

**ERZURUM İLİ VE ÇEVRESİNDE DOĞAL OLARAK YETİŞEN
Origanum vulgare L. ssp. *vulgare*' DEN İZOLE EDİLEN ENDOFİTİK VE
RİZOSFERİK BAKTERİ VE FUNGUSLARIN BİTKİ GELİŞİMİNİ TEŞVİK
EDİCİ ÖZELLİKLERİNİN ARAŞTIRILMASI**

Yüksel DİL

**Yüksek Lisans Tezi
Biyoloji Ana Bilim Dalı
Doç. Dr. Burak ALAYLAR
AĞRI-2023
(Her hakkı saklıdır.)**

T.C.

AĞRI İBRAHİM ÇEÇEN ÜNİVERSİTESİ

LİSANSÜSTÜ EĞİTİM ENSTİTÜSÜ

BİYOLOJİ ANA BİLİM DALI

Yüksel DİL

ERZURUM İLİ VE ÇEVRESİNDE DOĞAL OLARAK
YETİŞEN *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare*' DEN İZOLE EDİLEN
ENDOFİTİK VE RİZOSFERİK BAKTERİ VE FUNGUSLARIN
BİTKİ GELİŞİMİNİ TEŞVİK EDİCİ ÖZELLİKLERİNİN
ARAŞTIRILMASI

YÜKSEK LİSANS TEZİ

TEZ YÖNETİCİSİ

Doç. Dr. Burak ALAYLAR

AĞRI-2023

ÖZET

YÜKSEK LİSANS TEZİ

ERZURUM İLİ VE ÇEVRESİNDE DOĞAL OLARAK YETİŞEN *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare*' DEN İZOLE EDİLEN ENDOFİTİK VE RİZOSFERİK BAKTERİ VE FUNGUSLARIN BİTKİ GELİŞİMİNİ TEŞVİK EDİCİ ÖZELLİKLERİNİN ARAŞTIRILMASI

Yüksel DİL

Tez Danışmanı: Doç. Dr. Burak ALAYLAR

Bu çalışmada, Erzurum ili ve çevresinden tıbbi ve aromatik bir bitki olan *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare* kök kısmı ile birlikte toplanmıştır. Yüzey sterilizasyonları yapılan bitkilerin kök, gövde, yaprak kısımlarında gelişim gösteren endofitik ve rizosferik bakteri ve fungusların bitki gelişimini teşvik eden özellikleri (PGP-plant growth promoter) araştırılmıştır. Bitkilerde kolonize olan bakteri ve funguslar izole edilerek saflaştırılmış ve bu izolatlardan bitki gelişimini teşvik edenleri tespit etmek amacıyla bakterilerde azot fiksasyonu, fosfat çözme, siderofor üretme, indol-3-asetik asit (İAA) üretme ve 1-aminosiklopropan-1-karboksilik asit (ACC) deaminaz üretme, funguslar için ise fosfat çözme, siderofor üretme, İAA üretme gibi PGP yeteneklerini test eden konvansiyonel deneyler yapılmıştır.

Elde edilen 90 bakteri izolatından konvansiyonel testler sonucunda en üstün yetenek gösteren 18 izolat ve 47 fungus izolatından da en üstün yetenek gösteren 19 izolat seçilmiş ve moleküler tanıları yapılmıştır. Bakterilerde 16S rRNA bölgesi, funguslarda ise ITS PCR bölgesine ait evrensel primerler kullanılarak PCR cihazında çoğaltılmıştır. Elde edilen örneklerin sekans analizleri yapılmış ve NCBI veri tabanında BLAST analizi yapılmıştır. Belirlenen tanılama sonuçları NCBI veri tabanına kaydedilmiştir.

2023, 142 sayfa

Anahtar kelimeler: ACC Deaminaz, Azot fiksasyonu, Endofit, Fosfat çözme, İAA üretimi, Siderofor, PGP, PCR.

ABSTRACT

MASTER THESIS

INVESTIGATION OF PLANT GROWTH PROMOTING PROPERTIES OF ENDOPHYTIC AND RHIZOSPHERIC BACTERIAL AND FUNGAL STRAINS ISOLATED FROM *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare* NATURALLY GROWN in ERZURUM

Yüksel DİL

Advisor: Doç. Dr. Burak ALAYLAR

In this study, *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare*, a medicinal and aromatic plant, was collected from the Erzurum province and its surrounding areas, along with the root portion. The endophytic and rhizospheric bacteria and fungi inhabiting various parts of the plants, including roots, stems, and leaves, were investigated for their plant growth-promoting properties (PGP- plant growth promoter) after surface sterilization of the plants. The bacteria and fungi colonizing the plants were isolated and purified, and conventional experiments were conducted to test their PGP abilities. For bacteria, the tests included nitrogen fixation, phosphate solubilization, siderophore production, indole-3-acetic acid (IAA) production, and 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid (ACC) deaminase production. For fungi, the tests included phosphate solubilization, siderophore production, and IAA production.

Among the 90 bacterial isolates obtained, a subset of 18 isolates exhibiting superior PGP abilities, as well as 19 fungal isolates out of the 47 tested, were selected for further analysis. Molecular identification was performed by amplifying the 16S rRNA region for bacteria and the ITC PCR region for fungi using universal primers in PCR device. Subsequently, the obtained samples were subjected to sequence analysis, and BLAST analysis was performed in the NCBI database. The identified diagnostic results have been submitted and stored in the NCBI database.

2023, 142 pages

Keywords: ACC Deaminase, Endophyte, IAA production, Nitrogen fixation, PCR, PGP, Phosphate solubilization, Siderophore.

TEŞEKKÜR

Yüksek Lisans eğitimim boyunca, benden bilgi ve deneyimlerini esirgemeyen, çalışmalarımın tamamlanabilmesi için her türlü şartı sağlayan ve bana her zaman her türlü desteği sunan çok değerli danışman hocam Sayın Doç. Dr. Burak ALAYLAR'a teşekkürlerimi sunarım.

Çalışmamın birçok aşamasında yardımlarını esirgemeyen Ağrı İbrahim Çeçen Üniversitesi Rektör Yardımcısı Sayın Prof. Dr. Mucip GENİŞEL'e, Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölüm Başkanı Sayın Doç. Dr. Kenan KARAGÖZ'e ve bölüm öğretim üyelerinden Sayın Prof. Dr. Furkan ORHAN'a teşekkür ederim.

Çalışmalarımı gerçekleştirdiğim Ağrı İbrahim Çeçen Üniversitesi Merkezi Araştırma ve Uygulama Laboratuvarı yönetimi ve personeline, özellikle yardımlarını esirgemeyen Laboratuvar Müdürü Dr. Öğr. Üyesi Akın AKINCIOĞLU'na ve Öğr. Gör. Ahmet ÇAĞAN'a teşekkür ederim. Çalışmalarımda yardımları sebebiyle Atatürk Üniversitesi Fen Fakültesi Moleküler Biyoloji ve Bakteriyoloji laboratuvarı ekibine, özellikle Prof. Dr. Medine GÜLLÜCE ve Dr. Öğr. Üyesi Mehmet KARADAYI'ya teşekkür ederim.

Eğitimimin tüm süreçlerinde her türlü destekleriyle beni hiç yalnız bırakmayan değerli annem Türkan DİL'e, babam Haşim DİL'e, abim Hakan DİL'e teşekkür ederim. Ayrıca her zaman yanımda olan çok değerli eşim Rüveyda ELÇİ DİL'e ve onun değerli ailesine teşekkürlerimi bir borç bilirim.

Bu tezdeki çalışma Ağrı İbrahim Çeçen Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinatörlüğü tarafından FEF.21.004 no'lu proje ile desteklenmiştir.

Ağustos, 2023

Yüksel DİL

İÇİNDEKİLER

ÖZET.....	iii
ABSTRACT.....	iv
TEŞEKKÜR.....	v
İÇİNDEKİLER	vi
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	x
ŞEKİL VE ÇİZELGELER DİZİNİ.....	xii

BİRİNCİ BÖLÜM

1.GİRİŞ	1
---------------	---

İKİNCİ BÖLÜM

2.KURAMSAL TEMELLER.....	5
2.1.Bitkilerin Gelişimini Teşvik Eden Endofitik ve Rizosferik Mikroorganizmalar	5
2.1.1.Endofitik ve rizosferik mikroorganizmalarla ilgili tarihçe ve geçmiş çalışmalar	5
2.2.Endofitlerin Bitkilere Giriş Noktaları ve Kolonizasyonları	6
2.3.Mikroorganizmaların Bitki Gelişimini Teşvik Etme Mekanizmaları	8
2.3.1.Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların biyofertilizer olara kullanımı	11
2.3.2.Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların biyostimülant olarak kullanımı	19
2.3.3.Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların biyoprotektan olarak kullanımı	28

ÜÇÜNCÜ BÖLÜM

3.MATERYAL VE YÖNTEM.....	31
3.1.Materyal.....	31

3.1.1.Çalışmalarda kullanılan alet ve cihazlar	31
3.1.2.Besiyerleri ve Çözeltiler	33
3.2.Yöntem	49
3.2.1.Mikroorganizmaların temini ve izolasyonu.....	49
3.2.2.Konvansiyonel yöntemlerle mikroorganizmaların bitki gelişimine etki mekanizmalarının tespiti.....	52
3.2.3.Mikroorganizmaların moleküler tanısı	56

DÖRDÜNCÜ BÖLÜM

4.ARAŞTIRMA BULGULARI.....	63
4.1.Bitki Örneklerinin Alınması ve Mikroorganizmaların İzolasyonu	63
4.2.Bitki Gelişimini Teşvik Edici Özelliklerin Belirlenmesi	65
4.2.1.Azot fiksasyonu	65
4.2.2.Fosfat çözme	67
4.2.3.IAA üretimi.....	70
4.2.4.Siderofor üretimi.....	77
4.2.5.ACC Deaminaz üretimi	80
4.3. Moleküler Tanı	82

BEŞİNCİ BÖLÜM

5.TARTIŞMA VE SONUÇ.....	88
KAYNAKLAR	93
EKLER.....	105
EK 1. <i>Enterobacter ludwigii</i> strain BY-1 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	105
EK 2. <i>Pantoea</i> sp. strain BY-2 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	106
EK 3. <i>Enterobacter</i> sp. strain BY-3 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	107

EK 4. <i>Enterobacter ludwigii</i> strain BY-4 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	108
EK 5. <i>Pantoea eucalypti</i> strain BY-5 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	109
EK 6. <i>Pantoea</i> sp. strain BY-6 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	110
EK 7. <i>Enterobacter</i> sp. strain BY-7 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	111
EK 8. <i>Pantoea agglomerans</i> strain BY-8 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	112
EK 9. <i>Enterobacter ludwigii</i> strain BY-9 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	113
EK 10. <i>Enterobacter ludwigii</i> strain BY-10 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	114
EK 11. <i>Enterobacter ludwigii</i> strain BY-11 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	115
EK 12. <i>Enterobacter ludwigii</i> strain BY-12 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	116
EK 13. <i>Pantoea vagans</i> strain BY-13 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	117
EK 14. <i>Enterobacter</i> sp. strain BY-14 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	118
EK 15. <i>Enterobacter cloacae</i> strain BY-15 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	119
EK 16. <i>Pantoea hericii</i> strain BY-16 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	120
EK 17. <i>Leclercia adecarboxylata</i> strain BY-17 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı	121
EK 18. <i>Enterobacter</i> sp. strain BY-18 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı.....	122
EK 19. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-1 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	123
EK 20. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-2 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	124

EK 21. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-3 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	125
EK 22. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-4 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	126
EK 23. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-5 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	127
EK 24. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-6 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	128
EK 25. <i>Fusarium oxysporum</i> strain FY-7 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	129
EK 26. <i>Fusarium tricinctum</i> strain FY-8 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	130
EK 27. <i>Fusarium tricinctum</i> strain FY-9 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	131
EK 28. <i>Fusarium tricinctum</i> strain FY-10 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	132
EK 29. <i>Aspergillus</i> sp. strain FY-11 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	133
EK 30. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-12 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	134
EK 31. <i>Mucor</i> sp. strain FY-13 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	135
EK 32. <i>Fusarium oxysporum</i> strain FY-14 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	136
EK 33. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-15 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	137
EK 34. <i>Fusarium</i> sp. strain FY-16 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	138
EK 35. <i>Mucor</i> sp. strain FY-17 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	139
EK 36. <i>Mucor</i> sp. strain FY-18 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	140
EK 37. <i>Cladosporium</i> sp. strain FY-19 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı	141

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
ACC	1-aminosiklopropan-1-karboksilik asit
ATP	Adenozin trifosfat
CAS	Chrome azurol S
DF	Dworkin and Foster
EDTA	Etilendiamin tetraasetik asit
g	Gram
GA	Giberellik asit
HDTMA	Hekzadesiltrimetilamonyum bromid
HPLC	Yüksek performanslı sıvı kromatografi
IAA	İndol-3-asetik asit
IAAld	İndol-3-asetaldehit
IAM	İndol-3-asetamid
IAN	İndol-3-asetonitril
IAOx	İndol-3-asetaldoksim
IPA	İndol-3-prüvik asit
L	Litre
LB	Luria Bertani
M	Molar
mg	Miligram
mM	Milimolar
NA	Nutrient agar
NF	Nodülasyon faktörü
°C	Derece (Sıcaklık)
PG	Poligalakturonaz
PGP	Bitki gelişimini teşvik eden
PGPB	Bitki gelişimini teşvik eden bakteri
Pi	İnorganik fosfat
PİPES	1,4-Piperazindietansülfonik asit

PPi	Pirofosfat
ppm	Milyonda bir birim
SAM	S-adenosil metiyonin
SDS	Sodyum dodesil sülfat
T-	Triptofan içermeyen
T+	Triptofan içeren
TAB	Tıbbi ve aromatik bitkiler
TAE	Tris-asetat-EDTA tamponu
TBE	Tris-EDTA borat tamponu
TSO	Triptofan yan zincir oksidaz



ŞEKİL ve ÇİZELGELER DİZİNİ

Şekil 2. 1. İndol-3-prüvik asit (IPA) yolu ve alternatif triptofan yan zincir oksidaz yolu (Duca <i>et al.</i> 2014).....	21
Şekil 2. 2. İndol-3-asetamid (IAM) yolu (Duca <i>et al.</i> 2014).	22
Şekil 2. 3. İndol-3-asetaldoksim/indol-3-asetonitril (IAOx/IAN) yolu (Duca <i>et al.</i> 2014).	23
Şekil 2. 4. Etilen üretiminin şematik gösterimi (del Carmen Orozco-Mosqueda <i>et al.</i> 2020)	25
Şekil 2. 5. Stres altındaki bitki büyümesinin ve gelişmesinin PGPB tarafından indüklenmesi (del Carmen Orozco-Mosqueda <i>et al.</i> 2020)	26
Şekil 4. 1. Arazi çalışmasında <i>O. vulgare</i> L. ssp. <i>vulgare</i> örnekleme yapılan konumlar	64
Şekil 4. 2. Azot fiksasyonu yapan ve yapamayan bakterilerin Burks besiyeri üzerindeki gelişim durumlarının gösterilmesi [30, 31, 32 nolu bakteriler (+), 33 nolu bakteri (-)]	66
Şekil 4. 3. Fosfat çözebilen ve çözemeyen bakterilerin Pikovskaya besiyeri üzerinde berrak zon oluşumlarının gösterilmesi [38 nolu bakteri (-), 39 ve 40 nolu bakteriler (++) , 41 nolu bakteri (+++)].....	69
Şekil 4. 4. Fosfat çözebilen ve çözemeyen fungusların Pikovskaya besiyeri üzerinde berrak zon oluşumlarının gösterilmesi [Solda 17 nolu fungus (+++), sağda 14 nolu fungus (-)].....	70
Şekil 4. 5. L-triptofan içeren besiyerinde gelişen test bakterilerinin IAA üretimi potansiyellerinin kolorimetrik testle incelenmesi [solda 24 nolu bakteri (+++), sağda 25 nolu bakteri (-)]	74
Şekil 4. 6. L-triptofan içermeyen besiyerinde gelişen test bakterilerinin IAA üretimi potansiyellerinin kolorimetrik testle incelenmesi [solda 24 nolu bakteri (++) , sağda 25 nolu bakteri (-)]	75
Şekil 4. 7. L-triptofan içeren ve içermeyen besiyerinde gelişen test funguslarının IAA üretimi potansiyellerinin kolorimetrik testle incelenmesi.....	76
Şekil 4. 8. Test bakterilerinin CAS Agar üzerinde Siderofor üretme etkinliğinin gösterilmesi [Sağdaki bakteri (+), soldaki bakteri (+++)]	79
Şekil 4. 9. Test funguslarının CAS Agar üzerinde Siderofor üretme etkinliğinin gösterilmesi [Sağdaki fungus (+++), soldaki fungus (-)].....	79
Şekil 4. 10. Standartların ve test bakterilerinin plate üzerindeki yerleşimi	81

Şekil 4. 11. Test bakterilerinin 16S rRNA PCR elektroforezi görünümü	82
Şekil 4. 12. Test funguslarının ITS PCR elektroforezi görünümü.....	83
Şekil 4. 13. <i>Fusarium</i> cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü.....	86
Şekil 4. 14. <i>Aspergillus</i> cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü.....	86
Şekil 4. 14. <i>Aspergillus</i> cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü.....	87
Şekil 4. 15. <i>Mucor</i> cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü.....	87
Şekil 4. 15. <i>Mucor</i> cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü.....	87
Çizelge 2. 1. Endofitik ve rizosferik bakterilerin yaygın örnekleri ve tarımsal önemi..	9
Çizelge 2. 2. Endofitik ve rizosferik fungusların yaygın örnekleri ve tarımsal önemi	10
Çizelge 4. 1. Arazi çalışmasının yapıldığı konum bilgileri	63
Çizelge 4. 2. Test bakterilerinin azot fiksasyonu potansiyellerinin belirlenmesi	65
Çizelge 4. 3. Test bakterilerinin fosfatlı bileşikler çözme etkinliklerinin belirlenmesi	67
Çizelge 4. 4. Test funguslarının fosfatlı bileşikler çözme etkinliklerinin belirlenmesi	68
Çizelge 4. 5. Test bakterilerinin IAA üretebilme yeteneklerinin belirlenmesi	70
Çizelge 4. 6. Test funguslarının IAA üretebilme yeteneklerinin belirlenmesi	72
Çizelge 4. 7. Testlerin sonuçlarına göre seçilen bakteri izolatları	76
Çizelge 4. 8. Test bakterilerinin Siderofor üretme etkinliklerinin belirlenmesi	77
Çizelge 4. 9. Test funguslarının Siderofor üretme etkinliklerinin belirlenmesi	78
Çizelge 4. 10. Kolorimetrik analiz için ACC Deaminaz standartların analiz sonuçları	80
Çizelge 4. 11. Test bakterilerinin kolorimetrik ACC Deaminaz testi sonuçları	80
Çizelge 4. 12. Moleküler tanı testleri ile belirlenen bakteri örnekleri	84

Çizelge 4. 13. Test bakterilerinin tüm PGP deneylerine ait sonuçlar	84
Çizelge 4. 14. Moleküler tanı testleri ile belirlenen fungus örnekleri	85
Çizelge 4. 15. Test funguslarının tüm PGP deneylerine ait sonuçlar	86



BİRİNCİ BÖLÜM

1.GİRİŞ

Tıbbi ve aromatik bitkiler, bin yıllardır insan ve hayvan hastalıklarının tedavisi ile hastalıklardan korunma için kullanılmaktadır. Aynı zamanda renk, koku ve tatları ile gıda malzemelerine katkı oluşturmak, gıdaların korunmasına yardımcı olmak gibi birçok amaç için de kullanılmıştır. Eski çağlarda deneme yanılma yoluyla bulunan tıbbi ve aromatik bitkiler grubuna, gelişen yeni araştırma teknikleri sayesinde faydalı özellikleri keşfedilen yeni bitkiler dahil edilmektedir (Bharadvaja 2023).

Son yıllarda, modern tıp ve farmakoloji hızla gelişim göstermesine rağmen bitkisel ilaçların kullanımı günümüzde hala önemli ölçüde devam etmektedir. Dünya Sağlık Örgütü'nün raporlarına göre gelişmekte olan ülkelerde ekonomik nedenlerle, gelişmiş ülkelerde ise modern tıba yönelik bilgisiz eleştirelilik ve güvensizlik nedeniyle temel sağlık ihtiyaçları için modern ilaçlardan çok bitkisel kökenli ilaçlara güvenilmektedir (World Health Organization 2002). Yapılan araştırmalar, tıbbi bitkilerin tedavi edici etkilerini tek bir etken madde ile değil, içerdikleri çok sayıda etken madde bileşiminin sinerjistik etkisi sayesinde gerçekleştirdiğini göstermektedir (Sree et al. 2010).

Apiaceae (Maydanozgiller), *Asteraceae* (Papatyagiller), *Liliaceae* (Zambakgiller), *Lamiaceae* (Balıbabagiller), *Rosaceae* (Gülgiller) familyalarından çok sayıda bitki tedavi edici özellikleri, kozmetik ve baharat olarak kullanımları nedeniyle tıbbi ve aromatik bitkiler olarak bilinirler. Bunlar arasındaki önemli familyalardan birisi *Lamiaceae* (*Labiatae*) Türkçe adıyla Balıbabagiller familyasıdır. *Lamiaceae*, dünya çapında 236 cins ve 7,280 tür ile temsil edilen, özellikle ılıman kuşakta yayılış gösteren bir bitki familyasıdır (Temel ve Tokur, 2014a). Bu familyanın bir üyesi olan *Origanum* cinsi Türkiye florasında 32 tür, alt

tür ve hibrit bulundurmaktadır. Bu türlerin 16 tanesi ülkemiz için endemiktir (Güllüce vd 2012; Temel ve Tokur 2014b).

Türkiye’de *O. vulgare* L. ssp. *gracile*, *O. vulgare* L. ssp. *hirtum*, *O. vulgare* L. ssp. *viride* ve *O. vulgare* L. ssp. *vulgare* olmak üzere 4 alttür çoğunlukla Batı Anadolu, Ege ve Akdeniz bölgelerinde geniş yayılım göstermektedir. *O. vulgare* L. ssp. *vulgare* ise Doğu Anadolu’da en yaygın yayılım gösteren *Origanum* türüdür (Güllüce vd 2012).

Bölgede yaşayan halk çeşitli hastalıkların tedavisinde *O. vulgare* L. ssp. *vulgare* bitkisini yaygın olarak kullanmaktadır (Özbek *et al.* 2008). Son yıllarda yapılan çalışmalarda *O. vulgare* bitkisinde bulunan fenolik içeriğin ve uçucu (esansiyel) yağların antimikrobiyal, antifungal, antiviral, antimutajenik ve antioksidan özellikleri olduğu, bunların yanında solunum ve sindirim sistemine olumlu katkılar sağladığı ifade edilmiştir (Güllüce vd 2012; Zhang *et al.* 2014; de Lima *et al.* 2015; Yan *et al.* 2016; Diler vd 2017; Oniga *et al.* 2018).

O. vulgare, gösterdiği bu faydalı özellikleri içeriğinde bulunan uçucu yağlar ve fenolik maddeler gibi aktif bileşikleri sayesinde gerçekleştirdiği bilinmektedir. Birçok çalışmada bu bitkinin bileşimi incelenmiş uçucu yağ içeriği, fenolik madde ve flavonoid içerikleri ayrıntılı şekilde çalışılmıştır. Yapılan çalışmalarda bu maddelerin oranlarının bitkilerin yetiştiği lokasyona ve çevre şartlarına göre yüksek oranda değiştiği tespit edilmiştir (Oniga *et al.* 2018).

O. vulgare uçucu yağ içeriğinin ana bileşenleri olarak karvakrol (%5,3-94,31) ve timol (%0,4-68,0)’dür. Bunun yanında P-simen (%6,4-20,4), γ -terpinen (%0,1-7,8), izoborneol (%0,1-2,0), linalol (%0,03,-0,2) gibi bileşikleri de değişen oranlarda içerirler (Karik vd 2007; Lukas *et al.* 2013; Diler vd 2017; Oniga *et al.* 2018).

Yapılan çalışmalarda fenolik madde ve flavonoid bileşenler de ayrıntılı olarak incelenmiş ve bilim dünyasına sunulmuştur. Yapılan HPLC analizlerinde *O. vulgare*’de bulunan fenolik asitlerin rozmarinik asit ($12,83 \pm 2,19$), klorojenik asit ($2,10 \pm 0,14$) olduğu ve eser miktarlarda da gentisik asit ($<0,02$) ve p-kumarik asit

(<0,02) içerdği görülmektedir. Flavonoidler incelendiğinde hiperosid ($1,05 \pm 0,03$), izokuersetin ($0,71 \pm 0,19$), rutin ($0,64 \pm 0,15$), kuersitrin ($0,50 \pm 0,08$), luteolin ($0,10 \pm 0,04$) ve eser miktarda kuersetin (<0,02) içerdği bulunmuştur (Oniga *et al.* 2018).

Tıbbi aromatik bitkiler halk tarafından doğadan toplanmakta bazılarının ise tarımı yapılmaktadır. Bütün bu bitkiler toplandıkları haliyle yaş olarak veya kurutularak tüketilmektedir. Çoğunlukla ek işlemlerden geçmeden tüketildiği için üretimlerinde kullanılan zirai ilaçlar, pestisitler, gübreler ve hormonlar kalıntı olarak bitkilerin üzerinde kalabilmektedir. Bu bitkileri üreten ve ithal eden ülkeler bitkilerin üzerinde insan sağlığını etkileyecek kalıntıları takip etmekte ve belirli tolerans değerlerin altında kalıntı içeren ürünleri tercih etmektedir. Ayrıca kullanılan bu kimyasallar üretim yapılan toprakları kirletmekte ve toprağın verimsizleşmesi, yağmurlar ile yer altı sularına karışarak kullanılabilir su kaynaklarını kirletmesi, bu bitkileri tüketen hayvanların sağlığını olumsuz yönde etkilemesi ile ekolojik dengeye önemli ölçüde zarar vermektedir (Vimal *et al.* 2017).

Araştırmacılar son yıllarda daha ekonomik ve çevre dostu zirai üretim teknikleri üzerinde çalışmaktadır. Artan dünya nüfusu ve buna karşılık gittikçe azalan ekilebilir alanlar bu çalışmaları zorunlu hale getirmeye başlamıştır. Bu alandaki en popüler çalışma alanlarından birisi de kimyasal gübrelerin yerine bitkinin doğal ortamında yoğun olarak bulunan ve birçok açıdan bitkiye uyum sağlamış mikrofloranın kullanımınıdır (Adeleke and Babalola 2022; Alaylar 2022).

Alternatif bir yaklaşım olarak, bitki büyümesini teşvik eden endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar, tıbbi ve aromatik bitkiler de dahil olmak üzere zirai ürünlerin büyümesi, gelişmesi ve çeşitlenmesinde hayati roller üstlenen yeni, çevre dostu ve verimli biyoteknolojik araçlar olarak değerlendirilmiştir (Rezaei-Chiyaneh *et al.* 2020; Alaylar 2022).

Yapılan birçok çalışma, bitkilerin mikroorganizmalar ile simbiyotik ilişki içerisinde olduklarını göstermiştir. Bu çalışmalarda izole edilen mikroorganizmalar, gıda olarak kullanılan ve yoğun şekilde üretimi yapılan bitkilere aşılanmış bu sayede

önemli oranda biyokütle artışını sağladıkları, bitkileri hastalıklara karşı korudukları, bitkilerin değerli içeriklerini arttırdıkları tespit edilmiştir (Santoyo *et al.* 2016; Shen *et al.* 2019; Adeleke and Babalola 2021).

Bu çalışma kapsamında Erzurum ili ve çevresinde doğal olarak yetişen *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare* bitkisinin endofitik ve rizosferik florasının araştırılması, saf kültürlerinin izole edilmesi, bulunan bakteri ve fungus türlerinin belirlenerek bitkinin gelişimine hangi mekanizmalarla fayda sağladığının belirlenmesi amaçlanmıştır.



İKİNCİ BÖLÜM

2.KURAMSAL TEMELLER

2.1.Bitkilerin Gelişimini Teşvik Eden Endofitik ve Rizosferik Mikroorganizmalar

2.1.1.Endofitik ve rizosferik mikroorganizmalarla ilgili tarihçe ve geçmiş çalışmalar

Bitkilerin iç dokularında mikroorganizmaların bulunması 1870'lere Pasteur ve arkadaşlarının çalışmalarına kadar uzanır (Smith 1911). Her ne kadar Pasteur sağlıklı bitki iç dokularının mikroorganizma barındırmayacağını düşünerek buldukları bu mikroorganizmaları düzgün yapılmamış yüzey dezenfeksiyonu veya henüz bilinmeyen patojenlere ait kirlilikler gibi sebeplere bağlasa da 1876'dan 1948'e kadar bu konuda yayınlanmış çok sayıda çalışma, benzer şekilde bitkilerin dokularında çeşitli mikroorganizmaların varlığını göstermiştir (Hollis 1949).

Gövde ve yapraklar (Henning and Villforth 1940), kökler (Philipson and Blair 1957), meyveler (Samish *et al.* 1961), tohumlar ve ovüller (Mundt and Hinkle 1976) olmak üzere hemen her bitki dokusunda buradaki işleve ve dokuya uyum sağlamış mikroorganizmalar keşfedilmiştir. Bu çalışmalarda en sık rastlanan bakteri cinslerinin *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Enterobacter* ve *Agrobacterium* olduğu tespit edilmiş ve bu cinslere ait birçok bakteri türü endofit olarak tanımlanmıştır (Henning and Villforth 1940).

Rizosferik mikroorganizmalar, bitkilerin köklerinin etrafındaki toprakta serbest yaşayan canlılardır. Endofitler, rizosferik mikroorganizmaların bitki içerisinde de gelişim gösterebilen bir alt grubu olarak düşünülmektedir. endofit terimi ilk çalışmalarda yüzey sterilizasyonu yapılmış bitkilerden izole edilen mikroorganizmalar (Henning and Villforth 1940) olarak tanımlanırken zamanla bu

terim yeni bulgularla geliştirilmiş ve bitki iç dokularını kolonize ederek bitkiye zarar vermeyen veya yarar sağlayan tüm mikroorganizmalar şeklinde ifade edilmiştir.

Hatta bir dönem bazı araştırmacılar tarafından çalışmalarında endofit terimi yerine endorizosfer terimi kullanılmıştır. Bunun yanı sıra Kloepper ve arkadaşları (1992) bu terimin anlamsal olarak yanlış olduğunu ifade etmiştir. İlk defa Hiltner tarafından (1904)'te baklagillerin kök bölgesindeki toprağı tanımlamak için kullanılan “rizosfer” teriminin önüne “endo” teriminin getirilmesiyle kelime bir toprak nişinin içindeki bir başka bölge anlamına geleceğı ifade edilmiştir. Bunun da anlamsal olarak sorunlu bir tanımlama olacağını belirterek bu terimin kullanımdan kaldırılması ve anlam karmaşasının giderilmesi için basitçe endofit teriminin kullanılması önerisinde bulunmuşlardır (Kloepper *et al.* 1992).

Endofit teriminin kullanımı konusunda anlaşmaya varılmış olsa da bu terimin kapsamı konusundaki tartışmalar devam etmiş, bazı araştırmacılar patojen olmayan mikroorganizmalar için endofit teriminin kullanılması gerektiğini savunurken (Misaghi and Donndelinger 1990; Frommel *et al.* 1991; Fisher *et al.* 1992), Kloepper ve arkadaşları patojen olsun veya olmasın bitki iç dokularına kolonize olan tüm mikroorganizmalar için endofit teriminin kullanılması gerektiğini savunmuşlardır (Kloepper *et al.* 1992).

Son yapılan tanımlamada endofit teriminin kapsamını genişletmiş bitkiye fayda sağlayan, nötr olan veya zarar veren, yüzey sterilizasyonu yapılmış bitki dokularının içerisinde mevcut olan tüm mikroorganizmaların endofit olarak adlandırılması gerektiğı belirtilmiştir (James and Olivares 1998; Sekar and Kandavel 2010). Günümüzde bu tanım geçerli kabul edilmektedir.

2.2. Endofitlerin Bitkilere Giriş Noktaları ve Kolonizasyonları

Endofitler, yaşam döngüleri göz önüne alınarak zorunlu (obligat) ve isteğe bağlı (fakültatif) şekilde sınıflandırılabilirler.

Zorunlu endofitler (obligat) hayatta kalmak için konak bitkiye bağımlıdır. Bitki dışında bir yaşam döngüleri söz konusu değildir. Diğer bitkileri enfekte etmeleri dikey olarak yani vejetatif üreme veya tohumları aracılığıyla ya da böcekler ve nematodlar gibi vektörler aracılığıyla gerçekleşir (Hardoim *et al.* 2008).

Fakültatif endofitler ise yaşam döngülerinde bitki dokularının dışında yaşadıkları bir aşamaya da sahiptir. İsteğe bağlı olarak bitkilerin içinde veya farklı habitatlarda yaşayabilirler. Fakültatif endofitlerin bitkilere giriş mekanizmaları çeşitlidir. Örneğin toprakta yaşayan bazı bakteriler tesadüf eseri endofit olabilirler, bitkilerin yanal kök çıkışı ve kök uçlarında oluşan doğal çatlaklar veya nematodların kökleri istilasını takiben bitkiye giriş yapıp buradaki beslenme ortamının teşviki ve dış ortamdaki rekabetten uzak kalmak amacıyla endofit olabilirler. Bu tip endofitler genellikle kök korteks dokusu ile sınırlı kalırlar bitkilerin diğer dokularına ilerlemezler. Bazıları geri kalan yaşam döngüsünü bitki içerisinde devam ettirirken toprağa geri dönenler de mevcuttur (Hardoim *et al.* 2008).

Yetkin (Competent) endofitler olarak da adlandırılan bazı endofitler ise fakültatif endofitlerin tüm özelliklerini taşımalarının yanı sıra bitki ortamına iyi uyum sağlamışlardır. Vasküler dokular gibi daha spesifik bitki dokularını istila edebilir ve bitki boyunca yayılabilirler. Bitki metabolizmasını manipüle edebilir ve sayıları çok olduğu zamanlarda bile konak bitki ile iyi bir uyum sağlayıp dengeyi koruyabilirler (Hardoim *et al.* 2008).

Bitki içinde gözlenen mikroorganizmaların çeşitliliği, bu mikroorganizmaların bitkilere girme ve bitki içinde kalma yeteneklerine bağlı olarak açıklanabilir. Endofitler, bitkilere giriş için çeşitli kanallar kullanırlar. Bunlar açık yaralar, yapraklardaki stomalar, gövdedeki çatlaklar, köklerdeki yara ve gelişim çatlakları, nematod ve böcekler gibi istilacıların bitki dokularına verdiği zararlar yoluyla iç dokulara ulaşan mikroorganizmalar bu dokuları enfekte edebilirler (Barka *et al.* 2006).

Ancak endofitler tarafından en yoğun kullanılan enfeksiyon kanalı köklerdir. Bu nedenle bitkileri topraktan enfekte eden özellikle fakültatif endofitlerin aynı zamanda başarılı kök kolonizatörleri olması onların ekolojik olarak avantajlı olmalarını sağlar (Santoyo *et al.* 2021).

Bitki içinde başarılı olmaları, konakçılarının gelişimini, beslenmesini modüle etme yetenekleriyle paraleldir. Bitkilerin gelişimi için şiddetli fizyolojik değişikliklere sebep olabilirler, bitkiler biyotik veya abiyotik strese maruz kaldıklarında bu faydalı etkiler daha da şiddetlenerek konakçılarının stres koşullarına dayanıklılığının artmasına ve konakçılarının da ekolojik olarak başarılı olmasına yardımcı olur (Conrath *et al.* 2006). Özellikle zorunlu endofitlerin bu faydalı etkileri rizosferik mikroorganizmalardan çok daha fazladır (Pillay and Nowak 1997).

2.3. Mikroorganizmaların Bitki Gelişimini Teşvik Etme Mekanizmaları

Mikroorganizmaların bitkilerin gelişimini arttırdığı bilgisinin keşfinden bu yana, araştırmacılar mikroorganizmaların bu işlevi yerine getirirken hangi mekanizmaları kullandığına odaklanmışlardır. Keşfedilen her mekanizma, öncekilerle karşılaştırılarak uygun şekilde sınıflandırılmaktadır.

Bu mekanizmalar; üç temel grupta ele alınabilir:

- 1) Toprakta var olan besinlerin kalitesini ve bitki için kullanılabilirliğini arttıran mekanizmalar için biyofertilizer
- 2) Bitkisel hormon ve gelişim arttırıcı maddeleri sentezleyen mekanizmalar için biyostimülant.
- 3) Bitkileri ekolojik rekabette ve patojenlerle mücadelede öne çıkartan biyoprotektanlardır.

Bu mekanizmaları kullanan bazı bakteriler Çizelge 2.1’de, bazı funguslar ise Çizelge 2.2’de özetlenmiştir.

