı olacaktır.

Sonuç olarak, GWAS çalışmaları, genom çapında ilişkilendirme yaparak hayvanlarda önemli biyolojik özelliklerin ve hastalıkların genetik temellerini anlamamıza yardımcı olmaktadır. Teknolojik gelişmeler ve biyoinformatik araçların entegrasyonu, bu araştırmaların daha geniş çapta ve daha doğru bir şekilde yapılmasını sağlayacaktır. Gelecekte, genetik bilgilerin daha etkin kullanımı ve daha kapsamlı analizler ile bu alan daha da ilerleyecek ve tarım ile hayvancılık alanlarında daha etkili ve sürdürülebilir uygulamalar ortaya koyulacaktır.

KAYNAKLAR

- Abasht, B., & Lamont, S. J. (2007). Genome-wide association analysis reveals cryptic alleles as an important factor in heterosis for fatness in chicken F2 population. *Animal Genetics*, 38(5), 491-498.
- International HapMap Consortium, Altshuler, D., Donnelly, P., et al. (2005). A haplotype map of the human genome. *Nature*, 437(7063), 1299-1320.
- Anaya, G., Laseca, N., Granero, A., Ziadi, C., Arrebola, F., Domingo, A., & Molina, A. (2024). Genomic characterization of quality wool traits in Spanish Merino sheep. *Genes*, 15(6), 795.
- Arikawa, L. M., Mota, L. F. M., Schmidt, P. I., Frezarim, G. B., Fonseca, L. F. S., Magalhães, A. F. B., Silva, D. A., Carvalheiro, R., Chardulo, L. A. L., & de Albuquerque, L. G. (2024). Genome-wide scans identify biological and metabolic pathways regulating carcass and meat quality traits in beef cattle. *Meat Science*, 209, 109402.
- Beck, T., Hastings, R. K., Gollapudi, S., Free, R. C., & Brookes, A. J. (2014). GWAS Central: A comprehensive resource for the comparison and interrogation of genome-wide association studies. *European Journal of Human Genetics*, 22(8), 949-952.
- Bolormaa, S., Hayes, B. J., Savin, K., Hawken, R., Barendse, W., Arthur, P. F., Herd, R. M., & Goddard, M. E. (2011). Genome-wide association studies for feedlot and growth traits in cattle. *Journal of Animal Science*, 89(6), 1684-1697.
- Bolormaa, S., Neto, L. R., Zhang, Y. D., Bunch, R. J., Harrison, B. E., Goddard, M. E., & Barendse, W. (2011). A genome-wide association study of meat and carcass traits in Australian cattle. *Journal of Animal Science*, 89(6), 2297-2309.
- Bouwman, A. C., Bovenhuis, H., Visker, M. H., & van Arendonk, J. A. (2011). Genome-wide association of milk fatty acids in Dutch dairy cattle. *BMC Genetics*, 12, 43.
- Brooks, S. A., Gabreski, N., Miller, D., Brisbin, A., Brown, H. E., Streeter, C., Mezey, J., Cook, D., & Antczak, D. F. (2010). Whole-genome SNP association in the horse: Identification of a deletion in myosin Va responsible for Lavender Foal Syndrome. *PLoS Genetics*, 6(11), e1000909.
- Buniello, A., MacArthur, J. A. L., Cerezo, M., Harris, L. W., Hayhurst, J., Malan-gone, C., McMahon, A., Morales, J., Mountjoy, E., Sollis, E., et al. (2019). The NHGRI-EBI GWAS Catalog of published genome-wide association studies, targeted arrays and summary statistics. *Nucleic Acids Research*, 47(D1), D1005-D1012.
- Bush, W. S., & Moore, J. H. (2012). Chapter 11: Genome-wide association studies. *PLoS Computational Biology*, 8(12), e1002822.

- Cai, K., Liu, R., Wei, L., Wang, X., Cui, H., Luo, N., Wen, J. Chang, Y., & Zhao, G. (2024). Genome-wide association analysis identifies candidate genes for feed efficiency and growth traits in Wenchang chickens. *BMC Genomics*, 25(1), 645.
- Charlier, C., Coppieders, W., Rollin, F., Desmecht, D., Agerholm, J. S., Cambisano, N., Carta, E., Dardano, S., Dive, M., Fasquelle, C., Frennet, J.-C., Hanset, R., Hubin, X., Jorgensen, C., Karim, L., Kent, M., Harvey, K., Pearce, B. R., Simon, P., Tama, N., Nie, H., Vandeputte, S., Lien, S., Longeri, M., Fredholm, M., Harvey, R. J., & Georges, M. (2008). Highly effective SNP-based association mapping and management of recessive defects in livestock. *Nature Genetics*, 40(4), 449-454.
- Chen, X., Li, X., Zhong, C., Jiang, X., Wu, G., Li, G., Yan, Y., Yang, N., & Sun, C. (2024). Genetic patterns and genome-wide association analysis of eggshell quality traits of egg-type chicken across an extended laying period. *Poultry Science*, 103(4), 103458.
- Chessa, B., Pereira, F., Arnaud, F., Amorim, A., Goyache, F., Mainland, I., ... & Palmarini, M. (2009). Revealing the history of sheep domestication using retrovirus integrations. *Science*, 324(5926), 532-536.
- Duijvesteijn, N., Knol, E. F., Merks, J. W., Crooijmans, R. P., Groenen, M. A., Bovenhuis, H., & Harlizius, B. (2010). A genome-wide association study on androstenedione levels in pigs reveals a cluster of candidate genes on chromosome 6. *BMC Genetics*, 11, 42.
- Dupuis, M. C., Zhang, Z., Druet, T., Denoix, J. M., Charlier, C., Lekeux, P., & Georges, M. (2011). Results of a haplotype-based GWAS for recurrent laryngeal neuropathy in the horse. *Mammalian Genome*, 22(9-10), 613-620.
- Fan, B., Onteru, S. K., Du, Z. Q., Garrick, D. J., Stalder, K. J., & Rothschild, M. F. (2011). Genome-wide association study identifies loci for body composition and structural soundness traits in pigs. *PLoS ONE*, 6(12), e14726.
- Fan, S., Yuan, P., Li, S., Li, H., Zhai, B., Li, Y., Zhang, H., Gu, J., Li, H., Tian, Y., Kang, X., Zhang, Y., & Li, G. (2023). Genetic architecture and key regulatory genes of fatty acid composition in Gushi chicken breast muscle determined by GWAS and WGCNA. *BMC Genomics*, 24(1), 434.
- Feng, J. Q., Ward, L. M., Liu, S., Lu, Y., Xie, Y., Yuan, B., Yu, X., Rauch, F., Davis, S. I., Zhang, S., Rios, H., Drezner, M. K., Quarles, L. D., Bonewald, L. F., White, K. E. (2006). Loss of DMP1 causes rickets and osteomalacia and identifies a role for osteocytes in mineral metabolism. *Nature Genetics*, 38(12), 1310-1315.
- Ferlin, A., Pepe, A., Giansello, L., Garolla, A., Feng, S., Giannini, S., Zaccolo, M., Faccioli, A., Morello, R., AgoulNIK, A. I., & Foresta, C. (2008). Mutations in the insulin-like factor 3 receptor are associated with osteoporosis. *Journal of Bone and Mineral Research*, 23(5), 683-693.

- Feugang, J. M., Kaya, A., Page, G. P., Chen, L., Mehta, T., Hirani, K., Nazareth, L., Topper, E., Gibbs, R., & Memili, E. (2009). Two-stage genome-wide association study identifies integrin beta 5 as having a potential role in bull fertility. *BMC Genomics*, 10, 176.
- Finlay, E. K., Berry, D. P., Wickham, B., Gormley, E. P., & Bradley, D. G. (2012). A genome-wide association scan of bovine tuberculosis susceptibility in Holstein-Friesian dairy cattle. *PLoS ONE*, 7(2), e30545.
- Frantz, L. A. F., Schraiber, J. G., Madsen, O., Megens, H. J., Cagan, A., Bosse, M., Paudel, Y., Crooijmans, R. P. M. A., Larson, G., & Groenen, M. A. M. (2015). Evidence of long-term gene flow and selection during domestication from analyses of Eurasian wild and domestic pig genomes. *Nature Genetics*, 47(10), 1141–1148.
- Ghosh, M., Sharma, N., Singh, A. K., Gera, M., Pulicherla, K. K., & Jeong, D. K. (2018). Transformation of animal genomics by next-generation sequencing technologies: A decade of challenges and their impact on genetic architecture. *Critical Reviews in Biotechnology*, 38(8), 1157–1175.
- Grindflek, E., Lien, S., Hamland, H., Hansen, M. H., Kent, M., van Son, M., & Meuwissen, T. H. (2011). Large scale genome-wide association and LDLA mapping study identifies QTLs for boar taint and related sex steroids. *BMC Genomics*, 12, 362.
- Gu, X., Feng, C., Ma, L., Song, C., Wang, Y., Da, Y., Li, H., Chen, K., Ye, S., Ge, C., Hu, X., & Li, N. (2011). Genome-wide association study of body weight in chicken F2 resource population. *PLoS ONE*, 6, e21872.
- Hartl, D. L., Clark, A. G., & Clark, A. G. (1997). *Principles of population genetics* (Vol. 116, p. 542). Sunderland, MA: Sinauer Associates.
- Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain, A. J., Savin, K., van Tassell, C. P., Sonstegard, T. S., & Goddard, M. E. (2009). A validated genome wide association study to breed cattle adapted to an environment altered by climate change. *PLoS ONE*, 4(8), e6676.
- He, J., & Gai, J. (2023). Genome-wide association studies (GWAS). In Y. Shavrukov (Ed.), *Plant Genotyping: Methods and Protocols* (pp. 123–146). Springer.
- Hill, E. W., Gu, J., Eivers, S. S., Fonseca, R. G., McGivney, B. A., Govindarajan, P., Orr, N., Katz, L. M., & Machugh, D. E. (2010). A sequence polymorphism in MSTN predicts sprinting ability and racing stamina in thoroughbred horses. *PLoS ONE*, 5(9), e13432.
- Hill, E. W., McGivney, B. A., Gu, J., Whiston, R., & Machugh, D. E. (2010). A genome-wide SNP-association study confirms a sequence variant (g. 66493737C>T) in the equine myostatin (MSTN) gene as the most powerful predictor of optimum racing distance for Thoroughbred racehorses. *BMC Genomics*, 11, 552.

- Hill, W. G., & Robertson, A. (1968). The effects of inbreeding at loci with heterozygote advantage. *Genetics*, 60(3), 615-630.
- Hirschhorn, J. N., & Daly, M. J. (2005). Genome-wide association studies for common diseases and complex traits. *Nature Reviews Genetics*, 6(2), 95-108.
- Ho, S. S., Urban, A. E., & Mills, R. E. (2020). Structural variation in the sequencing era. *Nature Reviews Genetics*, 21, 171–189.
- Johnston, S. E., McEwan, J. C., Pickering, N. K., Kijas, J. W., Beraldi, D., Pilkington, J. G., Pemberton, J. M., & Slate, J. (2011). Genome-wide association mapping identifies the genetic basis of discrete and quantitative variation in sexual weaponry in a wild sheep population. *Molecular Ecology*, 20(12), 2555-2566.
- Klein, R. J., Zeiss, C., Chew, E. Y., Tsai, J. Y., Sackler, R. S., Haynes, C., Henning, A. K., SanGiovanni, J. P., Mane, S. M., Mayne, S. T., Bracken, M. B., Ferris, F. L., Ott, J., Barnstable, C., & Hoh, J. (2005). Complement factor H polymorphism in age-related macular degeneration. *Science*, 308(5720), 385–389.
- Koshida, R., Yamaguchi, H., Yamasaki, K., Tsuchimochi, W., Yonekawa, T., & Nakazato, M. (2010). A novel nonsense mutation in the DMP1 gene in a Japanese family with autosomal recessive hypophosphatemic rickets. *Journal of Bone and Mineral Metabolism*, 28, 585-590.
- Li, M. J., Liu, Z., Wang, P., Wong, M. P., Nelson, M. R., Kocher, J. P., Yeager, M., Sham, P. C., Chanock, S. J., Xia, Z., et al. (2016). GWASdb v2: An update database for human genetic variants identified by genome-wide association studies. *Nucleic Acids Research*, 44, D869–D876.
- Li, M. J., Wang, P., Liu, X., Lim, E. L., Wang, Z., Yeager, M., Wong, M. P., Sham, P. C., Chanock, S. J., & Wang, J. (2012). GWASdb: A database for human genetic variants identified by genome-wide association studies. *Nucleic Acids Research*, 40, D1047–D1054.
- Liu, H. J., & Yan, J. (2019). Crop genome-wide association study: A harvest of biological relevance. *Plant Journal*, 97, 8–18.
- Liu, W., Li, D., Liu, J., Chen, S., Qu, L., Zheng, J., Xu, G., & Yang, N. (2011). A genome-wide SNP scan reveals novel loci for egg production and quality traits in white leghorn and brown-egg dwarf layers. *PLoS ONE*, 6(12), e28600.
- Liu, C., Chen, Z., Zhang, Z., Wang, Z., Guo, X., Pan, Y., & Wang, Q. (2024). Unveiling the genetic mechanism of meat color in pigs through GWAS, multi-tissue, and single-cell transcriptome signatures exploration. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(7), 3682.
- Ma, S., Li, P., Liu, H., Xi, Y., Xu, Q., Qi, J., Wang, J., Li, L., Wang, J., Hu, J., et al. (2023). Genome-wide association analysis of the primary feather growth

traits of duck: Identification of potential loci for growth regulation. *Poultry Science*, 102, 102243.

