Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 31 (3), 546-558
Mustafa Kemal University Journal of Agricultural Sciences, 31 (3), 546-558
https://dergipark.org.tr/tr/pub/mkutbd
e-ISSN: 2667-7733

ARAŞTIRMA MAKALESİ **RESEARCH ARTICLE**

Vitis riparia ve *Vitis rupestris* kökenli asma anaçları köklerinde kuraklık stresine yanıtta bazı *MYB* ve *ZAT* transkripsiyon faktörlerinin karşılaştırmalı gen ifade analizi

Comparative gene expression analysis of selected *MYB* and *ZAT* transcription factors in the roots of *Vitis riparia* and *Vitis rupestris* derived grapevine rootstocks under drought stress

Funda YILMAZ BAYDU[1]

[1]*Ankara Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Bahçe Bitkileri Bölümü, Ankara, Türkiye.*

ARTICLE INFO

Article history:
Received / Geliş: 30.03.2026
Accepted / Kabul: 29.04.2026

Anahtar Kelimeler:
Asma anaç
Kuraklık stresi
Real-Time PCR
Gen ifadesi

Keywords:
Grapevine rootstock
Drought stress
Real-Time PCR
Gene expression

Corresponding author/Sorumlu yazar:
Funda YILMAZ BAYDU
fbaydu@ankara.edu.tr

Makale Uluslararası Creative Commons Attribution-Non Commercial 4.0 Lisansı kapsamında yayınlanmaktadır. Bu, orijinal makaleye uygun şekilde atıf yapılması şartıyla, eserin herhangi bir ortam veya formatta kopyalanmasını ve dağıtılmasını sağlar. Ancak, eserler ticari amaçlar için kullanılamaz.
© Copyright 2022 by Mustafa Kemal University. Available on-line at https://dergipark.org.tr/tr/pub/mkutbd

This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non Commercial 4.0 International License.

ÖZET

Kuraklık stresi, bağcılıkta verim ve kaliteyi sınırlayan en önemli abiyotik stres faktörlerinden birisidir. Özellikle asma anaçlarında kuraklık toleransı, büyük ölçüde farklı genetik kökene bağlı olarak değişmekte olup, *Vitis riparia* kökenli genotipler genellikle kuraklığa hassas, *Vitis rupestris* kökenli genotipler ise daha tolerant bir profil sergilemektedir. Bu çalışmada, kuraklık stresi toleransı farklılık gösteren *V. berlandieri* × *V. rupestris* (110R, 1103P, 99R, 140Ru) ile *V. berlandieri* × *V. riparia* (SO4, 5BB ve 161-49C) melezi toplam 7 adet asma anacı kök dokusu bitkisel materyal olarak kullanılmıştır. Çalışmada, bu anaçların kuraklık stresine yanıtta *Myb* (*Myb1* ve *Myb14*) ve *ZAT10* transkripsiyon faktörü genlerinin, Real-Time PCR yöntemi kullanılarak gen ifadesi düzeyinde karşılaştırmalı olarak değerlendirilmesi amaçlanmıştır. 16 gün sulamama şeklinde uygulanan kuraklık stresi sonrasında yapılan yaprak su potansiyeli (Ψ, MPa) ölçümlerinde, su potansiyelindeki en büyük azalmalar sırası ile SO4 ve 140Ru anaçlarında gözlemlenmiştir. 3 gen bölgesine yönelik gerçekleştirilen istatistiksel analizlerde ise, 3 genin tümünde 161-49C anacı belirgin seviyelerde gen ifade artışı gösterirken, en yüksek gen ifade artışı da, 25 kat ile 161-49C anacında *Myb1* geninde gözlemlenmiştir. Gen ifadesi sonuçları bakımından, kuraklık stresine hassas *Vitis riparia* ve kuraklık stresine tolerant *Vitis rupestris* kökenlerine göre net bir ayrım gözlemlenmemiştir.

ABSTRACT

Drought stress is one of the most important abiotic stress factors limiting yield and quality in viticulture. In particular, drought tolerance in grapevine rootstocks largely varies depending on genetic background, with genotypes derived from *Vitis riparia* generally exhibiting sensitivity to drought, whereas those derived from *Vitis rupestris* display a more tolerant profile. In this study, a total of seven grapevine rootstocks were used as plant material, including *V. berlandieri* × *V. rupestris* (110R, 1103P, 99R, and 140Ru) and *V. berlandieri* × *V. riparia* hybrids (SO4, 5BB, and 161-49C), which differ in drought stress tolerance. The aim of the study was to comparatively evaluate the *Myb* (*Myb1* and *Myb14*) and *ZAT10* transcription factor genes in response to drought stress at the gene expression level by Real-Time PCR. Following a drought stress treatment applied by withholding irrigation for 16 days, measurements of leaf water potential (Ψ, MPa) revealed that the greatest decreases were observed in the SO4 and 140Ru rootstocks, respectively. In the statistical analyses performed for the three gene regions, all three genes showed significant increases in expression in the 161-49C rootstock, with the highest expression level observed for the *Myb1* gene in 161-49C rootstock, exhibiting a 25-fold increase. However, based on the gene expression results, no clear distinction was observed between drought-sensitive *Vitis riparia* and drought-tolerant *Vitis rupestris* origins.

Cite/Atıf Baydu F. Y. (2026). *Vitis riparia* ve *Vitis rupestris* kökenli asma anaçları köklerinde kuraklık stresine yanıtta bazı MYB ve ZAT transkripsiyon faktörlerinin karşılaştırmalı gen ifade analizi. *Mustafa Kemal Üniversitesi Tarım Bilimleri Dergisi, 31*(3), 546-558. https://doi.org/10.37908/mkutbd.1917416

GİRİŞ

Bağcılık sektöründe yaygın anaç kullanımının temel amacı, özellikle filoksera ve kök-ur nematodları gibi zararlıların kontrol altına alınması ile üzüm verim ve kalitesinin artırılmasıdır (Chen ve ark., 2024; Ollat ve ark., 2014). Ticari olarak çok geniş bir asma anaç seçeneği bulunduğundan, uygun anaç seçimi çoğu zaman güç bir karar olmaktadır. Özellikle farklı asma anaçlarının, farklı abiyotik streslere karşı değişen seviyelerdeki stres toleransı, anaç seçiminde dikkatli bir değerlendirme zorunluluğunu ortaya koymaktadır (Krishankumar ve ark., 2025).

Günümüzde kuraklık stresi, iklim değişikliği ile birlikte, asmanın (*Vitis vinifera* L.) büyümesini engelleyen başlıca sorunlardan birisi olarak kabul edilmektedir. Uzun süreli su eksikliği, toprak çözeltisindeki iyonların yoğunlaşmasına ve bitkide ozmotik stresin şiddetlenmesine neden olabilir. Kuraklık stresinin neden olduğu bu koşullarda, üzüm yaprakları yüksek ozmotik potansiyeli devam ettiremediği için, yaprak su içeriği azalmakta ve reaktif oksijen türleri (ROS) üretimi artmaktadır (Gambetta ve ark., 2020; Irani ve ark., 2021; Jogaiah ve ark., 2014). Bu durum, asma yaprak hücrelerini olumsuz yönde etkileyerek, bitki büyümesinde gerilemeye neden olmaktadır (El-Banna ve ark., 2022).