Çizelge 2. 1. Endofitik ve rizosferik bakterilerin yaygın örnekleri ve tarımsal önemi

Bakteri türü	Konak Bitki	Fonksiyon	Referans
<i>Bacillus simplex</i> <i>Bacillus megaterium</i> <i>Bacillus muralis</i> <i>Bacillus aryabhattai</i> <i>Bacillus pumilus</i> <i>Bacillus toyonensis</i>	Nane (<i>Mentha longifolia</i> L.)	Biyofertilizer, biyostimülant, biyoprotektan	Alaylar (2022)
<i>Pantoea</i> sp. <i>Luteibacter</i> sp. <i>Herbaspirillum</i> sp. <i>Agrobacterium</i> sp.	Karabiber (<i>Piper nigrum</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant, biyoprotektan	Santhoshkumar <i>et al.</i> (2022)
<i>Achromobacter</i> sp. <i>Bacillus</i> sp. <i>Burkholderia gladioli</i>	Çin tarçını (<i>Cinnamomum cassia</i>)	Biyoprotektan	Dang <i>et al.</i> (2023)
<i>Kosakonia</i> sp. <i>Plesiomonas</i> sp. <i>Pasteurella</i> sp. <i>Lactococcus</i> sp.	Safran (<i>Crocus sativus</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	Ghayoumi <i>et al.</i> (2022)
<i>Cronobacter sakazakii</i> KM042090 (OF115) <i>Kocuria rhizophila</i> KF875448 (14ASP)	Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	Stres toleransı	Afridi <i>et al.</i> (2019)
<i>Enterobacter tabaci</i> R3-2 <i>Enterobacter tabaci</i> R2-7 <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> R5-5 <i>Pantoea agglomerans</i> R3-3 <i>Sphingomonas sanguinis</i> R7-3 <i>Pseudomonas granadensis</i> T6 <i>Rhizobium larrymoorei</i> E2	Pirinç (<i>Oryza sativa</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant, biyoprotektan, stres toleransı	Zhou <i>et al.</i> (2020) Shen <i>et al.</i> (2019)
<i>Bacillus cereus</i> strain (CPHN4) <i>B. sonorensis</i> strain (CPHN12) <i>B. subtilis</i> strain (CPHR3) <i>Pseudomonas chlororaphis</i> strain (PHN9) <i>Ochrobactrum</i> sp. (PHR6) <i>Pantoea agglomerans</i> (CPHN2) <i>Ornithinibacillus</i> spp. (PHN14)	Nohut (<i>Cicer arietinum</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	Maheshwari <i>et al.</i> (2019)
<i>Burkholderia stabilis</i> EB159 (PG159)	Ginseng (<i>Panax ginseng</i>)	Biyoprotektan	Chowdhury and Bae (2018)
<i>Pantoea</i> spp. <i>Pseudomonas</i> spp. <i>Enterobacter</i> spp.	Keklik otu (<i>Origanum vulgare</i>)	Biyoprotektan	Castronovo <i>et al.</i> (2020)
<i>Bacillus velezensis</i>	Patates (<i>Solanum tuberosum</i>)	Biyoprotektan	Cui <i>et al.</i> (2020)
<i>Pantoea</i> spp. <i>Pseudomonas</i> spp. <i>Enterobacter</i> spp.	Darı (<i>Eleusine coracana</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	Verma and White (2018)

Çizelge 2.1. Devam. Endofitik ve rizosferik bakterilerin yaygın örnekleri ve tarımsal önemi

<i>Bacillus</i> spp. <i>Lysinibacillus</i> spp. <i>Stenotrophomonas</i> spp.	Domates (<i>Solanum lycopersicum</i>)	Biyoprotektan	Sahu <i>et al.</i> (2019)
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> LE109 <i>B. subtilis</i> LE24 <i>B. tequilensis</i> PO80	Limon (<i>Citrus</i> spp.)	Biyoprotektan	Daungfu <i>et al.</i> (2019)
<i>Enterobacter</i> sp. <i>Burkholderia phytofirmans</i> (PsJN) (FD17)	Mısır (<i>Zea mays</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	de Araujo <i>et al.</i> (2019)
<i>Agrobacterium radiobacter</i> <i>Enterobacter cloacae</i> <i>Burkholderia gladioli</i> <i>Burkholderia solanacearum</i> <i>Serratia</i> spp. <i>Rhizobium japonica</i> <i>Variovorax paradoxus</i> <i>Bacillus megaterium</i> <i>B. Pumilis</i>	Pamuk (<i>Gossypium barbadense</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	Lin <i>et al.</i> (2018)
<i>Bacillus amyloliquefaciens</i> YN201732	Tütün (<i>Nicotiana tabacum</i>)	Biyoprotektan	Jiao <i>et al.</i> (2020)

Çizelge 2. 2. Endofitik ve rizosferik fungusların yaygın örnekleri ve tarımsal önemi

Fungal Endofit	Konak Bitki	Fonksiyon	Referans
<i>Piriformospora indica</i>	Karabiber (<i>Piper nigrum</i>)	Biyostimülant	Lekshmi <i>et al.</i> (2022)
<i>Penicillium</i> sp. <i>Cladosporium cladosporioides</i> <i>Xylaria curta</i> <i>Clonostachys rosea</i>	Çin tarçını (<i>Cinnamomum cassia</i>)	Biyoprotektan	Dang <i>et al.</i> (2023)
<i>Sarocladium strictum</i> C113L <i>Penicillium olsonii</i> ML37 <i>Anthracycystis flocculosa</i> P1P1 <i>Penicillium</i> spp. <i>Paecilomyces lilacinus</i> <i>A. flocculosa</i> F63P <i>Trichoderma hamatum</i>	Buğday (<i>Triticum aestivum</i>)	Biyoprotektan	Rojas <i>et al.</i> (2020)
<i>Phomopsis liquidambaris</i>	Pirinç (<i>Oryza sativa</i>)	Biyoprotektan, biyostimülant	(Fu <i>et al.</i> 2022)

Çizelge 2. 3. Devam. Endofitik ve rizosferik fungusların yaygın örnekleri ve tarımsal önemi

<i>Phialophora mustea</i> <i>Cadophora malorum</i>	Safran (<i>Crocus sativus</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	da Silva <i>et al.</i> (2020)
<i>Penicillium citrinum</i> <i>Aurobassium pullunts</i> <i>Dothideomycetes spp.</i>	Mandalina (<i>Citrus reticulata</i>)	Biyostimülant	Sadeghi <i>et al.</i> (2020)
<i>Yarrowia lipolytica</i> <i>Aspergillus fumigatus</i> TS1 <i>Fusarium proliferatum</i> BRL1	Dikenli taç (<i>Euphorbia milii</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	Bilal <i>et al.</i> (2018)
<i>Alternaria spp.</i> <i>Colletotrichum spp.</i> <i>Diaporthe spp.</i> <i>Metarhizium robertsii</i> <i>Porostereum spadiceum</i> AGH786	Soya (<i>Glycine max</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant, biyoprotektan	de Araujo <i>et al.</i> (2019); Omomowo and Babalola (2019); Rojas <i>et al.</i> (2020)
<i>Acaulospora colombiana</i> <i>Claroideoglossum etunicatum</i> <i>Rhizophagus clarus</i> <i>Scutellospora calospora</i>	Şeker kamışı (<i>Saccharum officinarum</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant	Fors <i>et al.</i> (2020)
<i>Aspergillus oryzae</i>	Turp (<i>Raphanus sativus</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant, biyoprotektan	Sun <i>et al.</i> (2018)
<i>Talaromyces spp.</i> <i>Hyalodendriella spp.</i> <i>Aureobasidium pullulans</i> <i>Paracamarosporium leucadendri</i> <i>Cladosporium spp.</i> <i>Collectotrichum boninense</i> <i>Fusarium spp.</i> <i>Penicillium chrysogenum</i>	Böcekotu (<i>Solanum mauritianum</i>)	Biyofertilizer, biyostimülant, biyoprotektan	Pelo <i>et al.</i> (2020)

2.3.1. Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların biyofertilizer olarak kullanımı

Bitkilerin yaşamı ve gelişimi için elzem olan birçok organik ve inorganik madde çoğu zaman doğal ya da insanların eklemesi yoluyla toprakta yüksek miktarlarda bulunmasına rağmen bu maddelerin bitkilerin kullanabileceği formda bulunmaması bitki gelişimini sınırlandıran önemli bir faktördür. Bu durum gereksiz yere yüksek miktarlarda kimyasal gübre kullanımına ve nihayetinde de ekolojik dengede bozulmaya yol açmaktadır. Yüksek miktarlarda kullanılan kimyasal

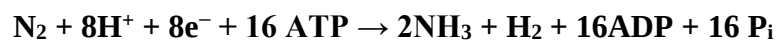
gübreler topraktaki organik madde içeriğinin ve faydalı mikrobiyal aktivitenin önemli ölçüde azalmasına yol açar (Yadav and Sarkar 2019).

Biyofertilizerler, inorganik fertilizerlerin aksine bitkilere doğrudan besin sağlamazlar ve onların yerini tamamen alamazlar. Bu mikroorganizmalar, sahip oldukları biyolojik azot fiksasyonu ve fosfat çözebilme gibi önemli yetenekleri ile bitkilerin ihtiyacı olan maddeleri bitkiler için kullanılabilir formlara dönüştürerek bitki gelişimini teşvik ederler. Biyofertilizerlerin kullanımı kimyasal gübre kullanımını azalttığı için hem ekonomik hem de çevre dostudur. Bu sebeple inorganik fertilizerlerle birlikte kullanımları tarımda verimi oldukça arttırmaktadır (Yadav and Sarkar 2019; Adedayo *et al.* 2022).

2.3.1.a. Biyolojik azot fiksasyonu

Azot (N), atmosferde yüksek oranda bulunmasına rağmen eksikliği nedeniyle bitki gelişimini en fazla sınırlandıran elementtir. Canlıların yapısındaki birçok molekülün içeriğinde azot bulunur. Örneğin proteinlerinin yapısını oluşturan aminoasitler ve nükleotidlerin yapısındaki nükleozit azot içerir. Bazı bakteriler, algler ve mantarlar hariç hiçbir canlı azotu atmosferden doğrudan kullanamaz. Azotun canlıların kullanabilmesi için amonyum formlarına indirgenmesi gereklidir, bu işlem sırasında azot molekülleri arasındaki üçlü bağlar ikili bağlara indirgenir, hidrojen ve oksijenle bağlar yapması sağlanır (Uyanık vd 2011).

Azot fikse eden mikroorganizmalar serbest ya da simbiyoz halde bulunabilirler ve her iki durumda da atmosferik nitrojeni (N₂) hapseder ve reaktif olmayan N₂ molekülünü bitkiler tarafından kolayca kullanılan bir form olan amonyak (NH₃) bileşiğine dönüştürürler. Mikroorganizmalar bu fiksasyon işlemini oksijene duyarlı nitrogenaz isimli bir enzim sayesinde yaparlar. Bu işlem biyolojik azot fiksasyonu olarak adlandırılır ve aşağıda verilen reaksiyonla gösterilebilir:



Simbiyotik azot fiksasyonu

Tarımda en çok çalışılan simbiyotik N₂ fikse edici organizmalar, çoğunlukla *Rhizobiaceae* ailesinden yani, *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Sinorhizobium*, *Azorhizobium*, *Mesorhizobium* ve *Alloerhizobium* gibi rhizobia olarak bilinen bakterilerdir (Shamseldin *et al.* 2017). Rhizobia, baklagiller (*Fabaceae* familyası) ile köklerinde veya gövdelerinde nodüller oluşturarak simbiyotik ilişkiler kurabilir (Masson-Boivin and Sachs 2018). Nodül oluşumu süreci bitki ve rhizobakteriler arasındaki karşılıklı etkileşime dayanır ve bitkilerin flavonoid ve izoflavonoid gibi kimyasal bileşikler salgılayarak rhizobakterileri davet etmesi ile başlar. Birçok rhizobia ilişkide olmaları bitkiye özgüdür, bu özgüllük çoğunlukla flavonoidler sayesinde gerçekleşir. Flavonoidler bakterilerde nodülasyon faktörü (NF) denilen hücrelerarası lipo-kitoooligosakkarit sentezinden sorumlu bakteriyel genlerinin transkripsiyonunu teşvik eder. Nodülasyon faktörü, bakterilerin bitkiye özgüllüğünü sağlayan ve bitkideki birçok olayın başlamasına önayak olan bir sinyal molekülüdür (Gage 2004). Bakteriler bitkilerin özellikle kök uçlarına yönelirler. Bu yönelimdeki amaç, yeni oluşan kök uçlarını koruyan yapıların diğer bölgelere kıyasla görece daha zayıf olması ve bu bölgelerde büyümenin etkisiyle çatlakların daha sık oluşmasıdır. Bakteriler kök uçlarına ulaştıklarında kök gelişimine yardım eden ve kök uçlarının kırılarak özel bir hale gelmesini sağlayan indole-3-asetik asit (IAA) ve bitkilerin hücre duvarındaki pektine etki göstererek kök uçların esnek hale getiren poligalakturonaz (PG) enzimi salgırlar. Kök uçlarından giren bakteriler kök içinde hemen bölünmelere başlayarak koloniler oluşturur. Bu sırada bakterilerin bitki dokularının iç kısımlarına, kortekse ilerlerken kullanacakları kanal oluşur. Kolonizasyon başladığında sürekli bölünen bakterilerin salgıladıkları nodülasyon faktörü konsantrasyonunun artması sayesinde hücre duvarı yıkım enzimleri üretilir ve kortekse ilerleyen kanalın oluşması devam eder. Bakteriler çoğaldıkça artan nodülasyon faktörleri bir yandan da korteks hücrelerinin bölünmesini teşvik eder ve nodül oluşumu başlar. Oluşan bu mikrokoloniler peribakterioid membran olarak adlandırılan, simbiozom olarak da bilinen bitki hücre membranından köken alan bir

membranla çevrilidir. Bu yapı farklılaşıp bakteroid formuna dönüşür ancak daha bu aşamadayken bile azot fiksasyonu başlar (Udvardi and Day 1997; Yüzbaşıoğlu 2021).

Nodüller, nitrogenazların bakteroidlerde atmosferik O₂'den korunduğu N₂-fiksasyonu için bir avantaj sağlar. Oksijen, *nif* gen ekspresyonunun negatif bir düzenleyicisi olduğundan ve nitrogenaz aktivitesini inhibe ettiğinden, oksijen konsantrasyonu, fikse edilen azot miktarını belirleyen önemli bir faktördür (Glick 2015). *Rhizobium*, *Sinorhizobium* ve *Bradyrhizobium* gibi birkaç rhizobia, tarımda yaygın olarak biyofertilizer olarak kullanılmaktadır. Bitkiler, azot gereksinimlerinin önemli bir bölümünü diazotroflarla ilişkiler yoluyla elde edebilirler. Örneğin, N₂ fiksasyonu, pirinçte toplam azot ihtiyacının ~%20–25'ini, buğdayda ~%30–50'sini ve şeker kamışında %70'e kadarını sağlayabilir (Hurek *et al.* 2002; Santi *et al.* 2013).

Bunun yanında azot fikse eden mikroorganizmaların alanı baklagiller ile sınırlı değildir (Carvalho *et al.* 2014). Son yıllarda, dünya çapında çeşitli baklagil olmayan bitkilerden büyük bir mikroorganizma popülasyonu izole edilmiştir (Mirza *et al.* 2001; Karthik *et al.* 2014). *Rhizobium*-baklagil etkileşiminden farklı olarak, endofitler baklagil olmayan bitkilerin köklerini, gövdelerini ve yapraklarını kolonize edebilirler. İlişkileri zorunlu veya isteğe bağlı olabilir ve konakçıları ile karmaşık etkileşimler sergilerler. Tipik olarak bitki dokularına doğal açıklıklardan (stomalar) veya lateral kök çıkış bölgesindeki çatlaklardan girerler (Gaiero *et al.* 2013). Endofitlerin, bitkilerin rizosferinde bulunan bakterilerden daha elverişli bir ortamda olduğu düşünülmektedir. Çünkü konakçı içinde gelişimleri sırasında ihtiyaç duydukları besin öğelerinin doğrudan sağlanması, rekabete daha az maruz kalma, biyotik ve abiyotik stres koşullarına karşı daha korunaklı ve nitrogenaz aktivitesi için gerekli olan optimal bir O₂ konsantrasyonuna sahip olma gibi birçok avantaja sahiplerdir (Bhattacharjee *et al.* 2008).

Simbiyotik olmayan azot fiksasyonu

Atmosferdeki azotun toprak ve su ekosistemlerinde serbest olarak yaşayan ve nitrogenaz enzimine sahip olan mikroorganizmalar tarafından sabitlenmesi simbiyotik olmayan azot fiksasyonu olarak adlandırılır. Bu şekilde azot fiske eden mikroorganizmalardan bazıları; *Azotobacter*, *Clostridium*, *Achromobacter*, *Azotomonas*, *Beijerinckia*, *Pseudomonas*, *Bacillus* gibi cinslere ait türlerdir (Chu and Bae 2022).

Simbiyotik N₂ fiksasyonu yapan bakterilerin aksine, *Azotobacter* sp., *Azospirillum* sp. ve siyanobakteriler gibi çeşitli heterotrofik serbest yaşayan diazotrofik mikroorganizmalar, rizosferde ve toprağın diğer kısımlarında atmosferik N₂'yi fikse edebilir. Serbest yaşayan diazotroflar, baklagil olmayan mahsullerde örneğin, tahıllar, ayçiçeği, havuç, meşe, şeker pancarı, şeker kamışı, domates, patlıcan, biber ve pamuk gibi çeşitli bitkilerin azot ihtiyacının karşılanması için özellikle önemlidir (Mitter *et al.* 2021).

Genel olarak serbest azot fiksasyonunda sabitlenen azot miktarı simbiyotik olana kıyasla oldukça azdır. Örneğin topraktaki O₂ miktarı, kullanılabilir karbon (C) kaynakları, su miktarı, pH ve sıcaklık simbiyotik olmayan azot fiksasyonu için önemli sınırlandırıcı parametreler olduğu ifade edilmektedir. Simbiyotik azot fiksasyonunda bitkiler, bakterilere optimum şartları sağlar ancak serbest şekilde toprakta yaşayan bakterilerin bu şartları kendileri için sağlaması gerekir (Unkovich and Baldock 2008). *Clostridium*, *Desulfovibrio*, *Klebsiella*, *Enterobacter* ve *Bacillus* cinslerindeki birçok fakültatif ve zorunlu anaerob azot fikse etmek için O₂'siz ortamlara ihtiyaç duyarlar. Bakteriler ortamdaki O₂ konsantrasyonunu fiksasyon reaksiyonuna en uygun düzeylere getirebilmek için çeşitli stratejiler geliştirmişlerdir. Örneğin *Azospirillum* gibi mikroaerofiller azot fiksasyonu için aktif olarak solunum yapan bir koloninin merkezi gibi oksijen açısından fakir bir ortamda bu işlemi gerçekleştirir.

Azotobacter çok yüksek solunum hızına sahip aerobik bir bakteridir ancak hücre içindeki O₂ konsantrasyonunu bazı metabolik aktivitelerle çok düşük seviyelere getirebilir ayrıca nitrogenaz enzimini korumak için shethna proteini olarak bilinen bir protein üretir. Shethna proteinini üretemeyen mutantları ile yapılan çalışmalarda bu proteinin nitrogenazı koruduğu gösterilmiştir (Maier and Moshiri 2000). *Derxia* nitrogenazı oksijenden korumak amacıyla kolonilerini mukoid polisakkaritlerle çevreler. Atmosferik oksijen oranının düşük olduğu şartlarda geliştirilen koloniler morfolojik açıdan göze daha zayıf görünürken normal atmosferik oksijen şartlarında geliştirilen koloniler morfolojik olarak daha geniş, mukoid polisakkaritlerle gömülü halde görülmektedir (Hill 1971). *Anabaena* ve *Nostoc* azot açısından fakir alanlarda gelişirken azot fikse edebilmek için heterosist denilen yapılar geliştirerek nitrogenaz için mikroanaerobik ortamlar oluştururlar. Heterosistler azot fiksasyonuna özelleşmiş kısımlar oldukları için fotosentez yapamazlar bunun yerine ihtiyaçları olan besinleri komşu yapılarından sağlarlar (Christman *et al.* 2011). Ancak hem *Derxia* hem de *Anabaena* ve *Nostoc* ürettikleri bu ek yapılar için oldukça yüksek bir karbon (C) maliyeti ile karşı karşıya kalırlar. Bunun yanında azot fiksasyonu yüksek miktarda ATP enerjisine ihtiyaç duyulan bir olaydır ve simbiyotik olmayan azot fiksasyonu olayı araştırılırken bu parametrelerin göz önünde bulundurulması gerekir (Hill 1971; Unkovich and Baldock 2008).

2.3.1.b. Fosfat çözme yeteneği

Fosfor (P), bitki gelişiminde önemli roller oynayan ve birçok metabolik reaksiyona katılan bir makro besin elementidir. Bitkilerin azottan sonra en çok ihtiyaç duydukları ikinci elementtir. Fosfor dünyamızdaki sıcaklık ve atmosferik basınç altında gaz formunda bulunmadığı için azottan farklı bir döngüye sahiptir (Alaylar *et al.* 2020).

Fosfor toprakta inorganik ve organik formlarda çok miktarda bulunmasına rağmen bitkilerin her formu kullanamaması, farklı elementlerle bileşik halde

bulunması gibi sebeplerle büyümeyi ve gelişmeyi sınırlandıran önemli bir faktör olarak karşımıza çıkar. Bitkiler fosfatı yalnızca monobazik (H_2PO_4^-) ve dibazik (HPO_4^{2-}) formlarda alabilir (Vessey 2003).

Çoğu tarım toprağı, düzenli olarak fosfatlı gübrelerin uygulanması sebebiyle yüksek fosfat rezervlerine sahiptir. Ancak bu gübreleme sonucunda toprağı uygulanan inorganik fosfatın büyük bir kısmı Fe, Al ve Ca elementleri ile bileşikler oluşturarak çökelir ve bitkiler tarafından kullanılamaz hale gelir. Ayrıca bu gübrelerin fazla kullanılması sebebiyle birçok su kaynağı da ötrofikasyon riski altındadır (Alaylar *et al.* 2020).

Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların fosfat çözebilme yetenekleri uzun zamandır incelenen bir konudur. Bakteriler ve funguslar da dahil olmak üzere birçok toprak mikroorganizması, organik fosfatları mineralize edebilir ve inorganik fosfatları çözebilir. Fosfat çözücü mikroorganizmalar arasında *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Rhizobium*, *Burkholderia*, *Achromobacter*, *Agrobacterium*, *Micrococcus*, *Aereobacter*, *Flavobacterium* ve *Erwinia* bakteri cinslerinden türler ve *Pencillium*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Helminthosparium*, *Alternaria* gibi funguslar bulunur (Matos *et al.* 2017; Alaylar *et al.* 2020).

Fosfat çözme asitler, hidroliz veya fosfatazlar, fitazlar gibi enzimleri içeren çeşitli mekanizmalar aracılığıyla gerçekleştirilebilir. Fosfatazlar, pH indirmesi, karbondioksit oluşumu ve metallerin enzimatik indirgenmesi yoluyla organik ve inorganik asitler üretirler (Matos *et al.* 2017).

Mineral fosfatın topraktaki kayalardan ve diğer rezervlerden fosfat çözebilen mikroorganizmalar tarafından çözündürülmesi, formik, asetik, propiyonik, laktik, glikolik, fumarik, süksinik asit gibi düşük moleküler ağırlıklı organik asitlerin ve fitaz gibi asidik fosfatazların salınmasıyla yapılır (Sarmah and Sarma 2022). Bu organik asitlerin hidroksil ve karboksil grupları fosfata bağlı katyonları şelatlayarak çözünebilir formlara dönüştürürler. Ayrıca sülfürik, nitrik, karbonik asitler gibi inorganik asitler ve mineral fosfatı çözen şelatlayıcı maddeler de üretebilirler. Fosfatı organik asitlerle çözündürmenin etkinliği, inorganik asitlere göre daha fazladır (Alori

et al. 2017). Organik asitler, ferrik ve alüminyum fosfatlarda demir veya alüminyum ile kompleksler oluşturarak fosfatı çözülmüş halde toprağa bırakabilir. Organik asitler ayrıca toprak parçacıkları üzerindeki fosfat absorpsiyon bölgelerini bloke ederek veya toprak mineral yüzeyinde katyonlarla kompleksler oluşturarak fosfatın kullanılabilirliğini artırabilir (Bianco and Defez 2010). Bu işlemin sonucunda mikroorganizmalar ve çevrelerindeki toprak kısımlarının asitliği artar (Behera *et al.* 2014).

Fosfatın enzimler kullanılarak çözülmesi

Fosfat, topraktaki organik bileşiklerden bazı hidrolitik enzimler tarafından çözülebilir. Bu enzimler, organik maddelerdeki fosfo-ester veya fosforanhidrit bağlarının defosforilasyonunu gerçekleştiren fosfatazlar (fosfohidrolaz) ve fitik asitten fosfatın ayrıştırılmasını sağlayan fitazlar gibi enzimlerdir. Bu enzimlerin substratlarının toprakta bol olarak bulunması nedeniyle asit fosfatazların ve fitazların çalışması ile topraktaki kullanılabilir fosfatın artması mikroorganizmalar tarafından sağlanabilir (Lee *et al.* 2012).

Fosfataz (Fosfohidrolaz)

Fosfataz, nükleotidlerden ve şeker fosfatlardan inorganik fosfatları serbest bırakan bu reaksiyon için de suyu kullanan bir enzimdir. Potansiyel biyoteknolojik uygulamaları sebebiyle bu enzimlere son yıllarda ilgi oldukça artmıştır. Fosfataz enzimleri substratının hidrolizini kataliz ettiği için hidrolazların alt kategorisinde sınıflandırılır (Rodríguez *et al.* 2006).

Fosfatazlar, çalıştıkları optimum pH seviyelerine göre asit fosfatazlar (pH<6) ve alkalın fosfatazlar (pH>7) olarak adlandırılırlar. Bu enzimler, birincil, ikincil, siklik ve şeker alkollerinin yanı sıra fenoller ve aminler de dahil olmak üzere birçok farklı fosfat sisteminin hidrolizini katalize ederler (Behera *et al.* 2014). Ayrıca

fosfatazlar; ATP, protein ve glikoz metabolizmaları gibi birçok hücre içi metabolik olayda moleküllerden fosfat kopartmak için kullanılan yaygın enzimlerdir ve birçok mikroorganizmada bulunurlar.

Fitazlar

Fitazlar (myo-inositol heksakisfosfat fosfohidrolazlar), yüksek moleküler ağırlıklı asit fosfatazlar grubundandır. Myo-inositol heksakisfosfatın (fitik asit, myo-inositol-P₆) inorganik monofosfata ve myo-inositol'ün düşük fosforik esterlerine veya bazı durumlarda serbest myo-inositol'e hidrolizini katalize eder. Organik olarak bağlı fosfatın %60-80'i fitik asit formunda bulunduğundan fitat, inositolün birincil kaynağı ve bitki tohumlarında, polende ve toprakta depolanan ana organik fosfat formudur. Bitkilerin doğrudan fitattan fosfor elde etme yetenekleri çok sınırlıdır. Bu aşamada endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar fitatı hidroliz ederek fosfatı bitkilerin kullanabileceği forma çevirebilir (Dvořáková 1998).

2.3.2. Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların biyostimülant olarak kullanımı

Stimülasyon terimi sözlük anlamı olarak teşvik etmek, uyarmak, harekete geçirmek anlamlarına gelen bir sözcüktür. Endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar bitkileri kolonize etmelerini takiben ürettikleri enzimler, bitkisel hormonlar ve kimyasal uyarıcılarla bitkileri kelimenin tam anlamıyla stimüle ederler. Kolonize ettikleri bitkilerin ekolojik rekabette kazanan taraf olması bu mikroorganizmaların yaşamlarını devam ettirebilmesi için oldukça önemlidir (Azizoglu 2019).

Mikroorganizmaların stimülatör olarak ürettikleri bitki hormonlarından bazıları; oksin (indol-3-asetik asit (IAA)), gibberellik asit (GA), sitokininler ve etilendir. *Azospirillum*, *Pseudomonas*, *Xanthomonas*, *Rhizobium*, *Bradyrhizobium*, *Alcaligenes*, *Enterobacter*, *Acetobacter* ve *Klebsiella* cinslerine ait birçok mikroorganizma ve ayrıca *Bacillus pumilus*, *B. licheniformis*, *Paenibacillus*

polymyxa, *Phosphobacteria* sp., *Glucanoacetobacter* sp., *Aspergillus* sp. ve *Penicillium niger* gibi birçok mikroorganizmanın fitohormonlar ürettikleri bilinmektedir (Odoh 2017). Mikroorganizmaların bu hormonları doğrudan üretebildikleri gibi bitkilerin ürettiği hormon miktarını düzenleyici bazı bileşikler üretilip kullanarak bitkilerin gelişimi üzerinde etkili oldukları bilinmektedir (Çakmakçı 2009).

2.3.2.a. Oksin

Oksin, özellikle IAA, çeşitli endofitler tarafından üretilen önemli bir fitohormondur ve IAA üreten endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların bitki gelişimini arttırdığı iyi bilinmektedir. IAA hücre uzaması, hücre bölünmesi, doku farklılaşması, apikal dominansi gibi bitki büyümesinin ve gelişimini modüle eden temel bir bileşiktir. En önemli ve yaygın doğal oksin olan IAA; bakteri, bitki ve mantarlar tarafından üretilir. Bitkilerde, bu fitohormon hücre bölünmesinde, uzamasında, meyve gelişiminde ve olgunlaşmasında merkezi bir rol oynar. IAA hormonu köklerin, yaprakların ve çiçeklerin oluşumunu teşvik eder (Phillips *et al.* 2011). IAA özellikle dikotillerde yanal kök oluşumunu teşvik ederken, monokotillerde saçak kök oluşumunu teşvik eder (McSteen 2010). Ayrıca, IAA kambiyal büyümeyi ve vasküler gelişimi koordine eder, bitkiler tarafından gölgeden kaçınma için bir sinyal görevi görür (Tao *et al.* 2008). IAA üretimi eksik olan bitkilerin gölgeden kaçınma yeteneklerini kaybettiklerini ve bunun sonucunda normal bitkilere kıyasla bodur büyüme sergilediklerini gözlemlemişlerdir.

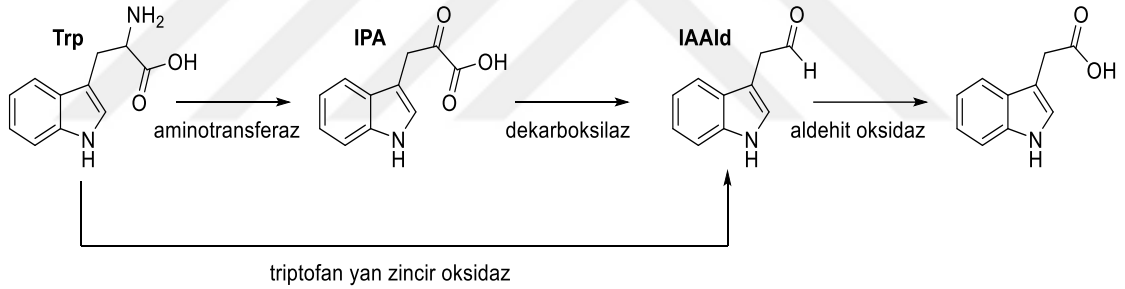
IAA, azot fiksasyonu ve ACC deaminaz üretimi gibi diğer gelişim teşvik edici mekanizmalarda da etkin rol oynadığı bilinen bir hormondur. Örneğin, Defez ve arkadaşları (2017)'de, pirinç üzerinde yaptıkları çalışmada IAA üretimi fazla olan mikroorganizmaların azot fiksasyonunu arttırmakta diğer mikroorganizmalara göre daha başarılı olduklarını göstermişlerdir (Defez *et al.* 2017).

Bitki gelişimini teşvik eden mikroorganizmalarda IAA biyosentezi, L-triptofan bağımlı veya L-triptofandan bağımsız olabilir. Triptofana bağımlı IAA

biyosentezinde, triptofanın bir öncü olarak kullanıldığı bazı sentez yollarının varlığı tespit edilmiştir. Bunlar; indol-3-prüvik asit (IPA) yolağı, indol-3-asetamid (IAM) yolağı, indol-3-asetaldoksim/indol-3-asetonitril (IAOx/IAN) yolağı olarak adlandırılmıştır (Duca *et al.* 2014).

İndol-3-prüvik asit (IPA) yolağı

Hem bitkiler hem de mikroorganizmalar, indol-3-pirüvik asit (IPA) yolağıyla IAA sentezleyebilmektedir. Başlangıçta L-triptofan, bir aminotransferaz tarafından IPA'ya deamine edilir. Sonra bir dekarboksilaz enzimi IPA'yı indol-3-asetilaldehit'e (IAAld) dönüştürür ve bu daha sonra aldehit dehidrojenaz, mutaz veya oksidaz enzimleri tarafından IAA'ya oksitlenir (Şekil 2.1) (Rajagopal 1971; Pollmann *et al.* 2006).

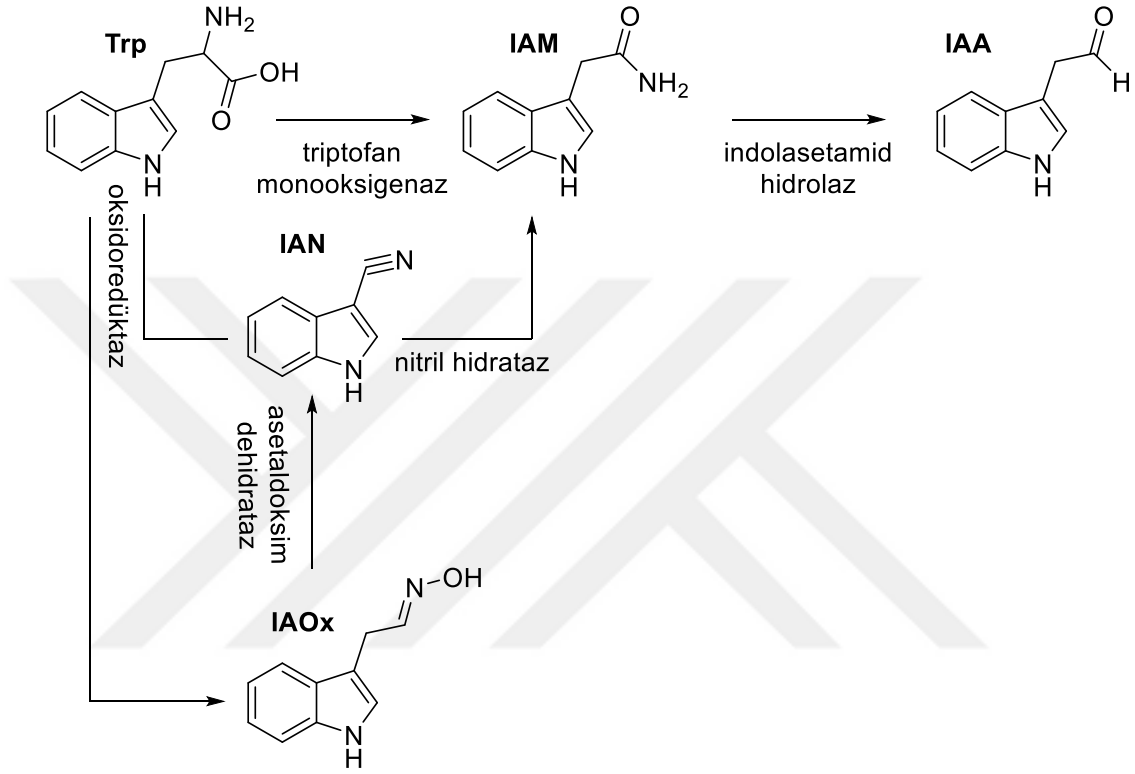


Şekil 2. 1. İndol-3-prüvik asit (IPA) yolağı ve alternatif triptofan yan zincir oksidaz yolağı (Duca *et al.* 2014).

Triptofanın bir triptofan yan zincir monooksijenaz enzimi tarafından doğrudan IAAld'ye dönüştürüldüğü alternatif bir yolak da mevcuttur (Şekil 2.1). Bu, triptofan yan zincir oksidaz (TSO) yolağı olarak bilinir (Oberhänsli *et al.* 1991). TSO yolağı, *Pseudomonas fluorescens* HP72 gibi bakterilerde, *P. fluorescens* CHA0 ve *P. fluorescens* Pf-5 gibi *P. fluorescens* suşlarında görülmüştür (Oberhänsli *et al.* 1991; Suzuki *et al.* 2003).

İndol-3-asetamid (IAM) yolu

İndol-3-asetamid (IAM) yolu, ilk olarak fitosimbiyotik bakterilerde ortaya çıkartılmasına rağmen, yolun esas içeriği fitopatogenik bakterilerde tanımlanmıştır (Kochar *et al.* 2011).

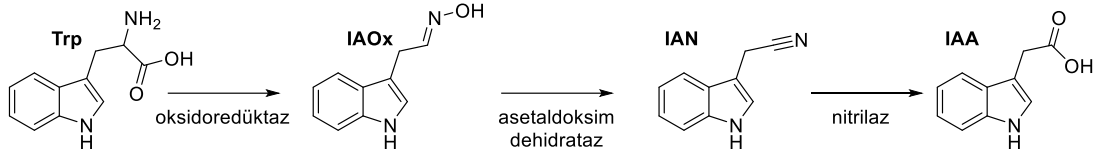


Şekil 2. 2. İndol-3-asetamid (IAM) yolu (Duca *et al.* 2014).

Bu yolakta, IAA bir triptofan öncüsünden iki aşamalı bir reaksiyonla üretilir (Şekil 2.2). İlk enzim, triptofanı IAM ara maddesine dönüştüren bir triptofan 2-monooksijenazdır (Şekil 2.2). İkinci reaksiyon, IAM'yi IAA'ya hidrolize eden IAM'ye özgü bir hidrolaz/amidaz tarafından katalize edilir (Şekil 2.2) (Pollmann *et al.* 2006). Bu yolun farklı bakterilerde ortaya çıkması, IAM ara ürününün kimyasal olarak tanımlanmasında, bakteri hücrelerinin IAM ile beslenmesini takiben IAA üretimine ve/veya triptofandan radyoaktif karbonun IAM ve IAA'ya dahil olması yöntemi kullanılmıştır (Manulis *et al.* 1994).

İndol-3-asetaldoksim/indol-3-asetonitril (IAOx/IAN) yolu

IAA biyosentezi için IAOx/IAN yolu, bitkilerde olduğu kadar bakterilerde de tam anlamıyla çalışılmamış bir konudur. Bu yolumun ilk adımı, triptofanın indol-3-asetaldoksim'e dönüştürülmesidir (Şekil 2.3).



Şekil 2. 3. İndol-3-asetaldoksim/indol-3-asetonitril (IAOx/IAN) yolu (Duca *et al.* 2014).

Bu dönüşümden sorumlu mikrobiyal enzimin bir oksidoredüktaz olduğu düşünülmektedir, ancak bu enzim şimdiye kadar bakterilerde tanımlanmamıştır. Bu düşünce, sitokrom p450 oksidoredüktazların bu adımı katalize ettiği bitki çalışmalarına dayanmaktadır (Hull *et al.* 2000; Mikkelsen *et al.* 2000). İkinci aşamada, indol-3-asetaldoksim ara ürünü, bir indoleasetaldoksim dehidrataz tarafından indol-3-asetonitrile dönüştürülür (Şekil 2.3). Aldoksim dehidrataz enzimleri birkaç bakteride tanımlanmıştır. Bununla birlikte, enzimatik aktivitelerinin çoğu, substrat olarak fenilasetaldoksim kullanılarak karakterize edilmiştir. Fenilasetaldoksim ve indoleasetaldoksim benzer bir yapıya sahip olduğu için, fenilasetaldoksim dehidratazlar olarak açıklanan enzimlerin indol tipi substratı da dönüştürmesi beklenmektedir. Bu enzimlerin substrat özgüllüğünü ortaya çıkarmak için bu arilaldoksim substratlarının her ikisi kullanılarak deneysel enzim tahlillerinin yapılması gerekmektedir. Sonuç olarak indol-3-asetonitril ara ürünü, tek bir adımda bir nitrilaz enzimi (Şekil 2.3) veya iki aşamalı bir işlemde bir nitril hidrataz ve bir amidaz tarafından IAA'ya dönüştürülür (Şekil 2.2) (Zhao 2012).

2.3.2.b. Etilen

Etilen, çok sayıda mekanizma ile bitki gelişimini koordine eden önemli bir hormon olarak bilinmektedir. Etilen; dominansinin kırılmasında, kök oluşumu ve köklerin uzamasında, adventif kök formasyonunda, kök ve gövde farklılaşmasında,

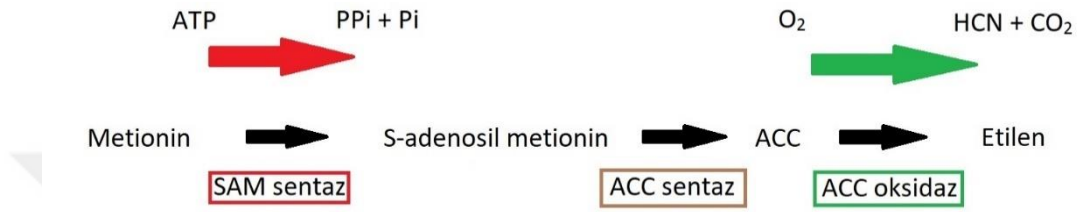
yaprak ve meyve dökülmesinde, çiçek ve yaprak yaşlanmasında, çiçeklenmenin sona ermesinde, dioik bitkilerde döllenmenin artmasında, meyve olgunlaşması ve nodül oluşumu gibi olaylarda etkili olan bir hormondur (Çakmakçı 2009). Etilen aynı zamanda bazı bakteriler, funguslar ve diğer organizmalar tarafından da sentezlenebilen gaz formunda bir hormondur. Gaz formunda olması sebebiyle herhangi bir taşıyıcı mekanizmaya ihtiyaç olmadan pasif difüzyon yoluyla bitki dokularında işlevini gösterebilir.

Etilen genellikle 1 ppm'den düşük konsantrasyonlarda işlev göstermesinin yanı sıra bitkinin stres altında olmadığı koşullarda 0,5 ppm'de bile aktif şekilde bitki tepkilerini tetikleyebilir. Etilen hormonu, bazı konsantrasyonlarda gelişim olaylarını desteklerken bazı konsantrasyonlarda bu gelişim olaylarını inhibe eder. Örneğin çoğu bitkide düşük konsantrasyondaki etilen hormonu kök gelişimini arttırırken aynı bitkilerde hızlı gelişen köklerin ürettiği yüksek etilen konsantrasyonu kök gelişimini yavaşlatır ve engeller (del Carmen Orozco-Mosqueda *et al.* 2020).

Bitkiler kuraklık, tuzluluk, sıcaklık gibi stres durumlarına tepki olarak yüksek miktarda etilen üretirler. Bu yüksek miktardaki etilen kök gelişimini engeller, yaprakların dökülmesini arttırır, oksinin taşınmasını engelleyerek bitkide yaşlanmayı arttırır. Ayrıca bitkilerde hormon konsantrasyonları birbiriyle etkileşimli şekilde artıp azaldığından bir hormonun normalden fazla konsantrasyonlara çıkması birçok fizyolojik olayı engelleyip arttırır. Bu nedenlerle etilen üretiminin kontrolü bitki için elzemdir (Çakmakçı 2009).

Etilen hormonu, bitkilerde AdoMet-sentetaz olarak da bilinen SAM sentetaz enzimi tarafından katalize edilen bir reaksiyon olan metionin ve ATP kombinasyonundan S adenosil-metiyonin (SAM) üretimi ile başlar. SAM daha sonra ACC sentetaz enzimi tarafından ACC'ye dönüştürülür (Kende 1993). Son olarak, ACC, ACC oksidaz enzimi tarafından etilene dönüştürülür (Şekil 2.4) (Şekil 2.5). Bu reaksiyon, etilene ek olarak uçucu bileşikler hidrojen siyanür ve karbon dioksit dahil olmak üzere çeşitli ürünlerin senteziyle sonuçlanır. İncelendiği bitkilerin hem ACC sentetaz hem de ACC oksidaz üretimi için gerekli genlerin çoklu kopyalarını içerdiği

bulunmuştur. Bazı ACC sentaz genlerinin transkripsiyonu, sel, toprağı kirleten metaller, bitki yaralanmaları ve ayrıca toprakta yüksek tuz konsantrasyonları dahil olmak üzere çeşitli stresörler tarafından indüklendiğı tespit edilmiştir. Bu nedenle etilen birkaç farklı stres türünün neden olduğı genelleştirilmiş bir tepki olarak da üretilir (Şekil 2.4) (del Carmen Orozco-Mosqueda *et al.* 2020).



