

**T.C.
KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ**

**SALATALIKTA ISI ŞOKU PROTEİNLERİNİN
BİYOİNFORMATİK ANALİZLERİ VE ABİYOTİK STRES
KOŞULLARINA TEPKİSİNİN OMİKS YAKLAŞIMLAR
KULLANILARAK İNCELENMESİ**

Necdet Mehmet ÜNEL

**Danışman
Jüri Üyesi
Jüri Üyesi**

**Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU
Prof. Dr. Orhan KAVUNCU
Doç. Dr. Musa KAVAS**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ
GENETİK VE BİYOMÜHENDİSLİK ANA BİLİM DALI**

KASTAMONU – 2018

TEZ ONAYI

Necdet Mehmet ÜNEL tarafından hazırlanan "**Salatalıkta Isı Şoku Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri ve Abiyotik Stres Koşullarına Tepkisinin Omiks Yaklaşımlar Kullanılarak İncelenmesi**" adlı tez çalışması aşağıdaki jüri üyeleri önünde savunulmuş ve **oy birliği** ile Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Genetik ve Biyomühendislik Ana Bilim Dalı'nda **YÜKSEK LİSANS TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman

Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU
Kastamonu Üniversitesi



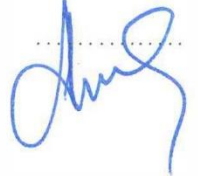
Jüri Üyesi

Prof. Dr. Orhan KAVUNCU
Kastamonu Üniversitesi



Jüri Üyesi

Doç. Dr. Musa KAVAS
Ondokuz Mayıs Üniversitesi



11/05/2018

Enstitü Müdür V.

Doç. Dr. Mehmet Altan Kurnaz



TAAHHÜTNAME

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını bildirir ve taahhüt ederim.

İmza

Necdet Mehmet ÜNEL



ÖZET

Yüksek Lisans Tezi

SALATALIKTA ISI ŞOKU PROTEİNLERİNİN BİYOİNFORMATİK ANALİZLERİ VE ABİYOTİK STRES KOŞULLARINA TEPKİSİNİN OMİKS YAKLAŞIMLAR KULLANILARAK İNCELENMESİ

Necdet Mehmet ÜNEL
Kastamonu Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü

Genetik ve Biyomühendislik Ana Bilim Dalı

Danışman: Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU

Isı şoku proteinleri ailesi organizmalarda hem normal koşullarda hem de stres faktörlerinin etkili olduğu koşullarda önemli bir role sahip bir protein ailesidir. Bitkilerde, özellikle stres koşullarına maruz kalındığında proteinlerin fonksiyonlarını kaybetmemeleri ve canlılığın korunması açısından çok önemli bir yere sahiptirler.

Salatalık (*Cucumis sativus*) ülkemizin her bölümünde üretimi yapılan bir bitkidir. Özellikle besin ve vitamin içeriği açısından değerlendirildiğinde insan diyetinde önemli bir yere sahiptir. Ayrıca uzun mesafeli sinyal olaylarını kapsayan vasküler biyoloji çalışmaları ve cinsiyet belirlenmesi çalışmaları gibi birçok çalışmada model organizma olarak kullanılmaktadır.

Üç bölümden oluşan bu tez kapsamında ilk olarak 6 ısı şoku protein ailesine (sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90, Hsp100) mensup genler biyoinformatik yöntemler kullanılarak salatalık genomunda belirlenmiştir. Daha sonra genlerin ve bu genlerin ürünü olan proteinlerin karakterizasyonları gerçekleştirilmiştir. Yapılan analizler sonucunda salatalık genomunda kodlanan 36 adet sHsp, 100 adet Hsp40, 28 adet Hsp60, 14 adet Hsp70, 7 adet Hsp90 ve 17 adet Hsp100 geni tanımlanmıştır. *CsHsp* genlerinin ve proteinlerinin moleküler karakterizasyonu belirlemek için biyoinformatik analizleri yapılmıştır. Bunlar arasında, *CsHsp*'lerin kromozomal dağılımları, gen yapıları, korunmuş motifleri, filogenetik ilişkileri, gen ontolojisi sınıflandırmaları, farklı organizmalardaki ortologlarının belirlenmesi gibi biyoinformatik analizler yer almaktadır.

Tezin ikinci bölümünde ise, ilk olarak salatalık bitkisine ait transkriptom verileri (RNA-seq) ilgili veri tabanlarında bulunmuştur. Ardından bu verilerin ileri biyoinformatik analizleri yapılarak, gerçek zamanlı-PZR ile ifadesi çalışılacak genler seçilmiştir. Seçilen genlerin yüksek sıcaklık, düşük sıcaklık, tuzluluk, kuraklık stresleri ve ABA uygulaması durumlarında ifade seviyelerindeki değişimler incelenmiştir. Analizlerde salatalığın kök ve yaprak dokuları, stres muamelesinden sonra 1., 3., 6. ve 12. saatlerde toplanarak kullanılmışlardır. Yapılan analizler

sonucunda, *CssHsp-08*, *CsHsp40-70* ve *CsHsp70-06* genlerinin ifadelerinin farklı stres koşulları karşısında büyük ölçüde arttığı belirlenmiştir. Bu genler arasından *CssHsp-08* geninin ifadesinin kuraklık, tuzluluk, düşük sıcaklık stresleri ve ABA uygulaması karşısında büyük artış göstermesi, bu genin stres koşullarında direncin sağlanabilmesi açısından önemli bir gen olduğunu işaret etmektedir.

Tezin son bölümünde ise, aynı stres koşullarında metabolit düzeyindeki değişimlerin belirlenmesi amacıyla bitki ekstraktları türevlendirmenin ardından GC-MS ile analiz edilmiştir. Amino asitlerin, şekerlerin, şeker alkollerinin ve TCA döngüsü elemanlarının stres faktörlerine karşı gösterdikleri tepkiler değerlendirilmiştir. Yapılan analizler sonucunda, yaprakta belirlenen amino asitlerin özellikle yüksek sıcaklık altında, kökte belirlenen amino asitlerin ise kuraklık karşısında birikimlerinin daha fazla olduğu dikkat çekmektedir. Çalışmamızda, çoklu doymamış yağ içeren yağ asitlerinin miktarları ile doymuş yağ asitlerinin miktarları karşılaştırıldığında; tuzluluk, kuraklık ve ABA uygulamalarında miktarlarının yakın olduğu ancak, yüksek sıcaklık ve düşük sıcaklık uygulamalarında doymuş yağ asitlerinin daha yüksek miktarda bulunduğu belirlenmiştir. Uygulanılan stres faktörlerinin büyük bölümünde, her iki dokuda da sükröz birikimi olduğu da gözlenmiştir.

Çalışmamız önemli bir aile olan ısı şoku proteinleri ailesinin yapısının, organizasyonunun, evriminin ve ifade profillerinin anlaşılması açısından önem arz etmektedir ve gelecekte yaşanabilecek muhtemel gıda problemlerine karşı alınacak önlemler açısından kazançlı olacaktır. Ayrıca çalışmamız, bitki stres mekanizmalarının anlaşılmasında omiks yaklaşımlarının kullanılması açısından temel niteliğindedir ve önemli bilgiler açığa çıkartmıştır.

Anahtar Kelimeler: Salatalık, ısı şoku proteini, hsp, metabolom, abiyotik stres

2018, 175 sayfa

Bilim Kodu: 923

ABSTRACT

MSc. Thesis

BIOINFORMATICS ANALYSIS OF CUCUMBER HEAT SHOCK PROTEINS AND INVESTIGATION OF RESPONSE TO ABIOTIC STRESS CONDITIONS BY USING OMICS APPROACHES

Necdet Mehmet ÜNEL
Kastamonu University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Genetics and Bioengineering

Supervisor: Assoc. Prof. Mehmet Cengiz BALOĞLU

Abstract: Heat-shock proteins are a family of proteins that play an important role in organisms both under normal conditions and under conditions that stressors are effective. In plants, they have a very important place in terms of preserving the vitality and functionality of proteins, especially when exposed to stress conditions.

Cucumber (*Cucumis sativus*) is a plant that is produced in every part of our country. Especially when it is evaluated in terms of nutritional and vitamin content, it has an important place in human diet. It is also used as a model organism in many studies.

In this three-part thesis, genes belonging to 6 heat shock protein families (sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90, Hsp100) were first identified in the cucumber genome using bioinformatic methods. Characterization of genes and proteins was then carried out. As a result of the analysis, 36 *sHsp*, 100 *Hsp40*, 28 *Hsp60*, 14 *Hsp70*, 7 *Hsp90* and 17 *Hsp100* genes were coded in the cucumber genome. Bioinformatics analyzes of *CsHsp* genes and proteins were performed to determine the molecular characterization. These include bioinformatics analyzes such as chromosomal distributions of *CsHsps*, gene structures, conserved motifs, phylogenetic relationships, gene ontology classifications, and identification of orthologs in different organisms.

In the second part of the thesis, firstly transcriptomic data (RNA-seq) of cucumber plant were found in the related databases. Next, advanced bioinformatics analyzes of these data were performed to select genes to be expressed in real time-PCR. Changes in expression levels of selected genes in high temperature, low temperature, salinity, drought stress, and ABA application conditions were investigated. In the analyzes, root and leaf tissues of cucumber were collected at 1st, 3rd, 6th and 12th hours after stress treatment. As a result of the analyzes made, it was determined that the expression of *CssHsp-08*, *CsHsp40-70* and *CsHsp70-06* genes greatly increased in response to different stress conditions. Among these genes, the expression of the *CssHsp-08* gene shows a large increase in drought, salinity, low temperature stresses and ABA application, indicating that this gene is an important gene for resistance to stress conditions.

In the last part of the thesis, plant extracts were analyzed by GC-MS after derivatization in order to determine changes in metabolite level under the same stress conditions. The responses of amino acids, sugars, sugar alcohols and TCA cyclic elements to stress factors were evaluated. As a result of the analyzes made, it is noteworthy that the accumulation of the amino acids determined in the leaf, especially at high temperature, and the amino acids determined at the root, are more in the face of drought. When we compare the amounts of saturated fatty acids with the amounts of fatty acids containing polyunsaturated bonds, salinity, drought and ABA applications, but higher amounts of saturated fatty acids were found in high temperature and low temperature applications. It has also been observed that for most of the applied stress factors, sucrose accumulates in both tissues.

Our work is important for the understanding of the structure, organization, evolution and expression profiles of the family of heat shock proteins, which is an important family, and will be beneficial in terms of measures to be taken against possible future food problems. In addition, our work is fundamental to the use of omics approaches to understanding plant stress mechanisms and has yielded important information.

Key Words: Cucumber, heat shock proteins, hsp, metabolome, abiotic stress

2018, 175 pages

Science Code: 923

TEŐEKKÜR

Danışmanlığımı yapmaya başladığı ilk andan itibaren bana güvenen; ilgisini, bilgisini ve deneyimlerini benden esirgemeyen değerli danışman hocam Sayın Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĐLU' na sonsuz teşekkürlerimi ve şükranlarımı sunarım. Yüksek lisans öğrenimim boyunca bana desteklerini sunan Sayın Dr. Öğr. Üyesi Yasemin ÇELİK ALUNOĐLU' na içten teşekkür ederim. Her zaman yanımda olan, desteklerini ve yardımlarını esirgemeyen sevgili çalışma arkadaşlarım ve değerli hocalarımdan oluşan Plantomiks Lab üyelerine tek tek teşekkürlerimi sunarım. Nefes aldığım her an desteklerini hissettiğim, en değerlim aileme minnettarım, teşekkür ederim.

Çalışmamız KÜBAP-01/2016-45 ve KÜ-HIZDES/2017-16 numaralı projeler ile desteklenmiştir, Kastamonu Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetimi Koordinatörlüğü Birim Başkanlığı' na teşekkür ederim.

Necdet Mehmet ÜNEL
Kastamonu, Mayıs, 2018

İÇİNDEKİLER

Sayfa

ÖZET.....	iv
ABSTRACT.....	vi
TEŞEKKÜR.....	viii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xii
ŞEKİLLER DİZİNİ.....	xv
TABLolar DİZİNİ	xviii
1. GİRİŞ.....	1
1.1. Salatalık Hakkında Genel Bilgiler.....	1
1.1.1. Salatalık (<i>Cucumis sativus</i>).....	1
1.2. Isı Şoku Proteinleri.....	3
1.2.1. Protein Katlanmaları	4
1.2.2. Isı Şoku Proteinlerinin Sınıflandırılması ve Fonksiyonları.....	4
1.3. Bitkilerde Stres Kavramı	18
1.3.1. Bitkilerde Stres Koşullarında Gen İfadesinin Düzenlenmesi.....	22
1.3.2. Bitkilerde Stres Koşullarında Metabolik Düzenlenmeler	25
2. KURAMSAL TEMELLER	27
BÖLÜM I.....	31
3. GENOMİKS ANALİZLER.....	31
3.1. Materyal ve Yöntem.....	31
3.1.1. Salatalık Genomunda Isı Şoku Genlerinin Belirlenmesi	31
3.1.2. Isı Şoku Genlerinin Kromozomal Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve	
Gen Yapısının Tahmini.....	31

3.1.3.	Dizi Hizalanması, Filogenetik Analizler ve Korunmuş Motiflerin Belirlenmesi	32
3.1.4.	Gen Ontoloji Analizleri.....	32
3.1.5.	Salatalık Isı Şoku Proteinlerinin Ortolog İlişkilerinin Belirlenmesi	32
3.1.6.	Homolog ve Homolog Olmayan Değişim Oranlarının Hesaplanması.	33
3.1.7.	Isı Şoku Genlerini Hedef Alan miRNA' ların <i>in-silico</i> Tanımlanması	33
3.1.8.	Isı Şoku Proteinlerinin Homoloji Modellemesi	33
3.2.	Bulgular	34
3.2.1.	Salatalık Isı Şoku Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu	34
3.2.2.	Filogenetik Analizler.....	58
3.2.3.	Salatalık Isı Şoku Genlerini Hedefleyen miRNA' ların Analizleri.....	67
3.3.	Tartışma ve Sonuç	68
BÖLÜM II.....		92
4.	TRANSKRİPTOMİKS VE GEN İFADESİ ANALİZLERİ	92
4.1.	Materyal ve Yöntem	92
4.1.1.	Kimyasal Madde ve Kitler	92
4.1.2.	Kullanılan Cihaz ve Aletler.....	93
4.1.3.	Transkriptom Verileri Kullanılarak Salatalık Isı Şoku Genlerinin İfade Profillerinin Çıkarılması	93
4.1.4.	Bitki Materyali ve Stres Uygulamaları	94
4.1.5.	Moleküler Genetik Analizleri	95
4.1.6.	Salatalık Isı Şoku Genlerinin İfadelerinin Gerçek Zamanlı-PZR ile Doğrulanması	99
4.2.	Bulgular	102
4.2.1.	Transkriptom Verilerinin Analizi ve Gerçek-Zamanlı PZR ile Çalışılacak Genlerin Seçilmesi	102
4.2.2.	Kuraklık Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi	107

4.2.3.	Tuzluluk Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi	111
4.2.4.	Sıcak Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi	115
4.2.5.	Soğuk Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi	118
4.2.6.	ABA Uygulaması Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi	122
4.3.	Tartışma ve Sonuç	125
BÖLÜM III		129
5.	METABOLOMİKS ANALİZLERİ	129
5.1.	Materyal ve Yöntem	129
5.1.1.	Kimyasal Madde ve Kitler	129
5.1.2.	Kullanılan Cihaz ve Aletler	129
5.1.3.	Bitki Materyali ve Stres Uygulamaları	129
5.1.4.	Türevlendirme	130
5.1.5.	Gaz Kromatografisi-Kütle Spektroskopisi (GC-MS) Analizleri	130
5.1.6.	Metabolit Miktarlarının Hesaplanması	131
5.2.	Bulgular	131
5.3.	Tartışma ve Sonuç	143
6.	GENEL DEĞERLENDİRME	148
KAYNAKLAR		150
ÖZGEÇMİŞ		171

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

A	Adenin
aa	Aminoasit
ABA	Absisik Asit
AFPs	Anti-Freezeing Proteins
ATP	Adenozin Tri Fosfat
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool (Temel Yerel Hizalama Arama Aracı)
bç	Baz Çifti
bZIP	Basic Leucine Zipper
C	Sitozin
cDNA	Komplementer DNA
cm	Santimetre
CO ₂	Karbondioksit
Ct	Cycle Threshold (Döngü Eşiği)
Da	Dalton- Atomik kütle birimi
DEPC	Dietil pyrokarnonat
dk	Dakika
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	Deoksiribonükleotid Trifosfat
dTMP	Deoksitimidin Monofosfat
dTTP	Deoksitimidin Trifosfat
EDTA	Etilendiamin Tetraasetik Asit
E-value	Beklenti Değeri
FAO	Food and Agriculture Organization
G	Guanin
Ka	Homolog Olmayan Değişim Oranı
kDa	Kilodalton
Ks	Homolog Değişim Oranı
Ks/Ka	Homolog Değişimlerin Homolog Olmayan Değişimlere Oranı

L	Litre
LEA	Late Embriogenesis Abundant (Geç Embriyogenez Proteinleri)
m	Metre
M	Molar
Mbç	Bir Milyon Baz Çifti
MEME	Multiple EM for Motif Elicitation
mg	Miligram
MgCl ₂	Magnezyum Klorür
miRNA	Mikro RNA
ml	Mililitre
mRNA	Mesajcı Ribo Nükleik Asit
M.Ö	Milattan Önce
MYÖ	Milyon Yıl Önce
ng	Nanogram
PDB	Protein Data Bank
PEG	Polietilen Glikol 6000
PZR	Polimer Zincir Reaksiyonu
pl	İzoelektronik Etki Değeri
Ppi	Pirofosfat
RNA	Ribo Nükleik Asit
RNAze	RiboNükleaz
rpm	Rotation Per Minute (Dakikadaki Devir Sayısı)
RT-PZR	Real Time PZR (Gerçek Zamanlı-PZR)
SMP	Seed Maturation Protein (Tohum Olgunlaşma Proteini)
sn	Saniye
SRA	Sequence Read Archive
T	Timin
TAE	Tris-Asetat Tamponu
Tm	Erime Sıcaklığı- Hidrojen Bağlarının Oluştığı Sıcaklık
Tris	Tris (hidroksimetil)aminomethane
UTR	Untranslated Region (Çevrilmeyen Bölgeler)
°C	Santigrad

~	Yaklaşık olarak
μ	Mikro
μmol	Mikromol
μM	Mikromolar
μl	Mikrolitre



ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa

Şekil 1.1. Isı şoku proteinlerinin temel fonksiyonu	3
Şekil 1.2. Isı şoku proteinlerinin sınıflandırılması	5
Şekil 1.3. Küçük ısı şoku proteinlerinin yapıları ve organizasyonları	7
Şekil 1.4. Küçük ısı şoku proteinlerinin çalışma mekanizması	8
Şekil 1.5. Hsp40 ailesinin domain organizasyonu ve sınıflandırılması	10
Şekil 1.6. Hsp40 ve Hsp70 ailelerin kooperatif çalışma mekanizması	11
Şekil 1.7. Şaperoninlerin sınıflandırılması	12
Şekil 1.8. Şaperoninlerin fonksiyon mekanizması	13
Şekil 1.9. Hsp70' in domain yapısı ve organizasyonu	14
Şekil 1.10. Hsp70 etki mekanizması	15
Şekil 1.11. Hsp90 etki mekanizması	17
Şekil 1.12. Stres faktörlerinin sınıflandırılması	19
Şekil 3.1. CssHsp genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri	35
Şekil 3.2. CssHsp genlerinin ekzon-intron organizasyonları	36
Şekil 3.3. CssHsp ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları	37
Şekil 3.4. CssHsp proteinlerinin tahmini 3 boyutlu yapıları	38
Şekil 3.5. CsHsp40 genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri	39
Şekil 3.6. CsHsp40 genlerinin ekzon-intron organizasyonları	40
Şekil 3.7. CsHsp40 ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları	41
Şekil 3.8. CsHsp40 proteinlerinin tahmini 3 boyutlu yapıları	42
Şekil 3.9. CsHsp60 genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri	44
Şekil 3.10. CsHsp60 genlerinin ekzon-intron organizasyonları	44
Şekil 3.11. CsHsp60 ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları	45
Şekil 3.12. CsHsp60 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları	46
Şekil 3.13. CsHsp70 genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri	48
Şekil 3.14. CsHsp70 genlerinin ekzon-intron organizasyonları	48
Şekil 3.15. CsHsp70 ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları	49
Şekil 3.16. CsHsp70 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları	50

Şekil 3.17. CsHsp90 genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri.....	51
Şekil 3.18. CsHsp90 genlerinin ekzon-intron organizasyonları	52
Şekil 3.19. CsHsp90 ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları	52
Şekil 3.20. CsHsp90 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları.....	53
Şekil 3.21. CsHsp100 genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri....	54
Şekil 3.22. CsHsp100 genlerinin ekzon-intron organizasyonları.....	55
Şekil 3.23. CsHsp100 ailesinin gen ontoloji sınıflandırması	56
Şekil 3.24. CsHsp100 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları.....	57
Şekil 3.25. Cshsp genlerinin filogenetik sınıflandırması.....	58
Şekil 3.26. Cshsp ailesinin korunmuş dizi motifleri.....	59
Şekil 3.27. CsHsp40 ailesinin filogenetik sınıflandırması	60
Şekil 3.28. CsHsp40 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri.....	61
Şekil 3.29. CsHsp60 ailesinin filogenetik sınıflandırması	62
Şekil 3.30. CsHsp60 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri.....	63
Şekil 3.31. CsHsp70 ailesinin filogenetik sınıflandırması	63
Şekil 3.32. CsHsp70 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri7.....	64
Şekil 3.33. CsHsp90 ailesinin filogenetik sınıflandırması	65
Şekil 3.34. CsHsp90 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri.....	65
Şekil 3.35. CsHsp100 ailesinin filogenetik sınıflandırması	66
Şekil 3.36. CsHsp100 ailende bulunan korunmuş dizi motifleri	67
Şekil 3.37. Cshsp genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları.....	75
Şekil 3.38. CsHsp40 genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları	76
Şekil 3.39. CsHsp60 genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları	77
Şekil 3.40. CsHsp70 genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları	78
Şekil 3.41. CsHsp90 genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımı	79
Şekil 3.42. CsHsp100 genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları	79
Şekil 3.43. Cshsp genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları	84
Şekil 3.44. CsHsp40 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları	85
Şekil 3.45. CsHsp60 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları.....	86
Şekil 3.46. CsHsp70 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları.....	87
Şekil 3.47. CsHsp90 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları.....	88
Şekil 3.48. CsHsp100 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları... ..	89
Şekil 4.1. Transkriptom verileri ile hazırlanmış Cshsp genlerinin ısı haritası.....	103

Şekil 4.2. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp40 genlerinin ısı haritası	104
Şekil 4.3. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp60 genlerinin ısı haritası	105
Şekil 4.4. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp70 genlerinin ısı haritası	106
Şekil 4.5. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp90 genlerinin ısı haritası	106
Şekil 4.6. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp100 genlerinin ısı haritası ..	107
Şekil 4.7. Kuraklık stresi karşısında CshHsp, CsHsp40 ve CsHsp60 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri.....	108
Şekil 4.8. Kuraklık stresi karşısında CsHsp70, CsHsp90 ve CsHsp100 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri.....	109
Şekil 4.9. Tuz stresi karşısında CshHsp, CsHsp40 ve CsHsp60 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri.....	113
Şekil 4.10. Tuzluluk stresi karşısında CshHsp, CsHsp40 ve CsHsp60 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri.....	114
Şekil 4.11. Yüksek sıcaklık karşısında CshHsp, CsHsp40 ve CsHsp60 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri.....	116
Şekil 4.12. Yüksek sıcaklık karşısında CsHsp70, CsHsp90 ve CsHsp100 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri	117
Şekil 4.13. Düşük sıcaklık karşısında CshHsp, CsHsp40 ve CsHsp60 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri.....	120
Şekil 4.14. Düşük sıcaklık karşısında CsHsp70, CsHsp90 ve CsHsp100 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri	121
Şekil 4.15. ABA uygulaması karşısında CshHsp, CsHsp40 ve CsHsp60 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri	122
Şekil 4.16. Şekil 4.15. ABA uygulaması karşısında CsHsp70, CsHsp90 ve CsHsp100 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri	123

TABLolar DİZİNİ

Sayfa

Tablo 1.1. 100 g salatalığın içeriği.....	1
Tablo 3.1. Farklı bitkilerin genomlarında kodlanan Hsp genleri.....	68
Tablo 3.2. CsHsp proteinlerinin genel özellikleri.....	71
Tablo 4.1. Kullanılan okuma dosyaları ve özellikleri.....	94
Tablo 4.2. DNaz reaksiyonunda kullanılan bileşenler ve reaksiyon adımları.....	96
Tablo 4.3. Komplementer DNA sentezinde kullanılan reaksiyon bileşenleri ve reaksiyon adımları.....	97
Tablo 4.4. Kullanılan primerlerin dizileri ve temel özellikleri.....	98
Tablo 4.5. Tris-EDTA tamponunun bileşenleri ve hazırlanması.....	99
Tablo 4.6. PZR reaksiyonunda kullanılan bileşenler.....	100
Tablo 4.7. PZR reaksiyon koşulları.....	101
Tablo 4.8. Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon bileşimleri.....	101
Tablo 4.9. Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon koşulları.....	102
Tablo 5.1. Farklı abiyotik stres koşullarında amino asitlerin yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler.....	135
Tablo 5.2. Farklı abiyotik stres koşullarında yağ asitlerinin yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler.....	136
Tablo 5.3. Farklı abiyotik stres koşullarında karbohidratların yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler.....	137
Tablo 5.4. Farklı abiyotik stres koşullarında TCA elemanlarının yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler.....	138
Tablo 5.5. Farklı abiyotik stres koşullarında karboksilik asitlerin yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler.....	138
Tablo 5.6. Farklı abiyotik stres koşullarında yağ asitlerinin kökteki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler.....	139
Tablo 5.7. Farklı abiyotik stres koşullarında karboksilik asitlerin kökteki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler.....	139

Tablo 5.8. Farklı abiyotik stres koşullarında amino asitlerin kökteki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler	140
Tablo 5.9. Farklı abiyotik stres koşullarında TCA elemanlarının kökteki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler	141
Tablo 5.10. Farklı abiyotik stres koşullarında karbohidratların kökteki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler	142



1. GİRİŞ

1.1. Salatalık Hakkında Genel Bilgiler

1.1.1. Salatalık (*Cucumis sativus*)

Kabakgiller ve su kabakları olarak da bilinen Cucurbitaceae ailesi; salatalık (*Cucumis sativus* L.), kavun (*Cucumis melo* L.), karpuz (*Citrullus lanatus*), kabak ve balkabağı (*Cucurbita* spp.) gibi ekonomik olarak önemli birkaç bitkiyi içerir. Bu ailenin bir üyesi olan salatalık, 2016 yılında dünya çapında 2 milyon hektardan fazla alana ekilmiş ve 80 milyon kilogramdan fazla ürün elde edilmiştir. Bu alanın yaklaşık 37 bin hektarı ve ürünün yaklaşık 2 milyon tonu Türkiye’ de ekilmiş ve elde edilmiştir (<http://faostat.fao.org>). Sıcak bir mevsim meyvesi olup,, tropikal ve subtropikal koşullar altında tüm dünyada yetişebilmektedir. Salatalık 90 cins ve 750 türle sebzeler içinde önemli bir yere sahiptir. Hindistan kökenli olan ve 5000 yıldır varlığı bilinen salatalığın ülkemizdeki tarihi de çok eskilere dayanmaktadır. Ülkemizin her bölgesinde üretimi yapılmasına karşın toplam üretimin %44’ ü Akdeniz bölgesinde gerçekleştirilmektedir [5].

Salatalık taze halde tüketilebildiği gibi, turşu yapımında besin sanayinde, farklı işlemlerden geçirilerek kozmetik sanayinde ve dişi çiçekleri ile Japon süsleme sanatında kullanılmaktadır. Meyvesinin yanı sıra Güneydoğu Asya’ da yaprakları da salata olarak ya da pişirilerek tüketilmektedir. Tablo 1.1’ de 100 g salatalığın bileşenleri gösterilmiştir [5].

Tablo 1.1. 100 g salatalığın içeriği [5]

Bulunan Maddeler	Miktarları	Bulunan Maddeler	Miktarları
Su	96 g	Vitamin C	12 mg
Protein	0,6 g	Niacin	0,3 mg
Yağ	0,1 g	Kalsiyum	12 mg
Karbohidrat	2,2 g	Demir	0,3 mg
Vitamin A	45 IU	Magnezyum	15 mg
Vitamin B1	0,03 mg	Fosfor	24 mg
Vitamin B2	0,02 mg		

Kalori ve besin değeri düşük olmasına rağmen, insan beslenmesinde temel bir vitamin ve mineral kaynağıdır [6]. Lezzetli tadına ek olarak, insanlar için yüksek tıbbi değeri de vardır. Doğal diüretik olarak bilinmektedir, idrar akışını teşvik etmek için aktif bir ilaç olarak hizmet etmektedir. Salatalık meyveleri soğutma etkisi, kabızlığı önleme, sarılık ve hazımsızlığı kontrol etme gibi çeşitli tıbbi özelliklere sahiptir [7]. Yüksek potasyum içeriği (50-80 mg / 100g) nedeniyle, yüksek ve düşük kan basıncı için yararlı olabilir [8].

Salatalık ailesi zengin çeşitliliğinden dolayı cinsiyet belirleme çalışmaları için birincil model sistem olarak kullanılmaktadır [9]. Salatalıklar hem ksilem hem de floem özü uzun mesafe sinyal olayları çalışmaları için kolayca toplanabildiği için, aynı zamanda vasküler biyoloji çalışmaları için de model bitki olarak kullanılmaktadır [10, 11]. İlk olarak salatalık genom dizisi, Cucumis cinsindeki kromozomal evrimi açığa çıkarmıştır ve cucurbitacin biyosentezi ve “taze yeşil” koku gibi birçok önemli biyolojik sürece yeni bakış açıları getirmiştir. Salatalık ($2n=2x=14$), görece küçük bir genoma sahip olması (347 Mb), az sayıda gen içermesi, zengin cinsel çeşitliliğe sahip olması, vasküler biyoloji çalışmalarına uygunluğu, kısa yaşam döngüsü (tohumdan tohuma üç ay), genetik ve genomik kaynakların artması nedeniyle bitki biyolojisinde yeni bir model türü olarak geliştirilmektedir [12-15]

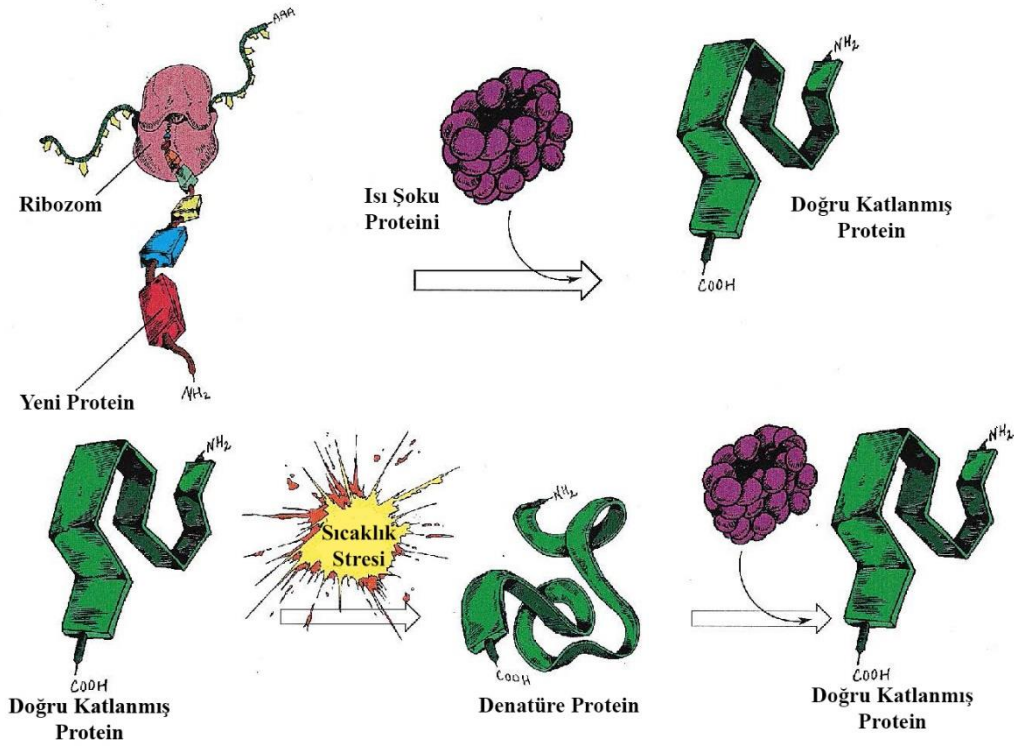
Ilık iklim meyvesi olan salatalık, yüksek sıcaklık ve düşük sıcaklıklara karşı hassastır. Özellikle sıfırın altındaki sıcaklıklarda hemen etkilenir. Sıcaklığın düşmesi üşüme, sıcaklığın artması ise fungal hastalıklara ve aşırı su kaybı sebebiyle gelişimin yavaşlamasına hatta ölmesine sebep olur. 30° C’ in üzerindeki sıcaklıklar salatalıkta solgunluk ortaya çıkmasına sebep olurken, 40° C üzerindeki sıcaklıklarsa bazı fizyolojik bozukluklara sebep olur. Çok düşük sıcaklıklarsa bitkinin donmasına sebep olur.

Salatalık bitkisi toprak seçiciliğine sahip bir bitkidir. Fazlaca nemli, soğuk, su yönünden fakir topraklarda ve killi topraklarda verimlilik büyük ölçüde azalır. Bu bitki genel itibarıyla; su tutma kapasitesi yüksek, besin içeriği olarak zengin, çok yüksek

olmayan tuz konsantrasyonuna sahip topraklardan hoşlanır. Bitki gelişimi için optimum pH 5.5-5.8 arasındadır, daha düşük pH değerlerindeyse magnezyum eksikliği ortaya çıkar.

1.2. Isı Şoku Proteinleri

Isı şoku proteinleri (heat shock protein, hsp), şu ana kadar çalışılmış tüm organizmalarda varlık gösteren yaygın bir protein ailesidir. Bu evrimsel süreçte fazlasıyla korunmuş olan proteinlerin organizmadaki ifadeleri birçok stres karşısında artış gösterir. Isı şoku proteinlerinin birincil görevi yeni sentezlenen ya da stres koşullarından dolayı denatüre olmuş proteinlerin katlanma ve yeniden katlanma mekanizmalarının yönlendirilmesidir (Şekil 1.1).



Şekil 1.1. Isı şoku proteinlerinin temel fonksiyonu [1]

Isı şoku proteinleri genellikle katlanmamış polipeptidlerin hidrofobik yüzeyleri ile etkileşirler ve agregasyonlarını engelleyip, yeniden katlanmalarına yardımcı olurlar. Bu görevlerine ek olarak proteinlerin birleşmesi, taşınması ve degradasyonu gibi çeşitli hücresel rolleri de vardır. Tüm bu özellikleri ile ısı şoku proteinleri hücresel protein kalite kontrolünün olmazsa olmaz belirleyicileridir [1].

1.2.1. Protein Katlanmaları

Proteinler organizmaların metabolik kararlılıklarını sürdürebilmeleri için elzem biyomoleküllerdir. Proteinlerin fonksiyonları, kimyasal reaksiyonların katalizinden elektro-kimyasal potansiyelin hücre membranları boyunca korunmasına kadar çeşitlilik gösterir ve proteinler hemen hemen tüm biyolojik süreçlerde görev alırlar. DNA'daki şifre doğrultusunda ribozomlarda düz amino asit zincirleri olarak sentezlenen proteinlerin fonksiyon gösterebilmeleri için bu düz zincirli kendilerine özgü olan üç boyutlu yapılarına katlanmaları ve bu kararlı yapılarını korumaları gerekir. Bu katlanma birçok zayıf etkileşimin ve kovalent bağların dahil olduğu kompleks bir tanıma olayıdır [16].







Hücrede, küçük olan proteinler üç boyutlu yapılarına kendileri katlanabilirler; ancak daha büyük ve multimerik proteinler kararlı üç boyutlu yapılarına ulaşabilmek için yardıma ihtiyaç duyarlar. Sitosoldeki moleküler kalabalık ve hücrel stres faktörleri bu katlanmayı daha da zor hale getirir. Dolayısıyla proteinlerin kalite kontrolleri hücrenin yaşamsal fonksiyonlarını devam ettirebilmesi için gereklidir [17]. Yanlış katlanmış ya da katlanmamış proteinler fonksiyon gösteremezler ve metabolik yollarda aksaklıklara yol açarlar. Ayrıca bu hatalı proteinlerin birikmesi de bazı metabolik bozukluklara ve hastalıklara sebep olmaktadır [18].

1.2.2. Isı Şoku Proteinlerinin Sınıflandırılması ve Fonksiyonları

İlk olarak İtalyan bilim insanı R. Ritossa tarafından; sıcaklığa maruz kalmış *Drosophila melanogaster*'in tükürük bezlerinde, kromozomlarının bazı bölgelerinde meydana gelen şişkinliğin gözlemlenmesi ile fark edilen ısı şoku proteinleri, daha sonra diğer stres faktörlerine tepki olarak da şişkinliğin oluşması ve bu proteinlerin ifadelerinin artması ile doğrulanmıştır [19]. Bu çalışmanın ardından bu proteinler tanımlanmıştır ve ilk fark edilmelerinde ısı stresinin varlığından dolayı "Isı Şoku Proteinleri" olarak adlandırılmışlardır [20].

Prokaryotik ve ökaryotik hücrelerin büyümeleri, hayatta kalmaları ve farklılaşmaları; hücre için protein homeostasisinin kontrolü tarafından sıkı şekilde düzenlenen süreçlerdir. Ve bu düzenlenmeler hücre için yaşamsal öneme sahiptir. Özellikle

hücreler yüksek stres seviyelerine maruz kaldıklarında proteinlerin katlanmaları daha büyük bir problem haline gelir [3]. Isı şoku proteinleri en temel anlamda moleküler şaperonlar olarak fonksiyon gösterir denilebilir; hücredeki polipeptidlerin katlanmasına yardım ederek yanlış katlanmaların oluşmasını ve protein agregasyonunu önlemeye çalışırlar. Buna ek olarak proteinlerin membranlar arasında taşınmasını, hatalı ya da zarar görmüş proteinlerin degradasyon için hedeflenmesini ve yanlış katlanmış ancak düzeltilebilecek proteinlerin yeniden katlanmasını sağlarlar. Tüm bu fonksiyonlarını gerçekleştirirken ısı şoku proteinleri ko-şaperonlarla ve/veya partner şaperonlarla birlikte çalışırlar [21].

Aile	Organizma	Şaperonlar	Yerleşim	
Hsp100	<i>E. coli</i>	ClpA, B, C	sitosol	 6- to 7-mer
	<i>S. cerevisiae</i>	Hsp104	sitosol	
Hsp90	<i>E. coli</i>	HtpG	sitosol	 Dimer
	<i>S. cerevisiae</i>	Hsp83	sitosol	
	İnsanlar	Hsp90	sitosol	
		GRP94	nükleus	
		TRAP1	ER	
			mitokondri	
Hsc/Hsp70	<i>E. coli</i>	DnaK	sitosol	 Monomer
	<i>S. cerevisiae</i>	Ssa1-4	sitosol	
		Ssb1,2	ER	
		Kar2, Ssc1	mitokondri	
	İnsanlar	Hsc70, Hsp70	sitosol	
	BIP, mHsp70	nükleus		
			ER	
			mitokondri	
Hsp60	<i>E. coli</i>	GroEL/ES	sitosol	 14-mer
	<i>S. cerevisiae</i>	Hsp60	mitokondri	
	Bitkiler	Cpn60	kloroplast	
	İnsanlar	Hsp60	mitokondri	
Hsp40	<i>E. coli</i>	dnaJ	sitosol	 Monomer
	<i>S. cerevisiae</i>	Ydj1	sitosol	
	İnsanlar	Hdj1, Hdj2	nükleus	
sHsp	<i>E. coli</i>	IbpA, IbpB	sitosol	 8- to 24-mer
	İnsanlar	Hsp27	sitosol	
		Kristallin	sitosol	

Şekil 1.2. Isı şoku proteinlerinin sınıflandırılması [3]

Isı şoku proteinlerinin birçok tipi farklı canlılarda tanımlanmıştır. Tüm ısı şoku proteinleri karboksil uçlarındaki karakteristik heat-shock (ısı şoku) domaininin varlığıyla karakterize edilir. Moleküler ağırlıkları 10 kDa' dan 200' kDa' a kadar değişen ısı şoku proteinleri; moleküler ağırlıklarına ve fonksiyon gösterme mekanizmalarına göre sınıflandırılırlar. Isı şoku proteinleri bu kriterlere göre Hsp70, Hsp40 (J-proteinleri), Hsp60 (şaperoninler), Hsp90, Hsp100 (Clp proteinleri) ve sHsp (küçük ısı şoku proteinleri) olmak üzere kabaca altı sınıfa ayrılabilirler (Şekil 1.2) [3].

1.2.2.1. sHsp

Küçük ısı şoku proteinleri, hücredeki proteinlerin kalite kontrolünde önemli bir role sahip olan şaperonların yüksek çeşitlilik gösteren bir grubudur. Bu çeşitlilik *C. Elegans*' ta 16 kDa'dan *S. Mansoni*' deki 40 kDa' a kadar değişen farklı molekül boyutlarından kaynaklanır. Benzer hidropati profillerine ve amino asit karakterlerine sahiptirler [2] [22].

sHsplerin büyük bir kısmı bazı ortak özelliklere sahiptirler;

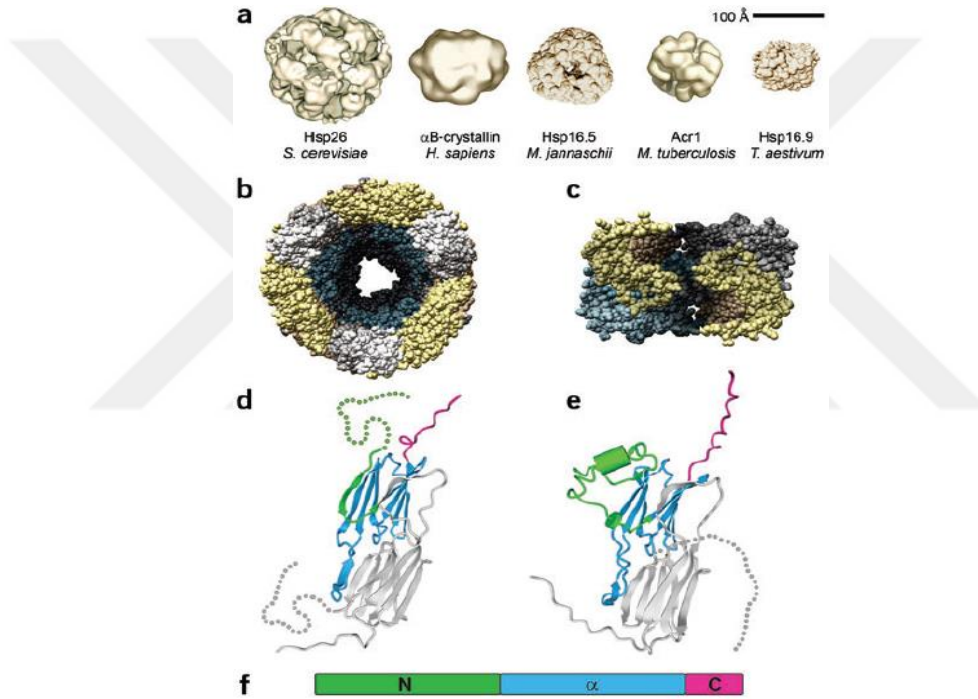
- Yaklaşık 90 amino asitlik korunmuş bir α -crystallin domaini
- 12-43 kDa arasında değişen molekül ağırlığı
- Büyük oligomerlerin oluşumu ve dinamik bir tersiyer yapı
- Stres koşulları altında ifadelerinin artması ve proteinlerin agregasyonunu baskılayan şaperon aktivitesi [23].

1.2.2.1.1. Yapısı

sHsplerin en karakteristik özelliklerinden bir tanesi büyük oligomerler şeklinde organize olmalarıdır. Bu oligomerlerin yapısı çeşitlilik göstermektedir; 12, 24 hatta 50 alt birimden oluşabilirler, bir top ya da fiçı şeklinde olabilirler [24] [2]. Tüm bu çeşitliliklerinin ve farklı oligomerik yapılarının ötesinde sHspler korunmuş bir yapısal organizasyona sahiptirler. Amino ucu bölgesini takip eden korunmuş bir α -crystallin

domaininden ve karboksil ucu bölgesinden oluşurlar (Şekil 1.3). Tüm bunların ötesinde, yapısal analizler göstermiştir ki oligomerin kararlılığı için bu üç bölge de önem arz etmektedir. [25].

Alfa-crystallin domaini küçük ısı şoku proteinleri için imza niteliğindedir ve bazı kesin pozisyonların dışında amino asit dizisinde değişiklik gösterebilir. Fakat kompakt β -sandviç yapısı tüm sHspler arasında korunmuştur. Alfa-crystallin domainleri bu β -yapraklar ile dimerize olurlar ve bu dimerizasyon mekanizması da tüm sHspler arasında korunmuştur [25].

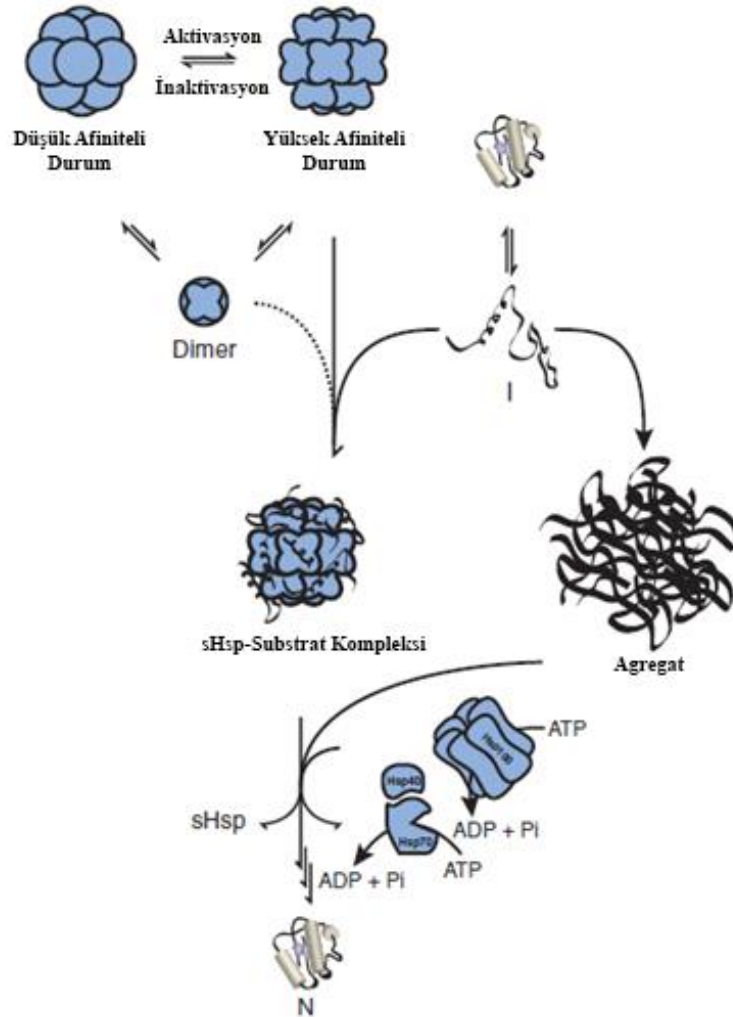


Şekil 1.3. Küçük ısı şoku proteinlerinin yapıları ve organizasyonları [2]

1.2.2.1.2. Fonksiyonu

Küçük ısı şoku proteinleri, denatüre olmuş polipeptidlere bağlanarak geri döndürülemez kümelenmelerini önlerler. Her oligomerik sHsp kompleksine birkaç tane katlanmamış polipeptid zinciri bağlanır; yapılan çalışmalarda her dimerik yapıya bir katlanmamış polipeptid bağlandığı görülmüştür. Küçük ısı şoku proteinleri ve substratları arasında oluşan bu kompleksler fizyolojik sıcaklıklarda oldukça kararludur [2]. Katlanmamış proteinlerin çok yüksek miktarlarının varlığında bu oranın arttığı ve substrat ile sHsp oligomerleri arasında bitkilerde sıcaklık stresine maruz kaldığında

birleşen ısı şoku granüllerini andıran daha büyük komplekslerin oluştuğu yapılan çalışmalarda görülmüştür [26]. Amino ucu bölgesi ve karboksil ucu bölgesinin de dahil oldukları bazı hidrofobik bölgelerin küçük ısı şoku proteinlerinin şaperon fonksiyonunda ve oligomerlerin oluşumunda yer aldıkları kabul edilmektedir [27]. Katlanmamış proteinler ve sHspler kararlı bir şekilde etkileşime girerler ve substrat-şaperon kompleksini oluştururlar. Katlanmamış proteinler farklı sHspler arasında transfer edilmez ya da rastgele şekilde kompleksten salınmaz [26]. Oluşan bu komplekste proteinlerin yeniden katlanmaları için kompleksin Hsp70 ile etkileşmesi gerekir. Hsp70, ATP varlığında sHsplere bağlı olan proteinlerin yeniden aktivasyonunu sağlar. Ve hatta bazı durumlarda bu işleme Hsp100 ailesinden proteinler de dahil olurlar. Küçük ısı şoku proteinlerine bağlı olan proteinler Hsp100 ailesinin şaperon sistemlerine transfer edilir ve orada yeniden katlanmaları sağlanır (Şekil 1.4) [28] [23].



Şekil 1.4. Küçük ısı şoku proteinlerinin çalışma mekanizması [2]

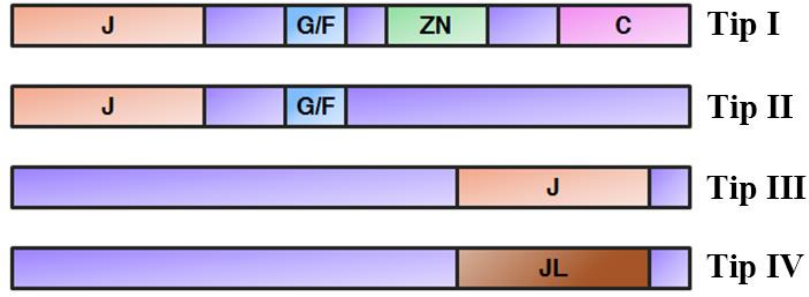
Alfa-crystallin bölgesi tarafından ATP' nin bağlanmasına dair bulgular olsa da şaperon aktivitesinin düzenlenmesinde doğrudan bir rolü yoktur [24]. Küçük ısı şoku proteinleri ailesi için aktif ve inaktif durumlar arasındaki geçiş ATP bağımlı şaperonlardan farklı bir mekanizmaya sahiptir. Dikkat çekici bir şekilde, birçok sHsp temelde işlevsel değildir; yüksek sıcaklık gibi stres koşulları ile karşılaşıldığında aktive edilirler. Bu aktivasyon oligomerik alt birimlerin hetero-oligomer oluşturacak şekilde yeniden düzenlenmesi ile ilgilidir [27].

1.2.2.2. Hsp40

Isı şoku proteinlerinin Hsp40 ailesi Hsp70' in fonksiyon gösterebilmesi için kritik bir öneme sahiptir. 40 kDa' luk molekül ağırlığına sahip bu proteinler bakterilerden yüksek ökaryotlara kadar tüm canlılarda ifade edilirler. Peptid uzunlukları, 116 amino asitlik DnaJC19' dan 2243 amino asitlik DnaJC13' e kadar büyük çeşitlilik gösterir. Organizmanın fizyolojik kompleksliğine göre sayıları mayada 22 taneden insanda 44 tane Hsp40' a kadar değişir. Hücrede Hsp70' ten fazla sayıda bulunurlar; bir memeli hücresinde 11 Hsp70 varlığına karşın 41 tane Hsp40 vardır [29]. Hsp40, hücrede Hsp70' e kıyasla çok daha fazla dizi ve yapı çeşitliliği gösterir. Bu durum Hsp40 ailesinin, Hsp70' in çok yönlülüğüne ve multifonksiyonelliğine destek olması için evrildiği fikri ile tutarlıdır.