Bağcılıkta, kuraklık stresinin olumsuz etkilerini azaltmak amaçlı anaç kullanımının yaygınlaşması ile birlikte, anaçların kuraklık toleranslarındaki değişkenlikleri de ön plana çıkmıştır (Prinsi ve ark., 2021). Özellikle V. *berlandieri* × V. *rupestris* kökenli anaçlar (110R, 1103P, 99R, 140Ru vb.) daha derin ve dallı kök sistemleri sayesinde daha etkili su alımı, su durumunun korunması ve gaz değişimi yanıtı ile ilişkilendirilmektedir. Bu kökler, kuraklık stresi koşullarında, stomatal kapanmayı düzenleyerek transpirasyon kaybını sınırlamakta ve kuraklığa karşı "kaçınma" olarak adlandırılan fizyolojik bir strateji sergilemektedirler (Bianchi ve ark., 2023). Buna karşılık, V. *berlandieri* × V. *riparia* kökenli anaçlar (SO4, 5BB, 161-49C vb.) genel anlamda kuraklık stresine daha hassas profil sergilemektedir. Bu anaçlardan, özellikle 5BB anacının, kök büyümesi, su potansiyeli gibi fizyolojik parametrelerde kuraklık koşullarında daha belirgin düşüşler sergilediği çalışmalar ile kanıtlanmıştır (Özmen ve ark., 2025).

Bitkilerde kuraklık stresine verilen yanıt, hücreler arası sinyal iletim yollarını içeren karmaşık birçok moleküler mekanizma tarafından kontrol edilmektedir. Bu süreçte, özellikle transkripsiyon faktörleri (TF'ler), stres algılama ve sinyal iletiminin ardından gen ifadesinin yeniden programlanmasını düzenleyerek (Hrmova & Hussain, 2021), fotosentetik aktivitenin düzenlenmesi, stomatal kapanmanın kontrolü, ozmotik dengenin sağlanması ve antioksidan savunma mekanizmalarının aktivasyonu gibi birçok fizyolojik olayın yönetilmesinde rol almaktadır (Kaya, 2025). Bitkilere özgü olan *Myb* (V-myb avian myeloblastosis viral oncogene homolog) transkripsiyon faktörü (Dubos ve ark., 2010) ve çinko parmak (*zinc finger*) transkripsiyon faktörü (*ZAT*) gen aileleri, kuraklık stresine yanıt veren düzenleyici ağların temel bileşenleri arasında yer almaktadır (Li ve ark., 2023; Shinozaki & Yamaguchi-Shinozaki, 2007).

Bu çalışmanın amacı, *Vitis berlandieri* × *Vitis riparia* ve *Vitis berlandieri* × *Vitis rupestris* kökenli yedi farklı asma anacı kök dokusunda, kuraklık stresine yanıt olarak *Myb* ve *ZAT* transkripsiyon faktörlerinin düzenleyici rollerini gen ifadesi düzeyinde değerlendirmektir. Bu amaca yönelik, farklı kuraklık tolerans derecelerine sahip bu anaçlarda, *Myb1*, *Myb14* ve *ZAT10* transkripsiyon faktörlerinin kök dokusundaki gen ifade düzeyleri, Real-Time PCR yöntemiyle analiz edilmiştir. Çalışma bulguları, V. *riparia* ve V. *rupestris* kökenli anaçların kuraklık stresi yanıtında, *Myb* ve *ZAT* transkripsiyon faktörlerinin rol aldığı kök dokusu temelli moleküler düzenleme mekanizmalarının anlaşılmasına ve uygun anaç seçim stratejilerinin geliştirilmesine katkı sağlamayı hedeflemektedir.

MATERYAL ve YÖNTEM

Bitkisel materyal

Kuraklık stresi denemelerinde kullanılan toplam 7 adet asma anacı, Tekirdağ Bağcılık Araştırma Enstitüsü'den temin edilmiştir. V. *berlandieri* × V. *rupestris* melezleri olarak 110R, 1103P, 99R, 140Ru (Mullins ve ark., 1992), V. berlandieri × V. riparia melezleri olarak SO4, 5BB ve 161-49C asma anaçları (Mullins ve ark., 1992) kullanılmıştır. Denemeler Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü Merkez Laboratuvarı'nda gerçekleştirilmiştir. Asma anaç ıslahı kapsamında, bu çalışmada kullanılan *Vitis* türlerinin kuraklık stresine yönelik temel özellikleri Çizelge 1' de verilmiştir.

Çizelge 1. Çalışmada kullanılan *Vitis* türlerinin kuraklık stresine yönelik temel özellikleri (Chen ve ark., 2024)
Table 1. Key characteristics of the Vitis species used in the study regarding drought stress (Chen ve ark., 2024)

Tür	Köken	Özellik
V. berlandieri	Kuzey Amerika	1. Güçlü kök sistemi sayesinde yüksek gelişim kapasitesi 2. Kuraklığa toleranslı anaçların geliştirilmesinde yaygın olarak kullanılmaktadır
V. riparia	Kuzey Amerika	1. Düşük-orta düzeyde gelişim gücü ve *V. rupestris*'e kıyasla daha düşük kök penetrasyonu 2. Kuraklığa hassastır
V. rupestris	Kuzey Amerika	1. İyi gelişmiş kök sistemi ile yüksek gelişim gücü 2. Kuraklığa yüksek tolerans göstermektedir

Bitki yetiştirme sürecinde, Özmen ve ark. (2023) çalışmasına benzer şekilde, anaçlara ait 4-5 göz içeren kalemler, sağlıklı kök ve sürgün gelişimini teşvik etmek amacıyla steril toprakla doldurulmuş 7 L hacimli saksılara alınmıştır. Bitkiler, büyütme odasında 24 °C sıcaklık ve 16 saat aydınlık / 8 saat karanlık fotoperiyot koşullarında büyümeye bırakılmıştır. Kuraklık stresi uygulamasından önce asma anaçlarının herhangi bir patojenle kontamine olmadığından emin olunmuş ve olası enfeksiyon belirtileri açısından düzenli gözlemler yapılmıştır.

Kuraklık stresi uygulamaları

Kuraklık stresi uygulaması Cramer ve ark. (2007) çalışmasına benzer şekilde 16 gün sulamama şeklinde uygulanmıştır. Kontrol bitkileri ise her gün aynı saatte 1 L Hoagland besin çözeltisi ile sulanmıştır. Hoagland ve Arnon (1950) yöntemine göre 10× stok Hoagland besin çözeltisi hazırlanmış ve uygulama öncesinde damıtık su ile 1:10 (v/v) oranında seyreltilerek tam kuvvette (1×) besin çözeltisi elde edilmiştir. Hem stres hem de kontrol grupları, her biri bir bitki içeren bir saksıdan oluşan üç biyolojik tekerrür ile tamamen rastgele deneme desenine göre düzenlenmiştir. Kuraklık stresi uygulaması ve Ψ (MPa) ölçümleri, aynı deneysel materyal üzerinden, yaprak dokusu gen ifadesi odaklı önceki çalışmada da raporlanmıştır (Yılmaz Baydu, 2026).

Ψ (MPa) ölçümleri

Stres uygulamaları sonrasında asma anaçlarında Ψ (MPa) ölçümüne dayalı olarak stres düzeyleri belirlenmiştir. Anaç yapraklarında Ψ (MPa) değerleri, Model 600, Pressure Chamber Instrument Company, Albany, NY, USA kullanılarak ölçülmüştür. Her bir stres ve kontrol bitkisi için üç biyolojik ve üç teknik tekrarlı ölçüm yapılmıştır. Ψ (MPa) değerleri, kontrol grubuna ait değerler ile karşılaştırılarak $p \leq 0.05$ anlamlılık düzeyinde t-testi ile değerlendirilmiştir (Çakır Aydemir ve ark., 2020). Ölçüm sonrası kök dokuları, sıvı azot içerisinde dondurulmuş ve RNA izolasyonunda kullanılmak üzere -80 °C'de saklanmıştır.