MacArthur, J., Bowler, E., Cerezo, M., Gil, L., Hall, P., Hastings, E., Junkins, H., McMahon, A., Milano, A., Morales, J., et al. (2017). The new NHGRI-EBI catalog of published genome-wide association studies (GWAS Catalog). *Nucleic Acids Research*, 45, D896–D901.

Mai, M. D., Sahana, G., Christiansen, F. B., & Guldbrandtsen, B. (2010). A genome-wide association study for milk production traits in Danish Jersey cattle using a 50K single nucleotide polymorphism chip. *Journal of Animal Science*, 88, 3522–3528.

Minozzi, G., Williams, J. L., Stella, A., Strozzi, F., Luini, M., Settles, M. L., Taylor, J. F., Whitlock, R. H., Zanella, R., & Neibergs, H. L. (2012). Meta-analysis of two genome-wide association studies of bovine paratuberculosis. *PLoS ONE*, 7(3), e32578.

Mkize, N., Maiwashe, A., Dzama, K., Dube, B., Mapholi, N. (2021). Suitability of GWAS as a tool to discover SNPs associated with tick resistance in cattle: A review. *Pathogens*, 10, 1604.

Murdoch, B. M., Murdoch, G. K., Settles, M., McKay, S., Williams, J. L., Moore, S. S. (2011). Genome-wide scan identifies loci associated with classical BSE occurrence. *PLoS ONE*, 6(11), e26819.

Oliveira, H. R., Chud, T. C. S., Oliveira, G. A. Jr., Hermisdorff, I. C., Narayana, S. G., Rochus, C. M., Butty, A. M., Malchiodi, F., Stothard, P., Miglior, F., Baes, C. F., & Schenkel, F. S. (2024). Genome-wide association analyses reveal copy number variant regions associated with reproduction and disease traits in Canadian Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*.

Orr, N., Back, W., Gu, J., Leegwater, P., Govindarajan, P., Conroy, J., Ducro, B., Van Arendonk, J. A., MacHugh, D. E., Ennis, S., Hill, E. W., & Brama, P. A. (2010). Genome-wide SNP association-based localization of a dwarfism gene in Friesian dwarf horses. *Animal Genetics*, 2, 2-7.

Perini, F., Cendron, F., Lasagna, E., Cassandro, M., & Penasa, M. (2024). Genomic insights into shank and eggshell color in Italian local chickens. *Poultry Science*, 103(6), 103677.

Ponsuksili, S., Murani, E., Brand, B., Schwerin, M., & Wimmers, K. (2011). Integrating expression profiling and whole-genome association for dissection of fat traits in a porcine model. *Journal of Lipid Research*, 52, 668–678.

Pryce, J. E., Bolormaa, S., Chamberlain, A. J., Bowman, P. J., Savin, K., Goddard, M. E., Hayes, B. J. (2010). A validated genome-wide association study in 2 dairy cattle breeds for milk production and fertility traits using variable length haplotypes. *Journal of Dairy Science*, 93, 3331–3345.

Puig-Oliveras, A., Revilla, M., Castelló, A., Fernández, A. I., Folch, J. M., & Ballesster, M. (2016). Expression-based GWAS identifies variants, gene inte-

- reactions, and key regulators affecting intramuscular fatty acid content and composition in porcine meat. *Scientific Reports*, 6, 31803.
- Putra, W. P. B., Hartati, H., Mariyono, M., Noor, R. R., Sumantri, C., & Margawati, E. T. (2024). Early detection of candidate genes for body weight in Indonesian cattle breeds with genome-wide association study (GWAS). *Acta Veterinaria*, 74(2).
- Ramos, A. M., Duijvesteijn, N., Knol, E. F., Merks, J. W., Bovenhuis, H., Crooijmans, R. P., Groenen, M. A., & Harlizius, B. (2011). The distal end of porcine chromosome 6p is involved in the regulation of skatole levels in boars. *BMC Genetics*, 12, 35.
- Ren, J., Mao, H., Zhang, Z., Xiao, S., Ding, N., & Huang, L. (2011). A 6-bp deletion in the TYRP1 gene causes the brown colouration phenotype in Chinese indigenous pigs. *Heredity*, 106, 862-868.
- Revelo, H. A., López-Alvarez, D., Palacios, Y. A., Vergara, O. D., Yáñez, M. B., Ariza, M. F., Castro Molina, S. L., Ortiz Sanchez, Y., & Alvarez, L. Á. (2023). Genome-wide association study reveals candidate genes for traits related to meat quality in Colombian Creole hair sheep. *Tropical Animal Health and Production*, 55(6), 357.
- Sahana, G., Gulbrandsen, B., & Lund, M. S. (2011). Genome-wide association study for calving traits in Danish and Swedish Holstein cattle. *Journal of Dairy Science*, 94, 479-486.
- Shriner, D., Vaughan, L. K., Padilla, M. A., & Tiwari, H. K. (2007). Problems with genome-wide association studies. *Science*, 316, 1840-1842.
- Sironen, A., Uimari, P., Nagy, S., Paku, S., Andersson, M., & Vilkki, J. (2010). Knobbed acrosome defect is associated with a region containing the genes STK17b and HECW2 on porcine chromosome 15. *BMC Genomics*, 11, 699.
- Smitchger, J. A., Taylor, J. B., Mousel, M. R., Schaub, D., Thorne, J. W., Becker, G. M., & Murdoch, B. M. (2024). Genome-wide associations with longevity and reproductive traits in US rangeland ewes. *Frontiers in Genetics*, 15, 1398123.
- Snelling, W. M., Allan, M. F., Keele, J. W., Kuehn, L. A., McDaneld, T., Smith, T. P., Sonstegard, T. S., Thallman, R. M., & Bennett, G. L. (2010). Genome-wide association study of growth in crossbred beef cattle. *Journal of Animal Science*, 88, 837-848.
- Song, S. H., Tian, D. M., Zhang, Z., Hu, S. N., & Yu, J. (2019). Rice genomics: over the past two decades and into the future. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 16, 397-404.
- Tam, V., Patel, N., Turcotte, M., Bossé, Y., Paré, G., & Meyre, D. (2019). Benefits and limitations of genome-wide association studies. *Nature Reviews Genetics*, 20(8), 467-484.

- Tan, X., He, Z., Fahey, A. G., Zhao, G., Liu, R., & Wen, J. (2023). Research progress and applications of genome-wide association study in farm animals. *Animal Research and One Health*, 1(1), 56-77.
- Tian, D., Wang, P., Tang, B., Teng, X., Li, C., Liu, X., Zou, D., Song, S., & Zhang, Z. (2020). GWAS Atlas: A curated resource of genome-wide variant-trait associations in plants and animals. *Nucleic Acids Research*, 48(D1), D927–D932.
- Togninalli, M., Seren, U., Meng, D., Fitz, J., Nordborg, M., Weigel, D., Borgwardt, K., Korte, A., & Grimm, D. G. (2018). The AraGWAS Catalog: a curated and standardized Arabidopsis thaliana GWAS catalog. *Nucleic Acids Research*, 46, D1150–D1156.
- Visscher, P. M., Wray, N. R., Zhang, Q., Sklar, P., McCarthy, M. I., Brown, M. A., & Yang, J. (2017). 10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation. *The American Journal of Human Genetics*, 101(1), 5-22.
- Wang, H., Wang, X., Li, M., Sun, H., Chen, Q., Yan, D., Dong, X., Pan, Y., & Lu, S. (2023). Genome-wide association study reveals genetic loci and candidate genes for meat quality traits in a four-way crossbred pig population. *Frontiers in Genetics*, 14, 1001352.
- Wang, J., Liu, J., Lei, Q., Liu, Z., Han, H., Zhang, S., Qi, C., Liu, W., Li, D., Li, F., Cao, D., & Zhou, Y. (2024). Elucidation of the genetic determination of body weight and size in Chinese local chicken breeds by large-scale genomic analyses. *BMC Genomics*, 25(1), 296.
- Welter, D., MacArthur, J., Morales, J., Burdett, T., Hall, P., Junkins, H., Klemm, A., Flicek, P., Manolio, T., Hindorff, L., & Parkinson, H. (2014). The NHGRI GWAS Catalog, a curated resource of SNP-trait associations. *Nucleic Acids Research*, 42(D1), D1001–D1006.
- Xiao, Y., Liu, H., Wu, L., Warburton, M., & Yan, J. (2017). Genome-wide association studies in maize: Praise and stargaze. *Molecular Plant*, 10, 359–374.
- Xie, L., Luo, C., Zhang, C., Zhang, R., Tang, J., Nie, Q., Ma, L., Hu, X., Li, N., Da, Y., & Zhang, X. (2012). Genome-wide association study identified a narrow chromosome 1 region associated with chicken growth traits. *PLOS ONE*, 7(2), e30910.
- Xu, N., Chen, B., Cheng, Y., Su, Y., Song, M., Guo, R., Wang, M., Deng, K., Lan, T., Bao, S., et al. (2023). Integration of GWAS and RNA-Seq analysis to identify SNPs and candidate genes associated with alkali stress tolerance at the germination stage in mung bean. *Genes*, 14, 1294.
- Yu, H., Yu, S., Guo, J., Cheng, G., Mei, C., & Zan, L. (2023). Genome-wide association study reveals novel loci associated with body conformation traits in Qinchuan cattle. *Animals*, 13(23), 3628.
- Yuan, F. P., Li, X., Lin, J., Schwabe, C., Büllesbach, E. E., Rao, C. V., & Lei, Z. M. (2010). The role of RXFP2 in mediating androgen-induced inguinoscrotal testis descent in LH receptor knockout mice. *Reproduction*, 139, 759-769.

- Zhang, H., Wang, Z., Wang, S., & Li, H. (2012). Progress of genome-wide association study in domestic animals. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 3, 1-10.
- Zhang, L., Zhang, S., Yuan, M., Zhan, F., Song, M., Shang, P., Yang, F., Li, X., Qiao, R., Han, X., Li, X., Fang, M., & Wang, K. (2023). Genome-wide association studies and runs of homozygosity to identify reproduction-related genes in Yorkshire pig population. *Genes*, 14(12), 2133.
- Zhao, X., Dittmer, K. E., Blair, H. T., Thompson, K. G., Rothschild, M. F., & Garlick, D. J. (2011). A novel nonsense mutation in the DMP1 gene identified by a genome-wide association study is responsible for inherited rickets in Corriedale sheep. *PLOS ONE*, 6, e21739.
- Zhou, F., Quan, J., Ruan, D., Qiu, Y., Ding, R., Xu, C., Ye, Y., Cai, G., Liu, L., Zhang, Z., Yang, J., Wu, Z., & Zheng, E. (2023). Identification of candidate genes for economically important carcass cutting in commercial pigs through GWAS. *Animals*, 13(20), 3243.