1.2.2.2.1. Yapısı

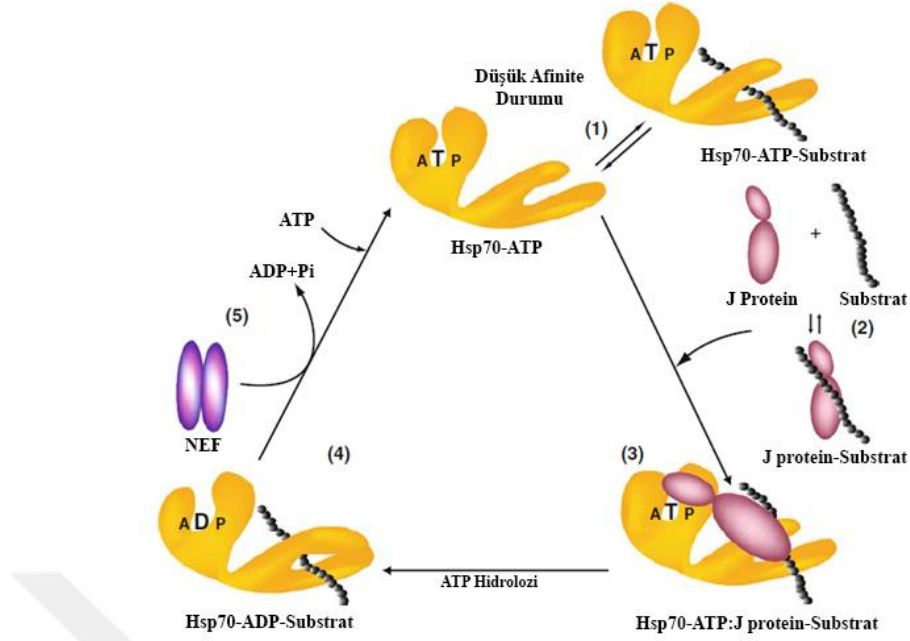
Hsp40 ailesindeki tüm proteinler temel bir J-domaini varlığı ile karakterizedirler ve bu sebeple J-proteinleri olarak da adlandırılırlar. Bu protein ailesinin tüm bireylerinde korunmuş olan J-domaini yaklaşık 70 amino asit uzunluğundadır ve α -helikal bir üç boyutlu yapıya sahiptir. Bu helikal yapı dört adet heliks içerir; bu heliksler birbirlerine yüksek derecede korunmuş olan ve fonksiyonel olarak büyük öneme sahip HPD (histidin-prolin-aspartat) motifi ile bağlanırlar. HPD motifi de Hsp40 için karakteristiktir ve Hsp70' in ATPaz aktivitesinin stimülasyonu için olmazsa olmazdır [30]. Hsp40 ailesindeki proteinler J-domaini dışında; bir G/F (glisin/fenilalanin) bölgesi, bir çinko parmak domaini ve değişken bir karboksil ucu domainine sahip olabilirler. Hsp40 ailesi bu domainlerin organizasyonuna göre 4 farklı sınıfa ayrılırlar (Şekil 1.5) [29] [31].



Şekil 1.5. Hsp40 ailesinin domain organizasyonu ve sınıflandırılması [4]

1.2.2.2.2. Fonksiyonu

Protein katlanması prosesinde Hsp70 bağımsız olarak değil, J-proteinleri ile kompleks oluşturarak bir katlanma makinesi meydana getirir ve bu şekilde fonksiyon gösterir. Hsp70' in özgün ATPaz aktivitesi substrat bağlanma ve serbest bırakılma prosesi için yetersiz olduğundan, J-proteinleri bir yardımcı faktör olarak davranırlar ve birden fazla Hsp70 ile birlikte çalışabilirler. Bu yardımcı faktör rollerini anlık olarak Hsp70 ile etkileşip ATPaz aktivitesini arttırarak gerçekleştirirler [32]. Şaperon döngüsünde Hsp70 iki farklı konformasyonda bulunabilir; katlanmamış proteinler ile anlık olarak etkileştiği ATP-bağlı form ve katlanmamış proteinler ile kararlı bir bağ kurduğu ADP-formudur. Hsp70 ATP-bağlı konformasyundayken bazı J-proteinleri anlık olarak etkileşime giren katlanmamış proteinleri Hsp70' in protein bağlayan oyuğuna hapseder ve Hsp40' ın J-domaini Hsp70' in ATPaz bölgesi ile etkileşerek ATP hidrolizini stimüle eder. Hsp70' in ADP-formuna dönüşmesi ile katlanmamış protein ile arasındaki etkileşim kararlı hale gelir. Nükleotid değişim faktörleri (NEF) ADP' yi ATP ile değiştirir ve bağlı olan protein kompleksten ayrılır; Hsp70 ikinci şaperon döngüsüne hazır hale gelir. Tekrarlanan bu döngüler sayesinde katlanmamış ya da yanlış katlanmış proteinin doğru katlanması sağlanır ve agregasyonu önlenir (Şekil 1.6) [33]



Şekil 1.6. Hsp40 ve Hsp70 ailelerin kooperatif çalışma mekanizması [31]

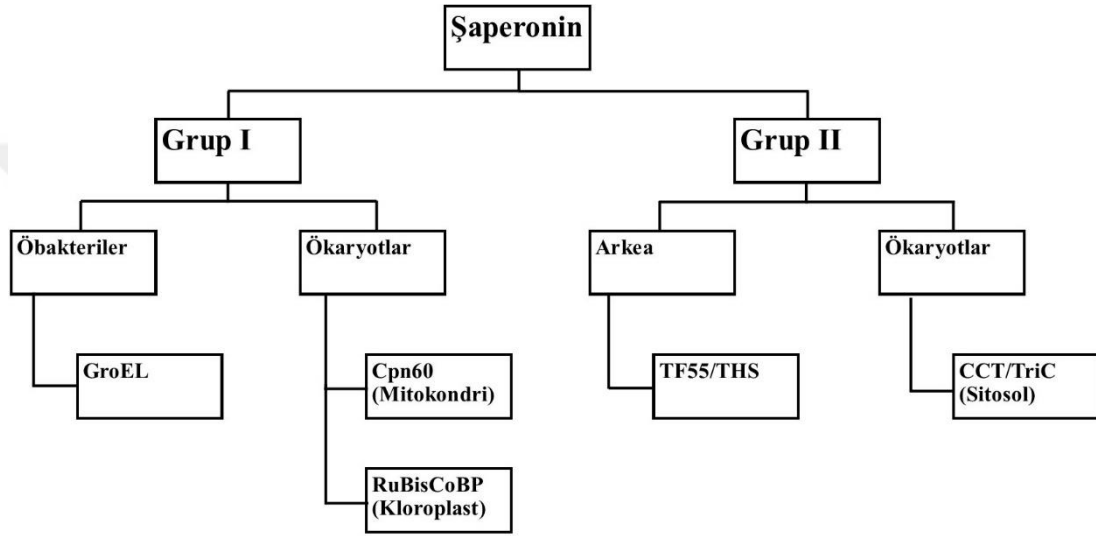
1.2.2.3. Hsp60

Şaperonların Hsp60 (şaperonin) ailesi hücreSEL şaperon mekanizmasının kilit elemanıdır. Tüm ökaryotların ve eubakterilerin; sitoplazmalarında, mitokondrilerinde ve plastidlerinde bulunurlar ve şaperonlar arasında en yaygın ve en korunmuş olanlarıdır. Şaperoninler yeni sentezlenen ya da stres sebebiyle denatüre olmuş proteinlerin doğru katlandıklarından emin olmak için şaperonlar arasında ayrıntılı ve işbirlikli bir ağ oluşturur [23] [28]. Hücrede yer alan polipeptidlerin çoğunun dizisinde karmaşık α/β katlanmaları bulunur ve bu kompleks topolojiye sahip proteinlerin katlanmaları için de özelleşmiş katlanma makinelerine ihtiyaç vardır. Şaperoninler yaklaşık 800 kDa' luk molekül ağırlığına sahip oligomerik kompleksler oluştururlar; iki heptamerik halka katlanmamış/yanlış katlanmış proteinlerin hapsedileceği fiçı benzeri bir yapı oluşturur. Bu heptamerler 57 kDa' luk benzer alt birimlerin birleşmesiyle oluşur [34].

1.2.2.3.1. Sınıflandırılmaları

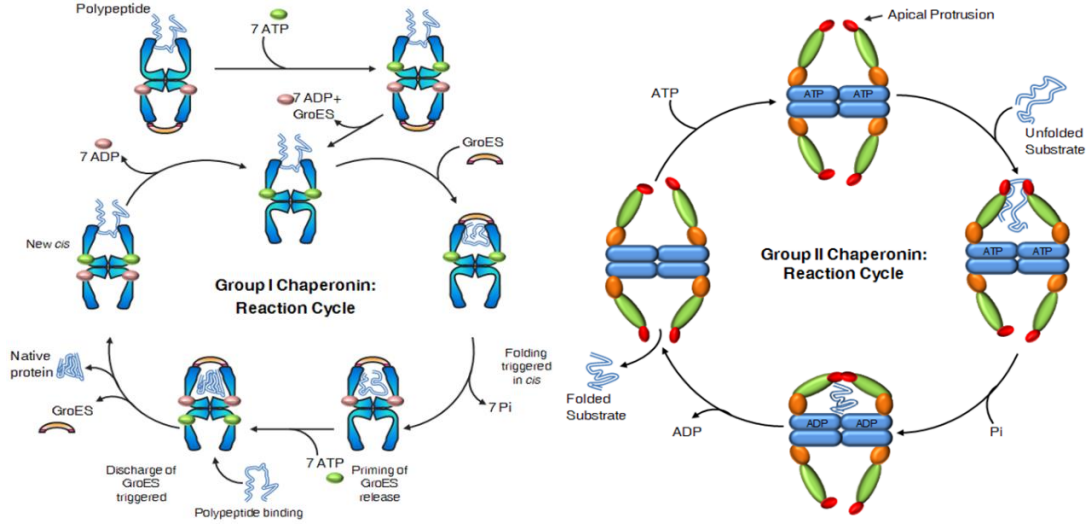
Şaperoninler yapı bakımından benzer, dizi bakımından çeşitlilik gösteren ana iki gruba ayrılır. Grup I şaperoninler prokaryotlarda ve endosimbiyotik organellerde bulunurlar.

Grup II şaperoninlerse arkeada ve ökaryotların sitosolünde bulunurlar (Şekil 1.7). Grup I proteinler bakteriyel sitosolde GroEL ve mitokondride Hsp60 ve kloroplastta RuBisCoBP (Rubisco bağlayan protein) olarak bulunurlar. Bir ya da iki alt birimden oluşan çift boğumlu komplekslere sahiplerdir. Grup II proteinler arkeada Thermosome/TFF5, ökaryotik stiosolde TRiC/CCT olarak bulunurlar. Grup I proteinlerde olduğu gibi çift boğumlu komplekslere sahiplerdir. Ancak bu kompleksler 1-2 alt birimden oluşmak yerine arkeada 2-3, ökaryotlarda 8 alt birimden oluşmaktadır.



Şekil 1.7. Şaperoninlerin sınıflandırılması [4]

İki şaperonin grubu da benzer mekanizmalarla fonksiyon gösterirler ancak substratı enkapsüle etme noktasında farklılıklara sahiptirler. Grup I şaperoninler, ATP bağımlı şekilde bağlanıp ayrılabilen bir kapak yapısı (GroES/Hsp10) ile birlikte çalışırlar. Grup II şaperoninlerse, polipeptidlerin bağlanacağı konformasyonda açık halde bulunan bir çıkıntıya sahiplerdir; halkaya ATP bağlanmasıyla birlikte katlanmayı indükleyecek konformasyona geçilir ve çıkıntı yapısı kafesin girişini kapacak şekilde kapanır [35] [36]. Enkapsülasyondaki bu farklılıklarına rağmen iki grup da birbirine çok benzer ATP-bağlayan domainlerin görev aldığı ATP bağımlı mekanizmalarla fonksiyon gösterirler (Şekil 1.8) [37].



Şekil 1.8. Şaperoninlerin fonksiyon mekanizması [4].

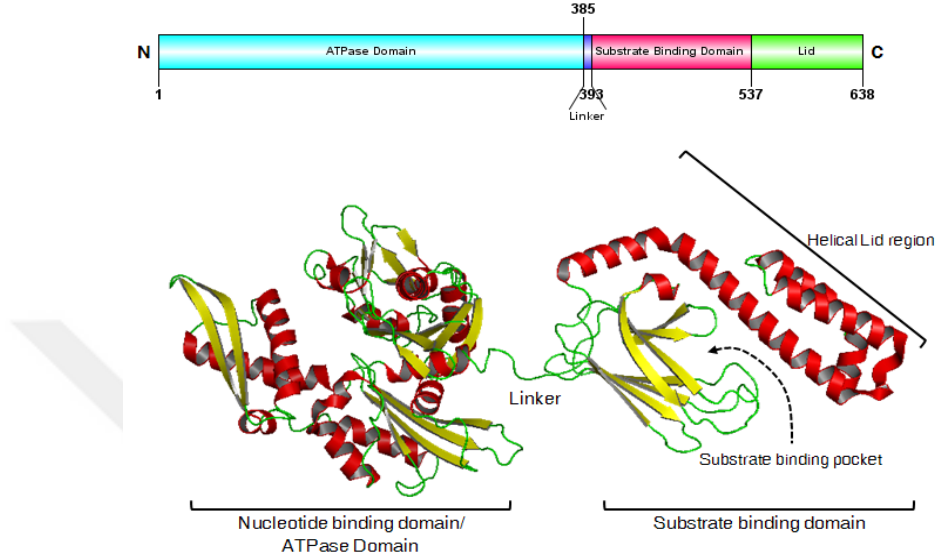
1.2.2.4. Hsp70

Hsp70 ailesinin üyelerinin ifadeleri sıcaklık, toksik kimyasallar ya da ağır metaller gibi stres faktörleri karşısında kuvvetli şekilde artar. Hsp70 ailesi ısı şoku proteinlerinin 70 kDa' luk molekül ağırlığına sahip üyesidir ve protein katlanması proseslerinin büyük bölümünde görev alırlar. Yeni sentezlenmiş proteinlerin birleştirilmesi ve katlanması, kinetik olarak hapsedilmiş yanlış katlanmış ya da agregatlaşmış proteinlerin yeniden katlanması, organellerde sentezlenen ya da salgı proteinlerinin membranlardan translokasyonu, düzenleyici proteinlerin aktivitelerinin kontrolü süreçlerinde görev alırlar. Hsp70 ailesinin üyeleri Hsp40 ya da Hip gibi ko-şaperonlarla ve nükleotid değişim faktörleriyle birlikte fonksiyon gösterirler [38].

1.2.2.4.1. Yapısı

Hsp70 sınıfında yer alan şaperonlar iki ana bölge içerirler; ATP' nin bağlandığı ve ADP' ye hidrolizinin gerçekleştiği amino ucu ATPaz domaini ve katlanma ortamında yer alan kısa peptid dizileriyle etkileşime giren substrat bağlanma domaini (SBD) (Şekil 1.9). Substrat bağlanma domaini iki alt domaine ayrılabilir; substrat bağlayan alt domain ve karboksil ucu alt domain. Substrat bağlayan alt domain, nötr ve hidrofobik amino asit kalıntılarına yüksek afinite ile bağlanan bir substrat bağlanma cebine sahiptir, karboksil ucu domaini ise substrat bağlanma cebine üzerine bir kapak gibi kapanabilen α -helikal bir yapıya sahiptir. ATPaz domainine ATP bağlanması

diğer domainlerin de konformasyonlarını etkiler; ATP bağlandığında karboksil ucundaki kapak açılır ve peptidler hızlıca bağlanıp ayrılabilirler, ADP bağlandığıdaysa kapak kapanır ve peptidler kararlı bir şekilde substrat bağlanma domainine bağlanırlar.



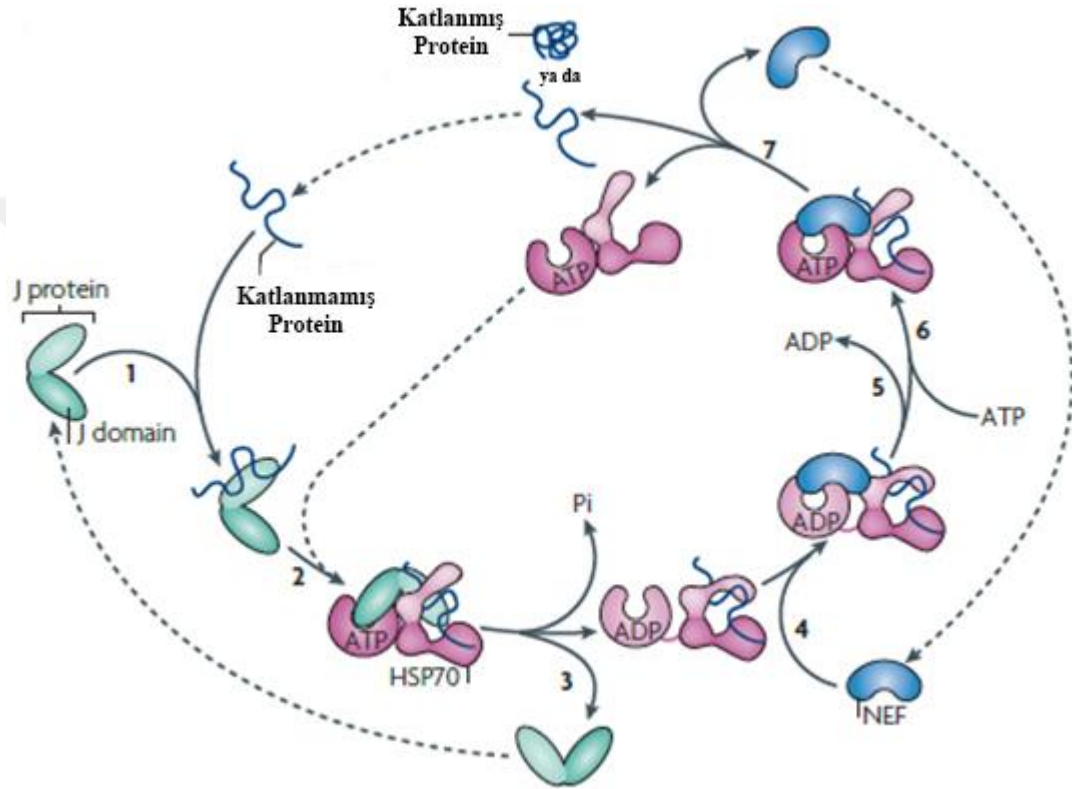
Şekil 1.9. Hsp70' in domain yapısı ve organizasyonu [4].

1.2.2.4.2. Fonksiyonu

Tüm Hsp70'lerin işleyişi iki ana faaliyetle gerçekleşir; peptit bağlama ve ATP hidrolizi. Bu iki faaliyet, farklı alanlara lokalizedir; ATPaz aktivitesi N-terminal domainine ve substrat C-terminal domainine bağlanır. Hsp70 ailesinin tüm hücrel işlevleri; bu proteinlerin, substrat proteinleri veya kısmen katlanmış polipeptit zincirlerinde açığa çıkan hidrofobik kısımlara bağlanma kabiliyeti sayesinde hidrofobik bölgelerin verimli olmayan birleşmesini önleyerek ve dolayısıyla uygun katlanmayı kolaylaştırarak fonksiyon göstermesi ile gerçekleşir. Substratlar ile bu geçici etkileşim diğer alanın ATPaz aktivitesi tarafından düzenlenirken, ATPaz aktivitesi substrat bağlanmasıyla uyarılır [39] [34].

Hsp70'in katlanmamış/yanlış katlanmış protein substratları ve istemci proteinleri ile etkileşimi son derece dinamiktir ve bu süreç ATP bağlanması ve ATP hidrolizi döngüleri ile gerçekleştirilir. Hsp70 iki farklı konformasyonda bulunabilir; substratlar için düşük afiniteye sahip ATP-bağlı konformasyon ve nispeten daha yüksek substrat afinitesi olan ADP-bağlı konformasyon. Hsp70'lerin özgün ATPaz aktivitesi, substrat

bağlama-salınma döngüsüne stokiyometrik bağlanma için çok zayıftır ancak J-proteinleri ve “nükleotid değişim faktörleri” gibi yardımcı şaperonlar, bu işlemi kolaylaştırmak için gerekli olan yardımcı proteinler olarak işlev görürler. Ko-şaperonlar ile birlikte çalışmak şaperonun işlevsel çok yönlülüğüne katkıda bulunur. Hsp70 ve onun J-protein işbirlikçileri “şaperon makineleri” olarak işlev görürler (Şekil 1.10) [32].



Şekil 1.10. Hsp70 etki mekanizması [29].

1.2.2.5. Hsp90

Hücreler, yeni sentezlenen proteinlerin veya strese dirençli proteinlerin katlanmasını sağlayan birkaç şaperon sınıfıyla donatılmıştır. Farklı şaperonlar, yanlış katlanmış polipeptidlerin düzeltilmesinin sağlanması için farklı mekanizmalarla ancak birbirleriyle etkileşim içinde fonksiyon gösterirler. Örneğin, katlanmanın erken safhasında Hsp70'e bağlanan bir polipeptid, kararlı üç boyutlu yapısına erişmek üzere bir şaperonine transfer edilebilir. Ökaryotik sitoplazmada belirli özel polipeptidlerin olması durumunda, Hsp70'e bağlanan substrat, 90 kD'lik bir şaperon olan Hsp90 ile etkileşime girer. Hsp90, ökaryotlarda en bol proteinlerden biridir ve stres altındaki

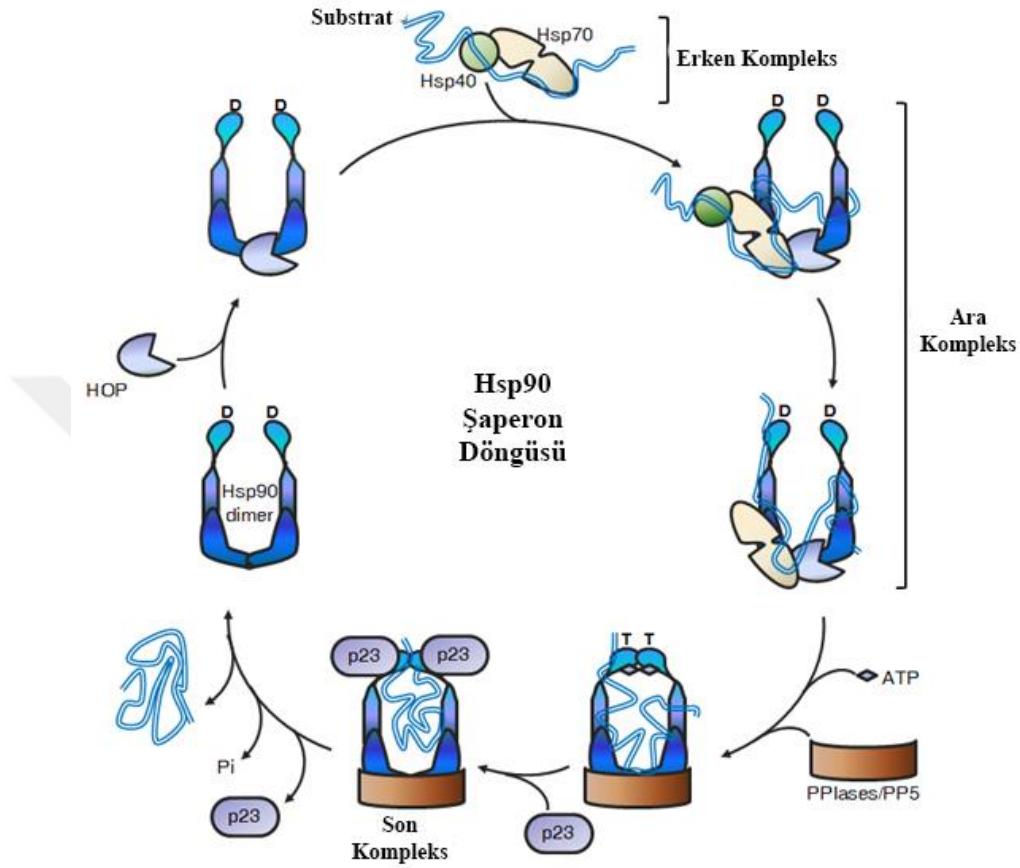
koşullarda bile toplam çözünebilir proteinin % 1'ini oluşturur [40]. Diğer şaperonların aksine Hsp90, katlanmanın ilk evrelerinde rol oynamaz. Daha sonra katlanmanın sona yakın safhasında kararlı üç boyutlu yapısına yakın bir yapıya sahip olan substrat proteinlerine bağlanır [41].

1.2.2.5.1. Yapısı ve Fonksiyonu

Hsp90 ailesi oldukça korunmuştur. Bakteri sitosolünde HtpG, ökaryotların endoplazmik retikulumunda Grp94 / gp96, mitokondriyal matraste Hsp75 / TRAP1 ve ökaryotik sitoplazmada Hsp90 bulunur. Sitozolik Hsp90'lara ayrıca mayada Hsc82 ve Hsp82, Drosophila'da Hsp83, insanlarda Hsp90 α ve Hsp90 β farelerde Hsp86 ve Hsp84 denilmektedir. Bütün bu homologlar ortak bir yapısal düzeni paylaşırlar ve dolayısıyla benzer bir fonksiyon mekanizmasına sahiptirler [41]. Hsp90 karboksil ucu bölgesindeki amino asit kalıntıları vasıtasıyla bir homodimer oluşturur. Amino ucu bölgesi son derece korunmuştur ve ATP bağlama cebi içerir. N-terminal bölgesini, korunmuş ve yapısal olarak esnek olan orta bölge takip eder. Orta alan ve N-terminal bölgesi, farklı bir yüklü dizi ile ayrılır. Hem N- hem de C-terminal bölgesi substrata bağlanma potansiyeline sahiptir. N-terminal bölgesinde gerçekleşen polipeptide bağlanma olayı nükleotid bağımlıdır ve bitişik yüklü diziye bağlıdır. Hsp90'ın ATP'ye bağlanan domaini, yapısal olarak, DNA giraz ve topoizomeraz II gibi homodimerik ATPazlar süper ailesi ile ilişkilidir. ATP bağlanması nükleotid bağlanma alanlarının dimerleşmesine ve dairesel yapıların oluşumuna neden olur [41]. ATP hidrolizi için N-terminal domainleri arasındaki bu etkileşim esastır. ATP'ye bağlı Hsp90'ın konformasyonu, substrat polipeptidlerine kararlı bir şekilde bağlarken; substrat salınımı ATP hidrolizi ile Hsp90 dimerini açarak sağlanır. ATP-bağlı durumunda Hsp90, substrat bağlama yüzeyini en iyi şekilde açığa çıkartarak substratın oldukça büyük bir alanını kapsar [42].

Hsp90'ın bakteri ve endoplazmik retikulum tipleri bağımsız olarak çalışır. Ökaryotik sitoplazmadaki Hsp90, multişaperon bir komplekste toplanan ve fonksiyonunu düzenleyen çeşitli ko-şaperon proteinleri ile etkileşime girer. Hsp90'a bağlanma büyük ölçüde; üç tane 34 amino asitlik, heliks-dönüş-heliks tetratrikoptid tekrar (TPR) motifleri içeren ko-şaperonlar tarafından düzenlenir. Hsp90 bağlayıcı TPR

domainleri ayrıca, Hsp70'i tanıyan ve daha sonra Hsp70' i Hsp90' a bağlayan yapılar olarak tanımlanmıştır (Şekil 1.11) [43].



Şekil 1.11. Hsp90 etki mekanizması [4]

Hsp90' ın substratlarının çoğunun steroid hormon reseptörleri ve sinyal kinazları gibi sinyal iletim proteinleri olması ile diğer şaperonlardan farklıdır. Hücrel sinyal iletim ağlarında önemli bir rol oynayan sinyal proteinlerinin aktivitesini kontrol eder [41].

1.2.2.6. Hsp100

Hücredeki protein kalite kontrolünün devam ettirilmesi; yeni sentezlenen proteinlerin katlanması, katlanmamış ve yanlış katlanmış proteinlerin yeniden katlanması ve yeniden aktifleştirilmesi, makromoleküler protein yapılarının birleştirilmesi ve ayrılması, degradasyon için anormal ve aktif olmayan proteinlerin hedeflenmesi gibi birkaç basamağın gerçekleştirilmesini gerektirir. Hücrenin şiddetli strese maruz kalması üzerine, proteinlerin çoğu doğal konformasyonlarını kaybeder ve agregatlar

oluşturan spesifik olmayan etkileşimlerde bulunurlar. Hsp100 / Clp, şiddetli stres sonrası agregasyona uğrayan neredeyse her proteini yeniden çözündürme yeteneğine sahip bir moleküler koruyucu gruptur. Normal büyüme koşulları altında gerekli değildir ve aşırı ısı veya diğer aşırı stres koşullarında ifade edilirler [23].

1.2.2.6.1. Yapısı ve Fonksiyonu

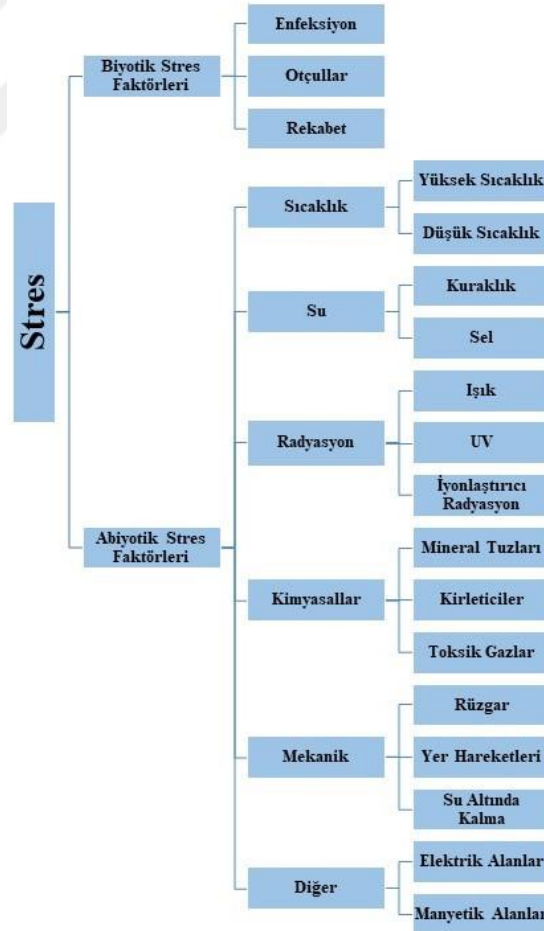
Şaperonların Hsp100 sınıfı, ATPazların AAA + süper ailesine aittir. Bu aile, α -helikal domain ve Walker tipi nükleotid bağlama domaini içeren yaklaşık 200-250 amino asitlik bir temel çekirdeğin varlığı ile tanımlanır. Protein substratını ATP'ye bağımlı bir şekilde yeniden şekillendirme yeteneğine sahiptirler. Hsp100 şaperonları iki sınıfa ayrılır; İki AAA + modülüne sahip Sınıf I ve Sınıf II şaperonlar. Clp / Hsp100 proteinleri, altı protomerden oluşan halka yapıları oluştururlar. ClpB' nin kristal yapısı, bir nükleotid bağlama domainini (NBD-1), bir orta domain (M alanı) ve bir ikinci nükleotid bağlama domainini (NBD-2) takip eden bir amino ucu domaininin (N domaini) varlığını gösterir. Tüm sınıf I Clp proteinleri yüksek homolog NBD' leri paylaşmaktadır [44] [45]. N ve M alanları görece uzak olsalar da ilişkilidirler. Örneğin, ClpC' nin kısaltılmış bir M alanı vardır ve ClpA' nın bir M alanı yoktur. Öte yandan, sınıf II proteinlerde bulunan tek NBD, sınıf I proteinlerinin NBD-2' sine homologtur. Hsp104 / ClpB' nin üç boyutlu modellenmesi, onun üç katmanlı bir yapıya sahip bir heksamer olduğunu göstermiştir.

1.3. Bitkilerde Stres Kavramı

1936 yılında Hans Selye tarafından geliştirilen stres kavramı, bitkilerde olumsuz ve çevresel kısıtlamaların tanımlanmasında da kullanılmıştır [46]. Bitkiler yaşam alanlarına bağıdırlar, tehdit edici ya da sınırlayıcı çevresel faktörler karşısında yaşam alanlarını değiştiremezler. Bu sebeple evrimsel süreçte zorluklara uyum ve direnç sağlamaları ve hayatta kalmalarını sağlayan özel ve kompleks mekanizmalar geliştirmişlerdir.

Çevre herhangi bir zamanda bir organizmayı birçok şekilde etkiler. Belli bir organizmanın belirli bir durumdaki tepkilerini anlamak için, çevresel faktörler olarak adlandırılan bireysel dış etkiler, eğer mümkün olursa, genellikle ayrı olarak düşünülür.

Çevresel faktörler abiyotik ve biyotik doğaya sahip olabilir. Biyotik stres faktörleri diğer organizmalar ile olan etkileşimlerin sonucudur. Biyotik stres, bir otçul ya da çiğnenme sebebiyle mekanik olabileceği gibi simbiyoz ya da parazitliğin etkileri de olabilir. Abiyotik çevresel faktörler arasında sıcaklık, nem, ışık yoğunluğu, su ve mineral kaynağı ve CO₂ bulunur; bunlar bir bitkinin büyümesini belirleyen parametreler ve kaynaklar. Bitki için nadiren faydalı olan (polen ve tohumların dağıtıcısı olarak rüzgâr) ya da hiç yararlı olmayan veya hatta zarar veren (iyonize edici ışınlar veya kirleticiler) diğer birçok etki de abiyotik faktörler olarak sınıflandırılır. Her abiyotik faktörün etkisi miktarına bağlıdır. En uygun miktar veya yoğunlukta, bitki “optimal olarak” büyür ve böylece fizyolojik olarak elde edilebilir performansını maksimize ederek “fizyolojik normal tipine” ulaşır. Bitkiler neredeyse tüm temel abiyotik faktörlerin optimal miktarlarını veya yoğunluklarını asla bulamazlar. Bitkileri etkileyen biyotik ve abiyotik stres faktörleri Şekil 1.12’ de şematize edilmiştir [47].



Şekil 1.12. Stres faktörlerinin sınıflandırılması

Selye'nin orijinal stres kavramına dayanarak, Larcher ve Lichtenthaler'in önerisini dikkate alarak bitkinin stres tepkilerini dört aşamada ayırmak gerekir [46, 48-50]. Strese maruz kalmadan önce, bitkiler fizyolojinin belli bir standart durumundadırlar ki bu da bulunduğu ortamın büyüme, ışık, su ve mineral koşulları tarafından belirlenen sınırlar içinde optimumdur. Stresörler veya karmaşık stres olayları, ilk üç stres-tepki fazına ve daha sonra hasarın çok ağır olmaması halinde stres faktörlerinin çıkarılmasından sonra rejenerasyon fazına yol açacaktır. Bu dört faz aşağıda özetlenmiştir.

1. Cevap Fazı: Alarm reaksiyonu (Stres başlangıcı).

- Fonksiyonel normun sapması
- Canlılık düşüşü
- Katabolik süreçlerin anabolik süreçlerden fazla olması

2. Onarma Fazı: Direnme aşaması (Devam eden stres).

- Adaptasyon süreci
- Tamir etme süreci
- Yeniden aktifleşme süreci

3. Sonlanma Fazı: Tükenme aşaması (Uzun süreli stres).

- Stres yoğunluğu çok yüksek
- Adaptasyon kapasitesinin aşılması
- Kronik hastalık ya da ölüm

4. Yenilenme Fazı: Stres faktörü ortadan kalktığında hasar çok fazla değilse, fizyolojik fonksiyonların kısmi olarak ya da tamamen yenilenmesi [51].

Stres dinamiği, kararlılığın kaybolması gibi yıkıcı bir bileşenin yanı sıra direnç ve toparlanmanın desteklenmesini de içerir. Stres altındaki organizma bir dizi karakteristik evreden geçer. Yukarıda da bahsedildiği gibi bu evrelerin ilki olan alarm fazı, bozulmanın başlangıcıdır. Bunu canlılığın devamlılığını sağlayan yapılarda ve

onların fonksiyonlarındaki kararlılığın kaybolması takip eder. Savunma önlemlerinin etkili hale gelmesinden önce çok hızlı bir şekilde stres faktörlerinin yoğunlaşması hücreyel bütünlüğün akut bir çöküşüyle sonuçlanır. Alarm fazı katabolizmanın analizma üzerinde baskın olduğu bir stres reaksiyonu ile başlar. Stres faktörünün yoğunluğu değişmezse, hasarın telafisi protein sentezi ya da koruyucu maddelerin sentezi gibi tamire yönelik süreçler şeklinde hemen başlayacaktır. Bu durum, sürekli stres altında, direncin arttığı (sertleşme) bir direnç fazına yol açar. Kararlılığın artırılması nedeniyle, sürekli stres durumu normal durum haline gelir (adaptasyon). Bozulma meydana geldikten sonra direnç bir süre yüksek kalabilir. Stresin durumu çok uzun sürerse veya stres faktörünün yoğunluğu artarsa, son aşamada bitkinlik durumunun ortaya çıkmasına neden olabilir ve bu durum, bitkinin konakçı savunma mekanizmalarının azalması sonucu ortaya çıkan ve erken çöküşe neden olan enfeksiyonlara karşı hassas kalabilir veya bitki ölümüne yol açan kronik bir hasar meydana gelebilir. Bununla birlikte, stres etkeni eylemi sadece geçiciyse, işlevsel durum başlangıç seviyesine geri döner. Gerekirse, herhangi bir yaralanma, hasarın telafisi sırasında tamir edilebilir [52].

Çevresel şartlardaki değişiklikler, stres kısıtlamaları ve stres faktörlerinin, bitkiler tarafından algılanması ve doğrulanması gerekir ki, bitki şekil değişimi ve özel stres tepkileri ile cevap verebilsin. Tüm biyotik ve abiyotik stresler, dış sinyalleri temsil eder. Bitkilerde ve dokularında (yaprak, kök, gövde, çiçek), birden fazla anlama gelebilen ve farklı formlarda olabilen birçok sinyal alımı ve iletimi vardır. Bu sinyal alımları ve iletimleri bir yandan doğrudan metabolik cevaplara (metabolik akışların yeniden düzenlenmesi gibi) yol açabileceği gibi diğer yandan da gen ifadesinin, enzim oluşumunun, stres proteinlerinin sentezinin, stres metabolitlerinin ve stres hormonlarının üretilmelerinin aktivasyonuna yol açabilir. Bu ihtimallerden ikincisi, daha sonra stres altında bitkilerin metabolik tepkilerini düzenler ve stres direncini kontrol eder. Bir yandan gen ifadesi ve diğer taraftan metabolik cevaplar arasında akıcı geçişler ve geri besleme kontrolleri vardır [51].

1.3.1. Bitkilerde Stres Koşullarında Gen İfadesinin Düzenlenmesi

Yukarıda da bahsedildiği gibi, bitkiler zor çevresel koşullarda hayatta kalmak ve gelişimlerini sürdürmek için strese duyarlı genler tarafından düzenlenen fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler seviyede adaptasyonlar geliştirmişlerdir. Bitkilerin abiyotik strese adaptasyonunun ilk basamağı, çeşitli fizyolojik ve metabolik tepkilerin aktivasyonuna yol açan, stres sinyallerinin algılanmasını ve takibinde sinyal iletimini içerir. Strese tepki veren gen ifadesine stres sinyali algısının dönüşümünde yer alan sinyal iletim ağlarında, strese duyarlı promotörlerde bulunan çeşitli TF' ler ve *cis*-davranışlı elementler sadece gen ifadesi için moleküler anahtarlar olarak değil, aynı zamanda sinyalin terminal noktaları olarak işlev görür. Tek bir transkripsiyon faktörü, bir çok hedef proteinin ifadesini, TF' nin ilgili hedef genlerin promotörlerindeki *cis*-etkili elemente spesifik bağlanması yoluyla kontrol edebilir.

1.3.1.1. Gen İfadesinin Belirlenmesinde Kullanılan Analizler

Herhangi bir fonksiyonel genom araştırmasında ana adım, gen ifadesinin analizidir. Transkriptomiks, binlerce genin aynı anda ifadesini analiz eder; farklı koşullarda transkriptomda meydana gelen değişikliklerin büyük resmi oluşturmasıyla sonuçlanır. Gen ifadesi analizi çalışmaları iki kategoriye ayrılabilir: kapalı ve açık sistemler. Sadece iyi karakterize edilmiş genler, ilgilenilen genomun bilgisine bağlı olan kapalı sistemde analiz edilir. Belirli bir gen veya genom için herhangi bir bilgi mevcut değilse, kapalı sistemlerde değerlendirilemez. Kapalı sistemlerde kullanılan en yaygın yöntemler 'kantitatif gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu (qRT-PZR)' ve mikro-dizi (mikro-array) sistemleridir. Kapalı sistemlerin aksine, açık sistemlerde transkriptoma ilişkin önceden kapsamlı bir bilgi gerekmemektedir, bu nedenle keşif alanı açıktır. Kapalı ve açık sistemler birbirini tamamlar. Bilinen genlerin yeni gen veya daha önce tanımlanmamış ortologları keşfedildiğinde, bunlar kapalı sistemlerde de kullanılabilir. Bu iki sistemin ortak özelliği, analiz sonuçlarının, hiyerarşilerin işlevsel rolü ile ek açıklama ve sınıflandırma için iyi planlanmış bir stratejiye ihtiyaç duyan gen listelerinde ortaya çıkmasıdır [53, 54]

1.3.1.1.1. Gerçek Zamanlı – PZR

Kantitatif gerçek zamanlı, floresan tabanlı ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu (qRT-PZR) moleküler tıpta, biyoteknoloji, mikrobiyoloji ve diagnostikte kantitatif veri analizi için mRNA seviyesinin kesin olarak tespit edilmesini sağlayan bir teknolojidir. qRT-PZR analizinin içerdiği üç basamak aşağıdaki gibi sıralanabilir:

1. mRNA' nın cDNA' ya ters transkripsiyon reaksiyonu ile çevrilmesi.
2. cDNA amplifikasyonu.
3. Son ürünlerin gerçek zamanlı olarak tespit edilmesi ve miktarlarının belirlenmesi [54, 55]

Gerçek zamanlı-PZR, geleneksel PZR' a kıyasla nükleik asitlerin miktarlarının belirlenmesi için oldukça güvenilir veriler üretir ve son derece geniş dinamik aralığa sahiptir. Polimeraz zincir reaksiyonu, bir DNA kalıbının kopyalarını üstel bir şekilde üretir. Kalıpta bulunan polimeraz reaksiyonunun inhibitörleri, reaktif sınırlaması veya pirofosfat moleküllerinin birikmesi nedeniyle, sonuçta PZR reaksiyonu artık bir üstel hızda ("plateau fazı" olarak bilinir) kalıp oluşturamaz hale gelir ve bazı reaksiyonlar diğerlerinden daha fazla ürün üretir. Bu durum PZR ürünlerinin son nokta miktar belirlemelerinin güvenilir olmaz olmasının en önemli nedenidir. PZR ürünlerini çoğaltılırken veya "gerçek zamanlı" olarak ölçebilme imkânı ile PZR ürününün miktarının, reaksiyonun hala üstel aralıkta olduğu bir noktada ölçülmesi mümkündür. Sadece PZR reaksiyonunun bu üssel fazı sırasında, kalıbın başlangıç miktarını belirlemek için hesaplamak mümkün olur. Gerçek zamanlı PZR deneylerinde üssel faz sırasında, tüm numunelerin karşılaştırılabileceği bir floresan sinyal eşliği belirlenir. Bu eşik, arka plan floresan miktarının bir fonksiyonu olarak hesaplanır ve bir örnekten üretilen sinyalin arka plan floresanından önemli ölçüde daha büyük olduğu bir noktaya çizilir. Bu nedenle, bu eşığe ulaşmak için yeterli floresan sinyali üretmek için gereken PZR döngüleri, 'döngü eşliği' veya 'Ct' olarak tanımlanır. Bu Ct değerleri, başlangıçtaki kalıp miktarı ile doğru orantılıdır ve mRNA ifade seviyelerini veya DNA kopya sayısını hesaplamak için temel oluşturur.

Gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu, tek bir tüp içerisinde DNA amplifikasyonu ve saptama adımlarının bir arada gerçekleştirilebilmesini sağlayan floresan boyalar kullanır. SYBR Green I, günümüzde gerçek zamanlı-PZR analizlerinde en sık kullanılan çift iplikli DNA'ya özgü boyadır. Asimetrik bir siyanin boyası olan SYBR Green I, büyük ölçüde çift iplikli DNA'nın küçük boşluğuna diziden bağımsız olarak bağlanır. DNA'ya bağlanmış olan boyanın ışımaya şiddeti, serbest boyanınkinden 1000 kat daha fazladır ve bu nedenle, PZR sırasında ürün birikimini izlemek için çok uygundur. SYBR Green, 480 nm dalga boyunda mavi ışıkla uyarılabilir. Emisyon spektrumu, maksimum değere 520 nm'de ulaşır ve 0,8'lik bir kuantum verimiyle 'fluorescein' ile karşılaştırılabilir [56].

1.3.1.1.2. RNA Dizileme

Transkriptom terimi, ifade edilen tüm RNA transkriptlerinin tam seti; protein kodlaması (mRNA) yapan ve kodlama yapmayan (rRNA, tRNA, snRNA, snoRNA, miRNA, lncRNA, piwi etkileşimli RNA ve benzeri) RNA türleri anlamına gelmektedir. Çeşitli çalışma yöntemleri ile genom geneli düzeyinde tüm işleyen transkriptlerin belirlenmesi, spesifik hücresel fonksiyonların moleküler mekanizmaları hakkında önemli miktarda bilgi sağlar. Günümüzde genom çapında bir ölçekte transkriptleri tanımlamak için iki deneysel teknik kullanılmaktadır; mikro-dizi teknolojileri ve yeni nesil RNA dizileme (RNA-Seq) teknolojileri. Çoğu durumda, iki metodu karşılaştırırken, RNA dizileme teknolojilerinin, mikro-dizi teknolojilerine karşı; dinamik transkript aralığı, daha az arka plan gürültüsüne sahip olması, yeni transkript ve izoformları tespit edebilme yeteneği açılarından üstün olduğu bildirilmiştir [57].

RNA dizileme teknolojileri, bir örnekte mevcut olan tüm RNA'ların yüksek çözünürlükte araştırılması, dizilerinin belirlenmesi ve miktarlarının ölçülmesi işlemlerinin aynı zamanda gerçekleştirilebilmesini sağlar. Pratikte, "okuma" olarak adlandırılan milyonlarca kısa dizi, başlangıç RNA'larının rasgele pozisyonlarından sıralanır. Bu okumalar daha sonra, her bir genle hizalanmış okumaların sayısının, ifade seviyesinin bir ölçüsünü verdiği bir "transkripsiyonel haritayı" ortaya çıkarmak için bir referans genom üzerinde hesaplanabilir [58].

Daha kapsamlı bir yol olarak, RNA dizileme tabanlı transkriptom yaklaşımları çeşitli amaçlarla rutin olarak kullanılmaktadır, bu amaçlar şu şekilde sıralanabilir; (i) transkriptom profilini karakterize etmek, (ii) transkriptlerin ifade seviyesini ölçmek, (iii) ayrılan izoformları ve füzyon transkriptlerini tespit etmek, (iv) genomda yeni transkript bulmak, (v) küçük regülatör RNA'ları profilelemek ve (vi) kodlayan varyantların tanımlanması. Protein kodlayan genlerin ifadelerinin gelişim, hastalık ya da diğer çevresel koşullara göre düzenlenmesi gerektiğinden tüm bu uygulamalar arasında gen ifade profillerinin aydınlatılması öne çıkmaktadır.

1.3.2. Bitkilerde Stres Koşullarında Metabolik Düzenlenmeler

Çoğu abiyotik stres koşullarında, metabolik enzimlerin inhibisyonu, substrat yetersizliği, spesifik bileşikler için aşırı talep veya bu faktörlerin bir bileşimi ve diğer birçok nedenden ötürü bitki metabolizması bozulur. Bu nedenle, metabolik ağ temel metabolizmayı korumak ve hakim stres koşulları doğrultusunda yeni bir durum benimseyerek koşullara uyum sağlamak için yeniden yapılandırılmalıdır. Bu metabolik yeniden programlama ayrıca uygun çözücüler, antioksidanlar ve strese duyarlı proteinler de dâhil olmak üzere anti-stres ajanlarına yönelik talebi karşılamak için de gereklidir [59].

Bir organizmada bulunan tüm moleküllerin ve metabolitlerin toplamı, metabolom olarak ifade edilir. Metabolitlerin profilelanması, bitki ürünlerinin bileşim kalitesinin anlaşılmasında faydalıdır. Kromatografi, kütle spektrofotometrisi ve nükleer manyetik rezonans gibi birçok teknik, amaç ve kaynaklara bağlı olarak metabolit profilemede kullanılabilir. Metabolit profili, bitkilerin yetiştirilmesinde kullanılacak uygun bileşim kalitesine sahip metabolik ağlar ve regülasyonları hakkında bilgi sağlar [60, 61]. Bitkiler çok çeşitli metabolitleri üretir. Birincil metabolitler doğrudan büyüme ve gelişmedeki önemli reaksiyonlara katılırken, ikincil metabolitler doğrudan büyüme ve gelişme ile ilgili değil, çoğunlukla bitki-çevre etkileşimlerinde yer alırlar. Meyvelerin duyu kalitesi öncelikle metabolit bileşimi ile tanımlanır. Şekerler, organik asitler, uçucu bileşikler ve serbest amino asitler, tadın tüm bileşenleridir. Bu bileşiklerin içeriğinde ve bileşimindeki bir değişiklik, değişmiş duyu kaliteye yol açar. Olgunlaşma sürecinde pigmentlerin, şekerlerin, asitlerin ve aroma uçucuların

seviyelerindeki deęişiklikler olgun meyvenin tadını ve aromasını tanımlar. Çoęu fizyolojik deęişiklik bitki hormonlarının kontrolü altında gerçekleşir [62, 63].

Bitkilerde, doğal genetik çeşitlilik, metabolit içeriğinde ve kimyasal bileşimde kalitatif varyasyonda kantitatif deęişime yol açar [64]. Bir hücrenin metabolomu, genomdan farklı olarak, yüksek derecede dinamiktir ve bitkinin çevre ve gelişim aşamasından büyük ölçüde etkilenir. Ayrıca, genetik modifikasyonlar ve abiyotik ve biyotik streslere verilen yanıtlar, metabolitlerin sentezinde veya bozulmasında deęişikliklere neden olabilir [65]. Bu nedenle, metabolom karmaşıktır ve lipid çözümler metabolitler, sulu polar metabolitler, stabil ve kararsız metabolitler ve asidik ve bazik metabolitler gibi birçok farklı kimyasal grubu içerir. Biyokimyasal çeşitliliğin, tek bir bitki türü için yaklaşık 4000 ila 20.000 arasında deęişen yaklaşık 200.000 farklı metaboliti içereceęi tahmin edilmektedir [66]. Binlerce metaboliti ölçülebilmesine rağmen, metabolik yapısı ve dinamik yapısı ve fizikokimyasal özelliklerdeki farklılıkları nedeniyle tüm metabolomu tespit etmek mümkün deęildir.

Metabolik profillemeye iki yaklaşım vardır: (i) hedeflenen metabolit profili, belirli bir metabolit grubuna odaklanırken, (ii) hedeflenmemiş metabolik profil, bilinmeyen metabolitlerin niceliksel deęerlendirilmesine izin verir [67].

1.3.2.1. Metabolomikte Kullanılan Analizler

1.3.2.1.1. GC-MS

Gaz kromatografisi-kütle spektrometresi bugüne kadar bitki metabolomiks araştırmaları için en çok kullanılan tekniktir. Polar metabolitler, uçucu hale getirilmeleri ve daha sonra GC ile ayrılabilmeleri için türevlendirilir. Elektron darbesi (Electron impact, EI), gaz kromatografisinin MS ile güçlü bir şekilde ayrılmasını sağlar ve yüksek oranda tekrarlanabilir parçalanma modelleri ile sonuçlanır. Tespit için, uçuş süresi (Time of flight, TOF)-MS, hızlı tarama süreleri de dâhil olmak üzere, karmaşık dekompozisyonlar ya da karmaşık karışımlar için azaltılmış çalışma süreleri ve yüksek kütle hassasiyeti sağlayan avantajlar nedeniyle tercih edilen bir yöntem haline gelmiştir. Bu teknolojinin en önemli avantajı, uzun zamandır metabolit profillemeye için kullanılması ve bu sebepten makine kurulumu, bakımı, kromatogram

değerlendirmesi ve yorumlanması için oturtmuş protokoller olmasıdır [68-70]. Protokolün sağlamlığı, standart bileşikler için saklama süresi ve kütle spektrum verileri kütüphanelerinin laboratuvarlar arasında paylaşılabilmesi anlamına gelir [71]. NIST [72], FiehnLib [73] ve Golm metabolik veri tabanları (GMD, [74]) dâhil olmak üzere, pik ek açıklamaları için yararlı araçlar olan çeşitli metabolit veri tabanları bulunmaktadır. Ek olarak, kısa çalışma süresi ve nispeten düşük işletme maliyeti de GC-MS' nin güçlü avantajlarıdır. Bununla birlikte, GC-MS' nin kullanımı termal olarak kararlı uçucu bileşikler için sınırlıdır, bu da yüksek moleküler ağırlıklı bileşiklerin analizini (1 kDa'dan daha büyük) zorlaştırır. Bu özelliklerden dolayı, GC-MS, şeker, şeker alkolü, amino asit, organik asit ve poliamin gibi bitki örneklerinde birkaç yüz metabolitin tanımlanmasını ve miktarının belirlenmesini sağlar ve bu da birincil metabolizmanın merkez yollarının oldukça kapsamlı bir şekilde anlaşılmasını sağlar.