Real-Time PCR analizleri

Bu çalışmada, *MYB Transcription Factor 1 (Myb1), MYB Transcription Factor 14 (Myb14) ve çinko parmak transkripsiyon faktörü ZAT10 (ZAT10)* olmak üzere toplam 3 adet transkripsiyon faktörü geni, gen ifadesi analizlerinde kullanılmıştır. Her bir gen için özgün primer çiftleri, NCBI (National Center for Biotechnology Information)'nin Primer-BLAST (https://www. ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast) aracı kullanılarak tasarlanmıştır. Gen bölgelerine ait primer dizi bilgileri Çizelge 2' de verilmektedir. Tasarlanan primerlerin amplifikasyon boyutunun 150-350 baz çifti arasında olmasına, bağlanma sıcaklıklarının 53-60 °C aralığında olmasına, GC (guanin ve sitozin) oranının %50'nin altında olmasına ve primer-dimeri ve saç tokası (hairpin) yapısı oluşturmamasına (Bustin ve ark., 2009) dikkat edilmiştir. Real-Time PCR gen ifade verilerinin normalize edilmesinde ise, housekeeping gen (internal kontrol) olarak *Vitis vinifera eukaryotic initiation factor 4A-8* gene (*EIF4α*) kullanılmıştır.

Çizelge 2. Real-Time PCR analizlerinde kullanılan primer bilgileri
Table 2. Primer information used in the Real-Time PCR analyses

No	Primer	Gene Bank erişim numarası	İleri Primer (5'–3')	Geri Primer (5'–3')
1	*Myb1*	XM_002283860	gaggtgtcccatggacagaa	cggcgtcgtcgattgagatt
2	*Myb14*	EU181424	tgggaaatcctccggtgaatcg	cccacagcagtcctttagcg
3	*ZAT10*	XM_002285224	atgacctgtcggcctccatc	tgtgtccacccaaagcctgt
4	*EIF4α*	XM_002277667	catgaaccctcacaccgaga	gatgtgatccaacaggcacaa

Her bir asma anacına ait kök dokularından total RNA izolasyonu, Tattersall ve ark. (2005) tarafından verilen protokol kullanılarak yapılmıştır. İzole edilen RNA örneklerinin kalite ve miktarlarının doğrulanmasında 0,01 g mL^{-1} agaroz jel elektroforezi ve Nanodrop (ND-1000) spektrofotometresi kullanılmıştır.

Total RNA'dan cDNA sentezi, First Strand cDNA sentez kiti (Roche, Cat. No: 04897030001) kullanılarak, üretici firmanın protokolü ile gerçekleştirilmiştir. cDNA sentezi sonrası Nanodrop (ND-1000) spektrofotometre ile elde edilen cDNA miktarı ölçülmüş ve aynı zamanda 0,01 g mL^{-1} agaroz jel elektroforezinde de kontrol edilmiştir.

Standart eğrilerin oluşturulması amaçlı, 3 gen bölgesine yönelik primer ve housekeeping gen primeri için bir adet kontrol cDNA' sından 1/10 seyreltme oranı olmak üzere 6 adet farklı seri dilüsyon (1/10, 1/100, 1/1000 vb.) hazırlanmıştır. Real-Time PCR aletine (Roche LightCycler 480) ait analiz programı ile optimize edilen protokole (primer bağlanma sıcaklığı, cDNA ve primer miktarı vb.) ait standart eğriler (her bir primer için) çizilerek alete kaydedilmiştir. Güvenilir bir standart eğri çizimi için, en az 3 logaritmik konsantrasyonun eğri üzerinden geçmesine, etkinlik (efficiency) değerinin 1.7 ile 2 arasında, slope değerinin ise -3.3'e yakın olmasına dikkat edilmiştir.

Her bir primere yönelik standart eğri çizimi sonrasında, asma anaçlarına ait cDNA'lar 1/10 konsantrasyonlarda (standart eğri grafiğinde yer alan konsantrasyon olmasına dikkat edilerek) sulandırılmıştır. Tüm cDNA'lar SYBR Green ve primerler ile birleştirilerek, buz üzerinde alete ait 384'lük reaksiyon plate'lere pipet yardımı ile aktarılmıştır. Reaksiyonlar, 10 µL hacimde gerçekleştirilmiş olup, karışım 0,4-0,8 µL ileri ve geri primer (10 pmol), 1-2 µL cDNA (500 ng μL^{-1}), 5 µL LightCycler® 480 SYBR Green I Master (Roche) ve ddH_2O içermektedir. Her bir gen bölgesi için, cDNA ve karışım içeren plate'ler 14.000 rpm' de 1 dk. santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrası, sealing foil

ile plate kaplanarak, her bir primerin standart eğri çizimi ile optimize edilen program eşliğinde Real-Time PCR aletinde yürütülmüştür. Her bir reaksiyonda herhangi bir kontaminasyon varlığının kontrolü amaçlı negatif kontrol (cDNA yerine su) kullanılmıştır. *Myb1*, *Myb14* ve *ZAT10* genleri için, Real-Time PCR reaksiyonları üç biyolojik ve üç teknik tekrar olacak şekilde gerçekleştirilmiştir. Her bir plate'de amplifikasyon eğrilerinin doğruluğu amaçlı son reaksiyon döngüsü sonrasında erime eğrisi (melting curve) analizleri gerçekleştirilmiştir. Her bir gen için, kuraklık stresi ve kontrol örneklerinden döngü eşik (cycle threshold, Ct) değerleri elde edilmiştir.

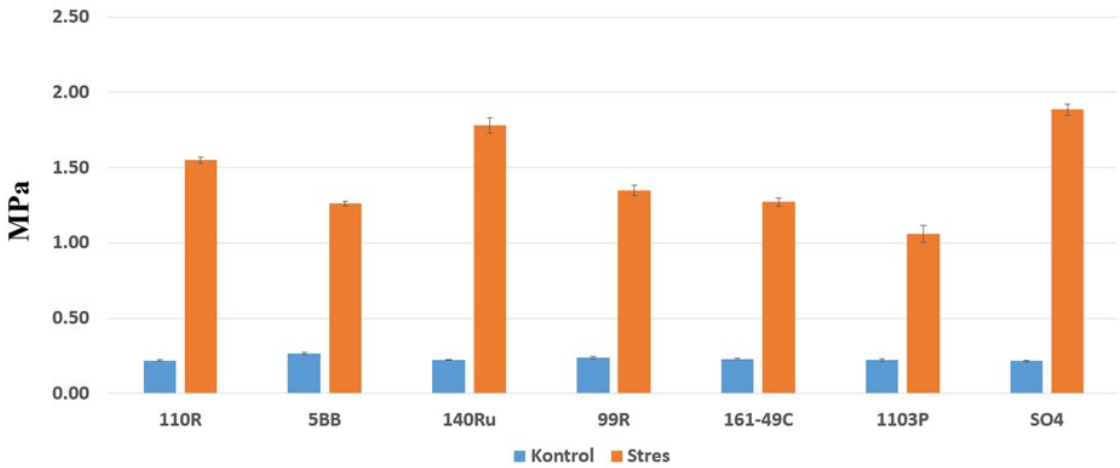
İstatistiksel analizler

Gerçekleştirilen önceki gen ekspresyon çalışmalarında belirtildiği gibi (Çakır Aydemir ve ark., 2020; Özmen ve ark., 2023; Özmen ve ark., 2025) gen ifade düzeylerinin hesaplanmasında $2^{-\Delta\Delta CT}$ (delta-delta Ct; ddCt) yöntemi kullanılmıştır (Livak & Schmittgen, 2001). Buna göre, her biyolojik tekrara ait teknik tekrarların ortalama Ct değerleri kullanılmıştır. Ayrıca, asma anaçlarında gen ifade profillerinin daha net görselleştirilmesi amacıyla Microsoft Excel kullanılarak ısı haritası (heat map) grafikleri oluşturulmuştur. Isı haritasında, renk skalası, düşükten (lacivert renk) yükseğe (sarı renk) doğru gen ifade düzeylerini temsil edecek şekilde ayarlanmıştır.