BÖLÜM

3

TARIMDA TUZLULUK STRESİ YÖNETİMİ: BİTKİ BÜYÜME DÜZENLEYİCİLERİNİN ROLÜ

Güney AKINOĞLU¹

¹ Ondokuz Mayıs Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Toprak Bilimi ve Bitki Besleme Bölümü,
Samsun, TÜRKİYE

Sorumlu yazar e-mail: guney_akinoglu@ymail.com

ORCID ID: 0000-0003-4624-2876

1. Giriş

Çevresel stres faktörleri, bitkilerin büyüme, gelişme ve veriminde önemli düzeyde olumsuz etkilere yol açan, küresel ölçekte yaygın şekilde karşılaşılan sorunlardır. Bu stresler, temel olarak abiyotik ve biyotik olmak üzere iki ana grupta sınıflandırılmaktadır. Abiyotik stresler; iklimsel değişkenlikler ve çevresel koşullardan kaynaklanarak bitkilerin fizyolojik, biyokimyasal ve metabolik süreçlerini olumsuz yönde etkiler (Tanveer & Ahmed, 2020). Tuzluluk, su kıtlığı, sıcaklık ekstremite, radyasyon, su baskını, ağır metal toksisitesi, toprak pH'sındaki değişiklikler yaygın abiyotik stres faktörleri arasında yer almaktadır.

Bu çevresel stresler arasında en kritik olanlardan biri, özellikle kıyı bölgelerinde yaygın olarak görülen tuz stresidir. Toprak tuzluluğunun artışı, küresel ölçekte tarımsal sürdürülebilirliği tehdit eden önemli bir çevresel sorun olarak öne çıkmaktadır. Yapılan araştırmalar, tuz stresinin dünya genelinde sulanan tarım alanlarının yaklaşık %33'ünü ve toplam ekili alanların %20'sini olumsuz etkilediğini ortaya koymaktadır (Machado ve Serralheiro, 2017). Şiddetli tuzluluk koşulları, mahsul üretiminin tamamen durmasına, ürün veriminde %10 ila %25 oranında kayıplara neden olabilmekte ve uzun vadede çölleşme sürecini hızlandırmaktadır (Shahid ve ark., 2018).

Tuz stresinin oluşumunda birçok faktör rol oynamaktadır. Yetersiz drenaj sistemleri, düşük yağış miktarı, aşırı sulama uygulamaları ve bilinçsiz gübre kullanımı gibi nedenler, toprakların ikincil tuzlanmasına ve alkalileşmesine yol açarak sorunun daha da derinleşmesine neden olmaktadır. Tuz konsantrasyonunun artmasıyla birlikte, yetersiz süzülme nedeniyle toprakta tuz birikimi hızlanmakta ve bu durum bitki büyümesini ve verimini ciddi şekilde olumsuz etkilemektedir. Bunun yanı sıra, doğal toprak tuzluluğu, deniz suyu girişi, yüzey buharlaşması, bitki terleme oranları ve aşırı gübreleme uygulamaları da toprak tuzluluğuna katkıda bulunan diğer önemli faktörler arasında yer almaktadır (Hasanuzzaman ve Fujita, 2023).

Toprak tuzluluğu, bitki fizyolojisi ve metabolizması üzerinde çok yönlü etkiler yaratmaktadır. Tuzlu topraklarda yaygın olarak bulunan çözünür tuzlar arasında sodyum (Na^+), kalsiyum (Ca^{+2}) ve magnezyum (Mg^{+2}) klorürleri ve sülfatları yer alırken, alkaline topraklar sodyum silikat, karbonat ve bikarbonat içermektedir. Tuz stresinin doğrudan etkileri arasında fotosentezin inhibe edilmesi, protein sentezinin azalması ve lipid metabolizmasındaki düzensizlikler bulunmaktadır (Rasool ve ark., 2013). Bunun yanı sıra, tuz stresine maruz kalan bitkilerde iyon toksisitesi, besin dengesizlikleri ve oksidatif stres mekanizmalarının tetiklenmesi sonucu hücre hasarı meydana gelmekte ve bu durum bitkilerin hastalıklara karşı duyarlılığını artırmaktadır (Hasanuzzaman ve Fujita, 2022).

Tuzluluk stresinin bitki büyümesi ve verimi üzerindeki olumsuz etkilerini azaltmak için iki temel strateji uygulanmaktadır. Birincisi, klasik veya moleküler ıslah yöntemleriyle tuza dayanıklı bitki çeşitlerinin geliştirilmesidir. Ancak, tuz toleransının poligenik doğası ve ilgili genlerin tanımlanmasının zorluğu, bu yöntemin ilerlemesini sınırlamaktadır. Genetik mühendisliği, hızlı ve etkili bir alternatif sunsa da, GDO düzenlemeleri ve kamuoyu algısı nedeniyle geniş çaplı kullanımı sınırlıdır. İkinci strateji ise, bitki büyüme düzenleyicilerinin (BBD'ler) kullanımı yoluyla tuz stresinin etkilerini hafifletmektir. BBD'ler, bitki fizyolojisini düzenleyerek tuz stresine karşı dayanıklılığı artırabilen doğal veya sentetik bileşiklerdir. Ancak, bu hormonların etkinliği, stresin şiddeti, bitki türü, uygulama yöntemi ve dozaj gibi birçok faktöre bağlıdır. Laboratuvar ortamında başarılı sonuçlar alınsa da, saha uygulamalarındaki etkinlik ve ekonomik sürdürülebilirlik hala önemli bir araştırma alanıdır. Bu nedenle, BBD'lerin bitkilerin tuz toleransını artırmadaki mekanizmalarının daha iyi anlaşılması ve tarımsal uygulamalara entegrasyonu için kapsamlı araştırmalara ihtiyaç duyulmaktadır.

2. Bitki Büyüme Düzenleyicileri

Bitki büyüme düzenleyicileri (BBD'ler), bitkilerde biyolojik süreçleri minimal konsantrasyonlarda etkileyen, doğal veya sentetik organik bileşiklerdir (Rademacher, 2015). Bu düzenleyiciler, bitkilerin büyüme ve gelişim süreçlerini değiştirerek, fizyolojik süreçlerin düzenlenmesinde önemli rol oynar. BBD'ler, sinyal molekülleri olarak işlev görür ve bitkilerin çevresel değişimlere ve stres faktörlerine (biyotik ve abiyotik) yanıtlarında esnekliklerini korumalarını sağlar. Bu özellikleri, bitkilerin stres koşullarında hayatta kalmalarını kolaylaştırarak, büyüme ve gelişim süreçlerini olumlu yönde etkiler.

Tuz stresinin bitkiler üzerindeki olumsuz etkilerini hafifletmek için BBD'ler, çeşitli fizyolojik ve gelişimsel değişikliklere yol açar (Wani ve ark., 2016). Bu düzenleyiciler, bitkilerin zararlı tuz birikimini yönetmelerine yardımcı olurken, su ve temel besin maddelerinin fizyolojik bulunabilirliğini artırarak, bitkilerin genel sağlık durumunu iyileştirir. Ayrıca, BBD'ler, bitkilerde antioksidan enzim aktivitelerini artırarak, reaktif oksijen türlerinin (ROS) temizlenmesine katkı sağlar (Faghieh ve ark., 2019; Rhaman ve ark., 2020). Özellikle, BBD'ler, ROS temizleyici enzimlerin aktivitesini artırarak, stres koşulları altında ROS seviyelerinin toksik olmayan konsantrasyonlarda tutulmasına yardımcı olur ve bu da tuz toleransını artırır (Mittler ve ark., 2011).

BBD'lerin etkinliği, çevresel faktörlere, uygulama konsantrasyonuna ve bitkinin fizyolojik durumuna bağlıdır. Bu faktörler, BBD'lerin tuz

stresine karşı gösterdikleri tepkiyi ve etkinliklerini belirler (López ve ark., 2005). Başlıca BBD'ler arasında salisilik asit, absisik asit, nitrik oksit, oksinler, sitokininler, brassinosteroidler, gibberellinler, jasmonatlar ve etilen bulunur (Quamruzzaman ve ark., 2021).

3. Bitki Büyüme Düzenleyicilerinin Tuzlu Koşullarda Bitki Performansı Üzerine Etkileri

3.1. Salisilik asit

Salisilik asit (SA), bitkilerin biyotik ve abiyotik streslere karşı verdikleri tepkileri düzenleyen önemli bir endojen büyüme düzenleyicisi olup, fenolik bir bileşiktir (Hayat ve ark., 2007). SA, iyon emilimi, madde taşınması, fotosentez, tomurcuk büyümesi, büyüme hızı, stomaların kapanması, membran geçirgenliği ve mitokondriyal solunum gibi çeşitli fizyolojik süreçlerde rol oynayarak bitkilerin stres koşullarına uyum sağlamasına yardımcı olur (Tabur ve ark., 2020). SA, membran geçirgenliğini düzenleyerek iyon alımı ve taşınmasını etkiler, böylece bitkilerin tuzluluk stresi-ne karşı adaptif tepkilerini kontrol eder. Aynı zamanda tuz stresinin neden olduğu oksidatif hasarı hafifletmede önemli bir rol oynar. SA, peroksidaz ve katalaz gibi antioksidan enzimlerin aktivitelerini artırarak, prolin, betain ve glisin gibi ozmoprotektanların sentezini teşvik eder (Senaratna ve ark., 2000). Bununla birlikte, SA, hücrel redoks dengesinin korunmasına katkıda bulunarak tuz stresinin olumsuz etkilerini hafifletir. Örneğin, SA'nın askorbat-glutatyon (ASA-GSH) döngüsünde yer alan enzimleri kodlayan genlerin ifadesini düzenlediği gösterilmiştir. Bu enzimler arasında dehidroaskorbat redüktaz (DHAR), glutatyon peroksidaz (GPX), glutatyon redüktaz (GR), glutatyon-S-transferaz (GST), monodehidroaskorbat redüktaz (MDHAR) ve glutatyon sentaz (GS) yer almaktadır (Li ve ark., 2013). Ayrıca, SA'nın tuz stresine maruz kalan bitkilerde K^+/Na^+ dengesini düzenleyerek tuz toleransını artırdığı bildirilmiştir (Kang ve ark., 2012). SA'nın tuz stresi altında çimlenmeyi belirgin şekilde iyileştirebildiği ve dışsal olarak uygulandığında, özellikle 500 μM konsantrasyonunda, hem tuzlu hem de tuzsuz koşullarda bitki büyümesini önemli ölçüde artırabildiği rapor edilmiştir (Kováčik ve ark., 2009). Ancak, tuzluluk stresinin dışsal SA ile hafifletilmesine ilişkin veriler çelişkilidir. Örneğin, Li ve ark. (2014) ile Arfan ve ark. (2007), SA püskürtmenin orta dereceli tuz stresinin neden olduğu büyüme inhibisyonunu hafifletebileceğini; ancak yüksek tuz stresinde bu etkinin gözlemlenmediğini bildirmiştir. Bu bulgular, SA'nın tuz stresine karşı olumlu etkisinin tuz konsantrasyonu ve bitki türüne bağlı olarak değişebileceğini göstermektedir. Dolayısıyla, SA'nın tuz toleransını artırma mekanizmalarının daha iyi anlaşılabilmesi için kapsamlı araştırmalara ihtiyaç duyulmaktadır.