2. KURAMSAL TEMELLER

Yüksek sıcaklık, soğuk, donma, kuraklık, tuzluluk veya oksitleyici maddeler gibi abiyotik stres faktörleri genellikle proteinlerin fonksiyonlarını yitirmelerine neden olur [75]. Protein katlama kararlılığı, şüphesiz stres koşullarına maruz kalan organizmalarda en zorlu problemlerden biridir. Verimli protein tamir sistemleri ve genel protein kararlılığı, ortamdaki ani değişikliklerde hayatta kalmayı kolaylaştırır. Yer değiştiremeyen organizmalar olan bitkilerin yaşamları boyunca çeşitli çevresel stresleri aşmak için hızlı bir şekilde adapte olmaları gerekmektedir. Son zamanlarda, en çok vurgu, bitkilerin dış koşulları nasıl tanıdıkları ve protein işlevinin korunduğu ve sürdürüldüğü mekanizmalar gibi koruyucu reaksiyonların nasıl başladığının anlaşılmasına yöneliktir. Proteinler, canlı bir sistemdeki hemen hemen her biyolojik işlemde yer alan biyolojik makromoleküllerdir. Proteinler tarafından oynanan roller çeşitli ve karmaşıktır. Proteinler, küçük moleküllerin veya iyonların depolanması ve taşınması için kullanılır ve moleküllerin metabolik fonksiyon için gerekli olan hücre zarlarından geçişini kontrol ederler [76]. Bilgileri ileten ve karmaşık hücresel süreçlerin düzenlenmesini sağlayan hormonlar, abiyotik strese yanıt aşamasında önemli düzenleyicilerdir [77]. Enzimler katalizörler olarak hareket ederler ve kayda değer bir özgülükle, organizmanın hayatta kalması için gerekli kimyasal

reaksiyonların hızı artar. Protein fonksiyonu, translasyon sonrası polipeptid zincirlerinin katlanmasıyla benimsenen eşsiz üç boyutlu yapıya bağlıdır. Fizyolojik koşullardaki stres kaynaklı değişikliklerin katlanma sürecini değiştirmesi ve protein yanlış katlanması ve agregasyonuna yol açması şaşırtıcı değildir [78].

Abiyotik strese karşı moleküler yanıtlar karmaşıktır ve stres düzeyine, süresine, stresten etkilenen doku ve organlara oldukça bağlıdır. Çevresel değişikliklerin ve stres sinyallerinin iletilmesinin algılanması, moleküler tepki mekanizmalarının aktivasyonunu tetikler [79]. Çevresel stres koşullarına genel bir cevap, proteinlerin doğru 3 boyutlu yapılarına katlanmasını, yanlış katlanan proteinlerin düzeltilmesini ve agregasyonlarının engellenmesini sağlayan stres proteinlerinin başlangıcıdır. Bu stres proteinlerinin en önemlileri olan ısı şoku proteinleri için muhtemel hedefler, normal durumlarında proteinlerin iç yüzeylerinde bulunan ancak kısmen açılma ya da yanlış katlanma sebebiyle dış yüzeye taşınmış hidrofobik kalıntılara sahip proteinlerdir. Yanlış katlanmış proteinlerin agregatları çok kararlı olabildiğinden ve katlanmış duruma doğru olan enerji bariyerleri daha yüksek olabileceğinden, şaperonlar enerji bariyerlerinin üstesinden gelmek ve proteinlerin agregatlardan tekrar katlanmasına yardımcı olarak katlanma işlemine katkıda bulunurlar [80].

Isı şoku proteinleri ailesi organizmalarda hem normal koşullarda hem de stres faktörlerinin etkili olduğu koşullarda önemli bir role sahiptirler. Isı şoku proteinlerinin bitkilerde stres koşullarında rol aldıkları önemli rolü gösteren birçok çalışma literatürde mevcuttur [81-92]

Daha önce yapılan çalışmalarda birçok bitki genomunda sHsp genleri belirlenmiştir. Bunlardan bir kısmına bakacak olursak; *Arabidopsis thaliana* bitkisinin genomunda 19 adet [93], arpa (*Hordeum vulgare* L.) genomunda 13 adet [94], çeltik (*Oryza sativa*) genomunda 23 adet [95], buğday (*Triticum aestivum* L.) genomunda 27 adet [94], biber (*Capsicum annuum* L.) genomunda 35 adet [96], domates (*Lycopersicon esculentum* Mill.) genomunda 42 adet [97], soya (*Glycine max* Linn.) genomunda 51 adet [98], kavak (*Populus trichocarpa*) genomunda 60 adet [99], okaliptüs (*Eucalyptus grandis*) genomunda 32 adet sHsp ailesinin üyelerini kodlayan gen olduğunun araştırmacılar tarafından belirlenmesi sayılabilir.

Arabidopsis thaliana genomunda daha önce yapılan bir çalışmada 89 adet Hsp40 ailesinin üyelerini kodlayan gen tanımlanmıştır [100]. Çeltik (*Oryza sativa*) genomundaysa 104 adet Hsp40 ailesinin üyelerini kodlayan gen tanımlanmıştır [101]. Kavak (*Populus trichocarpa*) genomundaysa 145 adet Hsp40 ailesi üyelerini kodlayan gen tanımlanmıştır. Okaliptüs (*Eucalyptus grandis*) bitkisinin genomunda Hsp40 ailesinin üyelerini kodlayan 91 adet gen olduğu belirlenmiştir.

Hsp60 ailesi, üyelerinin genomlarda belirlenmesi özel olarak en az çalışılmış Hsp ailesidir. Daha önceki çalışmalarda Hsp60 ailesinin üyeleri az sayıda bitki genomunda belirlenmişlerdir. Bunların bir kısmını sıralayacak olursak; *Arabidopsis thaliana* genomunda 7 adet [102], cin darı (*Setaria italica*) bitkisinin genomunda 20 adet [103], kavak (*Populus trichocarpa*) bitkisinin genomunda 49 adet [99], çeltik (*Oryza sativa*) bitkisinin genomunda 20 adet [104], okaliptüs (*Eucalyptus grandis*) bitkisinin genomunda 15 adet Hsp60 ailesi üyelerini kodlayan genin belirlenmesini sayabiliriz.

Arabidopsis thaliana bitkisinin genomunda Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan en az 18 adet gen olduğu belirlenmiştir [81, 82]. Ispanak (*Spinacia oleracea*) bitkisinin genomunda Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan en az 12 adet genin yer aldığı belirlenmiştir [83]. Cin darı (*Setaria italica*) bitkisinin genomunda Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan 27 adet genin yer aldığı belirlenmiştir [103]. Çeltik (*Oryza sativa*) bitkisinin genomunda Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan 26 adet genin yer aldığı belirlenmiştir [105]. *Brachypodium distachyon* bitkisinin genomunda 29 adet Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan genin yer aldığı belirlenmiştir [106]. Okaliptüs (*Eucalyptus grandis*) bitkisinin genomunda Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan 27 adet gen olduğu belirlenmiştir. [103]. Kavak (*Populus trichocarpa*) bitkisinin genomunda 34 adet Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan genin yer aldığı belirlenmiştir [99].

Arabidopsis thaliana bitkisinin genomunda Hsp90 ailesinin üyelerini kodlayan 7 adet genin yer aldığı belirlenmiştir [85]. Cin darı (*Setaria italica*) bitkisinin genomunda Hsp90 ailesinin üyelerini kodlayan 9 adet genin yer aldığı belirlenmiştir [103]. Çeltik (*Oryza sativa*) bitkisinin genomunda Hsp90 ailesinin üyelerini kodlayan 9 adet genin yer aldığı belirlenmiştir [105]. Okaliptüs (*Eucalyptus grandis*) bitkisinin genomunda Hsp90 ailesinin üyelerini kodlayan 12 adet gen olduğu belirlenmiştir.

Birçok farklı çalışmada farklı bitkilerin genomların Hsp100 ailesi üyelerini kodlayan genler belirlenmiştir. Bu çalışmalardan birkaçı şu şekildedir; *Arabidopsis thaliana* bitkisinin genomunda 8 adet [87], cin darı (*Setaria italica*) bitkisinin genomunda 20 adet [103], okaliptüs (*Eucalyptus grandis*) bitkisinin genomunda 12 adet, kavak (*Populus trichocarpa*) bitkisinin genomunda 34 adet [99], çeltik (*Oryza sativa*) bitkisinin genomunda 10 adet [105] Hsp100 ailesinin üyelerini kodlayan genin yer aldığı araştırmacılar tarafından belirlenmiştir.



BÖLÜM I

3. GENOMİKS ANALİZLER

3.1. Materyal ve Yöntem

3.1.1. Salatalık Genomunda Isı Şoku Genlerinin Belirlenmesi

İlk olarak ısı şoku proteinlerine ait bir veri tabanı olan Heat Shock Protein Information Resource (HSPiR, <http://pdslab.biochem.iisc.ernet.in/hspir/>) veri tabanından[4]; şimdiye kadar bitkilerde tanımlanmış sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 ailelerinin mensuplarının peptid dizileri elde edilmiştir [4]. Bu diziler, PHYTOZOME v12 (<https://phytozome.jgi.doe.gov>) veritabanında BLASTP sorgusu kullanılarak salatalığın tüm proteinleri ile karşılaştırıldı [107]. Bu karşılaştırmada $\geq e^{-35}$ beklenti değeri ve $\geq 40\%$ benzerlik koşullarını sağlayan eşleşmeler anlamlı eşleşmeler olarak kabul edilmiştir. Buna ek olarak PHYTOZOME veri tabanı “Hsp” anahtar kelimesi ile salatalık bitkisi için taranmıştır. Bir sonraki adım olarak salatalık genomundan kodlanan tüm proteinler, Pfam (<https://pfam.xfam.org>) veri tabanında yer alan ısı şoku proteinleri ile ilişkili korunmuş bölgelerin Hidden Markov Modelleri (HMM) ile karşılaştırılmıştır [108]. Yapılan kıyaslamalar sonunda tekrar eden diziler çıkartılarak, salatalığa ait muhtemel ısı şoku proteinleri belirlenmiştir. Muhtemel ısı şoku proteinlerinin izoelektrik nokta, molekül ağırlığı, amino asit uzunluğu, stabilite gibi karakteristik özellikleri Expasy PROTPARAM (<https://web.expasy.org/protparam/>) çevrimiçi aracı kullanılarak belirlenmiştir [109].

3.1.2. Isı Şoku Genlerinin Kromozomal Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Gen Yapısının Tahmini

Isı şoku proteini genlerinin yapılarının belirlenmesi için ekzon-intron organizasyonları değerlendirilmiştir. Bu amaçla kodlayan dizileri ve ilgili genomik dizileri Gene Structure Display Server (GSDS, <http://gsds.cbi.pku.edu.cn/>) kullanılmıştır [110]. Salatalık ısı şoku proteinlerini kodlayan genlerin kromozomal yerleşimlerini belirlemek için ilgili proteinlerin genomik dizileri Cucurbit Genomics Database’ de taranmıştır (<http://cucurbitgenomics.org/>). Kromozomal yerleşimlerin

görselleştirilmesi ise MapChart yazılımı kullanılarak gerçekleştirilmiştir [111]. Genomik dağılımın hesaplanması için ortolog genlerin oluşumunu sağlayan tandem ve segmental duplikasyonların analizi gerçekleştirilmiştir. Yapılan BLAST sorgusu sonucunda $\geq e^{-50}$ beklenti değeri ve $\geq \%60$ benzerlik koşullarını sağlayan gen çiftleri duplike gen çiftleri olarak kabul edilmiştir.

3.1.3. Dizi Hizalanması, Filogenetik Analizler ve Korunmuş Motiflerin Belirlenmesi

Salatalık bitkisine ait ısı şoku proteinlerinin amino asit dizileri MEGA7 [112] yazılımına yüklenmiştir ve ClustalW [113] algoritması ile önce hizalanmaları gerçekleştirilmiştir. Hizalanan diziler ile maksimum benzerlik metodu tercih edilerek filogenetik ağaç oluşturulmuştur [114]. Amino asit dizileri arasındaki korunmuş motiflerin tanımlanması için bir motif belirleme aracı olan Multiple Em for Motif Elicitation (MEME, <http://meme-suite.org/>) çevrimiçi aracı kullanılmıştır [115].

3.1.4. Gen Ontoloji Analizleri

Salatalık bitkisine ait ısı şoku proteinlerinin fonksiyonel analizleri Blast2GO yazılımı aracılığıyla gerçekleştirilmiştir. Yazılıma yüklenen amino asit dizilerinin; moleküler fonksiyonları, hücredeki yerleşimleri ve hangi biyolojik süreçlerde yer aldıkları belirlenmiştir [116].

3.1.5. Salatalık Isı Şoku Proteinlerinin Ortolog İlişkilerinin Belirlenmesi

Salatalık ısı şoku proteinleri ile diğer türler arasındaki ortolog ilişkilerin ortaya çıkartılması amacıyla, ilk olarak BLASTP algoritması kullanılmıştır. Salatalık ısı şoku proteinleri Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*), çeltik (*Oryza sativa*), kavak (*Populus trichocarpa*), üzüm (*Vitis vinifera*) ve mısır (*Zea mays*) organizmalarının genomlarında kodlanan proteinler ile karşılaştırılmıştır. Benzerlik gösteren diziler $\geq e^{-50}$ beklenti değeri ve $\geq \%60$ benzerlik parametrelerine göre belirlenmiştir.

3.1.6. Homolog ve Homolog Olmayan Değişim Oranlarının Hesaplanması

Tandem ve segmental duplikasyona uğramış olan salatalık ısı şoku proteini genleri ile *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa*, *Populus trichocarpa*, *Vitis vinifera* ve *Zea mays* bitkilerindeki ortologları ClustalOmega (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo>) çevrimiçi aracı kullanılarak hizalanmıştır. Ortolog çiftlerinin protein hizalamaları ve ilgili mRNA dizilerinin kodon hizalamasına çevrilmesi, homolog (Ks) ve homolog olmayan (Ka) değişim oranlarının hesaplanması PAL2NAL (<http://www.bork.embl.de/pal2nal>) çevrimiçi aracı ile gerçekleştirilmiştir [117]. Daha sonra, $T (MYÖ) = Ks/2\lambda$ ($\lambda = 6.5 \times 10^{-9}$) denklemi kullanılarak ortolog gen çiftlerinin evrimsel süreçte birbirlerinden ayrılma zamanları milyon yıl önce birimi ile hesaplanmıştır [118].

3.1.7. Isı Şoku Genlerini Hedef Alan miRNA' ların *in-silico* Tanımlanması

Salatalık ısı şoku proteinlerine ait transkriptleri hedefleyen miRNAların bulunmasında kullanılmak üzere miRBase v21' den (<http://www.mirbase.org/>) [119] bitkilere ait bilinen tüm miRNAların dizileri elde edilmiştir. Elde edilen miRNA dizilerinin hedefledikleri salatalık ısı şoku proteinlerinin transkriptleri Plant Small RNA Target Analysis Server (psRNATarget, <http://plantgrn.noble.org/psRNATarget>) çevrimiçi aracı kullanılarak belirlenmiştir [120].

3.1.8. Isı Şoku Proteinlerinin Homoloji Modellemesi

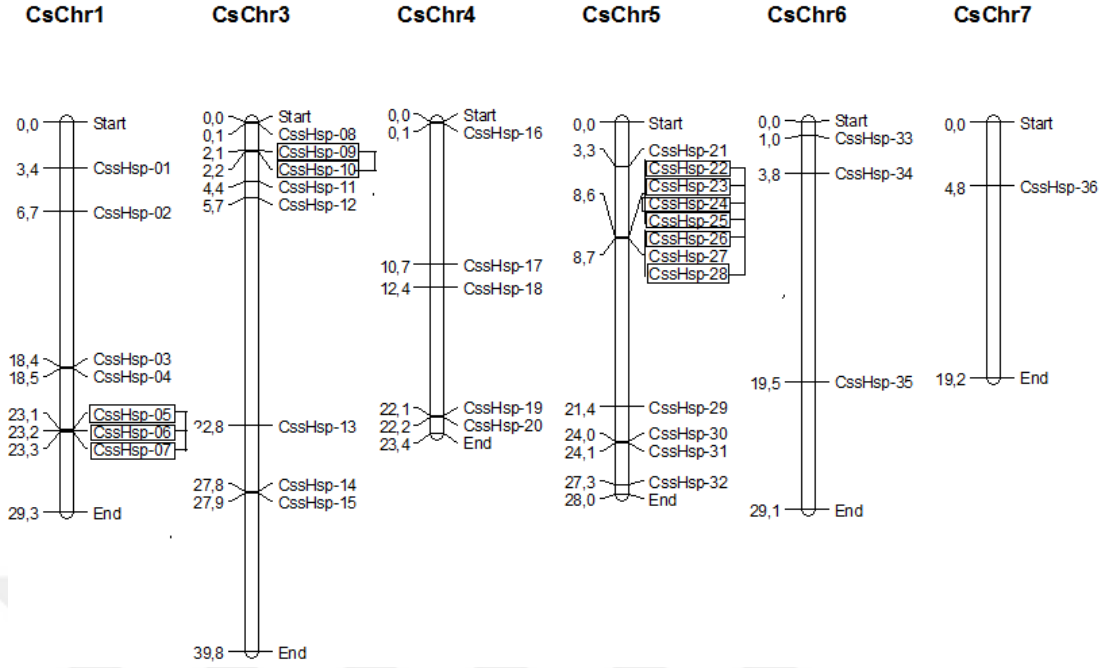
Salatalık ısı şoku proteinlerinin üç boyutlu yapılarının belirlenmesi amacıyla Protein Homology/analogy Recognition Engine V 2.0 (PHYRE2, <http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/~phyre2/html/page.cgi?id=index>) çevrimiçi aracı kullanılmıştır. Isı şoku proteinlerinin amino asit dizileri PDB veri tabanına karşı taranarak daha önce üç boyutlu yapısı deneysel olarak belirlenmiş olarak proteinlerle yoğunlaştırılmış-modda karşılaştırılmıştır [121].

3.2. Bulgular

3.2.1. Salatalık Isı Şoku Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

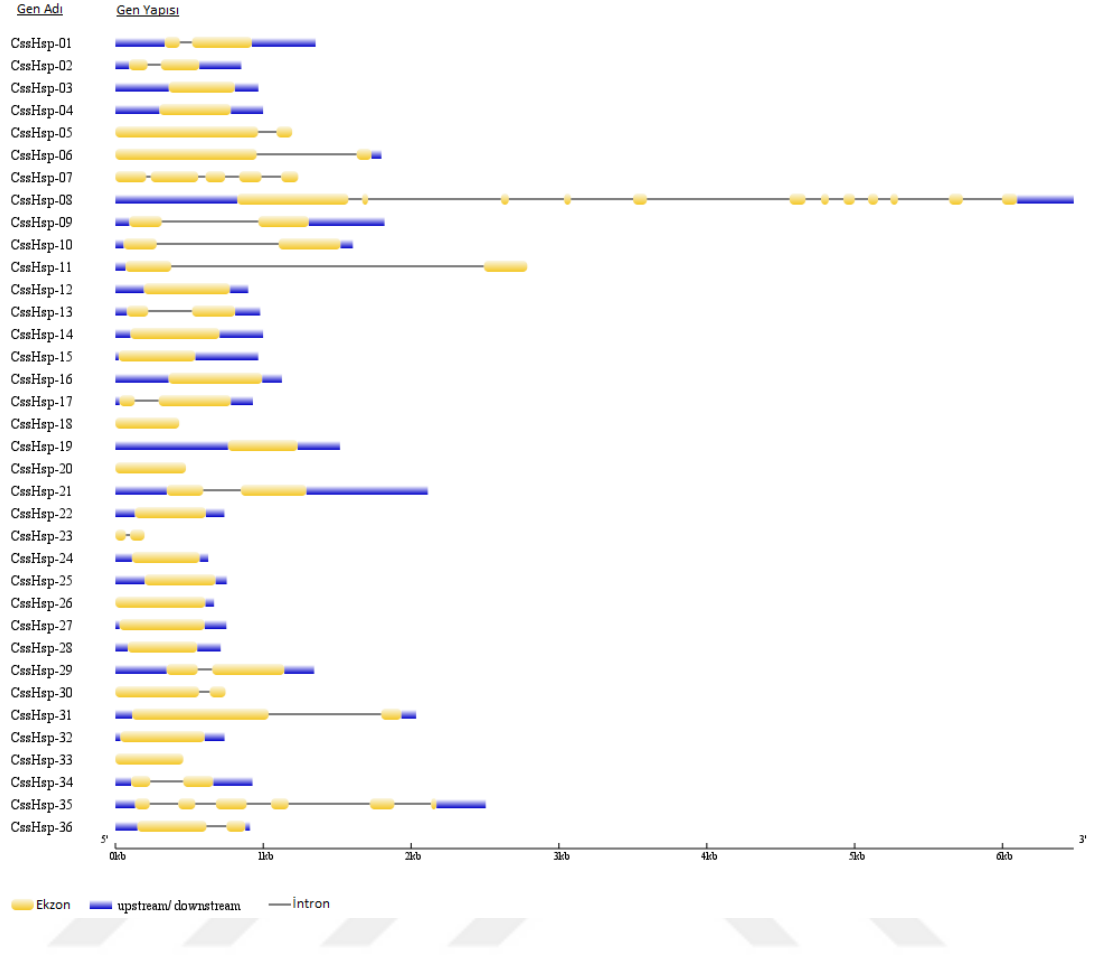
Yapılan analizler sonucunda salatalık genomunda kodlanan 36 adet sHsp, 100 adet Hsp40, 28 adet Hsp60, 14 adet Hsp70, 7 adet Hsp90 ve 17 adet Hsp100 geni tanımlanmıştır. Bu genler kromozomlardaki yerleşimlerine göre organizma ismini belirten (*Cucumis sativus*) 'Cs' ön eki ve Hsp ailesinin adı şeklinde devam ederek adlandırılmışlardır (EK 1, EK 11, EK 22, EK 33, EK 44, EK 55).

CssHsp proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 55 amino asit (CssHsp-23) ile 510 amino asit (CssHsp-08) arasında, moleküler ağırlığınsa 60,4 kDa (CssHsp-23) ile 56,3 kDa (CssHsp-08) arasında değiştiği saptanmıştır. CssHsp proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,51 (CssHsp-03) ile 9,93 (CssHsp-07) arasında değiştiği belirlenmiştir. Bulunan 37 proteinden 6 tanesinin (CssHsp-15, CssHsp-18, CssHsp-19, CssHsp-20, CssHsp-34, CssHsp-29) kararlı olduğu bulunmuştur. Belirlenen 37 adet *CssHsp* geninin salatalığın 7 kromozomundan 6 tanesine (2. kromozom hariç) dağılım gösterdiği saptanmıştır. En fazla sayıda *CssHsp* geni içeren kromozomun 12 adet (%32) ile 5. kromozom olduğu, en az sayıda *CssHsp* geni içeren kromozomunsa 1 adet ile 7. kromozom olduğu bulunmuştur. Diğer kromozomlara dağılımsa 1. kromozomda 7 adet, 2. kromozomda 8 adet, 3. kromozomda 5 adet, 6. kromozomda 3 adet olacak şekilde gerçekleşmiştir (Şekil 3.1) (EK 1).



Şekil 3.1. *CssHsp* genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri

CssHsp genlerinin yapıları ekzon-intron organizasyonlarına bakılarak değerlendirildiğindeyse, 17 adet (%46) *CssHsp* geninin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir. *CssHsp-08* geninin en çok intron bölgesi (11 adet) içeren *sHsp* geni olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.2).



Şekil 3.2. *CshHsp* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

CshHsp proteinlerinin fonksiyonel karakterizasyonlarının gerçekleştirilmesi amacıyla yapılan gen ontolojisi analizinde; biyolojik süreçlerdeki rollerinin uyarılara yanıt vermek olduğu, metabolik fonksiyonlarının bağlanma olduğu ve hücresel lokalizasyonlarının hücre ve membran kısımlarında olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.3) (EK 2).

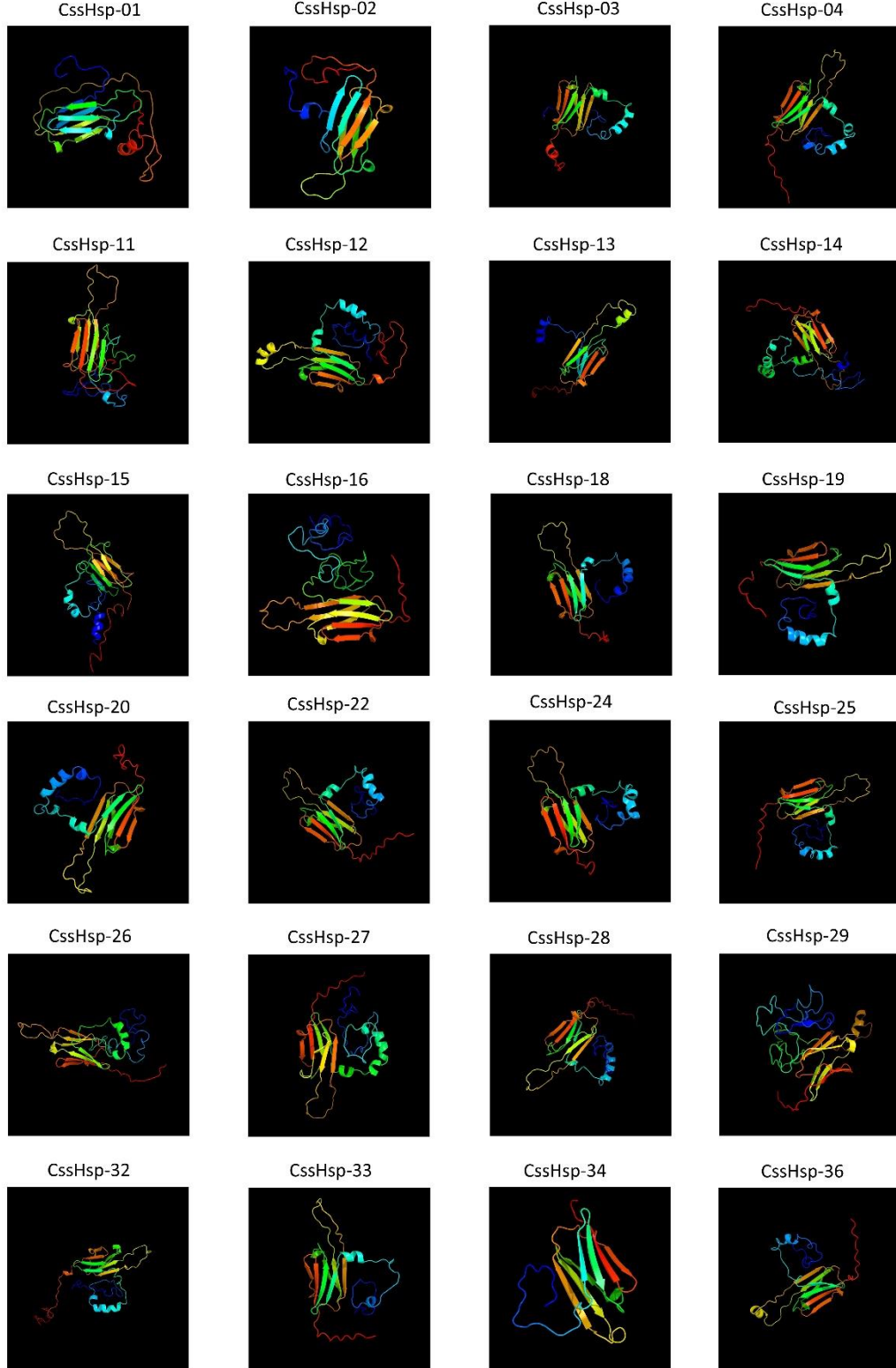


Şekil 3.3. Csshsp ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları

Csshsp proteinlerinin 3 boyutlu yapılarının tahminlenmesi >%90 güven düzeyi ve >%80 benzerlik parametreleri temel alınarak gerçekleştirilmiştir. Bu kıstaslar ile 24 adet Csshsp proteinin yapısı modellenenmiştir. Analiz sonucunda Csshsp proteinlerinin üç boyutlu yapılarında β -kırmalı tabaka yapısal motifinin baskın olduğu görülmüştür (Şekil 3.4).

Csshsp genlerinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyonların ortaya çıkartılması için yapılan analizler sonucunda; 18 çift tandem, 13 çift de segmental duplike olmuş gen belirlenmiştir. *Csshsp-22* ve *Csshsp-25* genlerinin her ikisinin de 6 adet tandem duplikasyona katıldığı görülmüştür. *Csshsp-33* geni ise 7 adet segmental duplikasyona katılmıştır. Tandem duplikasyonlar için evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma süreleri ortalama 3 milyon yıl önce olarak bulunurken, bu değer segmental duplikasyonlar için 65 milyon yıl önceyi işaret etmektedir. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda birbirlerinden ayrılanlar (0,60 MYÖ) *Csshsp-22* ve *Csshsp-28* gen çiftidir. Farklı

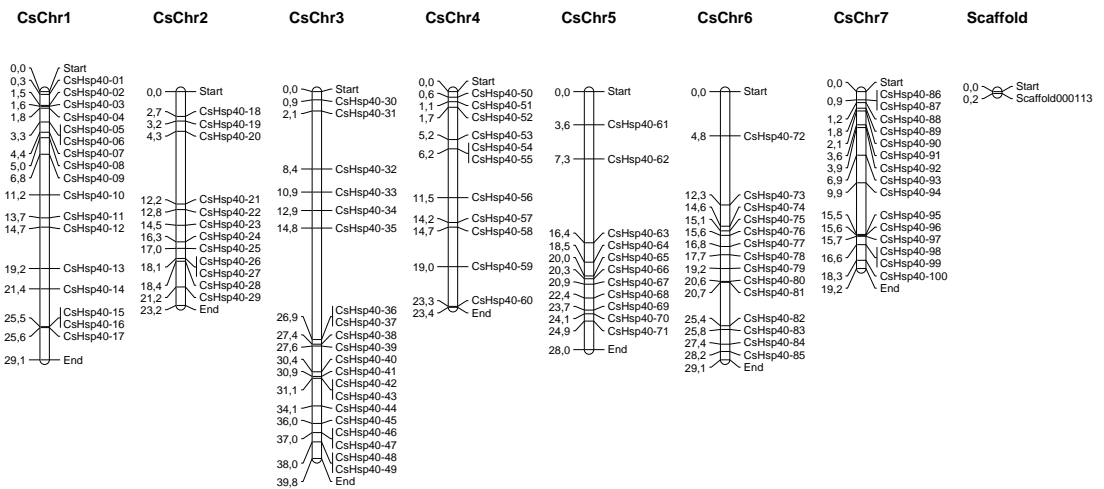
kromozomlar üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda (16,61 MYÖ) birbirlerinden ayrılanlara *CssHsp-04* ve *CssHsp-25* gen çiftidir (EK3, EK 4).



Şekil 3.4. *CssHsp* proteinlerinin tahmini 3 boyutlu yapıları

CsHsp genlerinin diğer organizmalarda bulunan ortologlarının belirlenmesi sonucunda; çeltik ile 60 çift, mısır ile 27 çift, Arabidopsis ile 60 çift, üzüm ile 106 çift ve kavak ile 64 çift ortolog gen tespit edilmiştir. Bu ortolog genlerin ortalama ayrılma zamanları sırasıyla; 256 MYÖ, 70 MYÖ, 196 MYÖ, 71 MYÖ ve 204 MYÖ olarak bulunmuştur. 5. kromozom üzerinde yer alan *CsHsp* genlerinin ortolog ilişkilerde sıklıkla yer aldığı görülmüştür (EK5-9).

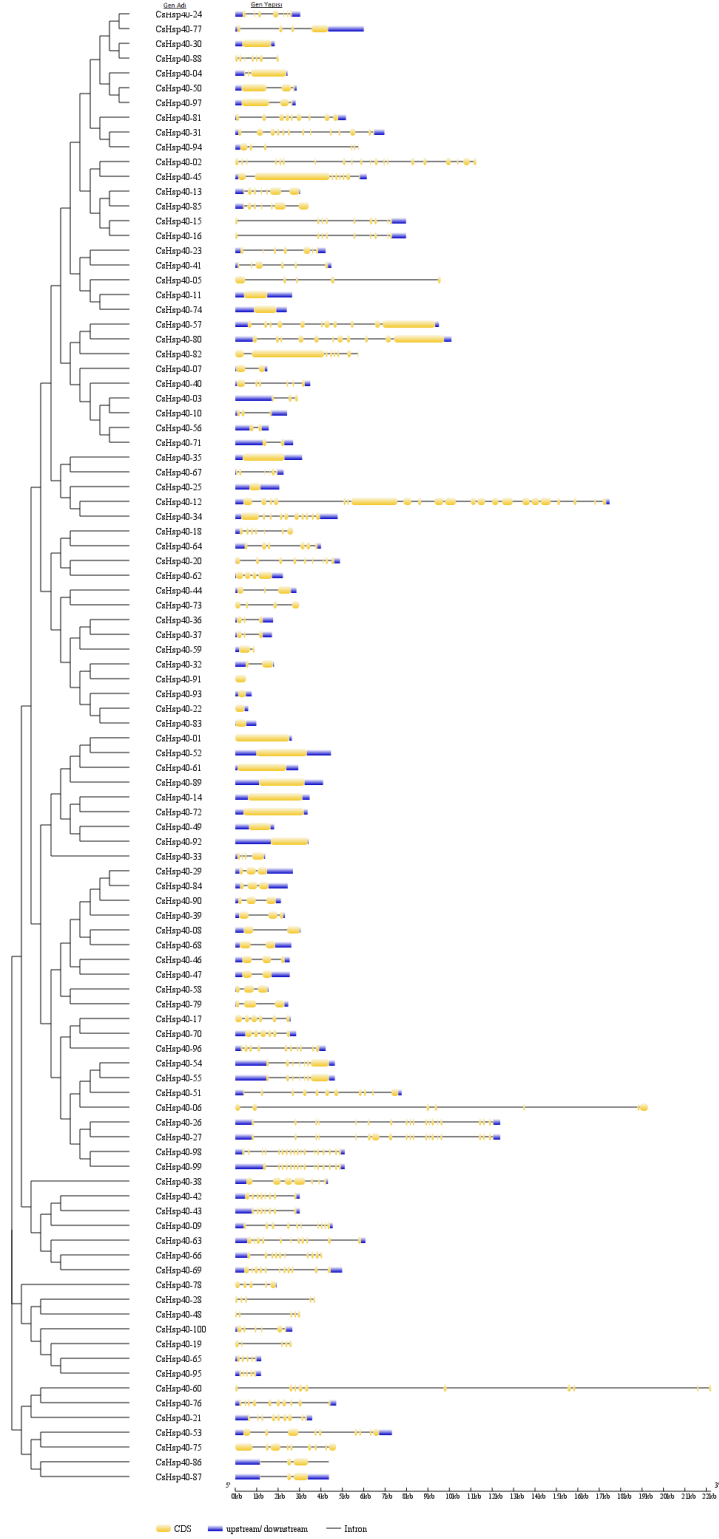
CsHsp40 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 112 amino asit (*CsHsp40-56*, *CsHsp40-71*) ile 2550 amino asit (*CsHsp40-12*) arasında, moleküler ağırlığınca 12,1 kDa (*CsHsp40-71*) ile 279,6 kDa (*CsHsp40-12*) arasında değiştiği saptanmıştır. *CsHsp40* proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,80 (*CsHsp40-65*) ile 10,56 (*CsHsp40-71*) arasında değiştiği belirlenmiştir. 100 adet *CsHsp40* proteininden 25 tanesinin kararlı olduğu bulunmuştur. Belirlenen 100 adet *CsHsp40* geninin, salatalığın 7 kromozomunda da dağılım gösterdiği saptanmıştır. En fazla sayıda *CsHsp40* geni içeren kromozomun 20 adet (%20) ile 3. kromozom olduğu, en az sayıda *CsHsp40* geni içeren kromozomlarınsa 11 adet ile 4. ve 5. kromozomlar olduğu bulunmuştur. Diğer kromozomlara dağılımsa 1. kromozomda 17 adet, 2. kromozomda 12 adet, 6. kromozomda 14 adet, 7. kromozomda 15 adet olacak şekilde gerçekleşmiştir (Şekil 3.5) (EK 11).



Şekil 3.5. *CsHsp40* genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri

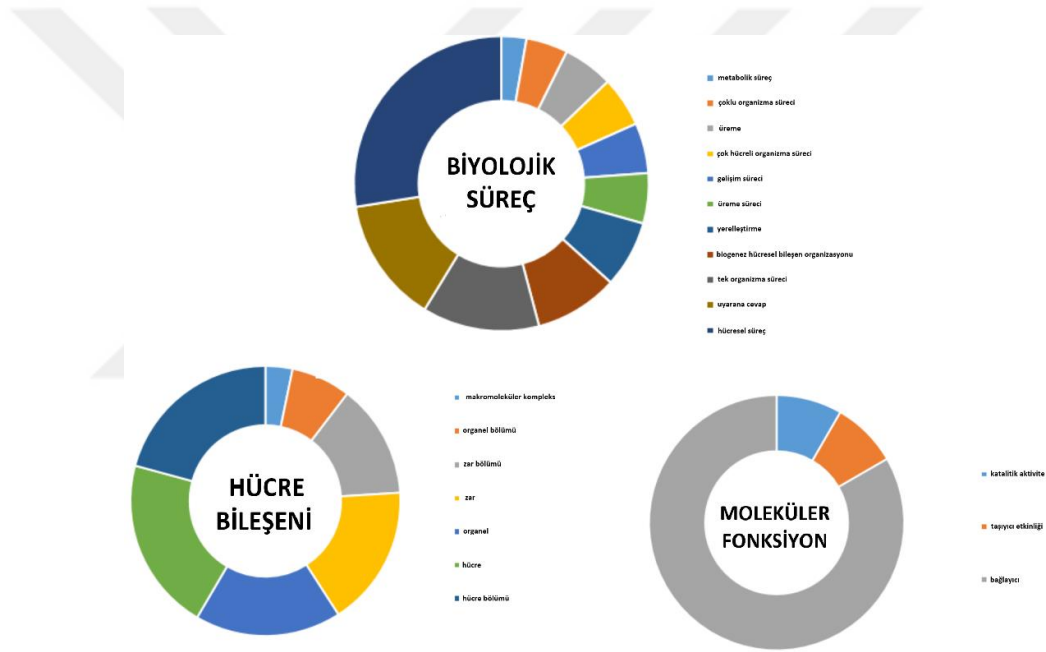
CsHsp40 genlerinin yapıları ekzon-intron organizasyonlarına bakılarak değerlendirilseydi, 16 adet (%16) *CsHsp40* geninin intron bölgesi içermediği

belirlenmiştir. *CsHsp40-08* geninin en çok intron bölgesi (11 adet) içeren *sHsp* geni olduğu belirlenmiştir (Şekil 3.6).



Şekil 3.6. *CsHsp40* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

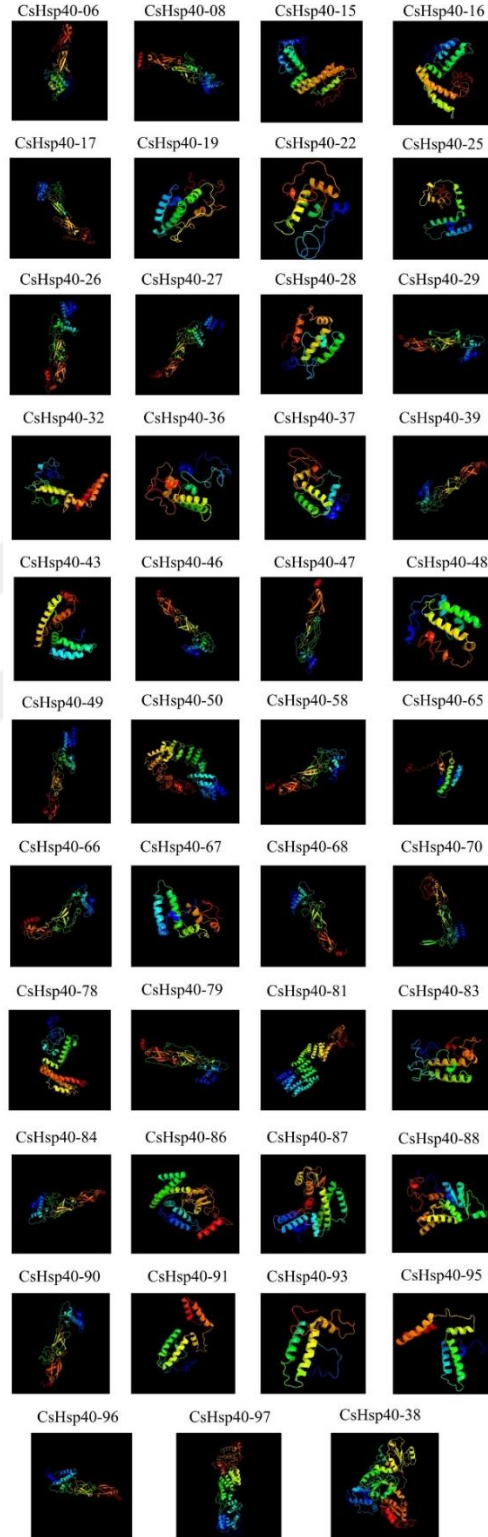
CsHsp40 proteinlerinin fonksiyonel karakterizasyonlarının gerçekleştirilmesi amacıyla gen ontolojisi analizi yapılmıştır. Yapılan analiz sonucunda CsHsp40 proteinlerinin 11 farklı biyolojik süreçte rol aldıkları bulunmuştur. Bu biyolojik süreçler arasından CsHsp40 proteinlerinin en çok rol aldıkları; hücresel süreçler (31 adet), uyarılara tepki (14 adet) ve hücresel bileşenlerin düzenlenmesidir (10 adet). Aynı zamanda 3 farklı moleküler fonksiyon gösterdikleri belirlenmiştir, ancak CsHsp40 proteinlerinin çok büyük bir kısmı bağlanma fonksiyonu göstermektedir. Bu proteinlerin hücresel lokalizasyonlarının belirlenmesine yönelik elde edilen sonuçlar CsHsp40 proteinlerinin hücre kısımlarına dağıldıklarını göstermiştir (Şekil 3.7) (EK 12).



Şekil 3.7. CsHsp40 ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları

CsHsp40 proteinlerinin 3 boyutlu yapılarının tahminlenmesi >%90 güven düzeyi ve >%80 benzerlik parametreleri temel alınarak gerçekleştirilmiştir. 43 adet CsHsp40 proteinin üç boyutlu yapıları bu kıstaslar dâhilinde modellenenmiştir. Analiz sonucunda 19 adet CsHsp40 proteininin üç boyutlu yapılarında β -kırmalı tabaka ve α -sarmal yapısal motiflerinin proteinlerin iki farklı ucunda kutuplaşarak eşit şekilde dağıldıkları gözlenmiştir. 9 adet CsHsp40 proteininin üç boyutlu yapısında birçok α -sarmalın bir araya gelerek karmaşık yapılar oluşturduğu gözlenmiştir. Geriye kalan

CsHsp40 proteinlerinin üç boyutlu yapılarınınsa α -sarmal yapısal motiflerinden oluşan nispeten daha basit bir konformasyona sahip olduğu gözlenmiştir (Şekil 3.8).

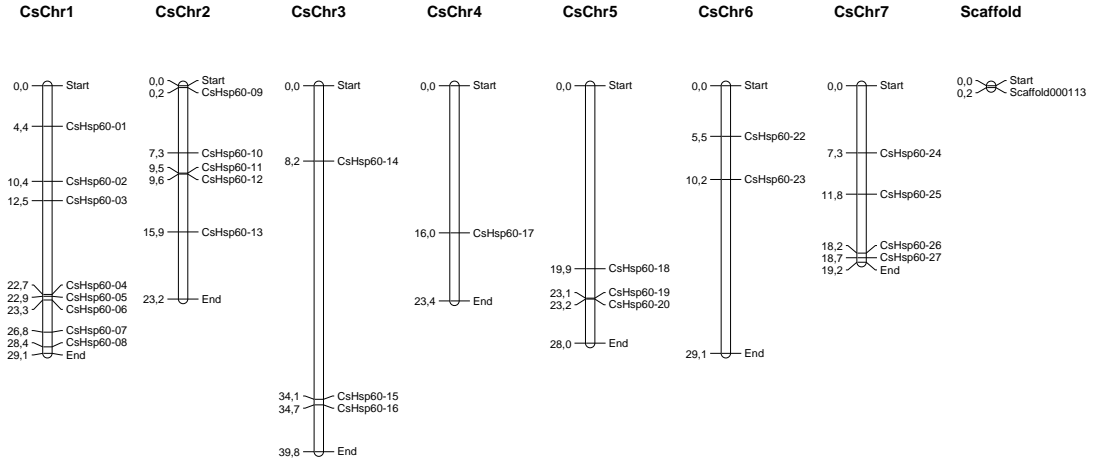


Şekil 3.8. CsHsp40 proteinlerinin tahmini 3 boyutlu yapıları

CsHsp40 genlerinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyonların ortaya çıkartılması için yapılan analizler sonucunda; 7 çift tandem, 30 çift de segmental duplike olmuş gen belirlenmiştir. *CsHsp40-29* ve *CsHsp40-90* genlerinin her ikisinin de 8 adet segmental duplikasyona katıldığı görülmüştür. Tandem duplikasyonlar için evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma süreleri ortalama 164 milyon yıl önce olarak bulunurken, bu değer segmental duplikasyonlar için 123 milyon yıl önceyi işaret etmektedir. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda birbirlerinden ayrılanlar (1,26 MYÖ) *CsHsp40-54* ve *CsHsp40-55* gen çiftidir. Farklı kromozomlar üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda (11,2 MYÖ) birbirlerinden ayrılanlarsa *CsHsp40-28* ve *CsHsp40-48* gen çiftidir (EK 13, EK 14).

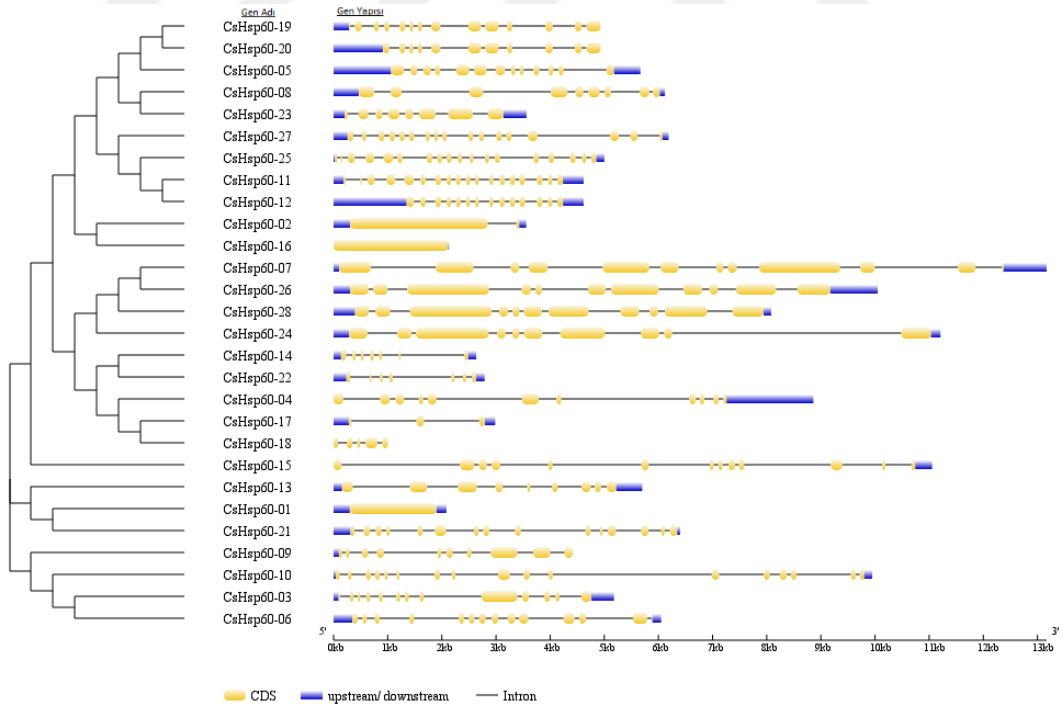
CsHsp40 genlerinin diğer organizmalarda bulunan ortologlarının belirlenmesi sonucunda; çeltik ile 180 çift, mısır ile 281 çift, Arabidopsis ile 234 çift, üzüm ile 141 çift ve kavak ile 537 çift ortolog gen tespit edilmiştir. Bu ortolog genlerin ortalama ayrılma zamanları sırasıyla; 180 MYÖ, 195 MYÖ, 112 MYÖ, 78 MYÖ ve 68 MYÖ olarak bulunmuştur (EK 15-19).

CsHsp60 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 97 amino asit (*CsHsp60-17*) ile 1823 amino asit (*CsHsp60-26*) arasında, moleküler ağırlıklarının 10,6 kDa (*CsHsp60-17*) ile 203,2 kDa (*CsHsp60-26*) arasında değiştiği saptanmıştır. *CsHsp60* proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,99 (*CsHsp60-12*) ile 9,21 (*CsHsp60-20*) arasında değiştiği belirlenmiştir. 28 adet *CsHsp60* proteininden 21 tanesinin kararlı olduğu bulunmuştur. 27 adet *CsHsp60* geninin salatalığın 7 kromozomunda bulunduğu ancak bir adet genin kromozomlara yerleştirilememiş olan 'scaffold'da yer aldığı saptanmıştır. En fazla sayıda *CsHsp60* geni içeren kromozomun 8 adet (%28) ile 1. kromozom olduğu, en az sayıda *CsHsp60* geni içeren kromozomunsa 1 adet ile 4. kromozom olduğu görülmüştür. Diğer kromozomlara dağılımsa 2. kromozomda 5 adet, 3. kromozomda 3 adet, 5. kromozomda 3 adet, 6. kromozomda 2 adet ve 7. Kromozomda 5 adet *CsHsp60* geni olacak şekilde gerçekleşmiştir (Şekil 3.9) (EK 22).



Şekil 3.9. *CsHsp60* genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri

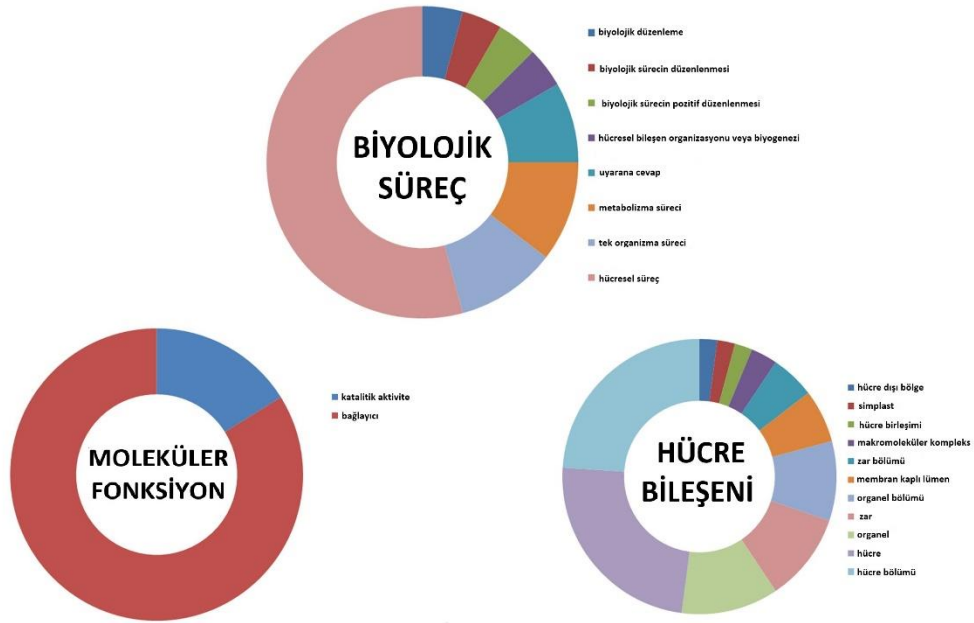
CsHsp60 genlerinin yapıları ekzon-intron organizasyonlarına bakılarak değerlendirildiğindeyse, 3 adet (%10,7) *CsHsp60* geninin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir. Her biri 17 adet intron içeren *CsHsp60-11* ve *CsHsp60-25* genlerinin en çok intron bölgesi içeren *CsHsp60* genleri oldukları belirlenmiştir (Şekil 3.10).