BULGULAR ve TARTIŞMA

Ψ (MPa) ölçümleri

Ψ (MPa) ölçümü kuraklık stresinin fizyolojik etkilerini anlamada önemli bir veri olarak hâlihazırda kullanılmaktadır (Rodriguez-Dominguez ve ark., 2025). Üzüm bitkisinde su stresi, Ψ (MPa) değerlerine göre sınıflandırıldığında, yaklaşık -0.60 ile -0.80 MPa arasında gaz değişimi ve stomatal iletkenlik üzerinde ilk etkiler başlamaktadır (Wenter ve ark., 2019). Orta düzey stres koşullarında, Ψ değerinin -1.5 MPa'nın altına düşmesi bitkinin hidrolik ve metabolik açıdan risk altına girdiğini göstermektedir. Daha da düşük değerlerde (< -1.6 MPa) ise ksilem kavitasyonu ve hidrolik iletkenlik kaybı riski artmakta olup, bu durum uzun süreli ve şiddetli stresin göstergesi olarak değerlendirilmektedir (Gambetta ve ark., 2020). Çalışmada belirlenen Ψ (MPa) ölçüm değerleri Şekil 1'de sunulmaktadır.



Şekil 1. Anaçların yaprak dokularında gerçekleştirilen Ψ (MPa) ölçüm değerleri. Kontrol (mavi sütun) ve stres (kırmızı sütun) koşullarına ait ortalama değerler karşılaştırılmış ve sonuçlar t-testi ile değerlendirilmiştir ($p \leq 0.05$)

Figure 1. Ψ (MPa) measurement values obtained from the leaves of the grapevine rootstocks. The average values for control (blue column) and stress (red column) conditions were compared and the results were evaluated using a t-test ($p \leq 0.05$).

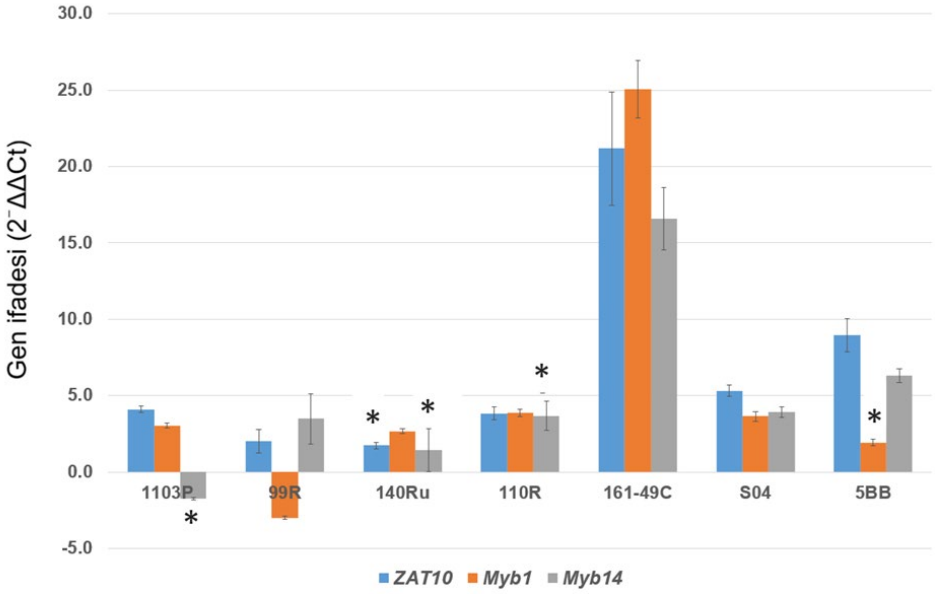
Ölçüm sonuçlarına göre, kontrol grubunda Ψ (MPa) yaklaşık -0.22 ile -0.27 MPa aralığında belirlenirken, kuraklık stresi altında ise bu değerler -1.06 ile -1.89 MPa aralığında tespit edilmiştir. Kuraklık stresi sonrasında en yüksek Ψ (MPa) düşüşleri sırası ile SO4 (-1.89 MPa) ve 140Ru (-1.78 MPa) asma anaçlarında belirlenmiştir. SO4 anacı, literatürlerde daha düşük kuraklık toleransı sergileyen anaçlar içerisinde yer almaktadır (Pérez-Álvarez ve ark., 2023). Toumi ve ark. (2007) tarafından yapılan bir çalışmada çeşitli *Vitis* türlerine kuraklık stresi uygulanmış olup, SO4 anacında, yaklaşık -1.9 MPa değeri ölçülmüştür. Bu değer, kuraklık stresinin çalışmamızla benzer şekilde şiddetli olduğunu göstermektedir. Çalışmamızda, 1103P anacında ise, en sınırlı azalma gösteren Ψ (MPa) değeri (-1.06 MPa) belirlenmiştir. Benzer şekilde, Romero ve ark. (2025) tarafından yapılan bir çalışmada da, 1103P anacı Ψ (MPa) değeri bakımından sınırlı düşüş göstermiş olup, bu durum çalışmamızdaki sonuç ile uyumludur. 1103P anaçlı bitkiler, şiddetli su eksikliği koşullarında "kaçınma" stratejisi ile Ψ (MPa) düşüşünü kontrol etmeye çalışarak stomatal kapanma ve ABA (absisik asit) artışı gibi mekanizmalar geliştirebilmektedir (Bianchi ve ark., 2023), bu durum da -1.06 MPa gibi daha kısmi düşüş değerleriyle sonuçlanabilir. Ölçümlere ilişkin genel değerlendirme yapıldığında ise, çalışmamızda, kuraklık stresi ile Ψ (MPa) değerlerindeki azalış, diğer çalışmalarda bildirilen SO4 ve 140Ru bağ anaçlarında gözlemlenen daha negatif su potansiyeli değerleri ile benzerlik göstermektedir. Özellikle Özmen ve ark. (2023) çalışmasında, SO4 ve 140Ru anaçlarında kontrole göre belirgin seviyelerde Ψ (MPa) azalması ve prolin yanıtı olduğu belirtilmiştir. Bu durum bu anaçlarda su dengesinin bozulduğunu göstermektedir.

Anaç seçiminde göz önünde bulundurulan su stresine yanıt, sadece su potansiyeli seviyesi ile sınırlı olmayıp, kök hidrolik iletkenliği ve stomatal davranış gibi diğer fizyolojik özelliklerle de ilişkilidir. Bu çerçevede, farklı anaçların farklı stres davranışları rapor edilmiştir (Labarga ve ark., 2021). Bu bulgu çalışmamızdaki Ψ (MPa) farklılıklarını açıklamaya yardımcı bir kaynak olarak karşımıza çıkmaktadır.

Transkripsiyon faktörlerinin gen ifade değişimleri

Son yıllarda yapılan çalışmalar, özellikle *Myb*, *C2H2* tipi çinko parmak, *NAC*, *bZIP, HD-Zip* ve AP2/ERF gibi transkripsiyon faktörü gen ailelerinin, kuraklık stresi koşullarında ABA-bağımlı ve ABA-bağımsız sinyal yolaklarını düzenleyerek, ozmotik düzenlenme, kök gelişimi ve antioksidan savunma mekanizmalarını kontrol ettiğini ortaya koymaktadır (Han ve ark., 2025; Hussain ve ark., 2021; Shinozaki & Yamaguchi-Shinozaki, 2007; Tang & Xia, 2025).

Kuraklık stresi altında, kök dokularında incelenen *Myb1*, *Myb14* ve *ZAT10* gen ifadeleri, asma anaçlarına bağlı olarak belirgin farklılıklar göstermiştir. Asma anaçlarında, 3 gen bölgesine yönelik gen ifade değişim grafiği Şekil 2'de verilmektedir.