3.2. Absisik asit

Absisik asit (ABA), çeşitli fizyolojik süreçleri düzenleyen bir fitohormondur (Sah ve ark., 2016). ABA, bitkilerin kök, çiçek, yaprak ve gövde gibi tüm dokularında de novo olarak sentezlenir (Roychoudhury ve ark., 2013). Endojen bir sinyal molekülü olarak, özellikle tuzluluk gibi olumsuz çevresel koşullarda bitkilerin hayatta kalmasını destekleyen kritik roller üstlenir (Vishwakarma ve ark., 2017). Tuz stresi altındaki bitkilerde endojen ABA seviyeleri yükselir, bu da ROS birikimini sınırlayarak bitkilerin tuzluluğa karşı verdiği yanıtları düzenler (Balusamy ve ark., 2019). Ayrıca, artış gösteren ABA seviyeleri stomaların kapanmasını sağlayarak terleme yoluyla su kaybını azaltır; bu mekanizma, tuz stresinin neden olduğu ozmotik dengesizlikler altında suyun korunmasına katkıda bulunur (Hedrich ve Shabala, 2018). ABA, kök dokularında yapraklara kıyasla daha hızlı birikir (Jia ve ark., 2002) ve tuz stresi altındaki bitkilerde özellikle yan kök büyümesiyle ilişkilidir. Bu süreç, ABA'nın NaCl maruziyetine yanıt olarak oksin dağılımını düzenlemesiyle bağlantılıdır. Buğdayda, ABA'nın prolin seviyelerini düzenlediği ve tuza maruz kalan bitkilerde ROS konsantrasyonlarını azaltarak tuz stresine bağlı hasarları hafiflettiği bildirilmiştir. Ayrıca, ABA ile yapılan priming işlemi, bayrak yapraklarında Na^+ içeriğini azaltırken K^+ içeriğini artırarak verimi artırmaktadır. Bu uygulamanın, tuzlu koşullarda başak başına daha fazla tane oluşumuna katkıda bulunduğu ve verimde %49'a kadar artış sağladığı rapor edilmiştir (Gurmani ve ark., 2007). Çeltikte, 100 μM ABA çözeltisinin eksojen uygulanması, OsP5CS1 ve OsP5CR genlerinin ifadesini teşvik ederek bitki performansını artırmakta ve prolin birikimine neden olmaktadır. Ancak, bu etkinin çeltik çeşidine bağlı olarak değişebileceği gözlemlenmiştir (Sripinyowanich ve ark., 2013). Benzer şekilde, buğdayda orta düzey ABA konsantrasyonlarının (50 $\mu\text{mol L}^{-1}$) uygulanması tuz toleransını artırırken, daha yüksek konsantrasyonların (100 $\mu\text{mol L}^{-1}$) bitki performansında belirgin bir iyileşme sağlamadığı bildirilmiştir (Li ve ark., 2020). Sorgumda ise, eksojen ABA uygulaması sürgünlerdeki Na^+ içeriğini düzenleyerek bitki büyümesini teşvik etmektedir. 150 mmol m^{-3} NaCl uygulaması altında, düşük ABA konsantrasyonlarının (yaklaşık 10 mmol m^{-3}) büyüme artışı ve Na^+ içeriğinde azalma sağladığı, ancak daha yüksek konsantrasyonlarda (yaklaşık 40 mmol m^{-3} veya daha fazla) bu etkinin sınırlı kaldığı gözlemlenmiştir. Sonuç olarak, absisik asit, tuz stresine karşı bitkilerin adaptasyonunu destekleyen ve su dengesini düzenleyerek stres koşullarında hayatta kalma yetisini artıran önemli bir büyüme düzenleyicisidir. Ancak, ABA'nın etkisi bitki türüne ve uygulama konsantrasyonuna bağlı olarak değişkenlik gösterebilir. Bu nedenle, optimal ABA dozajlarının belirlenmesi, bitkilerde tuz toleransını artırmak için stratejik bir yaklaşım olabilir.

3.3. Nitrik oksit

Nitrik oksit (NO), bitkilerde kritik bir sinyal molekülü olarak işlev gören, gaz formunda bir serbest radikaldir. Bitkilerde NO üretimi, genellikle L-arginin bağımlı nitrik oksit sentaz (NOS)-benzeri aktivite ve nitrat redüktaz (NR) aracılı nitrit (NO_2^-) redüksiyonu yoluyla gerçekleşir (Corpas ve ark., 2009). Son on yılda, eksojen NO uygulamaları, farklı bitkilerde tuzluluk stresinin olumsuz etkilerini hafifletmek amacıyla yaygın olarak kullanılmıştır. Yapılan çalışmaların büyük bir çoğunluğu, nitrik oksitin tuz stresine karşı bitkisel toleransı artırmada olumlu etkiler sağladığını öne sürmektedir (Siddiqui ve ark., 2017; Shams ve ark., 2019; Akram ve ark., 2020; Alnusairi ve ark., 2021). Eksojen NO uygulaması, tuz stresine maruz kalan bitkilerde Na^+ seviyelerini azaltırken, K^+ konsantrasyonunu artırarak optimum K^+/Na^+ dengesinin korunmasına katkıda bulunur (Zheng ve ark., 2009). NO, reaktif oksijen türlerini nötralize ederek ozmotik stresin azaltılmasına yardımcı olur. Bu etki, antioksidan enzim aktivitelerinin artırılmasıyla gerçekleşir ve fotosentezin glikoz kaynaklı inhibisyonunu hafifletir. Ayrıca, mitokondriyi oksidatif hasardan koruyarak ATP üretimini teşvik eder ve böylece bitkiler için önemli bir enerji kaynağı oluşturur. NO ile yapılan priming uygulamalarının, buğdayda tane verimini %22 oranında artırdığı bildirilmiştir (Ali ve ark., 2017). Bunun yanı sıra, NO, hücrel iyon dengesini düzenleyerek, $\text{H}^+ - \text{ATP}_{\text{az}}$ ve $\text{H}^+ - \text{PP}_{\text{az}}$ (H^+ -pirofosfataz) aktivitelerini etkileyerek bitkinin tuz toleransını artırmaktadır (Ruan ve ark., 2004). Eksojen NO uygulamalarına ilişkin birçok çalışma yayımlanmış olmasına rağmen, optimum NO konsantrasyonlarının belirlenmesi, uygulama süresi ve hangi tuzluluk seviyelerine kadar etkili olabileceği konularında belirsizlikler devam etmektedir. Ayrıca, mevcut araştırmalar, nitrik oksitin tuzluluğa karşı bitki dayanıklılığını nasıl etkilediğini; farklı bitki grupları, yaşam şekilleri ve büyüme evreleri açısından yeterince açıklamamaktadır. Bu nedenle, bir meta-analiz çalışması, en etkili yöntem, optimum konsantrasyon ve uygulama süresinin belirlenmesine yardımcı olabileceği gibi, bu alandaki potansiyel araştırma gereksinimlerinin tespit edilmesi açısından da önemli bir alternatif olabilir (Tahjib-Ul-Arif ve ark., 2022).

3.4. Oksin

Oksin, bitki büyümesi ve gelişiminin birçok yönünde kritik bir role sahiptir. Polar oksin taşıyımı (PAT) ile oluşturulan oksin gradyanları, hücre bölünmesi, uzaması ve farklılaşmasını düzenleyerek organ gelişimini yönlendiren temel faktörlerden biridir. Bu nedenle, oksin dağılımı, bitki gelişiminin zamansal ve mekânsal kontrolünde hayati bir rol oynar (Davies, 2004). Apikal meristemlerde sentezlenen oksin, PAT mekanizması aracılığıyla ana gövde boyunca taşınarak bitki gelişiminde önemli işlevler üstlenir (Bennet ve ark., 2016). Organogenez, apikal baskınlık ve hücre

uzamasının düzenlenmesinde temel roller oynar (Leyser, 2018). Ayrıca, hücre duvarı özelliklerini modüle ederek duvar gevşemesini teşvik eder ve genişletilebilirliğini artırarak hücre uzamasını destekler (Majda ve Robert, 2018). Bunun yanı sıra, H^+-ATP_{az} 'ı aktive ederek inorganik iyon alımını artırır, bu da hücre turgor basıncının yükselmesine katkıda bulunur (Hager, 2003).

Oksin, tuzluluk stresi altında bitkilerin fizyolojik ve metabolik süreçlerini yeniden düzenleyerek adaptif tepkiler geliştirmelerinde önemli bir rol oynar (Chaves ve ark., 2009). Oksin gradyanları ve sinyallerindeki değişiklikler, tuzluluktan kaynaklanan fizyolojik sapmaların hafifletilmesine ve yönetilmesine katkı sağlar (Koevoets, 2016; Ribba ve ark., 2020). Tuz stresi, bitkilerde hem birincil hem de yanıl kök büyümesini engelleyerek kök gelişimini baskılar (Julkowska ve ark., 2014). Bu süreçte, köklerin gelişimsel esnekliği büyük ölçüde oksin tarafından düzenlenmektedir (Korver ve ark., 2018). Tuzlu koşullar altında, oksin birikiminin azalması ve kutupsal oksin taşınımındaki bozulma, kök büyümesinin baskılanmasıyla ilişkilidir. Bu büyüme kısıtlaması, bitkilerin tuz stresine adaptasyonunda önemli bir strateji olabilir. Oksinlerin eksojen uygulanmasının, tuzlu ortama maruz kalan farklı bitki türlerinde kök gelişimini teşvik ettiği rapor edilmiştir (Liu ve ark., 2015).

3.5. Sitokininler

Fitohormonlar olan sitokininler (CK'ler), yalnızca bitki büyümesi ve gelişimini düzenlemekle kalmayıp, aynı zamanda bitkilerin abiyotik streslere karşı verdiği tepkilerde de önemli bir rol oynamaktadır. Son yıllarda yapılan araştırmalar, CK'lerin tuz stresine karşı bitki toleransını hem artırabileceğini hem de azaltabileceğini ortaya koymuştur. Örneğin, *Phaseolus vulgaris* yapraklarına dışsal kinetin (bir sitokinin türü) uygulanması, bitkilerin tuz stresine karşı daha duyarlı hale gelmesine neden olmuştur. Benzer şekilde, CK ile yetiştirilen *Arabidopsis* bitkilerinde sürgünlerde daha fazla ROS ve sodyum (Na^+) birikimi gözlemlenmiştir (Mason ve ark., 2010; Wang ve ark., 2015). Bu bulgular, CK'lerin bazı bitkilerde tuz toleransını azaltabileceğini düşündürmektedir. Buna karşılık, CK uygulamalarının bazı bitki türlerinde tuz stresine karşı koruyucu etki sağladığı da rapor edilmiştir. Örneğin, 10 mg L⁻¹ konsantrasyonunda kinetin (adenin türevi bir sitokinin) püskürtülmesi, Na^+ ve Cl^- gibi zararlı iyonların emilimini azaltırken, K^+ alımını artırarak buğday fidelerinde tuz stresinin olumsuz etkilerini hafifletmiştir (Quamruzzaman ve ark., 2021). Patates, domates ve *Salvia officinalis* gibi bitkiler üzerinde yapılan çalışmalar da CK'lerin tuz stresine karşı olumlu etkiler sağlayabileceğini göstermektedir (Tounekti ve ark., 2011; Albacete ve ark., 2014). Özellikle, *Salvia officinalis*'e kinetin uygulanması, bitkinin antioksidan kapasitesini artırarak,

klorofil ve karotenoid içeriğini yükseltmiş, Na^+ birikimini azaltmış ve K^+ ile Ca^{+2} seviyelerini dengelemiştir. Bu mekanizmalar, bitkinin tuz stresine karşı daha dirençli hale gelmesini sağlamıştır (Tounekti ve ark., 2011). Benzer şekilde, *Solanum lycopersicum* (domates) üzerinde yapılan bir çalışmada, ozmotik düzenleyici bileşiklerin birikiminin arttığı ve tuz stresine karşı dayanıklılığın güçlendiği bildirilmiştir (Ahanger ve ark., 2018). Bu bulgular, CK'lerin tuz toleransı üzerindeki etkisinin bitki türüne ve çevresel faktörlere bağlı olarak değişebileceğini göstermektedir. Bu nedenle, CK'lerin tuz stresi yönetimindeki potansiyel rollerini daha iyi anlamak için farklı bitkiler üzerinde detaylı çalışmalar yapılması gerekmektedir.

3.6. Brassinosteroidler

Brassinosteroidler (BR'ler), doğal olarak oluşan ve bitki büyüme düzenleyicileri olarak kabul edilen fitohormonlardır (Silva ve ark., 2024). Tohum çimlenmesi, büyüme, çiçeklenme ve meyve tutumu gibi birçok önemli bitki fonksiyonunu düzenleme kapasitesine sahiptirler (Seleiman ve ark., 2023). Brassinosteroidler, domates, çilek ve üzüm gibi meyvelerin gelişimi ve olgunlaşmasındaki rolleriyle bilinir. Renklendirme ve olgunlaşma süreçlerini geliştirerek bu meyvelerin genel kalitesini iyileştirirler (Zahid ve ark., 2023). Normal koşullarda BR'ler, adenozin trifosfat (ATP) sentezini ve CO_2 asimilasyonunu artırarak fotosentezi destekler ve bitkinin homeostatik tepkilerinde görev alan çeşitli enzimleri düzenler (Siddiqui ve ark., 2018). Bu birincil rollere ek olarak, BR'ler bitkiler tarafından biyotik ve abiyotik stres durumlarını hafifletmek için yaygın olarak kullanılmıştır (Bhandari ve Nailwal, 2020).