Şekil 3.10. *CsHsp60* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

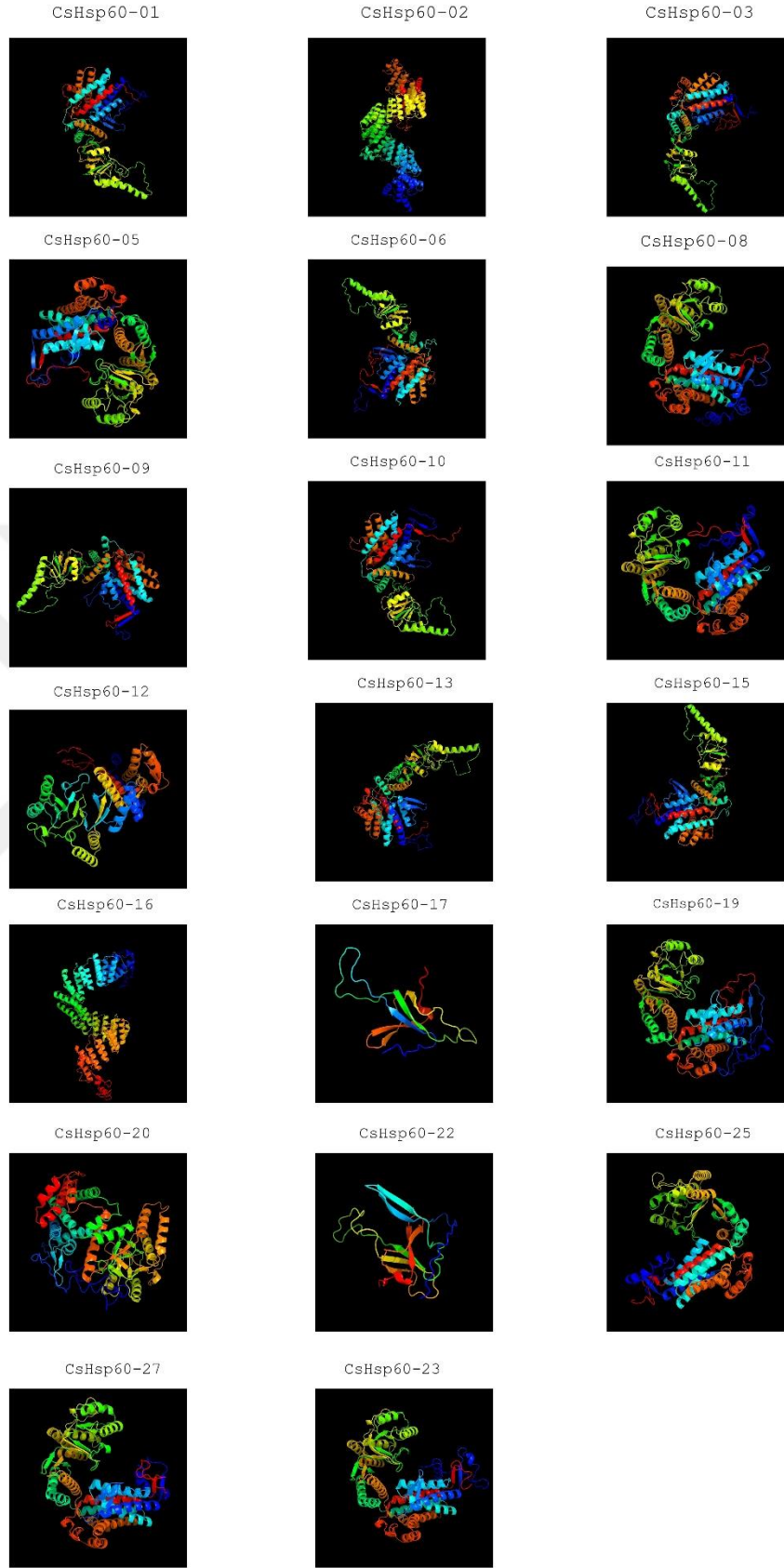
CsHsp60 proteinlerinin fonksiyonel karakterizasyonlarının gerçekleştirilmesi amacıyla gen ontolojisi analizi yapılmıştır. Yapılan analiz sonucunda *CsHsp60*

proteinlerinin 8 farklı biyolojik süreçte rol aldıkları bulunmuştur. Bu biyolojik süreçler incelendiğindeyse, CsHsp60 proteinlerinin yarısından fazlasının hücresel süreçlerde rol aldığı görülmüştür. Aynı zamanda CsHsp60 proteinlerinin tamamına yakınının moleküler fonksiyonunun bağlanma olduğu, geriye kalan diğer proteinlerinse katalitik aktivite fonksiyonu olduğu belirlenmiştir. Bu proteinlerin hücresel lokalizasyonlarının belirlenmesine yönelik elde edilen sonuçlar CsHsp60 proteinlerinin hücre kısımlarına ve organellere dağıldıklarını göstermiştir (Şekil 3.11) (EK 23).



Şekil 3.11. CsHsp60 ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları

CsHsp60 proteinlerinin 3 boyutlu yapılarının tahminlenmesi $>90\%$ güven düzeyi ve $>80\%$ benzerlik parametreleri temel alınarak gerçekleştirilmiştir. Bu kıstasları sağlayan 20 adet CsHsp60 proteininin 3 boyutlu yapıları modellenen 3 boyutlu yapılarda α -sarmal yapısal motiflerinin baskın olduğu görülmüştür. Proteinlerin birçoğu Hsp60 proteinlerinin karakteristik yapısı olan fiçı benzeri bir görüntüye sahiptir (Şekil 3.12).

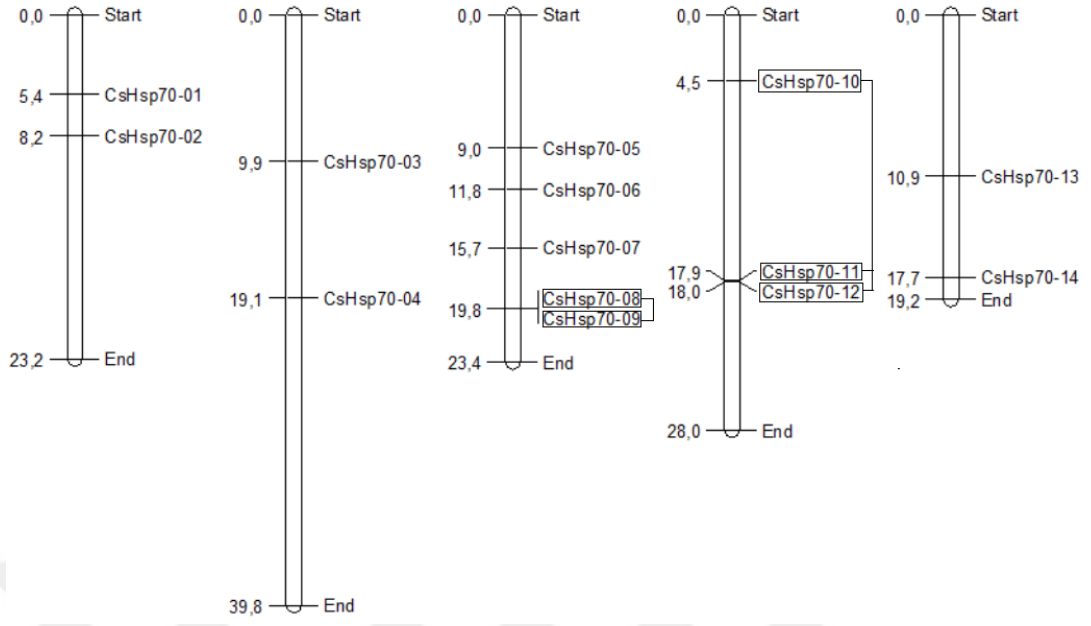


Şekil 3.12. CsHsp60 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları

CsHsp60 genlerinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyonların ortaya çıkartılması için yapılan analizler sonucunda; 4 çift tandem, 18 çift de segmental duplike olmuş gen belirlenmiştir. Tandem duplikasyonlar için evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma süreleri ortalama 259 milyon yıl önce olarak bulunurken, bu değer segmental duplikasyonlar için 160 milyon yıl önceyi işaret etmektedir. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda birbirlerinden ayrılanlar (92 MYÖ) *CsHsp60-25* ve *CsHsp60-27* gen çiftidir. Farklı kromozomlar üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda (0,11 MYÖ) birbirlerinden ayrılanlarsa *CsHsp60-19* ve *CsHsp60-20* gen çiftidir (EK 24, EK 25).

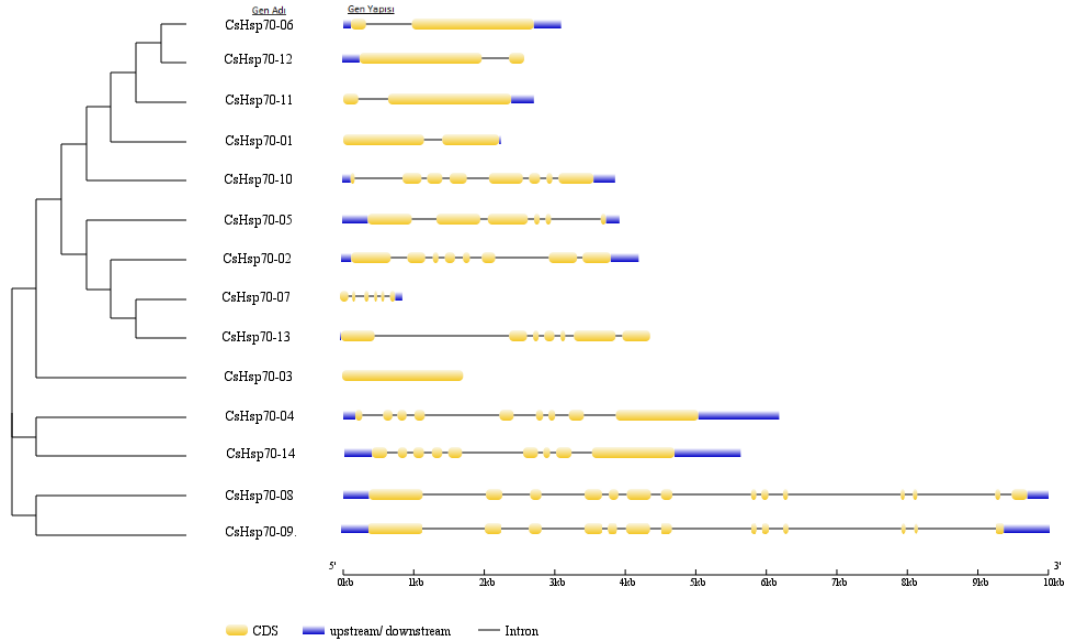
CsHsp60 genlerinin diğer organizmalarda bulunan ortologlarının belirlenmesi sonucunda; çeltik ile 64 çift, mısır ile 94 çift, Arabidopsis ile 59 çift, üzüm ile 52 çift ve kavak ile 155 çift ortolog gen tespit edilmiştir. Bu ortolog genlerin ortalama ayrılma zamanları sırasıyla; 126 MYÖ, 125 MYÖ, 10 MYÖ, 37 MYÖ ve 50 MYÖ olarak bulunmuştur (EK 26-30).

CsHsp70 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 130 amino asit (*CsHsp70-07*) ile 898 amino asit (*CsHsp70-08*) arasında, moleküler ağırlıklarının 14,1 kDa (*CsHsp70-07*) ile 100 kDa (*CsHsp70-08*) arasında değiştiği saptanmıştır. *CsHsp70* proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 5,09 (*CsHsp70-13*) ile 6,72 (*CsHsp70-07*) arasında değiştiği belirlenmiştir. 14 adet *CsHsp70* proteininden 9 tanesinin kararlı olduğu bulunmuştur. 14 adet *CsHsp70* geninin salatalığın 5 kromozomunda yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. En fazla sayıda *CsHsp70* geni içeren kromozomun 5 adet (%35,7) ile 4. kromozom olduğu görülmüştür. Diğer kromozomlara dağılımsa 2. kromozomda 2 adet, 3. kromozomda 2 adet, 5. kromozomda 3 adet ve 7. Kromozomda 2 adet *CsHsp70* geni olacak şekilde gerçekleşmiştir (Şekil 3.13) (EK 33).



Şekil 3.13. *CsHsp70* genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri

CsHsp70 genlerinin yapıları ekzon-intron organizasyonlarına bakılarak değerlendirildiğindeyse, yalnızca *CsHsp70-03* geninin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir. 14 adet intron bölgesi içeren *CsHsp70-09* geninin ise en çok intron bölgesi içeren *CsHsp70* geni olduğu görülmüştür (Şekil 3.14).



Şekil 3.14. *CsHsp70* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

CsHsp70 proteinlerinin fonksiyonel karakterizasyonlarının gerçekleştirilmesi amacıyla gen ontolojisi analizi yapılmıştır. Yapılan analiz sonucunda CsHsp70 proteinlerinin rol aldıkları biyolojik süreçler; tek organizma süreçleri, metabolik ve hücrel süreçler olarak bulunmuştur. Aynı zamanda CsHsp70 proteinlerinin yarısının katalitik aktivite diğer yarısınınsa bağlanma fonksiyonuna sahip olduğu belirlenmiştir. CsHsp70 proteinlerinin hücrede; hücre kısımlarında, organellerde, organel kısımlarında ve membranda bulunabildikleri belirlenmiştir (Şekil 3.15) (EK 34).

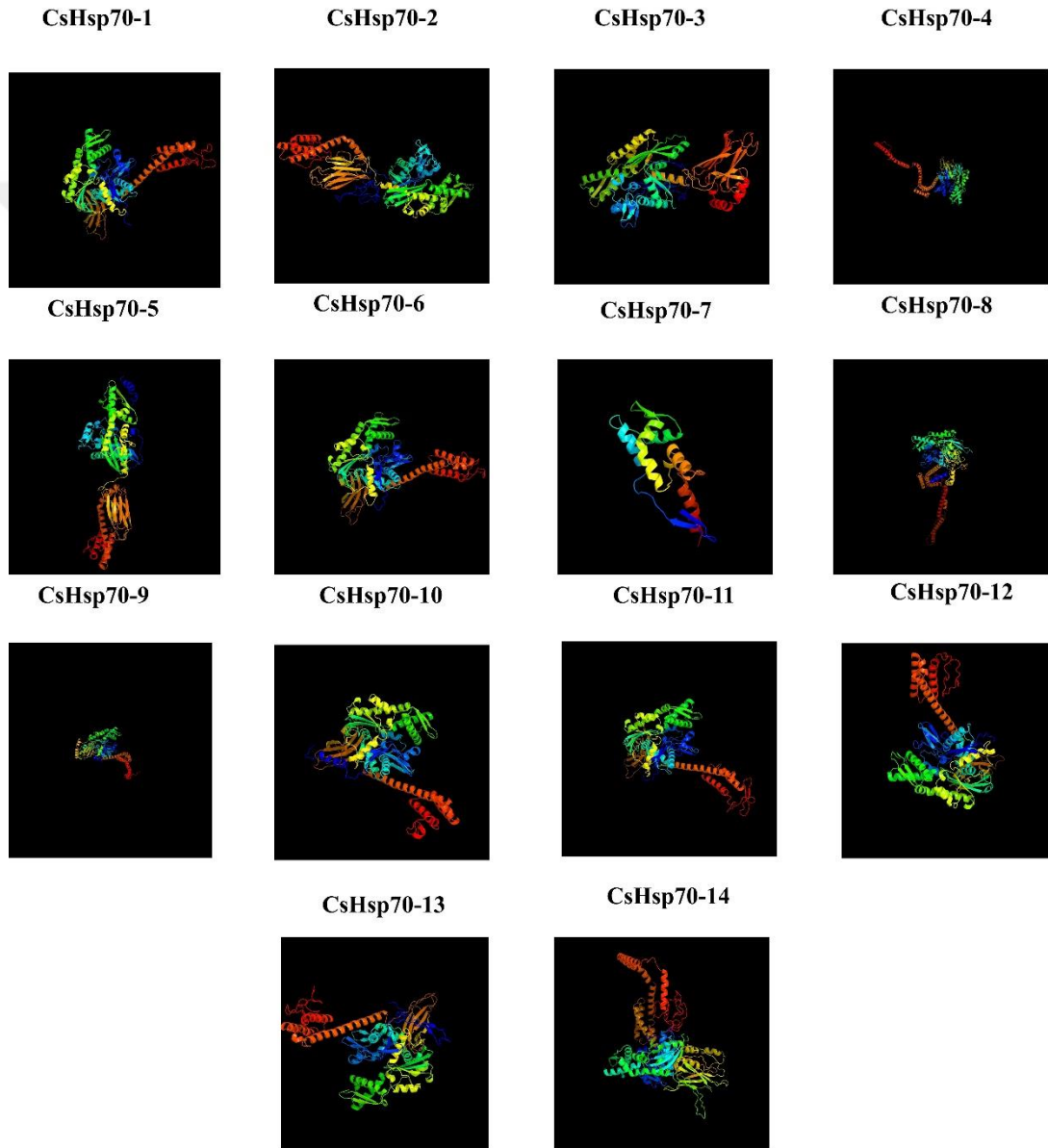


Şekil 3.15. CsHsp70 ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları

CsHsp70 proteinlerinin 3 boyutlu yapılarının tahminlenmesi >%90 güven düzeyi ve >%80 benzerlik parametreleri temel alınarak gerçekleştirilmiştir. CsHsp70 proteinlerinin tamamı bu kıstasları sağlar şekilde modellenen 3 boyutlu yapılarda α -sarmal yapısal motiflerinin baskın olduğu ancak yapılarında β -kırılmalı tabaka motiflerinin de yer aldığı görülmüştür (Şekil 3.16).

CsHsp70 genlerinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyonların ortaya çıkartılması için yapılan analizler sonucunda; 4 çift tandem, 8 çift de segmental duplike olmuş gen belirlenmiştir. *CsHsp70-01* geninin 4 adet segmental duplikasyona katıldığı görülmüştür. Tandem duplikasyonlar için evrimsel süreçte muhtemel

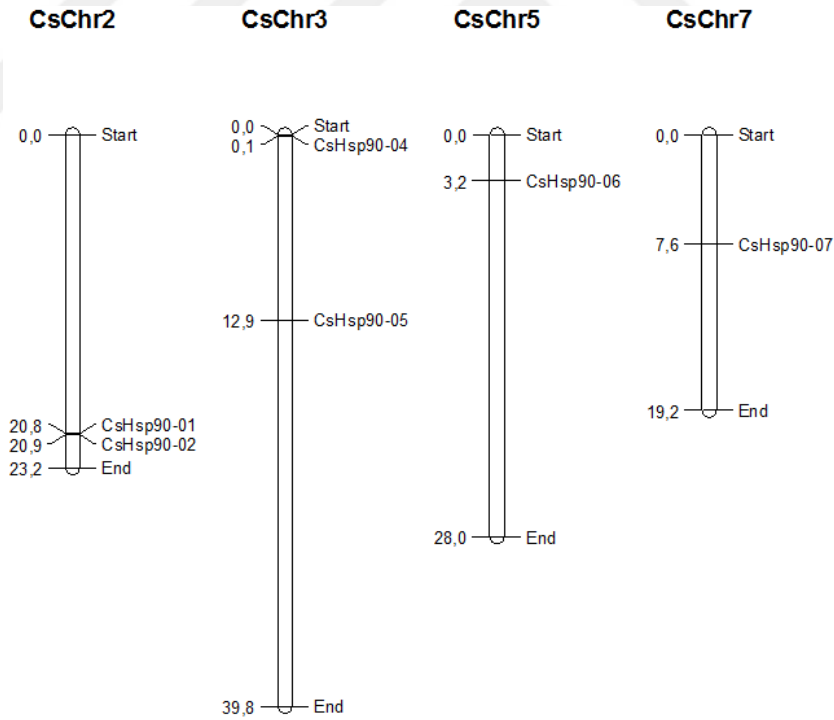
birbirlerinden ayrılma süreleri ortalama 183 milyon yıl önce olarak bulunurken, bu değer segmental duplikasyonlar için 172 milyon yıl önceyi işaret etmektedir. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda birbirlerinden ayrılanlar (0,10 MYÖ) *CsHsp70-08* ve *CsHsp70-09* gen çiftidir. Farklı kromozomlar üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda (21,4 MYÖ) *CsHsp70-06* ve *CsHsp70-12* gen çiftidir (EK 35, EK 36).



Şekil 3.16. CsHsp70 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları

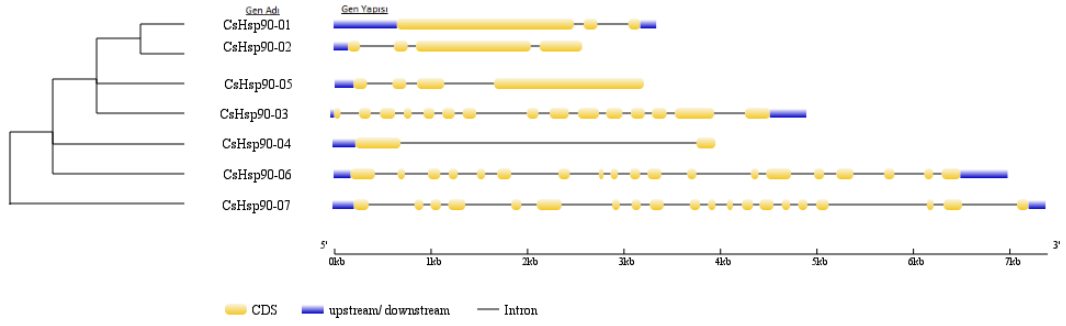
CsHsp70 genlerinin diğer organizmalarda bulunan ortologlarının belirlenmesi sonucunda; çeltik ile 172 çift, mısır ile 140 çift, Arabidopsis ile 154 çift, üzüm ile 140 çift ve kavak ile 157 çift ortolog gen tespit edilmiştir. Bu ortolog genlerin ortalama ayrılma zamanları sırasıyla; 293 MYÖ, 264 MYÖ, 199 MYÖ, 213 MYÖ ve 161 MYÖ olarak bulunmuştur (EK 37-41).

CsHsp90 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 221 amino asit (*CsHsp90-01*) ile 817 amino asit (*CsHsp90-07*) arasında, moleküler ağırlıklarının 25 kDa (*CsHsp90-01*) ile 93 kDa (*CsHsp90-07*) arasında değiştiği saptanmıştır. *CsHsp90* proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,86 (*CsHsp90-01*) ile 9,63 (*CsHsp90-07*) arasında değiştiği belirlenmiştir. 7 adet *CsHsp90* proteininden 4 tanesinin kararlı olduğu bulunmuştur. 7 adet *CsHsp90* geninin salatalığın 5 kromozomunda yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. 1. kromozom 2 adet, 2. kromozom 1 adet, 3. kromozom 2 adet, 5. Ve 6. kromozomlar 1'er adet *CsHsp90* geni içermektedir (Şekil 3.17) (EK 44).



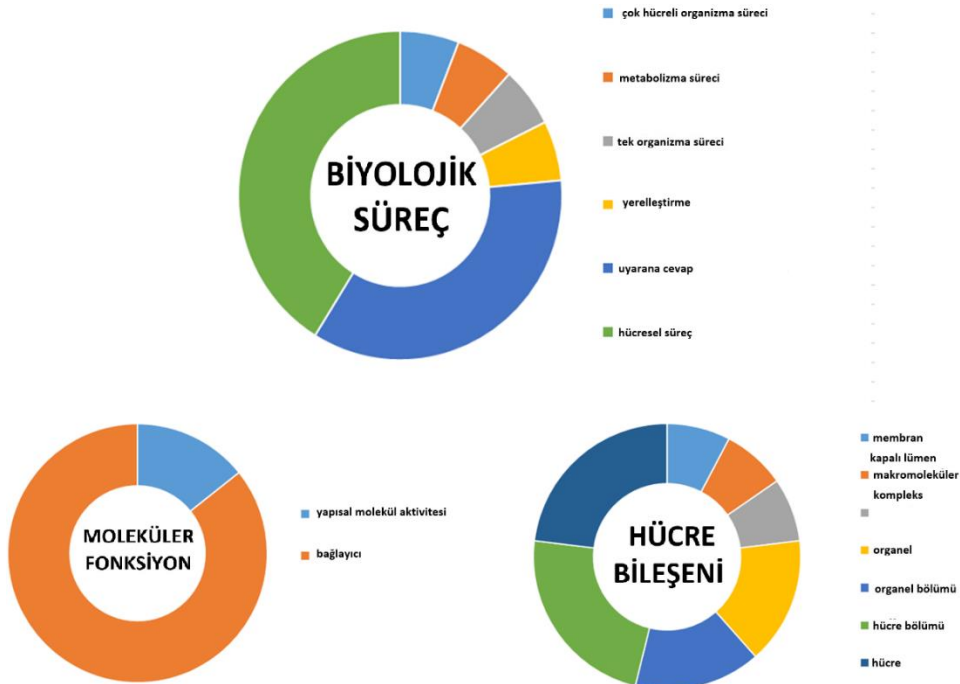
Şekil 3.17. *CsHsp90* genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri

CsHsp90 genlerinin yapıları ekzon-intron organizasyonlarına bakılarak değerlendirildiğindeyse, tüm genlerin intron bölgeleri içerdiği belirlenmiştir. En çok intron bölgesi içeren (19 adet) genin *CsHsp90-07* olduğu görülmüştür (Şekil 3.18).



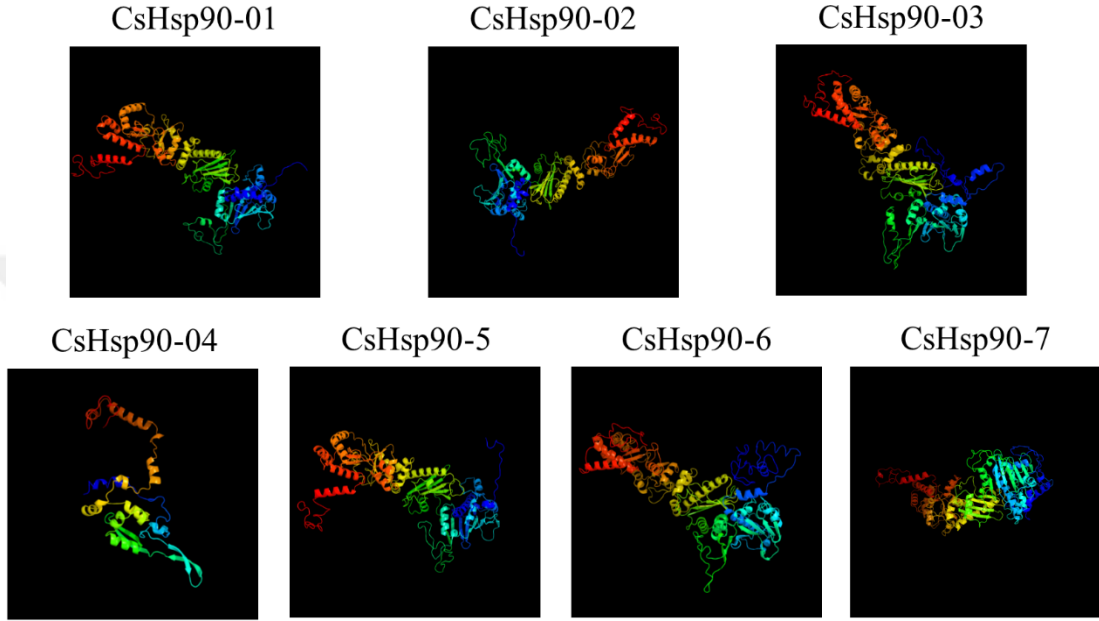
Şekil 3.18. *CsHsp90* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

CsHsp90 proteinlerinin fonksiyonel karakterizasyonlarının gerçekleştirilmesi amacıyla gen ontolojisi analizi yapılmıştır. Yapılan analiz sonucunda CsHsp90 proteinlerinin 6 farklı biyolojik süreçte rol aldıkları belirlenmiştir. Bu biyolojik süreçlerden CsHsp90 proteinleri tarafından en çok dâhil olunanları hücresel süreçler ve uyana tepki süreçleridir. Aynı zamanda CsHsp90 proteinlerinin büyük bölümünün bağlanma fonksiyonuna sahip olduğu belirlenmiştir, geriye kalan bir grup protein ise yapısal moleküller olarak fonksiyon göstermektedir. CsHsp90 proteinlerinin hücrede; hücre kısımlarında, organellerde, organel kısımlarında, membranda ve makromoleküler yapılarda bulunabildikleri belirlenmiştir (Şekil 3.19) (EK 45).



Şekil 3.19. *CsHsp90* ailesinin gen ontoloji sınıflandırmaları

CsHsp90 proteinlerinin 3 boyutlu yapılarının tahminlenmesi >%90 güven düzeyi ve >%80 benzerlik parametreleri temel alınarak gerçekleştirilmiştir. Bu kıstaslar ile modellenebilmiş olan 6 adet CsHsp90 proteininin üç boyutlu yapılarında α -sarmal yapısal motiflerinin baskın olduğu ancak β -kırmalı tabaka motiflerinin de yapıda mevcut olduğu görülmüştür (Şekil 3.20).



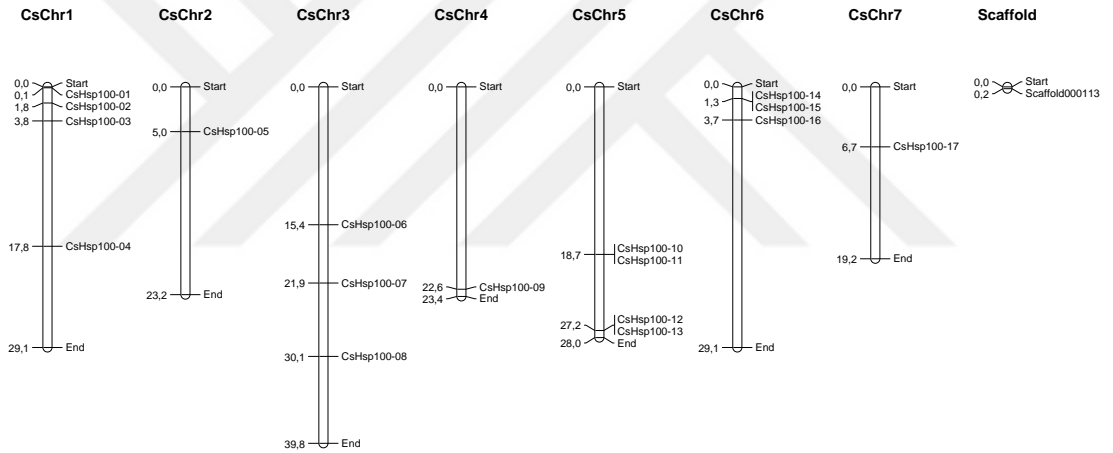
Şekil 3.20. CsHsp90 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları

CsHsp90 genlerinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyonların ortaya çıkartılması için yapılan analizler sonucunda; 1 çift tandem, 3 çift de segmental duplike olmuş gen belirlenmiştir. Tandem duplikasyonlar için evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma süreleri ortalama 0,48 milyon yıl önce olarak bulunurken, bu değer segmental duplikasyonlar için 225 milyon yıl önceyi işaret etmektedir. Farklı kromozomlar üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın zamanda (67,2 MYÖ) birbirlerinden ayrılan gen çifti *CsHsp90-06* ve *CsHsp90-07* gen çiftidir (EK 46, EK 47).

CsHsp90 genlerinin diğer organizmalarda bulunan ortologlarının belirlenmesi sonucunda; çeltik ile 58 çift, mısır ile 31 çift, Arabidopsis ile 41 çift, üzüm ile 62 çift ve kavak ile 56 çift ortolog gen tespit edilmiştir. Bu ortolog genlerin ortalama ayrılma

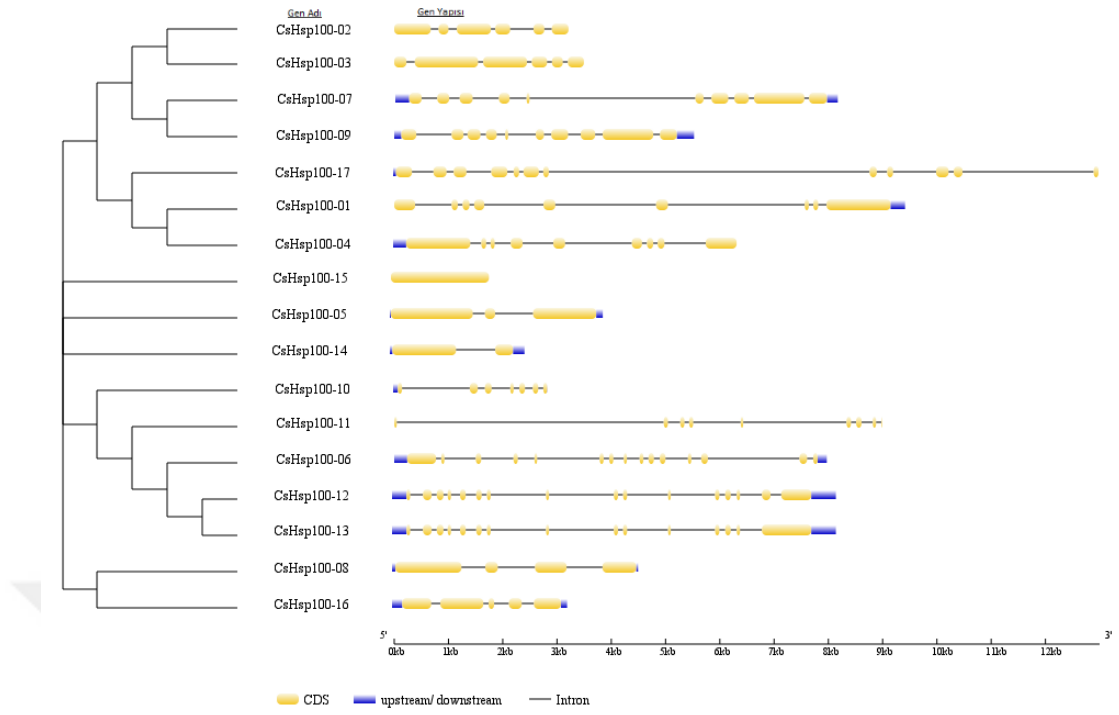
zamanları sırasıyla; 239 MYÖ, 248 MYÖ, 216 MYÖ, 124 MYÖ ve 256 MYÖ olarak bulunmuştur (EK 48-52).

CsHsp100 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 195 amino asit (CsHsp100-11) ile 988 amino asit (CsHsp100-03) arasında, moleküler ağırlıklarının 21 kDa (CsHsp100-11) ile 110 kDa (CsHsp100-03) arasında değiştiği saptanmıştır. CsHsp100 proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 5,12 (CsHsp100-11) ile 8,93 (CsHsp100-12) arasında değiştiği belirlenmiştir. 17 adet CsHsp100 proteininden 7 tanesinin kararlı olduğu bulunmuştur. 17 adet *CsHsp100* geninin salatalığın 7 kromozomunda da yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. 1. kromozom 1 adet, 2. kromozom 1 adet, 3. kromozom 3 adet, 4. kromozom 1 adet, 5. kromozom 4 adet, 6. 3 adet ve 7. kromozom 1 adet *CsHsp100* geni içermektedir (Şekil 3.21) (EK 55).



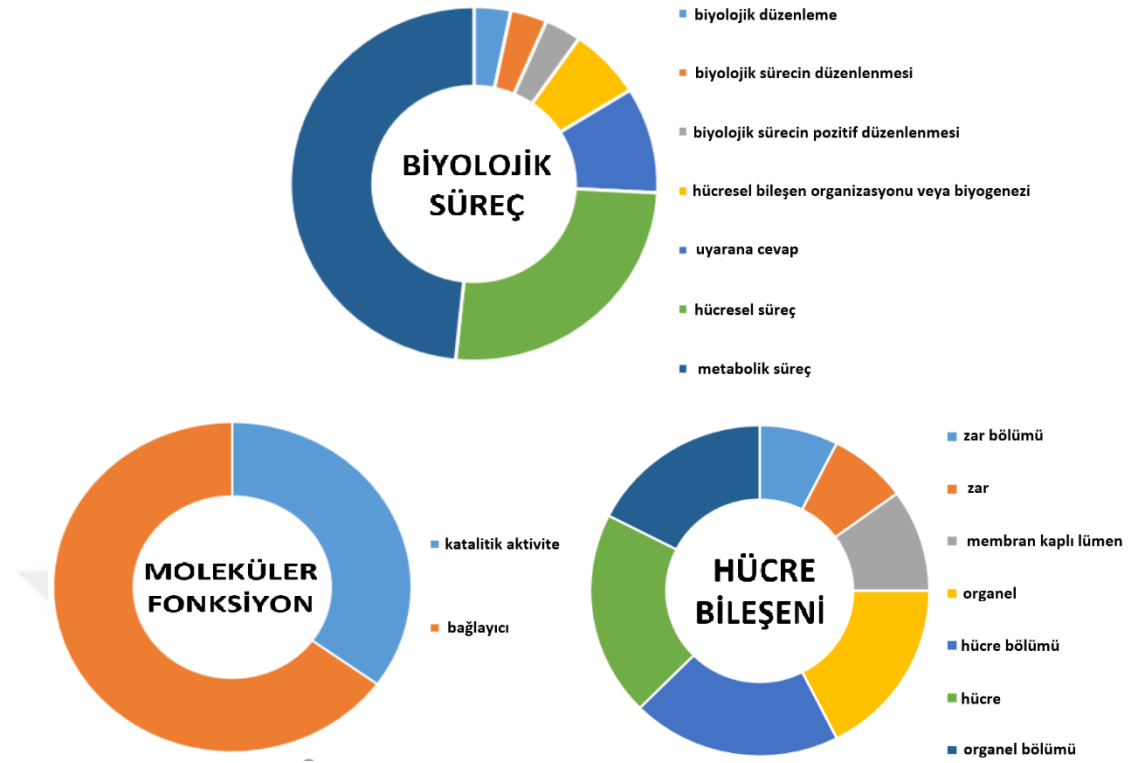
Şekil 3.21. *CsHsp100* genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimleri

CsHsp100 genlerinin yapıları ekzon-intron organizasyonlarına bakılarak değerlendirildiğindeyse, bir tane gen dışın (*CsHsp100-15*) tüm genlerin intron bölgeleri içerdiği belirlenmiştir. En çok intron bölgesi içeren (15 adet) genin *CsHsp100-15* olduğu görülmüştür (Şekil 3.22).



Şekil 3.22. *CsHsp100* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

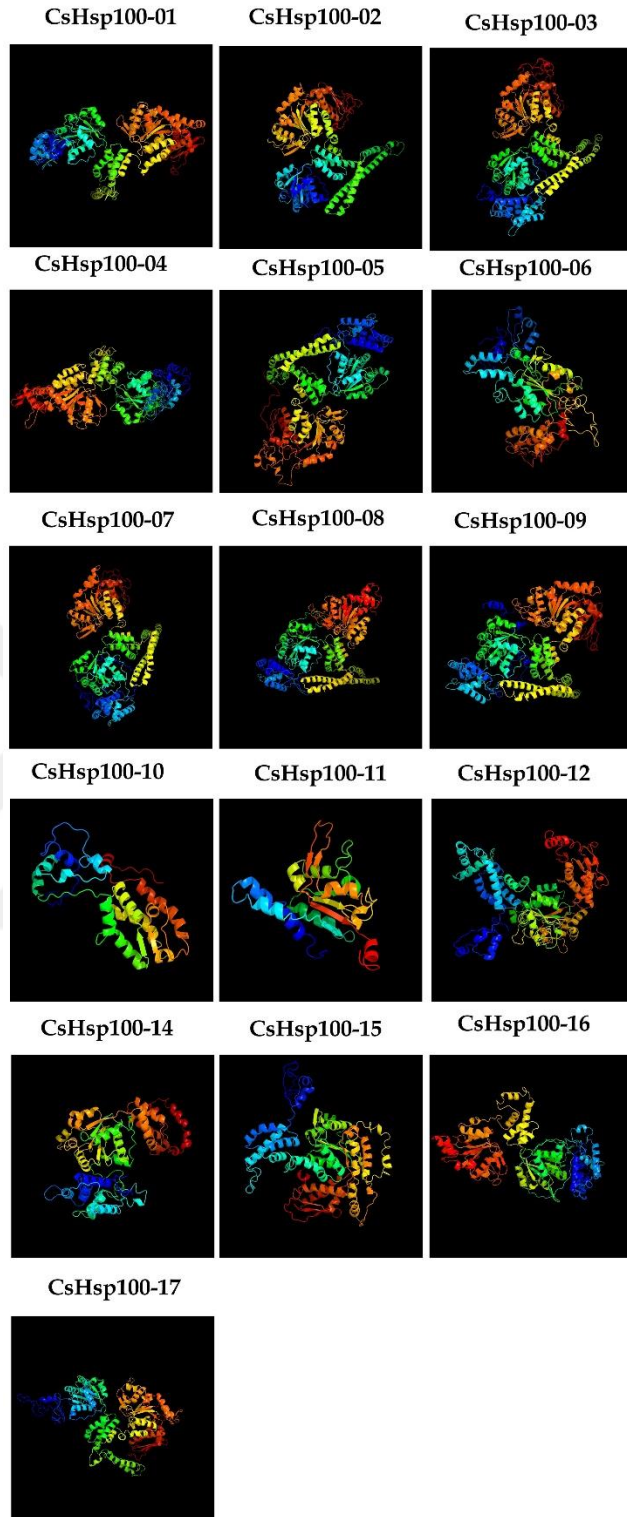
CsHsp100 proteinlerinin fonksiyonel karakterizasyonlarının gerçekleştirilmesi amacıyla gen ontolojisi analizi yapılmıştır. Yapılan analiz sonucunda *CsHsp100* proteinlerinin 7 farklı biyolojik süreçte rol aldıkları belirlenmiştir. *CsHsp100* proteinlerinin çok büyük bir bölümü bu hücrel süreçler arasında metabolik ve hücrel süreçlerde rol almaktadırlar Aynı zamanda *CsHsp100* proteinlerinin büyük bölümünün bağlanma fonksiyonuna sahip olduğu belirlenmiştir, geriye kalan bir grup protein ise katalitik aktiviteye sahiptir. *CsHsp100* proteinlerinin hücrede; hücre kısımlarında, organellerde, organel kısımlarında, membranda ve membranlar arası boşluklarda bulunabildikleri belirlenmiştir (Şekil 3.23) (EK 56).



Şekil 3.23. CsHsp100 ailesinin gen ontoloji sınıflandırması

CsHsp100 proteinlerinin 3 boyutlu yapılarının tahminlenmesi >%90 güven düzeyi ve >%80 benzerlik parametreleri temel alınarak gerçekleştirilmiştir. Bu kıstaslar ile 16 adet CsHsp100 proteininin üç boyutlu yapısı modellenenmiştir ve yapılarında α -sarmal yapısal motiflerinin baskın olduğu ancak β -kırmalı tabaka motiflerinin de yapıda mevcut olduğu görülmüştür (Şekil 3.24).

CsHsp100 genlerinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyonların ortaya çıkartılması için yapılan analizler sonucunda; 5 çift tandem, 5 çift de segmental duplike olmuş gen belirlenmiştir. Tandem duplikasyonlar için evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma süreleri ortalama 143 milyon yıl önce olarak bulunurken, bu değer segmental duplikasyonlar için 411 milyon yıl önceyi işaret etmektedir. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın birbirlerinden ayrılma zamanına (4,1 MYÖ) *CsHsp100-01* ve *CsHsp100-04* gen çifti sahiptir. Farklı kromozomlar üzerinde duplike olmuş genler arasında birbirlerinden en yakın zamanda (289 MYÖ) ayrılansa *CsHsp100-06* ve *CsHsp100-10* gen çiftidir (Şekil 3.24) (EK 57, EK 58).

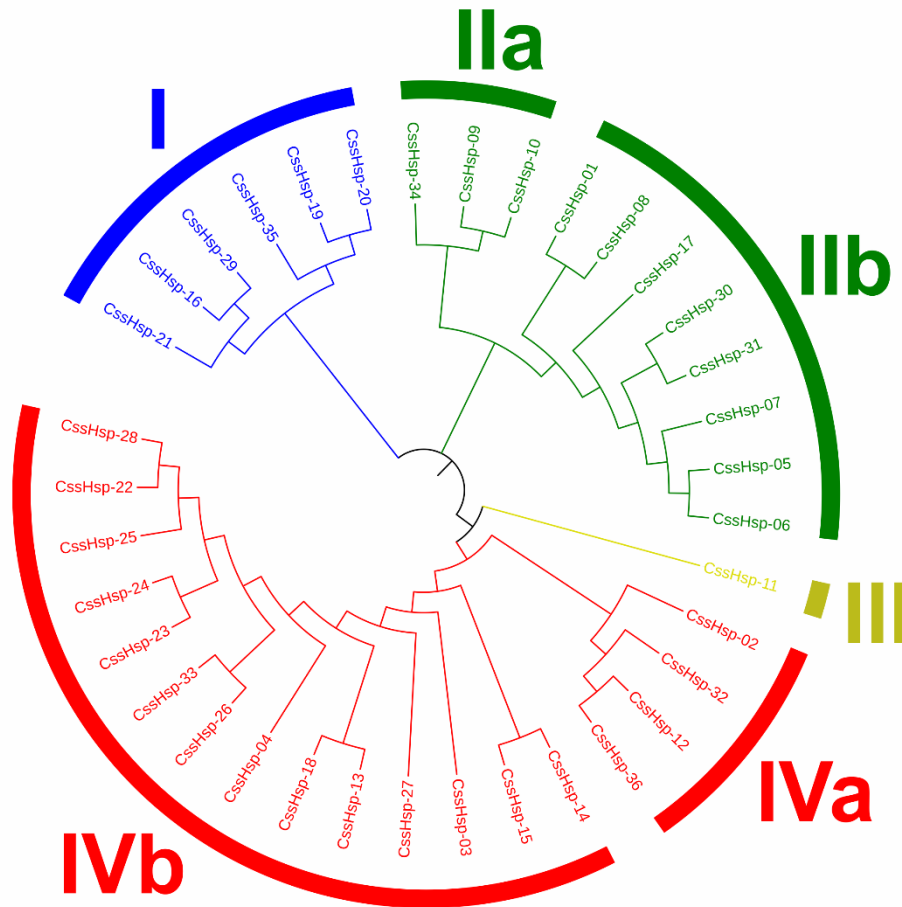


Şekil 3.24. CsHsp100 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları

CsHsp100 genlerinin diğer organizmalarda bulunan ortologlarının belirlenmesi sonucunda; çeltik ile 77 çift, mısır ile 122 çift, Arabidopsis ile 50 çift, üzüm ile 62 çift ve kavak ile 78 çift ortolog gen tespit edilmiştir. Bu ortolog genlerin ortalama birbirinden ayrılma zamanları sırasıyla; 210 MYÖ, 217 MYÖ, 155 MYÖ, 135 MYÖ ve 148 MYÖ olarak bulunmuştur (EK 59-63).

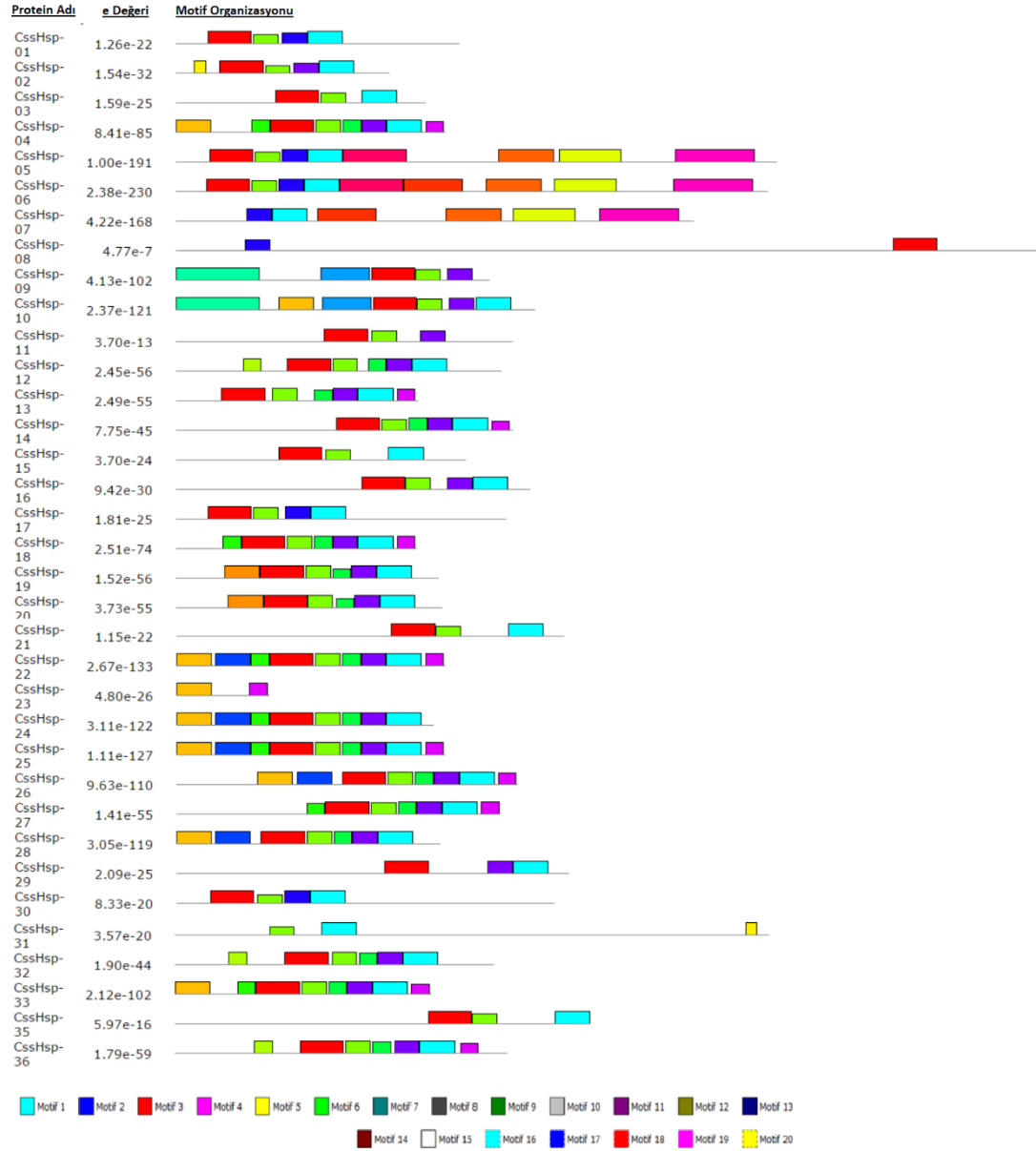
3.2.2. Filogenetik Analizler

CssHsp genlerinin korunmuş bölge yapılarının evrimsel süreçteki akıbetlerini aydınlatmak için oluşturulan filogenetik ağaçta, genlerin 4 farklı grupta (Grup I-IIa-IIb-III-IVa-IVb) kümelendiği belirlenmiştir. 37 adet *CssHsp* geninin 18 (%49) tanesinin Grup IV (IVa-IVb) içerisinde yer aldığı görülmüştür. Yalnızca *CssHsp-11* geninin Grup III' e dâhil olduğu görülmüştür (Şekil 3.25).



Şekil 3.25. *CssHsp* genlerinin filogenetik sınıflandırması

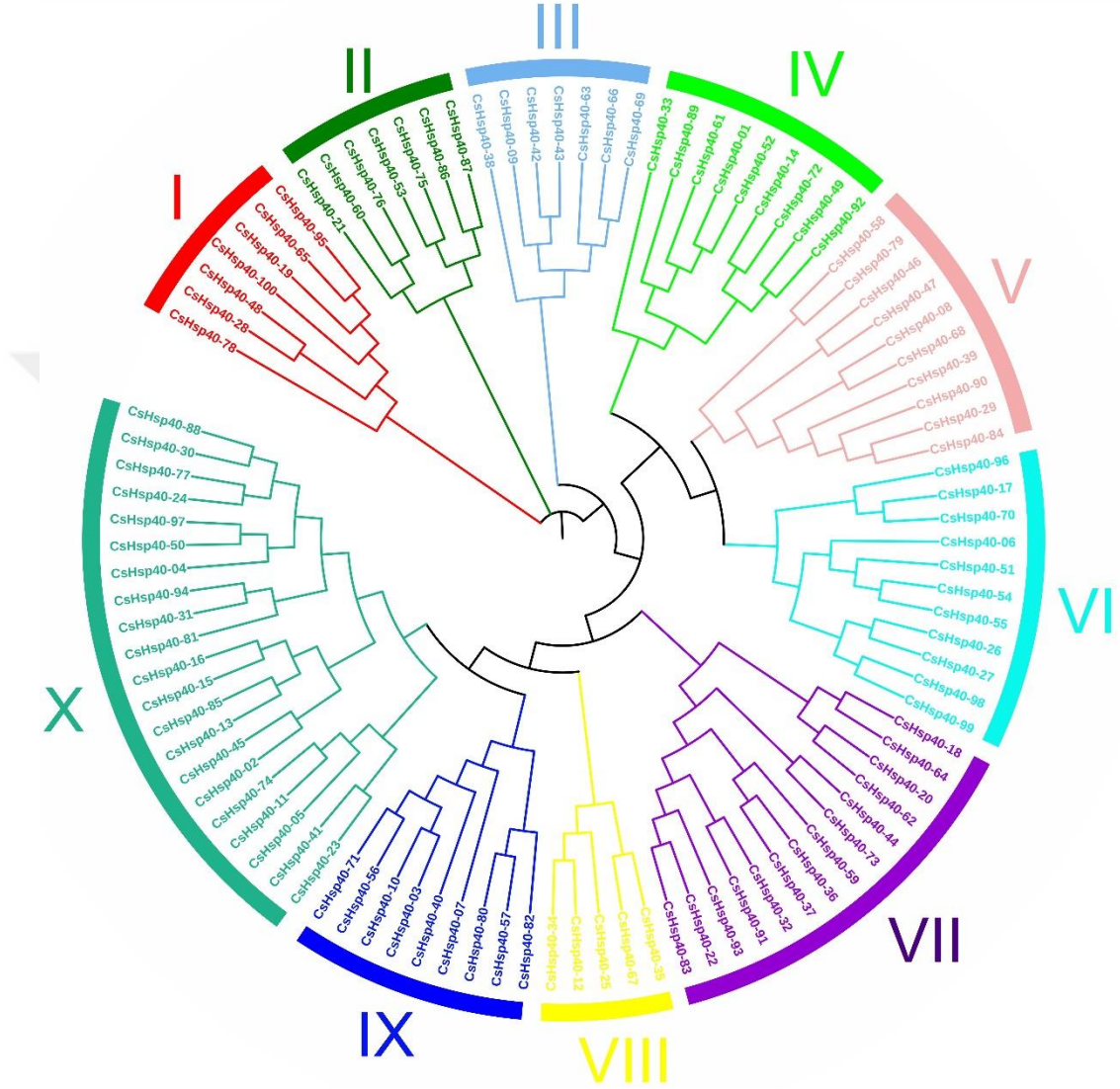
CssHsp proteinlerinde yer alan korunmuş motifler belirlenmiştir ve Şekil 3.26’ da gösterilmiştir.