Şekil 2. 4. Etilen üretiminin şematik gösterimi (del Carmen Orozco-Mosqueda *et al.* 2020)

Endofitler, etilen konsantrasyonlarının yükselmesi sonucunda oluşan gelişim kayıplarını önlemek için ACC deaminaz enzimi sentezleyerek etilen üretimini sınırlandırır. Mikroorganizmaların ürettikleri ACC deaminaz, etilenin öncüsü olan ACC'yi α -ketobütirat ve amonyağı parçalarlar bu sayede stres durumlarında üretilen etilen miktarını azaltarak bitki gelişimini arttırır (Şekil 2.5).

Acinetobacter, *Achromobacter*, *Agrobacterium*, *Alcaligenes*, *Arthrobacter*, *Azospirillum*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Citrobacter*, *Enterobacter*, *Paenibacillus*, *Pseudomonas*, *Ralstonia*, *Serratia* ve *Rhizobium* cinsleri ACC deaminaz ürettiğı bilinen türlere sahiptir (Santoyo *et al.* 2019; del Carmen Orozco-Mosqueda *et al.* 2020).

yapılan bir çalışmada, bitkinin rizosferinden alınan toprak numunesinden izole edilen mikroorganizmalar fosfat (P) çözebilme, siderofor üretme, IAA üretme gibi PGP özellikleri test edilerek seçilen *Pseudomonas putida*, *Pseudomonas stutzeri* ve *Stenotrophomonas maltophilia* suşları moleküler testlerle tanımlanmıştır. Bu suşların giberellik asit ve sitokinin gibi bitki hormonları üretip üretmedikleri spektrofotometrik olarak test edilmiş ve rizobakterilerin ürettikleri bitki hormonlarının ekstraksiyonları ve karakterizasyonları yapılmıştır (Patel and Saraf 2017).

Yapılan birçok çalışma bitki gelişimini teşvik eden mikroorganizmaların bitki hormonlarını ürettikleri ve aynı zamanda bu hormonların bitkideki konsantrasyonlarını kontrol eden bileşikler ürettiklerini göstermektedir (Wang *et al.* 2020).

2.3.2.d. Sitokininler

Sitokininler, bitki gelişimini teşvik eden mikroorganizmalar tarafından üretildiği bilinen bir diğer bitki hormonudur (Patel and Saraf 2017). Sitokininlerin bitkilerdeki en önemli işlevi hücre bölünmesini teşvik etmeleridir. Hücre ve doku farklılaşmasında etkili oldukları için meristem dokularında yoğun olarak bulunurlar. Kök oluşumunu teşvik eden oksinler gibi sitokininler de sürgün oluşumunu teşvik ederler ve kök meristemlerinde sentezlenerek ksilem aracılığıyla bitkilerin diğer yeşil ve genç dokularına taşınırlar (Algül vd 2016, Wang *et al.* 2019).

Son yıllarda etkisini daha da gösteren olumsuz iklim baskısı ve antropojenik faaliyetler, sürdürülebilir tarım ve ürün verimliliği için ciddi bir tehdit oluşturmaktadır. Sürekli artan dünya nüfusunu beslemek için giderek daha zorlu koşullarla mücadele etmek ve mevcut tarımsal kaynaklarda daha verimli mahsul üretmek için bitki toleransını geliştirmek de bu sorunlara önerilen çözüm yollarından biridir. Bitkiler, büyüme ve gelişmelerini sürdürmek için ihtiyaç duydukları besinleri esas olarak kök sistemi yoluyla, aktif köklerle çevrili topraktan, yani rizosferden alırlar (Zhang *et al.* 2020). Dolayısıyla aktif köklerin yüzey alanının az olması, yetersiz besin alımına neden olur. Bu durum, düşük besin mevcudiyeti altında daha zararlıdır ve genel mahsul verimini olumsuz etkiler. Aktif kök yüzey alanının

arttırılması, kaynak keşfini ve alımını iyileştirebileceği için sitokininler ve oksinler gibi köklerin gelişimini sağlayan bitkisel hormonlar önemli bir role sahiptir. Endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar sitokininler ve oksinleri doğrudan üretmelerinin yanı sıra bitkilerin bu hormonları üretmelerini sağlayan genlerin ekspresyonlarını da tetikledikleri düşünülmektedir (Li *et al.* 2018; Verma *et al.* 2022).

2.3.3. Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların biyoprotektan olarak kullanımı

Mantarlar, virüsler, bakteriler, nematodlar ve böceklerin dahil olduğu çeşitli hastalık etmenleri ve zararlılar, tarımsal uygulamaları etkilemekte ve önemli ürün kayıplarına neden olmaktadır. Agrokimyasallar, sürdürülebilir ve verimli bir tarım sistemi sağlamak için bitki hastalıkları yönetiminde önemli bir rol oynamaktadır (Egamberdieva *et al.* 2020a). Ancak kimyasalların yoğun kullanımı insan ve ekosistem işleyişini olumsuz etkilemekte ve tarımsal sürdürülebilirliği de azaltmaktadır. Sürdürülebilir bir tarım, gübrelerin ve agrokimyasalların azaltılması veya ortadan kaldırılmasıyla elde edilir ve bu da çevreye en az etkiyle sonuçlanır. Biyokontrol ajanları olarak antagonistik endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların kullanımı, çevreye en az etkiyle sonuçlanan bazı bitki hastalıklarının yönetimi için çekici bir seçenek olarak özellikle dikkat çekmektedir (De Silva *et al.* 2019).

Mikroorganizmalar, gelişimi teşvik ederken kullandıkları birçok mekanizma sayesinde bitkilerin patojenlerden korunmasına da yardımcı olur (Egamberdieva *et al.* 2020b). Bunlardan en önemlisi ekolojik rekabette bitkiye avantaj sağlaması ve bu sayede patojenlerin gelişimi yerine bitkinin gelişimini destekleyerek oluşabilecek bir sorunu henüz oluşmadan önlemeleridir. Biyolojik kontrol veya biyoprotektan, bitki patojenlerinin olumsuz etkilerini azaltmak ve bitki tarafından olumlu tepkileri teşvik etmek için faydalı organizmaların, bunların genlerinin ve/veya metabolitleri gibi ürünlerinin kullanılması olarak tanımlanabilir (Adeleke *et al.* 2022).

Biyokontrol stratejileri, enfeksiyonun önlenmesi, konakçı dokuların kolonizasyonunun azaltılması, sporlanmanın azaltılması ve patojenin hayatta kalmasının sınırlandırılması dahil olmak üzere, hastalığın bazı aşamalarını veya patojenin yaşam döngüsünü bozan bazı mekanizmalardan yararlanır. Genel olarak, bir biyokontrol ajanının farklı antagonistik etki mekanizmaları, litik enzimlerin ve/veya antibiyotiklerin üretimi, siderofor üretimi, hidrojen siyanid üretimi, bitki savunmasının uyarılması, besinler ve ekolojik nişler için rekabet olarak tanımlanabilir (Adeleke and Babalola 2022).

2.3.3.a. Siderofor üretimi

Demir (Fe), bitki yaşamı için gerekli ve toprakta çözünmemiş formda bulunan temel elementlerden biridir. Fosfor gibi demir de toprakta çeşitli formlarda bulunur ve doğrudan bitki emilimi için uygun değildir. Topraktaki demir mevcudiyeti, mikroorganizmalar tarafından üretilen şelatlayıcı maddelere bağlı olabilir. Bu nedenle endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar, demir eksikliği olan topraklarda siderofor üreterek demiri bol hale getirir (Salam and Varma 2019).

Sideroforlar, mikroorganizmalar tarafından üretilen, düşük molekül ağırlıklı (<1500 Da) olan biyolojik moleküllerdir (Ferreira *et al.* 2019). Öncelikle besin sınırlayıcı ortamlarda demir şelasyonuna dahil olurlar (Odelade and Babalola 2019). Birçok mikroorganizma ya biyolojik kontrol ajanları sentezleyerek ya da patojenlere karşı bitkinin vereceği tepkiye yardımcı olarak bitki stresini azaltırlar (Ferreira *et al.* 2019). Siderofor üreten mikroorganizmalar, mahsul verimini etkileyen bitki patojenlerinin kontrolüne yardımcı olur ve bitki kaynaklı sistemik direnç için temel belirleyiciler olarak hareket eder. Örneğin sorgum bitkisinde *Bacillus antiquum* tarafından üretilen sideroforlar, *Rhizoctonia solani*'nin sebep olduğu siyah kabuk ve kök çürüğü hastalığını ayrıca *Macrophomina phaseolina*'nın sebep olduğu kömür çürüklüğü hastalığına karşı biyokontrol ajanı olarak kullanılmış ve olumlu etki göstermiştir (Gopalakrishnan *et al.* 2011; Aloo *et al.* 2019).

Bazı tarım topraklarının kireçli ve alkali yapısı, bitkilerin topraktan elemental demire erişimini sınırlar. Siderofor üreten toprak-kök bakteri ve fungusları, demiri bitki kullanımı için çözünür bir forma dönüştürerek şelatlar. Bitkiler, mikroorganizmaların siderofor üretme yeteneği ile belirlenen doğrudan mekanizmalar yoluyla, siderofor üreticilerinden demir alır. Bitki kökü yoluyla demir-siderofor ağından demirin alınması, şelat bölünmesi ve fitosiderofor sentezi yoluyla erişilemeyen demir formlarının çözünmesi için gereklidir (Sah *et al.* 2017).

Mikroorganizmalar tarafından üretilen sideroforlar (mikrobiyal sideroforlar) genellikle bitkilerde sentezlenen sideroforlara (fitosideroforlar) göre demire daha fazla afinite gösterir. Metalle kirlenmiş topraklarda yüksek demir afinitesine sahip mikrobiyal sideroforlar, metal stresli koşullar altında yaşamak zorunda kalan bitkiler için demiri kullanılabilir hale getirmenin önemli bir yolu olarak kabul edilir. Endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar tarafından üretilen sideroforların gerçek rolü, sistemik direncin indüklenmesi dışında, çalışmaların yetersiz olması nedeniyle bilinmemektedir. Bu konuda araştırmaların devam etmesi ve tüm mekanizmaların aydınlatılması bilimsel gelişmeye önemli katkılar sağlayacaktır (Hardoim *et al.* 2015).

ÜÇÜNCÜ BÖLÜM

3. MATERİYAL ve YÖNTEM

3.1. Materyal

3.1.1. Çalışmalarda kullanılan alet ve cihazlar

Buzdolabı	Arçelik / Türkiye
Derin Dondurucu	New Brunswick Scientific / U570 / ABD
Hassas Terazı	AND / GR-200 / Japonya
İnkübatör	Velp / FOC 2251 Cooled Incubator / İtalya
Manyetik Karıştırıcı	Velp / AREC / İtalya
Otoklav	Shin Saeng / SACV-801 / Güney Kore
Biyogüvenlik Kabini	ESCO / Sentinel Gold / Singapur
Saf Su Cihazı	Merck / Direct-Q 8 UV / Almanya

UV-Vis Spektrofotometre	Thermo Scientific / MULTISKAN GO / ABD
Vortex	Stuart / SA8 / İngiltere
Santrifüj	Thermo Scientific / SL 16R / ABD
Çalkalamalı İnkübatör	Zhicheng / ZHWY-200B / Çin
Otomatik Pipetler	Axygen / AxyPet / ABD
DNA İzolasyon Cihazı	Qiagen / QIAcube / Almanya
PCR Cihazı	Qiagen / Rotor-Gene / Almanya
Jel Elektroforez	Thermo Fisher/ Consort EV265 / ABD
Jel Görüntüleme Cihazı	Vilber Lourmat / Quantum-ST4 / Fransa

3.1.2. Besiyerleri ve Çözeltiler

Çalışmalarda kullanılan besiyerleri ve çözeltilerin içerikleri ve hazırlanma şekilleri aşağıda belirtilmiştir.

Stok Çözeltisi: İzole edilip saflaştırılan bakteriyel mikroorganizmaların uzun süreli saklanması amacıyla kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Nutrient Broth	6,5 g
%87'lik Gliserol	360 ml
Saf Su	640 ml

Stok besiyeri hazırlanırken 6,5 g Nutrient Broth hassas terazi ile tartılmış, steril bir erlen içerisinde bir miktar saf su ile çözülmüştür. Karışımın içerisine 360 ml gliserol eklenip toplam hacim saf su ile 1000 ml'ye tamamlanarak manyetik karıştırıcıda iyice karışması sağlanmıştır. Çözelti 121°C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiş ve kriyovial tüplere 1,2 ml hacimde bölünmüştür.

Nutrient Agar: Bakteri strainlerinin geliştirilmesi amacıyla kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Nutrient Agar	28 g
Saf Su	1000 ml

Bu besiyeri hazırlanırken 28 g Nutrient Agar hassas terazide tartılmış steril bir erlen içerisinde 1000 ml saf su ile karıştırılmıştır. Oluşturulan çözelti manyetik karıştırıcıda iyice çözüldükten sonra 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir. Dökme ısisına gelen besiyeri steril petri kaplarına dökülerek kullanıma hazır hale getirilmiştir.

Burks Medium: Potansiyel azot fikserlerinin belirlenmesi amacıyla kullanılmıştır (Himedia M707).

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Burks Medium	21,3 g
Saf Su	1000 ml

Bu besiyeri hazırlanırken 21,3 g Burks Medium hassas terazi ile tartılmış steril erlen içerisinde 1000 ml saf su ile karıştırılmıştır. Oluşturulan çözelti manyetik karıştırıcıda iyice çözüldükten sonra 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir. Dökme ısisına gelen besiyeri steril petri kaplarına dökülerek kullanıma hazır hale getirilmiştir.

Pikovskaya's Agar: Potansiyel fosfat çözücü izolatların belirlenmesi amacıyla kullanılmıştır (Himedia M520).

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Pikovskaya's Agar	31,3 g
Saf Su	1000 ml

Bu besiyeri hazırlanırken 31,3 g Pikovskaya's Agar hassas terazi ile tartılmış steril erlen içerisinde 1000 ml saf su ile karıştırılmıştır. Oluşturulan çözelti manyetik karıştırıcıda ısıtılarak iyice çözüldükten sonra 121°C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir. Dökme ısısına gelen besiyeri steril petri kaplarına dökülerek kullanıma hazır hale getirilmiştir.

Luria Bertani Broth (LB Broth): Bakteri strainlerinin geliştirilmesi amacıyla kullanılmıştır.

LB Broth:

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
LB Broth	25 g
Saf Su	1000 ml

Bu besiyeri hazırlanırken 25 g LB Broth hassas terazide tartılmış, steril bir erlen içerisinde 1000 ml saf su ile karıştırılmıştır. Besiyeri iyice çözüldükten sonra

tüplere pipetlenmiş ve tüplerin içerisinde 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir.

Potato Dextrose Agar: Fungal izolatların geliştirilmesi amacıyla kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Potato Dextrose Agar	39 g
Saf Su	1000 ml

Bu besiyeri hazırlanırken 39 g Potato Dextrose Agar hassas terazi ile tartılmış, steril bir erlen içerisinde 1000 ml saf su ile karıştırılmıştır. Oluşturulan çözelti manyetik karıştırıcıda iyice çözüldükten sonra 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir. Dökme ısisına gelen besiyeri steril petri kaplarına dökülerek kullanıma hazır hale getirilmiştir.

Sabouraud Dextrose Broth (SD Broth): Fungal izolatların geliştirilmesi amacıyla kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Sabouraud-2% dextrose broth	30 g
Saf Su	1000 ml

Bu besiyeri hazırlanırken 30 g SD Broth hassas terazide tartılmış, steril bir erlen içerisinde 1000 ml saf su ile karıştırılmıştır. Besiyeri iyice çözüldükten sonra

tüplere pipetlenmiş ve tüplerin içerisinde 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilmiştir.

Salkowski Çözeltisi: IAA üretim yeteneklerini belirlemede kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
%60’lık Perklorik Asit	581,65 ml
0,5M FeCl ₃	20 ml
Saf Su	418,35 ml

Bu çözelti hazırlanırken öncelikle %60’lık olan perklorik asit saf su ile seyreltilerek %35’lik yapılmıştır. Sonrasında 0,5 M FeCl₃ hazırlanmış ve 50 ml perklorik asit 1 ml 0,5 M FeCl₃ oranı olacak şekilde karıştırılarak Salkowski çözeltisi elde edilmiş ve bu çözelti amber şişede karanlıkta saklanmıştır.

Chrome Azurol S (CAS) Agar: Siderofor üretimi potansiyellerini belirlemek amacıyla kullanılmıştır.

Bu besiyerinin hazırlanışının kolay şekilde anlaşılması için hazırlanan solüsyonlar A, B ve C solüsyonları şeklinde adlandırılmıştır. Ayrıca bu besiyeri hazırlanırken kullanılacak tüm cam malzemeler üzerlerinde bulunabilecek kalıntı demiri uzaklaştırmak amacıyla 6 M HCl ile yıkanmış ve saf su ile durulanmıştır (Louden *et al.* 2011).

A Solüsyonu (Blue Dye)

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
A-1 Solüsyonu	
Chrome azurol S (CAS)	60 mg
Saf Su	50 ml
A-2 Solüsyonu	
$\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$	2,7 mg
10 mM HCl	10 ml
A-3 Solüsyonu	
HDTMA	73 mg
Saf Su	40 ml

A Solüsyonu (Blue Dye) Hazırlanışı:

A-1) 60 mg Chrome azurol S tartılır bir beherde 50 ml saf su ile çözülür.

A-2) 2,7 mg $\text{FeCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$ tartılır ve bir tüp içerisinde 10 ml 10mM HCl içerisinde çözülür.

A-3) 73 mg HDTMA tartılır ve bir beher içerisinde 40 ml saf su ile çözülür.

A-Son Çözeltisi (Blue Dye)

A-1 çözeltisinin tamamı 9 ml A-2 çözeltisi ile karıştırılır ve en son tüm A-3 çözeltisi de bu karışıma eklendikten sonra plastik bir şişeye aktarılıp 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilir. Karışım tamamlandığında mavi renkli bir çözelti olması beklenir.

B Solüsyonu (Karışım Çözeltisi)

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
B-1 Solüsyonu (Minimal Media 9)	
KH ₂ PO ₄	15 g
NaCl	25 g
NH ₄ Cl	50 g
Saf Su	500 ml
B-2 Solüsyonu	
Glikoz	20 g
Saf Su	100 ml

B-3 Solüsyonu	
NaOH	25 g
Saf Su	150 ml
B-4 Solüsyonu	
Casamino Asit	3 g
Saf Su	30 ml
B-5 Solüsyonu	
8-Hydroxyquinoline	30 mg
Kloroform	1 ml

B Solüsyonu (Karışım Çözeltilisi) Hazırlanışı:

B-1) 15 g KH_2PO_4 , 25 g NaCl, 50 g NH_4Cl tartılır ve 500 ml saf su içerisinde çözülür.

B-2) 20 g Glukoz tartılır ve 100 ml saf su içerisinde çözülür. Karışım bir erlende 121°C 'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilir.

B-3) 25 g NaOH tartılır ve 150 ml saf suda çözülür. B son çözeltisi hazırlanırken pH ayarlaması amacıyla kullanılacaktır.

B-4) 3 g Casamino acid tartılır ve 30 ml saf suda çözülür.

B-5) 30 mg 8-Hydroxyquinoline tartılır ve 1 ml kloroform içerisinde çözülür.

B-Son Çözeltisi: B-4 çözeltisine B-5 çözeltisi eklenip manyetik karıştırıcıda karıştırılır. Burada faz oluşumu gözlenir. Bir sonraki aşamada için ayırma hunisi yardımıyla iki faz ayrılmalı ve üst faz kullanılmalıdır.

C Solüsyonu (CAS Agar)

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
B-1 solüsyonu	100 ml
B-3 solüsyonu	
PİPES	32,24 g
Agar	15 g
Saf Su	750 ml

C Solüsyonu Hazırlanışı: 100 ml B-1 solüsyonuna 750 ml saf su eklenir ve manyetik karıştırıcı üzerinde 32,24 g PİPES yavaş yavaş eklenir. Bu sırada pH metre ile pH sürekli kontrol altında olmalıdır. PİPES pH 5.0'nın altındaki değerlerde çözünmez bu nedenle B-3 solüsyonu yavaş yavaş eklenerek pH yükseltilir ve PİPES'in çözülmesi sağlanır. Bu aşamada pH 6.8 değeri geçilmemelidir. Bu değer geçilirse besiyerinin rengi yeşile dönmeye başlar. pH ayarlaması yapıldıktan sonra çözeltinin içerisine 15 g agar tartılarak aktarılır ve manyetik karıştırıcıda iyice karışması sağlanır. Bu çözelti bir erleninde 121°C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilir.

A-Son, B-2 ve C solüsyonları otoklavlandıktan sonra C solüsyonuna B-Son solüsyonunda oluşan iki fazdan üst faz şırınga filtre kullanılarak aktarılır ve B-2

çözeltisinden 10 ml eklenir. Ardından A-Son solüsyonunun tamamı mavi boyanın besiyerine iyice karışması amacıyla yavaş bir şekilde erlen çevrilerek eklenir. Tüm bu karışım hazırlanırken köpürme oluşmaması amacıyla eklenen solüsyonlar yavaş bir şekilde eklenmelidir.

Karışımı tamamlanan CAS Agar aseptik şekilde petrilere dökülerek kullanıma hazır hale getirilir.

Dworkin and Foster (DF) Medium: ACC Deaminaz üretim potansiyellerinin belirlenmesi amacıyla kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Glikoz	2 g
Glukonik Asit	2 g
Sitrik Asit	2 g
KH_2PO_4	4 g
Na_2HPO_4	6 g
$(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$	2 g
$\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	0,2 g
$\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$	1 mg
H_3BO_3	10 µg
$\text{MnSO}_4 \cdot \text{H}_2\text{O}$	11,19 µg

ZnSO ₄ .7H ₂ O	124,6 µg
CuSO ₄ .5H ₂ O	78,22 µg
MoO ₃	10 µg

Bu medium hazırlanırken kimyasallar hassas terazide tartılıp distile su ile manyetik karıştırıcıda çözüldükten sonra 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilir.

DF-ACC Medium: ACC Deaminaz üretim potansiyellerinin belirlenmesi amacıyla kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Glikoz	2 g
Glukonik Asit	2 g
Sitrik Asit	2 g
KH ₂ PO ₄	4 g
Na ₂ HPO ₄	6 g
(NH ₄) ₂ SO ₄	2 g
MgSO ₄ .7H ₂ O	0,2 g
FeSO ₄ .7H ₂ O	1 mg
H ₃ BO ₃	10 µg

MnSO ₄ .H ₂ O	11,19 µg
ZnSO ₄ .7H ₂ O	124,6 µg
CuSO ₄ .5H ₂ O	78,22 µg
MoO ₃	10 µg
ACC	0,3 g

Bu besiyeri hazırlanırken ACC hariç diğer kimyasallar hassas terazide tartılıp 950 ml distile su ile manyetik karıştırıcıda çözüldükten sonra 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilir. ACC, 50 ml distile suda çözüldükten sonra uygun sıcaklığa kadar soğutulan DF besiyerine 0,2 µm şırınga filtre kullanılarak ilave edilir.

Ninhidrin Solüsyonu: ACC Deaminaz üretim potansiyellerinin belirlenmesi amacıyla kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Ninhidrin	500 mg
Askorbik Asit	15 mg
Etilen Glikol	60 ml
Sitrik Asit	38,43 g
Saf Su	200 ml

Bu solüsyon hazırlanırken 500 mg Ninhidrin ve 15 mg Askorbik asit tartılır 60 ml etilen glikol içerisinde çözülür. Bu karışım kullanılacağı zamana kadar -

20°C’de saklanmalıdır. Sonrasında 38,43 g Sitrik asit, 200 ml distile su içerisinde çözülerek 1 M Sitrat tamponu hazırlanır. En son aşamada 60 ml Ninhidrin çözeltisi ile 60 ml 1 M Sitrat tamponu karıştırılarak Ninhidrin solüsyonu hazırlanmış olur.

Lizis Tamponu: Genomik DNA izolasyonu için kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Tris-HCl	1,36 g
EDTA	0,422 g
NaCl	0,664 g
%10 luk SDS çözeltisi	250 ml
Triton X-100	22,7 ml
Ultra Saf Su	727,3 ml

Bu tampon hazırlanırken önce Tris-HCl ve EDTA 650 ml ultra saf su içerisinde çözülerek pH 8 ’e ayarlanır. Bu karışıma NaCl eklenir ve son hacim 727,3 ml olacak şekilde ultra saf su ile tamamlanır. Bu karışım 121°C’de 15 dakika otoklavlanarak steril edilir. Sterilizasyondan sonra soğuyan karışıma 250 ml, %10’luk SDS çözeltisi ve 22,7 ml Triton X-100 eklenir. Bu çözelti kullanılacağı zamana kadar oda sıcaklığında ve karanlıkta muhafaza edilebilir. Daha uzun süreli saklama için + 4-8 °C kullanılmalıdır.

%10'luk SDS çözeltisi: Genomik DNA izolasyonu için kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Sodyum dodesil sülfat	100 g
Ultra Saf Su	1000 ml

Bu çözelti hazırlanırken Sodyum dodesil sülfat 800 ml ultra saf su içerisinde çözülür, son hacim yine ultra saf su ile 1000 ml'ye tamamlanır. Sonrasında 121°C'de 15 dakika otoklavlanarak steril edilir. Bu çözelti kullanılıncaya kadar karanlıkta ve oda sıcaklığında muhafaza edilebilir.

Proteinaz K: Genomik DNA izolasyonu için kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Proteinaz K	20 mg
Steril Saf Su	1 ml

Bu solüsyon hazırlanırken 1 ml steril saf su içerisinde 20 mg Proteinaz K iyice çözülmüştür. Hazırlandıktan sonra -20 °C'de saklanmalıdır.

Ethidium Bromide Çözeltisi: DNA jel elektroforezi için kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
Ethidium bromide	10 g
Steril Saf Su	1000 ml

Bu çözelti hazırlanırken 10 g Ethidium bromide, 1000 ml steril saf su içerisinde iyice çözülür. Hazırlanan çözelti amber şişe veya alüminyum folyo sarılmış bir şişede güneş ışığından korunacak şekilde ve oda sıcaklığında saklanmalıdır.

1X TBE Tamponu: DNA jel elektroforezi için kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>1000 ml için</u>
10X TBE Stok Solüsyonu	100 ml
Steril Saf Su	900 ml

Bu tampon hazırlanırken 10X TBE Tamponundan 100 ml alınarak steril saf su ile 1000 ml'ye tamamlanarak seyreltilmiştir. Hazırlanan tampon + 4 °C'de saklanmalıdır.

1X TAE Tamponu: DNA jel elektroforezi için kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>100 ml için</u>
10X TAE Stok Solüsyonu	100 ml
Steril Saf Su	900 ml

Bu tampon hazırlanırken 10X TAE Tamponundan 100 ml alınarak steril saf su ile 1000 ml'ye tamamlanarak seyreltilmiştir. Hazırlanan tampon + 4 °C'de saklanmalıdır.

6X Yükleme Tamponu: DNA jel elektroforezi için kullanılmıştır.

<u>İçerik</u>	<u>100 ml için</u>
Bromfenol blue	0,1 g
Gliserol	40 ml
1X TAE Tamponu	60 ml

Bu tampon hazırlanırken 0,1 g Bromfenol blue, 40 ml gliserol içerisinde çözülür. Çözeltinin son hacmi 100 ml olacak şekilde 1X TAE Tamponu ile seyreltilir. Hazırlanan tampon amber şişede veya alüminyum folyo sarılmış bir şişede ışıktan korunarak + 4 °C'de saklanmalıdır.

3.2. Yöntem

3.2.1. Mikroorganizmaların temini ve izolasyonu

O. vulgare bitkilerinin örneklenmesi

Bitki örnekleri Erzurum ili ve çevresindeki farklı alanlardan ve besleyici elementler tarafından fakir, çeşitli stres koşullarına (tuzluluk, sel, elverişsiz iklim şartları, vb.) maruz kalmış doğal alanlardan toplanmıştır. Toplanılmış olan keklik otu nane (*O. vulgare*) bitkisinin canlı, sağlıklı bitkilerden örneklenmesi yapılmış olup her bir lokasyon için; 10-20 m mesafedeki 3 ayrı bitki toplanmıştır. Örnekler, steril plastik fermuarlı torbada tutulmuş ve sonraki kullanıma kadar 4 °C’de muhafaza edilmiştir.

Endofitik mikroorganizmaların izolasyonu

Yüzey sterilizasyonu

Laboratuvara aseptik koşullarda getirilen bitkilerin, kök, gövde ve yaprakları steril bir neşter ile ayırt edilmiştir. Bitki örneklerinin yüzey sterilizasyonu Zhao ve arkadaşlarının (2012)’de geliştirdikleri protokole göre yapılmıştır ve gerekli aşamalar aşağıda maddeler halinde verilmiştir;

- Bitki örnekleri üzerinde yer alan toprak kalıntıları musluk suyuyla yıkanmıştır.
- 1 dakika boyunca 160 W ultrasonik temizleyici kullanarak distile su ile temizlenmiştir.
- Örnekleri 1 dakika boyunca %0.01 (v/v) tween-20 içerisinde bekletilmiş, ardından steril suyla üç kez durulanmıştır.

- %5 sulu NaOCl içinde 3 dakika bekletilmiştir. Ardından 10 dakika boyunca %2,5'luk sulu sodyum tiyosülfat çözeltisine bekletilmiş, sonrasında steril su ile 3 kez durulanmıştır.
- 1 gece boyunca steril kağıt havlularda veya steril petri kutularında bekletilmiştir.
- İnkübasyon sonunda yüzey sterilizasyonun gerçekleşip gerçekleşmediği kontrol edilmiştir.

Endofitik bakterilerin ve fungusların izolasyonu

O. vulgare tıbbi bitkisinden izole edilecek endofitik bakteri ve funguslar Zhao ve arkadaşlarının (2012)'de geliştirdikleri protokole göre yapılmış, gerekli aşamalar aşağıda maddeler halinde verilmiştir;

- Bakterilerin gelişimi için Luria Bertani (LB) ve Nutrient Agar (NA), funguslar için ise Potato Dextrose Agar (PDA) besiyerleri kullanılmıştır.
- Taze izolasyon ortamı içeren petri kutuları içerisine *O. vulgare*'den elde edilmiş yaprak, kök ve gövde kısımlarından yaklaşık 0,1 g parçalar veya toz homojen olarak dağıtılmıştır.
- Bakteriler için hazırlanan besiyerleri 28 °C'de, funguslar için 25 °C'de 7 gün inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon süresince 1, 3, 5 ve 7. günlerde kontroller yapılmış ve farklı görünüşlerdeki koloniler yeni petri kaplarına aktararak izolasyonları sağlanmıştır.
- Morfolojik ve koloni özelliklerine göre elde edilecek izolatlar saf kültür elde edilene dek saflaştırma çalışmalarına devam edilmiştir.
- Saf kültür haline getirildiği tespit edilen kültürler, hazırlanan stok solüsyonuna aktarılmış ve -80 °C'de derin dondurucuda saklanmıştır.

Rizosferik mikroorganizmaların izolasyonu

Toplanan *O. vulgare* L. ssp. *vulgare* bitkilerinin rizosferinden alınan toprak örnekleri steril falkon tüplerine aktararak aseptik koşullarda laboratuvara getirilmiştir. Rizosferik bakteri ve fungusların izolasyon aşamaları aşağıda maddeler halinde verilmiştir.

- Toprak örnekleri 1 ml veya 1 g olacak şekilde hazırlanarak, 9 ml steril %0,9'luk fizyolojik su içerisine eklenmiş ve çalkalamalı inkübatörde 1-2 saat homojenize edilmiştir.
- Elde edilen çözeltilerden 10^{-6} 'ya kadar seri dilüsyonlar hazırlanmıştır. Bu dilüsyonların her birinden birer paralel olacak şekilde, rizosferik bakterilerin izolasyonu için, TSA ve NA besiyerlerine yayma ekim yapılmış, rizosferik fungusların izolasyonu için ise PDA besiyerlerine yayma ekim yapılmıştır.
- Bakteriler için hazırlanan besiyerleri 28 °C'de, funguslar için 25 °C'de 7 gün inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon süresince 1, 3, 5 ve 7. günlerde kontroller yapılmış ve farklı görünüşlerdeki koloniler yeni petri kaplarına aktararak izolasyonları sağlanmıştır.
- Morfolojik ve koloni özelliklerine göre elde edilecek izolatlar saf kültür elde edilene dek saflaştırma çalışmalarına devam edilmiştir.
- Saf kültür haline getirildiği tespit edilen kültürler, hazırlanan stok solüsyonuna aktarılmış ve -80 °C'de derin dondurucuda saklanmıştır.

3.2.2. Konvansiyonel yöntemlerle mikroorganizmaların bitki gelişimine etki mekanizmalarının tespiti

3.2.2.1. Azot fikse edebilen izolatların belirlenmesi

Azot fiksasyonu yapabilen izolatların belirlenmesi amacıyla içeriğinde azot kaynağı bulunmayan Burks besiyeri hazırlanmış ve bakteriler bu besiyerinde inkübasyona bırakılmıştır. Atmosferde bulunan azotu fikse edebilme yeteneğini gösteren izolatlar bu besiyerinde gelişim gösterebiliyorken bu yeteneğe sahip olmayanlar gelişim gösterememiştir.

3.2.2.2. Fosfat çözebilen izolatların belirlenmesi

Fosfat çözebilen izolatlar bu işlevi yerine getirebilmek için çeşitli organik asitleri ve enzimleri kullanırlar. Ortamda serbest halde olmayan fosfatı bitkilerin kullanabileceği serbest formlara dönüştürebilmeleri bu sayede gerçekleşir. Bu etkinliği görebilmek amacıyla besiyerinin içerisinde fosfat kaynağı olarak kalsiyum fosfat ($\text{Ca}_3(\text{PO}_4)_2$) bulunan Pikovskaya's Agar besiyeri kullanılmıştır. Besiyerinin bulanık bir görüntüde olmasını kalsiyum fosfat sağlamaktadır ve mikroorganizmalar bu bileşikteki bağlı fosfatı çözdükçe kolonilerin etraflarında berrak zonlar oluşur. Bu berrak zonları oluşturabilen izolatların fosfat çözme yetenekleri pozitif olarak değerlendirilmiştir (Vaikuntapu *et al.* 2014; Kumar and Prasher 2022).

3.2.2.3. IAA üretebilen izolatların belirlenmesi

Bitkilerdeki en yaygın ve önemli oksin hormonu olan IAA, bitkinin kendisi, bakteriler ve funguslar tarafından üretilmektedir. Buradan yola çıkarak bitkide gelişimi teşvik ettiği düşünülen izolatlar için IAA üretebilme yeteneği önemli bir parametre olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu amaçla izolatlarımızın IAA üretme

yeteneğine sahip olup olmadıkları Vaikuntapu ve arkadaşları tarafından (2014)'te uygulanan protokole göre incelenmiştir (Vaikuntapu *et al.* 2014).

Bakterilerde IAA üretiminin incelenmesi

Deneylerde kullanılan izolatlar triptofanın IAA üretme işlemine etkisini de görebilmek amacıyla %0,1 triptofan içeren ve içermeyen Luria Bertani (LB) besiyeri içerisinde 72 saat 28 °C 'da inkübe edilmiştir. Bu deneyde triptofan içeriği hariç tüm işlemler iki gruba ortak olarak uygulanmıştır. İnkübasyonları biten izolatlar 6000 *g* de 30 dakika santrifüj edilmiş ve süpernatant kısımlarından 2 ml alınarak steril cam tüplere aktarılmıştır. Ardından her tüpe 2 damla o-fosforik asit ve 4 ml Salkowski çözeltisi (50 ml, %35'lik perklorik asit + 1 ml, 0.5 M FeCl₃ solüsyonu) eklenmiş ve 30 dakika karanlıkta inkübasyona bırakılmıştır. Bu inkübasyonun da bitmesinin ardından örnekler UV-Spektrofotometre cihazında 530 nm de kolorimetrik olarak ölçümleri yapılmıştır (Vaikuntapu *et al.* 2014).

Funguslarda IAA üretiminin incelenmesi

Deneylerde kullanılan izolatlar triptofanın IAA üretme işlemine etkisini de görebilmek amacıyla %0,1 triptofan içeren ve içermeyen Sabouraud Dextrose (SD) besiyeri içerisinde 72 saat 30 °C 'da inkübe edilmiştir. Bu deneyde triptofan içeriği hariç tüm işlemler iki gruba ortak olarak uygulanmıştır. İnkübasyonları biten izolatlar 6000 *g* de 30 dakika santrifüj edilmiş ve süpernatant kısımlarından 2 ml alınarak steril cam tüplere aktarılmıştır. Ardından her tüpe 2 damla o-fosforik asit ve 4 ml Salkowski çözeltisi (50 ml, %35'lik perklorik asit + 1 ml, 0.5 M FeCl₃ solüsyonu) eklenmiş ve 30 dakika karanlıkta inkübasyona bırakılmıştır. Bu inkübasyonun da bitmesinin ardından örnekler UV-Spektrofotometre cihazında 530 nm de kolorimetrik olarak ölçümleri yapılmıştır (Vaikuntapu *et al.* 2014).

3.2.2.4.ACC Deaminaz üretiminin belirlenmesi

O. vulgare bitkisinden izole edilen endofitik ve rizosferik suşların ACC Deaminaz etkinliğini ölçmek için Penrose ve Glick tarafından (2003) yılında geliştirilen asıl metodu temel alarak, Li ve arkadaşları tarafından (2011) yılında geliştirilmiş olan kolorimetrik ninhidrin-ACC assay metodu kullanılmıştır (Penrose and Glick 2003; Li *et al.* 2011).

Bu metoda göre LB besiyeri içerisinde izolatlar 24 saat, 28 °C, 150 rpm’de inkübe edilmiştir. İnkübasyonun sonunda her kültür 8000 g, 4 °C, 10 dakika santrifüjlenmiş ve süpernatant kısmı dökülerek kültürler tüp tabanına toplanmıştır. Hazırlanan DF medium ile doldurulan tüpler 8000 g, 4 °C, 10 dakika santrifüjlenerek kültürler besiyeri kalıntılarından arındırılmak için yıkanmış ve santrifüj sonunda süpernatant kısmı dökülmüştür. Bu işlem iki kere yapıldıktan sonra tüpler DF-ACC medium ile doldurularak 24 saat, 28 °C, 150 rpm’de tekrar inkübe edilmiştir. İnkübasyon sonunda kültürler tekrar 8000 g, 4 °C, 10 dakika santrifüjlenmiş ve bu defa süpernatant kısmından 100 µl pipetlenerek steril bir eppendorf tüpe aktarılmıştır. Üzerine 900 µl DF medium eklenerek seyreltilmiştir. Spektrofotometre çalışma solüsyonları aşağıda verilen adımlara göre yapılmıştır;

- 1 adet 2 ml tüp içerisinde 500 µl DF medium kör olarak kullanılmıştır.
- 1 adet 2 ml tüp içerisine 3 mM, 500 µl DF-ACC medium eklenmiştir.
- 9 adet 2 ml tüpe de 0,3 mM; 0,15 mM; 0,075 mM; 0,0375 mM; 0,018 mM; 0,009 mM; 0,004 mM; 0,002 mM; 0,001 mM DF-ACC medium seyreltilerek seri oluşturacak şekilde eklenmiştir.
- Kültürlerden ve çalışma solüsyonlarından 60 µl alınarak steril tüplere aktarılmıştır. Her tüpe 120 µl ninhidrin solüsyonu eklenmiş ve pipetaj yapılarak karışımları sağlanmıştır.
- 96’lık spektrofotometre küvetine 100 µl aktararak 30 dakika süre ile su banyosunda kaynayan suda inkübe edilmiştir. Bu sırada renk değişimi gerçekleşmektedir.

- Kaynayan suda inkübasyonun sonunda soğuması beklenen örnekler spektrofotometre cihazına bırakılarak 570 nm de ölçümleri yapılmıştır. Ölçüm öncesinde cihazdaki çalışma protokolünde 5 dakika çalkalama özelliği aktif edilerek örneklerin okuma öncesinde karıştırılması sağlanmıştır.

3.2.2.5. Siderofor üretiminin belirlenmesi

Bitkilerin topraktan almak zorunda oldukları demir gibi bazı elementler hem başka elementlerle bileşik oluşturarak bağlı durumda olduğundan hem de toprakta çoğunlukla az miktarda bulunduğundan bir rekabet unsurudur. Özellikle patojen bakteriler demir için bitkilerle sürekli bir rekabet içerisinde. Bitki gelişimini teşvik eden endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar bu rekabette bitkilere destek olarak öne geçmelerini sağlar. Bu yolla hem bitkiye ihtiyacı olan besini sağlayarak biyofertilizer olurlar hem de patojenlere karşı bitkiyi koruyarak biyoprotektan özellik gösterirler.