Tuzlu ortam koşullarında BR'ler, fotosentetik verimliliği artırır, yaprak gaz değişimini iyileştirir ve antioksidan aktiviteleri destekleyerek yaprak yaşlanmasını geciktirir (Wu ve ark., 2017). Ayrıca, protein sentezini teşvik eder ve tuz stresine karşı direnç sağlamada rol oynayan stresle ilişkili genlerin ifadesini artırır (Sharma ve ark., 2013). Bununla birlikte, BR'lerin nişasta ve şeker metabolizmasında görev alan genlerin (örneğin, AcHKT1 ve AcFSD2) ekspresyonunu düzenlediği, glukuronat dönüşümlerini ve hormonal sinyal iletimini geliştirdiği, böylece tuz toleransını önemli ölçüde artırdığı belirlenmiştir (Chen ve ark., 2023). En iyi bilinen ve kapsamlı olarak incelenen BR'ler 24-epibrassinolid (24-EBL) ve 28-homobrassinolid (28-HBL)'dir. Bu bileşikler üzerindeki araştırmalar, öncelikle bitkilerdeki tuz stresini hafifletmedeki rollerine odaklanmıştır. Örneğin, yaklaşık 10^{-8} M 24-EBL'nin yaprak püskürtme veya yaklaşık 10^{-6} M seviyelerinde tohum ıslatma, antioksidan enzim aktivitesini artırarak ve prolin metabolizmasını düzenleyerek aşırı ROS birikimini hafiflettiği ve böylece buğdayda tuzluluk toleransını iyileştirdiği gösterilmiştir (Yusuf ve ark., 2017). Tuz stresi altındaki fasulye bitkilerinde, 5 μM 24-EBL ile yapılan eksojen uy-

gulama bakla veriminde %42'lik bir artışa yol açarken (Rady, 2011), 0,125 mg L⁻¹ BR'nin yapraktan uygulanması bezelyede tohum üretiminde %18-35'lik bir artışa yol açmıştır (Shahid ve ark., 2014). Araştırmalar, eksojen olarak uygulanan 28-homobrassinolidin (28-HBL) bileşiğinin, katalaz (CAT), peroksidaz (POD), süperoksit dismutaz (SOD), glutatyon redüktaz (GR) gibi antioksidan enzimlerin yanı sıra monodehidroaskorbat redüktaz (MDHAR) genlerinin ifadesini artırarak tuz stresinin toksik etkileriyle mücadelede etkili olduğunu göstermektedir (Kaur ve ark., 2018).

3.7. Jasmonatlar

Jasmonatlar, bitki büyüme düzenleyicileri (BBD'ler) içinde önemli bir sınıfı oluşturur. Jasmonik asit (JA) ve metil esteri (MeJA) birlikte jasmonatlar olarak bilinir ve bitki büyümesi ve gelişimi ile ilgili birçok süreci düzenler. Bunun yanı sıra, tuz stresi gibi abiyotik stresler ve biyotik stres faktörlerine karşı bitkinin adaptif tepkilerini yönetmede önemli bir rol oynar (Ali ve ark., 2020). Jasmonik asidin biyolojik aktivitesi, özellikle tuz toleransı yüksek bitki çeşitlerinde, bitkiler yüksek tuz konsantrasyonlarına maruz kaldığında belirgin şekilde artış göstermektedir. Eksojen jasmonik asit uygulaması, iyon homeostazını koruyarak, ROS süpürücü enzimlerin aktivitesini artırarak ve stomaların fonksiyonunu optimize ederek tuz stresinin zararlı etkilerini hafifletir. Örneğin, buğday bitkisinde 2 mM jasmonik asit uygulanması, CAT, SOD ve APX gibi antioksidan enzimlerin aktivitesini ve ekspresyon seviyelerini artırarak tuz stresini azaltmaktadır. Ayrıca, bu uygulama indirgenmiş glutatyon (GSH) ve karotenoid seviyelerini yükselterek lipid peroksidasyonunu düşürmektedir (Qiu ve ark., 2014). Bunun yanı sıra, jasmonik asidin yapraktan uygulanmasının, tuzlu koşullarda yetiştirilen soya fasulyelerinde tane verimini artırdığı belirlenmiştir (Sheteawi, 2007). Ancak, jasmonik asidin etkinliği, uygulama dozuna ve bitkinin yetiştiği ortamda bulunan tuz seviyesine bağlı olarak değişiklik gösterebilir (Ali ve ark., 2020).

3.8. Gibberellinler

Gibberellinler, biyolojik deneylerde tanımlanan ve gibberellin halkası yapısı içeren aktif bileşiklerdir (Madaan ve ark., 2022). Tetrasiklik diterpenoid hormonlar olarak kök ve sürgün uzamasını, meyve tutumunu ve genişlemesini, çiçek açılmasını ve tohum çimlenmesini teşvik ederek bitki büyümesini desteklerler (Shinozaki ve ark., 2020). Gibberellin halkası yapısına sahip olmayan aktif bileşikler ise gibberellin olarak sınıflandırılmaz; bunlar gibberellin benzeri bileşikler olarak adlandırılır (Bisht ve ark., 2018).

Abiyotik stres faktörleri, özellikle tuzluluk, bitkilerdeki gibberellinlerin endojen konsantrasyonunu azaltabilir (Alhaithloul ve ark., 2020). Çalışmalar, gibberellin düzeyleri ve sinyallemedeki azalmanın, tuzlu stres koşulları altında bitki büyümesini engellediğini göstermiştir (Zahid ve ark., 2023). Gibberellin sinyalleme, GRAS ailesine ait bir transkripsiyonel düzenleyici ve nükleer protein olan DELLA'yı içerir. DELLA proteini, gibberellin sinyalleme yollarında baskılayıcı bir rol oynar ve çeşitli abiyotik stres koşullarında gibberellinlerin bitki büyüme ve gelişim süreçlerindeki rolünü düzenler (Emamverdian ve ark., 2020). Sonuç olarak, tuz stresi gibi stres koşullarında, bitkilerde gibberellinlere verilen yanıt, GA seviyelerinde bir azalma ve DELLA proteinlerinin birikmesini içerir (Emamverdian ve ark., 2020).

3.9. Etilen

Tuzluluk stresine yanıt veren temel fitohormonlardan biri, bitki büyümesi ve gelişimini düzenlemenin yanı sıra bir stres hormonu olarak da kabul edilen etilendir (Abeles ve ark., 1992). Etilen ve doğrudan öncüsü olan 1-aminosiklopropan-1-karboksilik asit (ACC) seviyeleri, birçok bitki türünde tuzluluk ve diğer abiyotik stresler tarafından belirgin şekilde artırılabilir (Morgan ve Drew, 1997). Glikofit *Arabidopsis thaliana* ile karşılaştırıldığında, halofitler *Cakile maritima* ve *Thellungiella salsuginea*, yüksek tuzluluk koşullarında hem yaprak hem de kök dokularında daha fazla ACC biriktirmiştir (Ellouzi ve ark., 2014).

Soya fasulyesinde yapılan 2-DE jel analizi ile gerçekleştirilen bir çalışmada, tuza toleranslı "Lee 68" genotipinde, etilen biyosentezine dâhil olan bileşenlerin, tuzluluk stresi altında tuza duyarlı "Jackson" genotipine kıyasla daha fazla bulunduğu belirlenmiştir (Ma ve ark., 2012).

Etilen veya ACC uygulaması, ROS temizleyici enzimlerinin ekspresyonunu artırarak, bitkinin yüksek tuzluluk koşullarına karşı toleransını güçlendirebilir (Cao ve ark., 2007; Peng ve ark., 2014). Gen mutasyonu ve transformasyon analizlerine dayanan ileri çalışmalar, etilen biyosentezi ve sinyal iletim yolunun, bitkilerin tuzluluk stresine karşı tepkisinde ve adaptasyon sürecinde merkezi bir rol oynadığını göstermektedir. Genel olarak, etilen biyosentezi ve sinyal iletim yollarının teşvik edilmesi, bitkilerin tuzluluk stresine karşı dayanıklılığını artırabilirken, bu sürecin inhibe edilmesi bitkilerin tuzluluk duyarlılığını artırmaktadır (Tao ve ark., 2015).

4. Sonuç ve Öneriler

Tuzluluk stresi, bitki büyümesini ve verimini olumsuz etkileyerek tarımsal üretimde ciddi kayıplara yol açmaktadır. Ancak bitkiler, bu stresle başa çıkabilmek için çeşitli adaptif mekanizmalar geliştirmiştir ve bu süreçte bitki büyüme düzenleyicileri (BBD'ler) kritik bir rol oynamaktadır. Eksojen BBD uygulamaları, bitkilerin tuzlu topraklara uyum sağlamasına yardımcı olabilir ve tarımsal üretimi artırma açısından umut verici bir strateji sunmaktadır. Ancak, bu uygulamaların etkinliği; tuz stresinin şiddeti, bitki türü ve genotipi, uygulama yöntemi ve dozaj gibi birçok faktöre bağlıdır.

Bitki büyüme düzenleyicilerinin laboratuvar koşullarında elde edilen umut verici sonuçlarına rağmen, tarla uygulamalarında ekonomik ve teknik sınırlamalarla karşılaşmaktadır. Kökten uygulamalar, büyük ölçekli tarımsal üretim sistemlerinde lojistik engeller nedeniyle pratikliğini yitirirken, yapraktan uygulamalar ise değişken çevresel koşulların neden olduğu etkinlik kayıplarına karşı hassasiyet göstermektedir. Ayrıca, yüksek maliyetli hormon bileşenlerinin kullanımı, ticari ölçekte sürdürülebilir bir uygulama stratejisi oluşturmayı zorlaştırmaktadır.

Gelecekte, BBD'lerin dışsal uygulamalarından ziyade, bitkilerin tuzluluk stresine doğal adaptasyon mekanizmalarının daha iyi anlaşılması büyük önem taşımaktadır. Genetik mühendislik ve moleküler tarım yaklaşımlarıyla tuz toleransının kalıcı olarak artırılması, uzun vadede daha etkili ve ekonomik çözümler sunabilir. Bunun için, bitkilerde iyon dengesi ve oksidatif stres mekanizmalarını daha ayrıntılı inceleyen araştırmalara ihtiyaç duyulmaktadır.