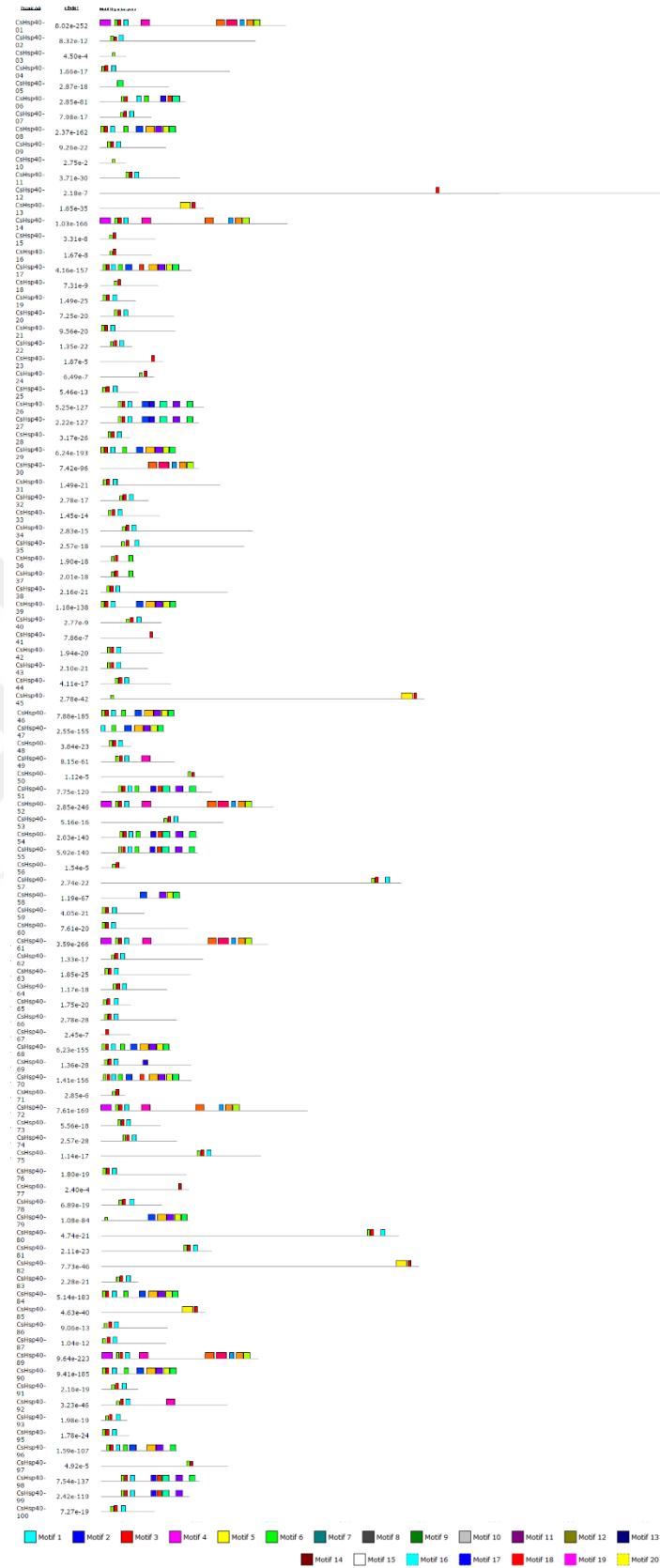
Şekil 3.26. CssHsp ailesinin korunmuş dizi motifleri

CsHsp40 genlerinin korunmuş bölge yapılarının evrimsel ilişkilerini aydınlatmak için oluşturulan filogenetik ağaçta, genlerin 10 farklı grupta (Grup I-II-III-IV-V-VI-VII-VII-IX-X) kümelendiği belirlenmiştir. 11 adet *CsHsp40* genini (%21) içeren Grup V’ in en kalabalık grup olduğu görülmüştür (Şekil 3.27).

CsHsp40 ailesinde bulunan dizi motifleri incelendiğinde (Şekil 3.28); belirlenmiş olan 100 adet CsHsp40 proteini arasında 10 farklı motif organizasyonu olduğu görülmektedir.

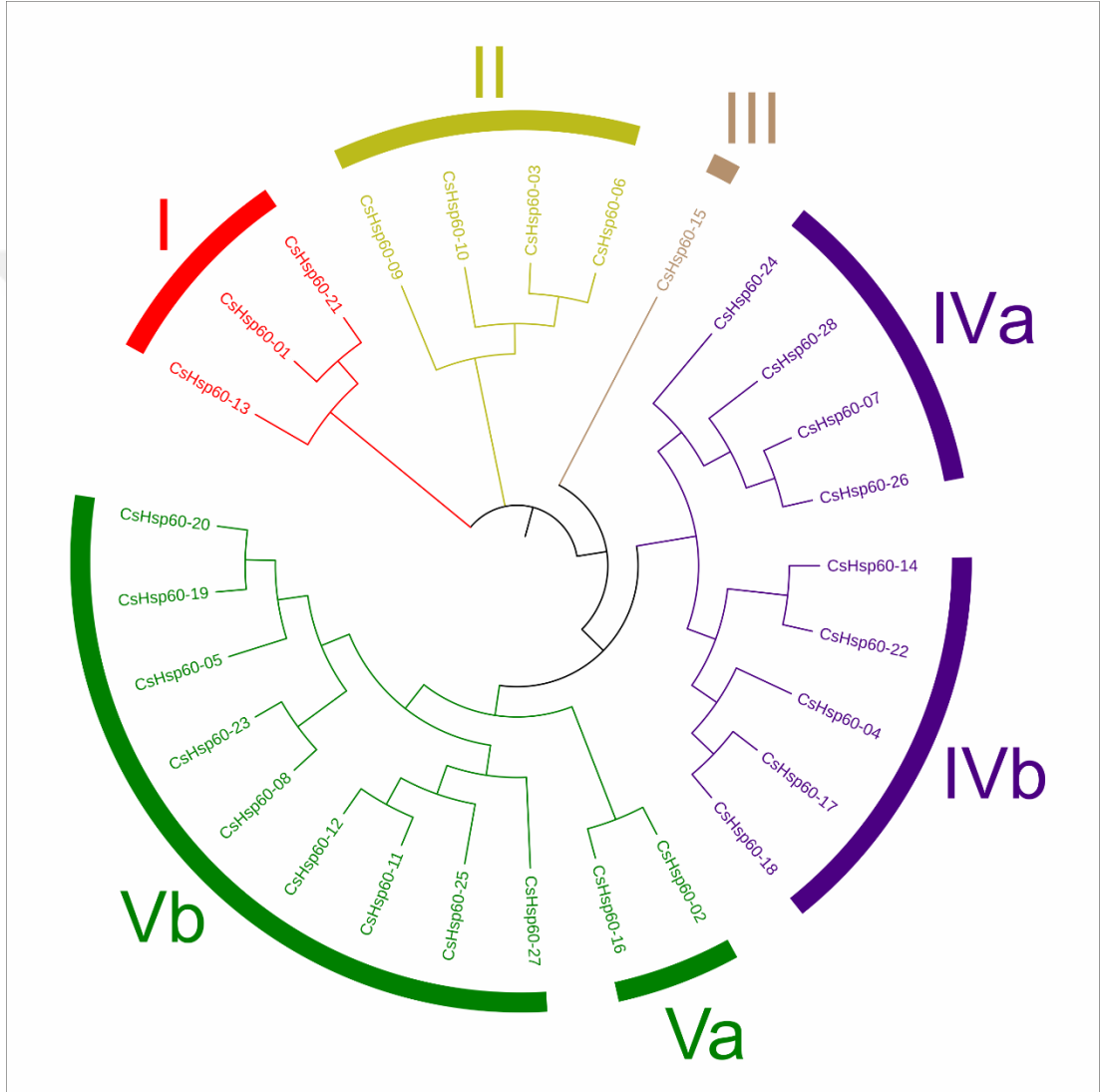


Şekil 3.27. CsHsp40 ailesinin filogenetik sınıflandırması



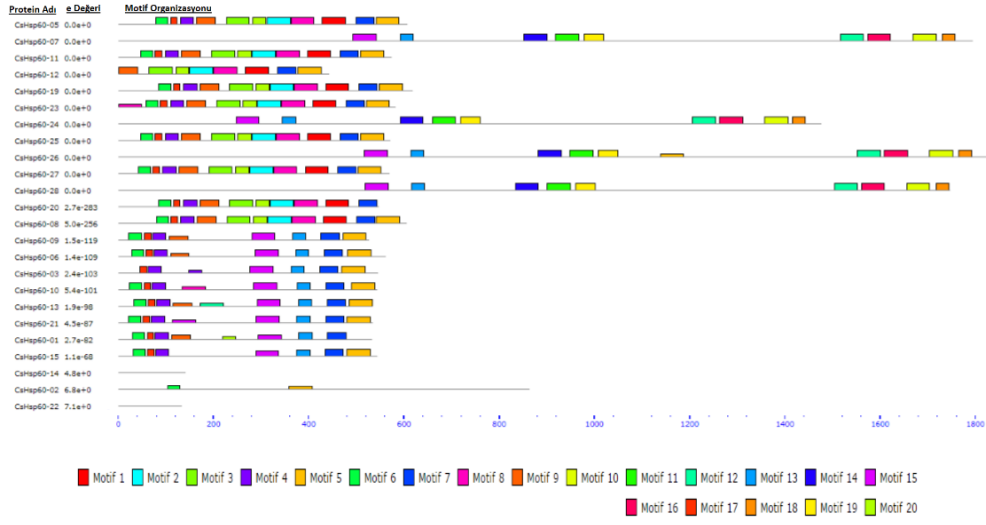
Şekil 3.28. CsHsp40 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri

CsHsp60 genlerinin korunmuş bölge yapılarının evrimsel yakınlıklarını aydınlatmak için oluşturulan filogenetik ağaçta, genlerin 5 farklı grupta (Grup I-II-III-IVa-IVb-Va-Vb) kümelendiği belirlenmiştir. 21 adet *CsHsp60* genini (%39) içeren Grup X' in en kalabalık grup olduğu görülmüştür. Yalnızca *CsHsp60-15* geninin Grup III' e dâhil olduğu görülmüştür (Şekil 3.29).



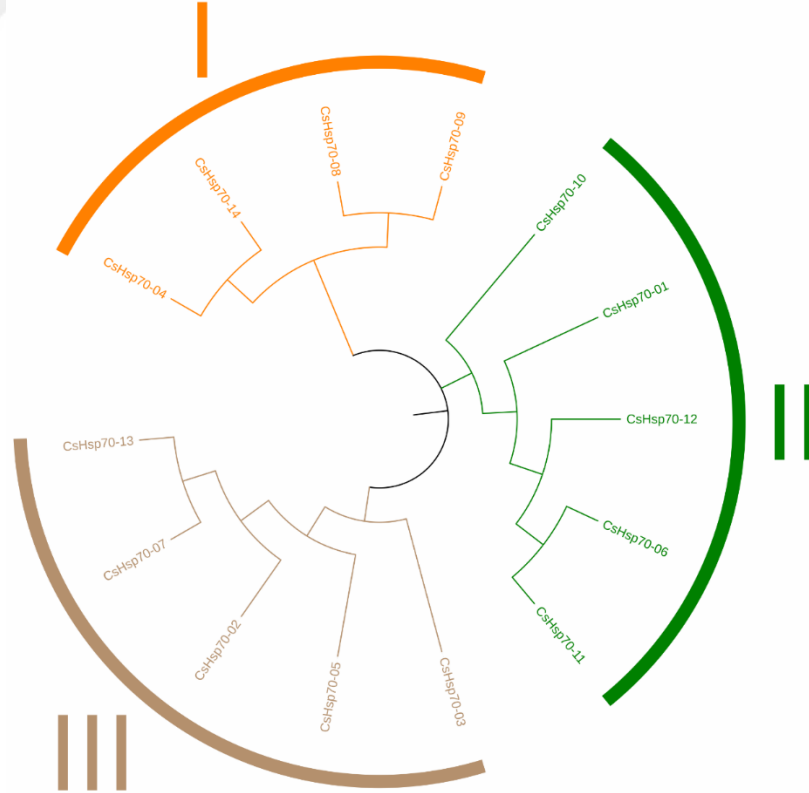
Şekil 3.29. *CsHsp60* ailesinin filogenetik sınıflandırması

CsHsp60 proteinlerinde bulunan dizi motifleri de belirlenmiştir ve Şekil 3.30 olarak gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde *CsHsp60* proteinleri arasında 6 farklı motif organizasyonu olduğu göze çarpmaktadır.



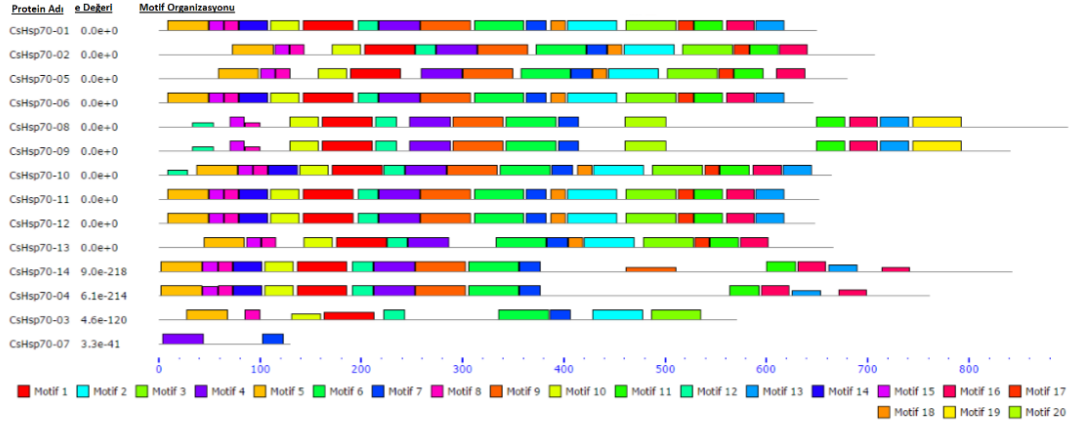
Şekil 3.30. CsHsp60 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri

CsHsp70 genlerinin korunmuş bölge yapılarının evrimsel süreçteki ilişkilerini aydınlatmak için oluşturulan filogenetik ağaçta, genlerin 3 farklı grupta (Grup I-II-III) kümelendiği belirlenmiştir (Şekil 3.31).



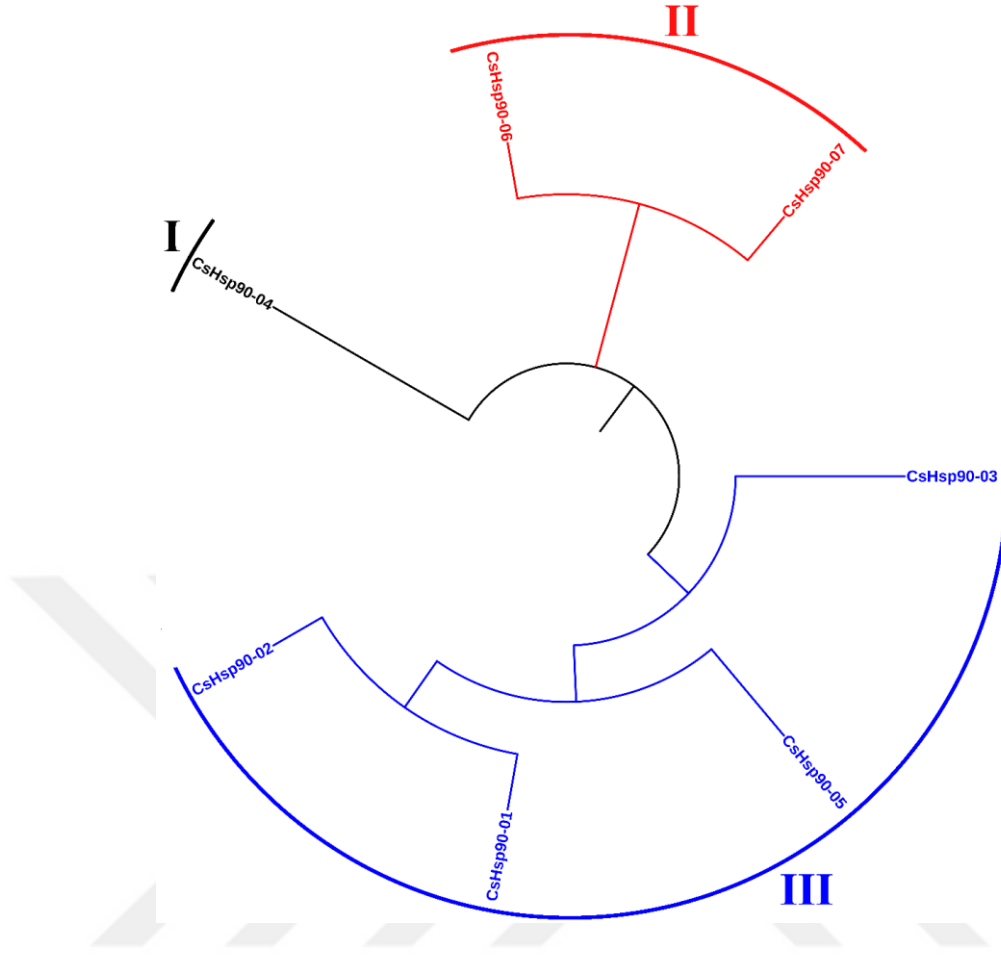
Şekil 3.31. CsHsp70 ailesinin filogenetik sınıflandırması

CsHsp70 proteinleri arasında ortak olarak bulunan dizi motifleri incelendiğinde (Şekil 3.32), bu proteinleri arasında 4 farklı motif organizasyonu olduğu göze çarpmaktadır.



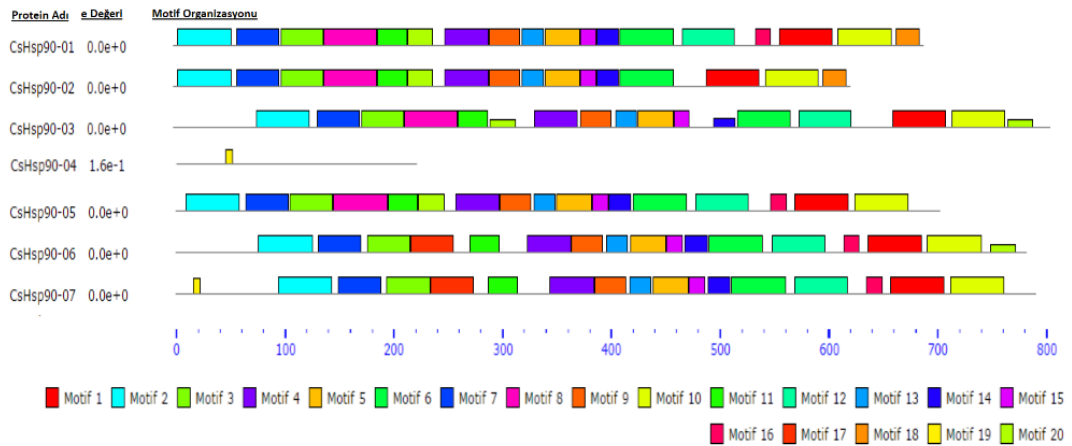
Şekil 3.32. CsHsp70 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri

CsHsp90 genlerinin korunmuş bölgelerinin evrimsel ilişkilerini aydınlatmak için oluşturulan filogenetik ağaçta, genlerin 3 farklı grupta (Grup I-II-III) kümelendiği belirlenmiştir. 4 adet *CsHsp90* genini (%57) içeren Grup III' in en kalabalık grup olduğu görülmüştür (Şekil 3.33).



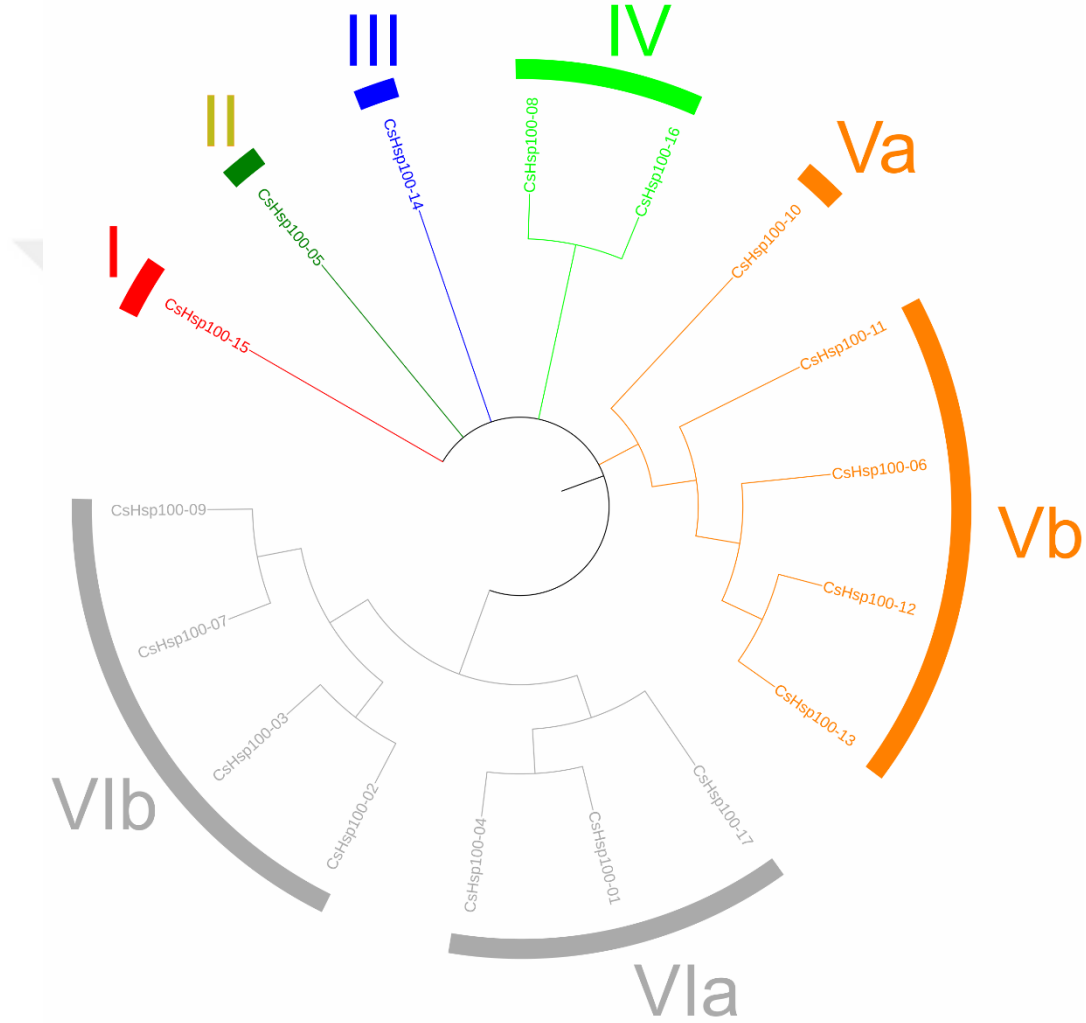
Şekil 3.33. CsHsp90 ailesinin filogenetik sınıflandırması

CsHsp90 proteinleri için yapılmış olan motif analizi sonucunda (Şekil 3.34) proteinlerin iki farklı motif organizasyonuna sahip oldukları gözle çarpmaktadır.



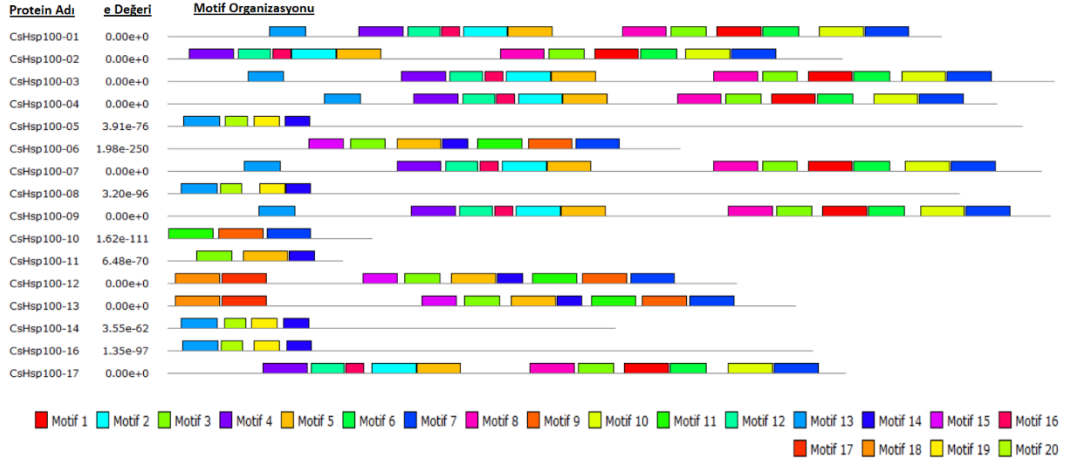
Şekil 3.34. CsHsp90 ailesinde bulunan korunmuş dizi motifleri

CsHsp100 genlerinin korunmuş bölgelerinin evrimsel süreçteki akıbetlerini aydınlatmak için oluşturulan filogenetik ağaçta, genlerin 6 farklı grupta (Grup I-II-III-IV-Va-Vb-VIa-VIb) kümelendiği belirlenmiştir. Bu gruplardan Grup I, Grup II ve Grup III'ün yalnız birer adet (*CsHsp100-15*, *CsHsp100-05*, *CsHsp100-14*) *CsHsp100* geni içerdiği görülmüştür (Şekil 3.35).



Şekil 3.35. *CsHsp100* ailesinin filogenetik sınıflandırması

CsHsp100 proteinlerinde bulunan korunmuş dizi motiflerinin belirlenmesi için yapılmış olan motif analizi sonucunda (Şekil 3.36), 6 farklı motif organizasyonu görülmektedir.



Şekil 3.36. CsHsp100 ailende bulunan korunmuş dizi motifleri

3.2.3. Salatalık Isı Şoku Genlerini Hedefleyen miRNA' ların Analizleri

CsHsp transkriptlerini hedefleyen miRNA' ların belirlenmesi amacıyla yapılan analiz sonucunda 10 farklı CsHsp transkriptinin 11 farklı bitki miRNA' sı tarafından hedeflendiği belirlenmiştir. Farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin 5 farklı miRNA (mtr-miR2673a, mtr-miR2673b, osa-miR529a, ppt-miR414, sbi-miR529) tarafından hedeflenen CsHsp-05 olduğu görülmüştür (EK 10).

CsHsp40 transkriptlerini hedefleyen miRNA' ların belirlenmesi amacıyla yapılan analiz sonucunda, 75 farklı bitki miRNA' sının 38 farklı CsHsp40 transkriptini hedeflediği belirlenmiştir. Farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin 7 farklı miRNA (ata-miR166a-5p, aly-miR159b-5p, ath-miR159b-5p, bdi-miR166c-5p, osa-miR166a-5p, osa-miR166e-5p, zma-miR166b-5p, zma-miR166d-5p) tarafından hedeflenen CsHsp40-72 transkripti olduğu görülmüştür (EK 20-21).

CsHsp60 transkriptlerini hedefleyen miRNA' ların belirlenmesi amacıyla yapılan analiz sonucunda, 39 farklı bitki miRNA' sının 16 farklı CsHsp60 transkriptini hedeflediği belirlenmiştir. Farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin 11 farklı miRNA (bdi-miR5185a-5p, bdi-miR5185b-5p, bdi-miR5185c-5p, bdi-miR5185d-5p, bdi-miR5185e-5p, bdi-miR5185f-5p, bdi-miR5185g-5p, bdi-miR5185h-5p, bdi-miR5185i-5p, bdi-miR5185j-5p, bdi-miR5185k-5p) tarafından hedeflenen CsHsp60-27 transkripti olduğu görülmüştür (EK 31-32).

CsHsp70 transkriptlerini hedefleyen miRNA' ların belirlenmesi amacıyla yapılan analiz sonucunda, 27 farklı bitki miRNA' sının 10 farklı CsHsp70 transkriptini hedeflediği belirlenmiştir. Farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin 8 farklı miRNA (aly-miR166g-5p, gma-miR166h-5p, gma-miR166j-5p, stu-miR166c-5p, zma-miR166m-5p, osa-miR166h-5p) tarafından hedeflenen CsHsp70-14 transkripti olduğu görülmüştür (EK 42-43).

CsHsp90 transkriptlerini hedefleyen miRNA' ların belirlenmesi amacıyla yapılan analiz sonucunda, 5 farklı bitki miRNA' sının 4 farklı CsHsp90 transkriptini hedeflediği belirlenmiştir (EK 53-54)

CsHsp100 transkriptlerini hedefleyen miRNA' ların belirlenmesi amacıyla yapılan analiz sonucunda, 22 farklı bitki miRNA' sının 11 farklı CsHsp100 transkriptini hedeflediği belirlenmiştir. Farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin 7 farklı miRNA (mdm-miR408b, mdm-miR408c, mdm-miR408d, mtr-miR5558-3p, mtr-miR7696a-3, mtr-miR7696b-3p) tarafından hedeflenen CsHsp100-05 transkripti olduğu görülmüştür (EK 64-65).

3.3. Tartışma ve Sonuç

Çalışma dâhilinde salatalık genomunda kodlanan 36 adet *sHsp*, 100 adet *Hsp40*, 28 adet *Hsp60*, 14 adet *Hsp70*, 7 adet *Hsp90* ve 17 adet *Hsp100* geni tanımlanmıştır. Bu çalışmada ve başka araştırmacılar tarafından farklı çalışmalarda farklı bitkilerde belirlenen ısı şoku proteinleri Tablo 3.1' de özetlenmiştir.

Tablo 3.1. Farklı bitkilerin genomlarında kodlanan Hsp genleri

Aile	Salatalık							
	Salatalık	Arabidopsis	HSPiR	Çeltik	Mısır	Üzüm	Kavak	Soya
sHsp	36	53	-	51	69	90	60	45
Hsp40	100	189	3	111	91	64	145	43
Hsp60	28	50	-	37	41	29	49	16
Hsp70	14	39	5	35	37	14	34	10
Hsp90	7	23	-	8	14	16	12	4
Hsp100	17	15	-	15	12	9	90	-

Toplam	202	369	8	257	264	222	390	118
---------------	-----	-----	---	-----	-----	-----	-----	-----

Araştırmacılar sHsp ailesi üyelerini kodlayan; *Arabidopsis thaliana* genomunda 53 adet, çeltik genomunda 51 adet, mısır genomunda 69 adet, üzüm genomunda 90 adet, kavak genomunda 60 adet ve soya genomunda 45 adet gen tespit etmişlerdir. Bu çalışma dâhilindeyse salatalık genomunda sHsp ailesinin üyelerini kodlayan 36 adet gen tespit edilmiştir.

Yapılan diğer çalışmalarda, Hsp40 ailesi üyelerini kodlayan; *Arabidopsis thaliana* genomunda 189 adet, çeltik genomunda 111 adet, mısır genomunda 91 adet, üzüm genomunda 64 adet, kavak genomunda 145 adet ve soya genomunda 43 adet gen tespit etmişlerdir. Bu çalışma dâhilindeyse salatalık genomunda Hsp40 ailesinin üyelerini kodlayan 100 adet gen tespit edilmiştir. Açıkçası, hücredeki Hsp40'ların sayısı Hsp70' lerinkinden çok daha fazladır. Örneğin, bir memeli hücresinde sadece 11 Hsp70 bulunmasına karşın 41 Hsp40 bulunur. Ek olarak, Hsp40 hücrede Hsp70' ten çok daha yüksek bir dizi ve yapısal sapma gösterir. Bu, Hsp40 ailesinin, Hsp70 şaperon sisteminin çok yönlülüğüne ve çok işlevliliğine yardımcı olmak için evrimleştiği fikri ile tutarlıdır.

Farklı araştırmacılar tarafından Hsp60 ailesi üyelerini kodlayan; *Arabidopsis thaliana* genomunda 50 adet, çeltik genomunda 37 adet, mısır genomunda 41 adet, üzüm genomunda 29 adet, kavak genomunda 49 adet ve soya genomunda 16 adet gen tespit etmişlerdir. Bu çalışma dâhilindeyse salatalık genomunda Hsp60 ailesinin üyelerini kodlayan 28 adet gen tespit edilmiştir.

Daha önce yapılmış çalışmalarda Hsp70 ailesi üyelerini kodlayan; *Arabidopsis thaliana* genomunda 39 adet, çeltik genomunda 35 adet, mısır genomunda 37 adet, üzüm genomunda 14 adet, kavak genomunda 34 adet ve soya genomunda 10 adet gen tespit etmişlerdir. Bu çalışma dâhilindeyse salatalık genomunda Hsp70 ailesinin üyelerini kodlayan 14 adet gen tespit edilmiştir.

Araştırmacılar Hsp90 ailesi üyelerini kodlayan; *Arabidopsis thaliana* genomunda 23 adet, çeltik genomunda 8 adet, mısır genomunda 14 adet, üzüm genomunda 16 adet,

kavak genomunda 12 adet ve soya genomunda 4 adet gen tespit etmişlerdir. Bu çalışma dâhilindeyse salatalık genomunda Hsp90 ailesinin üyelerini kodlayan 7 adet gen tespit edilmiştir.

Farklı araştırmacılar tarafından Hsp100 ailesi üyelerini kodlayan; *Arabidopsis thaliana* genomunda 15 adet, çeltik genomunda 15 adet, mısır genomunda 12 adet, üzüm genomunda 9 adet ve kavak genomunda 90 adet. Bu çalışma dâhilinde ise salatalık genomunda Hsp100 ailesinin üyelerini kodlayan 28 adet gen tespit edilmiştir.

Tüm bu bilgiler ışığında salatalık genomunda belirlemiş olduğumuz ısı şoku proteini ailelerini kodlayan genlerin sayıları daha önce yapılmış olan çalışmaların sonuçları ile örtüşüyor görünmektedir. Ayrıca buna ek olarak HSPIR veri tabanında salatalık bitkisine ait olan yalnız 3 adet Hsp40 ve 5 adet Hsp70 proteini tanımlanmıştır. Dolayısıyla belirlemiş olduğumuz ısı şoku proteini kodlayan genler veri tabanlarında bu konuda mevcut olan boşluğu da doldurmaktadır.

Salatalıkta biyoinformatik analizler sonucu belirlenen ısı şoku proteinleri için belirlenen genel özellikler Tablo 3.2' de özetlenmiştir. Bu proteinlerin detaylı özellikleri ise EK 1, EK 11, EK 22, EK 33, EK 44 ve EK55' te gösterilmiştir. Elde edilen bilgiler ışığında 36 adet CssHsp proteinleri arasında en kısa amino asit dizisine sahip olan protein 55 amino asitlik uzunluğu olan CssHsp-23 proteini, en uzun amino asit dizisine sahip olan proteinse 510 amino asitlik uzunluğu olan CssHsp-08 proteindir. CssHsp proteinlerinin molekül ağırlıklarıysa 6,4 kDa ile 56,3 kDa arasında değişmektedir. CssHsp proteinlerinin izoelektrik noktalarının hem asidik hem de bazik bölgede bulunduğu ve 4,51 ile 9,93 arasında değiştiği görülmüştür. Salatalıkta belirlenen sHsp proteinlerinin %55 oranda asidik karakterde olduğu görülmüştür. Araştırmacılar tarafından patatesten sHsp proteinlerinin belirlenmesi üzerine yapılmış olan bir başka çalışmada, patates sHsp proteinlerinin uzunluklarının 133 amino asit ile 303 amino asit arasında, moleküler ağırlıklarının ise 15,3 kDa ile 34 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. Aynı proteinlerin izoelektrik noktalarına bakıldığında hem asidik hem de bazik bölgede buldukları ve 4,91 ile 9,88 arasında değiştikleri görülmektedir [122]. Domateste bulunan sHsp proteinleri üzerine yapılan bir çalışmada araştırmacılar protein uzunluklarının 67 amino asit ile 129 amino asit arasında,

moleküler ağırlıklarının 9,1 kDa ile 49,3 kDa arasında değiştiğini bulmuşlardır. Aynı proteinler için izoelektrik noktasının da 4,53 ile 9,48 arasında değişiklik gösterdiği bulunmuştur [97]. Kavakta yapılmış olan bir başka çalışmada; sHsp proteinlerinin uzunluklarının 53 amino asit ile 539 amino asit arasında, moleküler ağırlıklarının 5,9 kDa ile 60,6 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. Kavakta belirlenen sHsp proteinleri için izoelektrik noktası 4,46 ve 9,89 arasında değişiyor görünmektedir ve %71 asidik karakter göstermektedirler [99]. Bu bilgiler göz önünde bulundurulduğunda küçük ısı şoku proteinlerinin hem asidik hem de bazik karaktere sahip olabileceğini ve farklı büyüklüklerde olabileceği, fonksiyon gösteren korunmuş bölgelere sahip proteinlerin değişen büyüklüklerde olabileceği söylenebilir.

Tablo 3.2. CsHsp proteinlerinin genel özellikleri

Aile	Salatalık Genomunda Kodlanan	Minimum Peptid Uzunluğu (aa)	Maksimum Peptid Uzunluğu (aa)	Molekül Ağırlığı (kDa)	pI	Asidik-Bazik Karakter (%)	Kararlılık (%)
sHsp	36	55 (CsHsp-23)	510 (CsHsp-08)	6,4-56,3	4,51-9,93	Asidik (%55)	16,6
Hsp40	100	112 (CsHsp40-56/71)	2550 (CsHsp40-12)	12,1-279,6	4,80-10,50	Bazik (%64)	25
Hsp60	28	97 (CsHsp60-17)	1823 (CsHsp60-26)	10,6-203,2	4,99-9,21	Asidik (%75)	75
Hsp70	14	130 (CsHsp70-07)	898 (CsHsp70-08)	14,1-100	5,09-6,72	Asidik (%100)	64,3
Hsp90	7	221 (CsHsp90-01)	817 (CsHsp90-07)	25-93	4,86-9,63	Asidik (%85)	44,4
Hsp100	17	195 (CsHsp100-11)	988 (CsHsp100-03)	21-110	5,12-8,93	Asidik (%71)	41,2

Salatalıkta belirlenen Hsp40 proteinleri arasında; en kısa amino asit dizisine sahip olan proteinler 112 amino asit içeren CsHsp40-56 ve CsHsp40-71 proteinlerisidir, en uzun amino asit dizisine sahip olan proteince 2550 amino asit içeren CsHsp40-12 proteindir. CsHsp40 proteinlerinin molekül ağırlıklarının 12,1 kDa ile 279,6 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. Bu proteinlerin izoelektrik noktalarının hem asidik bölgede hem de bazik bölgede bulunduğu ve 4,80 ile 10,50 arasında değiştiği belirlenmiştir. CsHsp40 proteinlerinin %64' ünün bazik karakterde olduğu belirlenmiştir. Araştırmacılar tarafından kavak bitkisinde yapılmış olan çalışmada; Hsp40 proteinlerinin uzunluklarının 70 amino asit ile 2614 amino asit arasında, moleküler ağırlığınsa 7,76 kDa ile 286,4 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir [99]. Farklı bitkilerde özel olarak çok fazla çalışılmamış olan Hsp40 ailesi belirlenmiştir ve bu ailenin üyelerinin temel karakteristik özellikleri bakımından çeşitlilik göstermekte olduğu gözlenmiştir.

Salatalık bitkisinde kodlanan Hsp60 proteinleri içinde; en kısa amino asit dizisine sahip olan proteinin CsHsp60-17 (97 aa), en uzun amino asit dizisine sahip olan proteince CsHsp60-26 (1823 aa) olduğu belirlenmiştir. CsHsp60 proteinlerinin molekül ağırlıklarının 10,6 kDa ile 203,2 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. Bu proteinlerin izoelektrik noktalarının hem asidik hem bazik bölgede bulunduğu ve 4,99 ile 9,21 arasında değiştiği belirlenmiştir. CsHsp60 proteinlerinin %75' inin asidik karakterde olduğu belirlenmiştir. Cin darı bitkisinde Hsp60 proteinlerinin belirlenmesi üzerine yapılmış bir çalışmada araştırmacılar protein uzunluğunun 525 amino asit ile 655 amino asit arasında, moleküler ağırlığınsa 57,4 kDa ile 70,94 kDa arasında değiştiğini belirlemişlerdir [103]. Bir başka çalışmada, kavak bitkisinde bulunan Hsp60 proteinlerinin uzunluklarının 95 amino asit ile 1828 amino asit arasında, moleküler ağırlığınsa 10,2 kDa ile 20,3,5 kDa arasında değiştiği araştırmacılar tarafından belirlenmiştir. Araştırmacılar ayrıca izoelektrik noktanın da 4,75 ile 9,37 arasında değiştiğini ve proteinlerin %75 kadarının asidik karakterde olduklarını belirlemişlerdir [99]. Bu çalışmalar ile karşılaştırıldığında, çalışmamızda belirlemiş olduğumuz verilerin literatür ile tutarlı olduğu anlaşılmaktadır.

CsHsp70 proteinlerinin arasında; en kısa amino asit uzunluğuna sahip olan proteinin 130 amino asitten oluşan CsHsp70-07 olduğu, en uzun amino asit uzunluğuna sahip

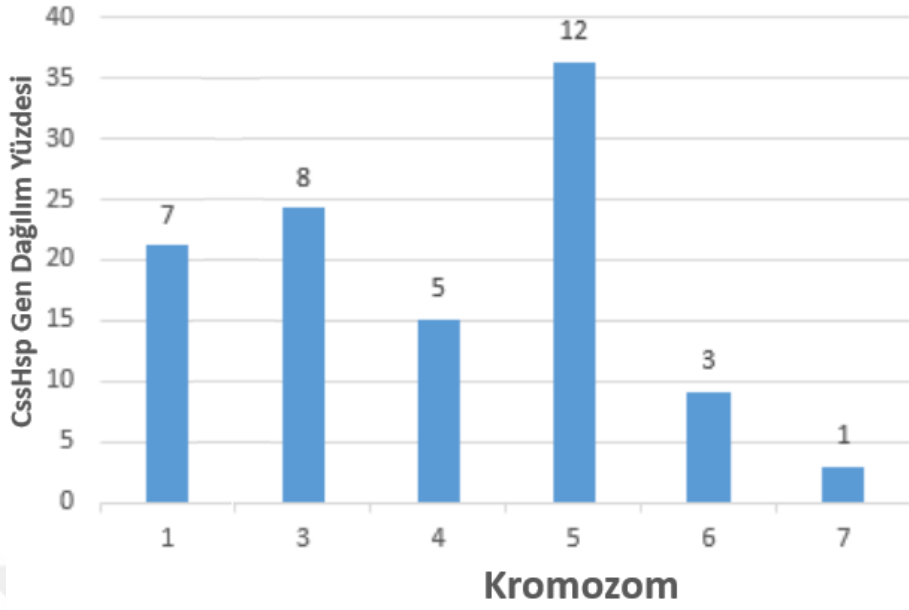
olan proteininse 898 amino asitten oluşan CsHsp70-08 olduğu belirlenmiştir. CsHsp70 proteinlerinin moleküler ağırlıklarının 14,1 kDa ile 100 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. CsHsp70 proteinlerinin tamamının asidik karakterde olduğu ve izoelektrik noktalarının 5,09 ile 6,72 arasında değiştiği belirlenmiştir. Kavak bitkisinde yer alan Hsp70 proteinlerinin belirlenmesi üzerine yapılan çalışmada araştırmacılar; protein dizisi uzunluğunun 99 amino asit ile 975 amino asit arasında, moleküler ağırlığınca 11 kDa ile 111,3 kDa arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Buna ek olarak araştırmacılar proteinlerin izoelektrik noktalarının da 4,77 ile 9,94 arasında olduğunu ve proteinlerin %85 kadarının asidik karakterde olduğunu belirlemişlerdir [99]. *Brachypodium distachyon* bitkisinde yapılmış olan bir çalışmada, araştırmacılar Hsp70 proteinlerinin uzunluklarının 141 amino asit ile 891 amino asit arasında değiştiğini belirlemişlerdir [106]. Bir başka çalışmada araştırmacılar, fasulye bitkisinde bulunan Hsp70 proteinlerinin uzunluklarının 435 amino asit ile 895 amino asit arasında, izoelektrik noktalarının 5,08 ile 8,19 arasında olduğunu belirlemişlerdir. Araştırmacılar fasulyede bulunan Hsp70 proteinlerinin moleküler ağırlıklarının 47 kDa ile 99 kDa arasında değiştiğini belirlemişlerdir [123].

Salatalıkta bulunan Hsp90 proteinlerinin amino asit uzunluklarının 221 amino asit (CsHsp90-01) ile 817 amino asit (CsHsp90-07) arasında, moleküler ağırlıklarının 25 kDa ile 93 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. CsHsp90 proteinlerinin izoelektrik noktalarının 4,51 ile 9,93 arasında değiştiği yani hem asidik hem de bazik bölgede bulunduğu belirlenmiştir. Ancak bu proteinlerin %85' inin asidik karakter gösterdiği de sonuçlarda görülmektedir. Araştırmacılar, kavak bitkisinde bulunan Hsp90 proteinlerinin; uzunluklarının 151 amino asit ile 853 arasında, moleküler ağırlıklarının 17,5 kDa ile 94 kDa arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Kavakta bulunan Hsp90 proteinlerinin izoelektrik noktalarının tamamının asidik bölgede bulunduğunu ve 4,46 ile 5,21 arasında değiştiğini belirlemişlerdir [99]. Domateste yapılan bir başka çalışmada, araştırmacılar Hsp90 proteinlerinin uzunluklarının 267 amino asit ile 794 amino asit arasında değiştiğini belirlemişlerdir [124]. Araştırmacılar 5 farklı baklagiller familyasının üyesinde yaptıkları çalışmada, *Hsp90* genleri tarafından kodlanan proteinlerin uzunluklarının 648 amino asit ile 818 amino asit arasında değiştiğini belirlemişlerdir. İzoelektrik noktanın ise belirlemiş oldukları tüm Hsp90

proteinleri için asidik bölgede olduğunu ve 4,79 ile 5,45 arasında değiştiğini belirlemişlerdir [125].

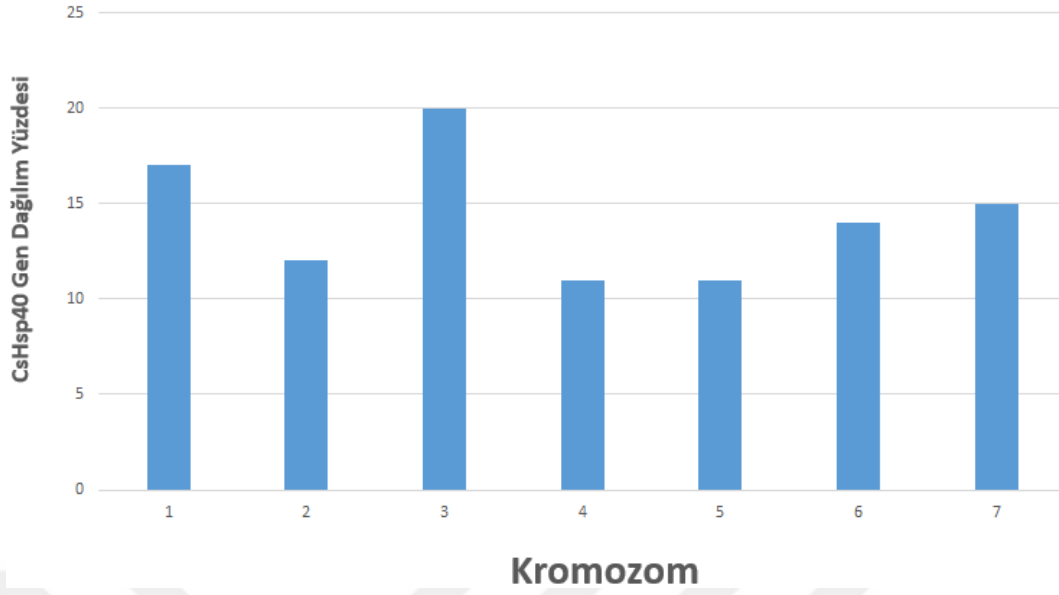
CsHsp100 proteinlerinin amino asit dizisi uzunluklarının 195 amino asit (CsHsp100-11) ile 988 amino asit (CsHsp100-03) arasında, moleküler ağırlığına 21 kDa ile 110 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. CsHsp100 proteinleri için izoelektrik noktanın 5,12 ile 8,93 arasında değiştiği ve bu proteinlerin %71' inin asidik karakterde olduğu belirlenmiştir. Cin darı bitkisinde yapılmış olan bir çalışmada araştırmacılar; Hsp100 proteinlerinin uzunluklarının 279 amino asit ile 1054 amino asit arasında, moleküler ağırlıklarının 30 kDa ile 110 kDa arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Bu proteinler için hesaplanan izoelektrik noktalarına 5,8 ile 8,52 arasında değiştiğini belirlemişlerdir [103]. Kavak bitkisinde yapılmış olan benzer bir çalışmada araştırmacılar, Hsp100 proteinlerinin; uzunluklarının 69 amino asit ile 5410 amino asit arasında değiştiğini, moleküler ağırlıklarının 7 kDa ile 613 kDa arasında değiştiğini belirlemişlerdir. Ayrıca bu proteinler için izoelektrik noktalarının da 4,94 ile 10,2 arasında değiştiğini belirlemişlerdir [99]. Çalışmamızda belirlemiş olduğumuz CsHsp100 proteinleri, bu iki çalışmada belirlenmiş Hsp100 proteinleri ile benzer karakteristik özellikler taşımaktadır.

CssHsp genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımlarını gösteren grafik Şekil 3.37' de gösterilmiştir. Şekilden de görülebileceği üzere *CssHsp* salatalık kromozomları üzerinde eşit şekilde dağılmamışlardır. Ayrıca *CssHsp* genlerinin kromozomların genellikle alt ve üst uç kısımlarında kümelenedikleri belirlenmiştir. Cin darı [103], kavak [99], domates [97] ve patates [122] bitkilerinde yapılan çalışmalarda da ısı şoku proteinlerinin ilgili bitkilerin kromozomlarına eşit şekilde dağılmadıkları görülmektedir. Salatalıkta en çok *CssHsp* geni içeren kromozomun 5. kromozom olduğu şekilden görülebilmektedir. Buna ek olarak salatalığın 2 numaralı kromozomunda hiç *CssHsp* geni bulunmadığı da şekilden görülebilmektedir.



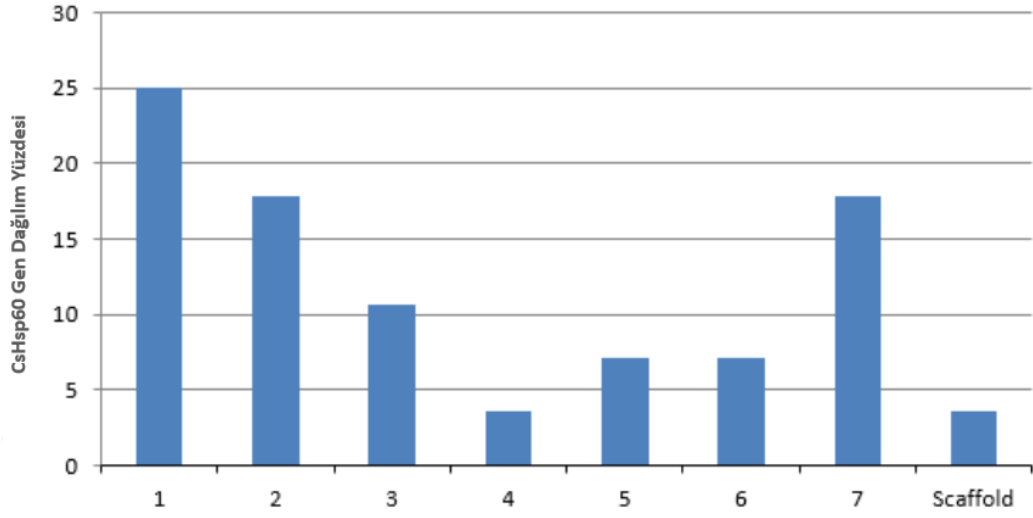
Şekil 3.37. *CspHsp* genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları

CspHsp40 genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımlarını gösteren grafik Şekil 3.38’de gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde *CspHsp40* genlerinin kromozomlar üzerinde eşit bir dağılım göstermedikleri ancak salatalığın tüm kromozomlarında varlık gösterdikleri görülmektedir. Kavakta bulunan *Hsp40* genlerinin belirlenmesi üzerine yapılan bir çalışmada araştırmacılar *PtHsp40* genlerinin de kromozomlar üzerinde eşit şekilde dağılmadıklarını belirlemişlerdir [99].



Şekil 3.38. *CsHsp40* genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları

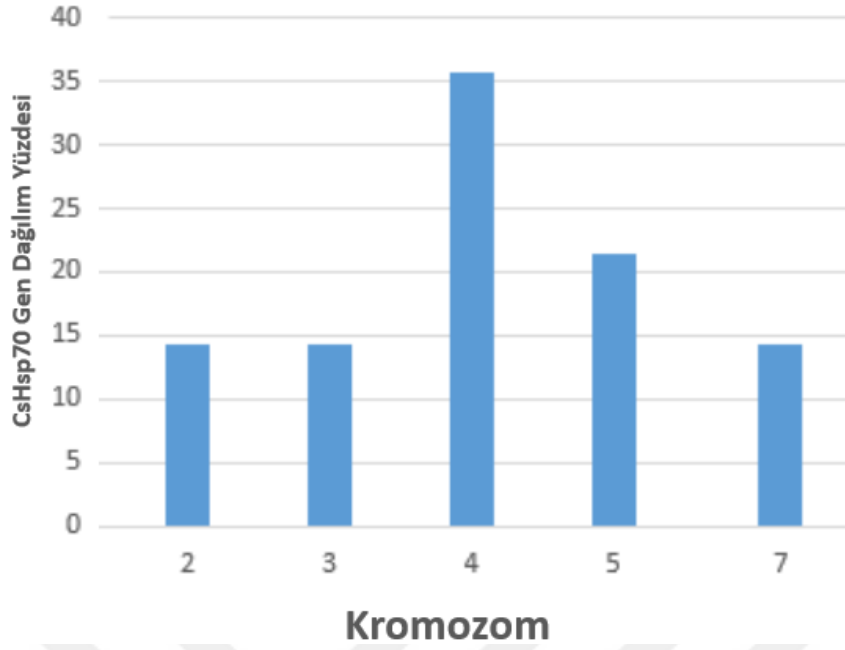
CsHsp60 genlerinin salatalık kromozomlarındaki yerleşimlerinin dağılımını gösteren grafik Şekil 3.39’ da gösterilmiştir. Şekilden de görülebileceği üzere *CsHsp60* genleri kromozomlar üzerinde eşit bir dağılım göstermemektedir. Ancak *CsHsp60* genleri salatalığın tüm kromozomlarında yer almaktadır. Ayrıca *CsHsp60* genlerinden bir tanesinin de genom ile uygun şekilde birleştirilememiş olan ‘Scaffold’ bölgesinde yer aldığı bulunmuştur. Kavak [99] ve cin darı [103] bitkilerinde *Hsp60* genlerinin belirlenmesine yönelik yapılan çalışmalarda da *PtHsp60* ve *SiHsp60* genlerinin de kromozomlara yerleşimlerinin eşit dağılım göstermediği araştırmacılar tarafından belirlenmiştir.