Mikroorganizmaların siderofor üretebilme yetenekleri Louden ve arkadaşları tarafından geliştirilen protokole göre CAS-assay metodu kullanılarak araştırılmıştır. CAS-assay metodunda kullanılan besiyeri hazırlanırken kullanılan mavi boya, üç farklı kimyasal karıştırıldığında mavi renge ulaşır. Bu mavi rengi oluşturan kimyasallardan birisi de $FeCl_3$ kısmıdır. Besiyerinde kullanılan başka hiçbir materyalde demir bulunmamaktadır. Ayrıca besiyeri hazırlanırken kullanılan cam malzemelerde kalabilecek demir kalıntıları da 6 M HCl ile temizlenmektedir. Mikroorganizmaların ürettiği siderofor, besiyerinin mavi boyasında bulunan demiri şelatlayıp boyadan ayırdığında bu boyanın rengi maviden sarı-turuncu arası bir renge dönüşür. Bu renk dönüşümü, besiyerinde gelişen mikroorganizma kolonilerinin etrafında sarı-turuncu renkli zonlar oluşmasına sebep olarak siderofor üretme yeteneğine sahip olan izolatları ayırt etmemize imkân sağlar (Louden *et al.* 2011).

İzolatların siderofor üretme yeteneğinin var olup olmadığını anlayabilmek için CAS agar hazırlanmış ve izolatlar bu besiyerinde, 28 °C de 7 gün inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon süresince takip edilen kolonilerin 3. günde zon çapı da ölçülmüş ve bu zon çaplarının boyutuna göre siderofor üretme yetenekleri sınıflandırılmıştır.

3.2.3. Mikroorganizmaların moleküler tanısı

3.2.3.1. DNA izolasyonu

Çalışmada kullanılan bakteriyel türlerin DNA izolasyonları aşağıda belirtilen yöntemle yapılmıştır.

- DNA'sı izole edilecek bakteriler Nutrient Agar (NA) besiyerine ekim yapılarak 28 °C 'ye ayarlanmış inkübatörde 24 saat inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon sonunda gelişen koloniler, 2 ml eppendorf tüp içerisinde bulunan LB Broth besiyerlerine aktarılmış ve 28 °C'de, 24 saat inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon sonunda tüpler 6000 g'de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
- Süpernatant kısmı atılmış ve mikroorganizmalardan besiyerinin uzaklaştırılması amacıyla steril su ile iki kere yıkanmıştır.
- Bu yıkama işleminde pelet kısmına 2 ml steril su eklenmiş ve vortekslenerek iyice karışması sağlanmıştır.
- Bu işlem sonrasında 6000 g'de 10 dakika santrifüj edilmiş, süpernatant dökülmüş ve steril su ile tekrar doldurulan tüplere aynı işlemler tekrar uygulanmıştır.
- Santrifüj bittikten sonra süpernatant dökülmüş ve bakteriler tüpün tabanında pelet halde toplanmıştır.

- Bu pelet üzerine 200 µl lizis tamponu eklenmiş ve 37 °C’de 30 dakika inkübe edilerek hücre duvarlarının parçalanması ve hücre içeriğinin serbest hale gelmesi sağlanmıştır.
- Bu işlem sonrasında örnekler, DNeasy Blood & Tissue QIAcube Kit kullanılarak QIAcube otomatik izolasyon cihazında, kit protokolüne uygun şekilde DNA izolasyonları yapılmıştır.

Çalışmada kullanılan fungal türlerin DNA izolasyonları aşağıda belirtilen yöntemle yapılmıştır.

- DNA’sı izole edilecek funguslar Potato Dextrose Agar (PDA) besiyerine ekim yapılarak 25 °C ’ye ayarlanmış inkübatörde 72 saat inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon sonunda gelişen koloniler, 2 ml eppendorf tüp içerisinde bulunan SD Broth besiyerlerine aktarılmış ve 25 °C’de, 24 saat inkübasyona bırakılmıştır.
- İnkübasyon sonunda tüpler 6000 g’de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
- Süpernatant kısmı atılmış ve funguslardan besiyerinin uzaklaştırılması amacıyla steril su ile iki kere yıkanmıştır.
- Bu yıkama işleminde pelet kısmına 2 ml steril su eklenmiş ve vortekslenerek iyice karışması sağlanmıştır.
- Bu işlem sonrasında 6000 g’de 10 dakika santrifüj edilmiş, süpernatant dökülmüş ve steril su ile tekrar doldurulan tüplere aynı işlemler tekrar uygulanmıştır.
- Santrifüj bittikten sonra süpernatant dökülmüş ve funguslar tüpün tabanında pelet halde toplanmıştır.
- Bu pelet üzerine 200 µl lizis tamponu eklenmiş ve 37 °C’de 30 dakika inkübe edilerek hücre duvarlarının parçalanması ve hücre içeriğinin serbest hale gelmesi sağlanmıştır.
- Bu işlem sonrasında örnekler, DNeasy Blood & Tissue QIAcube Kit kullanılarak QIAcube otomatik izolasyon cihazında, kit protokolüne uygun şekilde DNA izolasyonları yapılmıştır.

3.2.3.2. Bakteriyel izolatların 16S rRNA PCR'ı

Test izolatlarından izole edilen genomik DNA'ların bakteri tanılaması ve sistematığı için önemli olan 16S rRNA bölgeleri, 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') ve 1492R (5'-GGTTACCTTGTACGACTT-3') evrensel primerleri kullanılarak *in vitro* koşullarda PCR ile çoğaltılmıştır.

Reaksiyonun hazırlanması

PCR reaksiyonu için öncelikle master mix hazırlanmalıdır. Aşağıda verilen tabloda 1 örnek için master mix hazırlanması açıklanmıştır. Pipetleme sırasında oluşabilecek sorunları hesaba katarak master mix hazırlanırken örnek sayısından bir miktar fazla hazırlanmalıdır.

<u>İçerik</u>	<u>1 örnek için</u>
10X PCR buffer with MgCl ₂	2 µl
dNTP	0,4 µl
Taq DNA polimeraz	0,3 µl
Primer (27F)	0,1 µl
Primer (1492R)	0,1 µl
Steril Su	15,1 µl

Master mix hazırlandıktan sonra her PCR tüpüne 18 µl master mix ve izole edilen DNA'dan 2 µl eklenir. Test örnekleri hazırlandıktan sonra DNA içermeyen bir

negatif kontrol hazırlanmıştır. Negatif kontrol için 18 µl master mix 2 µl de steril su kullanılmıştır. Her PCR tüpü için toplam hacim 20 µl yapılarak thermal cycler cihazında çalışma başlatılmıştır.

3.2.3.3.Fungal izolatların ITS PCR protokolü

Test izolatlarından izole edilen genomik DNA'ların fungus tanılması ve sistematığı için önemli olan ITS bölgeleri, ITS1 forward primeri (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3') ve ITS4 reverse primeri (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') evrensel primerleri kullanılarak *in vitro* koşullarda PCR ile çoğaltılmıştır.

Reaksiyonun hazırlanması

PCR reaksiyonu için öncelikle master mix hazırlanmalıdır. Aşağıda verilen tabloda 1 örnek için master mix hazırlanması açıklanmıştır. Pipetleme sırasında oluşabilecek sorunları hesaba katarak master mix hazırlanırken örnek sayısından bir miktar fazla hazırlanmalıdır.

<u>İçerik</u>	<u>1 örnek için</u>
10X Expand High Fidelity Buffer	2,5 µl
DMSO	1 µl
MgCl ₂	1,5 µl
dNTP	0,5 µl
Taq DNA polimeraz	0,5 µl

Primer (F)	0,25 µl
Primer (R)	0,25 µl
Steril Su	17,25 µl

Master mix hazırlandıktan sonra her PCR tüpüne 23,75 µl master mix ve izole edilen DNA'dan 1,25 µl eklenir. Test örnekleri hazırlandıktan sonra DNA içermeyen bir negatif kontrol hazırlanmıştır. Negatif kontrol için 23,75 µl master mix 1,25 µl de steril su kullanılmıştır. Her PCR tüpü için toplam hacim 25 µl yapılarak thermal cycler cihazında çalışma başlatılmıştır.

ITS PCR programı

PCR için hazırlanan örnekler, 94°C'de 3 dakika denatürasyon, bunu takiben 40 döngü olacak şekilde 94°C'de 1 dakika denatürasyon, 55 °C'de 1 dakika bağlanma, 72°C'de 1,5 dakika uzama basamakları ve 72 °C'de 7 dakika son uzama basamağından oluşacak şekilde programlanan PCR thermal cycler (termal döngü) cihazına yerleştirilmiştir. Seçilen programda hedef bölgelerin amplifikasyonu yapılmıştır.

3.2.3.4.DNA jel elektroforezi

16S rRNA ve ITS kısmı gen bölgelerinin PCR ile çoğaltılması sonrasında DNA kalitesi ve temizliğinin görülebilmesi için jel elektroforezi yapılmıştır.

- 10X TBE Tamponu seyreltilerek 1X TBE Tamponu hazırlanmıştır.
- Hazırlanan 1X TBE Tamponundan 80 ml bir erlen içersine aktarılmış üzerine %1,5 olacak şekilde 1,2 g Agaroz eklenmiştir.

- Karışım mikrodalga fırın içerisinde kaynamaya bırakılmış, kaynama başladığında çıkartılıp çözelti köpürtülmeden yavaşça çalkalanmış tekrar mikrodalga fırına bırakılarak kısa bir süre daha kaynaması sağlanmıştır.
- Kaynama sonrasında mikrodalga fırından çıkartılan çözeltinin bir miktar soğuması beklenmiştir.
- Donmayacak kadar soğutulan çözelti içerisinde her 10 ml çözelti için 1 µl olacak şekilde toplam 80 ml çözelti için 8 µl Ethidium bromide eklenmiş kabarcık oluşturmayacak şekilde nazikçe çalkalanarak karıştırılmıştır.
- Karışım 30 kuyucuklu tarak takılmış jel tepsisine dökülerek soğutulmuş ve agaroz jel hazırlanmıştır.
- Hazırlanan agaroz jelin her kuyucuğu için 5 µl DNA ve 1 µl 6X yükleme tamponu karıştırılmış ve nazik şekilde kuyucuklara pipetlenmiştir.
- Hazırlanan jel 90 V'da 45 dakika yürütülmüştür.
- Yürütme işlemi bittikten sonra görüntüleme sistemine aktarılan jelde kuyucukların değerlendirmesi yapılmış ve sekans analizine gönderilecek DNA'lar belirlenmiştir.

3.2.3.5. Sekans analizi

PCR ürünleri, temizliği ve kalitesi açısından kontrol edildikten sonra dizileme için BM LABOSİS (Ankara / TÜRKİYE) firmasına gönderilmiştir. PCR ürünleri MAGBIO "HighPrep™ PCR Clean-up System" (AC-60005) saflaştırma kiti ile saflaştırılmıştır. Dizileme için, ABI 3730XL Sanger dizileme cihazı (Applied Biosystems, Foster City, CA) ve BigDye Terminator v3.1 Cycle Dizileme Kiti kullanılmıştır (Applied Biosystems, Foster City, CA).

Elde edilen okumalardan konsensus dizi oluşturmak için BioEdit CAP contig assembly algoritması kullanılmıştır. Ardından konsensus diziler National Center for

Biotechnology Information (NCBI) veri tabanı üzerinden kullanılan BLAST (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>) yazılımı ile analiz edilmiş ve korunmuş rRNA bölgelerine göre tanı sonuçlarına ulaşılmıştır. Son aşamada sekans verileri gen bankasına yüklenmiştir.



DÖRDÜNCÜ BÖLÜM

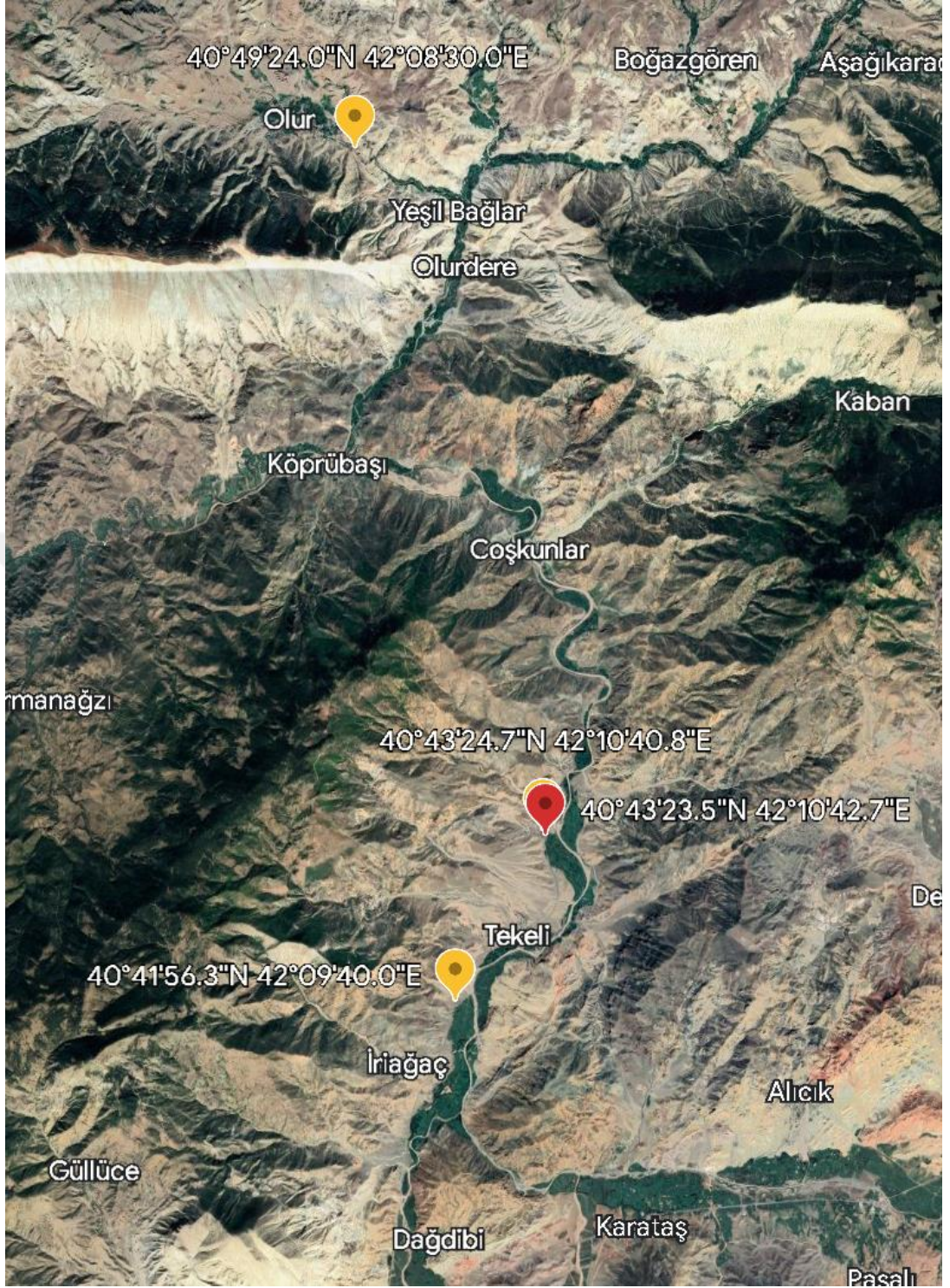
4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1. Bitki Örneklerinin Alınması ve Mikroorganizmaların İzolasyonu

Erzurum ili ve çevresinde yer alan 4 alan belirlenmiştir. Bu alanlarda yapılan arazi çalışması sonucunda her alanda birbirinden 10-20 m uzaklıkta 3 bitki kökleriyle birlikte toplanmış ve steril numune torbasına koyularak laboratuvara getirilmiştir. Laboratuvara getirilen bu bitkilerden koloni karakteristikleri göz önünde bulundurularak 90 bakteri ve 47 fungus izole edilmiştir. Bitki örneklemelerinin yapıldığı yerlerin konum bilgileri Çizelge 4.1’de özetlenmiştir. Arazi çalışmasında *O. vulgare* örneklemelerinin yapıldığı konumlara ait harita Şekil 4.1’de verilmiştir.

Çizelge 4. 1. Arazi çalışmasının yapıldığı konum bilgileri

No	Yer Adı	Konum
1	Erzurum-Ardahan Yolu D060	40°41’56.3" Kuzey 42°09’40.0" Doğu
2	Kaledibi Köyü Kırsalı	40°43’23.5" Kuzey 42°10’42.7" Doğu
3	Kaledibi Köyü Tarla	40°43’24.7" Kuzey 42°10’40.8" Doğu
4	Olur-Yeşilbağlar Yolu	40°49’24.0" Kuzey 42°08’30.0" Doğu



Şekil 4. 1. Arazi çalışmasında *O. vulgare* L. ssp. *vulgare* örnekleme yapılan konumlar

4.2. Bitki Gelişimini Teşvik Edici Özelliklerin Belirlenmesi

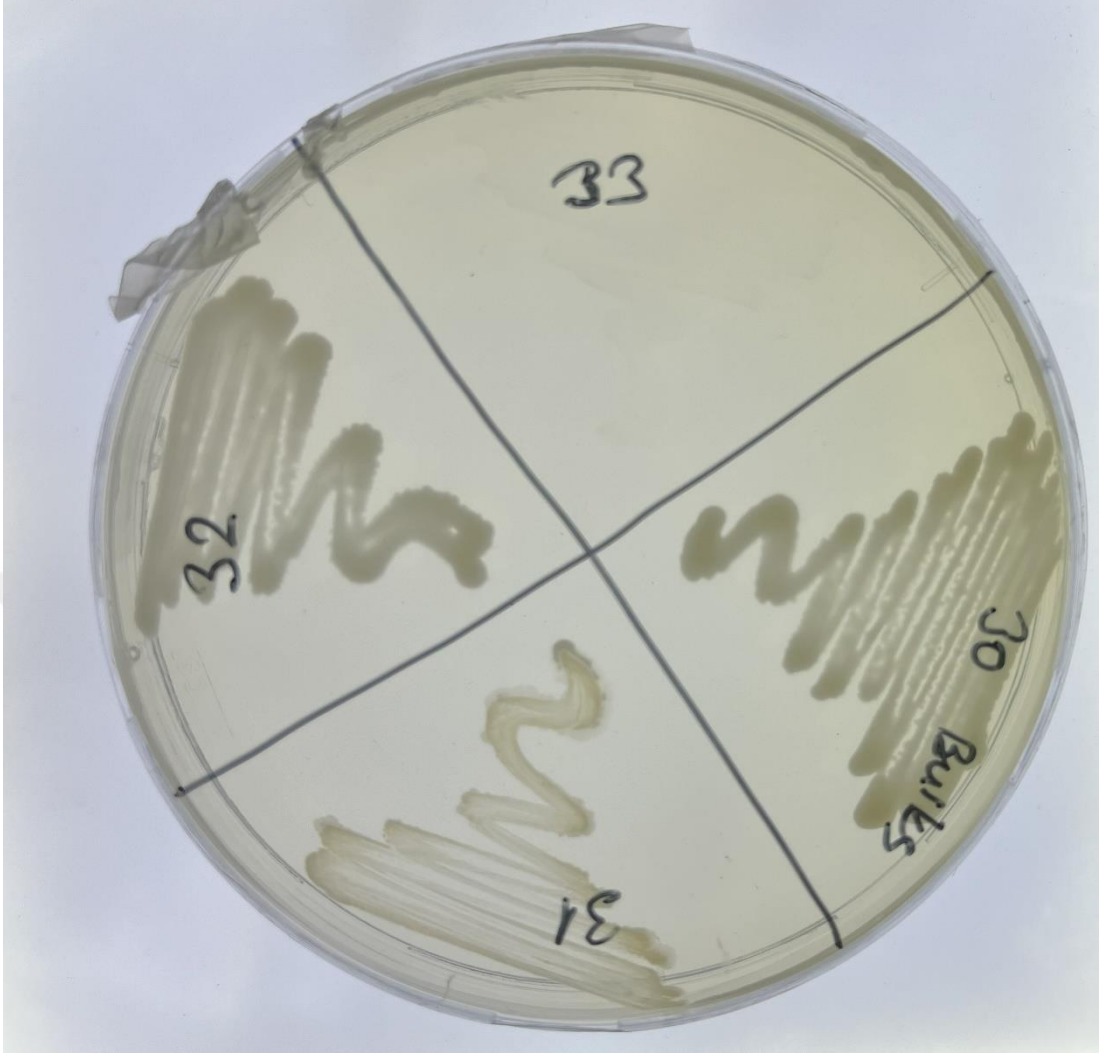
4.2.1. Azot fiksasyonu

Çalışmamızda elde edilen 90 bakteri izolatından azot fiksasyonu yeteneğini test eden konvansiyonel deneylerde alınan sonuçlar Çizelge 4.2’de özetlenmiştir. Bakteriler azot içermeyen bir besiyeri olan Burks besiyerinde gelişip gelişmemelerine göre değerlendirilmiş olup, çizelgede; (+++) Çok iyi etkinlik, (++) İyi etkinlik, (+) Az etkinlik ve (-) azot fikse etme yeteneği yok şeklinde sınıflandırılmıştır.

Çizelge 4. 2. Test bakterilerinin azot fiksasyonu potansiyellerinin belirlenmesi

No	Azot Fiksasyonu	No	Azot Fiksasyonu	No	Azot Fiksasyonu	No	Azot Fiksasyonu	No	Azot Fiksasyonu
1	+++	21	+++	41	++	61	+++	81	+++
2	++	22	+++	42	++	62	++	82	-
3	+	23	++	43	++	63	++	83	+++
4	++	24	+	44	+	64	+++	84	+++
5	+++	25	+++	45	++	65	-	85	+++
6	+++	26	+++	46	++	66	++	86	+++
7	-	27	++	47	++	67	+	87	+++
8	++	28	+	48	++	68	++	88	-
9	-	29	++	49	+	69	+++	89	-
10	++	30	+++	50	++	70	++	90	+
11	+++	31	++	51	+++	71	+		
12	++	32	++	52	+++	72	+++		
13	++	33	-	53	++	73	+++		
14	-	34	+	54	+++	74	+++		
15	+++	35	++	55	+++	75	++		
16	+++	36	++	56	++	76	+++		
17	++	37	++	57	++	77	++		
18	++	38	+++	58	+++	78	+		
19	+++	39	++	59	+++	79	+++		
20	+++	40	+	60	++	80	-		

Bakterilerin deneysel gözlemlerine ait örnek görüntüler Şekil 4.2’de verilmiştir.



Şekil 4. 2. Azot fiksasyonu yapan ve yapamayan bakterilerin Burks besiyeri üzerindeki gelişim durumlarının gösterilmesi [30, 31, 32 nolu bakteriler (+), 33 nolu bakteri (-)]

4.2.2. Fosfat çözme

Çalışmamızda elde edilen 90 bakteri izolatu ve 47 fungus izolatının fosfatlı bileşikler çözme yeteneklerini konvansiyonel yöntemle doğrulanması amacıyla Pikovskaya besiyerinde geliştirilmiştir. Fosfatlı bileşikler çözebilen izolatlar besiyeri üzerinde berrak zonlar oluşturmuştur ve bu zonların genişliklerine göre fosfat çözme etkinlikleri; (+++) Çok iyi etkinlik, (++) İyi etkinlik, (+) Az etkinlik ve (-) Fosfat çözme yeteneği yok şeklinde sınıflandırılmıştır. Bakteriler Çizelge 4.3'te, funguslar ise Çizelge 4.4'te özetlenmiştir.

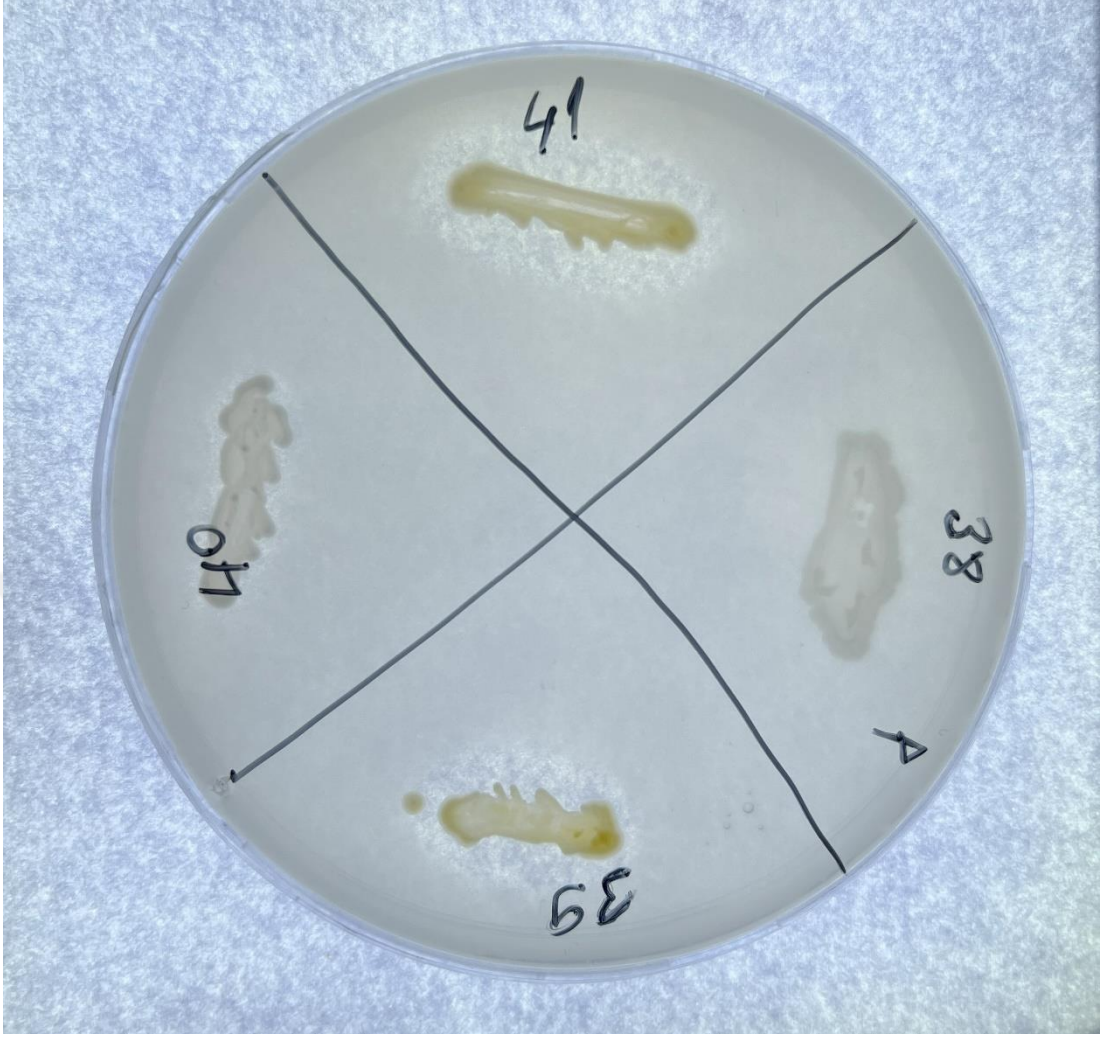
Çizelge 4. 3. Test bakterilerinin fosfatlı bileşikler çözme etkinliklerinin belirlenmesi

No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme
1	-	21	++	41	+++	61	+++	81	++
2	-	22	-	42	+	62	+	82	-
3	-	23	++	43	+	63	+++	83	-
4	-	24	++	44	-	64	-	84	-
5	++	25	-	45	+++	65	-	85	+
6	++	26	+	46	+	66	-	86	+
7	-	27	++	47	+	67	+	87	+
8	-	28	+	48	+	68	++	88	++
9	-	29	+	49	-	69	-	89	-
10	++	30	+	50	+++	70	++	90	-
11	+	31	+	51	-	71	-		
12	-	32	+	52	-	72	+		
13	+	33	+	53	+++	73	+++		
14	-	34	+	54	-	74	++		
15	-	35	+++	55	-	75	-		
16	-	36	+++	56	-	76	++		
17	-	37	+++	57	++	77	++		
18	++	38	-	58	-	78	-		
19	++	39	++	59	-	79	-		
20	-	40	++	60	++	80	-		

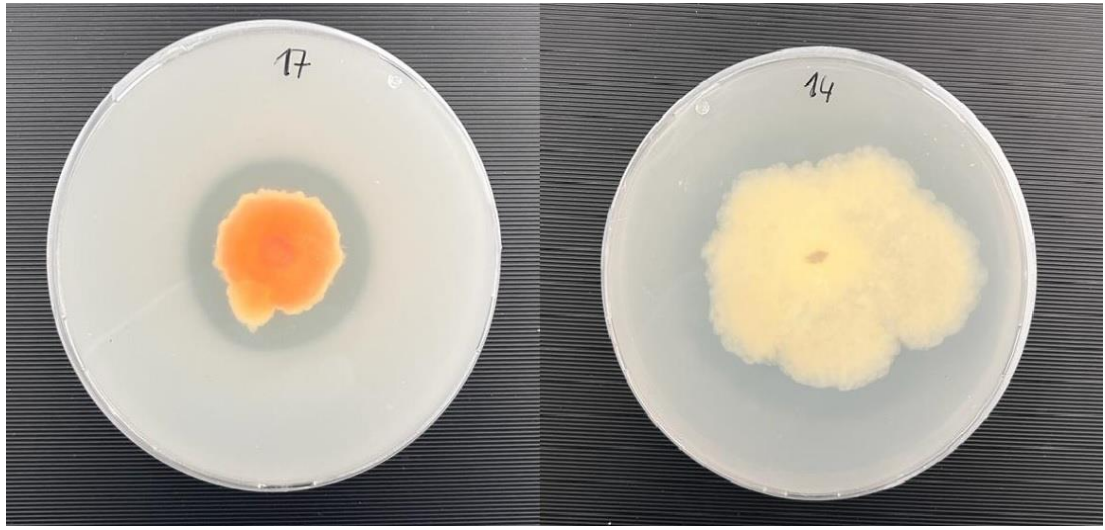
Çizelge 4. 4. Test funguslarının fosfatlı bileşikleri çözme etkinliklerinin belirlenmesi

No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme	No	Fosfat Çözme
1	-	11	-	21	-	31	-	41	+
2	-	12	-	22	-	32	+	42	++
3	+	13	+	23	+	33	++	43	-
4	-	14	+	24	-	34	-	44	+
5	-	15	-	25	-	35	-	45	-
6	++	16	-	26	-	36	-	46	-
7	+++	17	+++	27	-	37	-	47	-
8	-	18	-	28	-	38	-		
9	+++	19	++	29	++	39	-		
10	-	20	-	30	-	40	++		

Bakterilerin ve fungusların deneysel gözlemlerine ait örnek görüntüler Şekil 4.3 ve Şekil 4.4'te verilmiştir.



Şekil 4. 3.Fosfat çözebilen ve çözemeyen bakterilerin Pikovskaya besiyeri üzerinde berrak zon oluşumlarının gösterilmesi [38 nolu bakteri (-), 39 ve 40 nolu bakteriler (++) , 41 nolu bakteri (+++)]



Şekil 4. 4. Fosfat çözebilen ve çözemeyen fungusların Pikovskaya besiyeri üzerinde berrak zon oluşumlarının gösterilmesi [Solda 17 nolu fungus (+++), sağda 14 nolu fungus (-)]

4.2.3. IAA üretimi

Çalışmamızda elde edilen 90 bakteri, 47 fungus izolatının IAA üretebilen ve üretemeyen izolatları tespit edebilmek amacıyla yapılan konvansiyonel testlerin sonuçları; bakteriler için Çizelge 4.5'te, funguslar için Çizelge 4.6'da özetlenmiştir. İzolatlara testlerin uygulanmasında L-triptofan içeren (T+) ve içermeyen (T-) besiyerleri kullanılmış ve testler 20'li gruplar halinde uygulanmıştır. Her grupta bakteri inokülasyonu yapılmamış bir negatif kontrol bulunmaktadır. Spektrofotometre ölçümlerinde alınan sonuçlar bu negatif kontrole göre; (+++) Çok iyi etkinlik, (++) İyi etkinlik, (+) Az etkinlik ve (-) IAA üretme yeteneği yok şeklinde sınıflandırılmıştır.

Çizelge 4. 5. Test bakterilerinin IAA üretebilme yeteneklerinin belirlenmesi

No	IAA T(+)			IAA T(-)		
	Kontrol	Örnek	Etkinlik	Kontrol	Örnek	Etkinlik
1	0,0711	0,4074	+++	0,0574	0,1014	++
2	0,0711	0,6139	+++	0,0574	0,1247	++
3	0,0711	0,6685	+++	0,0574	0,1103	++
4	0,0711	0,4599	+++	0,0574	0,1097	++
5	0,0711	0,2278	++	0,0574	0,0939	+
6	0,0711	0,2337	++	0,0574	0,0905	+
7	0,0711	0,2938	++	0,0574	0,0969	+
8	0,0711	0,1082	+	0,0574	0,0714	+
9	0,0711	0,1010	+	0,0574	0,0715	+
10	0,0711	0,2461	++	0,0574	0,0988	+
11	0,0711	0,2002	++	0,0574	0,0931	+
12	0,0711	0,6094	+++	0,0574	0,1152	++

Çizelge 4. 5. Devam. Test bakterilerinin IAA üretebilme yeteneklerinin belirlenmesi

13	0,0711	0,2565	++	0,0574	0,0946	+
14	0,0711	0,1014	+	0,0574	0,0794	+
15	0,0711	0,5591	+++	0,0574	0,1090	++
16	0,0711	0,0944	+	0,0574	0,0715	+
17	0,0711	0,1115	+	0,0574	0,0818	+
18	0,0711	0,2278	++	0,0574	0,1154	++
19	0,0711	0,1687	+	0,0574	0,0901	+
20	0,0711	0,0954	+	0,0574	0,0837	+
21	0,0786	0,2321	+++	0,0682	0,1702	++
22	0,0786	0,1015	+	0,0682	0,0888	+
23	0,0786	0,2965	+++	0,0682	0,1352	++
24	0,0786	0,2553	+++	0,0682	0,1384	++
25	0,0786	0,0778	-	0,0682	0,0564	-
26	0,0786	0,1479	++	0,0682	0,0839	+
27	0,0786	0,1516	++	0,0682	0,0888	+
28	0,0786	0,1470	++	0,0682	0,0876	+
29	0,0786	0,1512	++	0,0682	0,0946	+
30	0,0786	0,0998	+	0,0682	0,0884	+
31	0,0786	0,1084	+	0,0682	0,0815	+
32	0,0786	0,1128	+	0,0682	0,0874	+
33	0,0786	0,0982	+	0,0682	0,0828	-
34	0,0786	0,0951	+	0,0682	0,0800	-
35	0,0786	0,1740	+++	0,0682	0,0869	+
36	0,0786	0,1755	+++	0,0682	0,0936	+
37	0,0786	0,1857	+++	0,0682	0,0823	+
38	0,0786	0,0985	+	0,0682	0,0852	+
39	0,0786	0,1893	+++	0,0682	0,0875	+
40	0,0786	0,1521	+++	0,0682	0,0861	+
41	0,0824	0,1903	+++	0,0752	0,0966	+
42	0,0824	0,1918	+++	0,0752	0,1015	+
43	0,0824	0,1968	+++	0,0752	0,0955	+
44	0,0824	0,0804	-	0,0752	0,0705	-
45	0,0824	0,1798	++	0,0752	0,0952	+
46	0,0824	0,1848	++	0,0752	0,0929	+
47	0,0824	0,1798	++	0,0752	0,0952	+
48	0,0824	0,1735	++	0,0752	0,0933	+
49	0,0824	0,1042	+	0,0752	0,0981	+
50	0,0824	0,1701	++	0,0752	0,0917	+
51	0,0824	0,1089	+	0,0752	0,0925	+
52	0,0824	0,1226	+	0,0752	0,0923	+
53	0,0824	0,1686	++	0,0752	0,0929	+
54	0,0824	0,0819	-	0,0752	0,0903	-
55	0,0824	0,0940	+	0,0752	0,0903	-
56	0,0824	0,1858	+++	0,0752	0,1011	+
57	0,0824	0,1831	+++	0,0752	0,0980	+
58	0,0824	0,1041	+	0,0752	0,0967	+
59	0,0824	0,0963	+	0,0752	0,0900	+
60	0,0824	0,1818	+++	0,0752	0,0995	+

Çizelge 4. 5. Devam. Test bakterilerinin IAA üretebilme yeteneklerinin belirlenmesi

61	0,0755	0,1355	++	0,0687	0,0968	+
62	0,0755	0,1733	+++	0,0687	0,0986	+
63	0,0755	0,1714	+++	0,0687	0,0950	+
64	0,0755	0,1691	+++	0,0687	0,1019	+
65	0,0755	0,0968	+	0,0687	0,0975	+
66	0,0755	0,0943	+	0,0687	0,0942	+
67	0,0755	0,0954	+	0,0687	0,0939	+
68	0,0755	0,1244	++	0,0687	0,0927	+
69	0,0755	0,1472	++	0,0687	0,0917	+
70	0,0755	0,1129	++	0,0687	0,0945	+
71	0,0755	0,0956	+	0,0687	0,0971	+
72	0,0755	0,0938	+	0,0687	0,0903	+
73	0,0755	0,1653	+++	0,0687	0,0914	+
74	0,0755	0,1532	++	0,0687	0,0902	+
75	0,0755	0,0907	+	0,0687	0,0923	+
76	0,0755	0,1642	+++	0,0687	0,0970	+
77	0,0755	0,1079	+	0,0687	0,0996	+
78	0,0755	0,0976	+	0,0687	0,0929	+
79	0,0755	0,1267	+	0,0687	0,0999	+
80	0,0755	0,0950	+	0,0687	0,0665	-
81	0,0799	0,1802	+++	0,0630	0,0971	+
82	0,0799	0,0911	+	0,0630	0,0981	+
83	0,0799	0,1349	++	0,0630	0,0909	+
84	0,0799	0,0969	+	0,0630	0,0927	+
85	0,0799	0,2002	+++	0,0630	0,0900	+
86	0,0799	0,1791	+++	0,0630	0,0954	+
87	0,0799	0,1719	++	0,0630	0,0917	+
88	0,0799	0,0919	+	0,0630	0,0863	+
89	0,0799	0,1100	++	0,0630	0,0824	+
90	0,0799	0,0922	+	0,0630	0,0880	+

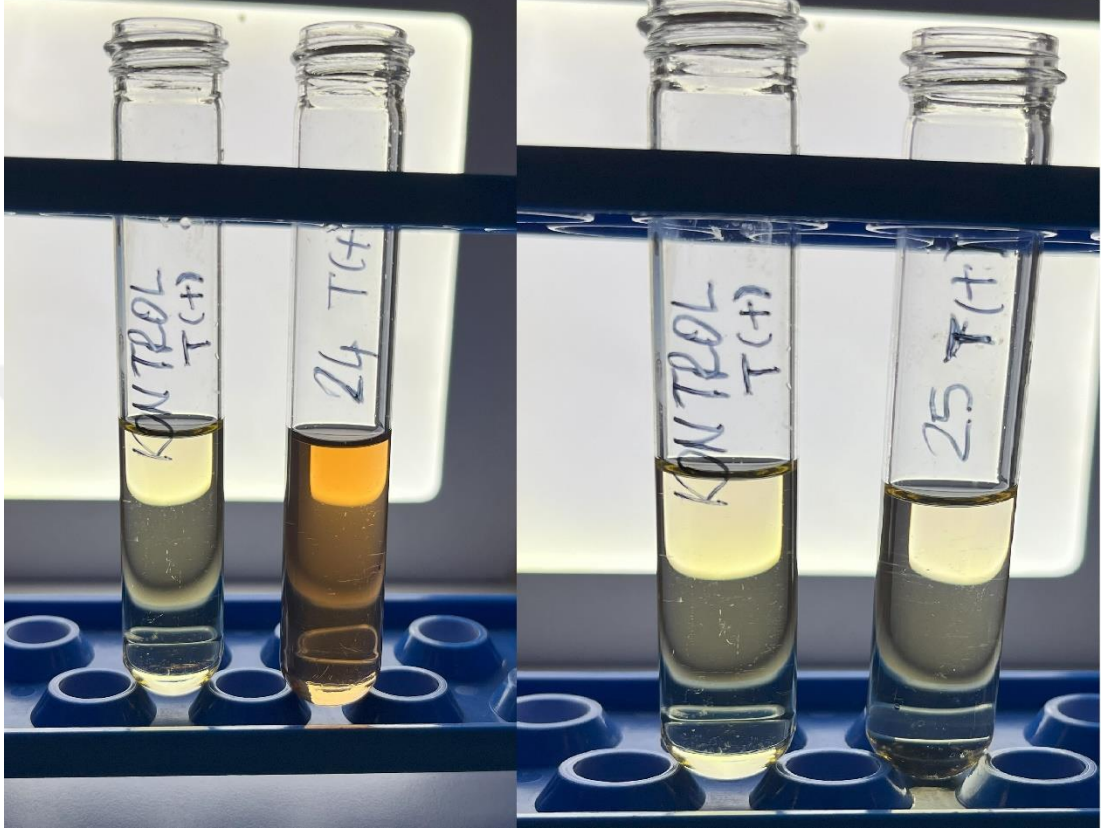
Çizelge 4. 6. Test funguslarının IAA üretebilme yeteneklerinin belirlenmesi