Kaynaklar

- Abeles, F. B., Morgan, P. W., & Saltveit, M. E. Jr. (1992). *Ethylene in plant biology*. Academic Press.
- Ahanger, M. A., Alyemeni, M. N., Wijaya, L., Alamri, S. A., Alam, P., Ashraf, M., & Ahmad, P. (2018). Potential of exogenously sourced kinetin in protecting *Solanum lycopersicum* from NaCl-induced oxidative stress through up-regulation of the antioxidant system, ascorbate-glutathione cycle and glyoxalase system. *PLoS ONE*, 13(9), e0202175. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0202175>
- Akram, N. A., Hafeez, N., Farid-ul-Haq, M., Ahmad, A., Sadiq, M., & Ashraf, M. (2020). Foliage application and seed priming with nitric oxide causes mitigation of salinity-induced metabolic adversaries in broccoli (*Brassica oleracea* L.) plants. *Acta Physiologiae Plantarum*, 42, 1–9. <https://doi.org/10.1007/s11738-020-03140-x>
- Albacete, A., Cantero-Navarro, E., Balibrea, M. E., Grosskinsky, D. K., de la Cruz, G. M., Martinez-Andujar, C., Smigocki, A. C., Roitsch, T., & Perez-Alfocea, F. (2014). Hormonal and metabolic regulation of tomato fruit sink activity and yield under salinity. *Journal of Experimental Botany*, 65(20), 6081–6095. <https://doi.org/10.1093/jxb/eru347>
- Alhaithloul, H. A. S., Abu-Elsaoud, A. M., & Soliman, M. H. (2020). Abiotic stress tolerance in crop plants: Role of phytohormones. In S. Fahad, S. Saud, Y. Chen, C. Wu, & D. Wang (Eds.), *Abiotic stress in plants*. IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.93710>
- Ali, A. Y. A., Ibrahim, M. E. H., Zhou, G., Nimir, N. E. A., Jiao, X., Zhu, G., Elsidig, A. M. I., Suliman, M. S. E., Elradi, S. B. M., & Yue, W. (2020). Exogenous jasmonic acid and humic acid increased salinity tolerance of sorghum. *Agronomy Journal*, 112, 871–884. <https://doi.org/10.1002/agj2.20072>
- Ali, M., & Baek, K.-H. (2020). Jasmonic acid signaling pathway in response to abiotic stresses in plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 21(2), 621. <https://doi.org/10.3390/ijms21020621>
- Ali, Q., Daud, M., Haider, M. Z., Ali, S., Rizwan, M., Aslam, N., Noman, A., Iqbal, N., Shahzad, F., & Deeba, F. (2017). Seed priming by sodium nitroprusside improves salt tolerance in wheat (*Triticum aestivum* L.) by enhancing physiological and biochemical parameters. *Plant Physiology and Biochemistry*, 119, 50–58. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2017.08.010>
- Alnusairi, G. S., Mazrou, Y. S., Qari, S. H., Elkelish, A. A., Soliman, M. H., & Eweis, M., et al. (2021). Exogenous nitric oxide reinforces photosynthetic efficiency, osmolyte, mineral uptake, antioxidant, expression of stress-responsive genes and ameliorates the effects of salinity stress in wheat. *Plants*, 10, 1693. <https://doi.org/10.3390/plants10081693>
- Arfan, M., Athar, H. R., & Ashraf, M. (2007). Does exogenous application of salicylic acid through the rooting medium modulate growth and photos-

- synthetic capacity in two differently adapted spring wheat cultivars under salt stress? *Plant Physiology and Biochemistry*, 6, 685–694. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2006.05.010>
- Balusamy, S. R., Rahimi, S., & Yang, D.-C. (2019). Characterization of squalene-induced PgCYP736B involved in salt tolerance by modulating key genes of abscisic acid biosynthesis. *International Journal of Biological Macromolecules*, 121, 796–805. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2018.10.058>
- Bennett, T., Hines, G., van Rongen, M., Waldie, T., Sawchuk, M. G., Scarpella, E., & Ljung, K. (2016). Connective auxin transport in the shoot facilitates communication between shoot apices. *PLoS Biology*, 14, e1002446. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002446>
- Bhandari, S., & Nailwal, T. K. (2020). Role of brassinosteroids in mitigating abiotic stresses in plants. *Biologia*, 75, 2203–2230. <https://doi.org/10.2478/s11756-020-00587-8>
- Bisht, T. S., Rawat, L., Chakraborty, B., & Yadav, V. (2018). Recent advances in the use of plant growth regulators (PGRs) in fruit crops: A review. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(5), 1307–1336. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.705.159>
- Cao, W.-H., Liu, J., He, X.-J., Mu, R.-L., Zhou, H.-L., Chen, S.-Y., & Zhang, J.-S. (2007). Modulation of ethylene responses affects plant salt-stress responses. *Plant Physiology*, 143(2), 707–719. <https://doi.org/10.1104/pp.106.094292>
- Chaves, M. M., Flexas, J., & Pinheiro, C. (2009). Photosynthesis under drought and salt stress: Regulation mechanisms from whole plant to cell. *Annals of Botany*, 103, 551–560. <https://doi.org/10.1093/aob/mcn125>
- Chen, C., Cheng, D., Li, L., Sun, X., He, S., et al. (2023). Physiological characteristics and transcriptome analysis of exogenous brassinosteroid-treated kiwifruit. *International Journal of Molecular Sciences*, 24, 17252. <https://doi.org/10.3390/ijms242417252>
- Corpas, F. J., Palma, J. M., Del Río, L. A., & Barroso, J. B. (2009). Evidence supporting the existence of L-arginine-dependent nitric oxide synthase activity in plants. *New Phytologist*, 184(1), 9–14. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2009.02989.x>
- Davies, P. J. (2004). *Plant hormones: Biosynthesis, signal transduction, action!* Kluwer Academic Publishers.
- Ellouzi, H., Hamed, K. B., Hernandez, I., Cela, J., Muller, M., Magne, C., et al. (2014). A comparative study of the early osmotic, ionic, redox and hormonal signaling response in leaves and roots of two halophytes and a glycophyte to salinity. *Planta*, 240, 1299–1317. <https://doi.org/10.1007/s00425-014-2154-7>
- Emamverdian, A., Ding, Y., & Mokhberdoran, F. (2020). The role of salicylic acid and gibberellin signaling in plant responses to abiotic stress with an emp-

- hasis on heavy metals. *Plant Signaling & Behavior*, 15, 1777372. <https://doi.org/10.1080/15592324.2020.1777372>
- Faghih, S., Zarei, A., & Ghobadi, C. (2019). Positive effects of plant growth regulators on physiology responses of *Fragaria* × *ananassa* cv. ‘Camarosa’ under salt stress. *International Journal of Fruit Science*, 19, 104–114. <https://doi.org/10.1080/15538362.2018.1462291>
- Gurmani, A., Bano, A., & Salim, M. (2007). Effect of abscisic acid and benzy-ladenine on growth and ion accumulation of wheat under salinity stress. *Pakistan Journal of Botany*, 39, 141–152.
- Hager, A. (2003). Role of the plasma membrane H⁺-ATPase in auxin-induced elongation growth: Historical and new aspects. *Journal of Plant Research*, 116, 483–505. <https://doi.org/10.1007/s10265-003-0110-x>
- Hasanuzzaman, M., & Fujita, M. (2022). Plant responses and tolerance to salt stress: Physiological and molecular interventions. *International Journal of Molecular Sciences*, 23, 4810. <https://doi.org/10.3390/ijms23094810>
- Hasanuzzaman, M., & Fujita, M. (2023). Plant responses and tolerance to salt stress: Physiological and molecular interventions 2.0. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(21), 15740. <https://doi.org/10.3390/ijms242115740>
- Hayat, S., Ali, B., & Ahmad, A. (2007). Salicylic acid: Biosynthesis, metabolism and physiological role in plants. In *Salicylic acid: A plant hormone* (pp. 1–14). Springer.
- Hedrich, R., & Shabala, S. (2018). Stomata in a saline world. *Current Opinion in Plant Biology*, 46, 87–95. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2018.07.015>
- Jia, W., Wang, Y., Zhang, S., & Zhang, J. (2002). Salt-stress-induced ABA accumulation is more sensitively triggered in roots than in shoots. *Journal of Experimental Botany*, 53, 2201–2206. <https://doi.org/10.1093/jxb/erf079>
- Julkowska, M. M., Hoefsloot, H. C., Mol, S., Feron, R., de Boer, G.-J., Haring, M. A., & Testerink, C. (2014). Capturing *Arabidopsis* root architecture dynamics with ROOT-FIT reveals diversity in responses to salinity. *Plant Physiology*, 166, 1387–1402. <https://doi.org/10.1104/pp.114.248963>
- Kang, G., Li, G., Zheng, B., Han, Q., Wang, C., Zhu, Y., & Guo, T. (2012). Proteomic analysis on salicylic acid-induced salt tolerance in common wheat seedlings (*Triticum aestivum* L.). *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Proteins and Proteomics*, 1824(12), 1324–1333. <https://doi.org/10.1016/j.bbapap.2012.07.012>
- Kaur, H., Sirhindi, G., Bhardwaj, R., Alyemeni, M. N., Siddique, K. H. M., et al. (2018). 28-homobrassinolide regulates antioxidant enzyme activities and gene expression in response to salt and temperature-induced oxidative stress in *Brassica juncea*. *Scientific Reports*, 8, 8735. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-27032-w>

- Koevoets, I. T. (2016). Roots withstanding their environment: Exploiting root system architecture responses to abiotic stress to improve crop tolerance. *Frontiers in Plant Science*, 7, 1335. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01335>
- Korver, R. A., Koevoets, I. T., & Testerink, C. (2018). Out of shape during stress: A key role for auxin. *Trends in Plant Science*, 23, 783–793. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2018.06.003>
- Kováčik, J., Grúz, J., Bačkor, M., Strnad, M., & Repčák, M. (2009). Salicylic acid-induced changes to growth and phenolic metabolism in *Matricaria chamomilla* plants. *Plant Cell Reports*, 28, 135–143. <https://doi.org/10.1007/s00299-008-0627-5>
- Leyser, O. (2018). Auxin signaling. *Plant Physiology*, 176(1), 465–479. <https://doi.org/10.1104/pp.17.00765>
- Li, G., Peng, X., Wei, L., & Kang, G. (2013). Salicylic acid increases the contents of glutathione and ascorbate and temporally regulates the related gene expression in salt-stressed wheat seedlings. *Gene*, 529(2), 321–325. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2013.07.093>
- Li, T., Hu, Y. Y., Du, X. H., Tang, H., Shen, C. H., Wu, J. S., et al. (2014). Salicylic acid alleviates the adverse effects of salt stress in *Torreya grandis* cv. *merrillii* seedlings by activating photosynthesis and enhancing antioxidant systems. *PLoS ONE*, 9, e109492. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0109492>
- Li, X., Li, S., Wang, J., & Lin, J. (2020). Exogenous abscisic acid alleviates harmful effects of salt and alkali stresses on wheat seedlings. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(10), 3770. <https://doi.org/10.3390/ijerph17113770>
- Liu, W., Li, R.-J., Han, T.-T., Cai, W., Fu, Z.-W., & Lu, Y.-T. (2015). Salt stress reduces root meristem size by nitric oxide-mediated modulation of auxin accumulation and signaling in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*, 168(1), 343–356. <https://doi.org/10.1104/pp.15.00030>
- López, M. L., Peralta-Videa, J. R., Benitez, T., & Gardea-Torresdey, J. L. (2005). Enhancement of lead uptake by alfalfa (*Medicago sativa*) using EDTA and a plant growth promoter. *Chemosphere*, 61(4), 595–598. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2005.02.028>
- Ma, H., Song, L., Shu, Y., Wang, S., Niu, J., Wang, Z., et al. (2012). Comparative proteomic analysis of seedling leaves of different salt-tolerant soybean genotypes. *Journal of Proteomics*, 75, 1529–1546. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2011.11.026>
- Machado, R. M. A., & Serralheiro, R. P. (2017). Soil salinity: Effect on vegetable crop growth. Management practices to prevent and mitigate soil salinization. *Horticulturae*, 3, 30. <https://doi.org/10.3390/horticulturae3020030>
- Madaan, I., Dogra, N., Kaushik, S., Kaur, G., Sidhu, A., Bhardwaj, R., & Sirhindi, G. (2022). Implications of phytohormones as agrochemicals in dynamic

- environmental conditions. In M. Naeem, J. F. J. Bremont, A. A. Ansari, & S. S. Gill (Eds.), *Agrochemicals in soil and environment* (pp. 535–563). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-16-9310-6_23
- Majda, M., & Robert, S. (2018). The role of auxin in cell wall expansion. *International Journal of Molecular Sciences*, 19(4), 951. <https://doi.org/10.3390/ijms19040951>
- Mason, M. G., Jha, D., Salt, D. E., Tester, M., Hill, K., Kieber, J. J., & Schaller, G. E. (2010). Type-B response regulators ARR1 and ARR12 regulate expression of *AtHKT1;1* and accumulation of sodium in *Arabidopsis* shoots. *Plant Journal: Cell and Molecular Biology*, 64(5), 753–763. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2010.04366.x>
- Mittler, R., Vanderauwera, S., Suzuki, N., Miller, G., Tognetti, V. B., Vandepoele, K., Gollery, M., Shulaev, V., & Van Breusegem, F. (2011). ROS signaling: The new wave? *Trends in Plant Science*, 16(6), 300–309. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2011.03.007>
- Morgan, P. W., & Drew, M. C. (1997). Ethylene and plant responses to stress. *Physiologia Plantarum*, 100, 620–630. <https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.1997.tb03068.x>
- Peng, J., Li, Z., Wen, X., Li, W., Shi, H., Yang, L., et al. (2014). Salt-induced stabilization of EIN3/EIL1 confers salinity tolerance by deterring ROS accumulation in *Arabidopsis*. *PLoS Genetics*, 10, e1004664. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004664>
- Qiu, Z., Guo, J., Zhu, A., Zhang, L., & Zhang, M. (2014). Exogenous jasmonic acid can enhance tolerance of wheat seedlings to salt stress. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 104, 202–208. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2014.03.014>
- Quamruzzaman, M., Manik, S. M. N., Shabala, S., & Zhou, M. (2021). Improving performance of salt-grown crops by exogenous application of plant growth regulators. *Biomolecules*, 11(6), 788. <https://doi.org/10.3390/biom11060788>
- Rademacher, W. (2015). Plant growth regulators: Backgrounds and uses in plant production. *Journal of Plant Growth Regulation*, 34(4), 845–872. <https://doi.org/10.1007/s00344-015-9541-6>
- Rady, M. M. (2011). Effect of 24-epibrassinolide on growth, yield, antioxidant system, and cadmium content of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) plants under salinity and cadmium stress. *Scientia Horticulturae*, 129(2), 232–237. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.03.035>
- Rasool, S., Hameed, A., Azooz, M. M., Rehman, M., Siddiqi, T. O., & Ahmad, P. (2013). Salt stress: Causes, types, and responses of plants. In *Ecophysiology and responses of plants under salt stress* (pp. 1–24). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-4747-4>

