

ÖZET

'JUBILEE' YÜKSEKÇALI MAVİYEMİŞ (*VACCINIUM CORYMBOSUM* L.) GENOMUNDA ARDIŞIK ORGANİZE TEKRARLANAN DNA AİLESİNİN BİYOİNFORMATİK VE MOLEKÜLER KARAKTERİZASYONU

SULTANA, Nusrat
Niğde Ömer Halisdemir Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarımsal Genetik Mühendisliği Anabilim Dalı

Danışman : Prof. Dr. Sedat SERÇE

Temmuz 2018, 164 Sayfa

Vaccinium, taksonomik olarak geniş çeşitlilik içeren bir cinstir. Altcinsler ve türler çoğunlukla tür içi ve türler arası düzeylerde geniş poliploidizasyona eğilimlidir. Bu çalışmada, *Vaccinium* genom analizi, ploidi seviye tahmini ve RepeatExplorer yazılımı kullanılarak, tekrarlayan DNA analizi ile gerçekleştirilmiştir. Tekrarlanan dizilerin toplam yüzdesinin, maviyemiş (*Vaccinium corymbosum* L.) ve turnayemişi genomunda (*Vaccinium macrocarpon* Ait.) sırasıyla %80 ve %90 olduğu bulunmuştur. Tekrarların dizilerin büyük çoğunluğu transpoze edilebilir elementlere, uydu DNA'ya ve rDNA dizilerine aittir. *Vaccinium* genomundan toplam altı farklı uydu DNA, 28 tam uzunlukta Ty3/gypsy ve 26 Ty1/copia LTR elementi tanımlanmıştır. Hem uydu DNA hem de LTR elemanlarının iç yapısal özellikleri karakterize edilmiştir. *Vaccinium* cinsinden beş farklı altcins (*Cyanococcus*, *Oxycococcus*, *Myrtillus*, *Hemimyrtillus* ve *Vaccinium*) alınan uydu DNA klonlanması ve moleküler karakterizasyonu, VaccSat1, 5 ve 6'nın bazı türlerde özel olduğunu gösterirken, VaccSat2, 3 ve 7'nin çalışılan tüm türlerde ortak uydu aileleri olduğu belirlenmiştir. Bu araştırmadan elde edilen sonuçlar VaccSat1, 5 ve 6, tür tanımlaması için bir işaretçi olarak önerilebileceğini göstermektedir. Bu tez kapsamında elde edilen sonuçlar *Vaccinium* genom yapısı ve evrimi konusunda önemli katkılar sunmaktadır.

Anahtar Sözcükler: *Vaccinium*, repeatexplorer, LTR retrotransposon, satellit DNA, filogenetik.

SUMMARY

BIOINFORMATICS AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF TANDEMLY ORGANIZED REPETITIVE DNA FAMILY IN Highbush Blueberry (*Vaccinium corymbosum* L.) Cultivar ‘Jubilee’ Genome

SULTANA, Nusrat

Niğde Ömer Halisdemir University

Graduate School of Natural and Applied Sciences

Agricultural Genetic Engineering Department

Supervisor : Prof. Dr. Sedat SERÇE

July 2018, 164 pages

Vaccinium is a taxonomically diverse genus. Subgenus and species are mostly prone to extensive polyploidization within intra and interspecies level. In this study, *Vaccinium* genome analysis has been performed through ploidy level estimation and repetitive DNA exploration using RepeatExplorer software. It is found that total percentage of repetitive sequences is 80 and 90% in blueberry (*Vaccinium corymbosum* L.) and cranberry genome (*Vaccinium macrocarpon* Ait.), respectively. The main portion of which belong to transposable elements, satellite repeats and rDNA sequences. A total of six different satellite families, 28 full-length Ty3/gypsy and 26 Ty1/copia LTR-retrotransposon are identified from the *Vaccinium* genome. Internal structural features of both satellite repeats and LTR retrotransposons are characterized. Cloning and molecular characterization of satellite repeats from five different sections (*Cyanococcus*, *Oxycoccus*, *Myrtillus*, *Hemimyrtilus* and *Vaccinium*) of the genus *Vaccinium* revealed that VaccSat1, 5 and 6 have some levels of species specificity, while VaccSat2, 3 and 7 are common satellite families in all studied species. The results from this investigation suggest VaccSat1, 5 and 6 can be used as markers for species identification. Overall, the results from this research expand the limited knowledge about *Vaccinium* genome structure and evolution.

Keywords: *Vaccinium*, repeatexplorer, LTR retrotransposon, satellite dna, phylogenetics