Şekil 2. Çalışmada kullanılan asma anaçlarında, 3 gene ait $2^{-\Delta\Delta Ct}$ yöntemine göre hesaplanan relatif gen ifade (katsayı) düzeyleri (t-testi; $p \leq 0.05$). Sütunlar ortalama değerlerin standart hatasını göstermektedir. Yıldız işaretleri, gen ifadelerinde istatistiksel olarak anlamlı olmayan katsayı değişimlerini göstermektedir (t-testi; *p > 0.05*).

Figure 2. Relative gene expression levels (fold change) of three genes in the grapevine rootstocks used in the study were calculated using the $2^{-\Delta\Delta Ct}$ method (t-test; $p \leq 0.05$). Error bars represent the standard error of the mean values. Asterisks indicate non-significant changes in gene expression (t-test; $p > 0.05$).

Çalışmamızda, en yüksek gen ifade artışı, 25 kat ile 161-49C anacında *Myb1* geninde gözlemlenmiş olup, en yüksek ikinci gen ifade artışı ise aynı anaçta *ZAT10* geninde (21 kat) tespit edilmiştir (Şekil 2). Günümüzde, üzümde *Myb* gen ailesinin gen dizileri ve üye sayısı kapsamlı şekilde tanımlanmış olup, üzümde yüzlerce *Myb* veya *Myb*-ilişkili gen (*VvMyb*) belirlenmiştir. Üzümde, kuraklık stresi ile ilişkili *R2R3-Myb* gen üyeleri transkriptomik yaklaşımlar ile analiz edilmiş olup, kök ile yaprak dokularında bu genlerin gen ifadelerinin değiştiği açıklanmıştır (Jiao ve ark., 2025). Diğer bir çalışmada ise, *Vitis riparia* L. ile *Vitis labrusca* melezi 'Beta' asma anacından izole edilen *Vhmyb15* geninin ifadesindeki artışın *Arabidopsis thaliana* model bitkisinde, kuraklık ve tuz stresine karşı dayanıklılığı arttırdığı açıklanmıştır (Han ve ark., 2024). Benzer bir çalışmada ise, *Arabidopsis thaliana*'da *Vhmyb2* geninin yüksek seviyede ifade olması, hem tuz hem de kuraklık stresine karşı bitkilerin dayanıklılığını artırmıştır (Ren ve ark., 2023). Pamukta yapılan bir çalışmada, *Ghmyb3* geninin çalışmamıza benzer şekilde gen ifade artışı gösterdiği, kuraklık stresinde stomatal hareketi baskılayarak ve ROS birikimini azaltarak toleransı artırdığı bildirilmiştir (Zhu ve ark., 2023). Tüm bu sonuçlar, *Myb* transkripsiyon faktörlerinin üzümde abiyotik stresle ilişkili sinyal ağlarını etkilediğini göstermektedir.

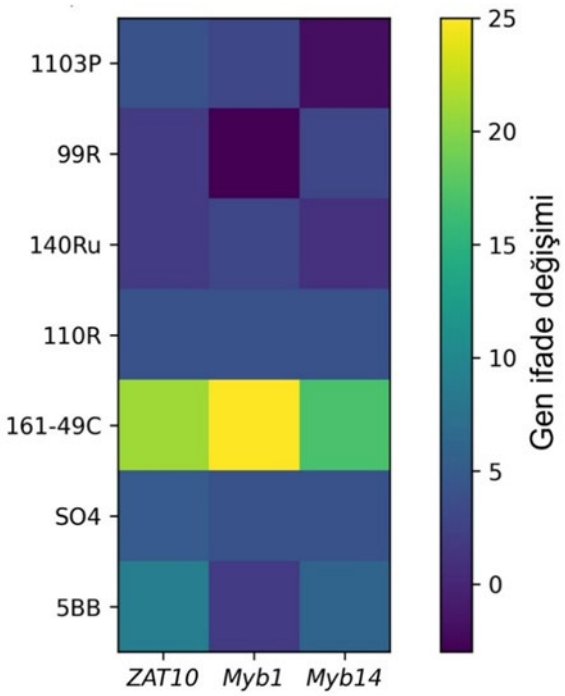
Son yıllarda yapılan çalışmalarda, özellikle *Myb1* ve *Myb2* gibi *Myb* alt gen aile üyelerinin, farklı stres koşullarında aktifleştirici düzenleyiciler olarak görev yaptığı (Ren ve ark., 2023) ve gen ifadesinin kuraklık stresi ile genellikle kök ve yaprak dokusunda artış gösterdiği (Alexander ve ark., 2019; Wang ve ark., 2025) açıklanmıştır. Örneğin *Hvmyb1* homologunun kuraklıkta ifadesi hem kök hem yaprakta artış göstermiş olup, bu durum stoma kapanmasının hızlandırılması ile su kaybının azaltılması ve antioksidan sistemleri aktive ederek ROS birikimini azaltılması ile ilişkilendirilmiştir. Bu sayede hücresel stres kontrol edilebilmektedir (Alexander ve ark., 2019). Bu çalışmada ise, *Myb1* geni, bu çalışmalara benzer şekilde gen ifade artışı (99R asma anacı hariç) göstermiş olup, V. *berlandieri* × V. *rupestris* ile V. *berlandieri* × V. *riparia* asma anaçları arasında (161-49C asma anacı hariç) gen ifade

artışı bakımından belirgin bir farklılık (2-4 kat arasında değişen sınırlı gen ifade artışı) gözlemlenmemiştir. Buna karşın, tüm asma anaçları içerisinde yalnızca V. *berlandieri* × V. *rupestris* melezi 99R asma anacı aynı gende, gen ifade azalışı (3 kat) göstermiştir (Şekil 2). *Myb1* geninin ifadesinin, 99R asma anacı köklerinde azalış göstermesi, bu genotipte stres yanıtının farklı bir transkripsiyonel düzenleme mekanizması ile yürütüldüğünü veya *Myb*-aracılı yolakların yeterince aktive edilemediğini düşündürmektedir. Bu duruma yönelik bazı araştırmalarda, *Myb* genlerinin gen ifadesi azaltıldığında, stomatal ABA duyarlılığı düşmekte ve bitkilerde kuraklık toleransı azalmaktadır; örneğin Arabidopsis'te Myb33, *Myb65* ve *Myb101*'in gen ifadesinin azaltıldığı mutantlarda, bitkiler daha az ABA-duyarlı hale gelmiş ve kuraklığa karşı toleransı düşmüştür (Wyrzykowska ve ark., 2022). Bu durum, *Myb* transkripsiyon faktörlerinin genetik düzenlenmesinin, hücresel stres sinyal ağı üzerinde önemli bir etkisi olduğunu göstermektedir.

ZAT10 geni, ABA-bağımsız sinyal yolağı ile ilişkili bir çinko parmak proteini olarak ilk kez tuz stresi toleransında tanımlanmıştır (Nguyen ve ark., 2012). *ZAT10* geni, abiyotik stres altında promotöründeki stresle ilişkili cis-elementler sayesinde transkripsiyonel olarak aktive olmakta, bu da genin transkripsiyonel yoğunluğunun artmasına yol açmaktadır. Özetle, *ZAT10 ifadesindeki artış, çevresel stresin algılanmasının ardından stres yanıtı ile ilişkili transkripsiyonel mekanizmaların aktive edildiğini göstermektedir* (Liu ve ark., 2022). Örneğin elmada yapılan bir çalışmada, *ZAT10*'un kuraklık stresine yanıtta, *DREB2A* gibi daha üst basamak transkripsiyon faktörleri tarafından doğrudan uyarıldığı ve ZAT10 gen ifadesinin artış gösterdiği açıklanmıştır (Li ve ark., 2023). Bu bilgiler, *ZAT10* geninin kuraklık stresi ile indüklenen geniş bir transkripsiyonel ağın bir parçası olduğunu desteklemektedir (Ciftci-Yilmaz & Mittler, 2008).