No	IAA T(+)			IAA T(-)		
	Kontrol	Örnek	Etkinlik	Kontrol	Örnek	Etkinlik
1	0,0817	0,0778	-	0,0660	0,0653	-
2	0,0817	0,0973	+	0,0660	0,0863	+
3	0,0817	0,0935	+	0,0660	0,0655	-
4	0,0817	0,0938	+	0,0660	0,0863	+
5	0,0817	0,0734	-	0,0660	0,0654	-
6	0,0817	0,0778	-	0,0660	0,0655	-
7	0,0817	0,0757	-	0,0660	0,0658	-
8	0,0817	0,0791	-	0,0660	0,0656	-
9	0,0817	0,0745	-	0,0660	0,0654	-

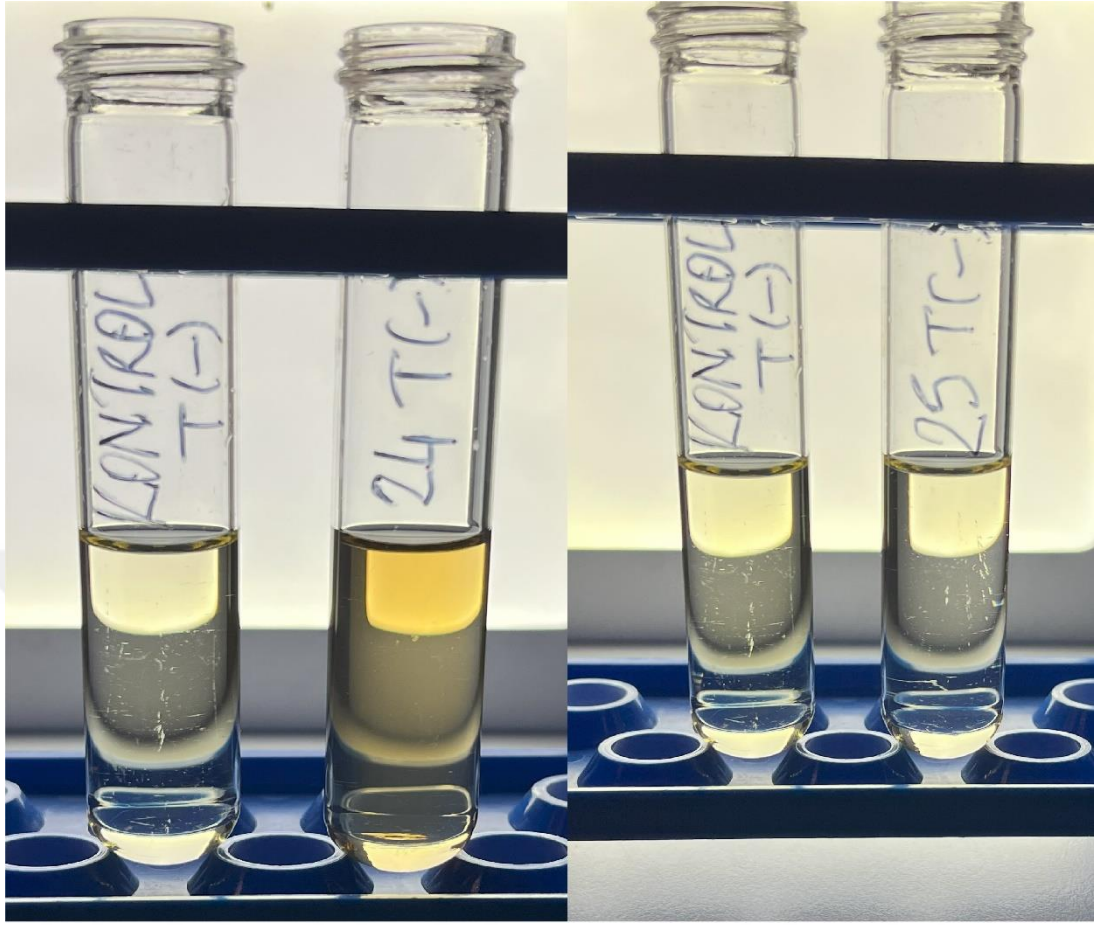
Çizelge 4. 6. Devam. Test funguslarının IAA üretebilme yeteneklerinin belirlenmesi

10	0,0817	0,0811	-	0,0660	0,0645	-
11	0,0817	0,0765	-	0,0660	0,0647	-
12	0,0817	0,0942	+	0,0660	0,0864	+
13	0,0817	0,0771	-	0,0660	0,0659	-
14	0,0817	0,0755	-	0,0660	0,0649	-
15	0,0817	0,0925	+	0,0660	0,0867	+
16	0,0838	0,0832	-	0,0665	0,0660	-
17	0,0838	0,1050	++	0,0665	0,0910	+
18	0,0838	0,1377	+++	0,0665	0,0935	+
19	0,0838	0,0811	-	0,0665	0,0656	-
20	0,0838	0,0830	-	0,0665	0,0662	-
21	0,0838	0,0835	-	0,0665	0,0662	-
22	0,0838	0,0833	-	0,0665	0,0661	-
23	0,0838	0,0946	+	0,0665	0,0931	+
24	0,0838	0,0940	+	0,0665	0,0996	+
25	0,0838	0,1038	++	0,0665	0,0992	+
26	0,0838	0,0955	+	0,0665	0,0657	-
27	0,0838	0,0812	-	0,0665	0,0660	-
28	0,0838	0,0998	+	0,0665	0,0657	-
29	0,0838	0,1311	+++	0,0665	0,0922	+
30	0,0838	0,0837	-	0,0665	0,0663	-
31	0,0838	0,1289	+++	0,0665	0,0912	+
32	0,0838	0,0834	-	0,0665	0,0650	-
33	0,0838	0,1046	++	0,0665	0,0906	+
34	0,0838	0,0820	-	0,0665	0,0661	-
35	0,0838	0,0836	-	0,0665	0,0659	-
36	0,0838	0,1333	+++	0,0665	0,0922	+
37	0,0838	0,0979	+	0,0665	0,0972	+
38	0,0838	0,0917	+	0,0665	0,0650	-
39	0,0838	0,0909	+	0,0665	0,0663	-
40	0,0838	0,0906	+	0,0665	0,0911	+
41	0,0838	0,0966	+	0,0665	0,0662	-
42	0,0838	0,1012	++	0,0665	0,0923	+
43	0,0838	0,0827	-	0,0665	0,0662	-
44	0,0838	0,0911	+	0,0665	0,0971	+
45	0,0838	0,0943	+	0,0665	0,0968	+
46	0,0838	0,0979	+	0,0665	0,0995	+
47	0,0838	0,0949	+	0,0665	0,0968	+

Bakterilerin ve fungusların deneysel gözlemlerine ait örnek görüntüler Şekil 4.5, Şekil 4.6, Şekil 4.7’de verilmiştir.



Şekil 4. 5. L-triptofan içeren besiyerinde gelişen test bakterilerinin IAA üretimi potansiyellerinin kolorimetrik testle incelenmesi [solda 24 nolu bakteri (+++), sağda 25 nolu bakteri (-)]



Şekil 4. 6. L-triptofan içermeyen besiyerinde gelişen test bakterilerinin IAA üretimi potansiyellerinin kolorimetrik testle incelenmesi [solda 24 nolu bakteri (++), sağda 25 nolu bakteri (-)]



Şekil 4. 7. L-triptofan içeren ve içermeyen besiyerinde gelişen test funguslarının IAA üretimi potansiyellerinin kolorimetrik testle incelenmesi

Bakterilerin seçilmesi

Bakterilerle azot fiksasyonu, fosfat çözebilme ve IAA üretebilme çalışmaları yapıldıktan sonra, bu testlerin sonuçlarına göre en yüksek özellik gösteren 24 bakteri izolatu seçilmiş ve kalan çalışmalara bu izolatlar ile devam edilmiştir. Seçilen bakteriler Çizelge 4.7’de gösterilmiştir.

Çizelge 4.7. Testlerin sonuçlarına göre seçilen bakteri izolatları

No	Seçilen Bakterilerin Eski Sıra Numaraları
1	5
2	6
3	10
4	11
5	13
6	18
7	19

Çizelge 4. 7. Devam. Testlerin sonuçlarına göre seçilen bakteri izolatları

8	23
9	24
10	35
11	36
12	37
13	39
14	41
15	45
16	50
17	53
18	57
19	60
20	61
21	68
22	73
23	76
24	81

4.2.4. Siderofor üretimi

Çizelge 4.7’de özetlenen 24 bakteri izolatı ve 47 fungus izolatının siderofor üretebilme yeteneklerini konvansiyonel yöntemle doğrulanması amacıyla Chrome Azurol S (CAS) Agar besiyerinde geliştirilmiştir. Siderofor üretebilen izolatlar mavi renkli besiyeri üzerinde sarı-turuncu zonlar oluşturmuştur ve bu zonların genişliklerine göre siderofor üretme etkinlikleri; (+++) Çok iyi etkinlik, (++) İyi etkinlik, (+) Az etkinlik ve (-) Siderofor üretme yeteneği yok şeklinde sınıflandırılmıştır. Bakteriler Çizelge 4.8’de, funguslar ise Çizelge 4.9’da özetlenmiştir.

Çizelge 4. 8. Test bakterilerinin Siderofor üretme etkinliklerinin belirlenmesi

No	Siderofor Üretimi	No	Siderofor Üretimi
1	+++	13	+++
2	++	14	+++
3	+++	15	+++
4	+	16	+++

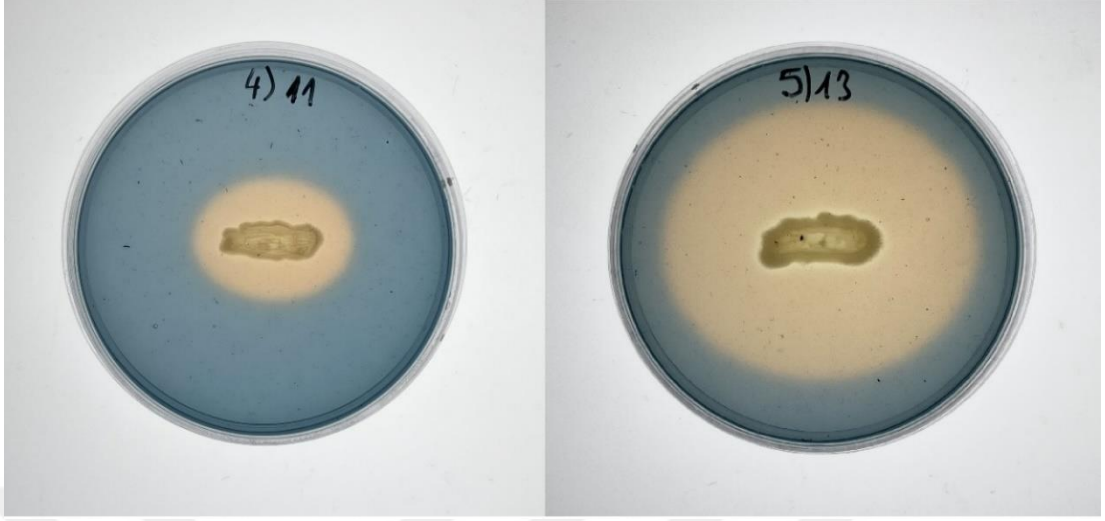
Çizelge 4. 8. Devam. Test bakterilerinin Siderofor üretme etkinliklerinin belirlenmesi

5	+++	17	+++
6	+++	18	++
7	+++	19	++
8	+++	20	+++
9	+++	21	+++
10	+++	22	+++
11	+++	23	+++
12	+++	24	++

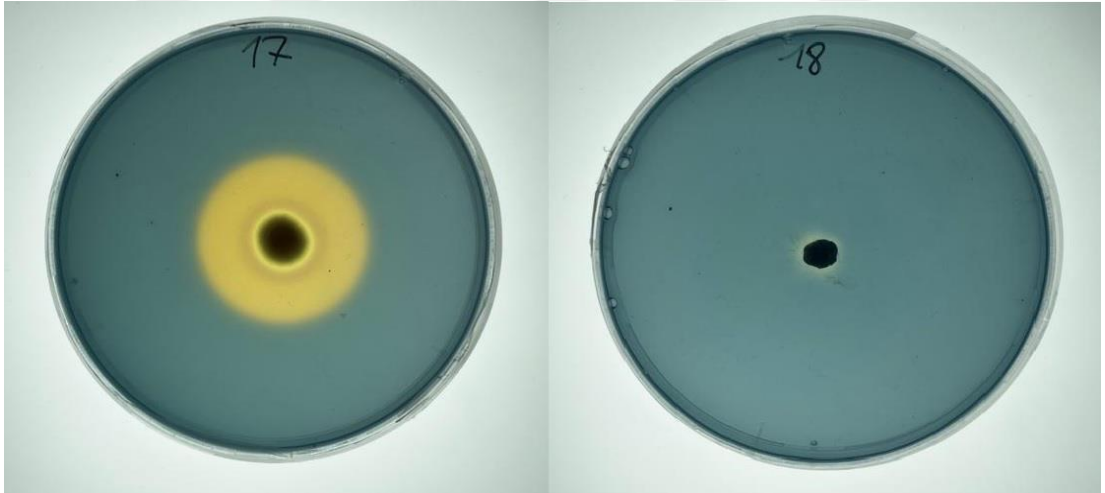
Çizelge 4. 9. Test funguslarının Siderofor üretme etkinliklerinin belirlenmesi

No	Siderofor Üretimi	No	Siderofor Üretimi	No	Siderofor Üretimi
1	++	17	+++	33	+++
2	+	18	-	34	+
3	+	19	+++	35	-
4	+	20	+	36	+
5	-	21	+	37	+
6	+++	22	-	38	-
7	+++	23	+++	39	-
8	++	24	+	40	+++
9	+++	25	+++	41	+
10	+	26	++	42	+++
11	+	27	+	43	+
12	+	28	+	44	++
13	+	29	+++	45	+
14	+	30	+	46	+
15	-	31	+	47	++
16	-	32	+		

Bakterilerin ve fungusların deneysel gözlemlerine ait örnek görüntüler Şekil 4.8 ve Şekil 4.9’da verilmiştir.



Şekil 4. 8. Test bakterilerinin CAS Agar üzerinde Siderofor üretme etkinliğinin gösterilmesi
[Sağdaki bakteri (+), soldaki bakteri (+++)]



Şekil 4. 9. Test funguslarının CAS Agar üzerinde Siderofor üretme etkinliğinin gösterilmesi
[Sağdaki fungus (+++), soldaki fungus (-)]

4.2.5. ACC Deaminaz üretimi

ACC Deaminaz üretimi bakteri izolatlarında incelenmiştir. Test bakterilerinin ACC Deaminaz üretme etkinliğini kolorimetrik olarak sınıflandırabilmek için bir adet bakteri inokülasyonu yapılmamış kör, on adet de 0,001-3 mM aralığında pasajlanmış ACC içerikli DF besiyeri kullanılmıştır. Ölçümler spektrofotometre cihazında 570 nm’de yapılmıştır. Bakterilerin gösterdikleri etkinlikler bu sonuçlarla karşılaştırılarak; (+++) Çok iyi etkinlik, (++) İyi etkinlik ve (++) Az etkinlik şeklinde sınıflandırılmıştır. Sonuçlar Çizelge 4.10 ve Çizelge 4.11’de özetlenmiştir.

Çizelge 4.10. Kolorimetrik analiz için ACC Deaminaz standartların analiz sonuçları

Standart (mM / mL)	Analiz Sonucu
DF KÖR	0,3624
DF-ACC 3	1,7023
DF-ACC 0,3	0,7081
DF-ACC 0,15	0,4930
DF-ACC 0,075	0,4722
DF-ACC 0,037	0,4626
DF-ACC 0,018	0,3935
DF-ACC 0,009	0,3836
DF-ACC 0,004	0,3757
DF-ACC 0,002	0,3711
DF-ACC 0,001	0,3659

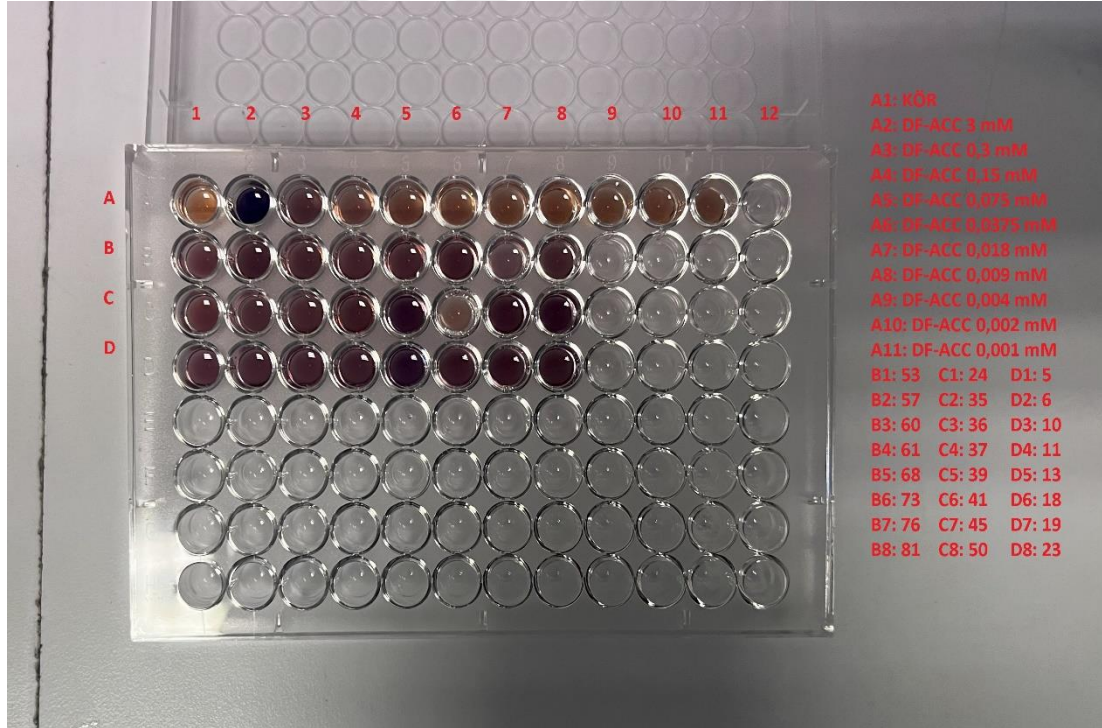
Çizelge 4. 11. Test bakterilerinin kolorimetrik ACC Deaminaz testi sonuçları

No	Analiz Sonucu	Etkinlik
1	0,8642	+
2	0,8112	+
3	0,8607	+
4	0,8718	+
5	1,2464	+
6	0,8778	+
7	0,8208	+
8	0,8277	+
9	0,8342	+
10	0,6665	++

Çizelge 4.11. Devam. Test bakterilerinin kolorimetrik ACC Deaminaz testi sonuçları

11	0,7046	++
12	0,7986	++
13	1,2088	+
14	0,4478	+++
15	0,9006	+
16	1,0237	+
17	0,7126	++
18	0,8313	+
19	0,7562	++
20	0,7389	++
21	0,7551	++
22	0,8387	+
23	0,4978	+++
24	0,6887	++

Spektrofotometre ölçümü için hazırlanan plate, Şekil 4.10’da verilmiştir.



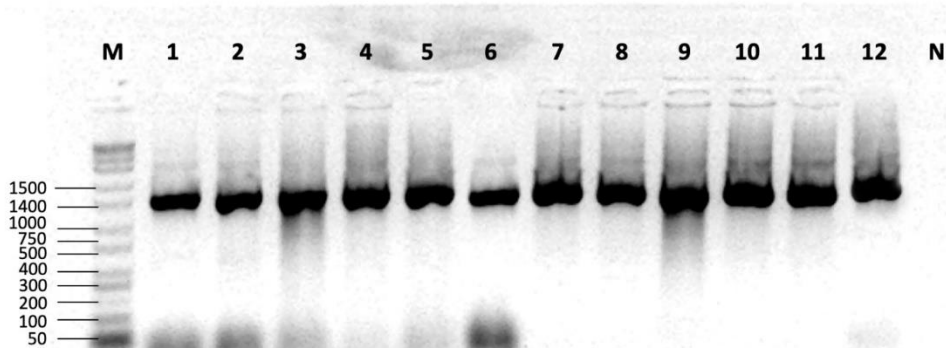
Şekil 4. 10. Standartların ve test bakterilerinin plate üzerindeki yerleşimi

4.3. Moleküler Tanı

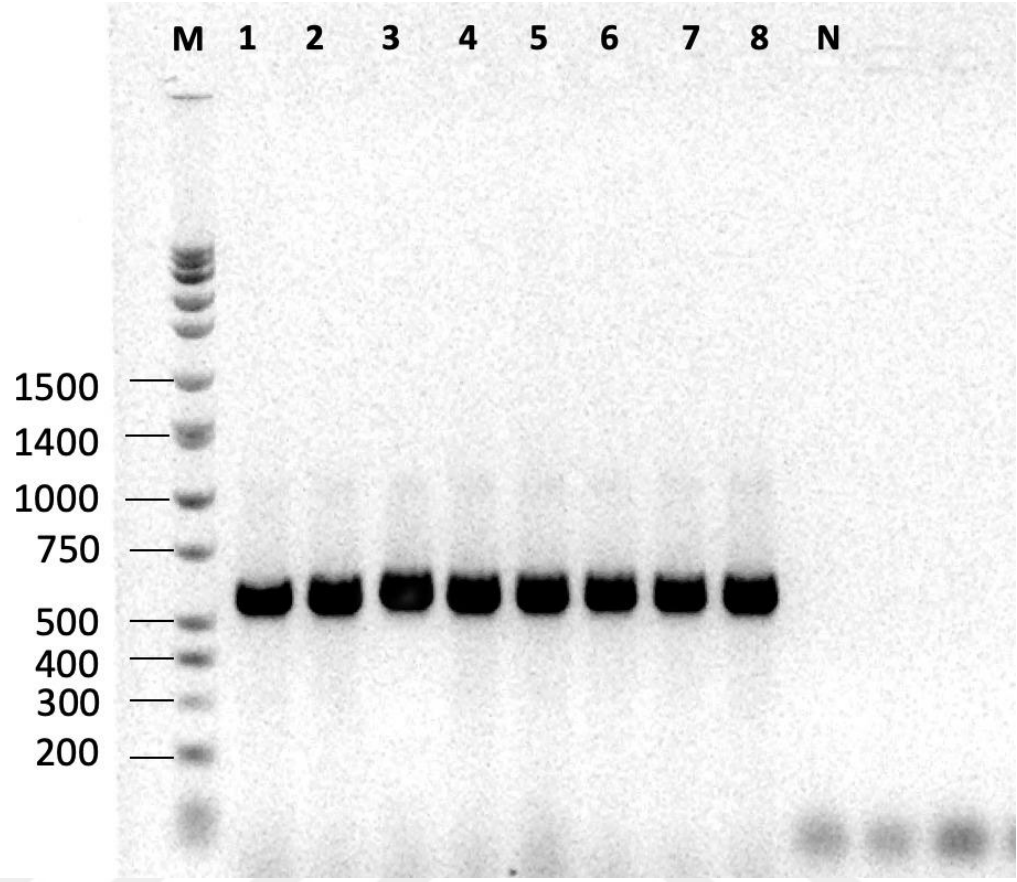
Seçilen bakteri ve fungusların DNA izolasyonları yapılmıştır. Evrensel primerlerle PCR çalışması yapılan örnekler sonrasında jel elektroforez ile yürütülmüştür. Bakterilere ait jel elektroforezi görüntüsü Şekil 4.11’de, funguslara ait jel elektroforez görüntüsü ise Şekil 4.12’de sunulmuştur.

DNA izolasyonu yapılan bakterilerin 16S rRNA bölgesinin PCR amplifikasyonu sonucunda sekans analizleri yapılmış ve gen bankasında yer alan 16S rRNA gen dizileri ile karşılaştırılarak cins ve tür tayinleri yapılmıştır. Bakteri izolatlarına ait bilgiler; Çizelge 4.12’de, PGP parametrelerine ait tüm sonuçları içeren bilgiler Çizelge 4.13’te özetlenmiştir. 16S rRNA geni kısmi baz sıraları Ek 1-18’de verilmiştir.

DNA izolasyonu yapılan fungusların ITS bölgesinin PCR amplifikasyonu sonucunda sekans analizleri yapılmış ve gen bankasında yer alan ITS bölgesinin kısmi gen dizileri ile karşılaştırılarak cins ve tür tayinleri yapılmıştır. Ayrıca PGP parametrelerinde yüksek etkinlik gösteren fungusların mikroskopik görüntülemeleri de yapılmıştır. Bu görüntüler Şekil 4.13, Şekil 4.14 ve Şekil 4.15’te sunulmuştur. Fungus izolatlarına ait bilgiler; Çizelge 4.14’te, PGP parametrelerine ait tüm sonuçları içeren bilgiler Çizelge 4.15’te özetlenmiştir. ITS bölgesinin kısmi gen sekansları Ek 19-37’de verilmiştir.



Şekil 4. 11. Test bakterilerinin 16S rRNA PCR elektroforezi görünümü



Şekil 4. 12. Test funguslarının ITS PCR elektroforezi görünümü

Çizelge 4. 12. Moleküler tanı testleri ile belirlenen bakteri örnekleri

Bakteri Adı	Baz Sayısı	Query Cover	Benzerlik Oranı	Genbank Numarası
<i>Enterobacter ludwigii</i> BY-1	1394	100	100	OQ848179
<i>Pantoea</i> sp. BY-2	659	100	100	OQ848180
<i>Enterobacter</i> sp. BY-3	1392	100	100	OQ848181
<i>Enterobacter ludwigii</i> BY-4	1391	100	100	OQ848182
<i>Pantoea eucalypti</i> BY-5	736	100	100	OQ848183
<i>Pantoea</i> sp. BY-6	1123	100	100	OQ848184
<i>Enterobacter</i> sp. BY-7	1114	100	100	OQ848185
<i>Pantoea agglomerans</i> BY-8	1390	100	100	OQ848186
<i>Enterobacter ludwigii</i> BY-9	1391	100	100	OQ848187
<i>Enterobacter ludwigii</i> BY-10	1393	100	100	OQ848188
<i>Enterobacter ludwigii</i> BY-11	1347	100	100	OQ848189
<i>Enterobacter ludwigii</i> BY-12	1390	100	100	OQ848190
<i>Pantoea vagans</i> BY-13	956	100	100	OQ848191
<i>Enterobacter</i> sp. BY-14	1399	100	100	OQ848192
<i>Enterobacter cloacae</i> BY-15	797	100	100	OQ848193
<i>Pantoea hericii</i> BY-16	1010	100	100	OQ848194
<i>Leclercia adecarboxylata</i> BY-17	740	100	100	OQ848195
<i>Enterobacter</i> sp. BY-18	1392	100	100	OQ848196

Çizelge 4. 13. Test bakterilerinin tüm PGP deneylerine ait sonuçlar

Bakteri Kodu	Azot	Fosfat	Siderofor	IAA T(+)	IAA T(-)	ACC Deaminaz
BY-1	++	++	+++	++	+	+
BY-2	+++	+++	+++	+++	+	++
BY-3	++	++	++	+++	+	++
BY-4	+++	++	++	++	+	+
BY-5	++	+++	+++	+++	+	++
BY-6	+++	++	+++	++	+	++
BY-7	+++	+++	+++	++	+	+
BY-8	++	++	+++	+++	+	+
BY-9	++	+++	+++	+++	+	+
BY-10	+	+	+	++	+	+
BY-11	+++	++	+++	+++	+	+++
BY-12	++	++	+++	+	+	+
BY-13	+	+++	+++	++	+	+

Çizelge 4. 13. Devam. Test bakterilerinin tüm PGP deneylerine ait sonuçlar

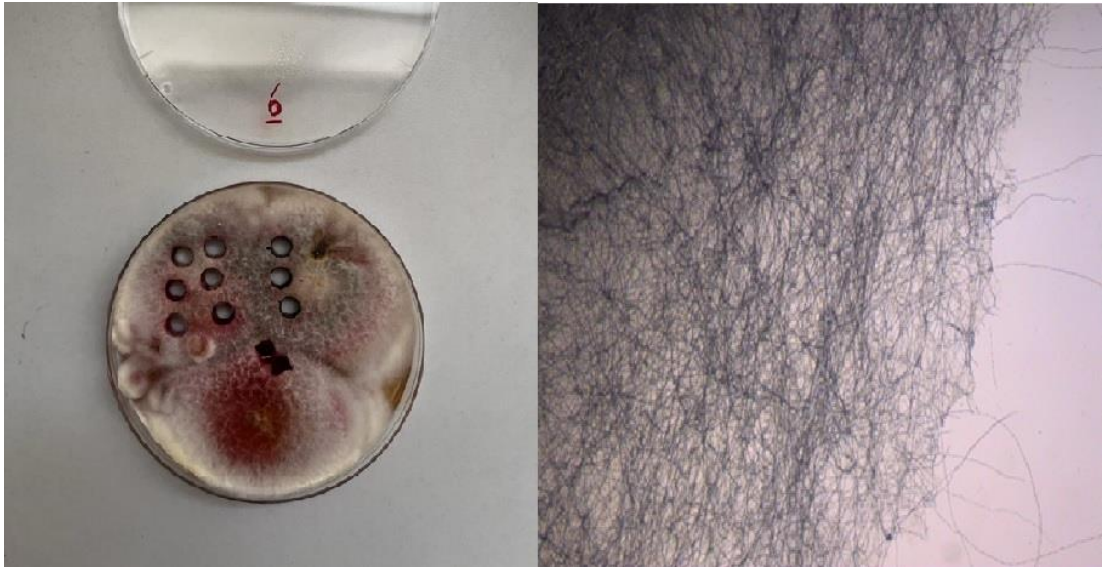
BY-14	+	++	++	+++	+	++
BY-15	++	++	+++	+++	++	+
BY-16	+++	+++	+++	++	+	+
BY-17	++	++	+++	+++	++	+
BY-18	+++	++	++	+++	+	+

Çizelge 4. 14. Moleküler tanı testleri ile belirlenen fungus örnekleri

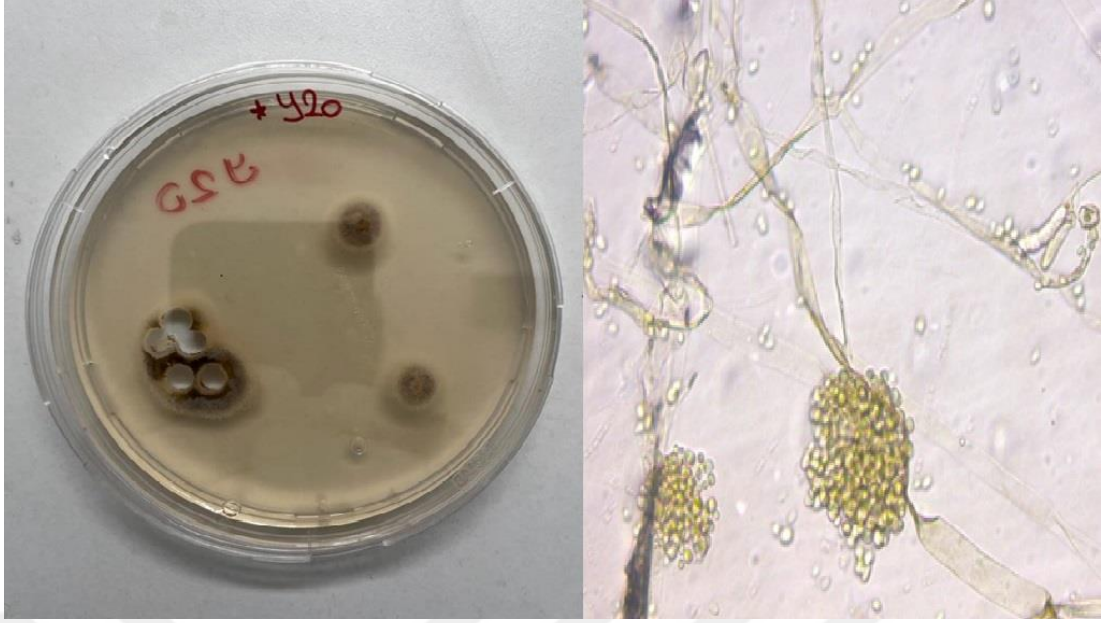
Fungus Adı	Baz Sayısı	Query Cover	Benzerlik Oranı	Genbank Numarası
<i>Fusarium sp.</i>	500	100	100	OR365515
<i>Fusarium sp.</i>	559	100	100	OR365516
<i>Fusarium sp.</i>	506	100	100	OR365517
<i>Fusarium sp.</i>	487	100	100	OR365518
<i>Fusarium sp.</i>	501	100	100	OR365519
<i>Fusarium sp.</i>	501	100	100	OR365520
<i>Fusarium oxysporum</i>	541	100	100	OR365521
<i>Fusarium tricinctum</i>	514	100	100	OR365522
<i>Fusarium tricinctum</i>	501	100	100	OR365523
<i>Fusarium tricinctum</i>	495	100	100	OR365524
<i>Aspergillus sp.</i>	541	100	100	OR365525
<i>Fusarium sp.</i>	491	100	100	OR365526
<i>Mucor sp.</i>	576	100	100	OR365527
<i>Fusarium oxysporum</i>	543	100	100	OR365528
<i>Fusarium sp.</i>	538	100	100	OR365529
<i>Fusarium sp.</i>	522	100	100	OR365530
<i>Mucor sp.</i>	566	100	100	OR365531
<i>Mucor sp.</i>	559	100	100	OR365532
<i>Cladosporium sp.</i>	519	100	100	OR365533

Çizelge 4.15. Test funguslarının tüm PGP deneylerine ait sonuçlar

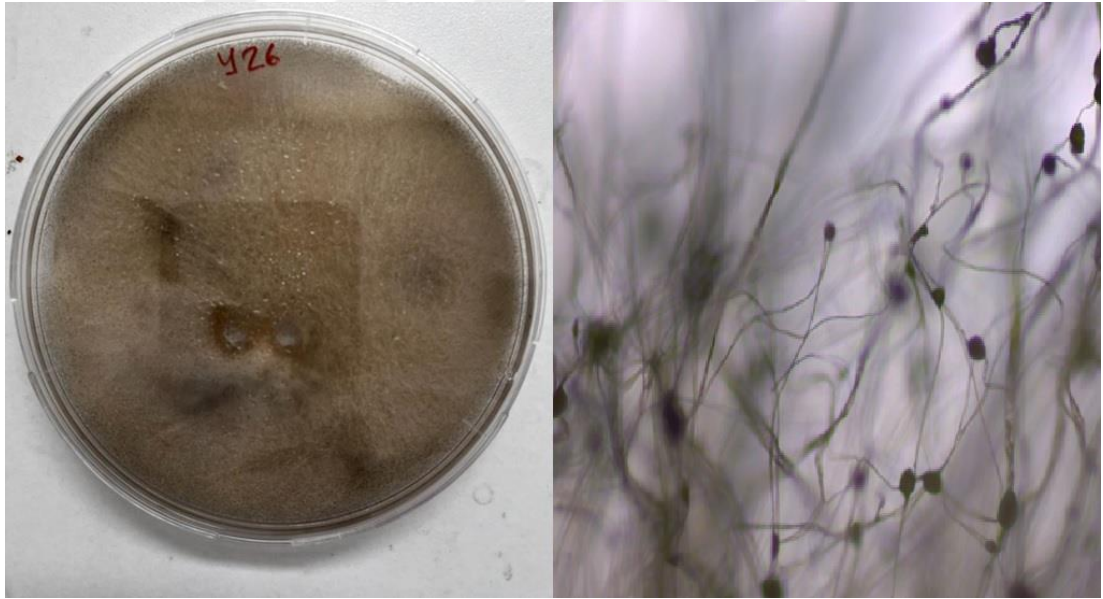
Fungus Kodu	Fosfat	Siderofor	IAA T(+)	IAA T(-)
FY-1	-	+	++	+
FY-2	-	+	+++	+
FY-3	++	+++	+	+
FY-4	+++	+++	+	-
FY-5	+++	+++	+	+
FY-6	+++	+++	-	-
FY-7	++	+++	+	+
FY-8	+	+++	+	+
FY-9	-	+++	++	+
FY-10	-	++	+	-
FY-11	++	+++	+++	+
FY-12	-	+	+++	+
FY-13	++	+++	++	+
FY-14	-	+	+++	+
FY-15	++	+++	+	+
FY-16	+	+	+	-
FY-17	++	+++	++	+
FY-18	+	++	+	+
FY-19	-	++	+	+



Şekil 4. 13. *Fusarium* cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü



Şekil 4. 16. *Aspergillus* cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü



Şekil 4. 19. *Mucor* cinsine ait bir test fungusunun petride ve mikroskop altındaki görüntüsü

BEŞİNCİ BÖLÜM

5. TARTIŞMA ve SONUÇ

Tıbbi ve aromatik bitkiler (TAB'ler), değerli uçucu yağları ve birçok fitofarmasötik olarak önemli biyoaktif bileşikleri nedeniyle dünya çapında gıda, ilaç kozmetik gibi birçok alanda antik çağlardan beri kullanılmaktadır. Öte yandan, günümüzde doğal ürünlere olan yüksek talep, TAB'lerin ticari olarak yetiştirilmesi konusunda üreticileri bu alana yöneltmeye başlamıştır. Bununla birlikte TAB'lerin çeşitli biyotik ve abiyotik stres faktörleri karşısında duyarlılığı, üretimde önemli kısıtlamalara neden olur ve hem ürün verimini hem de kalitesini olumsuz yönde etkiler. Bitki ham maddesi verimini artırmak için bitki çeşitleri, hücre kültürleri, transgenik bitkiler üretmek gibi geliştirmeye yönelik çabalara rağmen, bu yöntemler çok maliyetli ve zaman alıcıdır. Bu nedenle, bitkilerin verimi ve sağlığı üzerinde etkili, çevre dostu ve maliyet etkin daha basit yaklaşımların geliştirilmesi önemlidir. Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaları biyofertilizer, biyostimülant ve biyoprotektan olarak kullanmak etkili ve alternatif bir adım olabilir. Bu yaklaşım literatürde birçok çalışma ile desteklenmektedir ve bu alanda daha kapsamlı araştırmalar yapılmalıdır (Sheoran *et al.* 2015; Bilal *et al.* 2018; de Zélicourt *et al.* 2018; Soldan *et al.* 2019; Alaylar 2022; Li *et al.* 2023). Bu nedenle mevcut çalışmamızda, endofit ve rizosfer kavramları, konak bitki içindeki çok yönlü etkileşimleri ve TAB'lerdeki PGP özellik gösteren mikroorganizmalarla ilişkili önemli faydalar özetlenmiştir.

Tıbbi ve aromatik bitkilerle yapılan birçok çalışmada çok çeşitli endofitik ve rizosferik mikroorganizmalara rastlanmış, bu mikroorganizmalar bakterilerde *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Enterobacter*, *Rhizobium*, *Burkholderia*, *Achromobacter*, *Agrobacterium*, *Micrococcus*, *Aereobacter*, *Flavobacterium* cinsleri ve funguslarda ise *Pencillium*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Helminthosparium*, *Alternaria* cinslerine ait çeşitli türler ön plana çıkmıştır (Adedayo *et al.* 2022; Adeleke *et al.* 2022; Alaylar *et al.* 2022; Dang *et al.* 2023; Li *et al.* 2023).

Literatürdeki çalışmalar incelendiğinde, bitkilerin gelişimini teşvik eden mikroflorada baskın türlerin bölgenin toprak yapısına, topraktaki mineral ve besin yoğunluğuna, iklime ve rakıma göre yüksek ölçüde değişkenlik gösterdiği tespit edilebilir. Örneğin İtalya'nın Toskana bölgesinde *O. vulgare* ile yapılan bir çalışmada, *Bacillus* cinsi florada baskın durumda bulunurken mevcut çalışmamızda *Enterobacter* cinsinin baskın olduğu tespit edilmiştir (Castronovo *et al.* 2020).