- Rhaman, M. S., Imran, S., Rauf, F., Khatun, M., Baskin, C. C., Murata, Y., & Hasanuzzaman, M. (2020). Seed priming with phytohormones: An effective approach for the mitigation of abiotic stress. *Plants*, 10(1), 37. <https://doi.org/10.3390/plants10010037>
- Ribba, T., Garrido-Vargas, F., & O'Brien, J. A. (2020). Auxin-mediated responses under salt stress: From developmental regulation to biotechnological applications. *Journal of Experimental Botany*, 71(13), 3843–3853. <https://doi.org/10.1093/jxb/eraa241>
- Roychoudhury, A., Paul, S., & Basu, S. (2013). Cross-talk between abscisic acid-dependent and abscisic acid-independent pathways during abiotic stress. *Plant Cell Reports*, 32(7), 985–1006. <https://doi.org/10.1007/s00299-013-1414-5>
- Ruan, H. H., Shen, W. B., & Xu, L. L. (2004). Nitric oxide modulates the activities of plasma membrane H⁺-ATPase and PPase in wheat seedling roots and promotes the salt tolerance against salt stress. *Acta Botanica Sinica*, 46(4), 415–422.
- Sah, S. K., Reddy, K. R., & Li, J. (2016). Abscisic acid and abiotic stress tolerance in crop plants. *Frontiers in Plant Science*, 7, 571. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00571>
- Seleiman, M. F., Ahmad, A., & Alshahrani, T. S. (2023). Integrative effects of zinc nanoparticle and PGRs to mitigate salt stress in maize. *Agronomy*, 13(6), 1655. <https://doi.org/10.3390/agronomy13061655>
- Senaratna, T., Touchell, D., Bunn, E., & Dixon, K. (2000). Acetyl salicylic acid (aspirin) and salicylic acid induce multiple stress tolerance in bean and tomato plants. *Plant Growth Regulation*, 30(2), 157–161. <https://doi.org/10.1023/A:1006386800974>
- Shahid, M. A., Balal, R. M., Pervez, M. A., Garcia-Sanchez, F., Gimeno, V., Abbas, T., Mattson, N. C., & Riaz, A. (2014). Treatment with 24-epibrassinolide mitigates NaCl-induced toxicity by enhancing carbohydrate metabolism, osmolyte accumulation, and antioxidant activity in *Pisum sativum*. *Turkish Journal of Botany*, 38(3), 511–525. <https://doi.org/10.3906/bot-1304-45>
- Shahid, S. A., Zaman, M., & Heng, L. (2018). Soil salinity: Historical perspectives and a world overview of the problem. In *Guideline for salinity assessment, mitigation and adaptation using nuclear and related techniques* (pp. 43–53). Springer.
- Shams, M., Ekinci, M., Ors, S., Turan, M., Agar, G., Kul, R., et al. (2019). Nitric oxide mitigates salt stress effects on pepper seedlings by altering nutrient uptake, enzyme activity, and osmolyte accumulation. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 25, 1149–1161. <https://doi.org/10.1007/s12298-019-00692-2>
- Sharma, I., Ching, E., Saini, S., Bhardwaj, R., & Pati, P. K. (2013). Exogenous application of brassinosteroid offers tolerance to salinity by altering stress

- responses in rice variety Pusa Basmati-1. *Plant Physiology and Biochemistry*, 69, 17–26. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2013.04.013>
- Sheteawi, S. A. (2007). Improving growth and yield of salt-stressed soybean by exogenous application of jasmonic acid and ascorbin. *International Journal of Agriculture and Biology*, 9(4), 473–478.
- Shinozaki, Y., Beauvoit, B. P., Takahara, M., Hao, S., Ezura, K., Andrieu, M. H., & Ariizumi, T. (2020). Fruit setting rewires central metabolism via gibberellin cascades. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 117(39), 23970–23981. <https://doi.org/10.1073/pnas.2011859117>
- Siddiqui, H., Ahmed, K. B. M., & Hayat, S. (2018). Comparative effect of 28-homobrassinolide and 24-epibrassinolide on the performance of different components influencing the photosynthetic machinery in *Brassica juncea* L. *Plant Physiology and Biochemistry*, 129, 198–212. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2018.05.027>
- Siddiqui, M. H., Alamri, S. A., Al-Khaishany, M. Y., Al-Qutami, M. A., Ali, H. M., Al-Rabiah, H., et al. (2017). Exogenous application of nitric oxide and spermidine reduces the negative effects of salt stress on tomato. *Horticulture, Environment and Biotechnology*, 58, 537–547. <https://doi.org/10.1007/s13580-017-0353-4>
- Silva, A. P. S. D., Alencar, A. A. D. S., Sudré, C. P., Araújo, M. D. S. B. D., & Lobato, A. K. D. S. (2024). Brassinosteroids: Relevant evidence related to mitigation of abiotic and biotic stresses in plants. *Agronomy*, 14, 840. <https://doi.org/10.3390/agronomy14040840>
- Sripinyowanich, S., Klomsakul, P., Boonburapong, B., Bangyeekhun, T., Asami, T., Gu, H., Buaboocha, T., & Chadchawan, S. (2013). Exogenous ABA induces salt tolerance in indica rice (*Oryza sativa* L.): The role of *OsP5CS1* and *OsP5CR* gene expression during salt stress. *Environmental and Experimental Botany*, 86, 94–105. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2010.01.009>
- Tabur, S., Avci, Z. D., & Özmen, S. (2020). Exogenous salicylic acid application against mitodepressive and clastogenic effects induced by salt stress in barley apical meristems. *Biologia*, 76, 1–10. <https://doi.org/10.2478/s11756-020-00573-0>
- Tahjib-Ul-Arif, M., Wei, X., Jahan, I., Hasanuzzaman, M., Sabuj, Z. H., Zulfiqar, F., Chen, J., Iqbal, R., Dastogeer, K. M. G., Sohag, A. A. M., Tonny, S. H., Hamid, I., Al-Ashkar, I., Mirzapour, M., El Sabagh, A., & Murata, Y. (2022). Exogenous nitric oxide promotes salinity tolerance in plants: A meta-analysis. *Frontiers in Plant Science*, 13, 957735. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.957735>
- Tanveer, M., & Ahmed, H. A. I. (2020). ROS signalling in modulating salinity stress tolerance in plants. In M. Hasanuzzaman & M. Tanveer (Eds.), *Salt and drought stress tolerance in plants* (pp. 299–314). Springer.

- Tao, J. J., Chen, H. W., Ma, B., Zhang, W. K., Chen, S. Y., & Zhang, J. S. (2015). The role of ethylene in plants under salinity stress. *Frontiers in Plant Science*, 6, 1059. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.01059>
- Tounekti, T., Hernández, I., Müller, M., Khemira, H., & Munné-Bosch, S. (2011). Kinetin applications alleviate salt stress and improve the antioxidant composition of leaf extracts in *Salvia officinalis*. *Plant Physiology and Biochemistry*, 49(10), 1165–1176. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2011.07.011>
- Vishwakarma, K., Upadhyay, N., Kumar, N., Yadav, G., Singh, J., Mishra, R. K., Kumar, V., Verma, R., Upadhyay, R. G., & Pandey, M. (2017). Absciscic acid signaling and abiotic stress tolerance in plants: A review on current knowledge and future prospects. *Frontiers in Plant Science*, 8, 161. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00161>
- Wang, Y., Shen, W., Chan, Z., & Wu, Y. (2015). Endogenous cytokinin overproduction modulates ROS homeostasis and decreases salt stress resistance in *Arabidopsis thaliana*. *Frontiers in Plant Science*, 6, 1004. <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.01004>
- Wani, S. H., Kumar, V., Shriram, V., & Sah, S. K. (2016). Phytohormones and their metabolic engineering for abiotic stress tolerance in crop plants. *Crop Journal*, 4(3), 162–176. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2016.01.010>
- Wu, W., Zhang, Q., Ervin, E. H., Yang, Z., & Zhang, X. (2017). Physiological mechanism of enhancing salt stress tolerance of perennial ryegrass by 24-epibrassinolide. *Plant, Cell & Environment*, 8, 1017. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01017>
- Yusuf, M., Fariduddin, Q., Khan, T., & Hayat, S. (2017). Epibrassinolide reverses the stress generated by combination of excess aluminum and salt in two wheat cultivars through altered proline metabolism and antioxidants. *South African Journal of Botany*, 112, 391–398. <https://doi.org/10.1016/j.sajb.2017.06.034>
- Zahid, G., Iftikhar, S., Shimira, F., Ahmad, H. M., & Kaçar, Y. A. (2023). An overview and recent progress of plant growth regulators (PGRs) in the mitigation of abiotic stresses in fruits: A review. *Scientia Horticulturae*, 309, 111621. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2022.111621>
- Zheng, C., Jiang, D., Liu, F., Dai, T., Liu, W., Jing, Q., & Cao, W. (2009). Exogenous nitric oxide improves seed germination in wheat against mitochondrial oxidative damage induced by high salinity. *Environmental and Experimental Botany*, 67(1), 222–227. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2009.05.002>



BÖLÜM

4

BOR YAPISININ TIBBİ AROMATİK BİTKİ EKSTRATIYLA AHŞABA EMPRENYESİ VE TEKNOLOJİK ÖZELLİKLERE ETKİSİ

Yük.Orm. End. Müh. Erdiñç YILDIRIM

Doç. Dr. Hatice ULUSOY¹

Prof. Dr. Hüseyin PEKER²

¹ Muğla Sıtkı Koçman Üniversitesi, Köyceğiz MYO, Ormanlık Bölümü, Muğla, Türkiye.
E-mail: haticeulusoy@mu.edu.tr

² Artvin Çoruh Üniversitesi, Orman Fakültesi, Orman Endüstri Mühendisliği Bölümü, Artvin,
Türkiye. E-mail: peker100@artvin.edu.tr -salpayates@artvin.edu.tr

GİRİŞ

İçinde yaşadığımız çevre nefes aldığımız tüm ortamlar kirli hava, bozunmuş besin içindeki zararlı materyaller , katkılı maddeler, düzensiz dikkatsiz beslenme ve hareket düzeyinin çok düşük olması insan vücudunda serbest radikal yapısını oluşturma gelmektedir. Dış ortamda oluşan bu zararlı yapı vücudumuzda kopan oksijen düzeyinin serbest bir şekilde dolaşımını sağlar ve hidrojen atom yapısını bozarak dokularımızda zararlara neden olur. Vücudumuzda serbest radikal yapısının etki düzeyini en aza indirmek, bloke etmek, pek çok hastalığa ve erken yaşlanmaya neden olabilen zincirleme reaksiyon yapısını önleme gücünü sağlayan moleküllere “antioksidan” olarak adlandırılmaktadır. (Alaca Güre ve Arabacı, 2005). Yapılan çok çeşitli çalışmalarda bitki materyal yapısı çok güçlü antioksidan/antimikrobiyal aktivite özelliğine sahip çok büyük miktarda fitokimyasal bileşik içerebildiğini ortaya koymaktadır (Kırca, 2007).