Bu çalışmada, diğer çalışmalara benzer şekilde (Hosseini ve ark., 2025; Li ve ark., 2023; Liu ve ark., 2022) tüm asma anaçlarında *ZAT10* geninde gen ifade artışı gözlemlenmiş olup, en yüksek gen ifade artışı sırası ile 161-49C (21 kat) ve 5BB asma anaçlarında (9 kat) tespit edilmiştir. Diğer asma anaçlarındaki gen ifadesi artışı ise 2-5 kat arasında gözlemlenmiştir (Şekil 2). Bu çalışmaya benzer olarak, kuraklık stresi uygulanan V. *vinifera* köklerinde özellikle "*ZAT10*-like" (Arabidopsis *STZ/ZAT10* homoloğu) geni, ifade düzeyi artan genlerinden biri olarak açıklanmıştır (Lukšić ve ark., 2023). Bu bulgu, üzüm bitkisinin kuraklık stresine yanıtta *ZAT10*-benzeri gen(ler)in gen ifadesinin artabileceği durumunu ortaya koymaktadır.

Analiz edilen transkripsiyon faktörlerine ait gen ifade profilleri, ısı haritası (heat map) analizi ile de görselleştirilmiştir (Şekil 3). Isı haritası analizi, gen ifade düzeylerinin, asma anaçları arasındaki farklılıklarını görsel olarak daha net ortaya koymaktadır. Özellikle, 161-49C anacının, tüm genlerde diğer asma anaçlarına göre belirgin seviyede gen ifade artışı göstermesi (Şekil 3), ısı haritasında sahip olduğu renk bakımından onu belirgin şekilde farklı göstermiştir.



Şekil 3. Anaçlarda, *Myb1, Myb14* ve *ZAT10* genlerine ait gen ifade değişim katsayılarının ısı haritası şeklindeki gösterimi

Figure 3. Heat map representation of fold changes in gene expression for Myb1, Myb14, and ZAT10 genes in the rootstocks

Asma anaçları birlikte değerlendirildiğinde ise, özellikle V. *berlandieri* ile V. *riparia* melezi (Bianchi ve ark., 2020) olan 161-49C asma anacında *ZAT10*, *Myb1* ve *Myb14* genlerinin yüksek düzeyde indüklenmiş olması, bu genotipte kuraklık stresine karşı belirgin ve karmaşık bir transkripsiyonel yanıtın devreye girmiş olabileceğini düşündürmektedir. Bununla birlikte, yüksek ifade düzeyleri tek başına daha yüksek kuraklık toleransı olarak yorumlanmamalıdır. Romero ve ark. (2025) tarafından yapılan çalışmada, uzun süreli kuraklık stresi koşullarında, 140Ru ve 1103P asma anaçları daha yüksek hidrolik kapasite ve fotosentetik aktiviteyi koruyarak daha anizohidrik bir strateji sergilerken, 161-49C asma anacı daha erken stomatal kapanma ile izohidrik ve daha korumacı bir davranış göstermiştir. 110R asma anacı ise bu iki strateji arasında dengeli bir yanıt vermiştir. Bununla birlikte, 110R ve 140Ru gibi *Vitis berlandieri* ile *Vitis rupestris* (Bianchi ve ark., 2020) kökenli anaçların kurak toprak koşullarına daha iyi adapte oldukları ve yüksek su kullanım etkinliği gösterebildikleri literatürde hâlihazırda bildirilmektedir (Serra ve ark., 2013). Buradan hareketle, 110R asma anacında üç genin de gen ifadesinin artış göstermesi, bu fizyolojik dayanıklılığın moleküler düzeyde stresle ilişkili transkripsiyon faktörlerinin aktivasyonu ile desteklendiğini düşündürmektedir.

Buna karşılık V. *berlandieri* ile V. *rupestris* kökenli, 99R ve kısmen 1103P anaçlarında bazı *Myb* genlerinin daha düşük düzeyde gen ifadesi artışı göstermesi, stres yanıtının genotipe özgü farklı düzenleyici ağlar üzerinden gerçekleştiğini desteklemektedir. Bu doğrultuda, anaçların kuraklık toleransının yalnızca kök morfolojisine değil, aynı zamanda hormonal sinyal iletimi ve transkripsiyonel düzenleme kapasitesine de bağlı olduğunu diğer çalışmalara benzer şekilde (Serra ve ark., 2013) ön plana çıkmaktadır.

Sonuç olarak, çalışmada kullanılan 7 adet asma anacında, 3 gen bakımından, kuraklık stresine hassas *Vitis riparia* ve kuraklık stresine tolerant *Vitis rupestris* kökenlerine (Chen ve ark., 2024) göre net bir ayrım tespiti yapılmamıştır. Bu durum, asma anaçlarında kuraklık toleransının sınırlı sayıdaki genle açıklanamayacak kadar kompleks ve çok faktörlü bir özellik olduğunu göstermektedir. Nitekim önceki çalışmalar, kuraklık yanıtının kök

mimarisi, hidrolik iletkenlik, ABA-bağımlı sinyal yolakları ve çoklu transkripsiyon faktör ağlarının koordineli düzenlenmesiyle belirlendiğini ortaya koymuştur (Chaves ve ark., 2010; Cramer ve ark., 2007; Yıldırım ve ark., 2018). Bu nedenle asma anaçları arası stres tolerans farklılıkları, belirli genlerin ekspresyon düzeyinden ziyade bütüncül fizyolojik ve moleküler yanıt ağlarının entegrasyonuna bağlı olabilir. Bununla birlikte, 161-49C (V. *berlandieri* × V. *riparia*) asma anacında *ZAT10*, *Myb1* ve *Myb14* genlerinin belirgin şekilde gen ifade artışı göstermesi, bu anaçta kuraklık stresine karşı koordineli bir transkripsiyonel savunma yanıtının devreye girdiğini düşündürmektedir. Tüm bu bilgiler, asma anacı seçiminin kuraklık koşullarında yalnızca fizyolojik değil, aynı zamanda moleküler düzeyde stres yanıtı temelli de değerlendirilmesi gerektiğini göstermektedir.

Bu çalışma bulgularının, asma anaçlarında kuraklık stresine karşı transkripsiyonel yanıtın anlaşılmasına katkı sağlayarak, stres tolerans mekanizmalarının moleküler düzeyde aydınlatılmasına yönelik gelecekteki fonksiyonel ve genomik çalışmalara altyapı oluşturacağı düşünülmektedir.

ÇIKAR ÇATIŞMA BEYANI

Bu makalede çıkar çatışması söz konusu değildir.

ARAŞTIRMACILARIN KATKI ORANI BEYANI

Yazar makalenin tamamında hak sahibi olduğunu beyan eder.

ETİK ONAY BEYANI

Bu makalede insan veya hayvan deneklerle herhangi bir çalışma bulunmaması nedeniyle etik onaya gerek duyulmamaktadır.