Bitki gelişimini teşvik eden mikroorganizmaların bitki verimini ve bitki içeriğindeki değerli maddelerin miktarlarını da arttırdığı bilinmektedir. Örneğin Rezaei-Chiyaneh ve arkadaşlarının (2021) yaptığı çalışmada, çörek otu (*Nigella sativa* L.) ve çemen otu (*Trigonella foenum-graecum* L.) bitkilerinin verimi, tohum verimi ve esansiyel yağ profilinin üzerine bitki gelişimini teşvik eden rizobakteri ve mikorizal fungus uygulamalarının etkilerini incelemişlerdir. Bu çalışmada, fosfat çözen *Pantoea agglomerans*, *Pseudomonas putida*, azot fikse eden *Azotobacter vinelandii* bakterileri ile fungusları *Funneliformis mosseae* ve *Rhizophagus irregularis* fungusları karışım halde tohumlara uygulanmıştır. Bu uygulamalar sonrasında bitki verimi, tohum verimi, esansiyel yağ miktarları kontrol bitkilerine göre %4 ile %48 arasında değişen oranlarda daha yüksek olduğu tespit edilmiştir (Rezaei-Chiyane *et al.* 2021).

Bitki gelişimini teşvik eden mikroorganizmalar aynı zamanda bitkileri çeşitli stres durumlarına karşı da korurlar. Elgaml ve arkadaşlarının (2022) su ve sıcaklık stresi altında yetiştirilen adaçayı (*Salvia sclarea*) üzerinde yaptıkları çalışmada, *Bacillus subtilis*, *Pseudomonas fluorescens*, *Cyanobacteria* ve *Trichoderma* bakterileri ile aşıladıkları bitkilerin, kontrol bitkilerine göre %50-150 gibi değişen oranlarda daha dayanıklı olduklarını tespit etmişlerdir. Ayrıca bitkilerin kuru ağırlıklarında ve sekonder madde üretimlerinde de önemli artışlar tespit etmişlerdir (Elgaml *et al.* 2022). Wang ve arkadaşlarının (2022)'de yaptıkları, Çin'de romatizmal hastalıklar, sindirim bozuklukları, grip gibi hastalıklarda sıklıkla kullanılan tıbbi ve aromatik bir bitki olan cangzhu (*Atractylodes lancea*), PGP özellik gösteren bakterilerle aşılanmış ve sıcaklık stresi altında yetiştirilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre *Rhodococcus*, *Ralstonia*, *Paenibacillus*, *Burkholderia*,

Caballeronia, *Paraburkholderia* gibi endofitik bakteri cinslerinin sıcaklık stresine karşı koruma sağlamada önemli roller oynadığı ve özellikle tıbbi bileşik üretimi ile pozitif bir etki gösterdiği tespit edilmiştir (Wang *et al.* 2022).

Chamkhi ve arkadaşlarının (2023) yaptığı bir çalışmada, tıbbi özellikleri ve baharat olarak kullanımı nedeniyle yoğun üretimi yapılan safran (*Crocus sativus* L.) incelenmiş ve bitki gelişimini teşvik eden rizosferik mikroorganizma topluluğu araştırılmıştır. Elde edilen isolatlar PGP parametrelerine yönelik testlerle incelenmiş ve 16S rRNA dizilemesi ile tür tanılamaları yapılmıştır. Tanılama sonucuna göre *Pseudomonas*, *Rahnella*, *Variovorax*, *Delftia*, *Bacillus*, *Rhizobium*, *Luteibacter* ve *Pantoea* olmak üzere 8 cinse ait türlere ulaşılmıştır (Chamkhi *et al.* 2023).

Al-Harhi ve arkadaşlarının (2023)'te yaptıkları çalışmada, Suudi Arabistan'da yetiştirilen tıbbi ve aromatik bitkiler olan Arap yasemini (*Jasminum sambac*), çay (*Camellia sinensis*) ve fesleğen (*Ocimum basilicum*) bitkilerinin endofitik fungus popülasyonunu araştırmışlardır. Çalışmaları kapsamında bitkilerden izole ettikleri endofit fungusların öncelikle IAA, ACC Deaminaz ve siderofor üretimini incelemişler, sonrasında da moleküler tanılama yaparak birçoğu üç bitkide de ortak olan 84 farklı fungus izolatını tespit ederek, 20 cins altında toplanan bu fungusları NCBI veri tabanına kaydetmişlerdir (Al-Harhi *et al.* 2023).

Endofitik ve rizosferik mikroorganizmaların bitki gelişimini teşvik etme mekanizmaları ise ağırlıklı olarak artan dünya nüfusunu beslemeye yönelik zirai ürünler olan patates, domates, pirinç, mısır ve buğday bitkilerine yönelik çalışılmaktadır. Literatürde tıbbi ve aromatik bitkilere yönelik çalışmalar oldukça sınırlıdır. Literatür incelendiğinde *O. vulgare* ile yapılan çalışmaların çoğunlukla *Origanum vulgare* L. ssp. *hirtum* ile yapıldığı ve bu çalışmalarda da esansiyel yağ ve fenolik madde içeriği (De Falco *et al.* 2013; Vazirian *et al.* 2015; Stešević *et al.* 2018), antioksidan ve antimikrobiyal etkinliği (Yaldız *et al.* 2017), ekstraksiyon metodları arasındaki farklar (Karakaya *et al.* 2011), farklı ülkelerde yetişen ve farklı dönemlerde hasat edilen bitkilerin kimyasal kompozisyon farkları (Moradi *et al.* 2021) gibi konuların ağırlıklı olarak çalışıldığı görülmektedir.

Çalışmamızda incelediğimiz mikroorganizmalar, halihazırda bitki gelişimi için elverişsiz olan ortamlarda yetişen sağlıklı *O. vulgare* L.ssp. *vulgare* bitkilerinden elde edilmiştir. Koloni morfolojisi ve mikroskopik gözlemlerimizde 90 bakteri ve 47 fungus izolatu içerisinde *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Enterobacter*, *Rhizobium* cinslerine ait bakterilere ve *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Mucor*, *Neurospora* cinslerine ait funguslara ulaşılmıştır. Ancak yapılan deneylerde PGP parametrelerinin sonuçlarına göre her testi pozitif sonuçlanan ve bu pozitif sonuçlananlardan da belirtilen özelliği en yüksek başarıyla gösteren izolatları seçilerek moleküler tanılamaları yapılmıştır. Bunun yanı sıra mevcut çalışmamızda *Enterobacteriaceae* familyasına ait bakteri türlerinin ve *Aspergillus*, *Cladosporium*, *Fusarium*, *Mucor*, *Neurospora* funguslarının PGP parametrelerinde en başarılı mikroorganizmalar olduğu sonucuna ulaşılmıştır. Bu sonuçlar literatürdeki sonuçlarla yüksek oranda benzerlik göstermektedir.

Dolayısıyla mevcut çalışmamızda;

- Erzurum ili ve çevresine ait bölgelerden toplanan *O. vulgare* L. ssp. *vulgare* bitkisinin endofitik ve rizosferik mikroflorası ilk defa incelenmiştir.
- Elde edilen endofitik ve rizosferik bakterilerin bitki gelişimini teşvik eden mekanizmaları (Azot fiksasyonu, fosfat çözme, IAA, siderofor ve ACC Deaminaz üretimi), endofitik ve rizosferik fungusların ise (Fosfat çözme, IAA ve siderofor üretme) gibi önemli bitki gelişimini teşvik eden mekanizmaları incelenmiştir.
- *O. vulgare* L. ssp. *vulgare*'den izole edilen endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar içerisinde 18 bakteri ve 19 fungusun moleküler tanılaması yapılmıştır.
- Mevcut çalışmamız sayesinde bölgemiz içerisinde yer alan Erzurum iline ait *O. vulgare* L. ssp. *vulgare* bitkisine ait PGP potansiyeline sahip mikroorganizmaların kültür koleksiyonu Ağrı İbrahim Çeçen Üniversitesi Merkezi Araştırma Laboratuvarı'nda oluşturulmuştur.

- Bu kültür koleksiyonu aracılığıyla, ülkemizdeki benzer iklim ve ekolojik koşullara sahip tarım arazilerinde tıbbi ve aromatik bitkiler ile zirai ürünlerin üretiminde kullanılmak üzere *O. vulgare* L. ssp. *vulgare*'den izole ettiğimiz, potansiyel PGP özellikleri gösteren endofitik ve rizosferik mikroorganizmalar, biyofertilizer, biyostimulant ve biyoprotektan olarak değerlendirilebilir. Bu şekilde, çevre dostu ve ekonomik açıdan önemli bir kaynak sağlanmış olacaktır.



KAYNAKLAR

- Adedayo, A. A., Babalola, O. O., Prigent-Combaret, C., Cruz, C., Stefan, M., Kutu, F., & Glick, B. R. (2022). The application of plant growth-promoting rhizobacteria in *Solanum lycopersicum* production in the agricultural system: a review. *PeerJ*, 10, e13405.
- Adeleke, B. S., & Babalola, O. O. (2021). The endosphere microbial communities, a great promise in agriculture. *International Microbiology*, 24, s. 1-17.
- Adeleke, B. S., & Babalola, O. O. (2022). Roles of plant endosphere microbes in agriculture-a review. *Journal of Plant Growth Regulation*, 41(4), s. 1411-1428.
- Adeleke, B. S., Ayilara, M. S., Akinola, S. A., & Babalola, O. O. (2022). Biocontrol mechanisms of endophytic fungi. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, 32(1), s. 1-17.
- Afridi, M. S., Mahmood, T., Salam, A., Mukhtar, T., Mehmood, S., Ali, J., Khatoon, Z., Bibi, M., Javed, M. T., Sultan, T., Chaudhary, H. J. (2019). Induction of tolerance to salinity in wheat genotypes by plant growth promoting endophytes: Involvement of ACC deaminase and antioxidant enzymes. *Plant Physiology and Biochemistry*, 139, s. 569-577.
- Alaylar, B., Egamberdieva, D., Güllüce, M., Karadayı, M., & Arora, N. K. (2020). Integration of molecular tools in microbial phosphate solubilization research in agriculture perspective. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 36, s. 1-12.
- Alaylar, B. (2022). Isolation and characterization of culturable endophytic plant growth-promoting *Bacillus* species from *Mentha longifolia* L. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 46(1), s. 73-82.
- Algül, B. E., Tekintaş, F. E., & Günver Dalkılıç, G. (2016). Bitki büyüme düzenleyicilerinin kullanımı ve içsel hormonların biyosentezini artırıcı uygulamalar. *Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 13(2), s. 87-95.
- Al-Harathi, H. F., Elgorgan, A. M., Ahmed, B., Bahkali, A. H., ElSheshtawi, M., Shaik, J. P., Al-Falih, A. M., Syed, A. (2023). Identification, molecular characterization, and plant growth promoting activities of endophytic fungi of *Jasminum sambac*, *Camellia sinensis*, and *Ocimum basilicum*. *Journal of King Saud University-Science*, 35(3), 102558.
- Aloo, B. N., Makumba, B. A., & Mbega, E. R. (2019). The potential of *Bacilli* rhizobacteria for sustainable crop production and environmental sustainability. *Microbiological Research*, 219, s. 26-39.
- Alori, E. T., Glick, B. R., & Babalola, O. O. (2017). Microbial phosphorus solubilization and its potential for use in sustainable agriculture. *Frontiers in microbiology*, 8, 971.
- Azizoglu, U. (2019). *Bacillus thuringiensis* as a biofertilizer and biostimulator: a mini-review of the little-known plant growth-promoting properties of Bt. *Current Microbiology*, 76(11), s. 1379-1385.
- Barka, E. A., Nowak, J., & Clément, C. (2006). Enhancement of chilling resistance of inoculated grapevine plantlets with a plant growth-promoting rhizobacterium, *Burkholderia phytofirmans* strain PsJN. *Applied and environmental microbiology*, 72(11), s. 7246-7252.

- Behera, B. C., Singdevsachan, S. K., Mishra, R. R., Dutta, S. K., & Thatoi, H. N. (2014). Diversity, mechanism and biotechnology of phosphate solubilising microorganism in mangrove-a review. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 3(2), s. 97-110.
- Bharadvaja, N. (2023). Aromatic plants: a multifaceted asset. *Brazilian Journal of Botany*, s. 1-14.
- Bhattacharjee, R. B., Singh, A., & Mukhopadhyay, S. N. (2008). Use of nitrogen-fixing bacteria as biofertiliser for non-legumes: prospects and challenges. *Applied microbiology and biotechnology*, 80(2), s. 199-209.
- Bianco, C., & Defez, R. (2010). Improvement of phosphate solubilization and *Medicago* plant yield by an indole-3-acetic acid-overproducing strain of *Sinorhizobium meliloti*. *Applied and environmental microbiology*, 76(14), s. 4626-4632.
- Bilal, L., Asaf, S., Hamayun, M., Gul, H., Iqbal, A., Ullah, I., Lee, I. J., Hussain, A. (2018). Plant growth promoting endophytic fungi *Aspergillus fumigatus* TS1 and *Fusarium proliferatum* BRL1 produce gibberellins and regulates plant endogenous hormones. *Symbiosis*, 76, s. 117-127.
- Carvalho, T. L., Balsemão-Pires, E., Saraiva, R. M., Ferreira, P. C., & Hemerly, A. S. (2014). Nitrogen signalling in plant interactions with associative and endophytic diazotrophic bacteria. *Journal of experimental botany*, 65(19), s. 5631-5642.
- Castronovo, L. M., Calonico, C., Ascrizzi, R., Del Duca, S., Delfino, V., Chioccioli, S., Vassallo, A., Strozza, I., De Leo, M., Biffi, S., Bacci, G., Bogani, P., Maggini, V., Mengoni, A., Pistelli, L., Lo Nostro, A., Firenzuoli, F., Fani, R. (2020). The cultivable bacterial microbiota associated to the medicinal plant *Origanum vulgare* L.: from antibiotic resistance to growth-inhibitory properties. *Frontiers in Microbiology*, 11, 862.
- Chamkhi, I., Sbabou, L., & Aurag, J. (2023). Isolation and screening of multi-trait plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) colonizing saffron (*Crocus sativus* L.) rhizosphere. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 102730.
- Chowdhury, M. K., & Bae, H. (2018). Bacterial endophytes isolated from mountain-cultivated ginseng (*Panax ginseng* Mayer) have biocontrol potential against ginseng pathogens. *Biological Control*, 126, s. 97-108.
- Christman, H. D., Campbell, E. L., & Meeks, J. C. (2011). Global transcription profiles of the nitrogen stress response resulting in heterocyst or hormogonium development in *Nostoc punctiforme*. *Journal of bacteriology*, 193(24), s. 6874-6886.
- Chu, L. L., & Bae, H. (2022). Bacterial endophytes from ginseng and their biotechnological application. *Journal of ginseng research*, 46(1), s. 1-10.
- Conrath, U., Beckers, G. J., Flors, V., García Agustín, P., Jakab, G., Mauch, F., Newman, M. A., Pieterse, C. M. J., Poinssot, B., Pozo, M. J., Pugin, A., Schaffrath, U., Ton, J., Wendehenne, D., Zimmerli, L., Mauch Mani, B. (2006). Priming: Getting ready for battle. *Molecular plant-microbe interactions*, 19(10), s. 1062-1071.
- Cui, L., Yang, C., Wei, L., Li, T., & Chen, X. (2020). Isolation and identification of an endophytic bacteria *Bacillus velezensis* 8-4 exhibiting biocontrol activity against potato scab. *Biological Control*, 141, 104156.

- Çakmakçı, R. (2009). Stres koşullarında ACC deaminaze üretici bakteriler tarafından bitki gelişiminin teşvik edilmesi. *Atatürk Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, 40(1), s. 109-125.
- da Silva, L. L., Veloso, T. G., Manhães, J. H., da Silva, C. C., & de Queiroz, M. V. (2020). The plant organs and rhizosphere determine the common bean mycobiome. *Brazilian Journal of Microbiology*, 51, s. 765-772.
- Dang, Q. N., Burgess, T. I., McComb, J., Pham, T. Q., Le, B. V., Tran, T. V., Nguyen, L. T., Hardy, G. E. (2023). Fungal and bacterial endophytes antagonistic to *Phytophthora* species causing root rot in *Cinnamomum cassia*. *Mycological Progress*, 22(4), 28.
- Daungfu, O., Youpensuk, S., & Lumyong, S. (2019). Endophytic bacteria isolated from citrus plants for biological control of citrus canker in lime plants. *Tropical life sciences research*, 30(1), s. 73.
- de Araujo, A. S., Miranda, A. R., Sousa, R. S., Mendes, L. W., Antunes, J. E., de Souza Oliveira, L. M., de Araujo, F. F., Melo, V. M. M., Figueiredo, M. B. (2019). Bacterial community associated with rhizosphere of maize and cowpea in a subsequent cultivation. *Applied soil ecology*, 143, s. 26-34.
- De Falco, E., Mancini, E., Roscigno, G., Mignola, E., Tagliatalata Scafati, O., & Senatore, F. (2013). Chemical composition and biological activity of essential oils of *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare* L. under different growth conditions. *Molecules*, 18(12), s. 14948-14960.
- de Lima Marques, J., Volcão, L. M., Funck, G. D., Kroning, I. S., da Silva, W. P., Fiorentini, Â. M., & Ribeiro, G. A. (2015). Antimicrobial activity of essential oils of *Origanum vulgare* L. and *Origanum majorana* L. against *Staphylococcus aureus* isolated from poultry meat. *Industrial crops and products*, 77, s. 444-450.
- De Silva, N. I., Brooks, S., Lumyong, S., & Hyde, K. D. (2019). Use of endophytes as biocontrol agents. *Fungal Biology Reviews*, 33(2), s. 133-148.
- de Zélicourt, A., Synek, L., Saad, M. M., Alzubaidy, H., Jalal, R., Xie, Y., Andrés Barrao, C., Rolli, E., Guerard, F., Mariappan, K. G., Daur, I., Colcombet, J., Benhamed, M., Depaepe, T., Van Der Straeten, D., Hirt, H. (2018). Ethylene induced plant stress tolerance by *Enterobacter* sp. SA187 is mediated by 2-keto-4-methylthiobutyric acid production. *PLoS genetics*, 14(3), e1007273.
- Defez, R., Andreozzi, A., & Bianco, C. (2017). The overproduction of indole-3-acetic acid (IAA) in endophytes upregulates nitrogen fixation in both bacterial cultures and inoculated rice plants. *Microbial Ecology*, 74(2), s. 441-452.
- del Carmen Orozco-Mosqueda, M., Glick, B. R., & Santoyo, G. (2020). ACC deaminase in plant growth-promoting bacteria (PGPB): an efficient mechanism to counter salt stress in crops. *Microbiological research*, 235, 126439.
- Diler, Ö., Görmez, Ö., Metin, S., İlhan, İ., & Diler, İ. (2017). *Origanum vulgare* L. uçucu yağının gökkuşağı alabalıkları (*Oncorhynchus mykiss*)’nda büyüme, lizozim ve antioksidan aktivite ve *Vibrio anguillarum*’a karşı direnç üzerine etkisi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Eğirdir Su Ürünleri Fakültesi Dergisi*, 13(1), s. 42-57.

- Duca, D., Lorv, J., Patten, C. L., Rose, D., & Glick, B. R. (2014). Indole-3-acetic acid in plant-microbe interactions. *Antonie Van Leeuwenhoek*, 106, s. 85-125.
- Dvořáková, J. (1998). Phytase: sources, preparation and exploitation. *Folia microbiologica*, 43(4), s. 323-338.
- Egamberdieva, D., Shurigin, V., Alaylar, B., Ma, H., Müller, M. E., Wirth, S., Reckling, M., Bellingrath-Kimura, S. D. (2020a). The effect of biochars and endophytic bacteria on growth and root rot disease incidence of *Fusarium* infested narrow-leafed lupin (*Lupinus angustifolius* L.). *Microorganisms*, 8(4), 496.
- Egamberdieva, D., Shurigin, V., Alaylar, B., Wirth, S., & Bellingrath-Kimura, S. D. (2020b). Bacterial endophytes from horseradish (*Armoracia rusticana* G. Gaertn., B. Mey. & Scherb.) with antimicrobial efficacy against pathogens. *Plant, Soil and Environment*, 66(7), s. 309-316.
- Elgaml, N. M., Salama, A. B., Shehata, H. S., & Abdelhamid, M. T. (2022). Effective microorganisms improve growth, nutrients uptake, normalized difference vegetation index, photosystem II, and essential oil while reducing canopy temperature in water-stressed *Salvia sclarea* plants. *International Journal of Agronomy*, 2022.
- Ferreira, M. J., Silva, H., & Cunha, A. (2019). Siderophore-producing rhizobacteria as a promising tool for empowering plants to cope with iron limitation in saline soils: a review. *Pedosphere*, 29(4), s. 409-420.
- Fisher, P. J., Petrini, O., & Scott, H. L. (1992). The distribution of some fungal and bacterial endophytes in maize (*Zea mays* L.). *New Phytologist*, 122(2), s. 299-305.
- Fors, R. O., Júnior, O. J., Carneiro, M. A., & Berbara, R. L. (2020). Selection of arbuscular mycorrhizal fungi for sugarcane in four soils with the presence of dark septate endophytes. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 42.
- Frommel, M. I., Nowak, J., & Lazarovits, G. (1991). Growth enhancement and developmental modifications of *in vitro* grown potato (*Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum*) as affected by a nonfluorescent *Pseudomonas* sp. *Plant physiology*, 96(3), s. 928-936.
- Fu, W. Q., Xu, M., Zhang, A. Y., Sun, K., Dai, C. C., & Jia, Y. (2022). Remediation of phenanthrene phytotoxicity by the interaction of rice and endophytic fungus *P. liquidambaris* in practice. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 235, 113415.
- Gage, D. J. (2004). Infection and invasion of roots by symbiotic, nitrogen-fixing rhizobia during nodulation of temperate legumes. *Microbiology and molecular biology reviews*, 68(2), s. 280-300.
- Gaiero, J. R., McCall, C. A., Thompson, K. A., Day, N. J., Best, A. S., & Dunfield, K. E. (2013). Inside the root microbiome: Bacterial root endophytes and plant growth promotion. *American Journal of Botany*, 100(9), s. 1738 - 1750.
- Ghayoumi, M., Emamjomeh, A., Kavousi, K., & Najafi, A. (2022). Rhizosphere soil bacteria community vary and correlate with saffron quality at four locations. *Rhizosphere*, 24, 100627.
- Glick, B. R. (2015). *Beneficial plant-bacterial interactions*. Heidelberg: Springer.
- Gopalakrishnan, S., Humayun, P., Kiran, B. K., Kannan, I. G., Vidya, M. S., Deepthi, K., & Rupela, O. (2011). Evaluation of bacteria isolated from rice

- rhizosphere for biological control of charcoal rot of sorghum caused by *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 27(6), s. 1313-1321.
- Güllüce, M., Karadayı, M., Güvenalp, Z., Özbek, H., Arasoğlu, T., & Barış, Ö. (2012). Isolation of some active compounds from *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare* and determination of their genotoxic potentials. *Food Chemistry*, 130(2), s. 248-253.
- Hardoim, P. R., Overbeek, L. S., & Elsas, J. D. (2008). Properties of bacterial endophytes and their proposed role in plant growth. *Trends in microbiology*, 16(10), s. 463-471.
- Hardoim, P. R., Van Overbeek, L. S., Berg, G., Pirttilä, A. M., Compant, S., Campisano, A., Döring, M., Sessitsch, A. (2015). The hidden world within plants: ecological and evolutionary considerations for defining functioning of microbial endophytes. *Microbiology and molecular biology reviews*, 79(3), s. 293-320.
- Henning, K., & Villforth, F. (1940). Experimentelle untersuchungen zur frage der bacteriesymbiose in höheren pflanzen und ihre beeinflussung durch 'Leitemente'. *Biochemische Zeitschrift*, 305, 299-309.
- Hill, S. (1971). Influence of oxygen concentration on the colony type of *Derxia gummosa* grown on nitrogen-free media. *Microbiology*, 67(1), s. 77-83.
- Hiltner, L. (1904). Über nevere Erfahrungen und Probleme auf dem Gebiet der Boden Bakteriologie und unter besonderer Beurchsichtigung der Grundungung und Broche. *Arbeit. Deut. Landw. Ges.* (98), s. 59-78.
- Hollis, J. P. (1949). Bacteria in healthy potato tissue. Lincoln: University of Nebraska.
- Hull, A. K., Vij, R., & Celenza, J. L. (2000). *Arabidopsis* cytochrome P450s that catalyze the first step of tryptophan-dependent indole-3-acetic acid biosynthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(5), s. 2379-2384.
- Hurek, T., Handley, L. L., Reinhold-Hurek, B., & Piché, Y. (2002). *Azoarcus* grass endophytes contribute fixed nitrogen to the plant in an unculturable state. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 15(3), s. 233-242.
- James, E. K., & Olivares, F. L. (1998). Infection and colonization of sugarcane and other graminaceous plants by endophytic diazotrophs. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 17:1, s. 77-119.
- Jiao, R., Munir, S., He, P., Yang, H., Wu, Y., Wang, J., He, P., Cai, Y., Wang, G., He, Y. (2020). Biocontrol potential of the endophytic *Bacillus amyloliquefaciens* YN201732 against tobacco powdery mildew and its growth promotion. *Biological Control*, 143, 104160.
- Karakaya, S., El, S. N., Karagözlü, N., & Şahin, S. (2011). Antioxidant and antimicrobial activities of essential oils obtained from oregano (*Origanum vulgare* ssp. *hirtum*) by using different extraction methods. *Journal of medicinal food*, 14(6), s. 645-652.
- Karik, Ü., Tınmaz, A. B., Kürkçüoğlu, M., Başer, K. H., & Tümen, G. (2007). İstanbul kekiği (*Origanum vulgare* L. ssp. *Hirtum*) populasyonlarında farklı biçim zamanlarının verim ve kaliteye etkileri. *Bahçe*, 36(1), s. 37-48.

- Karthik, L., Kumar, G., Keswani, T., Bhattacharyya, A., Chandar, S. S., & Rao, B. K. (2014). Protease inhibitors from marine actinobacteria as a potential source for antimalarial compound. *PLoS ONE* 9(3).
- Kende, H. (1993). Ethylene biosynthesis. *Annual review of plant biology*, 44(1), s. 283-307.
- Kloepper, J. W., Schippers, B., & Bakker, P. A. (1992). *Proposed elimination of the term endorhizosphere*.
- Kochar, M., Upadhyay, A., & Srivastava, S. (2011). Indole-3-acetic acid biosynthesis in the biocontrol strain *Pseudomonas fluorescens* Psd and plant growth regulation by hormone overexpression. *Research in microbiology*, 162(4), s. 426-435.
- Kumar, V., & Prasher, I. B. (2022). Phosphate solubilization and indole-3-acetic acid (IAA) produced by *Colletotrichum gloeosporioides* and *Aspergillus fumigatus* strains isolated from the rhizosphere of *Dillenia indica* L. *Folia Microbiologica*, s. 1-11.
- Lee, K. K., Mok, I. K., Yoon, M. H., Kim, H. J., & Chung, D. Y. (2012). Mechanisms of phosphate solubilization by PSB (Phosphate-solubilizing Bacteria) in soil. *Korean Journal of Soil Science and Fertilizer*, 45(2), s. 169-176.
- Lekshmi, R. S., Sora, S., Anith, K. N., & Soniya, E. V. (2022). Root colonization by the endophytic fungus *Piriformospora indica* shortens the juvenile phase of *Piper nigrum* L. by fine tuning the floral promotion pathways. *Frontiers in Plant Science*, 13.
- Li, X., Zhou, J., Xu, R. S., Meng, M. Y., Yu, X., & Dai, C. C. (2018). Auxin, cytokinin, and ethylene involved in rice N availability improvement caused by endophyte *Phomopsis liquidambari*. *Journal of Plant Growth Regulation*, 37, s. 128-143.
- Li, Y., Liu, X., Li, Q., Guo, Y., Zhang, Y., Wang, C., Zhou, Q., Wu, Z. (2023). PGPR promotes the recovery of submerged macrophytes via indigenous microbiome modulations under combined abiotic stress. *Water*, 15(3), 590.
- Li, Z., Chang, S., Lin, L., Li, Y., & An, Q. (2011). A colorimetric assay of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate (ACC) based on ninhydrin reaction for rapid screening of bacteria containing ACC deaminase. *Letters in applied microbiology*, 53(2), s. 178-185.
- Lin, Y., Watts, D. B., Kloepper, J. W., & Torbert, H. A. (2018). Influence of plant growth-promoting rhizobacteria on corn growth under different fertility sources. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, 49(10), s. 1239-1255.
- Louden, B. C., Haarmann, D., & Lynne, A. M. (2011). Use of blue agar CAS assay for siderophore detection. *Journal of microbiology & biology education*, 12(1), s. 51-53.
- Lukas, B., Schmiderer, C., & Novak, J. (2013). Phytochemical diversity of *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare* (Lamiaceae) from Austria. *Biochemical Systematics and Ecology*, 50, s. 106-113.
- Maheshwari, R., Bhutani, N., Bhardwaj, A., & Suneja, P. (2019). Functional diversity of cultivable endophytes from *Cicer arietinum* and *Pisum sativum*: bioprospecting their plant growth potential. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 20, 101229.

- Maier, R. J., & Moshiri, F. (2000). Role of the *Azotobacter vinelandii* nitrogenase-protective shethna protein in preventing oxygen-mediated cell death. *Journal of bacteriology*, 182(13), s. 3854-3857.
- Manulis, S., Shafir, H., Epstein, E., Lichter, A., & Barash, I. (1994). Biosynthesis of indole-3-acetic acid via the indole-3-acetamide pathway in *Streptomyces* ssp. *Microbiology*, 140(5), s. 1045-1050.
- Masson-Boivin, C., & Sachs, J. L. (2018). Symbiotic nitrogen fixation by rhizobia-the roots of a success story. *Current Opinion in Plant Biology*, 44, s. 7-15.
- Matos, A. D., Gomes, I. C., Nietzsche, S., Xavier, A. A., Gomes, W. S., Dos Santos, J. A., & Pereira, M. C. (2017). Phosphate solubilization by endophytic bacteria isolated from banana trees. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 89, s. 2945-2954.
- McSteen, P. (2010). Auxin and monocot development. *Cold Spring Harbor perspectives in biology*, 2(3).
- Mikkelsen, M. D., Hansen, C. H., Wittstock, U., & Halkier, B. A. (2000). Cytochrome P450 CYP79B2 from *Arabidopsis* catalyzes the conversion of tryptophan to indole-3-acetaldoxime, a precursor of indole glucosinolates and indole-3-acetic acid. *Journal of biological chemistry*, 275(43), s. 33712-33717.
- Mirza, S. M., Ahmad, W., Latif, F., Haurat, J., Bally, R., Normand, P., & Malik, K. A. (2001). Isolation, partial characterization, and the effect of plant growth-promoting bacteria (PGPB) on micro-propagated sugarcane *in vitro*. *Plant and soil*, 237(1), s. 47-54.
- Misaghi, I. J., & Donndelinger, C. R. (1990). Endophytic bacteria in symptom-free cotton plants. *Phytopathology*, 80(9), s. 808-811.
- Mitter, E. K., Tosi, M., Obregón, D., Dunfield, K. E., & Germida, J. J. (2021). Rethinking crop nutrition in times of modern microbiology: innovative biofertilizer technologies. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 5, 606815.
- Moradi, M., Hassani, A., Sefidkon, F., & Maroofi, H. (2021). Qualitative and quantitative changes in the essential oil of *Origanum vulgare* ssp. gracile as affected by different harvesting times. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 23(1), s. 179-186.
- Mundt, J. O., & Hinkle, N. F. (1976). Bacteria within ovules and seeds. *Applied and Environmental microbiology*, 32(5), 694-698.
- Oberhänsli, T., Défago, G., & Haas, D. (1991). Indole-3-acetic acid (IAA) synthesis in the biocontrol strain CHA0 of *Pseudomonas fluorescens*: role of tryptophan side chain oxidase. *Microbiology*, 137(10), s. 2273-2279.
- Odelade, K. A., & Babalola, O. O. (2019). Bacteria, fungi and archaea domains in rhizospheric soil and their effects in enhancing agricultural productivity. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 16(20), s. 3873.
- Odoh, C. K. (2017). Plant growth promoting rhizobacteria (PGPR): a bioprotectant bioinoculant for sustainable agrobiolgy. A review. *Int J Adv Res Biol Sci*, 4(5), s. 123-142.
- Omomowo, O. I., & Babalola, O. O. (2019). Bacterial and fungal endophytes: tiny giants with immense beneficial potential for plant growth and sustainable agricultural productivity. *Microorganisms*, 7(11), s. 481.

- Oniga, I., Pușcaș, C., Silaghi-Dumitrescu, R., Olah, N. K., Sevastre, B., Marica, R., Marcus, I., Sevastre-Berghian, A., Benedec, D., Pop, C. E., Hanganu, D. (2018). *Origanum vulgare* ssp. *vulgare*: Chemical composition and biological studies. *Molecules*, 23(8), s. 2077.
- Özbek, T., Güllüce, M., Şahin, F., Özkan, H., Sevsay, S., & Barış, Ö. (2008). Investigation of the antimutagenic potentials of the methanol extract of *Origanum vulgare* L. ssp. *vulgare* in the Eastern Anatolia Region of Turkey. *Turkish Journal of Biology*, 32(4), s. 271-276.
- Patel, T., & Saraf, M. (2017). Biosynthesis of phytohormones from novel rhizobacterial isolates and their *in vitro* plant growth-promoting efficacy. *Journal of Plant Interactions*, 12(1), s. 480-487.
- Pelo, S., Mavumengwana, V., & Green, E. (2020). Diversity and antimicrobial activity of culturable fungal endophytes in *Solanum mauritianum*. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(2), s. 439.
- Penrose, D. M., & Glick, B. R. (2003). Methods for isolating and characterizing ACC deaminase-containing plant growth-promoting rhizobacteria. *Physiologia Plantarum*, 118, 10-15.
- Philipson, M. N., & Blair, I. D. (1957). Bacteria in clover root tissue. *Canadian Journal of Microbiology*, 3(2), 125-129.
- Phillips, K. A., Skirpan, A. L., Liu, X., Christensen, A., Slewinski, T. L., Hudson, C., Barazesh, S., Cohen, J. D., Malcomber, S., McSteen, P. (2011). vanishing tassels2 encodes a grass-specific tryptophan aminotransferase required for vegetative and reproductive development in maize. *The Plant Cell*, 23(2), s. 550-566.
- Pillay, V., & Nowak, J. (1997). Inoculum density, temperature, and genotype effects on *in vitro* growth promotion and epiphytic and endophytic colonization of tomato (*Lycopersicon esculentum* L.) seedlings inoculated with a pseudomonad bacterium. *Canadian Journal of Microbiology*, 43(4), s. 354-361.
- Pollmann, S., Müller, A., & Weiler, E. W. (2006). Many roads lead to “auxin”: of nitrilases, synthases, and amidases. *Plant Biology*, 8(03), s. 326-333.
- Rajagopal, R. (1971). Metabolism of indole-3-acetaldehyde. III. Some characteristics of the aldehyde oxidase of *Avena* coleoptiles. *Physiologia Plantarum*, 24(2), s. 272-281.
- Rezaei-Chiyaneh, E., Amirnia, R., Machiani, M. A., Javanmard, A., Maggi, F., & Morshedloo, M. R. (2020). Intercropping fennel (*Foeniculum vulgare* L.) with common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as affected by PGPR inoculation: A strategy for improving yield, essential oil and fatty acid composition. *Scientia Horticulturae*, 261, 108951.
- Rezaei-Chiyaneh, E., Battaglia, M. L., Sadeghpour, A., Shokrani, F., Nasab, A. D., Raza, M. A., & von Cossel, M. (2021). Optimizing intercropping systems of black cumin (*Nigella sativa* L.) and fenugreek (*Trigonella foenum-graecum* L.) through inoculation with bacteria and mycorrhizal fungi. *Advanced sustainable systems*, 5(9), 2000269.
- Rodríguez, H., Fraga, R., Gonzalez, T., & Bashan, Y. (2006). Genetics of phosphate solubilization and its potential applications for improving plant growth-promoting bacteria. *Plant and soil*, 287(1), s. 15-21.

- Rojas, E. C., Jensen, B., Jørgensen, H. J., Latz, M. A., Esteban, P., Ding, Y., & Collinge, D. B. (2020). Selection of fungal endophytes with biocontrol potential against *Fusarium* head blight in wheat. *Biological Control*, 144, 104222.
- Sadeghi, F., Samsampour, D., Seyahooei, M. A., Bagheri, A., & Soltani, J. (2020). Fungal endophytes alleviate drought-induced oxidative stress in mandarin (*Citrus reticulata* L.): toward regulating the ascorbate–glutathione cycle. *Scientia Horticulturae*, 261, 108991.
- Sah, S., Singh, N., & Singh, R. (2017). Iron acquisition in maize (*Zea mays* L.) using *Pseudomonas siderophore*. 3 *Biotech*, 7(2), s. 1-7.
- Sahu, P. K., Singh, S., Gupta, A., Singh, U. B., Brahmaprakash, G. P., & Saxena, A. K. (2019). Antagonistic potential of bacterial endophytes and induction of systemic resistance against collar rot pathogen *Sclerotium rolfsii* in tomato. *Biological Control*, 137, 104014.
- Salam, M., & Varma, A. (2019). Bacterial community structure in soils contaminated with electronic waste pollutants from Delhi NCR, India. *Electronic Journal of Biotechnology*, 41, s. 72-80.
- Samish, Z., Ettinger-Tulczynska, R., & Bick, M. (1961). Microflora within healthy tomatoes. *Applied microbiology*, 9(1), 20-25.
- Santhoshkumar, R., Akash, P., Viswam, P., & Soniya, E. V. (2022). Imprints of PGPB association on the metabolic dynamism of *Piper nigrum*. *Journal of Plant Interactions*, 17(1), s. 967-979.
- Santi, C., Bogusz, D., & Franche, C. (2013). Biological nitrogen fixation in non-legume plants. *Annals of botany*, 111(5), s. 743-767.
- Santoyo, G., Moreno-Hagelsieb, G., del Carmen Orozco-Mosqueda, M., & Glick, B. R. (2016). Plant growth-promoting bacterial endophytes. *Microbiological research*, 183, s. 92-99.
- Santoyo, G., Equihua, A., Flores, A., Sepulveda, E., Valencia Cantero, E., Sanchez-Yañez, J. M., Moralez, L. R., Govindappa, M., de los Santos-Villalobos, S. (2019). Plant growth promotion by ACC deaminase-producing bacilli under salt stress conditions. *Bacilli and agrobiotechnology: phytostimulation and biocontrol* (s. 81-95). Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-030-15175-1_5.
- Santoyo, G., Urtis-Flores, C. A., Loeza-Lara, P. D., Orozco-Mosqueda, M., & Glick, B. R. (2021). Rhizosphere colonization determinants by plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR). *Biology*, 10(6), 475.
- Sarmah, R., & Sarma, A. K. (2022). Phosphate solubilizing microorganisms: A review. *Communications in Soil Science and Plant Analysis*, s. 1-10.
- Seçkin Dinler, B., & Çetinkaya, H. (2020). Bitkilerde giberellik asit hormonunun sentezi, sinyal iletimi ve tuz stresi altındaki etkileri. *Ziraat Fakültesi Dergisi*, 15(1), s. 56-63.
- Sekar, S., & Kandavel, D. (2010). Interaction of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) and endophytes with medicinal plants—new avenues for phytochemicals. *Journal of Phytology*, 2(7), 91-100.
- Shamseldin, A., Abdelkhalek, A., & Sadowsky, M. J. (2017). Recent changes to the classification of symbiotic, nitrogen-fixing, legume-associating bacteria: a review. *Symbiosis*, 71(2), s. 91-109.