Kromozom

Şekil 3.39. CsHsp60 genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları

CsHsp70 genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimlerinin dağılım yüzdelere gösteren grafik Şekil 3.40' ta gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde *CsHsp70* genlerinin salatalık kromozomları üzerindeki yerleşimlerinin eşit bir dağılım göstermediği göze çarpmaktadır. Ayrıca 1. ve 6. kromozomlar üzerinde *CsHsp70* genlerinin bulunmadığı şekilden görülmektedir. *Brachypodium distachyon* [106], fasulye [123] ve kavak [99] bitkilerinde *Hsp70* genlerine yönelik yapılan çalışmalarda da bu genlerin kromozomlara eşit şekilde dağılmadıkları araştırmacılar tarafından belirlenmiştir.



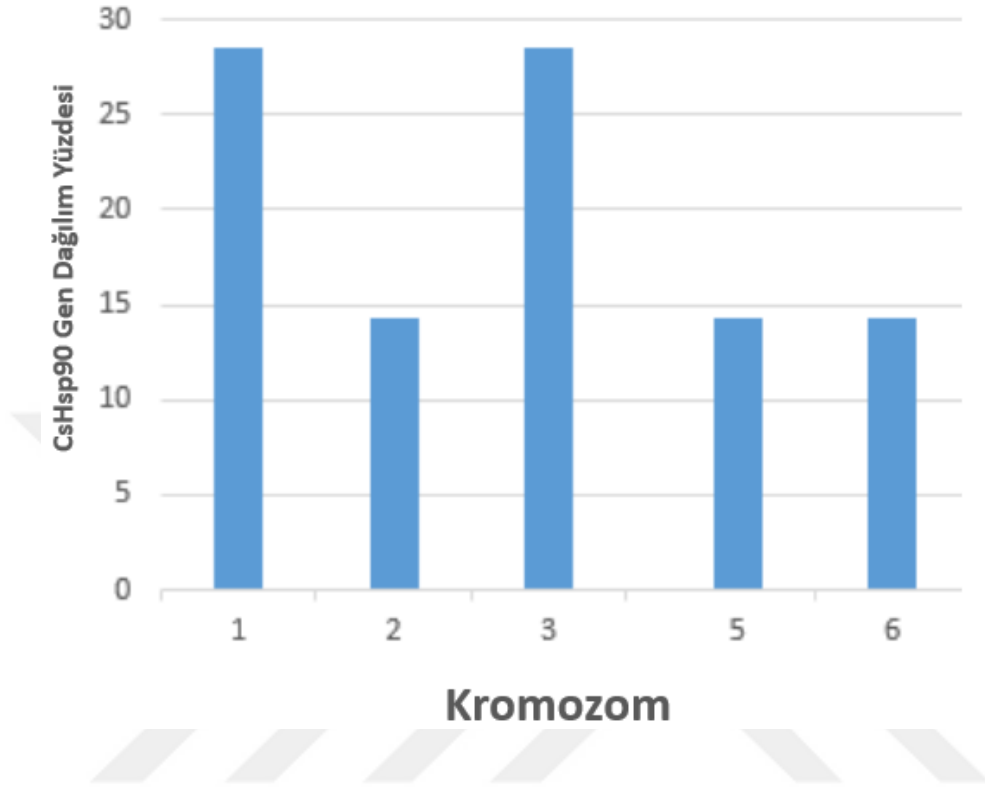
Şekil 3.40. *CsHsp70* genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları

CsHsp90 genlerinin salatalık kromozomlarına yerleşimlerinin dağılımını gösteren grafik Şekil 3.41 olarak gösterilmiştir. Şekilden de görülebileceği üzere *CsHsp90* genlerinin yerleşimi salatalığın tüm kromozomlarına eşit bir dağılım göstermemektedir. Ayrıca salatalığın 4 ve 7 numaralı kromozomları *CsHsp90* genlerinden hiçbirini içermemektedir. Domates [124], baklagiller [125] ve kavak [99] ile yapılan çalışmalarda da araştırmacılar *Hsp90* genlerinin kromozomlara yerleşimlerinin eşit bir dağılım göstermediğini belirlemişlerdir.

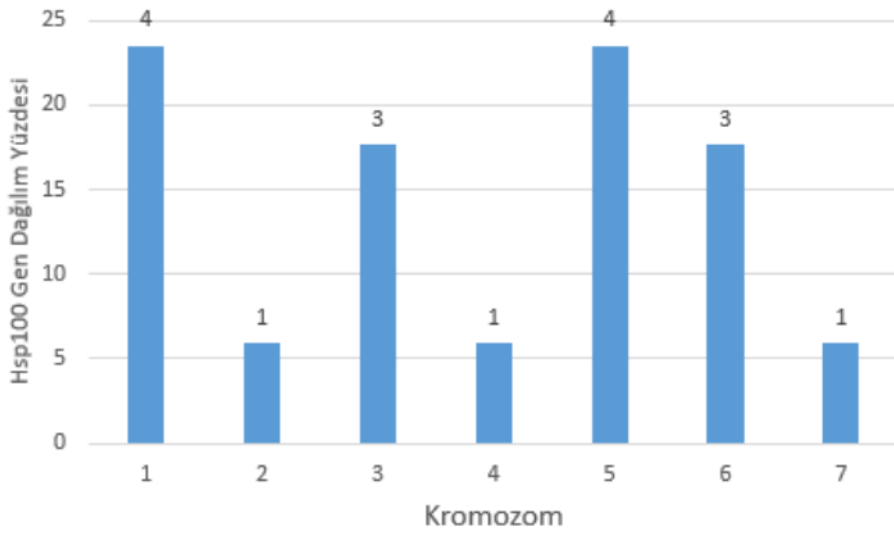
CsHsp100 genlerinin salatalık kromozomlarına yerleşimlerinin dağılımını gösteren grafik Şekil 3.42 olarak gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde *CsHsp100* genlerinin salatalık kromozomlarındaki yerleşimlerinin eşit bir dağılım göstermediği, ancak tüm kromozomlarda en az 1 adet *CsHsp100* geni bulunduğu görülmektedir. Cin darı [103] ve kavak [99] bitkilerinde yapılmış olan çalışmalarda da araştırmacılar *Hsp100* genlerinin ilgili bitkilerin kromozomlarına yerleşimlerinin eşit bir dağılım göstermediğini belirlemişlerdir.

Salatalıkta bulunan ısı şoku proteini ailesine ait genlerin kromozomlar üzerine yerleşimleri incelendiğinde ve diğer bitkilerde bulunan aynı aile üyelerinin

kromozomal yerleşimleri ile karşılaştırıldığında ısı şoku proteini aileleri için kesin bir dağılım modelinin olmadığı görülmektedir.



Şekil 3.41. *CsHsp90* genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımı



Şekil 3.42. *CsHsp100* genlerinin salatalık kromozomlarına dağılımları

CssHsp genlerinin yapısını ortaya koymak amacı ile yapılan analizde bu genlerin ekzon-intron organizasyonları belirlenmiştir. Analiz sonucunda 17 adet (%46) *CssHsp* geninin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir. *CssHsp-08* geninin en çok intron bölgesi (11 adet) içeren *sHsp* geni olduğu belirlenmiştir. Kavakta yapılan çalışmada araştırmacılar kavak genomunda belirledikleri *PtsHsp* genleri arasında en çok intron içeren genin 11 adet intron içerdiğini ve 16 adet *PtsHsp* genininse intron içermediğini belirlemişlerdir [99]. Cin darı bitkisinde yapılan bir çalışmada araştırmacılar cin darı genomunda belirlemiş oldukları 37 adet *SisHsp* geninden 13 tanesinin intron bölgeleri içermediklerini belirlemişlerdir [103]. *CssHsp* genlerinin ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde; intron içeren genlerinin genelinde yalnızca bir ekzon içerdiği, yalnızca iki genin de birden fazla intron içerdiği görülmektedir.

CsHsp40 genlerinin yapısını aydınlatmak için yapılan analizde bu genlerin ekzon-intron organizasyonları belirlenmiştir. Analiz sonucunda 16 adet (%16) *CsHsp40* geninin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir. *CsHsp40-08* geninin en çok intron bölgesi (11 adet) içeren *sHsp* geni olduğu belirlenmiştir. Genlerin ekzon-intron organizasyonları genel olarak değerlendirildiğinde; uzun intron bölgeleri arasında kısa ekzon bölgelerinin yer aldığı yapıların baskın olduğu ve bazı gen gruplarının çok benzer ekzon-intron organizasyonları gösterdikleri görülmektedir. Araştırmacılar tarafından kavak genomunda *Hsp40* genlerinin belirlenmesine yönelik yapılan çalışmada, *PtHsp40* genleri arasında en fazla intron bölgesi içeren genin 21 adet intron bölgesi içerdiği belirlenmiştir [99].

CsHsp60 genlerinin yapısının belirlenmesi ekzon-intron organizasyonlarının aydınlatılması ile gerçekleştirilmiştir. Yapılan analizler sonucunda, 3 adet (%10,7) *CsHsp60* geninin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir. Her biri 17 adet intron içeren *CsHsp60-11* ve *CsHsp60-25* genlerinin en çok intron bölgesi içeren *CsHsp60* genleri oldukları belirlenmiştir. *CsHsp60* genlerinin ekzon-intron organizasyonlarına genel olarak bakıldığında; bazı genlerin birbirini takip eden kısa intron ve ekzon bölgelerinden oluştuğu gözlenirken, bazı genlerinse uzun tek parça ekzon bölgeleri arasında kısa intron bölgelerinden oluştuğu gözlenmiştir. Bu çeşitlilik, şaperoninlerin farklı alt gruplara sahip olmalarıyla ve bu alt grupları oluşturan genlerin evrimsel süreçte farklı etkilere uğramaları ile açıklanabilir.

CsHsp70 genlerinin ekzon-intron organizasyonları belirlenerek gen yapıları aydınlatılmıştır. Yapılan analizler sonucunda, yalnızca *CsHsp70-03* geninin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir. 14 adet intron bölgesi içeren *CsHsp70-09* geninin ise en çok intron bölgesi içeren *CsHsp70* geni olduğu görülmüştür. Çin darı bitkisinde yapılan bir çalışmada araştırmacılar *Hsp70* genleri arasında en fazla sayıda intron içeren *SiHsp70* geninin 13 adet intron içerdiğini belirlemişlerdir [103]. Kavak genomunda kodlanan *Hsp70* genleri üzerine yapılan bir çalışmada araştırmacılar *PtHsp70* genleri arasında en fazla sayıda intron bölgesi içeren genin 23 adet intron bölgesi içerdiğini belirlemişlerdir [99]. *CsHsp70* genlerinin ekzon-intron organizasyonları genel olarak incelendiğinde; bazı genlerin küçük farklılıklar dışında birbirlerine çok benzer ekzon-intron organizasyonlarına sahip oldukları görülmektedir. Aynı durum araştırmacılar tarafından kinoa genomunda kodlanan *Hsp70* genlerinde de belirlenmiştir [126].

CsHsp90 genlerinin yapısının aydınlatılması amacıyla ekzon-intron organizasyonları belirlenmiştir. Analizler sonucunda, tüm *CsHsp90* genlerinin intron bölgeleri içerdiği belirlenmiştir. En çok intron bölgesi içeren (19 adet) genin *CsHsp90-07* olduğu görülmüştür. *CsHsp90* genlerinin ekzon-intron organizasyonları genel olarak değerlendirildiğinde kısa ekzonların takibinde kısa intron dizilerini içeren yapıların hakim olduğu görülmektedir. Kavak genomunda bulunan *Hsp90* genleri üzerine yapılan bir çalışmada araştırmacılar en fazla sayıda intron içeren *PtHsp90* geninin 19 adet intron bölgesi içerdiğini belirlemişlerdir [99]. Domates genomunda kodlanan *Hsp90* genleri üzerinde yapılmış bir başka çalışmada intron sayılarının 2 ile 19 arasında değiştiği belirlenmiştir [124].

CsHsp100 genlerinin yapılarının belirlenmesi amacıyla ekzon-intron organizasyonları aydınlatılmıştır. Yapılan analizler sonucunda, bir tane gen dışın (*CsHsp100-15*) tüm genlerin intron bölgeleri içerdiği belirlenmiştir. En çok intron bölgesi içeren genin 15 adet intron bölgesi içerdiği görülmüştür. Araştırmacılar tarafından kavak bitkisinde yapılmış olan benzer bir çalışmada, intron bölgesi içermeyen yalnızca 1 adet *PtHsp100* geni belirlenmiştir.

Salatalıkta belirlemiş olduğumuz tüm ısı şoku proteini ailesi üyeleri için gen ontolojisi analizleri yapılmıştır; hangi biyolojik süreçlerde rol aldıkları, hangi moleküler fonksiyonlara sahip oldukları ve hücrede hangi bölgelerde yerleşim gösterdikleri belirlenmiştir. Tüm CsHsp üyeleri değerlendirildiğinde, görev alınan biyolojik süreçler arasında en çok görülenler uyarılara tepki, metabolik süreçler ve hücresel süreçler olmuştur. CsHsp üyelerinin metabolik fonksiyonları değerlendirildiğinde ise en çok görülen sonuçlar bağlanma fonksiyonu ve katalitik aktivitedir. CsHsp üyelerinin hücresel yerleşimleri değerlendirildiğinde ise hücrenin farklı kompartımanlarına dağıldıkları görülmektedir. CsHsp proteinlerinin uyarılara yanıt verilmesi süreçlerinde rol almaları, literatürde yer alan ısı şoku proteinlerinin bitkilerde stres koşullarında aldıkları roller ve stres cevap mekanizmasındaki yerleri gösteren birçok çalışma ile de örtüşmektedir [81-92]. Isı şoku proteinleri için muhtemel hedefler, normal durumlarında proteinlerin iç yüzeylerinde bulunan ancak kısmen açılma ya da yanlış katlanma sebebiyle dış yüzeye taşınmış hidrofobik kalıntılara sahip proteinlerdir. Yanlış katlanmış proteinlerin agregatları çok kararlı olabildiğinden ve katlanmış duruma doğru olan enerji bariyerleri daha yüksek olabileceğinden, şaperonlar enerji bariyerlerinin üstesinden gelmek ve proteinlerin agregatlardan tekrar katlanmasına yardımcı olarak katlanma işlemine katkıda bulunurlar. Isı şoku proteinleri bu görevlerini yanlış katlanmış proteinlerin dış yüzeylerinde bulunan hidrofobik kalıntılara bağlanarak gerçekleştirirler [80]. Bu bilgiler ışığında CsHsp proteinlerinin moleküler fonksiyonlarının 'bağlanma' olarak bulunması beklenen bir sonuçtur. CsHsp proteinlerinin hücrede farklı kısımlarda bulunabileceği gen ontoloji analizi sonunda belirlenmiştir ve bu sonucu destekleyen, ısı şoku proteinlerinin sitosolde, mitokondride ve kloroplastta bulunabileceklerini gösteren çalışmalar literatürde mevcuttur [23, 28, 29, 93, 127, 128].

CssHsp proteinlerinin homoloji modellemesi sonucunda elde edilen üç boyutlu yapılarda α -kristalin korunmuş bölgesine özgü olan α -sarmal yapıları görülmektedir. Ayrıca 3 boyutlu yapılara bakıldığında β -tabaka yapılarının protein yapılarında sıkça görüldüğü göze çarpmaktadır [129]. β -tabaka yapılarıysa sHsp ailesinde korunmuş bir yapı motifidir [25].

Türler boyunca yüksek oranda farklılaşmış Hsp40 proteinleri bile J-korunmuş bölgesinde dikkate değer üç boyutlu yapısal katlanma benzerliğini korumaktadırlar. Antiparalel yönde sıkıca sarılmış sarmal II ve III olan dört helezondan oluşur. Her iki sarmal da J-korunmuş bölgesinin karakteristiği olan yüksek düzeyde korunmuş ve işlevsel olarak kritik bir HPD özgü motifi içeren esnek bir ilmek ile bağlanır [30, 32]. Hsp40 proteinlerinin karboksil ucu bölgesi daha az korunur ve kısa bir C-ucu α -sarmalıyla çevrelenmiş bir β -sandviçden oluşur, ardından dimerizasyon için gerekli olan diziler takip eder. Bu bölge, substrat bağlanmasında ve şaperon döngüsü sırasında Hsp70'e sekestrasyonunda çok önemli bir rol oynar ve Hsp70: J-protein makinesi için özgünlük sağladığı düşünülmektedir [33]. CsHsp40 proteinlerinin homoloji modelleme ile belirlenmiş olan muhtemel üç boyutlu yapıları değerlendirildiğinde benzer bir yapısal motif organizasyonu göze çarpmaktadır.

Grup II şaperoninler sitosolde bulunurlar ve TRiC bölgelerinde α -sarmal çıkıntıyı oluşturan bir uzantıya sahiptirler [35]. CsHsp60 proteinlerinin modellenen 3 boyutlu yapıları değerlendirildiğinde α -sarmal motiflerinin çok sayıda olduğu ve yukarıdaki özellikler ile örtüşükleri görülmektedir.

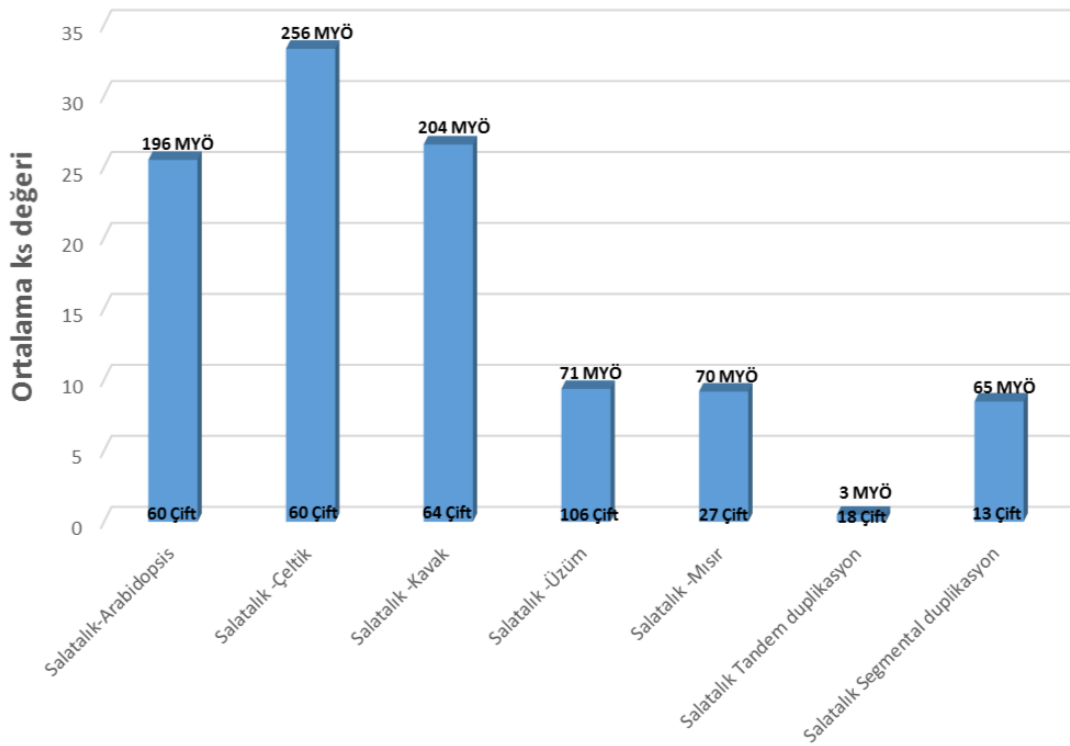
Hsp70 proteinlerinin karboksil ucu α -sarmal motiflerini içeren korunmuş bir bölgedir ve substrat bağlanma bölgesine bir kapak gibi kapanır. Substrat bağlanma bölgesine de anti-paralel şekilde yerleşmiş olan iki adet β -sandviç yapısı içermektedir [130]. CsHsp70 proteinlerinin homoloji modelleme ile belirlenen 3 boyutlu yapıları değerlendirildiğinde proteinlerin büyük kısmında bu organizasyonun yer aldığı görülmektedir.

Hsp90, birkaç α/β sandviç yapısı oluşturmak için birleşen 9 α -sarmal ve 8 anti-paralel β -tabaka motiflerini içermektedir [131]. CsHsp90 proteinlerinin modellenen muhtemel 3 boyutlu yapıları değerlendirildiğinde birçok α -sarmal ve β -tabaka yapıları bir arada görülebilmektedir.

Hsp100 ailesi, α -sarmal motifini ve Walker-tipi bir nükleotid bağlanma bölgesini içeren 200-250 amino asitlik bir korunmuş bölgenin varlığı ile tanımlanır [28].

CsHsp100 proteinlerinin muhtemel 3 boyutlu yapıları incelendiğinde, birçok α -sarmal motiflerinin bir araya gelerek kompleks yapılar oluşturduğu görülmektedir.

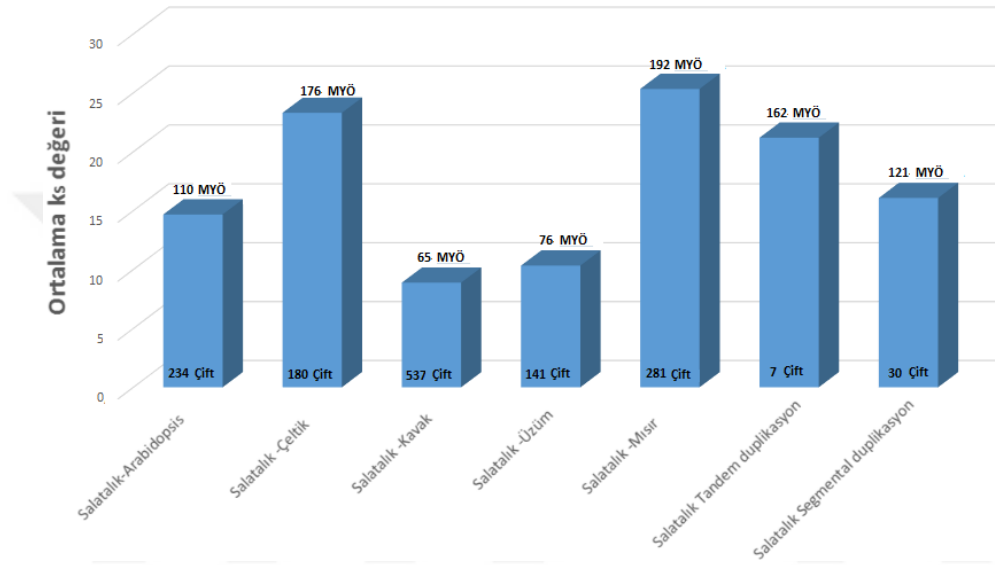
CssHsp genlerinin tandem-segmental duplikasyonları ve farklı organizmalardaki ortologları için hesaplanan benzer/benzer olmayan değişim oranları, ortolog gen çifti sayısı, evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma zamanları Şekil 3.43 olarak gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde en çok ortolog gen çiftinin salatalık ile üzüm arasında olduğu göze çarpmaktadır. Muhtemel ayrılma zamanlarına bakıldığında en yakın ayrılma ortalamasına sahip grubun salatalık-üzüm ve salatalık-mısır olduğu görülmektedir. Fakat en yüksek benzer değişim oranı salatalık-çeltik çifti arasında bulunan ortolog genlerde gözlenmiştir. Bu gen ailesi için 18 çift tandem duplikasyon saptanmıştır ve 3 MYÖ gibi yakın (segmental duplikasyonların ayrılma zamanları ile kıyaslandığında) bir muhtemel ayrılma zamanı hesaplanmıştır.



Şekil 3.43. *CssHsp* genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları

CsHsp40 genlerinin tandem-segmental duplikasyonları ve farklı organizmalardaki ortologları için hesaplanan benzer/benzer olmayan değişim oranları, ortolog gen çifti sayısı, evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma zamanları Şekil 3.44 olarak

gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde en çok ortolog gen çiftinin salatalık ile kavak arasında olduğu, muhtemel ayrılma zamanları arasında en yakın ayrılma ortalamasına sahip grubun da yine salatalık ile kavak olduğu göze çarpmaktadır. Fakat en yüksek benzer değişim oranı salatalık-mısır çifti arasında bulunan ortolog genlerde gözlenmiştir. Tandem ve segmental duplikasyona uğramış gen çiftleri içinse hesaplanan muhtemel ayrılma zamanlarının oldukça fazla olduğu gözlenmiştir.

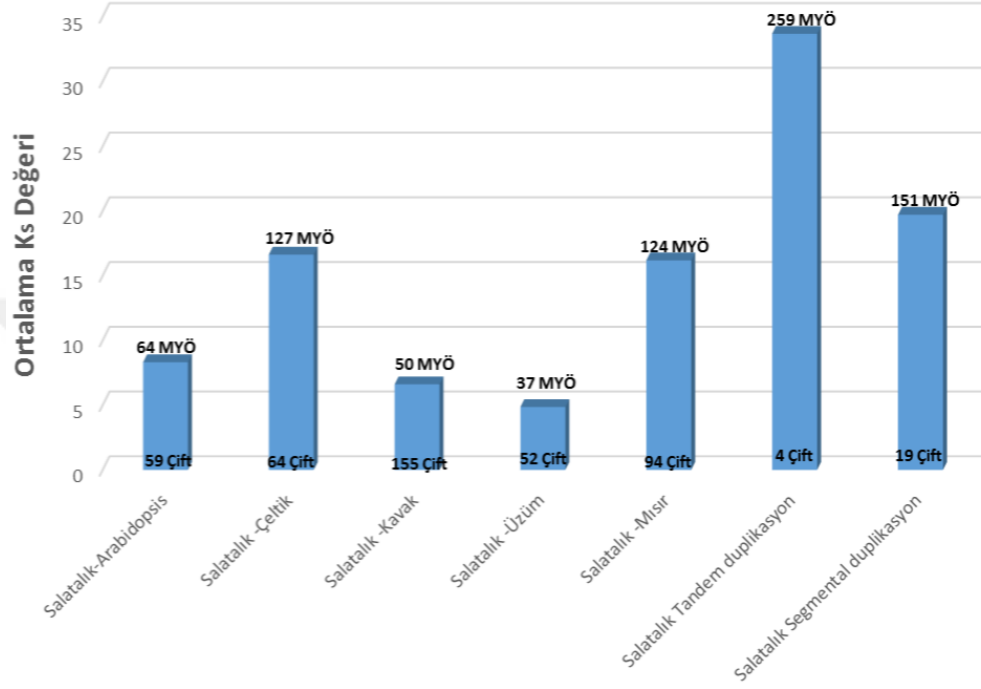


Şekil 3.44. *CsHsp40* genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları

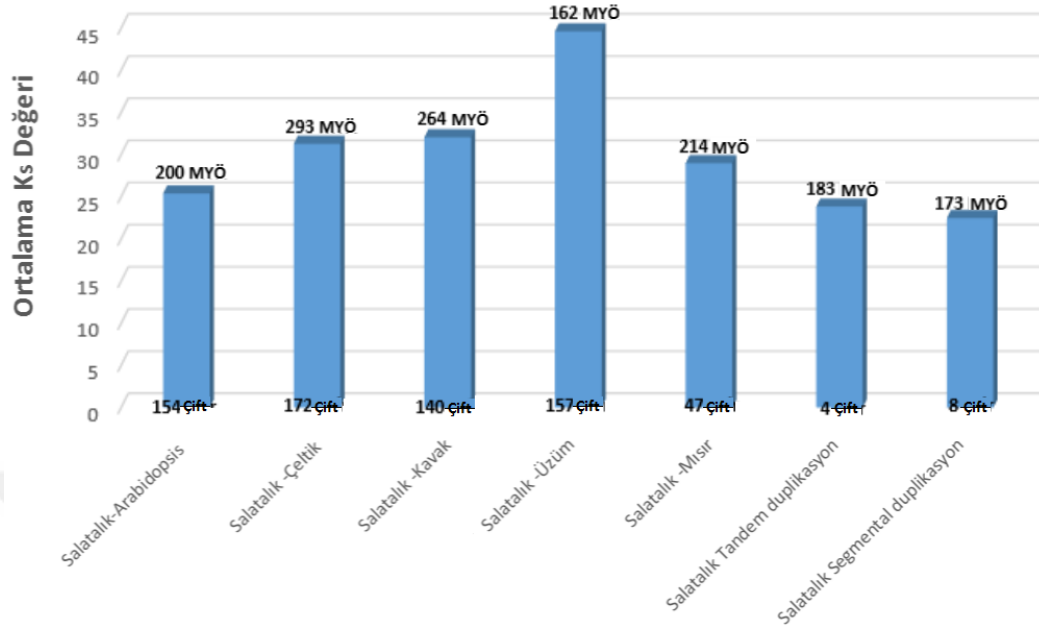
CsHsp60 genlerinin tandem-segmental duplikasyonları ve farklı organizmalardaki ortologları için hesaplanan benzer/benzer olmayan değişim oranları, ortolog gen çifti sayısı, evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma zamanları Şekil 3.45 olarak gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde en çok ortolog gen çiftinin salatalık ile kavak arasında olduğu göze çarpmaktadır. Muhtemel ayrılma zamanlarına bakıldığında en yakın ayrılma ortalamasına sahip grubun salatalık ile üzüm olduğu görülmektedir. Fakat en yüksek benzer değişim oranı salatalık-çeltik çifti arasında bulunan ortolog genlerde gözlenmiştir. Tandem ve segmental duplikasyonlar için hesaplanan muhtemel ayrılma zamanlarının oldukça uzak olduğu dikkat çekmiştir.

CsHsp70 genlerinin tandem-segmental duplikasyonları ve farklı organizmalardaki ortologları için hesaplanan benzer/benzer olmayan değişim oranları, ortolog gen çifti sayısı, evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma zamanları Şekil 3.46 olarak

gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde en çok ortolog gen çiftinin salatalık ile çeltik arasında olduğu göze çarpmaktadır. Salatalık ile üzümün arasında bulunan ortolog genlerin oluşturduğu grubun hem en yakın muhtemel ayrılma zamanına sahip olduğu hem de en yüksek benzer değişim oranına sahip olduğu görülmüştür.

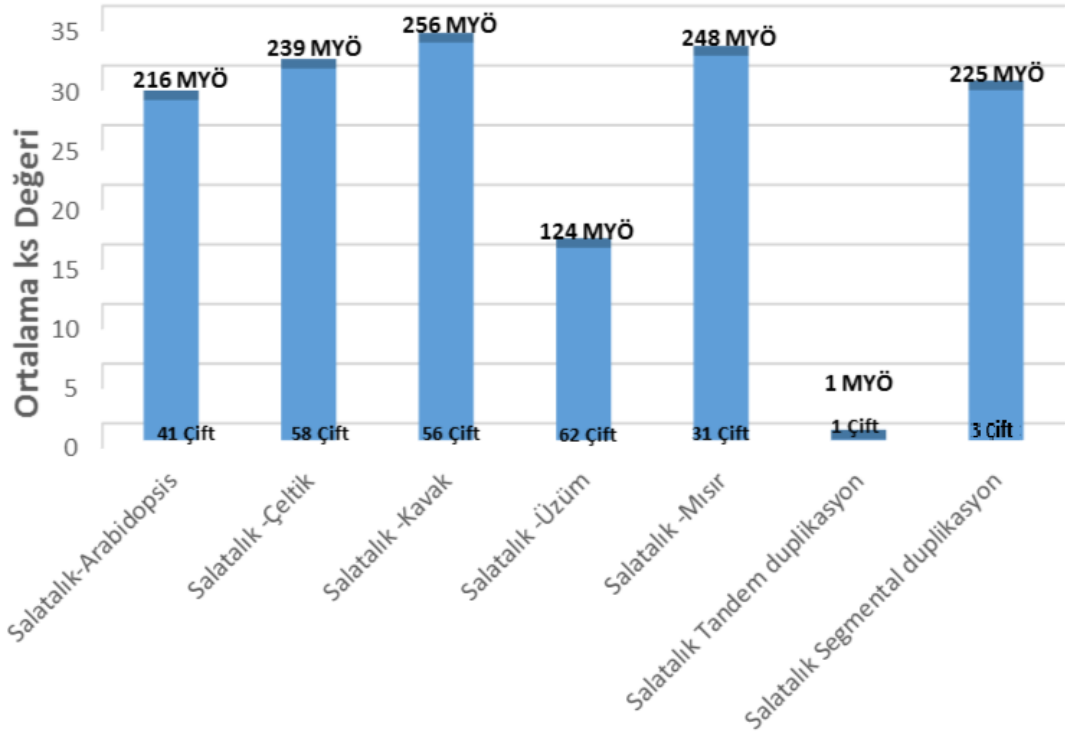


Şekil 3.45. *CsHsp60* genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları



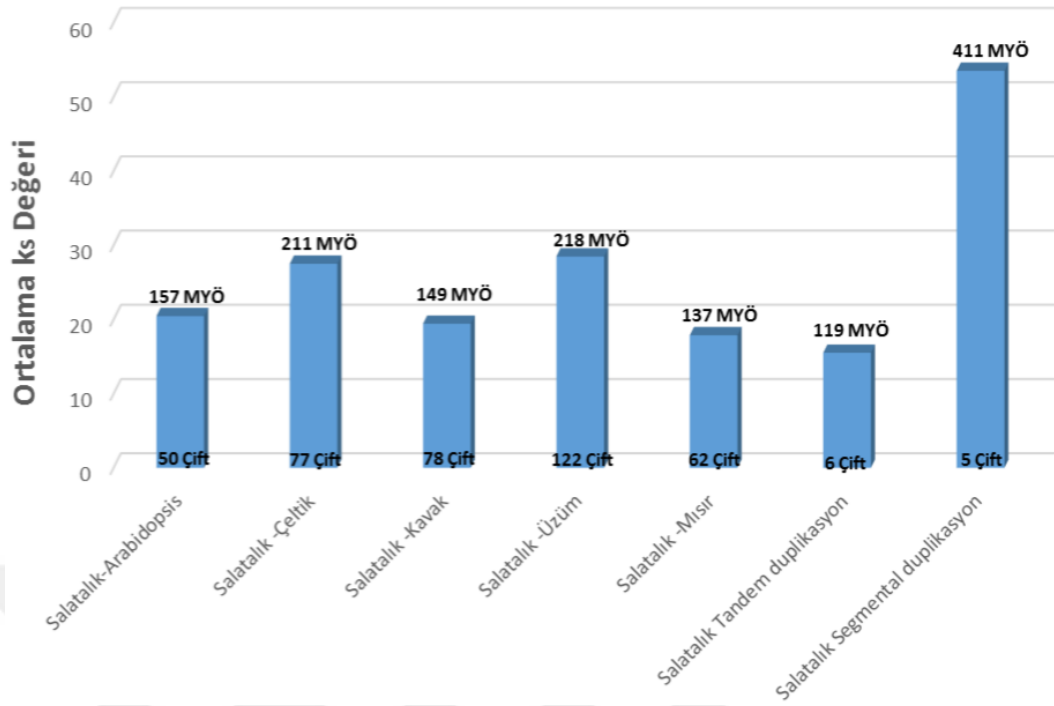
Şekil 3.46. CsHsp70 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları

CsHsp90 genlerinin tandem-segmental duplikasyonları ve farklı organizmalardaki ortologları için benzer/benzer olmayan değişim oranları, ortolog gen çifti sayısı, evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma zamanları Şekil 3.47 olarak gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde en çok ortolog gen çiftinin salatalık ile çeltik arasında olduğu göze çarpmaktadır. Muhtemel ayrılma zamanlarına bakıldığında en yakın ayrılma ortalamasına sahip grubun salatalık ile üzüm arasındaki ortolog çiftlerin oluşturduğu grup olduğu görülmektedir. En yüksek benzer değişim oranı salatalık-kavak çifti arasında bulunan ortolog genlerde gözlenmiştir. Belirlenmiş olan tandem duplike olmuş gen çiftinin 1 MYÖ gibi yakın bir muhtemel ayrılma zamanına sahip olduğu gözlenmiştir.



Şekil 3.47. CsHsp90 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları

CsHsp100 genlerinin tandem-segmental duplikasyonları ve farklı organizmalardaki ortologları için hesaplanan benzer/benzer olmayan değişim oranları, kaç çift oldukları, evrimsel süreçte muhtemel birbirlerinden ayrılma zamanları Şekil 3.48 olarak gösterilmiştir. Şekil incelendiğinde en çok ortolog gen çiftinin salatalık ile üzüm arasında olduğu göze çarpmaktadır. Muhtemel ayrılma zamanlarına bakıldığında en yakın ayrılma ortalamasına sahip grubun salatalık-mısır olduğu görülmektedir. Fakat en yüksek benzer değişim oranı salatalık-üzüm çifti arasında bulunan ortolog genlerde gözlenmiştir.



Şekil 3.48. CsHsp100 genlerinin duplikasyonları, ortologları ve değişim oranları

Bir gen familyasındaki genlerin çoklu kopyaları, bütün genom tandem ve segmental duplikasyonlarının sağladığı esneklik nedeniyle gelişebilir. Isı şoku proteini aileleri için gen duplikasyonlarının çalışıldığı birçok çalışma literatürde mevcuttur [97, 99, 103, 106, 123-125, 132]. Bu gen ailesinin genişlemesini anlamak için, Darwinian pozitif seçiminin, genlerin ayrışmasında ve çoğaltılmasında ilişkisini araştırdık. Bunu yorumlamak için, benzer olmayan (K_a) ve benzer (K_s) değişim oranları (K_a / K_s), tandem-segmental duplikasyona uğramış gen çiftleri ve ortolog gen çiftleri için hesaplanmıştır. Duplike olmuş *CsHsp* genlerinin güçlü saflaştırıcı seçilim baskısı altında olduklarını, çünkü K_a / K oranlarının <1 olduğu varsayılmıştır.

Salatalıkta bulunan ısı şoku proteini kodlayan genlerin arasındaki akrabalıkların ve evrimsel yakınlıkların belirlenmesi amacıyla filogenetik ağaç oluşturulmuş ve bu dizi grupları arasındaki dizi motiflerinin analizleri gerçekleştirilmiştir. Analiz sonucunda *CsHsp* genleri filogenetik ağaçlarda; *CsHsp* ailesi için 4 grup, *CsHsp40* ailesi için 10 grup, *CsHsp60* ailesi için 5 grup, *CsHsp70* ailesi için 3 grup, *CsHsp90* ailesi için 3 grup ve *CsHsp100* ailesi için 6 grupta kümelendikleri belirlenmiştir. Tüm aileler için benzer ekzon-intron organizasyonuna ve motif organizasyonuna sahip olan genlerin filogenetik ağaçlarda aynı grupta yer aldıkları dikkat çekmektedir. *CsHsp60* ailesi için

elde edilen filogenetik gruplandırmanın, literatürde mitokondride (Cpn60), kloroplastta (RuBisCoBP) ve sitosolde (CCT/TriC) bulunma durumlarına göre yapılmış olan gruplandırma ile de örtüştüğü düşünülmektedir [23, 34, 36, 133]. Bu hipotez elde edilen dizi motifleri ile de desteklenmektedir. CsHsp100 ailesine bakıldığında; literatürde Hsp100 ailesinin iki sınıfa ve onların alt gruplarına ayrıldıkları görülmektedir [134], bu çalışmada elde etmiş olduğumuz filogenetik ağacın da bu bağlamda bir ayrılma gösterdiği düşünülmektedir. Bu hipotez de yine literatürde Hsp100 proteinleri için tanımlanmış olan korunmuş bölge organizasyonları [44, 134] ile CsHsp100 proteinleri için elde etmiş olduğumuz dizi motifleri karşılaştırılarak desteklenmektedir. Ayrıca literatürde farklı bitkilerde ısı şoku proteini ailelerinin filogenetik ilişkilerini incelemiş çalışmalar mevcuttur [97, 98, 103, 104, 106, 123, 125, 128, 132, 134].

CssHsp ailesinin transkriptleri arasında farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkript olan CssHsp-05 transkriptini hedefleyen miRNA' ları incelemek gerekirse; miR2673 hakkında yapılan bir çalışmada bu miRNA' nın patates bitkisinde kuraklık ile ilgili bir miRNA olduğunu gösterilmiştir [135], osa-miR529' un başta kuraklık stresi olmak üzere farklı abiyotik stres faktörleri ile ilişkili olduğunu ve kuraklık stresi ile ifadesinin azaldığını gösteren bir çalışma literatürde mevcuttur [136], miR414 üzerine yapılan bir çalışma bu miRNA' nın kuraklık stresi ile ilişkili olduğunu belirtmektedir [137], miR529 yaptıkları çalışmada araştırmacılar tarafından kuraklık stresi ile ilişkilendirilmiştir [136]. Bu bilgiler ışığında; adı geçen abiyotik stres (özellikle kuraklık stresi) ilişkili miRNA' lar tarafından hedeflenen CssHsp-05 transkriptinin de stres ilişkili olabileceği söylenebilir.

CsHsp40 ailesinin transkriptleri arasında farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkript olan CsHsp40-72 transkriptini hedefleyen miRNA' ları incelemek gerekirse; miR166 hakkında yapılan çalışmada araştırmacılar bu miRNA' nın kuraklık stresi ile ilgili olduğunu belirtmişlerdir [138], miR-159 üzerine yapılan bir çalışmada araştırmacılar bu miRNA' nın bitkide stres koşulları ile ilgili olduklarını belirlemişlerdir [139]. Bu bilgiler ışığında stres ilişkili miRNA' lar tarafından hedeflenen CsHsp40-72 transkriptinin de stres faktörleri ve koşulları ile ilişkili olabileceği önerilebilir.

CsHsp60 ailesinin transkriptleri arasında farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkript olan CsHsp60-27 transkriptini hedefleyen miRNA' ları incelemek gerekirse; miR5185 üzerine yapılan bir çalışmada arařtırmacılar bu miRNA' nın stres faktörleri ile ilişkili olduğunu belirtmişlerdir [140]. Bu çalışmaya dayanarak stres ilişkili miR-5185' in birçok farklı türü tarafından hedeflenen CsHsp60-27 transkriptinin de stres ile ilişkili olabileceđi önerilebilir.

CsHsp70 ailesinin transkriptleri arasında farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkript olan CsHsp70-14 transkripti miR166' nın birçok farklı türü tarafından hedeflenmektedir. Literatürde miR166' yı stres ilişki olarak belirten bir çalışmaya dayandırılarak [138] CsHsp70-14 transkriptinin de stres ilişkili olduğu önerilebilir.

CsHsp100 ailesinin transkriptleri arasında farklı miRNA' lar tarafından en çok hedeflenen transkript olan CsHsp100-05 transkriptini hedefleyen miRNA' ları incelemek gerekirse; miR408' i stres koşulları ve bitki gelişimi ile ilişkilendiren birçok çalışma bulunmaktadır [141-144], miR5558' i stres koşulları ile ilişkilendiren bir çalışma da literatürde mevcuttur [145], miR7696 arařtırmacılar tarafından biyotik stres koşulları ile ilişkilendirilmiştir [146, 147]. Bu bilgiler ışığında, adı geçen miRNA' lar tarafından hedeflenen CsHsp100-05 transkriptinin de biyotik stres koşulları ile ilgili olduğu önerilebilir.

BÖLÜM II

4. TRANSKRİPTOMİKS VE GEN İFADESİ ANALİZLERİ

4.1. Materyal ve Yöntem

4.1.1. Kimyasal Madde ve Kitler

Deneyleerde kullanılan kimyasal maddeler ve kitler aşağıda sıralanmıştır:

- Asetik Asit (Glasiyal Asit, Merck)
- Agaroz (Applichem, Almanya)
- EDTA (Applichem, Almanya)
- Etanol (Kimetsan, Türkiye)
- Hoagland (Phyto Technology Laboratories, ABD)
- İzopropanol (Applichem, Almanya)
- Kloroform (Applichem, Almanya)
- SsoAdvanced™ Universal SYBR® Green Supermix (Biorad, ABD)
- RedSafe™ Nükleik Asit Renklendirme Solüsyonu (Intron Biotechnology, Güney Kore)
- 6X DNA Jel Yükleme Boyası (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- Polietilen Glikol 6000 (Applichem, Almanya)
- iScript™ cDNA Sentez Kiti (Biorad, ABD)
- RNaseZap (Ambion, ABD)
- DNase I (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- GeneRuler 100 bp DNA Belirteci (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- Sıvı azot
- RiboEx Toplam RNA Reaktifi (GeneAll, Güney Kore)
- PZR reaksiyon tüpü (Greiner bio-one, ABD)
- Tris (Applichem, Almanya)

4.1.2. Kullanılan Cihaz ve Aletler

Deneyleerde kullanılan kimyasal cihaz ve aletler ařađıda sıralanmıřtır:

- Buz makinesi (Hoshizaki, Europe Limited)
- Derin Dondurucu -82 °C (Glacier Nuaire Nu-9668E, Meksika)
- Derin Dondurucu -20 °C, Buzdolabı +4 (Arçelik 4252N, Türkiye)
- Distile Su Cihazı (Protek Lab, Türkiye)
- Elektroforez (Thermo Scientific EC1000XL2 ve EC300XL2, ABD)
- Hassas Terazi (Presica 350-8519, İsviçre)
- Jel görüntüleme sistemi ECX-F20.M (Vilber lourmat, Fransa)
- Jel görüntüleme sistemi Quantum ST5 (Vilber lourmat, Fransa)
- Light cyclers 480 II (Roche, ABD)
- Manyetik Karıştırıcı (Wisd Laboratory MSH-20A, Kore)
- Mikrodalga Fırın (Arçelik, Türkiye)
- Mikropipet (Thermo, ABD)
- Mikrosantrifüj (N2631-0007 Star Lab, Kore)
- Çok Amaçlı Vorteks (Wisd Laboratory Instruments, Kore)
- Phmetre (Jenco Quality Instruments, Çin)
- Realtime PZR (Roche Light Cycler 480 II, Almanya)
- Spektrofotometre Nano Drop (Thermo Sci. Multiskan go, Finlandiya)
- Soğutmalı Santrifüj (Hetrich Micro 220/220R, Almanya)
- Steril kabin Class II (Tezsan)
- Test kabini TK252 (Nüve, Türkiye)
- Thermal Cycler Isı blođu (Thermo, ABD)
- Thermo-Shaker (Biosan Ts-100, Letonya)
- UV Table Manuel (Prizma, Fransa)

4.1.3. Transkriptom Verileri Kullanılarak Salatalık Isı Şoku Genlerinin İfade Profillerinin Çıkarılması

Açık bir veri tabanı olan Sequence Read Archive (SRA, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra>), salatalık bitkisine ait transkriptom verileri için

taranmıştır. Uygun görülen Illumina HiSeq okumaları RNA-seq analizi yapılmak ham okuma verisi olarak, “.sra” formatında indirilmiştir, indirilen okuma dosyaları ve özellikleri Tablo 4.1’ de gösterilmiştir. Ardından NCBI SRA Toolkit yazılımı ile “.sra” formatlı okumalar ‘fastq’ formatına çevrilmiştir. Elde edilen okuma dosyalarının kalitelerinin kontrolü FASTQC yazılımı ile gerçekleştirilmiştir. Çok düşük kalitedeki okumalar çıkartılarak, geriye kalan okumalardan adaptörlerin uzaklaştırılması (trimming) CLC Genomics Workbench 11.01 ile gerçekleştirilmiştir. Adaptörler uzaklaştırıldıktan sonra kalite kontrolü tekrar edilmiştir ve düşük kaliteye sahip olan diziler uzaklaştırılmıştır. CLC Genomics Workbench 10.0 kullanılarak okumalar ile deney kurulumu gerçekleştirilmiştir, normalizasyon ve transformasyon işlemlerinin ardından gen ifade düzeylerini içeren tablolar elde edilmiştir. Gen ifade düzeylerini kullanarak Permut Matrix yazılımı ile ısı haritaları (heatmap) oluşturulmuştur [148] ve bu ısı haritaları kullanılarak gerçek zamanlı-PZR ile ifadesi çalışılacak genler seçilmiştir.

Tablo 4.1. Kullanılan okuma dosyaları ve özellikleri [149]

SRA Erişim No	Doku
SRR351476	Ovaryum (Genişlememiş)
SRR351489	Ovaryum (Döllenmiş)
SRR351495	Ovaryum (Döllenmemiş)
SRR351499	Kök
SRR351905	Gövde
SRR351906	Yaprak
SRR351908	Erkek Çiçek
SRR351910	Filiz
SRR351911	Bazal Filiz
SRR351912	Dişi Çiçek

4.1.4. Bitki Materyali ve Stres Uygulamaları

Salatalık tohumları (Altay) Monsanto Gıda ve Tarım Tic. Ltd. Şti (Antalya) den tedarik edilmiştir. Tohum kabukları ayrılarak distile su ile yıkandıktan sonra vermikülit dolu plastik saksılara ekimleri gerçekleştirilmiştir. Bitki örnekleri hidrofonic kültürde Hoagland solüsyonu [150] ile bitki büyütme kabiniinde 24 ± 2 °C ve 16 saat ışık ve 8 saat karanlık fotoperiyotta $400 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ışık şiddetinde üç yaprak seviyesine

gelinceye kadar 34 gün boyunca büyütülmüştür. Bitkiler yeterli seviyede büyüdüklerinde; kontrol örnekleri aynı koşullarda büyütülmeye devam edilmiştir, ABA uygulaması için gelişen salatalık bitkilerine 100 µM ABA solüsyonu püskürtülmüştür. Tuz stresi için gelişen salatalık bitkilerine 200 mM NaCl içeren Hoagland solüsyonu ile sulama yapılmıştır. Kuraklık stresi için gelişen salatalık bitkilerineyse %20 PEG içeren Hoagland solüsyonu ile sulama yapılmıştır. Muamelelerin uygulandığı ilk an sıfır noktası olarak kabul edilmiştir. Sıcaklık stresi için gelişen bitkiler 50°C’ de, soğuk stresi için gelişen bitkilerse 10°C’ de büyütülmeye devam edilmiştir. Sıfır noktasından itibaren 1., 3., 6., ve 12. saatlerde yaprak ve kök örnekleri alınmıştır. Toplanan örnekler sıvı azotta dondurularak analiz edilene kadar -86°C’ ta saklanmıştır.

4.1.5. Moleküler Genetik Analizleri

4.1.5.1. RNA izolasyonu

RNA izolasyonu RiboEx reaktifi kullanılarak gerçekleştirilmiştir. Yaklaşık 100 mg doku örnekleri ilk olarak steril havanlarda sıvı azot ile ezilmiştir. Ardından 1 ml RiboEx reaktifi eklenmiştir ve nükleoprotein komplekslerinin ayrılması için 20 dakika boyunca 65°C sıcaklıkta 1200 rpm karıştırma ile inkübe edilmiştir. İnkübasyondan sonra örneklerin üzerine 200 µl kloroform eklenerek oda sıcaklığında 2-3 dakika bekletilmiştir. Ardından örnekler 4°C’ ta 15000 rpm hızla 20 dakika boyunca santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrası oluşan üç fazdan en üstteki faz alınarak yeni bir tüpe aktarılmıştır ve aktarılan kısmın üzerine izopropanol eklenmiştir ve oda sıcaklığında 10 dakika beklemeye bırakılmıştır. Daha sonra 4°C’ ta 15000 rpm hızla 10 dakika santrifüj edilmiştir. Elde edilen pellet 1 ml %75’ lik etanol ile yıkanmıştır. Sonrasında 4°C’ ta 10000 rpm hızla 5 dakika santrifüj edilmiştir. Tüpteki etanol uzaklaştırılmıştır ve kalanın da uzaklaşması için oda sıcaklığında 5-10 dakika kurumaya bırakılmıştır. Etanol tamamen uzaklaştıktan sonra pellet üzerine 30 µl DEPCH ile muamele edilmiş su eklenmiştir ve 55°C’ de 10 dakika bekletilerek pelletin çözünmesi sağlanmıştır. RNA saflığı ve kalitesi, agaroz jel elektroforezi ve MultiScanGO nano-spektrofotometre (Thermo) cihazı kullanılarak kontrol edilmiştir. Elde edilen RNA’ lar analiz edilene kadar -86°C’ de saklanmıştır.

4.1.5.2. DNaz muamelesi

Yapılan izolasyon sonrası elde edilen RNA örneklerinden DNA bulaşını uzaklaştırmak amacıyla DNaz muamelesi yapılmıştır. *DNazI* enzimi kullanılarak örneklere bulaş olmuş olan DNA fragmentleri uzaklaştırılmıştır. Reaksiyon karışımları ve sıcaklık döngüleri Tablo 4.1 ' e göre hazırlanmış ve uygulanmıştır. DNaz ile muamele edilmiş RNA örnekleri komplementer DNA (cDNA) sentezinde kullanılmıştır.