KAYNAKLAR

Alexander, R. D., Wendelboe-Nelson, C., & Morris, P. C. (2019). The barley transcription factor *HvMYB1* is a positive regulator of drought tolerance. *Plant Physiology and Biochemistry, 142*, 246-253. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.07.014

Bianchi, D., Caramanico, L., Grossi, D., Brancadoro, L., & De Lorenzis, G. (2020). How do novel M-rootstock (Vitis spp.) genotypes cope with drought? *Plants, 9*(10), 1385. https://doi.org/10.3390/plants9101385

Bianchi, D., Ricciardi, V., Pozzoli, C., Grossi, D., Caramanico, L., Pindo, M., Stefani, E., Cestaro, A., Brancadoro, L., & De Lorenzis, G. (2023). Physiological and transcriptomic evaluation of drought effect on own-rooted and grafted grapevine rootstock (1103P and 101-14MGt). *Plants, 12*(5), 1080. https://doi.org/10.3390/plants12051080

Bustin, S. A., Benes, V., Garson, J. A., Hellemans, J., Huggett, J., Kubista, M., Mueller, R., Nolan, T., Pfaffl, M. W., Shipley, G. L., Vandesompele, J., & Wittwer, C. T. (2009). The MIQE Guidelines: Minimum Information for Publication of Quantitative Real-Time PCR Experiments. *Clinical Chemistry, 55*(4), 611-622. https://doi.org/10.1373/clinchem.2008.112797

Chaves, M. M., Zarrouk, O., Francisco, R., Costa, J. M., Santos, T., Regalado, A. P., Rodrigues, M. L., & Lopes, C. M. (2010). Grapevine under deficit irrigation: hints from physiological and molecular data. *Annals of Botany, 105*(5), 661-676. https://doi.org/10.1093/aob/mcq030

Chen, Y., Fei, Y., Howell, K., Chen, D., Clingeleffer, P., & Zhang, P. (2024). Rootstocks for grapevines now and into the future: selection of rootstocks based on drought tolerance, soil nutrient availability, and soil pH. *Australian Journal of Grape and Wine Research, 2024*(1), Article 6704238. https://doi.org/10.1155/2024/6704238

Ciftci-Yilmaz, S., & Mittler, R. (2008). The zinc finger network of plants. *Cellular and Molecular Life Sciences, 65*(7–8), 1150–1160. https://doi.org/10.1007/s00018-007-7473-4

Cramer, G. R., Ergül, A., Grimplet, J., Tillett, R. L., Tattersall, E. A. R., Bohlman, M. C., Vincent, D., Sonderegger, J., Evans, J., Osborne, C., Quilici, D., Schlauch, K. A., Schooley, D. A., Cushman, J. C., & Cushman, M. A. (2007). Water and salinity stress in grapevines: early and late changes in transcript and metabolite profiles. *Functional & Integrative Genomics, 7*(2), 111-134. https://doi.org/10.1007/s10142-006-0039-y

Çakır Aydemir, B., Yüksel Özmen, C., Kibar, U., Mutaf, F., Büyük, P. B., Bakır, M., & Ergül, A. (2020). Salt stress induces endoplasmic reticulum stress-responsive genes in a grapevine rootstock. *PLoS ONE, 15*(7), e0236424. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0236424

Dubos, C., Stracke, R., Grotewold, E., Weisshaar, B., Martin, C., & Lepiniec, L. (2010). MYB transcription factors in *Arabidopsis*. *Trends in Plant Science, 15*(10), 573-581. https://doi.org/10.1016/j.tplants.2010.06.005

El-Banna, M. F., AL-Huqail, A. A., Farouk, S., Belal, B. E. A., El-Kenawy, M. A., & Abd El-Khalek, A. F. (2022). Morpho-Physiological and Anatomical Alterations of Salt-Affected Thompson Seedless Grapevine (*Vitis vinifera* L.) to Brassinolide Spraying. *Horticulturae, 8*(7), Article 568. https://doi.org/10.3390/horticulturae8070568

Gambetta, G. A., Herrera, J. C., Dayer, S., Feng, Q., Hochberg, U., & Castellarin, S. D. (2020). The physiology of drought stress in grapevine: towards an integrative definition of drought tolerance. *Journal of Experimental Botany, 71*(16), 4658-4676. https://doi.org/10.1093/jxb/eraa245

Han, J., Dai, J., Chen, Z., Li, W., Li, X., Zhang, L., Wang, W., Zhang, Z., Fan, P., Wang, Y., Wang, C., Han, D., Zhang, S., & Li, X. (2024). Overexpression of a 'Beta' MYB factor gene, *VhMYB15*, increases salinity and drought tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *International Journal of Molecular Sciences, 25*(3), 1534. https://doi.org/10.3390/ijms25031534

Han, J., Xia, J., Wang, C., Wang, Z., Zhao, Z., Wang, Z., & Zhang, Y. (2025). Stage-specific transcriptomic responses of wheat to heat, drought, and combined stress: AP2/ERF regulatory networks and functional characterization of *TaEREBP1-L*. *BMC Plant Biology, 25*(1), 1594.https://doi.org/10.1186/s12870-025-07615-2

Hoagland, D. R., & Arnon, D. I. (1950). The water culture method for growing plants without soil. University of California, Berkeley, CA, USA, *Circular 347*, 1-32.

Hosseini, E., Razi, H., Tahmasebi, A., Alemzadeh, A., & Ebrahimie, E. (2025). Comparative transcriptomic and biochemical analyses reveal candidate regulatory genes associated with early drought response signatures in contrasting rapeseed (Brassica napus) cultivars. *Scientific Reports, 16, 966* . https://doi.org/10.1038/s41598-025-30408-4

Hrmova, M., & Hussain, S. S. (2021). Plant transcription factors involved in drought and associated stresses. *International Journal of Molecular Sciences*, *22*(11), 5662. https://doi.org/10.3390/ijms22115662

Hussain, Q., Asim, M., Zhang, R., Khan, R., Farooq, S., & Wu, J. (2021). Transcription factors interact with ABA through gene expression and signaling pathways to mitigate drought and salinity stress. *Biomolecules*, *11*(8), 1159. https://doi.org/10.3390/biom11081159

Irani, H., Valizadeh-Kaji, B., & Naeini, M. R. (2021). Biostimulant-induced drought tolerance in grapevine is associated with physiological and biochemical changes. *Chemical and Biological Technologies in Agriculture*, *8*(1), 5. https://doi.org/10.1186/s40538-021-00210-7

Jiao, S., Huang, Y., Lu, S., Wang, H., Li, Y., Mao, J., & Chen, B. (2025). Transcriptomic changes and *VvMYBPA1* function analysis reveal the molecular mechanism of drought tolerance in grapevine. *Journal of Integrative Agriculture, 25 (4), 1501-1518*. https://doi.org/10.1016/j.jia.2025.12.028

Kaya, C. (2025). Molecular crosstalk of transcription factors and hormones in drought tolerance genes in plants. *Turkish Journal of Botany*, *49*(3), 145-164. https://doi.org/10.55730/1300-008X.2852

Krishankumar, S., Hunter, J. J., Alyafei, M., Hamed, F., Subramaniam, S., Ramlal, A., Yousuf, A., Al Jabri, H., Al Mahruqi, H., Al Harthy, S., Al Kharusi, L., Al Habsi, K., Al Yahyai, R., Al Mahmoudi, H., Al Rashdi, A., Al Harrasi, S., Al Mahri, A., Al Mahrouqi, A., Al Hinai, M., & Amiri, K. M. (2025). Physiological, biochemical and elemental

responses of grafted grapevines under drought stress: insights into tolerance mechanisms. *BMC Plant Biology*, *25*(1), 385. https://doi.org/10.1186/s12870-025-06374-4

Labarga, D., Mairata, A., Puelles, M., Santana, S., García-Escudero, E., & Pou, A. (2021, October). Rootstocks modulate the physiology of the scion responses to water deficit in grapevines. In XI International Symposium on *Grapevine Physiology and Biotechnology* (Vol. 1390, pp. 49-56).