- Shen, F. T., Yen, J. H., Liao, C. S., Chen, W. C., & Chao, Y. T. (2019). Screening of rice endophytic biofertilizers with fungicide tolerance and plant growth-promoting characteristics. *Sustainability*, 11(4):1133.
- Sheoran, N., Nadakkakath, A. V., Munjal, V., Kundu, A., Subaharan, K., Venugopal, V., Rajamma, S., Eapen, S. J., Kumar, A. (2015). Genetic analysis of plant endophytic *Pseudomonas putida* BP25 and chemo-profiling of its antimicrobial volatile organic compounds. *Microbiological research*, 173, s. 66-78.
- Smith, E. F. (1911). *Bacteria in relation to plant diseases* (Vol. 2, No. 27). Carnegie institution of Washington.
- Soldan, R., Mapelli, F., Crotti, E., Schnell, S., Daffonchio, D., Marasco, R., Fusi, M., Borin, S., Cardinale, M. (2019). Bacterial endophytes of mangrove propagules elicit early establishment of the natural host and promote growth of cereal crops under salt stress. *Microbiological research*, 223, s. 33-43.
- Sree, S. K., Yasodamma, N., & Paramageetham, C. (2010). Phytochemical screening and *in vitro* antibacterial activity of the methanolic leaf extract: *Sebastiania chamaelea* Muell. Arg. *The Bioscan*, 173-175.
- Stešević, D., Jaćimović, Ž., Šatović, Z., Šapčanin, A., Jančan, G., Kosović, M., & Damjanović-Vratnica, B. (2018). Chemical characterization of wild growing *Origanum vulgare* populations in Montenegro. *Natural Product Communications*, 13(10), 1934578X1801301031.
- Sun, B. T., Akutse, K. S., Xia, X. F., Chen, J. H., Ai, X., Tang, Y., Wang, Q., Feng, B. W., Goettel, M. S., You, M. S. (2018). Endophytic effects of *Aspergillus oryzae* on radish (*Raphanus sativus*) and its herbivore, *Plutella xylostella*. *Planta*, 248, s. 705-714.
- Suzuki, S., He, Y., & Oyaizu, H. (2003). Indole-3-acetic acid production in *Pseudomonas fluorescens* HP72 and its association with suppression of creeping bentgrass brown patch. *Current microbiology*, 47(2), s. 0138-0143.
- Tao, Y., Ferrer, J. L., Ljung, K., Pojer, F., Hong, F., Long, J. A., Li, L., Moreno, J. E., Bowman, M. E., Ivans, L. J., Cheng, Y., Lim, J., Zhao, Y., Ballaré, C. L., Sandberg, G., Noel, J. P., Chory, J. (2008). Rapid synthesis of auxin via a new tryptophan-dependent pathway is required for shade avoidance in plants. *Cell*, 133(1), s. 164-176.
- Temel, M., & Tokur, S. (2014a). *Origanum vulgare* L. (Lamiaceae) alttürlerinin karşılaştırmalı anatomisi. *Erciyes Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Fen Bilimleri Dergisi*, 30(3), s. 150-155.
- Temel, M., & Tokur, S. (2014b). *Origanum vulgare* L. (Lamiaceae) üç alttürünün korolojisi ve habitat özellikleri. *Journal of Science and Technology of Dumlupınar University*, (033), s. 53-64.
- Udvardi, M. K., & Day, D. A. (1997). Metabolite transport across symbiotic membranes of legume nodules. *Annual review of plant biology*, 48(1), s. 493-523.
- Unkovich, M., & Baldock, J. (2008). Measurement of asymbiotic N₂ fixation in Australian agriculture. *Soil Biology and Biochemistry*, 40(12), s. 2915-2921.
- Uyanık, M., Rezaeieh, K. A., Delen, Y., & Gürbüz, B. (2011). Baklagillerde bakteri aşılama ve azot fiksasyonu. *Ziraat Mühendisliği*, (357), s. 8-12.
- Vaikuntapu, P. R., Dutta, S., Samudrala, R. B., Rao, V. R., Kalam, S., & Podile, A. R. (2014). Preferential promotion of *Lycopersicon esculentum* (Tomato)

- growth by plant growth promoting bacteria associated with tomato. *Indian Journal of Microbiology*, 54(4), 403-412.
- Vazirian, M., Mohammadi, M., Farzaei, M. H., Amin, G., & Amanzadeh, Y. (2015). Chemical composition and antioxidant activity of *Origanum vulgare* ssp. *vulgare* essential oil from Iran. *Research Journal of Pharmacognosy*, 2(1), s. 41-46.
- Verma, S. K., & White, J. F. (2018). Indigenous endophytic seed bacteria promote seedling development and defend against fungal disease in browntop millet (*Urochloa ramosa* L.). *Journal of Applied Microbiology*, 124, s. 764-778.
- Verma, P. K., Verma, S., & Pandey, N. (2022). Root system architecture in rice: impacts of genes, phytohormones and root microbiota. *3 Biotech*, 12(9), 239.
- Vessey, J. K. (2003). Plant growth promoting rhizobacteria as biofertilizers. *Plant and soil*, 255(2), s. 571-586.
- Vimal, S. R., Singh, J. S., Arora, N. K., & Singh, S. (2017). Soil-plant-microbe interactions in stressed agriculture management: a review. *Pedosphere*, 27(2), s. 177-192.
- Wang, H., Wang, Y., Jiang, D., Xiang, Z., Wang, S., Kang, C., Zhang W., Ge, Y., Wang, T., Huang, L., Liu, D., Guo, L. (2022). Soil microbe inoculation alters the bacterial communities and promotes root growth of *Atractylodes lancea* under heat stress. *Plant and Soil*, 478(1-2), s. 371-389.
- Wang, R., Wang, H. L., Tang, R. P., Sun, M. Y., Chen, T. M., Duan, X. C., Lu, X. F., Liu, D., Shi, X. C., Laborda, P., Wang, S. Y. (2020). *Pseudomonas putida* represses JA-and SA-mediated defense pathways in rice and promotes an alternative defense mechanism possibly through ABA signaling. *Plants*, 9(12), 1641.
- Wang, W., Hao, Q., Wang, W., Li, Q., Chen, F., Ni, F., Wang, Y., Fu, D., Wu, D., Wang, W. (2019). The involvement of cytokinin and nitrogen metabolism in delayed flag leaf senescence in a wheat stay-green mutant, *tasg1*. *Plant Science*, 278, s. 70-79.
- World Health Organization. (2002). *WHO Traditional Medicine Strategy*. Geneva.
- Yadav, K. K., & Sarkar, S. (2019). Biofertilizers, impact on soil fertility and crop productivity under sustainable agriculture. *Environment and Ecology*, 37(1), s. 89-93.
- Yaldız, G., Kaşko Arıcı, Y., & Yılmaz, G. (2017). Phytochemical analysis, antioxidant and antibacterial activities of four *Lamiaceae* species cultivated in barnyard manure. *Journal of Agricultural Sciences*, 23 (1), s. 95-108.
- Yan, F., Azizi, A., Janke, S., Schwarz, M., Zeller, S., & Honermeier, B. (2016). Antioxidant capacity variation in the oregano (*Origanum vulgare* L.) collection of the German National Genebank. *Industrial Crops and Products*, 92, s. 19-25.
- Yüzbaşıoğlu, E. (2021). Baklagillerde simbiyotik kök nodül gelişimi. *International Journal of Advances in Engineering and Pure Sciences*, 33(1), s. 1-10.
- Zhan, L. X., Xu, L. H., & Jiang, C. L. (2012). Methods for the study of endophytic microorganisms from traditional Chinese medicine plants. *Methods in Enzymology*, Vol. 517 (s. 3-21). içinde Academic Press.
- Zhang, D., Lyu, Y., Li, H., Tang, X., Hu, R., Rengel, Z., Zhang, F., Whalley, W. R., Davies, W. J., Cahill Jr., J. F., Shen, J. (2020). Neighbouring plants modify

- maize root foraging for phosphorus: coupling nutrients and neighbours for improved nutrient-use efficiency. *New Phytologist*, 226(1), s. 244-253.
- Zhang, X. L., Guo, Y. S., Wang, C. H., Li, G. Q., Xu, J. J., Chung, H. Y., Ye, W. C., Li, Y. L., Wang, G. C. (2014). Phenolic compounds from *Origanum vulgare* and their antioxidant and antiviral activities. *Food chemistry*, 152, s. 300-306.
- Zhao, Y. (2012). Auxin biosynthesis: a simple two-step pathway converts tryptophan to indole-3-acetic acid in plants. *Molecular plant*, 5(2), s. 334-338.
- Zhou, J., Li, P., Meng, D., Gu, Y., Zheng, Z., Yin, H., Zhou, Q., Li, J. (2020). Isolation, characterization and inoculation of Cd tolerant rice endophytes and their impacts on rice under Cd contaminated environment. *Environmental Pollution*, 260:113990.



EKLER

EK 1. *Enterobacter ludwigii* strain BY-1 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848179 1394 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION Enterobacter ludwigii strain BY-1 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848179
 VERSION OQ848179.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Enterobacter ludwigii
 ORGANISM [Enterobacter ludwigii](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; Enterobacter cloacae complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1394)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from O. vulgare L. ssp. Vulgare, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1394)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..1394
 /organism="Enterobacter ludwigii"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-1"
 /db_xref="taxon:299767"
 /country="Turkey: Erzurum"
[rRNA](#)
 <1..>1394
 /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tcgaacggtg gcacagagag cttgctctcg ggtgacgagt ggcggacggg tgagtaaatgt
 61 ctgggaaact gcctgatgga gggggataac tactggaaac ggtagctaata accgcataac
 121 gtgcgaagac caaagagggg gaccttcggg cctcttgcca tcagatgtgc ccagatggga
 181 ttagctagta ggtggggtaa cggtcacct aggcgacgat ccctagctgg tctgagagga
 241 tgaccagcca cactggaact gagacacggt ccagactcct acgggaggca gcagtgggga
 301 atattgcaca atgggcgcaa gcctgatgca gccatgccgc gtgtatgaag aaggccttcg
 361 ggttgtaaag tactttcagc ggggagggaag gtgttggtgt taataaccgc agcaattgac
 421 gttaccgcga gaagaagcac cggttaactc cgtgccagca gccgcggtaa tacggagggg
 481 gcaagcggtt atcggaatta ctgggcgtaa agcgcacgca ggcggtctgt caagtcggat
 541 gtgaaatccc cggtctcaac ctgggaactg cattcgaaac tggcagggta gactcttgta
 601 gaggggggta gaattccagg ttagcggtg aaatgcgtag agatctggag gaataccggt
 661 ggcaaggcgc gccccctgga caaagactga cgctcaggtg cgaaagcgtg gggagcaaac
 721 aggattagat accctggtag tccacgcggt aaacgatgtc gacttgaggg ttgtgccctt
 781 gaggcgtggc ttccggagct aacgcgttaa gtgcaccgcc tggggagtac ggccgcaagg
 841 ttaaaactca aatgaattga cgggggccgc cacaagcggg ggagcatgtg gtttaattcg
 901 atgcaacgcg aagaacctta cctactcttg acatccagag aacttagcag agatgctttg
 961 gtgccttcgc gaactctgag acaggtgctg catggctgtc gtcagctcgt gttgtgaaat
 1021 gttgggttaa gtcccgaac gagcgcaacc cttatccttt gttgccagcg gtccggccgg
 1081 gaactcaaag gagactgcca gtgataaact ggaggaaggt ggggatgacg tcaagtcac
 1141 atggccctta cgagtagggc tacacacgtg ctacaatggc gcatacaaa agaacggaac
 1201 tcgcgagagc aagcggacct cataaagtgc gtcgtagtcc ggattggagt ctgcaactcg
 1261 actccatgaa gtgcgaatcg ctagtaatcg tagatcagaa tgctacgggt aatacgttcc
 1321 cgggccttgt acacaccgcc cgtcacacca tgggagtggg ttgcaaaaga agtaggtagc
 1381 ttaaccttcg ggag

EK 2. *Pantoea* sp. strain BY-2 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848180 659 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Pantoea* sp. strain BY-2 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848180
 VERSION OQ848180.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Pantoea* sp.
 ORGANISM [Pantoea sp.](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Erwiniaceae; *Pantoea*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 659)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 659)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..659
 /organism="Pantoea sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-2"
 /db_xref="taxon:69393"
 /country="Turkey: Erzurum"
[rRNA](#) <1..>659
 /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tccacgccgt aaacgatgtc gacttgagg ttgttccctt gaggagtggc ttccggagct
 61 aacgcgttaa gtcgaccgcc tggggagtac ggccgcaagg ttaaaactca aatgaattga
 121 cgggggcccg cacaagcggg ggagcatgtg gtttaattcg atgcaacgcg aagaacctta
 181 cctactcttg acatccagag aactttccag agatggattg gtgccttcgg gaactgtgag
 241 acagggtgctg catggctgtc gtcagctcgt gttgtgaaat gttgggttaa gtcccgaac
 301 gagcgcaacc cttatccttt gttgccagcg cgtgatggcg ggaactcaaa ggagactgcc
 361 ggtgataaac cggaggaagg tggggatgac gtcaagtcac catggccctt acgagtaggg
 421 ctacacacgt gctacaatgg cgcatacaaa gagaagcgac ctgcgcagag caagcggacc
 481 tcacaaaagt cgctcgtatg cggatcggag tctgcaactc gactccgtga agtcggaatc
 541 gctagtaatc gtggatcaga atgccacggt gaatacgttc ccgggccttg tacacaccgc
 601 ccgtcacacc atgggagtgg gttgcaaaag aagtaggtag cttaaccttc gggagggcg

EK 3. *Enterobacter* sp. strain BY-3 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848181 1392 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Enterobacter* sp. strain BY-3 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848181
 VERSION OQ848181.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Enterobacter* sp.
 ORGANISM [Enterobacter sp.](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; *Enterobacter*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1392)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1392)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1392
 /organism="Enterobacter sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-3"
 /db_xref="taxon:42895"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1392
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 cggtagcac gagagcttgc tctcgggtga cgagtggcgg acgggtgagt aatgtctggg
 61 aaactgcctg atggaggggg ataactactg gaaacggtag ctaataccgc ataactgcgc
 121 aagaccaaag agggggacct tcgggcctct tgccatcaga tgtgcccaga tgggattagc
 181 tagtagtg ggtaacggct cactaggcg acgatcccta gctggtctga gaggatgacc
 241 agccacactg gaactgagac acggtccaga ctctacggg aggcagcagt ggggaatatt
 301 gcacaatgg cgcaagcctg atgcagccat gccgcgtgta tgaagaaggc cttcgggttg
 361 taaagtactt tcagcgggga ggaaggtgtt gtggttaata accgcagcaa ttgacgttac
 421 ccgcagaaga agcaccggct aactccgtgc cagcagccgc ggtaatacgg agggtgcaag
 481 cgtaaatcgg aattactggg cgtaaagcgc acgcaggcgg tctgtcaagt cggatgtgaa
 541 atccccgggc tcaacctggg aactgcattc gaaactggca ggctagagtc ttgtagaggg
 601 gggtagaatt ccagggtgtag cggtgaaatg cgtagagatc tggaggaata ccggtggcga
 661 agcgggcccc ctggacaaag actgacgctc aggtgcgaaa gcgtggggag caaacaggat
 721 tagataccct ggtagtccac gccgtaaacg atgtcgactt ggaggttgtg cccttagaggc
 781 gtggcttccg gagctaacgc gttaagtcca ccgcctgggg agtacggccg caaggttaaa
 841 actcaaatga attgacgggg gccgcacaaa gcggtggagc atgtggttta attcgatgca
 901 acgcgaagaa ccttacctac tcttgacatc cagagaactt tccagagatg gattggtgcc
 961 ttcgggaact ctgagacagg tgctgcatgg ctgtcgtcag ctctgttgtt gaaatgttgg
 1021 gttaagtccc gcaacgagcg caacccttat cctttgttgc cagcggtccg gccgggaact
 1081 caaaggagac tgccagtgat aaactggagg aaggtgggga tgacgtcaag tcatcatggc
 1141 ccttacgagt agggctacac acgtgttaca atggcgcata caaagagaag cgaactcgcg
 1201 agagcaagcg gacctcataa agtgcgtcgt agtccggatt ggagtctgca actcgactcc
 1261 atgaagtccg aatcgctagt aatcgtagat cagaatgcta cgggtgaatac gttcccgggc
 1321 cttgtacaca ccgcccgcca caccatggga gtgggttgca aaagaagtag gtagcttaac
 1381 cttcgggagg gc

EK 4. *Enterobacter ludwigii* strain BY-4 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848182 1391 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION Enterobacter ludwigii strain BY-4 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848182
 VERSION OQ848182.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Enterobacter ludwigii
 ORGANISM [Enterobacter ludwigii](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; Enterobacter cloacae complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1391)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1391)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1391
 /organism="Enterobacter ludwigii"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-4"
 /db_xref="taxon:299767"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1391
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 gtcgaacggt agcacagaga gcttgctctc ggggtgacgag tggcggacgg gtgagtaatt
 61 tctgggaaac tgcttgatgg agggggataa ctactggaaa cggtagctaa taccgcataa
 121 cgtcgaaga ccaagagagg ggaccttcgg gcctcttgcc atcagatgtg cccagatggg
 181 attagctagt aggtggggta acggctcacc taggcgacga tccctagctg gtctgagagg
 241 atgaccagcc aactggaac tgagacacgg tccagactcc tacgggaggg agcagtgggg
 301 aatattgcac aatgggcgca agcctgatgc agccatgccg cgtgtatgaa gaaggccttc
 361 ggggtgtaaa gtactttcag cggggaggaa ggtgttgtgg ttaataaccg cagcaattga
 421 cgttaccgcg agaagaagca cgggctaact ccgtgccagc agccgcggta ataccgaggg
 481 tgcaagcgtt aatcggaatt actgggcgta aagcgcacgc aggcggctctg tcaagtcgga
 541 tgtgaaatcc ccgggctcaa cctgggaact gcattcgaaa ctggcaggct agagtcttgt
 601 agaggggggt agaattccag gtgtagcggg gaaatgcgta gagatctgga ggaataccgg
 661 tggcgaaggg ggcgccctgg acaaagactg acgctcaggt gcgaaagcgt ggggagcaaa
 721 caggattaga taccctggta gtccacgcgg taaacgatgt cgacttgagg gttgtgccct
 781 tgaggcgtgg ctcccgagc taacgcgtta agtcgaccgc ctggggagta cggccgcaag
 841 gttaaaactc aaatgaattg acggggggcc gcacaagcgg tggagcatgt ggtttaattc
 901 gatgcaacgc gaagaacctt acctactctt gacatccaga gaacttagca gagatgcttt
 961 ggtgccttcg ggaactctga gacaggtgct gcatggctgt cgtagctctg tgttgtgaaa
 1021 tgttgggtta agtcccgcga cgagcgcaac ccttatcctt tgttgccagg ggtccggccg
 1081 ggaactcaaa ggagactgcc agtgataaac tggaggaagg tggggatgac gtcaagtcat
 1141 catggccctt acgagtaggg ctacacacgt gctacaatgg cgcatacaaa gagaagcgaa
 1201 ctgcgagag caagcggacc tcataaagtg cgctcgtatg cggattggag tctgcaactc
 1261 gactccatga agtcggaatc gctagtaatc gtagatcaga atgctacggt gaatacgttc
 1321 ccgggccttg tacacaccgc ccgtcacacc atgggagtggt gttgcaaaa aagtaggtag
 1381 cttaaccttc g

EK 5. *Pantoea eucalypti* strain BY-5 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848183 736 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Pantoea eucalypti* strain BY-5 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848183
 VERSION OQ848183.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Pantoea eucalypti*
 ORGANISM [Pantoea eucalypti](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Erwiniaceae; *Pantoea*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 736)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 736)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..736
 /organism="Pantoea eucalypti"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-5"
 /db_xref="taxon:[470933](#)"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>736
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 gaaggcggcc ccctggacaa agactgacgc tcaggtgcga aagcgtgggg agcaaacagg
 61 attagatacc ctggtagtcc acgccgtaaa cgatgtcgac ttggagggtg ttcccttgag
 121 gagtggcttc cggagctaac gcgttaagtc gaccgcctgg ggagtacggc cgcaaggtta
 181 aaactcaaat gaattgacgg gggcccgcac aagcgtgga gcatgtggtt taattcgatg
 241 caacgcgaag aaccttacct actcttgaca tccagagaac tttccagaga tggattggtg
 301 ctttcgggaa ctgtgagaca ggtgctgcat ggctgtcgtc agctcgtggt gtgaaatggt
 361 gggtaagtc ccgcaacgag cgcaaccctt atcctttggt gccagcgcgt gatggcggga
 421 actcaaagga gactgccggt gataaaccgg aggaaggtgg ggatgacgtc aagtcacatc
 481 ggcccttacg agtagggcta cacacgtgct acaatggcgc atacaaagag aagcgacctc
 541 gcgagagcaa gcggacctca caaagtgcgt cgtagtccgg atcggagtct gcaactcgac
 601 tccgtgaagt cggaaatcgt agtaatcgtg gatcagaatg ccacggtgaa tacgttcccc
 661 ggccttgtag acaccgccg tcacaccatg ggagtgggtt gcaaaagaag taggtagctt
 721 aaccttcggg agggcg

EK 6. *Pantoea* sp. strain BY-6 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848184 1123 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Pantoea* sp. strain BY-6 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848184
 VERSION OQ848184.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Pantoea* sp.
 ORGANISM [Pantoea sp.](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Erwiniaceae; *Pantoea*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1123)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1123)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..1123
 /organism="Pantoea sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-6"
 /db_xref="taxon:69393"
 /country="Turkey: Erzurum"
[rRNA](#) <1..>1123
 /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tacgggaggc agcagtgggg aatattgcac aatgggcgca agcctgatgc agccatgccg
 61 cgtgtatgaa gaaggccttc gggttgtaaa gtactttcag cggggaggaa ggcgatgccg
 121 ttaataaccg cgtcgattga cgttaccgcg agaagaagca cgggctaatt ccgtgccagc
 181 agccgcggta atacggaggg tgcaagcggt aatcggaatt actgggcgta aagcgcacgc
 241 agcggtctg ttaagtcaga tgtgaaatcc cggggcttaa cctgggaact gcatttgaaa
 301 ctggcaggct tgagtcttgt agaggggggt agaattccag gtgtagcggg gaaatgcgta
 361 gagatctgga ggaataccgg tggcgaaggg ggccccctgg acaaagactg acgctcaggt
 421 gcgaaagcgt ggggagcaaa caggattaga taccctggta gtccacgccg taaacgatgt
 481 cgacttgag gttgttcctt tgaggagtgg cttccggagc taacgcgtta agtcgaccgc
 541 ctggggagta cggccgcaag gttaaaactc aaatgaattg acggggggccc gcacaagcgg
 601 tggagcatgt ggtttaattc gatgcaacgc gaagaacctt acctactctt gacatccagc
 661 gaatttagca gagatgcttt ggtgccttcg ggaacgctga gacaggtgct gcatggctgt
 721 cgtcagctcg tgtgtgaaa tgttggttta agtcccgcga cgagcgcaac cttatcctt
 781 tgttgccagc gattcggctg ggaactcaaa ggagactgcc ggtgataaac cggaggaagg
 841 tggggatgac gtcaagtcac catggccctt acgagtaggg ctacacacgt gctacaatgg
 901 cgcatacaaa gagaagcgac ctgcgcgag caagcggacc tcacaaagtg cgtcgtagtc
 961 cggatcgag tctgcaactc gactccgtga agtcggaatc gctagtaatc gtggatcaga
 1021 atgccacggt gaatacgttc ccgggccttg tacacaccgc ccgtcacacc atgggagtg
 1081 gttgcaaaag aagtaggtag cttaaccttc gggagggcgc tta

EK 7. *Enterobacter* sp. strain BY-7 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848185 1114 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Enterobacter* sp. strain BY-7 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848185
 VERSION OQ848185.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Enterobacter* sp.
 ORGANISM [Enterobacter sp.](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; *Enterobacter*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1114)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1114)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1114
 /organism="*Enterobacter* sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-7"
 /db_xref="taxon:42895"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1114
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tacgggaggc agcagtggg aatattgcac aatgggcgca agcctgatgc agccatgccg
 61 cgtgtatgaa gaaggccttc gggttgtaaa gtactttcag cggggaggaa ggtgttgtgg
 121 ttaataaccg cagcaattga cgttaccgcg agaagaagca cgggctaact ccgtgccagc
 181 agccgcggtg ataccggagg tgcaagcggt aatcggaatt actgggcgta aagcgcacgc
 241 aggcggtctg tcaagtcgga tgtgaaatcc ccgggctcaa cctgggaact gcattcgaaa
 301 ctggcaggct agagtcttgt agaggggggt agaattccag gtgtagcggg gaaatgcgta
 361 gagatctgga ggaataccgg tggcgaaggg ggccccctgg acaaagactg acgctcagggt
 421 gcgaaagcgt ggggagcaaa caggattaga taccctggta gtccacgcgg taaacgatgt
 481 cgacttggag gttgtgccct tgaggcgtgg cttccggagc taacgcgtta agtcgaccgc
 541 ctggggagta cggccgcaag gttaaaactc aaatgaattg acggggggccc gcacaagcgg
 601 tggagcatgt ggtttaattc gatgcaacgc gaagaacctt acctactctt gacatccaga
 661 gaactttcca gagatggatt ggtgccttcg ggaactctga gacaggtgct gcatggctgt
 721 cgtcagctcg tgttgtgaaa tgttggttta agtcccgcaa cgagcgcaac ccttatcctt
 781 tgttgccagc ggtccgcccg ggaactcaaa ggagactgcc agtgataaac tggaggaagg
 841 tggggatgac gtcaagtcac catggccctt acgagtaggg ctacacacgt gctacaatgg
 901 cgatacaaaa gagaagcgaa ctccgcgagag caagcggacc tcataaagtg cgtcgtagtc
 961 cggattggag tctgcaactc gactccatga agtcggaatc gctagtaatc gtagatcaga
 1021 atgctacggt gaatacgttc ccgggccttg tacacaccgc ccgtcacacc atgggagtg
 1081 gttgcaaaaag aagtaggtag cttaaccttc ggga

EK 8. *Pantoea agglomerans* strain BY-8 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848186 1390 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Pantoea agglomerans* strain BY-8 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848186
 VERSION OQ848186.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Pantoea agglomerans*
 ORGANISM [Pantoea agglomerans](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Erwiniaceae; *Pantoea*; *Pantoea agglomerans* group.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1390)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1390)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1390
 /organism="Pantoea agglomerans"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-8"
 /db_xref="taxon:549"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1390
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 gacggtagca cagaggagct tgctccttgg gtgacgagtg gcggacgggt gagtaatgtc
 61 tggggatctg cccgatatag ggggataacc actggaaacg gtggcctaata ccgcataaac
 121 tcgcaagacc aaagaggggg accttcgggc ctctcactat cggatgaacc cagatgggat
 181 tagctagtag gcggggtaat ggcccaccta ggcgacgac cctagctggt ctgagaggat
 241 gaccagccac actggaactg agacacggtc cagactccta cgggaggcag cagtggggaa
 301 tattgcacaa tgggcgcaag cctgatgcag ccatgccgcg tgtatgaaga aggccttcg
 361 gttgtaaagt actttcagcg gggaggaagg cgatgcggtt aataaccgcg tcgattgacg
 421 ttaccgcgag aagaagcacc ggctaactcc gtgccagcag ccgcggtaac acggaggggt
 481 caagcggtta tcggaattac tgggcgtaaa gcgcacgcag gcggtctgtt aagtcagatg
 541 tgaaatcccc gggttaacc tgggaactgc atttgaaact ggcaggtctg agtctttag
 601 aggggggtag aattccaggt gtacggtgta aatgcgtaga gatctggagg aataccggtg
 661 gcgaagcgcg ccccttgac aaagactgac gctcaggtgc gaaagcgtgg ggagcaaa
 721 ggattagata ccctggtagt ccacgcgta aacgatgtcg acttgagggt tgttcccttg
 781 aggagtggct tccggagcta acgcgttaag tcgaccgcct ggggagtacg gccgcaaggt
 841 taaaactcaa atgaattgac gggggcccg acaagcgttg gagcatgtgg ttaattcga
 901 tgcaacgcga agaaccctac ctactcttga catccagcga acttagcaga gatgctttg
 961 tgccttcggg aacgctgaga cagggtgtgc atggctgtcg tcagctcgtg ttgtgaaatg
 1021 ttgggttaag tcccgcaacg agcgcaacc ttatcctttg ttgccagcga ttcggtcggg
 1081 aactcaaaag agactgccg tgataaacg gaggaagggt gggatgacgt caagtcacat
 1141 tggcccttac gagtagggct acacacgtgc tacaatggcg catacaaaga gaagcgacct
 1201 cgcgagagca agcggacctc acaaagtgcg tcgtagtccg gatcggagtc tgcaactcga
 1261 ctccgtgaag tcggaatcgc tagtaatcgt ggatcagaat gccacggtga atacgttccc
 1321 gggccttgta cacaccgccc gtcacaccat gggagtgggt tgcaaaagaa gtaggtagct
 1381 taaccttcgg

EK 9. *Enterobacter ludwigii* strain BY-9 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS QQ848187 1391 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION Enterobacter ludwigii strain BY-9 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION QQ848187
 VERSION QQ848187.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Enterobacter ludwigii
 ORGANISM [Enterobacter ludwigii](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; Enterobacter cloacae complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1391)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from O. vulgare L. ssp. Vulgare, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1391)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..1391
 /organism="Enterobacter ludwigii"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-9"
 /db_xref="taxon:299767"
 /country="Turkey: Erzurum"
[rRNA](#) <1..>1391
 /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 cgaacggttag cacagagagc ttgctctcgg gtgacgagtg gcggacgggt gagtaattgtc
 61 tgggaaactg cctgatggag ggggataact actggaaacg gtagctaata ccgcataaacg
 121 tcgcaagacc aaagaggggg accttcgggc ctcttgccat cagatgtgcc cagatgggat
 181 tagctagtag gtggggtaac ggctcaccta ggcgacgac cctagctggt ctgagaggat
 241 gaccagccac actggaactg agacacgggc cagactccta cgggagggc cagtggggaa
 301 tattgcacaa tgggcgcaag cctgatgcag ccatgccgcg tgtatgaaga aggccttcgg
 361 gttgtaaagt actttcagcg gggaggaagg tgttggtggt aataaccgca gcaattgacg
 421 ttaccgcgag aagaagcacc ggctaactcc gtgccagcag ccgcggtaat acggagggtg
 481 caagcggtta tcggaattac tgggcgtaaa gcgcacgcag gcggtctgtc aagtcgggat
 541 tgaaatcccc gggctcaacc tgggaaactg attcgaaact ggcaggctag agtctttag
 601 aggggggtag aattccaggt gtacggtgta aatgcgtaga gatctggagg aataccggtg
 661 gcgaaggcgg ccccttgtag aaagactgac gctcaggtgc gaaagcgtgg ggagcaaaaca
 721 ggattagata ccctggtagt ccacgcccga aacgatgtcg acttgagggt tgtgcccttg
 781 aggcgtggct tccggagcta acgcgttaag tcgaccgcct ggggagtagc gccgcaaggt
 841 taaaactcaa atgaattgac gggggcccgc acaagcgggt gagcatgtgg tttaattcga
 901 tgcaacgcga agaaccttac ctactcttga catccagaga acttagcaga gatggttttg
 961 tgccttcggg aactctgaga caggtgctgc atggctgtcg tcagctcgtg ttgtgaaatg
 1021 ttgggttaag tcccgcacac agcgcaaccc ttatcctttg ttgccagcgg tccggccggg
 1081 aactcaaagg agactgccag tgataaactg gaggaagggt gggatgacgt caagtcacat
 1141 tggcccttac gagtagggct acacacgtgc tacaatggcg catacaaaga gaagcgaact
 1201 cgcgagagca agcggacctc ataaagtgcg tcgtagtccg gattggagtc tgcaactcga
 1261 ctccatgaag tcggaatcgc tagtaatcgt agatcagaat gctacggtga atacgttccc
 1321 gggccttgta cacaccgccc gtcacacat gggagtgggt tgcaaaagaa gtaggttagct
 1381 taaccttcgg g

EK 10. *Enterobacter ludwigii* strain BY-10 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848188 1393 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION Enterobacter ludwigii strain BY-10 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848188
 VERSION OQ848188.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Enterobacter ludwigii
 ORGANISM [Enterobacter ludwigii](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; Enterobacter cloacae complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1393)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1393)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1393
 /organism="Enterobacter ludwigii"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-10"
 /db_xref="taxon:299767"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1393
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tcgaacggta gcacagagag cttgctctcg ggtgacgagt ggccggacggg tgagtaatgt
 61 ctgggaaact gcctgatgga gggggataac tactggaaac ggtagctaata accgcataac
 121 gtcgcaagac caaagagggg gaccttcggg cctcttgcca tcagatgtgc ccagatggga
 181 ttagctagta ggtggggtaa cggctcacct aggcgacgat ccctagctgg tctgagagga
 241 tgaccagcca cactggaact gagacacggt ccagactcct acgggaggca gcagtgggga
 301 atattgcaca atgggcgcaa gcctgatgca gccatgccgc gtgtatgaag aaggccttcg
 361 ggttgtaaag tactttcagc ggggaggaag gtgttggtgt taataaccgc agcaattgac
 421 gttaccgcga gaagaagcac cggctaactc cgtgccagca gccgcggtta tacggagggt
 481 gcaagcggtta atcggaatta ctgggcgtaa agcgcacgca ggccggtctgt caagtcggat
 541 gtgaaatccc cgggctcaac ctggggaactg cattcgaaac tggcagggcta gagtcttgta
 601 gaggggggta gaattccagg ttagcgggtg aaatgcgtag agatctggag gaataccggt
 661 ggcgaagcgc gccccctgga caaagactga cgtcagggtg cgaaagcgtg gggagcaaac
 721 aggattagat accctggtag tccacgccgt aaacgatgtc gacttgaggg ttgtgccctt
 781 gaggcgtggc ttccggagct aacgcgttaa gtcgaccgcc tggggagtag ggccgcaagg
 841 ttaaaactca aatgaattga cgggggcccgc cacaagcggg ggagcatgtg gtttaattcg
 901 atgcaacgcg aagaacctta cctactcttg acatccagag aacttagcag agatgctttg
 961 gtgccttcgg gaactctgag acaggtgctg catggctgtc gtcagctcgt gttgtgaaat
 1021 gttgggttaa gtcccgaac gagcgcaacc cttatccttt gttgccagcg gtccggcccg
 1081 gaactcaaag gagactgcca gtgataaact ggaggaaggt ggggatgacg tcaagtcatc
 1141 atggccctta cgagtaggcg tacacacgtg ctacaatggc gcatacaaaag agaagcgaac
 1201 tcgcgagagc aagcggacct cataaagtgc gtcgtagtcc ggattggagt ctgcaactcg
 1261 actccatgaa gtcggaatcg ctagtatcgc tagatcagaa tgctacgggt aatacgttcc
 1321 cgggccttgt acacaccgcc cgtcacacca tgggagtggtg ttgcaaaaaga agtaggttagc
 1381 ttaaccttcg gga

EK 11. *Enterobacter ludwigii* strain BY-11 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848189 1347 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION Enterobacter ludwigii strain BY-11 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848189
 VERSION OQ848189.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Enterobacter ludwigii
 ORGANISM [Enterobacter ludwigii](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; Enterobacter cloacae complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1347)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1347)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1347
 /organism="Enterobacter ludwigii"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-11"
 /db_xref="taxon:299767"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1347
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 gctctcgggt gacgagtggc ggacgggtga gtaatgtctg ggaaactgcc tgatggaggg
 61 ggataactac tggaaacggt agctaatacc gcataacgtc gcaagaccaa agagggggac
 121 cttcgggcct cttgccatca gatgtgccca gatgggatta gctagtaggt ggggtaacgg
 181 ctcacctagg cgacgatccc tagctggtct gagaggatga ccagccacac tggaaactgag
 241 acacggtcca gactcctacg ggaggcagca gtggggaata ttgcacaatg ggcgcaagcc
 301 tgatgcagcc atgccgcgtg tatgaagaag gccttcgggt tgtaaagtac tttcagcggg
 361 gaggaaggtg ttgtggttaa taaccgcagc aattgacgtt acccgcagaa gaagcaccgg
 421 ctaactccgt gccagcagcc gcggtataac ggagggtgca agcgtaatc ggaattactg
 481 ggcgtaaaagc gcacgcagcc ggtctgtcaa gtcggatgtg aaatccccgg gctcaacctg
 541 ggaactgcat tcgaaactgg caggctagag tctttagtag gggggtagaa ttccaggtgt
 601 agcgggtgaaa tgcgtagaga tctggaggaa taccggtggc gaaggcggcc ccctggacaa
 661 agactgacgc tcagggtcga aagcgtgggg agcaaacagg attagatacc ctggtagtcc
 721 acgccgtaaa cgatgtcgac ttggaggttg tgcccttgag gcgtggcttc cggagctaac
 781 gcgttaagtc gaccgcctgg ggagtacggc cgcaaggtta aaactcaaat gaattgacgg
 841 gggcccgcac aagcgggtga gcatgtggtt taattcgatg caacgcgaag aaccttacct
 901 actcttgaca tccagagaac ttagcagaga tgctttggtg ccttcgggaa ctctgagaca
 961 ggtgctgcat ggctgtcgtc agctcgtggt gtgaaatggt ggggttaagtc ccgcaacgag
 1021 cgcaaccctt atcctttgtt gccagcggtc cggccgggaa ctcaaaggag actgccagt
 1081 ataaactgga ggaaggtggg gatgacgtca agtcatcatg gcccttacga gtagggctac
 1141 acacgtgcta caatggcgca taaaaagaga agcgaactcg cgagagcaag cggacctcat
 1201 aaagtgcgtc gtagtccgga ttggagtctg caactcgact ccatgaagtc ggaatcgcta
 1261 gtaatcgtag atcagaatgc tacgggtaat acgttcccg gccttgtaga caccgcccg
 1321 cacaccatgg gattgggttg caaaaga

EK 12. *Enterobacter ludwigii* strain BY-12 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848190 1390 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Enterobacter ludwigii* strain BY-12 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848190
 VERSION OQ848190.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Enterobacter ludwigii*
 ORGANISM [Enterobacter ludwigii](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; Enterobacter; Enterobacter cloacae complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1390)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1390)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..1390
 /organism="Enterobacter ludwigii"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-12"
 /db_xref="taxon:299767"
 /country="Turkey: Erzurum"
[rRNA](#) <1..>1390
 /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 caagtgcgaac ggtagcacag agagcttgct ctccgggtgac gagtggcgga cgggtgagta
 61 atgtctggga aactgcctga tggaggggga taactactgg aaacggtagc taataccgca
 121 taacgtcgca agaccaaaga gggggacctt cgggcctctt gccatcagat gtgcccagat
 181 gggattagct agtaggtggg gtaacggctc acctaggcga cgatccctag ctggtctgag
 241 aggatgacca gccacactgg aactgagaca cgggtccagac tcctacggga ggcagcagtg
 301 gggaatattg cacaatgggc gcaagcctga tgcagccatg ccgcgtgtat gaagaaggcc
 361 ttcgggttgt aaagtacttt cagcggggag gaaggtgttg tggttaataa ccgcagcaat
 421 tgacgttacc cgcaagaaga gcaccggcta actccgtgcc agcagccgag gtaatacggga
 481 ggggtgcaagc gttaatcgga attactgggc gtaaacgcga cgcagggcgt ctgtcaagtc
 541 ggatgtgaaa tccccgggct caacctggga actgcattcg aaactggcag gctagagtct
 601 ttagaggggg ggtagaattc caggtgtagc ggtgaaatgc gtagagatct ggaggaatac
 661 cgggtggcga ggcggccccc tggacaaaga ctgacgctca ggtgcaaaag cgtgggggagc
 721 aaacaggatt agataccctg gtagtccacg ccgtaaacga tgtcgacttg gagggttgtc
 781 ccttgaggcg tggcttccgg agctaaccgc ttaagtcgac cgcctgggga gtacggccgc
 841 aagggttaaaa ctcaaatgaa ttgacggggg cccgcacaag cgggtggagca tgtggtttaa
 901 ttcgatgcaa cgcgaagaac cttacctact cttgacatcc agagaactta gcagagatgc
 961 tttggtgcct tcgggaactc tgagacaggt gctgcatggc tgtcgtcagc tcgtgttgtg
 1021 aaatgttggg ttaagtcccg caacgagcgc aacccttatc ctttgttgcc agcgggtccgg
 1081 ccgggaactc aaaggagact gccagtgata aactggagga aggtggggat gacgtcaagt
 1141 catcatggcc cttacgagta gggctacaca cgtgctacaa tggcgcatatc aaagagaagc
 1201 gaactcgca gagcaagcgg acctcataaa gtgcgtcgta gtccggattg gagtctgcaa
 1261 ctcgactcca tgaagtcgga atcgctagta atcgtagatc agaattgctac ggtgaatac
 1321 tccccgggccc ttgtacacac cgcccgtcac accatgggag tgggttgcaa aagaagtagg
 1381 tagcttaacc

EK 13. *Pantoea vagans* strain BY-13 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848191 956 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Pantoea vagans* strain BY-13 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848191
 VERSION OQ848191.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Pantoea vagans*
 ORGANISM [Pantoea vagans](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Erwiniaceae; *Pantoea*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 956)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 956)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..956
 /organism="Pantoea vagans"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-13"
 /db_xref="taxon:470934"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>956
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 ttccggggcca gcagccgcgg taatacggag ggtgcaagcg ttaatcggaa ttactgggag
 61 taaagcgcac gcaggcgggt tgtaaagtc gatgtgaaat ccccgggctt aacctgggaa
 121 ctgcatttga aactggcagg cttgagtcct gtagaggggg gtagaattcc aggtgtagcg
 181 gtgaaatgcg tagagatctg gaggaatacc ggtggcgaag gcggccccct ggacaaagac
 241 tgacgctcag gtgcgaaagc gtggggagca aacaggatta gataccctgg tagtccacgc
 301 cgtaaacgat gtcgacttgg aggttgttcc cttgaggagt ggcttccgga gctaacgcgt
 361 taagtgcacc gcctggggag tacggccgca aggtttaaac tcaaatgaat tgacgggggc
 421 ccgcacaagc ggtggagcat gtggtttaat tcgatgcaac gcgaagaacc ttacctactc
 481 ttgacatcca gagaacttcc cagagatgca ttggtgcctt cggaactgt gagacaggtg
 541 ctgcatggct gtcgtcagct cgtgttgtag aatgttgggt taagtccgc aacgagcgca
 601 acccttatcc tttgttgcca gcgcgtgatg gcgggaactc aaaggagact gccggtgata
 661 aaccggagga aggtggggat gacgtcaagt catcatggcc cttacgagta gggctacaca
 721 cgtgctacaa tggcgcatac aaagagaagc gacctcgca gagcaagcgg acctcacaaa
 781 gtgcgtcgta gtccgcatcg gactctgcaa ctgcactccg tgaagtcgga atcgctagta
 841 atcgtaggatc agaatgccac ggtgaatacg ttccccggcc ttgtacacac cgcccgtcac
 901 accatgggag tgggttgcaa aagaagtagg tagcttaacc ttcgggaggg cggttac