Tablo 4.2. *DNaz reaksiyonunda kullanılan bileşenler ve reaksiyon adımları*

Bileşenler	Miktar
RNA	1 µg
10x MgCl ₂ içeren reaksiyon tamponu	1 µl
Dnaz I	1 µl (1U)
DEPC-muamele edilmiş su	10 µl' ye tamamlanır.
37°C' de 30 dakika inkübasyon	
50 mM EDTA	1 µl
65°C' de 10 dakika inkübasyon	

4.1.5.3. Komplementer DNA sentezi

RNA örneklerinden komplementer DNA sentezlenmesinde iScript™ cDNA Sentez Kiti kullanılmıştır. Tablo 4.2' ye göre reaksiyon karışımları hazırlanmış ve tablodaki sıcaklık döngüleri uygulanmıştır.

Tablo 4.3. *Komplementer DNA sentezinde kullanılan reaksiyon bileşenleri ve reaksiyon adımları*

Bileşenler	Miktar
5x iScript Reaksiyon Karışımı	4 µl
iScript Ters Transkriptaz	1 µl
RNA	1 µg
Nükleaz içermeyen su	20 µl' ye tamamlanır.
5 dakika 25° C	
20 dakika 46° C	
1 dakika 95° C	

4.1.5.4. Primer Tasarımı

Polimeraz zincir reaksiyonunda (PZR) ve gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonunda (RT-PZR) kullanılmak üzere transkriptom verilerinden seçilen genlere spesifik primerler tasarlanmıştır. Çalışmada internal kontrol olarak *α-Tubulin* geni (GenBank ID: XM_004149597.2) kullanılmıştır [151]. Dizayn edilen primerler ve dizileri Tablo 4.3' te gösterilmiştir.

Tablo 4.4. Kullanılan primerlerin dizileri ve temel özellikleri

Hsp Ailesi	Primer Adı	Amplikon Boyutu (bp)	Primer Yönü	Primer Dizisi (5'→3')	Primer Uzunluğu (bp)	GC Oranı (%)	Optimize Edilen Bağlanma Sıcaklığı
sHsp	CsHsp-08	258	Forward	TGCTTCCAACCTCAGAACCGA	20	50	55 °C
			Reverse	CTGCTACGTCCAACCTGGGT	20	55	
	CsHsp-09	265	Forward	AACTACGACGATGACGACCG	20	55	57 °C
			Reverse	CTGGCATGTCCATTCGGAGA	20	55	
Hsp40	CsHsp40-19	251	Forward	CGATCAGACGAAGAGGTCCG	20	60	57 °C
			Reverse	CGCTAGATCTGGAGCCGTC	20	60	
	CsHsp40-70	251	Forward	AAGGGCGATGACCTCTTGT	20	50	55 °C
			Reverse	CACTGTTCGGGTTCAGGA	20	55	
Hsp60	CsHsp60-05	200	Forward	CGCACTTAAAGCTCTGGGT	20	55	57 °C
			Reverse	CTCTTGGGTGCTACCGTCA	20	55	
	CsHsp60-23	235	Forward	AGGGATGCGATTGACAGAG	20	55	55 °C
			Reverse	ACCCCGCAACTTGTTCAGCA	20	50	
Hsp70	CsHsp70-06	252	Forward	GAACGCCGTGTCTACTGTTC	20	55	57 °C
			Reverse	GTGGCTTCACTCGAAGAT	20	55	
	CsHsp70-10	252	Forward	GGACAAGAAAGGTGGCGAGA	20	55	56 °C
			Reverse	GCACGCTCAGATTCCTTCT	20	55	
Hsp90	CsHsp90-02	206	Forward	CACGAGTGGTCTTGGTGAACA	22	50	59 °C
			Reverse	TCAAACAGATCAAAGGAGCCC	22	45	
	CsHsp90-03	216	Forward	ATCCCCATCTTGGAGCGAC	20	55	56 °C
			Reverse	GAAAGGGCAGTCTTCCACCA	20	55	
Hsp100	CsHsp100-01	166	Forward	GAGGAAGCTCGCCAACCTAGG	20	60	59 °C
			Reverse	CCTCAGTGCTCTACCAACC	20	60	
	CsHsp100-04	226	Forward	ATCCCGTGTGGTAGGCAG	20	55	55 °C
			Reverse	CCACGGTATTTGTGCCAGC	20	55	

4.1.5.5. Agaroz Jel Elektroforezi

Elde edilen örnekler belli aşamalarda %1' lik agaroz jel elektroforezi ile kontrol edilmiştir. Agaroz jelin hazırlanması için 1 gram agaroz tartılarak 100 ml Tris-asetik asit-EDTA (TAE) tamponunda çözülmüştür. Ardından jel karışımına 5 µl RedSafe eklenmiştir ve elektroforez tankına dökülmüştür. Uygun taraklar yerleştirilmiştir, yaklaşık 20 dakika jelin katılaşmasının beklenmesinin ardından taraklar alınarak jel yüklemeye hazır hale getirilmiştir. 1x TAE tamponu Tablo 4.4' e göre hazırlanmıştır.

Tablo 4.5. *Tris-EDTA tamponunun bileşenleri ve hazırlanması*

Bileşenler	Miktar
TRİS	48,5 gr
Glasiyal Asetik Asit	11,4 ml
EDTA	20 ml (0,5 M pH:8)
Toplam karışım 800 ml distile su içerisinde çözülmüştür, ardından son hacim 1000 ml olacak şekilde distile su ile tamamlanmıştır.	

Örneklerin jele yüklenmesinde 6x DNA jel yükleme boyası kullanılmıştır. RNA örneklerin DNaz muamelesi sonrası kontrolü için 2 µl RNA örneği ve 8 µl su 2 µl 6x DNA jel yükleme boyası ile karıştırılarak jele yüklenmiştir. PZR ürünlerinin jele yüklenmesindeyse 20 µl PZR ürünü 4 µl 6x DNA jel yükleme boyası ile karıştırılarak jele yüklenmiştir. Jelde yürüyen örneklerin boyutlarının belirlenebilmesi amacıyla GeneRuler 100 bp DNA Belirteci kullanılmıştır. 1 µl GeneRuler 100 bp DNA Belirteci jele yüklenirken 4 µl su ve 1 µl 6x DNA jel yükleme boyası ile karıştırılarak jele yüklenmiştir.

4.1.6. Salatalık Isı Şoku Genlerinin İfadelerinin Gerçek Zamanlı-PZR ile Doğrulanması

Dizayn edilen primerler ile yapılacak olan Polimeraz Zincir Reaksiyonlarının optimizasyonu için elde edilen cDNA kullanılmıştır ve sıcaklık gradiyenti uygulanarak primer çiftlerinin uygun bağlanma sıcaklıkları bulunmuştur. Primerler için optimize edilen bağlanma sıcaklıkları Tablo 4.3' te gösterilmiştir. PZR reaksiyonları Tablo 4.5' e göre hazırlanmıştır. Optimizasyon işlemi için Thermo Cyclers termal döngü cihazı Tablo 4.6' da belirtilen program ile çalıştırılmıştır. PZR reaksiyonu sonrası elde edilen ürünler, %1' lık agaroz jelde 110 Volt ile yaklaşık 45 dakika yürütülerek UV ışık altında Quantum ST5 cihazı ile görüntülenmiştir. Agaroz jelde uygun bantlar oluşturan

PZR reaksiyonlarının koşulları genlerin ifade seviyelerinin doğrulanması için yapılacak olan gerçek zamanlı-PZR analizlerinde kullanılmıştır.

Tablo 4.6. PZR reaksiyonunda kullanılan bileşenler

Reaksiyon Bileşenleri	Miktar
10X reaksiyon buffer	2 µl
dNTP	2 µl
MgCl ₂	3 µl
İleri Primer	1 µl
Geri Primer	1 µl
Taq DNA Polimeraz	0,5 µl
Kalıp cDNA	100 ng
Son hacim 20 µl olacak şekilde PZR kalitesinde su eklenir.	

Gerçek zamanlı-PZR ile salatalık ısı şoku genlerinin ifadelerinin doğrulanması amacı ile her aşamada örnekleme üç tekrar yapılarak çalışılmıştır. Gerçek zamanlı-PZR için uygun reaksiyon karışımları ve uygulanacak sıcaklık döngüleri Tablo 4.7 ve Tablo 4.8’ de gösterilmiştir. Sybergreen için uygun dalga boyu olan 530 nm’ de okumalar yapılacaktır. Doğru gen bölgesinin çoğaltılıp çoğaltılmadığının kontrolü 65 °C’den 95 °C ye kadar her bir 0,5 °C derecelik artışta okuma yapılarak gerçekleştirilen erime eğrisi analizi ile sağlanacaktır.

Tablo 4.7. PZR reaksiyon koşulları

Basamaklar	Uygulanan Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Başlangıç Denatürasyonu	95 °C	5 dk	1
Denatürasyon	95 °C	1 dk	35
Birleşme	Her primer çifti için optimize edilen sıcaklık	1 dk	
Uzama	72 °C	1 dk	
Son uzama	72 °C	7 dk	1

Bağıl gen ifadesi analizlerinde α -*Tubulin* referans gen olarak alınıp buna göre Δ CT ve $\Delta\Delta$ CT değerleri, Δ CT = CT_{örnek} - CT_{referans} ve $\Delta\Delta$ CT = Δ CT_{stres verilmiş örnek} - Δ CT_{kontrol örneği} olarak hesaplanmıştır. Gen ifade seviyelerinin karşılaştırması $2^{-\Delta\Delta$ CT değerleri üzerinden yapılmıştır [152]. Sonuçların istatistiki analizinde TekYönlü-ANOVA testi kullanılmış ve P değeri < 0,01 ise farklılık anlamlı olarak kabul edilmiştir. İstatistik olarak anlamlı farkı göstermek için “*” P değeri < 0,1; “**” P değeri < 0,05; “***” P değeri < 0,01 şeklinde gösterilmiştir.

Tablo 4.8. Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon bileşimleri

Reaksiyon Bileşenleri	Miktar
Supermix	10 μ l
İleri Primer	1 μ l
Geri Primer	1 μ l
Kalıp cDNA	100 ng
Su ile 20 μ l' ye tamamlanır.	

Tablo 4.9. Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon koşulları

Program	Sıcaklık	Okuma	Döngü Sayısı	Bekleme Süresi
Başlangıç			1	
Denatürasyonu	95 °C	-		300 sn
Denatürasyon	95 °C	-		10 sn
Birleşme	60 °C	-	45	20 sn
Uzama	72 °C	Tek		10 sn
Erime I	95 °C	-		5 sn
Erime II	65 °C	Sürekli	1	60 sn
Erime III	97 °C			-
Soğutma	4 °C	-	1	10 sn

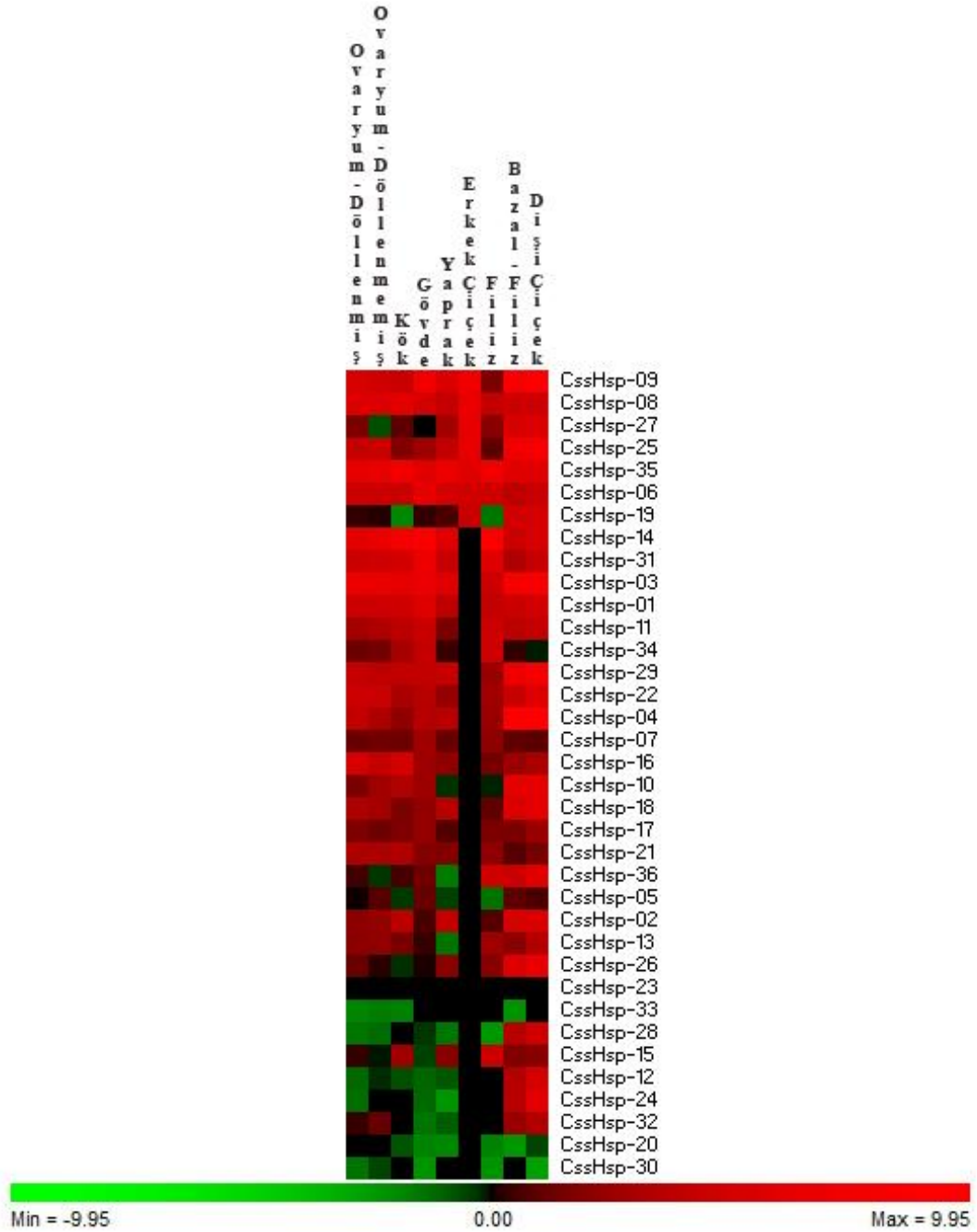
4.2. Bulgular

4.2.1. Transkriptom Verilerinin Analizi ve Gerçek-Zamanlı PZR ile Çalışılacak Genlerin Seçilmesi

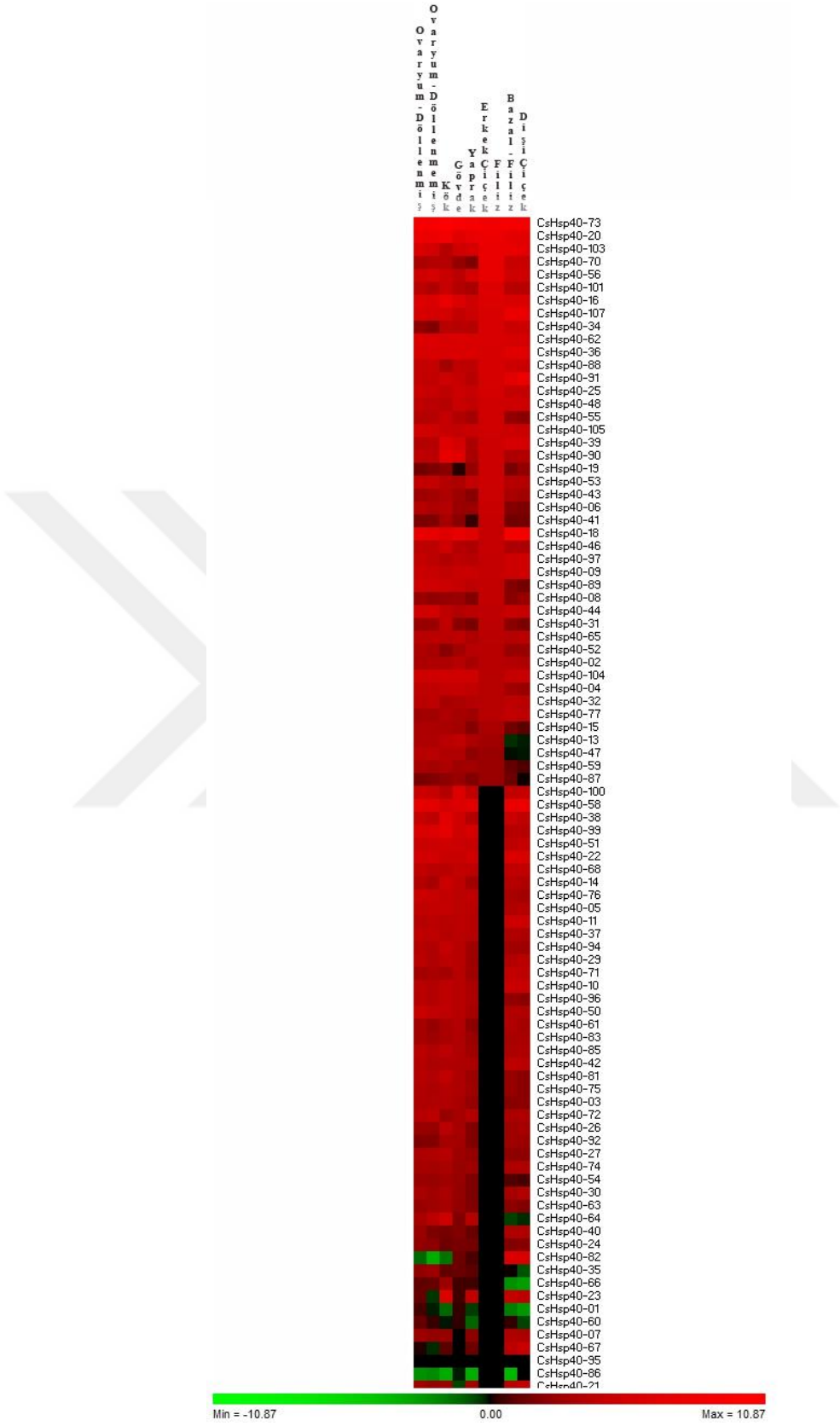
Gerçek zamanlı-PZR ile stres karşısında ifadesindeki değişimler çalışılacak olan genler oluşturulan ısı haritaları üzerinden seçilmiştir. Transkriptom verileri elde edilmiş, ardından istenilen genler seçilerek deney düzeneği haline getirilmiştir. Ardından normalizasyon ve transformasyon işlemlerinden geçen veriler, Permut Matrix yazılımı kullanılarak ısı haritaları haline getirilmiştir. *CsHsp* genleri için hazırlanan ısı haritaları Şekil 4.1-4.6 olarak gösterilmiştir, ısı haritalarının hazırlanmasında kullanılan okuma dosyalarının erişim numaraları ve detaylarıysa Tablo 4.1’ de gösterilmiştir. Çalışma esnasında veri tabanında salatalığın stres koşullarındaki transkriptomu ile ilgili okuma verisi olmadığı için, farklı organların yer aldığı okuma dosyası seti seçilerek işlenmiştir.

CssHsp ailesi için *CssHsp-08* ve *CssHsp-09* genleri doğrulama analizi için seçilmiştir. *CsHsp40* ailesi için *CsHsp40-19* ve *CsHsp40-70* genleri doğrulama analizi için seçilmiştir. *CsHsp60* ailesi için *CsHsp60-05* ve *CsHsp60-23* genleri doğrulama analizi için seçilmiştir. *CsHsp70* ailesi için *CsHsp70-06* ve *CsHsp70-10* genleri doğrulama

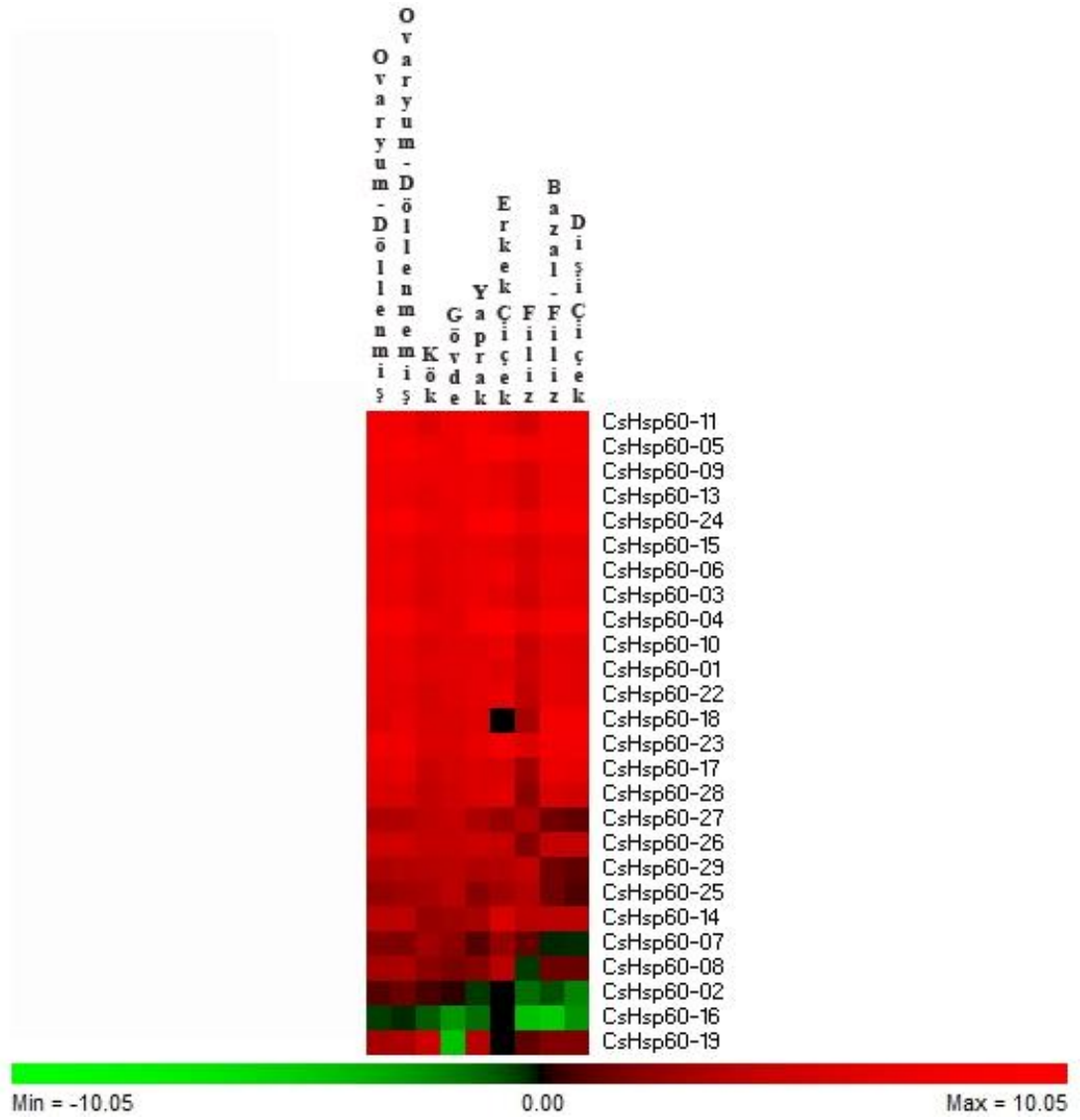
analizi için seçilmiştir. CsHsp90 ailesi için *CsHsp90-02* ve *CsHsp90-03* genleri doğrulama analizi için seçilmiştir. CsHsp100 ailesi için *CsHsp100-01* ve *CsHsp100-04* genleri doğrulama analizi için seçilmiştir. Doğrulama analizleri için seçilen genler ve bu genlerin gerçek zamanlı-PZR reaksiyonlarında kullanılacak olan primerler Tablo 4.4 olarak gösterilmiştir.



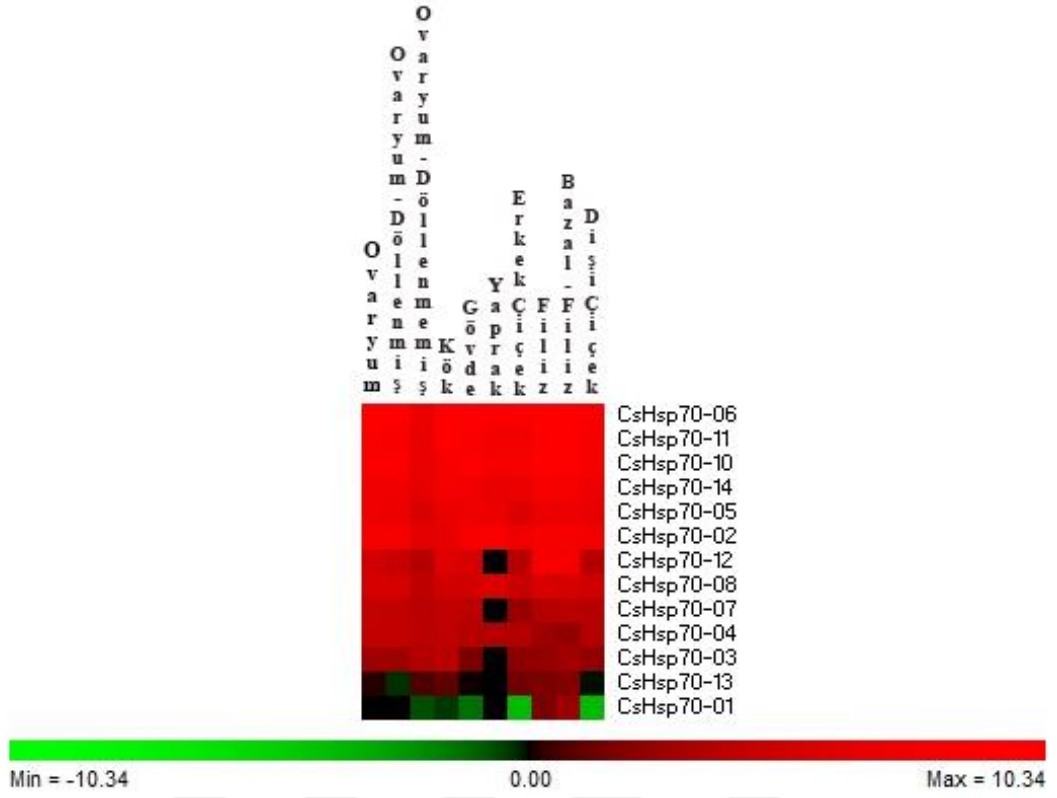
Şekil 4.1. Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CssHsp* genlerinin ısı haritası



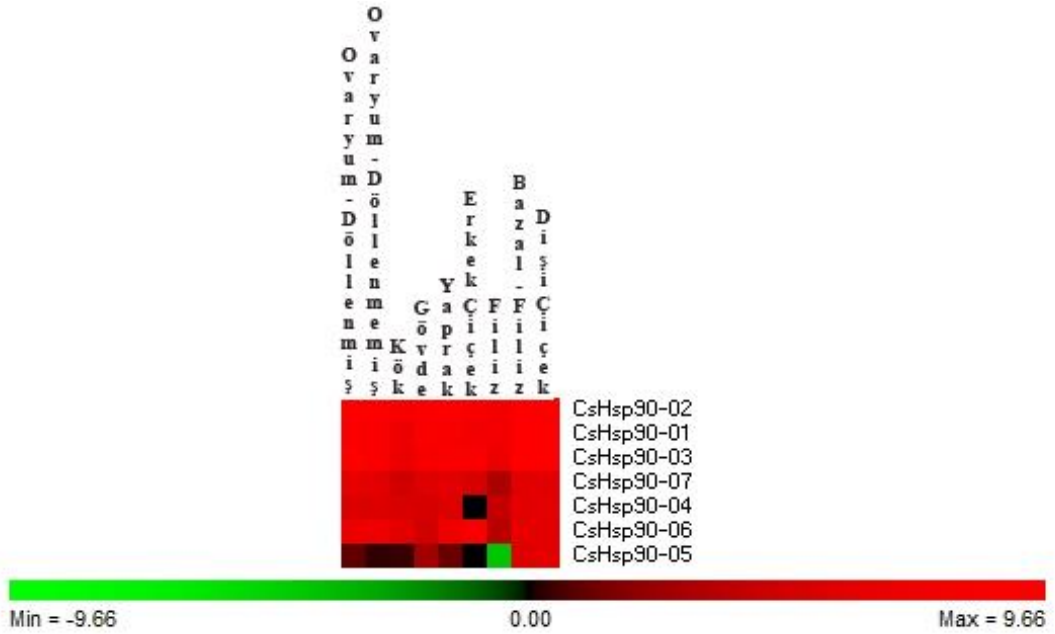
Şekil 4.2. Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CsHsp40* genlerinin ısı haritası



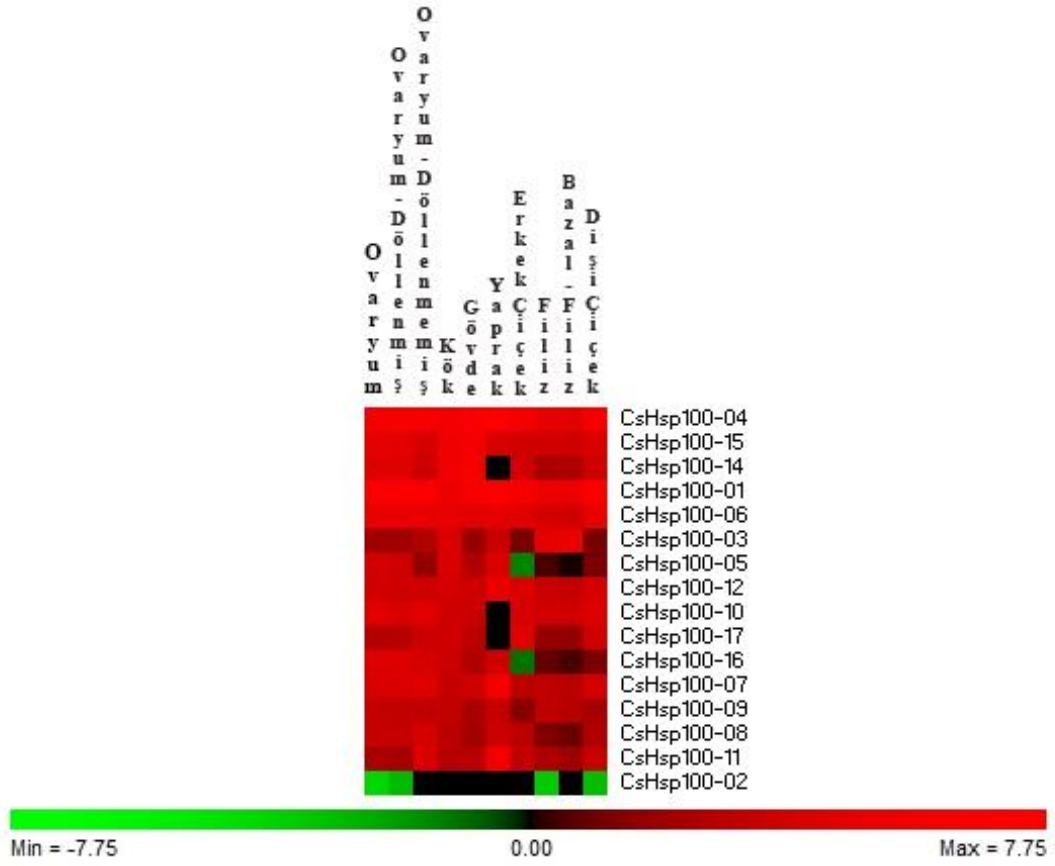
Şekil 4.3. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp60 genlerinin ısı haritası



Şekil 4.4. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp70 genlerinin ısı haritası



Şekil 4.5. Transkriptom verileri ile hazırlanmış CsHsp90 genlerinin ısı haritası



Şekil 4.6. Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CsHsp100* genlerinin ısı haritası

4.2.2. Kuraklık Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Hsp ailelerine ait genlerin kuraklık stresi karşısında ifade seviyelerindeki değişim gerçek zamanlı-PZR analizleri ile belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar Şekil 4.7 ve Şekil 4.8’ de gösterilmiştir.



Şekil 4.7. Kuraklık stresi karşısında *CssHsp*, *CsHsp40* ve *CsHsp60* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri



Şekil 4.8. Kuraklık stresi karşısında *CsHsp70*, *CsHsp90* ve *CsHsp100* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri

Isı şoku proteini ailesi üyelerinin kuraklık stresi karşısında ifade seviyelerindeki değişimler aşağıda anlatıldığı gibidir. Yaprakta *CssHsp-08* geninin ifadesinin 1. Saatte arttığı, ardından 12. saate kadar daha düşük bir seviyede seyrettiği ve 12. saatte yaklaşık 60 katlık bir artış gösterdiği görülmektedir. Kökteyse ilk 6 saatte düşük bir ifade seviyesine sahip olan gen 12. saatte yaklaşık 3 katlık bir ifade artışı göstermiştir. *CssHsp-09* geni ise yaprakta ilk saatte bir ifade değişikliği göstermemiş, 3. saatten itibaren artışa başlayarak 6. saatte en yüksek ifade seviyesine ulaşmıştır. 6. saatte yaklaşık 4 katlık bir ifade artışı gözlenmiştir. 12. saatteyse ifade artışı azalmıştır. Kökteyse 1., 6. ve 12. saatlerde neredeyse hiç ifade gözlenmemiştir, fakat 3. saatte ifade yaklaşık 5 kat artmıştır. *CsHsp40-19* geninin ifadesi yaprakta ilk saatte bir miktar azalmıştır, 3. ve 6. saatlerde yaklaşık 3 katlık bir artış göstermiş ve ardından eski seviyesine geri dönmüştür. Aynı genin kökteki ifadesiyse ilk saatte artmıştır, ancak 3. ve 6. saatlerde ilk andaki ifadeden daha azdır, 12. saatteyse ifade yaklaşık 14 kat artmıştır. Yaprakta, *CsHsp40-70* geni 1. saatte ve 3. saatte yaklaşık 10 katlık bir ifade artışı göstermiştir ardından 6. saatte ifade seviyesi azalmıştır ancak 12. saatte yaklaşık 20 katlık bir ifade artışı gözlenmiştir. Kökteyse, 1., 3. ve 12. saatlerde yaklaşık 8 katlık bir artış görülmektedir. *CsHsp60* geninin salatalık yapraklarında stres karşısında ifadesi 1. saatte değişmemiştir, 3. ve 6. saatlerde yaklaşık 3,5 kat artmıştır ve 12. saatte başlangıca göre 1,5 kat artmıştır. Kökteyse ilk 6 saat gen ifadesi azalsa da 12. saatte yaklaşık 3 katlık bir artış görülmüştür. *CsHsp60-23* geninin ifadesi yaprakta ilk 6 saatte azalmıştır hatta yok denecek kadar azdır ancak 12. saatte yaklaşık 3 kat artmıştır. Bu genin ifadesi kökteyse ilk altı saat başlangıçtaki seviyesinin altında olsa da 12. saatte yaklaşık 3 katlık bir artış gözlenmiştir. *CsHsp70-06* geninin yapraktaki ifadesinde stres karşısında büyük bir değişiklik görülmesinde kökte 1. ve 12. saatlerde yaklaşık 2,5 katlık bir artış göze çarpmaktadır. *CsHsp70-10* geninin ifadesi yaprakta ilk saatten başlayarak 3. saate kadar artmış ve yaklaşık 13 katına çıkmıştır, daha sonra 6. saatte 3. saate göre bir miktar azalmıştır fakat 12. saatte başlangıca göre yaklaşık 20 kat fazla ifade olduğu gözlenmiştir. Kökteyse 3. ve 6. saatlerde başlangıca göre gen ifadesi azalmış olsa da 1. ve 12. saatlerde yaklaşık 2,5 katlık bir artış gözlenmiştir. *CsHsp90-02* geninin ifadesi yaprakta kademeli olarak 3. saate kadar artmış 6. saatte biraz azalmıştır ve 12. saatte 2,5 katına çıkmıştır. Aynı genin ifadesi kökteyse ilk andan itibaren yok denecek kadar azalmıştır. *CsHsp90-03* geninin ifadesi yaprakta 3. ve 12. saatlerde yaklaşık 2 katına çıkmıştır ancak diğer saatlerde başlangıca göre azalmıştır.

CsHsp100-01 geninin ifadesi yaprakta 1. saatte bir miktar artmış 3. saatte bir miktar azalmıştır, 6. ve 12. saatlerdeyse yaklaşık 1,5 katlık bir artış gözlenmiştir. Kökteyşe başlangıçtan sonra genin ifadesi azalmıştır. *CsHsp100-04* geninin ifadesi ise yaprakta 12. saate kadar kademeli olarak artmış ve 12. saatte başlangıcın 2 katına ulaşmıştır. Kökteyşe 1. ve 12. saatlerde yaklaşık 3 katlık bir artış göstermiş, diğer saatlerdeyse bir miktar azalmıştır.

4.2.3. Tuzluluk Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Hsp ailelerine ait genlerin tuzluluk stresi karşısında ifade seviyelerindeki değişim gerçek zamanlı-PZR analizleri ile belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar Şekil 4.8' de gösterilmiştir.

Isı şoku proteini ailesi üyelerinin tuz stresi karşısında ifade seviyelerindeki değişimler aşağıda anlatıldığı gibidir. *CssHsp-08* geninin ifadesi yaprakta 1. saatte 6 katına, 3. ve 6. saatlerde 19 katına çıkmıştır, ancak 12. saatte gen ifadesi başlangıca göre düşük bir seviyeye gerilemiştir. Kökteyşe gen ifadesi kademeli olarak artarak 12. saatte yaklaşık 14 katına çıkmıştır. *CssHsp-09* geninin ifadesi yaprakta 3. saatte yaklaşık 2 katına çıkmıştır ancak diğer saatlerde başlangıca göre düşük bir gen ifadesi gözlenmiştir. Kökteyşe ifade 12. saate kadar azalmış 12. saatteyse yaklaşık 5 katlık bir artış göstermiştir. *CsHsp40-19* ve *CsHsp40-70* genlerinin yapraktaki ifadeleri 3. saate kadar kademeli olarak artmış, 3. saatte yaklaşık 12 katına çıkmıştır ve daha sonra başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyşe *CsHsp40-19* genin ifadesinde kayda değer bir değişiklik gözlenmezken, *CsHsp40-70* geninin ifadesi 6 saate kadar kademeli olarak artarak başlangıç seviyesinin yaklaşık 22 katına çıkmıştır ve 12. saatte başlangıç seviyesinin 4 katına düşmüştür. *CsHsp60-05* geninin ifadesi yaprakta ilk saatte yaklaşık 6 katına çıkmıştır ancak 12. saate kadar azalarak başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Kökteyşe 3. saatte ve 6. saatte yaklaşık 6-7 kat yükselmiş, 12. saatteyse başlangıç seviyesinin iki katına gerilemiştir. *CsHsp60-23* geninin ifadesi yaprakta 1. saatte ve 3. saatlerde başlangıç seviyesinin 10 katına çıkmıştır, ancak 6. ve 12. saatlerde başlangıç seviyesinin de altında bir gen ifadesi gözlenmiştir. *CsHsp70-06* geninin ifadesi yaprakta 1. saatte yok denebilecek kadar azdır, ancak 3. saatte

başlangıç seviyesinin 7 katına kadar yükselmiştir, 6. saatte başlangıç seviyesinin iki katına gerilemiştir ve 12. saatte başlangıç seviyesinin altına inmiştir. Kökteyse 3. saate kadar kademeli olarak artarak 3. saatte başlangıç seviyesinin 8 katına yükselmiştir, 6. ve 12. saatlerdeyse başlangıç seviyesinin ortalama 3 katı seviyelerde seyretmiştir. *CsHsp70-10* geninin yapraktaki ifadesi 1.ve 3. saatlerde başlangıç seviyesinin yaklaşık 3 katı kadardır, ancak 6. ve 12. saatlerde başlangıç seviyesinin altında bir gen ifadesi gözlenmiştir. Aynı genin kökteki ifadesiyse 12. saate kadar kayda değer bir değişiklik göstermese de 12. saatte başlangıç seviyesinin 10 katına yükselmiştir. *CsHsp90-02* geninin yapraktaki ifadesi 3. saate kadar kademeli olarak artarak 3. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 3,5 katına kadar yükselmiştir, daha sonra azalarak 12. saatte başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Kökteyse 12. saate kadar kayda değer bir değişiklik gözlenmezken 12. saatte gen ifadesi başlangıç seviyesinin yaklaşık 15 katına çıkmıştır. *CsHsp90-03* geninin yapraktaki ifadesi 1. saatte yaklaşık 2,5 katına çıkmıştır ancak diğer saatlerde kayda değer bir değişiklik gözlenmemiştir ve 12. saatte başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Aynı genin kökteki ifadesiyse 3. saatte yaklaşık 4 kat artmıştır. *CsHsp100-01* geninin yapraktaki ifadesi kayda değer bir değişim göstermezken, kökteki ifadesi başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir. *CsHsp100-04* geninin ifadesi 3. saate kadar kademeli olarak artmıştır ve 3. saatten sonra da kademeli olarak azalmıştır, 3. saatteyse başlangıca göre yaklaşık 5 kat artmıştır. Kökteyse 1. saatten itibaren genin ifadesinde ortalama 4 katlık bir artış gözlenmiştir.



Şekil 4.9. Tuz stresi karşısında *CssHsp*, *CsHsp40* ve *CsHsp60* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri



Şekil 4.10. Tuzluluk stresi karşısında *Cshsp*, *Cshsp40* ve *Cshsp60* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri

4.2.4. Sıcak Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Hsp ailelerine ait genlerin yüksek sıcaklık karşısında ifade seviyelerindeki değişim gerçek zamanlı-PZR analizleri ile belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar Şekil 4.9' da gösterilmiştir.

Isı şoku proteini ailesi üyelerinin yüksek sıcaklık ifade seviyelerindeki değişimler aşağıda anlatıldığı gibidir. *CssHsp-08* geninin yaprakta ve kökteki ifadeleri 12. saate kadar başlangıç seviyesinin altında seyretmişlerdir ve 12. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 4-5 katına çıkmışlardır. *CssHsp-09* geninin yapraktaki ifadesi 1. saatte yaklaşık 3 kat, 3. saatteyse yaklaşık 13 kat artmıştır ve 6. saatten itibaren başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Kökteyse 1. saatte 11 kat, 3. saatte 6 kat, 6. saatte yaklaşık 16 kat ve 12. saatte yaklaşık 3 kat artan bir gen ifadesi gözlenmiştir. *CsHsp40-19* geninin ifadesi yaprakta da kökte de kayda değer bir değişiklik göstermemiştir yalnızca kökte 1. saatte 2 katına çıkmıştır. *CsHsp40-70* geninin ifadesiyse 3. saatte yaklaşık 3 kat artmıştır ve 12. saatte yaklaşık 4 kat artmıştır. Kökteyse 1. saatte yaklaşık 6 kat artan gen ifadesi daha sonra başlangıç seviyesine yakın seyretmiştir. *CsHsp60-05* geninin ifadesi yaprakta başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir, kökteyse kayda değer bir değişiklik olmamıştır. *CsHsp60-23* geninin yapraktaki ifadesiyse ilk saatte yaklaşık 2 kat artmıştır ancak 6. saat itibariyle başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Kökteyse 1. saatte yaklaşık 13 kat artan, 3. ve 6. saatlerdeyse başlangıç seviyesinin 10 katında seyreden ve 12. saatte başlangıç seviyesinin altına düşen bir gen ifadesi görülmüştür. *CsHsp70-06* geninin yapraktaki ifadesinde kayda değer bir değişiklik olmamıştır, kökteyse gen ifadesi başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir. *CsHsp70-10* geninin yapraktaki ifadesi 1. saatte 10 kat artmıştır ancak daha sonra başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyse bu genin ifadesi başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir. *CsHsp90* genleri başlangıç yaprakta da kökte de başlangıç seviyesinden daha düşük bir ifadeye sahiptirler. *CsHsp100-01* geninin yapraktaki ifadesi 1. saatte yaklaşık 3,5 kat artmıştır, 3. saatte başlangıç seviyesinin 2 katı kadar bir ifade gözlene de daha sonra başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. *CsHsp100-04* geninin yapraktaki ifadesi başlangıç seviyesinin altında

seyretmiştir ancak kökte 1. ve 6. saatlerde yaklaşık 3,5 katlık ve 5,5 katlık bir artış görmüştür.



Şekil 4.11. Yüksek sıcaklık karşısında *CssHsp*, *CsHsp40* ve *CsHsp60* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri



Şekil 4.12. Yüksek sıcaklık karşısında *CsHsp70*, *CsHsp90* ve *CsHsp100* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri

4.2.5. Soğuk Stresi Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Hsp ailelerine ait genlerin düşük sıcaklık karşısında ifade seviyelerindeki değişim gerçek zamanlı-PZR analizleri ile belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar Şekil 4.10' da gösterilmiştir.

Isı şoku proteini ailesi üyelerinin düşük sıcaklık karşısında ifade seviyelerindeki değişimler aşağıda anlatıldığı gibidir. *CssHsp-08* geninin yapraktaki ifadesi değerlendirildiğinde 3. saate kadar kademeli olarak yükseliş ardından 6. saatte düşüş ve 12. saatte yeniden bir yükseliş görülmektedir, gen ifadesi 3. saatte ve 12. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 2,5 katına 12. katına çıkmıştır. Kökteyse 12. saate kadar başlangıç seviyesinin altında seyreden gen ifadesi 12. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 4 katına çıkmıştır. *CssHsp-09* geninin ifadesi yaprakta da kökte de kayda değer bir değişiklik göstermemiştir. *CsHsp40-19* geninin ifadesi ilk saatten itibaren kademeli olarak artmıştır ve 3. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 8 katına çıkmıştır, 6. saatte de aynı seviyelerde olan gen ifadesi 12. saatte başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Kökteyse 3. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 1,5 katı kadar bir gen ifadesi gözlenmiştir ancak onun dışında başlangıç seviyesinin altında kalmıştır. *CsHsp40-70* genin yapraktaki ifadesi *CsHsp40-19* geni ile aynıdır ancak 12. saatte *CsHsp40-70* geninin ifadesi yeniden yükselerek başlangıç seviyesinin 10 katına kadar çıkmıştır. Kökteyse 12. saate kadar başlangıç seviyesinin biraz üstünde seyreden gen ifadesi 12. saatte yaklaşık 8 kat artmıştır. *CsHsp60-05* geninin yapraktaki ifadesi 12. saate kadar başlangıç seviyesinin altında ya da başlangıç seviyesinde seyretmiştir ve 12. saatte yaklaşık 1,7 katlık bir artış gözlenmiştir. Kökte de 12. saate kadar başlangıç seviyesi ve altında seyreden gen ifadesi 12. saatte 1,8 katlık bir artış göstermiştir. *CsHsp60-23* geninin ifadesi 3. ve 12. saatlerde yükselerek başlangıç seviyesinin 2-2,5 katına çıkmıştır. Kökteyse 1. saate 1,6 kat yükselen gen ifadesi daha sonra düşmüştür ancak 12. saatte yeniden 2,5 katlık bir artış göstermiştir. *CsHsp70-06* geninin yapraktaki ifadesi 12. saate kadar başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir ancak 12. saate yaklaşık 3 katlık bir artış göstermiştir. Kökteyse 1. saate gen ifadesi 3,5 kat kadar

artmış ardından 3. saate 3 katlık bir artış göstermiş ve daha sonra başlangıç seviyesine geri dönmüştür. *CsHsp70-10* geninin ifadesi 1. saatte 5 katlık bir artış göstermiştir, 3. saatte yeniden başlangıç seviyesine düşmüş ve 12. saatte yükselerek 5 katlık bir artış göstermiştir. Kökteyse bu genin ifadesinde kayda değer bir değişiklik olmamıştır. *CsHsp90-02* geninin hem yapraktaki hem de kökteki ifadesi 12. saate kadar başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir ve 12. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 1,4 katına çıkmıştır. *CsHsp90-03* geninin ifadesi hem yaprakta hem de kökte başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir. *CsHsp100-01* geninin yapraktaki ifadesinde kayda değer bir değişiklik görülmezken, kökteki ifadesi ilk saatte yaklaşık 3 katlık bir artış göstermiş daha sonra 12. saate kadar başlangıç seviyesinin altında seyretmiştir, 12. saatteyse başlangıç seviyesinin 15 katına yükselmiştir. *CsHsp100-04* geninin yapraktaki ifadesi genelde başlangıç seviyesinin biraz üzerinde seyretmiştir ve 12. saatte 1,8 katına çıkmıştır. Kökteki gen ifadesindeyse 12. saate kadar kayda değer bir değişiklik göstermezken 12. saatte yaklaşık 9 katlık bir artış göstermiştir.



Şekil 4.13. Düşük sıcaklık karşısında *CssHsp*, *CsHsp40* ve *CsHsp60* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri



Şekil 4.14. Düşük sıcaklık karşısında *CsHsp70*, *CsHsp90* ve *CsHsp100* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri

4.2.6. ABA Uygulaması Altında Hsp Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Hsp ailelerine ait genlerin ABA uygulaması karşısında ifade seviyelerindeki değişim gerçek zamanlı-PZR analizleri ile belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar Şekil 4.11' de gösterilmiştir.



Şekil 4.15. ABA uygulaması karşısında *CsHsp*, *CsHsp40* ve *CsHsp60* genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri



Şekil 4.16. Şekil 4.15. ABA uygulaması karşısında CsHsp70, CsHsp90 ve CsHsp100 genlerinin ifade seviyelerinin değişimleri

Isı şoku proteini ailesi üyelerinin absisik asit uygulaması sonucunda ifade seviyelerindeki değişimler aşağıda anlatıldığı gibidir. *CssHsp-08* geninin ifadesi 12. saate kadar başlangıç seviyesinin 3-4 kat üzerinde seyretmiştir ve 12. saatte başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyse 1. saatte 5 katlık bir artış gösteren gen ifadesi daha sonra kademeli olarak azalarak 12. saatte yok denecek kadar az bir seviyeye gelmiştir. *CssHsp-09* geninin yapraktaki ifadesi 1. saatte 6,5 katlık bir artış gösteren gen ifadesi daha sonra kademeli olarak azalarak 12. saatte yok denecek kadar az bir seviyeye gelmiştir. Genin kökteki ifadesindeyse kayda değer bir değişiklik görülmemiştir. *CsHsp40-19* geninin yapraktaki ifadesi 1. saate 12 kat artmıştır ve bu artış 3. saatte devam etmiştir, 6. saatteyse 4 kata düşerek 12. saatte başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyse 1. saatte 15 katına çıkan gen ifadesi 3. ve 6. saatlerde 4 kat civarına gerilemişlerdir ancak 12. saatte başlangıç seviyesinin 12 katına yükselmiştir. *CsHsp40-70* geninin ifadesi 12. saate kadar başlangıç seviyesinin 8-10 katı kadar bir seviyede gözlenmiştir ancak 12. saatte başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Kökteyse gen ifadesinin 1. saatte 3 kat yükselmesi dışında kayda değer bir değişiklik gözlenmemiştir. *CsHsp60-05* geninin yapraktaki ifadesi 1. ve 3. saatlerde başlangıç seviyesinin 3-4 katına kadar yükselmiştir, ardından azalarak 12. saatte başlangıç seviyesine düşmüştür. Kökteyse 6. saatte başlangıç seviyesinin 2 katına çıkan gen ifadesi dışında kayda değer bir değişim gözlenmemiştir. *CsHsp60-23* geninin yapraktaki ifadesi 1. ve 3. saatlerde başlangıç seviyesinin 3-4 kat fazlası olarak gözlenmiştir, 6. saat ile birlikte azalarak 12. saatte başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyse 6. saatte başlangıç seviyesinin 2 katına kadar yükselen bir gen ifadesi dışında kayda değer bir değişim gözlenmemiştir. *CsHsp70-06* geninin yapraktaki ifadesi ilk saatte yaklaşık 6 kat artmıştır, ardından 3. ve 6. saatlerde başlangıç seviyesinin yaklaşık 3 katı olacak bir gen ifadesi gözlenmiştir ve 12. saatte başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyse gen ifadesi kademeli olarak artarak 6. saatte başlangıç seviyesinin 14 katına ulaşmıştır ve 12. saatte başlangıç seviyesinin 2 katına kadar gerilemiştir. *CsHsp70-10* geninin yapraktaki ifadesi kademeli bir artış ve azalış göstermiştir, 3. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 2,5 katına ulaşmıştır. Kökteyse bu genin ifadesinde kayda değer bir değişim gözlenmemiştir. *CsHsp90-02* geninin yapraktaki ifadesi 1. saatte 3 kat artmıştır, 3. ve 6. saatlerde başlangıç seviyesinin 2-2,5 katı kadar gözlenen gen ifadesi 12. saatte başlangıç seviyesinin altına düşmüştür. Kökteyse 6. saatte başlangıç seviyesinin 2 katına çıkan bir gen ifadesi dışında kayda

değer bir değişiklik gözlenmemiştir. *CsHsp90-03* geninin yapraktaki ifadesi ilk saatte yaklaşık 6 kat artmıştır, daha sonraysa başlangıç seviyesine yakın seyretmiştir. Kökteyse 3. ve 6. saatlerde başlangıç seviyesinin 3 katına kadar yükselen gen ifadesi 12. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 2 katına kadar azalmıştır. *CsHsp100-01* geninin yapraktaki ifadesi ilk saatte yaklaşık 7 kat artmıştır, 3. saatte başlangıç seviyesine gerilemiş ardından 6. saatte başlangıç seviyesinin 16 katına kadar yükselmiş ve 12. saatte başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyse 1. saatte yaklaşık 8 katlık bir artış gösteren gen ifadesi, 3. saatte başlangıç seviyesinin 25 katına 6. saatteyse 23 katına çıkmıştır ve 12. saatte başlangıç seviyesinin yaklaşık 16 katı kadar bir gen ifadesi gözlenmiştir. *CsHsp100-04* geninin yapraktaki ifadesi kademeli olarak artarak 6. saatte başlangıç seviyesinin 11 katına ulaşmıştır, 12. saatteyse başlangıç seviyesine gerilemiştir. Kökteyse 6. saatte başlangıç seviyesinin 11 katına kadar artan bir gen ifadesi gözlenmiştir.