Li, X. L., Meng, D., Li, M. J., Zhou, J., Yang, Y. Z., Zhou, B. B., Yang, M. M., Li, M., Ma, F. W., Xu, K. N., & Zhang, J. K. (2023). Transcription factors *MhDREB2A/MhZAT10* play a role in drought and cold stress response crosstalk in apple. *Plant Physiology*, *192*(3), 2203-2220. https://doi.org/10.1093/plphys/kiad147

Liu, Y., Khan, A. R., & Gan, Y. (2022). *C2H2* zinc finger proteins response to abiotic stress in plants. *International Journal of Molecular Sciences*, *23*(5), 2730. https://doi.org/10.3390/ijms23052730

Livak, K. J., & Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. *Methods*, *25*(4), 402-408. https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262

Lukšić, K., Mucalo, A., Smolko, A., Brkljačić, L., Marinov, L., Hančević, K., Kovačević Ganić, K., Žulj Mihaljević, M., Maletić, E., Pejić, I., Poljuha, D., Radić, T., Osrečak, M., Žufić, V., Zdunić, G., & Kozina, B. (2023). Biochemical response and gene expression to water deficit of Croatian grapevine cultivars (*Vitis vinifera* L.) and a specimen of *Vitis sylvestris*. *Plants*, *12*(19), 3420. https://doi.org/10.3390/plants12193420

Mullins, M. G., Bouquet, A., & Williams, L. E. (1992). Biology of the Grapevine. Cambridge University Press.

Nguyen, X. C., Kim, S. H., Lee, K., Kim, K. E., Liu, X. M., Han, H. J., Hoang, M. H., Lee, S. W., Hong, J. C., & Moon, Y. H. (2012). Identification of a *C2H2*-type zinc finger transcription factor (*ZAT10*) from Arabidopsis as a substrate of MAP kinase. *Plant Cell Reports*, *31*(5), 737-745. https://doi.org/10.1007/s00299-011-1196-5

Ollat, N., Bordenave, L., Tandonnet, J. P., Boursiquot, J. M., & Marguerit, E. (2014, October). Grapevine rootstocks: origins and perspectives. In I International Symposium on Grapevine Roots (Vol. 1136, pp. 11–22).

Özmen, C. Y., Baydu, F. Y., Hasanzadeh, M., Öktem, M., Babaoğlu, G., Kibar, U., & Ergül, A. (2023). Assessment of drought stress responsive genes expression profiles and proline accumulation in a diverse set of grapevine rootstocks. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, *47*, 319-334. https://doi.org/10.55730/1300-011X.3089

Özmen, C. Y., Yılmaz Baydu, F., & Ergül, A. (2025). Comparative analysis of Cabernet Sauvignon (*Vitis vinifera* L.) and Kober 5BB (*V. berlandieri × V. riparia*) root transcriptomes reveals multiple processes associated with drought tolerance in grapevines. *Horticulturae*, *11*(9), 1092. https://doi.org/10.3390/horticulturae11091092

Pérez-Álvarez, E. P., Intrigliolo, D. S., Martínez-Moreno, A., García-Sánchez, F., Parra, M., Alfosea-Simon, M., & Buesa, I. (2023). Ecophysiological responses of grapevine rootstocks to water deficit. *Vitis- Journal of Grapevine Research*, *62*(2), https://doi.org/10.5073/VITIS.2023.62.59-74

Prinsi, B., Simeoni, F., Galbiati, M., Meggio, F., Tonelli, C., Scienza, A., & Espen, L. (2021). Grapevine rootstocks differently affect physiological and molecular responses of the scion under water deficit condition. *Agronomy*, *11*(2), 289. https://doi.org/10.3390/agronomy11020289

Ren, C., Li, Z., Song, P., Wang, Y., Liu, W., Zhang, L., Wang, W., Zhang, Z., Fan, P., Wang, C., Han, D., Zhang, S., & Li, X. (2023). Overexpression of a grape *MYB* transcription factor gene *VhMYB2* increases salinity and drought tolerance in Arabidopsis thaliana. *International Journal of Molecular Sciences*, *24*(13), 10743. https://doi.org/10.3390/ijms241310743

Rodriguez-Dominguez, C. M., Carins-Murphy, M. R., Sebastian-Azcona, J., & Brodribb, T. J. (2025). Stem water potential measurements obtained using standard methodologies diverge under extreme drought in tomato and grapevine. *Plant Physiology*, *199*(4), kiaf591. https://doi.org/10.1093/plphys/kiaf591

Romero, P., Acosta, J. M. N., Pérez-Pérez, J. G., Dodd, I. C., Antolinos, V., Marín, J. L., García-Tejero, I. F., Botía, P., Navarro, J. M., & Ordaz, P. B. (2025). The rootstock imparts different drought tolerance strategies in long-term field-grown deficit irrigated grapevines. *Scientia Horticulturae*, *346*, 114167. https://doi.org/10.1016/j.scienta.2025.114167

Jogaiah, S., Ramteke, S. D., Sharma, J., & Upadhyay, A. K. (2014). Moisture and salinity stress induced changes in biochemical constituents and water relations of different grape rootstock cultivars. International Journal of *Agronomy*, *2014*, Article 789087. https://doi.org/10.1155/2014/789087

Serra, I., Strever, A., Myburgh, P. A., & Deloire, A. (2013). Review: the interaction between rootstocks and cultivars (*Vitis vinifera* L.) to enhance drought tolerance in grapevine. *Australian Journal of Grape and Wine Research*, *20*(1), 1-14. https://doi.org/10.1111/ajgw.12005

Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2007). Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of Experimental Botany*, *58*(2), 221-227. https://doi.org/10.1093/jxb/erl164

Tang, Y., & Xia, P. (2025). *WRKY* transcription factors: key regulators in plant drought tolerance. *Plant Science*, *359*, 112647. https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2025.112647

Tattersall, E. A., Ergul, A., AlKayal, F., DeLuc, L., Cushman, J. C., & Cramer, G. R. (2005). Comparison of methods for isolating high-quality RNA from leaves of grapevine. *American Journal of Enology and Viticulture*, *56*, 400–406.

Toumi, I., M'Sehli, W., Bourgou, S., Jallouli, N., Bensalem-Fnayou, A., Ghorbel, A., & Mliki, A. (2007). Response of ungrafted and grafted grapevine cultivars and rootstocks (Vitis sp.) to water stress. *Oeno One*, *41*(2), 85-94. https://doi.org/10.20870/oeno-one.2007.41.2.1127

Wang, Z., Yin, S., Wei, Y., Chen, B., & Li, W. (2025). Transcriptome and WGCNA analysis revealed the molecular mechanism of drought resistance in new sugarcane varieties. *Frontiers in Plant Science*, *16*, 1687280. https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1687280

Wenter, A., Zanotelli, D., Tagliavini, M., & Andreotti, C. (2019, June). Thresholds of soil and plant water availability that affect leaf transpiration, stomatal conductance and photosynthesis in grapevines. In *IX International Symposium on Irrigation of Horticultural Crops* (Vol. 1335, pp. 605-612).

Wyrzykowska, A., Bielewicz, D., Plewka, P., Sołtys-Kalina, D., Wasilewicz-Flis, I., Marczewski, W., Szczerba, H., Ciesielski, A., Szweykowska-Kulińska, Z., & Jarmołowski, A. (2022). The *MYB33*, *MYB65*, and *MYB101* transcription factors affect Arabidopsis and potato responses to drought by regulating the ABA signaling pathway. *Physiologia Plantarum*, *174*(5), e13775. https://doi.org/10.1111/ppl.13775

Yıldırım, K., Yağcı, A., Sucu, S., & Tunç, S. (2018). Responses of grapevine rootstocks to drought through altered root system architecture and root transcriptomic regulations. *Plant Physiology and Biochemistry*, *127*, 256-268. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2018.04.021

Yilmaz Baydu, F. (2026). Comparative expression analysis of *Myb1*, *Myb14*, and *Myb15* genes in leaf tissues of grapevine rootstocks under long-term drought stress. *International Journal of Agriculture, Environment and Food Sciences*, *10*(2), 514-521. https://doi.org/10.31015/jaefs.2026.2.24

Zhu, N., Duan, B., Zheng, H., Mu, R., Zhao, Y., Ke, L., & Sun, Y. (2023). An *R2R3 MYB* gene *GhMYB3* functions in drought stress by negatively regulating stomatal movement and ROS accumulation. *Plant Physiology and Biochemistry*, *197*, 107648. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2023.107648