Bitki materyalinin gıda içeriğinde kullanımı ilk olarak Eski Mısır uygarlığında görülmektedir. Mısır uygarlığında (M.Ö. 2500) insan ölümlerinin mumyalama işleminde nane ve çok farklı bitki çeşitlerinin kullanıldığını kaynaklarda belirtilmektedir. Mumyalama işleminde bitki ekstraktları çeşitli yöntemlerle cesetlere uygulanmakta ve uygulanagelen çok çeşitli yöntemler sayesinde yüzyıllar boyu cesetler bozulma göstermeden saklanabilmekteydi. Çeşitli dini kaynaklarda bitkilerin şifa/güç kaynağını oluşturduğunu bildirmektedir (Başoğlu, 1982). Baysal ve ark., (2003) Emprenyenin olumlu ve koruyuculuk düzeyinin yüksek olması , emprenye maddesine , odun özelliğine, retensiyon düzeyi (tutunma), geçirgenlik düzeyine bağlı olduğunu belirtmiştir. Örs ve ark. (2001) Emprenye işleminde etkinliğin emprenye maddesine , odun özelliğine, retensiyon düzeyi (tutunma), geçirgenlik düzeyine bağlı olduğunu ve anatomik yapının önceden yapılmış kurutma/yarık açılma işlemine bağlı olması , iğne yapraklı odunlarda geçit aspirasyonu ve yapraklı ağaçlarda tül oluşumunun olması , geçit zarlarındaki açıklıkta çeşitli yabancı maddelerin depolanmaları ahşap emprenyesinde güçlükler oluşturmaktadır. Emprenye işlemine başlamadan kabuk soyam işleminin yapılması lümende bulunan serbest su düzeyinin % 20 rutubet düzeyine inmesini böylelikle kurutma ile beraber emprenye etki derinliğinin arttığını bildirmişlerdir.

Tıbbi ve aromatik bitkiler günümüzde üretimi ve ticareti yapılan bitkilerin önemli bir bölümünü oluşturmaktadır. Ticarete yer alan bu bitkiler türlerinin büyük bir kısmı doğadan toplanırken çok azı tarlada üretilerek kullanma sunulmaktadır. İnsanoğlu doğada bulunan bitkileri toplayarak bu bitkileri koruma-kullanma prensibi ile faydalanmaya özen göstermesi gerekmektedir. Bu sadece bitki türlerinin devamlılığını sürdürebilmesi açısından değil, doğal kaynakların tamamının tüketilmesinin de önüne geçerek kullanım alanlarının arttırılarak ‘sürdürülebilir kullanım’ ilkesi doğ-

rultusunda sonraki nesillere ulaştırabilmek ve uzun yıllar kullanabilmek adına önemli bir bulgudur. (Güler, 2004). Baysal ve ark. (2006) borlu bileşik yapısıyla ahşap malzemede higroskopisite düzeyinin tespiti ile ilgili araştırmada borlu bileşiklerden borik asit /boraks konsantrasyonlarının higroskopisiteyi en çok arttıran madde olarak boriks/borikasit'te (%6) gerçekleştiğini bildirmişlerdir.

Orman varlığı hızlı bir şekilde azalmakta, kuraklık, iklim değişiklikleri, kuraklık, su kaynaklarının azalması vb. orman kaynağını en üst seviyede ekonomik kullanımını zorunlu hale getirmiştir. Salgın hastalıkların içinde bulunduğumuz yüzyılda artmasıyla bilimsel çalışmaların insan/çevre sağlığına yönelimini artırmıştır. Bu nedenle çok çeşitli alanlarda kullanılan tıbbi aromatik bitki atıklarının (çayır soğanı, çarşır) ekstraktlarının hazırlanarak ahşaba emprenyesi ve ayrıca yangın tehlikelerinin özellikle çağımızda artması nedenleriyle bor türevleriyle ilişkilendirerek bazı teknolojik özellikler üzerindeki değişimi araştırılmıştır.

1. MATERYAL ve YÖNTEM

1.1. Ahşap/Bitki Materyal

Araştırma kapsamında ahşap malzeme olarak maun odunu , tıbbi aromatik bitki olarak çarşır (*Ferula comunis L.*), çayır soğanı (*Allium schoenoprasum L.*), bitkileri (%3) tercih edilmiştir TS 2470 (1976) esasına göre işlemler yapılmıştır. Boraks bor türevi olarak kullanılmıştır.

1.2 Deney Örnek Hazırlanması

Kontrol ve test örneklerinin düzgün pürüzsüz, kırık, budaksız, mantarsız olmasına özen gösterilmiş, TS 2471, 2472, 2474 esaslarına göre işlemler gerçekleştirilmiştir.

1.3 Emprenye

Emprenye işlemi ASTM–D 1413-76 esaslarına göre yapılmış. 45 dakika vakum 45 dakika difüzyon uygulanmıştır.

1.4 Ekstrakt Hazırlama

Çayır soğanı, çarşır bitkileri Artvin Çoruh Üniversitesi laboratuvarında yaklaşık olarak (1-2 ay) aralığında sabit ağırlık düzeyine erişinceye dek kuruma işlemi gerçekleştirilmiştir. Kuruma işleminden sonra öğütücüler-

de toz düzeyine getirilmiş ve diğerk işlemler gerçekleştirilmiştir (Ceylan, 2017).

1.5. % Retensiyon

Emprenye işleminden sonra tam kuru oduna oranla kalan madde miktarı (tkoao-% retensiyon) belirtilen formülden hesaplanmıştır (Baysal, 1994).

2. Tartışma ve Sonuçlar

2.1. Çözelti Özellikleri

Çözelti özellikleri Tablo1’de verilmiştir.

Table 1. Solution Properties.

Özüt/Boraks	Çözücü/ Konsant.	Sıcaklık (°C)	pH		Yoğunluk (g/ml)	
			EÖ	ES	EÖ	ES
Çayır soğanı	Su/ %3	22 °C	6.63	6.60	0.989	0.990
Çaşır			7.14	7.14	0.965	0.965
Boraks			9.53	9.53	1.011	1.011
Çaşır+Boraks			8.75	8.75	0.990	0.990

BI: Before impregnation **AI:** After impregnation

Çözelti özelliklerinde gerek emprenye öncesi ve gerek emprenye sonrası pH ve yoğunluklarında değişim olmamıştır.

2.2. Retensiyon (%)

Tam kuru odun ağırlığına oranla tutunan madde miktarı (% retensiyon) Tablo 2’de verilmiştir.

Tablo 2. % Retensiyon

Bitki Özütü/Boraks	Konsantrasyon (%)	Vakum/Difüzyon Süresi (Dk)	Tutunma (%)	HG
Çayır soğanı	%3	45 Dakika	0,14	D
Çaşır			0,21	C
Boraks			1,86	A
Çaşır+Boraks			1,70	B

Tutunan madde miktarı (%) en yüksek boraksta (% 1.86), en düşük çayır soğanı ekstraktında (% 0.14) belirlenmiştir.

2.3 Hava/Tam Kuru Özgöl Ağırlık (g/cm³)

Hava/tam kuru özgöl ağırlık değerleri Tablo 3'te verilmiştir.

Tablo 3. Hava /Tam Kuru Özgöl Ağırlık Değişimi

Bitki Özütü Borikası	Vakum/ Difüzyon Konsantrasyon (%)	Hava Kuru Yoğunluk		Tam Kuru Yoğunluk	
		Ort	HG	Ort	HG
Kontrol	-	0.53	C	0.50	C
Çayır soğanı	45 Dakika/	0.56	A	0.54	A
Çaşır	45 Dakika	0.55	B	0.53	B
Boraks		0.56	A	0.54	A
Çaşır+Boraks	%3	0.56	A	0.53	B

En yüksek tam kuru özgöl ağırlık boraks/çaşır+boraksta (0.56 g/cm³), en düşük kontrol örneğinde (0.53 g/cm³); en yüksek tam kuru özgöl ağırlık değişimi çayır soğanı/boraksta (0.54 g/cm³), en düşük tam kuru özgöl ağırlık kontrol örneğinde gerçekleşmiştir.

2.4 Eğilme Direnci Değişimi (N/mm²)

Eğilme direnci değişimi ve duncan testi sonuçları Tablo 4'te verilmiştir.

Tablo 4. Eğilme Direnci (N/mm²)

Bitki Özütü Borikası	Konsantrasyon (%)	Vakum /Difüzyon (Süresi)		Tam Kuru Yoğunluk	
		Ort		HG	
Kontrol	-	Vakum	Difüzyo	83.15	B
Çayır soğanı	%3	45 Dak	45 Dak.	81.14	C
Çaşır				81.56	C
Boraks				89.48	A
Çaşır+Boraks				83.12	B

En yüksek eğilme direnci boraksta (89.48 N/mm^2), en düşük eğilme direnci çayır soğanı //çaşırda belirlenmiştir.

SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Çalışmada çeşitli araştırmalarla karşılaştırıldığında ülkemiz kaynakları içerisinde yer alan çok çeşitli bitkisel/hayvansal/madensel vb materyallerden insan/çevre sağlığıyla uyumlu ve ülke ekonomisine katkılar sağlayacak yeni doğal üst yüzey/emprenye malzemeleri elde edilmesidir. Böylelikle ülke kaynakları en verimli şekilde değerlendirilecek diğer dünya ülkelerine de bu materyalin ihracı sağlanabilecektir. Kimyasal/sentetik üst yüzey ve emprenye maddelerinden uzaklaşılarak sağlıklı ve hijyenik materyal temini asıl öne çıkan olmuştur.

REFERENCES

- Alaca Güre, F. ve Arabacı O, (2005) Bazı tıbbi bitkilerdeki doğal antioksidanlar ve önemi. Türkiye VI. Tarla Bitkileri Kongresi, Antalya , (Derleme Sunusu) Cilt I, Sayfa 465-470.
- Kırca, A., Bilişli, A., Demirel, N.N., Turhan, H. ve Arslan, E., (2007) Çanakkale florasındaki bazı tıbbi ve aromatik bitkilerin antioksidan ve antimikrobiyal aktiviteleri. TÜBİTAK Proje No: 104 0 292. Çanakkale.
- Başoğlu, F., (1982) Gıdalarda Kullanılan Bazı Baharatların Mikroorganizmalar Üzerine Etkileri Ve Kontaminasyondaki Roller, Gıda. 7(1), 19-24.
- Baysal, E., (2003) Borlu Bileşikler Ve Doğal Sepi Maddeleriyle Emprenye Edilen Sarıçam Odununun Yanma Özellikleri, Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, Kayseri, 19 (1-2): 59-69.
- Örs, Y., Efe, H., Atar, M., (2001) Sarıçam (Pinus sylvestris Lipsky.) Odununda Emprenye Etme ve Renk Açma İşleminin Vernik Katma Sertliğine Etkileri, G.Ü. Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi, 14, 2, 487-503.
- TS 2470, (1976) Odunda Fiziksel ve Mekaniksel Deneyler İçin Numune Alma Metodları ve Genel Özellikler, TSE, Ankara.
- TS 2471, (1976) Odunda Fiziksel ve Mekaniksel Deneyler İçin Rutubet Miktarı Tayini, TSE, Ankara
- TS 2472, (1976) Odunda, Fiziksel ve Mekaniksel Deneyler için Birim Hacim Ağırlığı Tayini, TSE, Ankara
- TS 2474. (1976) Odunun Statik Eğilme Dayanımının Tayini, TSE, Ankara.
- ASTM D 1413-76 (1984) Standard Methods of Testing Preservatives by Laboratory Soilblock Cultures, Annual Book of Astm Standarts, USA Wood.
- Ceylan, Ş., (2019) Işgın Bitki (Antioksidan/antibakteriyel) Özütünün Ahşap Endüstrisinde (Mobilya/İnşaat) Kullanılabilme Olanakları, Artvin Çoruh Üniversitesi , BAP Projesi, Artvin.
- Baysal, E., (1994) Çeşitli Borlu ve Wr Bileşiklerin Kızılçam Odununun Bazı Fiziksel Özelliklerine Etkisi, K.T.Ü. Fen Bil. Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, Trabzon.