EK 14. *Enterobacter* sp. strain BY-14 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848192 1399 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Enterobacter* sp. strain BY-14 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848192
 VERSION OQ848192.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Enterobacter* sp.
 ORGANISM [Enterobacter sp.](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; *Enterobacter*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1399)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1399)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1399
 /organism="Enterobacter sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-14"
 /db_xref="taxon:42895"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1399
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 gtcgaacggt agcacagaga gcttgctctc ggggtgacgag tggcggaagg gtgagtaatt
 61 tctgggaaac tgctgatgg agggggataa ctactggaaa cggtagctaa taccgcataa
 121 cgtcgcaaga ccaagagagg ggaccttcgg gcctcttgcc atcagatgtg cccagatggg
 181 attagctagt aggtgggcta acggctcacc taggcgacga tccctagctg gtctgagagg
 241 atgaccagcc aacttgaac tgagacacgg tccagactcc tacgggaggg agcagtgggg
 301 aatattgcac aatgggcgca agcctgatgc agccatgccg cgtgtatgaa gaaggccttc
 361 ggggtgtaaa gtactttcag cggggaggaa ggtgttggg ttaataaccg cagcaattga
 421 cgttaccgcg agaagaagca cgggctaact ccgtgccagc agccgcggta ataccgaggg
 481 tgcaagcggt aatcggaatt actgggcgta aagcgacgc aggcggctctg tcaagtcgga
 541 tgtgaaatcc ccgggctcaa cctgggaact gcattcgaaa ctggcaggct agagtcttgt
 601 agaggggggt agaattccag gtgtagcggg gaaatgcgta gagatctgga ggaataccgg
 661 tggcgaaagg ggcgccctgg acaaagactg acgctcaggt gcgaaagcgt ggggagcaaa
 721 caggattaga taccctggta gtccacgcgg taaacgatgt cgacttggag gttgtgccct
 781 tgaggcggtg ctcccgagc taacgcgtta agtcgaccgc ctggggagta cggccgcaag
 841 gttaaaactc aaatgaattg acgggggccc gcacaagcgg tggagcatgt ggtttaattc
 901 gatgcaacgc gaagaacctt acctactctt gacatccaga gaacttagca gagatggttt
 961 ggtgccttcg ggaactctga gacaggtgct gcatggctgt cgtagctctg tgttgtgaaa
 1021 tgttgggtta agtcccgcga cgagcgcaac ccttatcctt tgttgccagc ggtccggccg
 1081 ggaactcaaa ggagactgcc agtgataaac tggaggaagg tggggatgac gtcaagtcat
 1141 catggccctt acgagtaggg ctacacacgt gctacaatgg cgcatacaaa gagaagcgaa
 1201 ctgcgagag caagcggacc tcataaagtg cgctcgtatc cggattggag tctgcaactc
 1261 gactccatga agtcggaatc gctagtaatc gtagatcaga atgctacggt gaatacgttc
 1321 ccgggccttg tacacaccgc ccgtcacacc atgggagtggt gttgcaaaa aagtaggtag
 1381 cttaaccttc gggaggcgc

EK 15. *Enterobacter cloacae* strain BY-15 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848193 797 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Enterobacter cloacae* strain BY-15 16S ribosomal RNA gene, partial
 sequence.
 ACCESSION OQ848193
 VERSION OQ848193.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Enterobacter cloacae*
 ORGANISM [Enterobacter cloacae](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales;
 Enterobacteriaceae; Enterobacter; Enterobacter cloacae complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 797)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and
 Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp.
Vulgare, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in
 Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting
 Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 797)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and
 Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk
 University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..797
 /organism="Enterobacter cloacae"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-15"
 /db_xref="taxon:550"
 /country="Turkey: Erzurum"
[rRNA](#) <1..>797
 /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 cgggggtag aattccaggt gtagcggtag aatgcgtaga gatttggagg aataccggtg
 61 gcgaaggcgg cccctggac aaagactgac gctcaggtgc gaaagcgtgg ggagcaaaca
 121 ggattagata ccctggtagt ccacgccgta aacgatgtcg acttggagggt tgtgcccttg
 181 aggcgtggct tccggagcta acgcgttaag tcgaccgcct ggggagtacg gccgcaagg
 241 taaaactcaa atgaattgac gggggcccgc acaagcgggtg gagcatgtgg tttaattcga
 301 tgcaacgcga agaaccttac ctactcttga catccagaga actttccaga gatggattgg
 361 tgccttcggg aactctgaga cagggtgctgc atggctgtcg tcagctcgtg ttgtgaaatg
 421 ttgggttaag tccgcgaacg agcgcaaccc ttatcctttg ttgccagcgg tccggccggg
 481 aactcaaagg agactgccag tgataaactg gaggaagggtg gggatgacgt caagtcatca
 541 tggcccttac gagtagggct acacacgtgc tacaatggcg catacaaaga gaagcgaact
 601 cgcgagagca agcggacctc ataaagtgcg tcgtagtccg gattggagtc tgcaactcga
 661 ctccatgaag tcggaatcgc tagtaatcgt agatcagaat gctacgggtg atacgttccc
 721 gggccttgta cacaccgccc gtcacaccat gggagtgggt tgcaaaagaa gtaggtagct
 781 taaccttcgg gagggcg

EK 16. *Pantoea hericii* strain BY-16 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848194 1010 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Pantoea hericii* strain BY-16 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848194
 VERSION OQ848194.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Pantoea hericii*
 ORGANISM [Pantoea hericii](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Erwiniaceae; *Pantoea*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1010)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1010)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1010
 /organism="Pantoea hericii"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-16"
 /db_xref="taxon:1815628"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1010
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 cgggaggaag gcggtgaggt taataacctt accgattgac gttacccgca gaagaagcac
 61 cggctaactc cgtgccagca gccgcggtta tacggagggt gcaagcggtta atcggaatta
 121 ctgggcgtaa agcgcacgca gccggtctgt taagtcagat gtgaaatccc cgggcttaac
 181 ctgggaactg catttgaaac tggcaggctt gagtcttgta gaggggggta gaattccagg
 241 tgtagcgggtg aaatgcgtag agatctggag gaataccggt ggcgaaaggcg gccccctgga
 301 caaagactga cgctcagggt cgaaagcgtg gggagcaaac aggattagat accctggtag
 361 tccacgccgt aaacgatgtc gacttggagg ttgttccctt gaggagtggc ttccggagct
 421 aacgcgttaa gtcgaccgcc tggggagtac ggccgcaagg ttaaaactca aatgaattga
 481 cgggggcccc cacaagcggg ggagcatgtg gtttaattcg atgcaacgag aagaacctta
 541 cctactcttg acatccagag aactttccag agatggattg gtgccttcgg gaactgtgag
 601 acaggtgctg catggctgtc gtcagctcgt gttgtgaaat gttgggttaa gtcccgaac
 661 gagcgcaacc cttatccttt gttgccagcg cgtgatggcg ggaactcaaa ggagactgcc
 721 ggtgataaac cggaggaagg tggggatgac gtcaagtcac catggccctt acgagtaggg
 781 ctacacacgt gctacaatgg cgcatacaaa gagaagcgac ctccgcgagag caagcggacc
 841 tcacaaagtg cgctcgtatg cggtatcgag tctgcaactc gactccgtga agtcggaatc
 901 gctagtaatc gtggatcaga atgccacggt gaatacgttc ccgggccttg tacacaccgc
 961 ccgtcacacc atgggagtggt gttgcataaa aagtaggtag cttaaccttc

EK 17. *Leclercia adecarboxylata* strain BY-17 kodlu izolatın 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848195 740 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Leclercia adecarboxylata* strain BY-17 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848195
 VERSION OQ848195.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Leclercia adecarboxylata*
 ORGANISM [Leclercia adecarboxylata](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; *Leclercia*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 740)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 740)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..740
 /organism="*Leclercia adecarboxylata*"
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-17"
 /db_xref="taxon:83655"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>740
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 catgcaagtc gaacggtagc acagagagct tgctctcggg tgacgagtgg cggacgggtg
 61 agtaatgtct gggaaactgc ctgatggagg gggataacta ctggaaacgg tagctaatac
 121 cgcataacgt cgcaagacca aagaggggga ccttcgggcc tcttgccatc agatgtgccc
 181 agatgggatt agctagtagg tggggtaacg gctcacctag gcgacgatcc ctactgggtc
 241 tgagaggatg accagccaca ctggaactga gacacggtcc agactcctac gggaggcagc
 301 agtggggaat attgcacaat gggcgcaagc ctgatgcagc catgccgcgt gtatgaagaa
 361 ggccttcggg ttgtaaagta ctttcagcgg ggaggaaggt gttgcggtta ataaccgcag
 421 caattgacgt taccgcgaga agaagcaccg gctaactccg tgccagcagc cgcggtaata
 481 cggaggggtg aagcgттаат cggaaattact gggcgtaaag cgcacgcagg cggctctgtca
 541 agtcggatgt gaaatccccg ggctcaacct gggaactgca ttcgaaactg gcaggctaga
 601 gtctttaga ggggggtaga attccagggt tagcgggtgaa atgcgtagag atctggagga
 661 ataccggtg cgaaggcggc cccctggaca aagactgacg ctcaggtgcg aaagcgtggg
 721 gagcaaacag gattagatac

EK 18. *Enterobacter* sp. strain BY-18 kodlu izolatin 16S ribosomal RNA geninin kısmi gen sekansı

LOCUS OQ848196 1392 bp DNA linear BCT 25-APR-2023
 DEFINITION *Enterobacter* sp. strain BY-18 16S ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OQ848196
 VERSION OQ848196.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Enterobacter* sp.
 ORGANISM [Enterobacter sp.](#)
 Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales; Enterobacteriaceae; *Enterobacter*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 1392)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 1392)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (20-APR-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..1392
 /organism="Enterobacter sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /strain="BY-18"
 /db_xref="taxon:42895"
 /country="Turkey: Erzurum"
 <1..>1392
[rRNA](#) /product="16S ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 cggtagcacaga gagagcttgc tctcgggtga cgagtggcgg acgggtgagt aatgtctggg
 61 aaactgcctg atggaggggg ataactactg gaaacggtag ctaataccgc ataactgcgc
 121 aagaccaaag agggggacct tcgggcctct tgccatcaga tgtgcccca tgggattagc
 181 tagtagtggt ggtaacggct caccataggc acgatcccta gctggtctga gaggatgacc
 241 agccacactg gaactgagac acggtccaga ctccatcagg aggcagcagt ggggaatatt
 301 gcacaatggg cgcaagcctg atgcagccat gccgcgtgta tgaagaaggc cttcgggttg
 361 taaagtactt tcagcgggga ggaaggtggt gtggttaata accgcagcaa ttgacgttac
 421 ccgcagaaga agcaccggct aactccgtgc cagcagccgc ggtaatacgg aggggtgcaag
 481 cgtaaatcgg aattactggg cgtaaagcgc acgcaggcgg tctgtcaagt cggatgtgaa
 541 atccccgggc tcaacctggg aactgcattc gaaactggca ggctagagtc ttgtagaggg
 601 gggtagaatt ccagggtgtag cggtgaaatg cgtagagatc tggaggaata ccggtggcga
 661 agcgggcccc ctggacaaag actgacgctc aggtgcgaaa gcgtggggag caaacaggat
 721 tagataccct ggtagtccac gccgtaaacg atgtcgactt ggaggttggt cccttgaggc
 781 gtggcttccg gagctaacgc gttaagtcca ccgcctgggg agtacggccg caaggttaaa
 841 actcaaatga attgacgggg gccgcgcaaa gcggtggagc atgtggttta attcgatgca
 901 acgcgaagaa ccttacctac tcttgacatc cagagaactt tccagagatg gattggtgcc
 961 ttcgggaact ctgagacagg tgctgcatgg ctgtcgtcag ctctgttgtt gaaatgttgg
 1021 gttaagtccc gcaacgagcg caacccttat cctttgttgc cagcggtcgg gccgggaact
 1081 caaaggagac tgccagtgat aaactggagg aaggtgggga tgacgtcaag tcatcatggc
 1141 ccttacgagt agggctacac acgtgttaca atggcgcata caaagagaag cgaactcgcg
 1201 agagcaagcg gacctcataa agtgcgtcgt agtccggatt ggagtctgca actcgactcc
 1261 atgaagtccg aatcgctagt aatcgtagat cagaatgcta cgggtgaatac gttcccgggc
 1321 cttgtacaca ccgcccgtca caccatggga gtgggttgca aaagaagtag gtagcttaac
 1381 cttcgggagg gc

EK 19. *Fusarium* sp. strain FY-1 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365515 500 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-1 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OR365515
VERSION OR365515.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium* sp.
ORGANISM *Fusarium* sp.
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 500)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 500)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..500
/organism="*Fusarium* sp."
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="FY-1"
/db_xref="taxon:29916"
/country="Turkey: Erzurum"
misc RNA <1..>500
/note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 ccaaccctg tgacatacct taatgttgcc tcggcggatc agcccgcgcc ccgtaaaacg
61 ggacggcccg ccagaggacc caaactctaa tgtttcttat tgtaacttct gagtaaaaca
121 aacaaataaa tcaaaacttt caacaacgga tctcttggtt ctggcatcga tgaagaacgc
181 agcaaaatgc gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa tctttgaacg
241 cacattgctc ccgctggtat tccggcgggc atgcctgttc gagcgtcatt tcaaccctca
301 agcccccggg ttggtgttg ggatcggct ctgcctctg gcggcgccgc ccccgaaata
361 cattggcggg ctgcctgcag cctccattgc gtagtagcta acacctcgca actggaacgc
421 ggcgcggcca tgccgtaaaa ccccaacttc tgaatgttga cctcggatca ggtaggaata
481 cccgctgaac ttaagcatat

EK 20. *Fusarium* sp. strain FY-2 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365516 559 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-2 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OR365516
VERSION OR365516.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium* sp.
ORGANISM [Fusarium sp.](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 559)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 559)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES
source Location/Qualifiers
1..559
/organism="*Fusarium* sp."
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="FY-2"
/db_xref="taxon:29916"
/country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>559
/note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 cggagggatc attacagagt tgcaaaactc ccacaaacca tcgcgaatct taccggtacg
61 gttgcctcgg cgctggcggt ccggaaaggc cctcgggccc tcccggatcc tcgggtctcc
121 cgctcgcggg aggcgtgccg ccggagtgcc gaaactaaac tcttgatatt ttatgtctct
181 ctgagtaaac ttttaataaa gtcaaaaactt tcaacaacgg atctcttggt tctggcatcg
241 atgaagaacg cagcgaaatg cgataagtaa tgtgaattgc agaattcagt gaatcatcga
301 atctttgaac gcacattgcg ctgcgcagta ttctggcgag catgcctggt cgagcgtcat
361 ttcaaccatc aagctctgct tgcgttgggg atccgcggct gtccgcggtc cctcaaaatc
421 agtggcgggc tcgctagtca caccgagcgt agtaactota catcgctatg gtcgtgcggc
481 gggttcttgc cgtaaaaccc cccatttcta aggttgacct cggatcaggt aggaataccc
541 gctgaactta agcatatca

EK 21. *Fusarium* sp. strain FY-3 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365517 506 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-3 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365517
 VERSION OR365517.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium* sp.
 ORGANISM *Fusarium* sp.
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 506)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 506)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..506
 /organism="*Fusarium* sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-3"
 /db_xref="taxon:29916"
 /country="Turkey: Erzurum"
 misc RNA <1..>506
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tcactcccaa ccctgtgac ataccttaat gttgcctcgg cggatcagcc cgcgccccgt
 61 aaaacgggac ggcccgccag aggacccaaa ctctaattgt tcttattgta acttctgagt
 121 aaaacaaaca aataaatcaa aactttcaac aacggatctc ttggttctgg catcgatgaa
 181 gaacgcagca aaatgcgata agtaattgtg attgcagaat tcagtgaatc atcgaatctt
 241 tgaacgcaca ttgcgcccgc tggatttcgg gcgggcatgc ctgttcgagc gtcatttcaa
 301 ccctcaagcc cccgggtttg gtgttgggga tcggctctgc cttctggcgg cgccgcccc
 361 gaaatacatt ggcgggtctc ctgcagcctc cattgcgtag tagctaacac ctcgcaactg
 421 gaacgcggcg cgccatgcc gtaaaacccc aacttctgaa tgttgacctc ggatcaggta
 481 ggaatacccg ctgaacttaa gcatat

EK 22. *Fusarium* sp. strain FY-4 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365518 487 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-4 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365518
 VERSION OR365518.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium* sp.
 ORGANISM *Fusarium* sp.
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 487)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 487)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..487
 /organism="*Fusarium* sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-4"
 /db_xref="taxon:29916"
 /country="Turkey: Erzurum"
 misc RNA <1..>487
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tcactcccaa ccctgtgac ataccttaat gttgcctcgg cggatcagcc cgcgccccgt
 61 aaaacgggac ggcccgccag aggacccaaa ctctaagtgt tcttattgta acttctgagt
 121 aaaacaaaca aataaatcaa aactttcaac aacggatctc ttggttctgg catcgatgaa
 181 gaacgcagca aaatgcgata agtaatgtga attgcagaat tcagtgaatc atcgaatctt
 241 tgaacgcaca ttgcgcccgc tggatttcgg gcgggcatgc ctgttcgagc gtcatttcaa
 301 ccctcaagcc ccgggttttg gtgttgggga tcggctctgc cttctggcgg cgccgcccc
 361 gaaatacatt ggcgggtctc ctgcagcctc cattgcgtag tagctaacac ctcgcaactg
 421 gaacgcggcg cggccatgcc gtaaaacccc aacttctgaa tgttgacctc ggatcaggta
 481 ggaatac

EK 23. *Fusarium* sp. strain FY-5 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365519 501 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-5 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365519
 VERSION OR365519.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium* sp.
 ORGANISM [Fusarium sp.](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..501
 /organism="*Fusarium* sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-5"
 /db_xref="taxon:29916"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>501
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tcaactcccaa cccctgtgac ataccttaat gttgcctcgg cggatcagcc cgcgccccgt
 61 aaaacgggac ggcccgccag aggacccaaa ctctaagtgt tcttattgta acttctgagt
 121 aaaacaaaca aataaatcaa aactttcaac aacggatctc ttggttctgg catcgatgaa
 181 gaacgcagca aaatgcgata agtaattgta attgcagaat tcagtgaatc atcgaatctt
 241 tgaacgcaca ttgcgcccgc tggatttccg gcgggcatgc ctgttcgagc gtcatttcaa
 301 ccctcaagcc cccgggtttg tggttgggga tcggctctgc cttctggcgg cgccgcccc
 361 gaaatacatt ggcgggtctc ctgcagcctc cattgcgtag tagctaacac ctgcgaactg
 421 gaacgcggcg cggccatgcc gtaaaacccc aacttctgaa tggtgacctc ggatcaggta
 481 ggaatacccg ctgaacttaa g

EK 24. *Fusarium* sp. strain FY-6 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365520 501 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-6 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365520
 VERSION OR365520.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium* sp.
 ORGANISM [Fusarium sp.](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..501
 /organism="*Fusarium* sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-6"
 /db_xref="taxon:[29916](#)"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>501
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 ctcccaaccc ctgtgacata ccttaatgtt gcctcggcgg atcagcccg cccccgtaaa
 61 acgggacggc ccgccagagg acccaaactc taatgtttct tattgtaact tctgagtaaa
 121 acaaacaat aaatcaaac tttcaacaac ggatctcttg gttctggcat cgatgaagaa
 181 cgacagcaaaa tgcgataagt aatgtgaatt gcagaattca gtgaatcatc gaatctttga
 241 acgcacattg cgcccgtggt tattccggcg ggcattgcctg ttcgagcgtc atttcaaccc
 301 tcaagccccc gggtttggtg ttggggatcg gctctgcctt ctggcgcgcg cgccccgaa
 361 atacattggc ggtctcgctg cagcctccat tgcgtagtag ctaacacctc gcaactggaa
 421 cgcgggcgcg ccatgccgta aaacccaac ttctgaatgt tgacctcgga tcaggtagga
 481 atacccgctg aacttaagca t

EK 25. *Fusarium oxysporum* strain FY-7 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365521 541 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium oxysporum* isolate FY-7 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365521
 VERSION OR365521.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium oxysporum*
 ORGANISM [Fusarium oxysporum](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium oxysporum* species complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 541)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 541)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..541
 /organism="*Fusarium oxysporum*"
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-7"
 /db_xref="taxon:5507"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>541
 /note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 cgtaggggga cctgcggagg gatcattacc gagtttaca ctcccaaacc cctgtgaaca
 61 taccacttgt tgccctcggc gatcagccc ctcccggtaa aacgggacgg cccgccagag
 121 gaccocctaaa ctctgtttct atatgtaact tctgagtaaa accataaata aatcaaaact
 181 ttcaacaacg gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcaaaat gcgataagta
 241 atgtgaattg cagaattcag tgaatcatcg aatctttgaa cgcacattgc gcccgccagt
 301 attctggcgg gcatgcctgt tcgagcgtca tttcaaccct caagcacagc ttggtgttgg
 361 gactcgcgtt aattcgcgtt cctcaaattg attggcggtc acgtcgagct tccatagcgt
 421 agtagtaaaa ccctcgttac tggtaatcgt cgcggccacg cgtttaaac ccaacttctg
 481 aatgttgacc tcggatcagg taggaatacc cgctgaactt aagcatatca ataagcggag
 541 g

EK 26. *Fusarium tricinctum* strain FY-8 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365522 514 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium tricinctum* isolate FY-8 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365522
 VERSION OR365522.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium tricinctum*
 ORGANISM [Fusarium tricinctum](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium tricinctum* species complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 514)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 514)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..514
 /organism="*Fusarium tricinctum*"
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-8"
 /db_xref="taxon:61284"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>514
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 agttacactc ccaacccctg tgacatacct taatgttgcc tcggcggatc agcccgcgcc
 61 ccgtaaaaac ggacggcccg ccagaggacc caaactctaa tgtttcttat tgtaacttct
 121 gagtaaaaaca acaaaataaa tcaaaacttt caacaacgga tctcttggtt ctggcatcga
 181 tgaagaacgc agcaaaatgc gataagtaat gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa
 241 tctttgaacg cacattgcgc ccgctggtat tccggcgggc atgcctgttc gagcgtcatt
 301 tcaaccctca agccccggg tttggtgttg gggatcggct ctgccttctg gcggcgccgc
 361 cccgaaaata cattggcggc ctcgctgcag cctccattgc gtagtagcta acacctcgca
 421 actggaacgc ggcgcggcca tgccgtaaaa cccaacttc tgaatgttga cctcggatca
 481 ggtaggaata cccgctgaac ttaagcatat caat

EK 27. *Fusarium tricinctum* strain FY-9 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365523 501 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium tricinctum* isolate FY-9 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365523
 VERSION OR365523.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium tricinctum*
 ORGANISM [Fusarium tricinctum](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium tricinctum* species complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 501)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..501
 /organism="Fusarium tricinctum"
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-9"
 /db_xref="taxon:61284"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>501
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 ctccaaccc ctgtgacata ccttaatgtt gcctcggcgg atcagccgc gccccgtaaa
 61 acgggacggc ccgccagagg acccaaactc taatgtttct tattgtaact tctgagtaaa
 121 acaaacaaat aaatcaaac ttcaacaac ggatctcttg gttctggcat cgatgaagaa
 181 cgcagcaaaa tgcgataagt aatgtgaatt gcagaattca gtgaatcatc gaatctttga
 241 acgcacattg cggccgctgg tattccggcg ggcattgcctg ttcgagcgtc atttcaaccc
 301 tcaagccccc gggtttggtg ttggggatcg gctctgcctt ctggcgggcg cgcccccgaa
 361 atacattggc ggtctcgctg cagcctccat tgcgtagtag ctaacacctc gcaactggaa
 421 cgcggcgcg ccatgccgta aaacccaac ttctgaatgt tgacctcgga tcaggtagga
 481 ataccgctg aacttaagca t

EK 28. *Fusarium tricinctum* strain FY-10 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365524 495 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium tricinctum* isolate FY-10 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365524
 VERSION OR365524.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium tricinctum*
 ORGANISM [Fusarium tricinctum](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium tricinctum* species complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 495)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 495)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..495
 /organism="*Fusarium tricinctum*"
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-10"
 /db_xref="taxon:61284"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>495
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 ctccaaccc ctgtgacata ccttaatgtt gcctcggcgg atcagccgc gccccgtaaa
 61 acgggacggc ccgccagagg acccaaactc taatgtttct tattgtaact tctgagtaaa
 121 acaaacaaat aaatcaaac ttcaacaac ggatctcttg gttctggcat cgatgaagaa
 181 cgcagcaaaa tgcgataagt aatgtgaatt gcagaattca gtgaatcatc gaatctttga
 241 acgcacattg cggccgctgg tattccggcg ggcattgcctg ttcgagcgtc atttcaaccc
 301 tcaagccccc gggtttggtg ttggggatcg gctctgcctt ctggcgggcg cgcccccgaa
 361 atacattggc ggtctcgctg cagcctccat tgcgtagtag ctaacacctc gcaactggaa
 421 cgcggcgcg ccatgccgta aaacccaac ttctgaatgt tgacctcgga tcaggtagga
 481 ataccgctg aactt

EK 29. *Aspergillus* sp. strain FY-11 kodlu izolatin ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365525 541 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Aspergillus* sp. isolate FY-11 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365525
 VERSION OR365525.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Aspergillus* sp.
 ORGANISM [Aspergillus sp.](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Eurotiomycetes; Eurotiomycetidae; Eurotiales; Aspergillaceae; *Aspergillus*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 541)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 541)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..541
 /organism="*Aspergillus* sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-11"
 /db_xref="taxon:5065"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>541
 /note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 taggtgaacc tgcggaagga tcattactga gtgcgggctg cctccgggcg cccaacctcc
 61 caccgcgtgaa tacctaacac tggtgcttcg gcggggaacc ccctcggggg cgagccgcgc
 121 gggactactg aacttcacgc ctgagagtga tgcagtctga gtctgaatat aaaatcagtc
 181 aaaactttca acaatggatc tcttggttcc ggcacgatg aagaacgcag cgaactgcga
 241 taagtaatgt gaattgcaga attcagtcaa tcacgagtc tttgaacgca cattgcgcc
 301 cctggcattc cggggggcat gcctgtccga gcgtcattgc tgcccatcaa gcccggttg
 361 tgtgttggtt cgctgtcccc ccccggggga cgggcccgaa aggcagcggc ggcaccgtgt
 421 ccggtcctcg agcgtatggg gctttgtcac ccgctcgact agggccggcc gggcgccagc
 481 cgacgtctcc aaccattttt cttcaggttg acctcggatc aggtagggat acccgctgaa
 541 c

EK 30. *Fusarium* sp. strain FY-12 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365526 491 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-12 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365526
 VERSION OR365526.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium* sp.
 ORGANISM [Fusarium sp.](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 491)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 491)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..491
 /organism="Fusarium sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-12"
 /db_xref="taxon:29916"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>491
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 tgtgacatac cttaatgttg cctcggcgga tcagcccgcg ccccgtaaaa cgggacggcc
 61 cgccagagga cccaaactct aatgtttctt attgtaactt ctgagtaaaa caaacaata
 121 aatcaaaaact ttcaacaacg gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcaaaat
 181 gcgataagta atgtgaattg cagaattcag tgaatcatcg aatctttgaa cgcacattgc
 241 gcccgctggt attccggcgg gcatgcctgt tcgagcgtea tttcaaccct caagccccc
 301 ggtttggtgt tggggatcgg ctctgccttc tggcggcgcc gccccgaaa tacattggcg
 361 gtctcgctgc agcctccatt gcgtagtagc taacacctcg caactggaac gcggcgcggc
 421 catgccgtaa aaccccaact tctgaatgtt gacctcgat caggtaggaa taccgcgtga
 481 acttaagcat a

EK 31. *Mucor* sp. strain FY-13 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365527 576 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
DEFINITION *Mucor* sp. isolate FY-13 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OR365527
VERSION OR365527.1
KEYWORDS .
SOURCE *Mucor* sp.
ORGANISM *Mucor* sp.
Eukaryota; Fungi; Fungi incertae sedis; Mucoromycota; Mucoromycotina; Mucoromycetes; Mucorales; Mucorineae; Mucoraceae; *Mucor*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 576)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 576)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..576
/organism="Mucor sp."
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="FY-13"
/db_xref="taxon:1715236"
/country="Turkey: Erzurum"
misc RNA <1..>576
/note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 ttgatattcc tagccctccg gctagtaata ttttattttac tgtgaactgt attattattt
61 ggcgtttgag gaatgtctgc tggctatatg ggtaagccaa cagaatgtta accgagccat
121 aatcagactt aggtctggta cccagattat tatttaccaa aagaattcag tataaatatt
181 gtaacataga cgtaagaaat ctataaaaac aacttttaac aacggatctc ttggttctcg
241 catcgatgaa gaacgtagca aagtgcgata actagtgtga attgcatatt cagtgaatca
301 tcgagtcctt gaacgcatct tgcactcatt ggtattccaa tgagtacgcc tgtttcagta
361 tcaaaaacac cccacattca aaacttgtgt ttgaatggaa ttgagggcaa acggctttac
421 tgctgttccc tttaaaaact ttaggcctga atttgtctgt tctgcctgaa ctttttttta
481 atataaagga aagctcttgc taataagact ctcttggggc ctctcaaata aatctttctt
541 aaatttgatc tgaaatcagc cgggattacc cgctga

EK 32. *Fusarium oxysporum* strain FY-14 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365528 543 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium oxysporum* isolate FY-14 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365528
 VERSION OR365528.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium oxysporum*
 ORGANISM [Fusarium oxysporum](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*; *Fusarium oxysporum* species complex.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 543)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 543)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES
 source Location/Qualifiers
 1..543
 /organism="Fusarium oxysporum"
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-14"
 /db_xref="taxon:5507"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>543
 /note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 taggggtgaa cctgcggagg gatcattacc gagtttaca ctcccaaacc cctgtgaaca
 61 taccacttgt tgcctcggcg gatcagcccg ctcccgttaa aacgggacgg cccgccagag
 121 gaccacctaa ctctgtttct atatgtaact tctgagtaaa accataaata aatcaaaact
 181 ttcaacaacg gatctcttgg ttctggcatc gatgaagaac gcagcaaaat gcgataagta
 241 atgtgaattg cagaattcag tgaatcatcg aatctttgaa cgcacattgc gcccgccagt
 301 attctggcgg gcatgcctgt tcgagcgtoa tttcaaccct caagcacagc ttggtgttgg
 361 gactcgcgtt aattcgcgtt cctcaaattg attggcggtc acgtcgagct tccatagcgt
 421 agtagtaaaa cctcgttac tggtaatcgt cgcggccacg ccgttaaacc ccaacttctg
 481 aatgttgacc tcggatcagg taggaatacc cgctgaactt aagcatatca ataagcggag
 541 gaa

EK 33. *Fusarium* sp. strain FY-15 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365529 538 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-15 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
ACCESSION OR365529
VERSION OR365529.1
KEYWORDS .
SOURCE *Fusarium* sp.
ORGANISM [Fusarium sp.](#)
Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
REFERENCE 1 (bases 1 to 538)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
JOURNAL Unpublished
REFERENCE 2 (bases 1 to 538)
AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
TITLE Direct Submission
JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
COMMENT ##Assembly-Data-START##
Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
##Assembly-Data-END##
FEATURES Location/Qualifiers
source 1..538
/organism="*Fusarium* sp."
/mol_type="genomic DNA"
/isolate="FY-15"
/db_xref="taxon:[29916](#)"
/country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>538
/note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
ORIGIN
1 taggtgaacc tgcggaggga tcattaccga gtttacaact cccaaacccc tgtgaacata
61 ccacttggtg cctcggcgga tcagcccgtc cccggtaaaa cgggacggcc cgccagagga
121 ccctaaaact ctgtttctat atgtaacttc tgagtaaaac cataaataaa tcaaaacttt
181 caacaacgga tctcttggtt ctggcatcga tgaagaacgc agcaaaatgc gataagtaat
241 gtgaattgca gaattcagtg aatcatcgaa tctttgaacg cacattgcgc cgcgcagtat
301 tctggcgggc atgcctgttc gagcgtcatt tcaaccctca agcacagctt ggtgttgga
361 ctgcggttaa ttcgcgttcc tcaaattgat tggcgtcac gtcgagcttc catagcgtag
421 tagtaaaacc ctcgttactg gtaatcgtcg cggccacgcc gttaaaccac aacttctgaa
481 tgttgacctc ggatcaggta ggaatacccg ctgaacttaa gcataatcaat aagcggag

EK 34. *Fusarium* sp. strain FY-16 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365530 522 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Fusarium* sp. isolate FY-16 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365530
 VERSION OR365530.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Fusarium* sp.
 ORGANISM [Fusarium sp.](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Sordariomycetes; Hypocreomycetidae; Hypocreales; Nectriaceae; *Fusarium*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 522)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 522)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..522
 /organism="*Fusarium* sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-16"
 /db_xref="taxon:29916"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>522
 /note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 gtgaacctgc ggagggatca ttaccgagtt tacaactccc aaaccctgt gaacatacca
 61 cttgttgccct cggcggatca gcccgctccc ggtaaaacgg gacggcccg cagaggaccc
 121 ctaaactctg tttctatatg taacttctga gtaaaacccat aaataaatca aaactttcaa
 181 caacggatct cttggttctg gcatcgatga agaacgcagc aaaatgcgat aagtaatgtg
 241 aattgcagaa ttcagtgaat catcgaatct ttgaacgcac attgcgccg ccagttattct
 301 ggcgggcatg cctgttcgag cgtcatttca accctcaagc acagcttggt gttgggactc
 361 gcgttaattc gcgttcctca aattgattgg cggtcacgtc gagcttccat agcgtagtag
 421 taaaaccctc gttactggta atcgtcgcgg ccacgcggtt aaaccccaac ttctgaatgt
 481 tgacctcgga tcaggtagga ataccgctg aacttaagca ta

EK 35. *Mucor* sp. strain FY-17 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365531 566 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Mucor* sp. isolate FY-17 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365531
 VERSION OR365531.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Mucor* sp.
 ORGANISM *Mucor* sp.
 Eukaryota; Fungi; Fungi incertae sedis; Mucoromycota; Mucoromycotina; Mucoromycetes; Mucorales; Mucorineae; Mucoraceae; *Mucor*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 566)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 566)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..566
 /organism="Mucor sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-17"
 /db_xref="taxon:1715236"
 /country="Turkey: Erzurum"
 misc RNA <1..>566
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 ctagccctcc ggctagtaat attttattta ctgtgaactg tattattatt tggcgtttga
 61 ggaatgtctg ctggctatat gggttaagcca acagaatggt aaccgagcca taatcagact
 121 taggtctggt acccagatta ttattttacca aaagaattca gtataaatat tgtaacatag
 181 acgtaagaaa tctataaaaa caacttttaa caacggatct cttggttctc gcatcgatga
 241 agaacgtagc aaagtgcgat aactagtgtg aattgcatat tcagtgaatc atcgagtctt
 301 tgaacgcata ttgcactcat tggatttcca atgagtagcg ctgtttcagt atcaaaaaca
 361 cccacatttc aaaactttgtg tttgaatgga attgagggca aacggcttta ctgctgttcc
 421 ctttaaaaact attaggcctg aatttgtctg ttctgcctga actttttttt aatataaagg
 481 aaagctcttg ctaataagac tctcttgggg cctctcaaat aaatctttct taaatttgat
 541 ctgaaatcag gcgggattac ccgctg

EK 36. *Mucor* sp. strain FY-18 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365532 559 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION *Mucor* sp. isolate FY-18 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365532
 VERSION OR365532.1
 KEYWORDS .
 SOURCE *Mucor* sp.
 ORGANISM *Mucor* sp.
 Eukaryota; Fungi; Fungi incertae sedis; Mucoromycota; Mucoromycotina; Mucoromycetes; Mucorales; Mucorineae; Mucoraceae; *Mucor*.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 559)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 559)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..559
 /organism="Mucor sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-18"
 /db_xref="taxon:1715236"
 /country="Turkey: Erzurum"
 misc RNA <1..>559
 /note="contains internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 ctccgggctag taatatttta tttactgtga actgtattat tatttggcgt ttgaggaatg
 61 tctgctggct atatgggtaa gccaacagaa tgttaaccga gccataatca gacttaggtc
 121 tggtagccag attattatatt accaaaagaa ttcagtataa atattgtaac atagacgtaa
 181 gaaatctata aaaacaactt ttaacaacgg atctcttggt tctcgcatcg atgaagaacg
 241 tagcaaagtg cgataactag tgtgaattgc atattcagtg aatcatcgag tctttgaacg
 301 catcttgac tcattgttat tccaatgagt acgcctgttt cagtatcaaa aacacccac
 361 attcaaaact tgtgtttgaa tggaattgag ggcaaacggc tttactgctg ttccctttaa
 421 aactattagg cctgaatttg tctgttctgc ctgaactttt ttttaataa aaggaaagct
 481 cttgctaata agactctctt ggggcctctc aaataaatct ttcttaaatt tgatctgaaa
 541 tcaggcgga ttaccgct

EK 37. *Cladosporium* sp. strain FY-19 kodlu izolatın ITS bölgesinin kısmi gen sekansı

LOCUS OR365533 519 bp DNA linear PLN 05-AUG-2023
 DEFINITION Cladosporium sp. isolate FY-19 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and large subunit ribosomal RNA gene, partial sequence.
 ACCESSION OR365533
 VERSION OR365533.1
 KEYWORDS .
 SOURCE Cladosporium sp.
 ORGANISM [Cladosporium sp.](#)
 Eukaryota; Fungi; Dikarya; Ascomycota; Pezizomycotina; Dothideomycetes; Dothideomycetidae; Cladosporiales; Cladosporiaceae; Cladosporium.
 REFERENCE 1 (bases 1 to 519)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Isolation of Endophytic Microorganisms from *O. vulgare* L. ssp. *Vulgare*, a Medicinal and Aromatic Plant Naturally Growing in Erzurum Province, and Investigation of their Plant Growth Promoting Properties (Agri Ibrahim Cecen Un. Res. Project: FEF.21.004)
 JOURNAL Unpublished
 REFERENCE 2 (bases 1 to 519)
 AUTHORS Alaylar,B., Gulluce,M., Karadayi,M., Yildirim,V., Dogan,S. and Dil,Y.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (31-JUL-2023) Biology, Ataturk University, Ataturk University Campus, Erzurum 25240, Turkey
 COMMENT ##Assembly-Data-START##
 Sequencing Technology :: Sanger dideoxy sequencing
 ##Assembly-Data-END##
 FEATURES Location/Qualifiers
 source 1..519
 /organism="Cladosporium sp."
 /mol_type="genomic DNA"
 /isolate="FY-19"
 /db_xref="taxon:1707700"
 /country="Turkey: Erzurum"
[misc RNA](#) <1..>519
 /note="contains small subunit ribosomal RNA, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA, internal transcribed spacer 2, and large subunit ribosomal RNA"
 ORIGIN
 1 taggtgaacc tgcggaggga tcattacaag tgaccccggt ctaaccaccg ggatgttcat
 61 aaccctttgt tgtccgactc tgttgccctc ggggcgaccc tgccttcggg cgggggctcc
 121 ggttggaacac ttcaaaactct tgcgtaactt tgcagtctga gttaaatttaa ttaataaatt
 181 aaaactttta acaacggatc tcttggttct ggcacgatg aagaacgcag cgaaatgcga
 241 taagtaatgt gaattgcaga attcagtcaa tcacgaatc tttgaacgca cattgcgccc
 301 cctgggtattc cggggggcat gcctgttcga gcgtcatttc accactcaag cctcgtttgg
 361 tattgggcaa cgcggtccgc cgcgtgcctc aaatcgaccg gctgggtctt ctgtcccta
 421 agcgttgttg aaactattcg cttaaagggtg ctgcggaggc tacgccgtaa aacaaaccca
 481 tttctaaggt gacctcgat caggtaggac cccgcataa