4.3. Tartışma ve Sonuç

Transkriptom verilerinin analizinden elde edilen ısı haritalarından gerçek zamanlı-PZR analizi ile çalışılmak üzere en yüksek ifade seviyesine sahip genler seçilmiştir. Elde edilen transkriptom verileri farklı dokularda salatalıkta bulunan genlerin ifadelerini içermektedir, bu dokular; döllenmiş ovaryum, döllenmemiş ovaryum, kök, gövde, yaprak, erkek çiçek, filiz, bazal filiz ve dişi çiçektir. Gerçek zamanlı-PZR ile ifadesi çalışılacak genler seçilirken kök ve yaprak başta olmak üzere tüm dokularda yüksek gen ifadesine sahip olan *CsHsp* genleri seçilmiştir. Her *CsHsp* ailesinden iki gen olacak şekilde seçilen genlerin ifadesi daha sonra gerçek zamanlı-PZR ile farklı stres koşullarında belli periyotlarla kök ve yaprak dokularında analiz edilmiştir. Genomik ölçekte bir gen ifadesi profillemesinin ana amaçlarından biri, incelenen organizma içinde farklı şekilde ifade edilen genlerin belirlenmesi ve farklı koşullar ya da durumlarla ilgili olabilecek muhtemel genlerin belirlenmesidir.

Cin darı bitkisinde yapılan bir çalışmada; araştırmacılar *sHsp* genlerinin özellikle yaprak dokusunda kuraklık stresine geç cevap mekanizmasında rol aldıklarını, gen ifadesinin artışının 24. saatte gerçekleştiğini gözlemlemişlerdir [103]. Bizim çalışmamızdaysa *CssHsp-08* geninin en yüksek gen ifade seviyesinin 24. saatte olduğu

görülmüştür. Öyleyse *sHsp* genlerinin kuraklık karşısında stres faktörünün şiddetinin arttığı ya da stres sebebiyle hasar arttıktan sonra görev aldığı önerilebilir ve farklı fonksiyonel analizler ile doğrulanabilir. Aynı çalışmada araştırmacılar gen ifadesinin kök ve yaprak dokusunda farklı şekilde değişime uğradığını da gözlemlemişlerdir [103]. Patateste yapılan bir çalışmada araştırmacılar, *StHsp* genlerinin kuraklık stresi karşısında ifade seviyelerinin arttığını belirlemişlerdir [122]. Dallı darı bitkisinde yapılan bir çalışmada araştırmacılar belirlemiş oldukları *PvHsp20* genlerinin bir kısmının ifadesinin kuraklık stresi karşısında arttığını belirlemişlerdir ve bu genlerin kuraklık stresi ile ilişkili olabileceklerini önermişlerdir [132]. Bu bilgiler dahilinde, *CssHsp-08* geninin kuraklık stresi ile ilgili olabileceği önerilebilir ve daha ileri fonksiyonel analizler ile doğrulanabilir.

Cindarı bitkisinde yapılmış olan bir çalışmada; tuzluluk stresine yanıt olarak *SiHSP* genlerinin ifade miktarlarının, duyarlı tür ile karşılaştırıldığında, genlerin çoğunun, toleranslı türlerin hem yaprak hem de gövdesinde eşit şekilde arttığını göstermişlerdir. Ayrıca tüm ısı şoku proteini ailelerinin bazı üyelerinin stres sonrası ölçüm yapılan üç zaman periyodunda da yüksek miktarda (380 kat, 164 kat, 102 kat vb.) ifade artışı gösterdiğini belirlemişlerdir [103]. Patates bitkisinde yapılmış bir çalışmada, patates bitkisinin genomunda belirlenen *StHsp20* genlerinin bir kısmının ifadesinin tuzluluk stresi karşısında arttığını göstermişlerdir [122]. Dallı darı bitkisinde yapılmış bir çalışmada, araştırmacılar *PvHsp20* genlerinin bir kısmının ifadesinin tuzluluk stresi karşısında arttığını belirlemişlerdir [132]. Çalışmamızda yüksek tuzluluk stresi karşısında ifadesi en çok dikkat çeken genler; *CssHsp-08*, *CsHsp40-70*, *CsHsp60-05*, *CsHsp70-06*, *CsHsp90-02*, *CsHsp100-04* genleri olmuştur. Bizim çalışmamızda da cindarı bitkisinde [103] olduğu gibi *CsHsp* genleri farklı dokularda benzer artışlar göstermişlerdir. Ancak bu benzerlik *Hsp60* ve *Hsp90* ailesi için geçerli değildir. Buna ek olarak çalışılan *CsHsp* genlerinin küçük bir kısmı dışındakiler cindarı bitkisinde olduğu gibi tüm zaman periyotlarında yüksek ifade göstermişlerdir. Aynı durum 3. ve 24. saat örnekleri ile çalışılan dallı darı bitkisinde [132] de gözlenmiştir.

Çalışmamızda yüksek sıcaklık stresi karşısında ifadesi en çok dikkat çeken genler; *CssHsp-09*, *CsHsp60-23*, *CsHsp70-10* genleri olmuştur. *sHsp*, *Hsp60* ve *Hsp70* ailesine üye genlerin, sıcaklık stresi karşısında ifadelerinin arttığını gösteren farklı

bitkilerde yapılmış çalışmalar literatürde mevcuttur [98, 103, 106, 122, 153]. Cin darı bitkisinde yapılmış olan çalışmada *SiHsp70* genlerinden yüksek sıcaklık karşısında ifadesi büyük oranda değişen genlerin bir kısmının yalnızca yaprak dokusunda ifadelerinin olduğu araştırmacılar tarafından belirlenmiştir [103]. Çalışmamızda *CsHsp70-10* geninin de aynı şekilde yalnızca yaprakta ifadesinin yüksek miktarda arttığı görülmüştür.

Çalışmamızda düşük sıcaklık stresi karşısında ifadesindeki değişiklikler en çok dikkat çeken genler; *CssHsp-08*, *CsHsp40-70*, *CsHsp70-06* genleridir. Bitkilerde, membranın korunması ve protein agregasyonunun önlenmesi fonksiyonlarından dolayı ısı şoku proteinlerini soğuk stresi karşısında indüklendiğini belirten çalışmalar mevcuttur [154, 155]. Cin darı bitkisinde yapılmış bir çalışmada, araştırmacılar *SiHsp* genlerinin bir kısmının düşük sıcaklık stresi karşısında ifadelerinin yüksek miktarda arttığını göstermişlerdir. Dallı darı bitkisinde yapılmış bir başka çalışmada da *PvHsp20* genlerinin bir kısmının düşük sıcaklık karşısında ifadelerinde büyük bir artış olduğu araştırmacılar tarafından belirlenmiştir [132]. Soya bitkisinde yapılmış bir çalışmada, araştırmacılar soya genomunda belirlemiş oldukları *GmHsp20* genlerinin düşük sıcaklık stresi karşısındaki ifade artışının yüksek sıcaklık stresi karşısındaki ifade artışından daha zayıf olduğunu belirlemişlerdir [98]. Bizim çalışmamızda da *CssHsp* genlerinin yüksek sıcaklık karşısında daha yüksek bir ifade artışı gösterdikleri belirlenmiştir.

Çalışmamızda absisik asit karşısında ifade seviyesindeki değişimler en çok dikkat çeken genler; *CssHsp-08*, *CsHsp40-19*, *CsHsp60-23*, *CsHsp70-06*, *CsHsp90-03*, *CsHsp100-01* genleridir. Kamışsı yumak (*Festuca arundinacea*) bitkisinde yapılan bir çalışmada araştırmacılar bazı *FaHsp* genlerinin ifadesinin ABA ile muamele karşısında arttığını belirlemişlerdir. Aynı genlerin sıcaklık stresi karşısında da ifadelerinin arttığını belirleyen araştırmacılar, absisik asitin bu bitkinin sıcaklık direnç mekanizmasında yer aldığını önermişlerdir [156]. Diğer yandan dallı darı bitkisinde yapılan bir çalışmada, *PvHsp20* genlerinin büyük bölümünün ABA muamelesi sonrası ifade seviyelerinin azaldığı belirlenmiştir ve bu genlerin farklı stres koşullarında ifade seviyelerindeki artışın ABA bağımlı olmadığını önerilmiştir [132]. Bu bilgiler ışığında absisik asitin salatalık bitkisinde belirli stres direnç

mekanizmalarında rol aldığı ve bazı *CsHsp* genlerinin ABA bağımlı olarak fonksiyon gösterdikleri önerilebilir.

Tüm bu gerçek zamanlı-PZR analizi sonuçları değerlendirildiğinde; *CsHsp40-70* geninin kuraklık, tuzluluk ve düşük sıcaklık karşısında, *CsHsp70-06* geninin tuzluluk, düşük sıcaklık ve ABA karşısında, *CssHsp-08* genininse kuraklık, tuzluluk, düşük sıcaklık ve ABA karşısında ifadesinin yüksek miktarda arttığı görülmüştür. Bu genler arasında hem 4 farklı stres koşulunda ifadesinin artması hem de ifadedeki artış miktarları değerlendirildiğinde strese karşı direnç açısından en büyük potansiyele sahip genin *CssHsp-08* geni olduğu görülmektedir.



BÖLÜM III

5. METABOLOMİK ANALİZLERİ

5.1. Materyal ve Yöntem

5.1.1. Kimyasal Madde ve Kitler

Deneyleerde kullanılan kimyasal maddeler aşağıda listelenmiştir:

- Metanol – GC Kalitesinde (Sigma, Japonya)
- Kloroform – GC Kalitesinde (Sigma, Japonya)
- Su – GC Kalitesinde (Sigma, Japonya)
- Metoksamin Hidroklorür (Sigma, Japonya)
- Piridin (Sigma, Japonya)
- Ribitol (Sigma, Japonya)
- N-Metil-N-(trimetilsilil)trifloroasetamid – GC türevlendirmesi için (Sigma, Japonya)
- Sıvı azot

5.1.2. Kullanılan Cihaz ve Aletler

Deneyleerde kullanılan cihazlar ve aletler aşağıda listelenmiştir:

- QP2010 Gaz Kromatografisi-Kütle Spektrometresi (Schimadzu, Japonya)
- Çok Amaçlı Vorteks (Wisd Laboratory Instruments, Kore)

5.1.3. Bitki Materyali ve Stres Uygulamaları

Bitki materyallerinin yetiştirilmesi ve stres uygulamalı başlık 4.1.4' te anlatıldığı şekilde yapılmıştır.

5.1.4. Türevlendirme

Uçucu olmayan ve termal kararlılığı düşük olan bileşiklerin gaz kromatografisi ile ayrımının sağlanabilmesi için yapılan türevlendirmeye; 100 ± 5 mg bitki örneklerinin sıvı azot içeren havanlarda ezilmesi ile başlanılmıştır. İyiçe homojenize olan örnekler tüplere alınarak metabolitlerin ekstraksiyonları için üzerlerine 500 µl metanol:kloroform (3:1) ve internal standart olarak 60 µl ribitol (0,2 mg/ml gc kalitesinde suda çözülmüş) eklenmiştir. Eklemelerin ardından 70°C sıcaklık ve 950 rpm karıştırma ile 10 dakika inkübe edilmiştir. Ekstraksiyonun ardından tüpler 4°C ve 12000 rpm' de santrifüj edilmiştir. Santrifüjün ardından süpernatant kısmından 400 µl alınarak gaz kromatografisi için kullanılan viallere aktarılmıştır. Viallere aktarılan örnekler 30°C ısıtma ve azot altında sıvı kısımları uçuncaya kadar inkübe edilmiştir. Tamamen kuruyan örneklerin üzerine 80 µl metoksamin hidroklorür (20 mg/ml piridin içinde çözülmüş) eklenmiştir. Eklemenin ardından örnekler 37°C' de 2 saat inkübasyona bırakılmıştır. İnkübasyon sonrası viallere 80 µl N-Metil-N-(trimetilsilil)trifloroasetamid (MSTFA) eklenmiştir ve 70°C' de bir saat inkübasyona bırakılmışlardır. İnkübasyon sonrası örneklerin oda sıcaklığına gelmeleri beklenmiştir ve oda sıcaklığına geldiklerinde GC-MS cihazına enjeksiyonları yapılmıştır.

5.1.5. Gaz Kromatografisi-Kütle Spektroskopisi (GC-MS) Analizleri

Tüm numuneler, bir Shimadzu MS' ye bağlanmış bir Agilent 7890 GC sistemi kullanılarak GC-MS analizinde kullanılmıştır. Analitin 1-µL alikotu, bölünmemiş modda enjekte edilmiştir. Helyum, taşıyıcı giriş gazı olarak kullanılmıştır ve ön giriş boşaltma akışı 3 mL/dk olacak şekilde 1 mL/dk 'lık bir akış ile kullanıldı. Kolon sıcaklığı ilk 2 dakika boyunca 70° C'de tutuldu ve daha sonra 10° C/dk hızında 300 ° C' ye yükseltildi ve 10 dakika sürdürülmüştür. Toplam analiz süresi 35 dakika olacak şekilde örnekler kolondan geçirilmiştir. Enjektör sıcaklığı 280° C ve transfer hattı 280 kullanılmıştır. İyon kaynağında 220° C' lik bir sıcaklıkta iyonizasyon, 70 eV.Mass spektrumlarının elektron enerjisi ile birleştirildi ve 50-650 m.Z aralığında kaydedilmiştir.

5.1.6. Metabolit Miktarlarının Hesaplanması

GC-MS analizleri sonucunda elde edilen verilerin anlamlandırılabilir metabolit miktarlarına çevrilmesinde internal standart olarak kullanılan ribitolden yararlanılmıştır. GC-MS ile yapılan her analizin sonucunda ribitol miktarı bağıl olarak “1” kabul edilmiştir. Ardından diğer metabolitlerin miktarları bu değer üzerinden normalize edilmiştir. Daha sonra her stres koşulu için normalize olmuş metabolit bağıl miktarları, kontroldeki metabolitlerden her birinin miktarı “1” değerine oranlanarak bir kez daha normalize edilmiştir. Son olarak elde edilen bağıl metabolit miktarları tablolarda kontrole göre değişimin kat sayısı olarak gösterilmiştir.

5.2. Bulgular

GC-MS ile yapılan analizler sonucunda elde edilen kromatogramların tümü EK-66 ve EK-105 arasında gösterilmiştir. Kromatogramlardan elde edilen verilerin analiz edilmesi sonucunda belirlenen metabolitler ve bu metabolitlerin farklı koşullardaki bağıl miktarları aşağıdaki tablolarda gösterilmiştir. Bahsi geçen tablolarda kontrol durumuna göre bağıl miktarı artan metabolitler kırmızı ile işaretlenmişlerdir. Kontrol durumuna göre miktarı azalan metabolitlerse renksiz olarak gösterilmişlerdir.

Tablo 5.1’de, farklı abiyotik stres koşullarında amino asitlerin yapraktaki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde yapraktaki prolin miktarının; tuzluluk, düşük sıcaklık ve ABA uygulamaları karşısında belirlenebilir düzeyde olmadığı, yüksek sıcaklık karşısında 1. ve 6. saatlerde azaldığı 3. ve 12. saatlerdeyse arttığı, kuraklık stresi karşısında 1. ve 3. saatlerde belirlenebilir düzeyde olmadığı ancak 6. saatte arttığı ve 12. saatte azaldığı belirlenmiştir. İzolösin miktarının ölçümlerin neredeyse tamamında belirlenebilir düzeyde olmadığı görülmüştür. Serin miktarının kuraklık stresi dışındaki koşullarda genelde azaldığı ya da belirlenebilir seviyede olmadığı, kuraklık stresindeyse arttığı gözlenmiştir. Glutamik asit ve valin miktarlarının genelde azaldığı ya da belirlenebilir seviyede olmadığı gözlenmiştir. Treonin miktarının tuzluluk karşısında 1. saat dışında arttığı, kuraklık stresinin tüm zaman periyotlarında arttığı, diğer streslerdeyse azaldığı ya da belirlenebilir seviyede olmadığı gözlenmiştir. Aspartik asit miktarının kuraklık

karşısında arttığı, geriye kalan ölçümlerin neredeyse tamamında azaldığı gözlenmiştir. Tirozin miktarının; yüksek sıcaklık karşısında 12. saate kadar arttığı, kuraklık karşısında 6. saatte arttığı ancak diğer tüm ölçümlerde azaldığı belirlenmiştir. Belirlenen diğer amino asitlerinin miktarlarının ise tüm uygulamalar ve zaman periyotlarında azaldığı gözlenmiştir. Pektolik asit miktarının uygulamaların genelinde birikiminin arttığı görülmektedir.

Tablo 5.2’de farklı abiyotik stres koşullarında yağ asitlerinin yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde; linoleik asit miktarının, tuzluluk stresi karşısında arttığı diğer uygulamaların tamamında azaldığı belirlenmiştir. Propanoik asit, palmitik asit ve stearik asit miktarlarının tüm koşullarda arttığı gözlenmiştir. Linoleik asit miktarının ABA uygulaması ile arttığı, tuzluluk stresi karşısında 6. ve 12. saatlerde yüksek sıcaklık karşısında 1. ve 12. saatlerde ve kuraklık stresi karşısında 1. saatte arttığı belirlenmiştir. Belirlenen diğer yağ asitlerinin miktarları ise neredeyse tüm ölçümlerde azalmıştır.

Tablo 5.3’te farklı abiyotik stres koşullarında karbohidratların yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde sükröz miktarının tüm uygulamaların genelinde arttığı belirlenmiştir. Myo-inositol miktarının farklı stres koşullarında, farklı zaman periyotlarında değişen bir birikime sahip olduğu gözlenmiştir. Ksiloz miktarının; tuzluluk stresi karşısında arttığı, yüksek sıcaklık karşısında 1. saatte arttığı daha sonra azaldığı, düşük sıcaklık karşısında 1. saatte azaldığı daha sonra arttığı, ABA uygulaması ile de 12. saate kadar azaldığı ve 12. saatte arttığı belirlenmiştir. Galaktinol miktarının kuraklık stresi karşısında 1. ve 12. saatlerde arttığı, yüksek sıcaklık karşısında 1. 3. ve 12. saatlerde arttığı, kuraklık karşısında 1. saatte arttığı, düşük sıcaklık karşısında 1., 6. ve 12. saatlerde arttığı, ABA uygulaması karşındaysa 1., 3. ve 6. saatlerde arttığı gözlenmiştir.

Tablo 5.4’te farklı abiyotik stres koşullarında sitrik asit döngüsü elemanlarının yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde, fumarik asit ve süksinik asit miktarlarının ABA uygulaması karşısında 24 saat boyunca miktarlarının arttığı belirlenmiştir. Ayrıca fumarik asit miktarının yüksek sıcaklık karşısında da 24 saat boyunca arttığı belirlenmiştir. Bunun dışında bu

iki metabolitin miktarı uygulamaların genelinde artmıştır. Sitrik asit miktarınınsa tuzluluk stresi karşısında 24 saat boyunca arttığı gözlenmiştir.

Tablo 5.5'te farklı abiyotik stres koşullarında karboksilik asitlerin yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir.

Tablo 5.8'de farklı abiyotik stres koşullarında amino asitlerin kökteki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde kökteki prolin miktarının; tuzluluk, yüksek sıcaklık, düşük sıcaklık ve ABA uygulamaları karşısında belirlenebilir seviyede olmadığı, kuraklık stresi karşındaysa arttığı belirlenmiştir. Serin, treonin, alanin ve aspartik asit miktarlarının kuraklık stresi karşısında arttığı, geriye kalan ölçümlerin genelindeyse azaldığı belirlenmiştir. Alanin miktarının; tuzluluğun 6. saatinde, yüksek sıcaklığın 1. ve 6. saatlerinde, ABA uygulamasının 3. ve 6. saatlerinde, kuraklığın 3., 6. ve 12. saatlerinde arttığı, geriye kalan uygulamalardaysa azaldığı belirlenmiştir. Belirlenen diğer amino asitlerin miktarlarınınnsa azaldığı gözlenmiştir.

Tablo 5.6'da farklı abiyotik stres koşullarında yağ asitlerinin kökteki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde, kökteki oleik asit miktarının kuraklık stresi dışındaki uygulamalarda belirlenebilir seviyede olmadığı gözlenmiştir. Kuraklık stresindeyse 1. ve 12. saatte arttığı diğer saatlerdeyse başlangıç seviyesinin altında olduğu gözlenmiştir. Gliserol, propanoik asit ve linoleik asit miktarlarının yapılan ölçümlerin neredeyse tamamında belirlenebilir seviyenin altında olduğu ya da azaldığı gözlenmiştir. Palmitik asit miktarının tuzluluk stresi karşısında 1.ve 12. saatlerde azaldığı, 3. ve 6. saatlerdeyse arttığı, yüksek sıcaklık karşısında 1. saatte arttığı daha sonra azaldığı, kuraklık stresi karşısında 1. ve 3. saatlerde azaldığı fakat 6. ve 12. saatlerde arttığı gözlenmiştir, ABA uygulamasındaysa yalnızca 6. saatte arttığı geri kalan ölçümlerde azaldığı gözlenmiştir. Stearik asit miktarında gerçekleşen değişimlere baktığımızdaysa; tuzluluk, yüksek sıcaklık ve kuraklık stresleri karşısında metabolitin miktarında artış olduğu, diğer ölçümlerin neredeyse tamamındaysa azalma olduğu gözlenmiştir.

Tablo 5.10’da farklı abiyotik stres koşullarında karbohidratların kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde, kökteki glukoz miktarının tuzluluk stresi karşısında arttığı, diğer tüm koşullarda ise azaldığı ya da belirlenebilir seviyede olmadığı gözlenmiştir. Sükroz miktarının ise tüm uygulamalarda genellikle 1. ve 3. saatlerde arttığı gözlenmiştir. Myo-inositol miktarının yüksek sıcaklık dışındaki tüm stres koşullarında artış gösterdiği gözlenmiştir. Galaktinol miktarının; tuzluluk stresi karşısında 3. ve 6. saatlerde yüksek miktarda arttığı, kuraklık stresi karşısında tüm zaman periyotlarında arttığı, düşük sıcaklık karşısında 1. saatte arttığı daha sonra azaldığı, ABA uygulaması karşındaysa 12. saate kadar azaldığı ancak 12. saatte arttığı gözlenmiştir. Belirlenen diğer metabolitlerinin neredeyse tamamının miktarının ise azaldığı ya da belirlenebilir düzeyde olmadığı gözlenmiştir.

Tablo 5.9’da farklı abiyotik stres koşullarında sitrik asit döngüsü elemanlarının kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde, kökteki fumarik asit ve süksinik asit miktarlarının; yüksek sıcaklık karşısında belirlenebilir seviyede olmadıkları, diğer uygulamaların neredeyse tamamındaysa arttıkları gözlenmiştir. Sitrik asit miktarının ise yüksek sıcaklığın 1. saatinde, kuraklığın 12. saatinde, ABA uygulamasının 1. 6. ve 12. saatlerinde arttığı, geriye kalan uygulamalardaysa azaldığı gözlenmiştir.

Tablo 5.10’da farklı abiyotik stres koşullarında karboksilik asitlerin kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler gösterilmiştir. Tablo incelendiğinde, kökteki glukuronik asit miktarının uygulamaların büyük bölümünde arttığı gözlenmiştir.

Tablo 5.1. Farklı abiyotik stres koşullarında amino asitlerin yapraktaki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

Amino Asitler	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Prolin					0,74	1,1	0,34	2,73			1,19	0,15					0,02			
İzolösin		0,03	0,05		0,6	2,92	1,01	15			0,21	0,61								
Serin					1,8	1,4	0,05	0,35			0,31	0,59				0,75			0,07	
L-allotreonin						4,14	0,52	0,77			1,92	3,53			1,63	3,07	0,59		0,3	
Glutamik asit	2,58	0,08	0,13	0,38	0,24	0,58					0,19	0,21	0,11	0,05	0,79	1,3	0,38	0,07	0,22	0,14
Valin						0,47	0,14	2,5			0,36	0,41					0,15			
Alanin	2,58				0,87	1,95	0,36	3,59			0,05	0,06	0,05	0,02		0,12	0,02	0,03		
Fenilalanin						5,52	3,32				1,9									
Asparajin						2,3	0,02	0,16												
Glisin					0,26			4,16								0,12	0,08			
Aspartik asit	25,7					2,84	0,11			0,06		1,24		0,45	1,96	0,88		1,6	0,1	
Sitrulin	49,8	0,33		8,42		3,19	0,45									0,9	0,83	1,23		
Tirozin					3,02	9,69	2,25				1,27						0,37			
Triptofan											1,08	0,33								
Glutamin							0,11													
Lizin							0,18													
Metionin								0,76												
Lösin											0,16				0,08				0,02	
Sistein													0,02							

Tablo 5.2. Farklı abiyotik stres koşullarında yağ asitlerinin yapraktaki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

Yağ Asitler	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Oleik asit											18	0,2	0,21							
Linoleik asit	76,7	5,28	12,7	71																
Gliserol		0,39			0,21	0,57							0,21	0,14	3,11				0,64	0,48
D-Gliserik asit																				
Propanoik asit	869	22,3	33,1	563	172	78,2	2,47	9,53	670	23,1	2,66	1,54	70,7	12,4	127	80,7	34,4	15,9	23,6	39,9
Palmitik asit	206	2,88	5,55	33,9	10,9	16,1	0,23	1,5	126	3,66	0,93	0,39	4,1	1,19	21,3	12,6	7,19	7,28	3,14	3,82
Stearik asit	108	5,63	9,74	43,1	22,9	43,9	0,34	0	254	11,6	0,56	0,51	5,38	3,72	9,32	5,99	3,17	3,02	1,62	1,75
Linolenik asit				71,3	20,3		0,43	11,5	129					0,05	43,1	27,4	12,8	14,9	6,68	5
Laurik asit			0,31		0,22															

Tablo 5.3. Farklı abiyotik stres koşullarında karbohidratların yapraktaki bağlı miktarlarında gerçekleşen değişimler

Karbohidratlar	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Glukoz										0,1										
Sükroz	454	3,92	10,3	66,2	1,87		6,51	30,3	5,76	11,3		0,82			1,87	2,43	0,37	15,6	0,19	8,02
Früktoz												1,35								
Galaktoz	1,63											0,09								
Ksilitol	9,2																1,93			
Myo-inositol	98	0,67	2,76		1,56		1,29	6,08	50,3		0,82	0,57	3,66		13,1	14,5	4,25	1,05	1,47	0,62
Mannitol																			0,01	
Ksiloz	2457	4,95	7,41	35,5	13,4									1,67	79,5	12,6				5,96
Lyxose	1,95	0,22	0,22		0,66		0,07		7,12	3,09			0,77	0,11	2,51	2,37	0,63		0,22	0,12
Galaktinol	42,9	0,03		25,9	19,3	25,6	0,57	4,1	127			0,06	4,39	1	7,71	11,5	6,38	4,1	2,09	0,66
Rafinoz	4,2	1,4	0,04	24,9	2,3	0,97						0,04	0,72	0,12	1,04	1,77		0,19	0,11	
Ksilitol	1,8	0,05										0,57								
Maltoz			0,05		0,23											0,46	0,06			
Melibiyoz					1,01	1,7	0,04							0,09	8,91	0,6	0,77	0,14	0,67	

Tablo 5.4. Farklı abiyotik stres koşullarında TCA elemanlarının yapraktaki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

TCA	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Fumarik asit					2,31	4,36	4,31	4,57		0,25	2,67	4,23	1,69	0,25	13,4	6,87	2,17	1,17	1,24	1,14
Süksinit asit	131	3,06	0,04	1,13	1,77	6,82	0,13	0,32	29,5	1,75	0,78	0,4	5,44	0,53	18	0,05	6,69	2,89	4,64	4,02
Sitrik asit	3055	5,95	13,1	1674			0,42		341		1,2								8,25	10,5
Malonik asit			0,18		0,32			1,89						0,03			0,14		0,1	0,1
Malik asit			13,8	115	19,5									2,21		9,82				

Tablo 5.5. Farklı abiyotik stres koşullarında karboksilik asitlerin yapraktaki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

Karboksilik Asit	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Glukuronik asit				1,18		1,18		0,72			0,17	0,07		0,02	0,62		0,08			0,04
Pipekolik asit			0,99	7,92	2,42	7,92		0,74			2,56	2,47	4,9	1,87	8,04	2,9	3,18	4,53	1,61	0,69
Sinnamik asit	0,59	0,03																		
Okzalik asit			0,04																	

Tablo 5.6. Farklı abiyotik stres koşullarında yağ asitlerinin kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

Yağ asitleri	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Oleik asit									4,64	0,18	0,86	3,14								
Gliserol	0,17	0,95	0,6			0,07	0,06	0,08	0,14		0,36			0,13	0,13			0,07	0,8	0,08
Propanoik asit	0,02	0,58	0,38	0,12					0,03	0,06	0,09		0,03	0,03	0,07	0,02	0,02	0,02	0,37	0,03
Palmitik asit	0,55	2,08	2,82	0,5	2,72	0,27	0,88	0	0,62	0,49	2,18	6,85	0,31	0,39	0,43	0,32	0,22	0,35	2,87	0,29
Stearik asit	8,98	6,73	7,39	1,2	29	17,4	21,9	10,6	4,59	4,21	17,3	55,3	0,96	1,03	1,25	0,8	0,6	0,74	6,03	0,62
Linolenik asit	0,08	1,4		0,14	0,1		0,05						0,09	0,02	0,08	0,05	0,04	0,08	0,83	0,06

Tablo 5.7. Farklı abiyotik stres koşullarında karboksilik asitlerin kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

Karboksilik Asit	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Glukuronik asit	4,21	43,8		5,2	22,2	3,16	3,35	0,21		3,13			7,79	7,4	6,14	3,08	4,79	4,81	116	5,27

Tablo 5.8. Farklı abiyotik stres koşullarında amino asitlerin kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

Amino asitler	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Prolin									1,52	1,88	1,68	1,83								
İzolösin									0,01									0,01		
Serin	0,24	2,86	4,11	0,68					1,29	1,20	4,77	2,76	0,40	0,42	0,33	0,23	0,29	0,97	5,01	0,28
L-allotreonin		5,39	4,51	1,18					2,44	2,70	4,68	5,94	0,42	0,66	0,30	0,27	0,35	0,84	8,01	0,62
Glutamik asit		0,69	0,26	0,16											0,05					
Valin			0,01						0,02		0,04		0,00				0,00	0,00	0,04	0,00
Alanin			3,44	0,33	1,62	0,72	1,51			1,80	3,07	5,33	0,46		0,21	0,14	0,21	1,44	2,50	0,18
Glisin				0,04						0,05	0,06				0,01	0,01		0,03		
Aspartik asit				0,30					1,94	3,24	2,26	2,30	0,58	0,65			0,20	1,41		
Sitrulin			0,11															0,03		
Tirozin																		0,03		
Triptofan		0,03																		
Metiyonin			0,12																	
Lösin													0,00				0,00		0,02	0,00
Glutamin																		0,03		

Tablo 5.9. Farklı abiyotik stres koşullarında TCA elemanlarının kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

TCA	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Fumarik asit	1,02	22,9	15,6	4,89					2,5	3,13	10,3	6,08	1,63	0,9	2,62	1,13	0,57	0,28	13,5	0,77
Süksinit asit	4,21	68,9	124	5,39	15,2	0,18	0,22		2,34	4,89	0,16	0,27	4,23	6,52	4,89	8,94	5,78	3,83	124	0,05
Sitrik asit					5,67	0,64		0,02	0,51		0,97	1,25			2,49	1,55	1,37		21	1,61
Sitramalik asit																				
Malonik asit			0,13	0,01				0,03					0		0,02	0,01	0,01	0,02		0,02
Malik asit	0,06	0,13		4,11	0,87					0,05	0,62	0,38			5,35					2,52
Glukoz-6P			4,35	0,02									0,01	0,01	0,01					

Tablo 5.10. Farklı abiyotik stres koşullarında karbohidratların kökteki bağıl miktarlarında gerçekleşen değişimler

Karbohidratlar	Tuzluluk				Yüksek Sıcaklık				Kuraklık				Düşük Sıcaklık				ABA			
	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h	1h	3h	6h	12h
Glukoz		12,7	17,6	1,51					0,15		0,15		0,9		1,42					
Sükroz		131				14,5	5,32	0,22	0,52	4,31	0,29		12,1				14			
Früktoz		5,68								0,23										
Galaktoz	0,03	3,6	3,74	0,04						0,1					0,02	0,01	0,01	0,07	0,35	0,03
Ksilitol		3,79		0,01	0,96							1,32			0,2					
Myo-inositol	5,45	35,9		5,28		0,28			0,96	3,78	2,2	2,42	7,39	3,11	7,9	2,44	4,81	14,9	43,4	5,82
Mannitol										0,02										
Ksiloz	0,23			0,24	0,17	0,11	0,08	0,02					0,01	0,08	1,05	0	0,15			0,01
Lyxose	0,69	0,28	0,96	0,01									0,01	0,96		0,96	0,5	0,03	5,37	
Galaktinol		49,6	130						1,68	4,93	2,42		8,21					0,42		12,1
Rafinoz	0,25	6,95		0,87	3,97	1,39								1,07	1,36	0,87	0,35			
Melibiyoz							0,07		0,02									0,02		
Glukitol	0,01																			
Maltoz	0,01	0,12												0,01		0,01	0,01		0,09	0,01
Melibioz	0,03							0,01					0,02						0,18	0,02
Arabitol		8,45																		
Sorbitol		0,05																		
Galaktoz													0,04							

5.3. Tartışma ve Sonuç

Türevlendirme reaksiyonu kullanılarak GC-MS ile analiz edilebilir hale getirilen amino asitlerin, yağ asitlerinin, şekerlerin, şeker alkollerinin, TCA döngüsü elemanlarının ve karboksilik asitlerin stres faktörlerine karşı gösterdikleri tepkiler değerlendirilmiştir.

Bitkilerin genelinde, abiyotik stres koşullarında prolin ve diğer amino asitlerin birikimi görülür. Amino asit birikiminin sebebi onların iyon taşınmasında, stoma açıklığının yönetilmesinde, ozmolit olarak ve ağır metallerin detoksifikasyonunda görev almalarıdır. Amino asitler ayrıca bazı enzimlerin sentezlerini ve aktivitelerini, gen ifadesini ve redoks homeostazisini de etkilerler [157]. Arpada prolin birikimi ile kuraklık stresi arasındaki ilişki araştırmacılar tarafından açığa çıkarılmıştır; kuraklık stresine dayanıklı olan türlerin hassas türlerden daha fazla prolin biriktirdiklerini göstermişlerdir [158]. Ardından başka bitkilerde de benzer bir ilişkinin olduğu belirlenmiştir [159]. Daha sonra farklı araştırmacılar *Phaseolous mungo* [157], *Cryptomeria* [160], pamuk [161], mısır [162], çeltik [163] ve daha birçok bitkide [164-172] diğer amino asitlerin birikimlerinin de stres koşulları ile ilişkilerini ortaya koymuşlardır. Bu bilgiler ışığında çalışmamızda belirlemiş olduğumuz amino asit birikimleri anlam kazanmaktadır. Ayrıca, yaprakta belirlenen amino asitlerin özellikle yüksek sıcaklık karşısında, kökte belirlenen amino asitlerinse kuraklık karşısında bu birikimin daha fazla olduğu dikkat çekmektedir. Yaprığın sıcaklık stresi ile ilk karşılaşan, köklerinse kuraklık stresi ile ilk karşılaşan organlar olması ile de desteklenebilecek bu durum enerji metabolizmasının yüksek sıcaklık durumunda yaprakta ve kuraklık durumunda kökte amino asitlerin katabolizması yönüne kaydığı önermesi ile açıklanabilir. Pipekolik asit ozmoprotektan özellik gösteren ve protein yapısına katılmayan bir amino asittir [173]. Çalışmamızda pipekolik asit miktarının yaprakta; tuzluluk stresi karşısında 12. saatte, yüksek sıcaklık karşısında 1. ve 3. saatlerde, kuraklık karşısında 6. ve 12. saatlerde, düşük sıcaklık karşısında 12 saat boyunca ve ABA uygulaması karşısında 12. saate kadar arttığı gözlenmiştir. Pipekolik asit miktarındaki bu artış bitkinin, stres faktörleri dolayısıyla ortaya çıkabilecek hasarı engellemeye yönelik aldığı bir önlem olarak görülebilir.

Yağ asitleri, hücrel membranların önemli bileşenleridir [174], membran akışkanlığının yeniden modellenmesi [175], linolenik asit salınımı [176], savunma genlerinin ifadelerinin düzenlenmesi [177] yollarıyla indüklenebilir stres direncine katkıda bulunurlar. Serbest linolenik asitin kendisi bir stres sinyalıdır ve fito-oksilipin biyosentezi için öncüdür [178]. Kloroplast lipitlerinde çoklu doymamış yağ asidi seviyelerinin muhafaza edilmesinin, düşük sıcaklıkta hayatta kalmaya ve kloroplast membran oluşumunun sağlıklı olmasına katkıda bulunduğu gösterilmiştir [175, 179]. Soğuk stresine maruz kalan *Arabidopsis thaliana* bitkilerinde palmitik asit ve oleik asitin fonksiyonları araştırmacılar tarafından gösterilmiştir [180]. Soğuğa dayanıklı bitkiler soğuk stres sırasında çoklu doymamış bağlar içeren yağ asitleri biriktirirler. Soğuk iklime alıştırmış patates (*Solanum commersonii*) yaprakların membran gliserolipidlerinde linoleik asit (18: 2) biriktirirken, soğuğa dayanıklı olmayan patatesin (*Solanum tuberosum*) soğuk stresi sırasında bu özelliği göstermediği araştırmacılar tarafından gösterilmiştir [181]. Trienoik yağ asitleri, heksadekatrienoik asit (16: 3) ve linolenik asit (18: 3), membran lipidlerinde bulunan başlıca çoklu doymamış yağ asidi türleridir [175]. Sıcak iklimlere adapte olmuş bitkilerin yapraklarındaysa 18:1 yağ asitlerinin miktarının daha yüksek, 18:2 ve 18:3 yağ asitlerinin miktarlarının daha düşük olduğu bilinmektedir [182]. Tuz stresine maruz kalan hassas bitkiler genellikle membranlarında 18:3 yağ asitlerinin seviyelerinde azalma gösterir; bu da 18:3 yağ asitlerindeki azalmanın bu stresin neden olduğu hasarı yansıttığını göstermektedir. Transgenik tütün hücreleri ve bitkileri ile yapılan deneyler, 18:3 yağ asitleri artıran ω -3 desaturazların aşırı ifadesinin, tuz ve kuraklık stresine dayanıklılığı arttırdığını göstermiştir [183]. Bu, bitkilerin tuz ve kuraklığa karşı dayanıklılığının, büyük ölçüde yağ asidi doymamışlık düzeyine ve/veya yağ asidi doymamışlığını muhafaza etme veya ayarlama kabiliyetine bağlı olduğunu göstermektedir [184, 185]. Çalışmamızda çoklu doymamış bağ içeren yağ asitlerinin miktarları ile doymuş yağ asitlerinin miktarları karşılaştırıldığında; tuzluluk, kuraklık ve ABA uygulamalarında miktarlarının yakın olduğu ancak, yüksek sıcaklık ve düşük sıcaklık uygulamalarında doymuş yağ asitlerinin daha yüksek miktarda bulunduğu gözlenmektedir. Linoleik asit (18:3) miktarı tuz stresi karşısında yalnızca 12. saatte artış göstermiştir, 12. saate kadarsa belirlenebilir seviyenin altında kalmıştır. Bu azalma, tuz stresinin bitkiye verdiği hücrel hasarın bir sonucu olabilir, ardından gelen artışta bitkinin strese karşı oluşturmaya çalıştığı bir tepki olabilir. Ayrıca

linolenik asit miktarının kuraklık stresi karşısında 1. saat itibariyle azaldığı gözlenmektedir; bitkinin hücrel mekanizmalarının 1. saatin ardından hasar gördüğü ve bu hasarın bir göstergesi olarak linolenik asit miktarının azaldığı önerilebilir. Sıcak stresi karşısında artması beklenen oleik asit miktarının belirlenebilir seviyede olmamasıysa, hücrenin stres karşısında lipid metabolizmasında hasarın meydana gelmesi ile açıklanabilir ve linolenik asit miktarında 1. ve 12. saatlerde meydana gelen artışın da bu sebeple olduğu düşünülebilir. Tüm stres koşullarında meydana gelen belli bir modele uymayan ve spontan gibi görünen değişiklikler, bitkinin lipid metabolizmasının yüksek derecede hasar görmesinden kaynaklanıyor olabilir. Dolayısıyla salatalık bitkisinin lipid metabolizması ile yapılabilecek daha ileri analizler, bitkinin abiyotik stres koşullarına direnç kazanması açısından yararlı olabilir.

Bitkiler, hem şeker üreten hem de tüketen ototrofik ve fotosentetik organizmalardır. Çözünür şekerler, çevresel stres koşullarına karşı oldukça hassastırlar. Sükroz ve heksozlar, genetik regülasyonda büyüme ile ilişkili genlerin ifadelerinin artırılması ve strese bağlı genlerin ifadelerinin azaltılması ile örneklenen ikili fonksiyonlara sahiptirler. Şekerler tarafından koordine olarak düzenlenmiş olmasına rağmen, bu büyüme ve strese bağlı genler, HXK'ya bağımlı ve / veya HXK-bağımsız yollarla indüklenir veya inhibe edilir [186]. Stres koşullarının, bitkilerin karbohidrat metabolizmaları üzerine etkisini araştıran birçok çalışma literatürde mevcuttur [186-190]. Bu zamana kadar yapılan çalışmalar, karbohidrat miktarlarının stres karşısındaki değişimlerinin belli bir modele göre gerçekleşmediğini; stres faktörüne, bitkiye, dokuya, genotipe göre değiştiğini göstermişlerdir [191-195]. Çalışmamızda farklı stres koşullarında birikimlerini belirlemiş olduğumuz karbohidratların yaprakta daha çok tuzluluk ve düşük sıcaklık karşısında birikimlerinin olması dikkat çekicidir. Araştırmacılar, tuzluluk ve düşük sıcaklık streslerinin çözünebilir şeker miktarını artırdıklarını çeltik [193] ve sorgum [194] bitkilerinde göstermişlerdir. Çalışmamızdan elde ettiğimiz sonuçlar bu veriler ile de desteklenmektedir. Diğer yandan sükroz, hem ozmolit fonksiyonu hem de hücrel solunumdaki substrat görevi sebebiyle homeostazinin sağlanması açısından önemli görevlere sahiptir [196]. Çalışmamızda sükroz miktarının uygulamaların genelinde arttığı belirlenmiştir. Abiyotik stres altındaki sükroz miktarındaki dalgalanmalar, CO₂ 'nin asimilasyonunda, kaynak-hedef karbon

bölümlenmesinde, ilgili enzimlerin aktivitesinde ve aynı zamanda belli genlerin ifadesinde değişiklikler içerir [190, 196, 197]. Birçok değişkene bağlı olmasından dolayı, çalışmamızda sükröz miktarında kısa sürelerde gerçekleşen büyük değişimleri gözlemiş olmamız anlam kazanmaktadır. Çalışmamızda, rafinoz miktarının da stres uygulamalarının bir kısmında birikim yaptığı gözlenmiştir. Literatürde rafinozu yonca [198], *Arabidopsis thaliana* [199], [167, 200] ve *Xerophyta viscosa* [201] gibi bitkilerde çevresel stres faktörleri ile bağdaştıran farklı çalışmalar mevcuttur. Rafinoz ailesine ait oligosakkaritlerin biyosentezi myo-inositol ve UDP-galaktozdan galaktinolün sentezlenmesi ile başlatılır ve yeni galaktoz moleküllerinin takılması ile devam eder [202]. Dolayısıyla rafinoz, myo-inositol ve galaktoz arasında bir ilişim beklenmektedir. Çalışmamızda substrat miktarının az olduğu ya da hiç olmadığı noktalarda rafinoz miktarının da az olduğu ya da hiç olmadığı gözlenmiştir. Ayrıca myo-inositolün çoğu stres koşulu karşısında miktarının artması ve galaktozun bulunmaması, galaktozun başka bir yolak tarafından harcandığını ya da hiç üretilmediğini, diğer yandan myo-inositolün harcanmadığı için biriktiğini göstermektedir.

Arabidopsis thaliana [203], *Limonium latifolium* [204], çeltik [205] ve başka birçok yüksek bitkide [166, 167, 206] sitrik asit döngüsü (TCA) elemanlarının miktarlarının tuz stresi karşısında azaldığını, kuraklık ve yüksek sıcaklık koşullarındaysa arttığını gösteren çalışmalar literatürde mevcuttur [207]. Ayrıca çeltikte yapılan bir çalışma TCA elemanlarının hassas varyatelerde stres koşullarından büyük oranda etkilendiğini göstermiştir [208]. Bir başka çalışmada araştırmacılar TCA elemanlarının birikiminin kuraklık stresi karşısında arttığını göstermişlerdir [206]. *Arabidopsis thaliana* bitkisinde yapılan bir çalışmada araştırmacılar düşük sıcaklığa maruz kalmış bitkilerde TCA elemanları birikiminin arttığını belirlemişlerdir [209]. Çalışmamızda; sitrik asit, süksinik asit, fumarik asit ve malik asit miktarlarının stres uygulamalarının büyük bölümünde arttığı belirlenmiştir. Sitrik asit döngüsü ile bağlantılı olan amino asitlerin birikim miktarındaki değişim de düşünüldüğünde tutarlı bir sonuç elde edilmiştir.

Glukuronik asit, altıncı karbon atomu bir karboksilik aside okside olan glikozdan türetilmiş bir şeker asididir. Glukuronik asit proteoglikan ve glikoliserolipidlerin

ortak bir yapı taşıdır. Pektin ve hemiselüloz gibi hücre duvarı bileşenlerinde bulunan arabinoz, ksiloz, galakturonik asit ve apioz kalıntılarının biyosentezi gibi farklı yollar tarafından kullanılır [210], bu da hücre duvarı ile ilişkili süreçlerin aktive olduğunu düşündürür [211]. Çalışmamızda, yaprak örneklerinde glukuronik asit miktarı çok önemli bir değişim göstermezken; kökte neredeyse tüm stres uygulamalarında artış göstermiştir. Kuraklık stresi karşısında 3. saatte miktarı artan glukuronik asit, diğer saatlerde belirlenebilir seviyede değildir. Glukuronik asit miktarının kökte bu kadar artması, kökte bulunan hücrelerin galakturonik asit yolağında kullanılmak üzere substrat olarak ihtiyaç duyması olabilir. Ayrıca buradaki hücrelerin duvar yapısının korunmasında kullanılmak üzere proteoglikanların ya da glikogliserolipidlerin yapısına katılmak için yüksek miktarda üretiliyor ve harcanıyor olabilir.

Tüm bu bilgiler ışığında daha özel ve daha ileri teknikler kullanılarak; sıcaklık stresi karşısında yaprakta, kuraklık stresi karşındaysa kökte amino asit metabolik yollarında meydana gelen değişimlerin irdelenmesi; bir ozmoprotektan olarak piperkolik asidin metabolik yollarının aydınlatılması; özellikle membran yapıları açısından büyük öneme sahip olan lipid metabolizmasının linolenik asit temel alınarak çalışılması, hücrenin enerji ihtiyacının karşılanmasındaki ve yapısal görevleri düşünüldüğünde sükroz ve rafinozun dâhil olduğu yolların irdelenmesi, son olarak glukuronik asitin dâhil olduğu metabolik yolların çalışılması salatalık bitkisinin stres koşullarına direnç mekanizmasının ayrıntılı şekilde aydınlatılması açısından yararlı olacaktır.

6. GENEL DEĞERLENDİRME

Küresel ısınmanın ve doğaya verdiğimiz hasarın artan tehdidi, mahsul bitkilerinin hayatta kalması ve üretkenliği açısından ciddi bir sorun haline gelmiştir ve bu nedenle, verimi sağlamak için bu zorlukların üstesinden gelmek için uygun stratejileri belirlemek gerekmektedir. Abiyotik stres faktörleri günden güne artmaktadır ve bitkiler, stres koşullarına karşı koyarak çeşitli moleküler ve fizyolojik fonksiyonları yerine getirmek için doğal olarak ısı şoku proteinlerini üretirler.

Çalışmamızın ilk bölümünde hem model bir bitki hem de önemli bir gıda olan salatalık bitkisinin genomunda bulunan ısı şoku proteinleri ailesinin üyeleri belirlenmiştir. Yapılan analizler sonucunda salatalık genomunda kodlanan 36 adet *sHsp*, 100 adet *Hsp40*, 28 adet *Hsp60*, 14 adet *Hsp70*, 7 adet *Hsp90* ve 17 adet *Hsp100* geni tanımlanmıştır. Daha önce salatalık genomunda yer alan ısı şoku proteini ailesi üyeleri tanımlanmadığından ve ısı şoku proteinlerine özgü olan HSPİR veri tabanında salatalık bitkisine ait olan yalnız 3 adet *Hsp40* ve 5 adet *Hsp70* proteini tanımlanmış olduğundan çalışmamız literatürde bulunan boşluğu doldurmuştur.

Çalışmamızın ikinci bölümünde ise, veri tabanlarında bulunan salatalığa ait RNA-dizileme verileri kullanılarak gen ifadelerini belirten ısı haritaları oluşturulmuştur. Buradan elde edilen veriler ışığında, ifadesi dolayısıyla umut vadeden *CsHsp* genleri seçilerek Gerçek zamanlı-PZR ile ifadeleri çalışılmıştır. 5 farklı abiyotik stres uygulaması yapılan örnekler arasından, strese karşı direnç açısından en büyük potansiyele sahip genin 4 stres faktöründe (kuraklık, tuzluluk, düşük sıcaklık, ABA) yüksek gen ifadesine sahip olan *CssHsp-08* geni olduğu görülmüştür. *CssHsp-08* geni ileri fonksiyonel analizler yapılarak, stres direnç mekanizmalarındaki görevi aydınlatılabilir ve daha dayanıklı bitkilerin yetiştirilmesinde bir adım olabilir.

Çalışmamızın üçüncü bölümünde ise, farklı abiyotik stres koşullarında salatalıkta bulunan metabolitlerde gerçekleşen değişimler GC-MS analizleri ile belirlenmiştir. Türevlendirme reaksiyonu kullanılarak GC-MS ile analiz edilebilir hale getirilen amino asitlerin, yağ asitlerinin, şekerlerin, şeker alkollerinin, TCA döngüsü elemanlarının ve karboksilik asitlerin stres faktörlerine karşı gösterdikleri tepkiler

değerlendirilmiştir. Metabolit miktarları irdelendiğinde; linolenik asit tabanlı olarak lipid metabolizmasının, pıpekolik asit temelli olarak amino asit metabolizmasının, rafinoz temelli olarak karbohidrat mekanizmasının ileri yolak analizleri yapılarak irdelenmesinin bu bitkinin strese direnç mekanizmalarının anlaşılması açısından büyük yarar sağlayacağı önerilmektedir.

Çalışmamız önemli bir aile olan ısı şoku proteinleri ailesinin yapısının, organizasyonunun, evriminin ve ifade profillerinin anlaşılması açısından önem arz etmektedir ve gelecekte yaşanabilecek muhtemel gıda problemlerine karşı alınacak önlemler açısından kazançlı olacaktır. Ayrıca çalışmamız, bitki stres mekanizmalarının anlaşılmasında omiks yaklaşımlarının kullanılması açısından temel niteliğindedir ve önemli bilgiler açığa çıkartmıştır.

KAYNAKLAR

1. Whitley, D., Goldberg, S.P. ve Jordan, W.D., Heat shock proteins: A review of the molecular chaperones. *Journal of Vascular Surgery*, 1999. **29**(4): s. 748-751.
2. Haslbeck, M., Franzmann, T., Weinfurtner, D. ve Buchner, J., Some like it hot: The structure and function of small heat-shock proteins. *Nat Struct Mol Biol*, 2005. **12**(10): s. 842-846.
3. Zorzi, E. ve Bonvini, P., Inducible hsp70 in the regulation of cancer cell survival: Analysis of chaperone induction, expression and activity. *Cancers*, 2011. **3**(4): s. 3921-3956.
4. R, R.K., N. S, N., S. P, A., Sinha, D., Veedin Rajan, V.B., Esthaki, V.K. ve D'Silva, P., Hspir: A manually annotated heat shock protein information resource. *Bioinformatics*, 2012. **28**(21): s. 2853-2855.
5. MEGEP, *Salatalık yetiştiriciliği*. 2008, T.C. Milli Eğitim Bakanlığı: Ankara.
6. Ameta, K., Effect of humic acid and micro nutrients on growth and yield of poly house grown cucumber (*cucumis sativus* l.). *Chemical Science Review and Letters*, 2017. **6**(21): s. 581-584.
7. Mah, S.Y., *An effective fungicide for the control of downy mildew on cucumber*, in *MAPPS*. 1989.
8. Waseem, K., Shah, S.N.M. ve Khan, I., Effect of different nitrogen levels on growth and yield of cucumber (*cucumis sativus* l.). *Asian Journal of Plant Sciences*, 2003. **3**: s. 10.
9. Tanurdzic, M. ve Banks, J.A., Sex-determining mechanisms in land plants. *The Plant Cell*, 2004. **16**(Suppl): s. S61-S71.
10. Lough, T.J. ve Lucas, W.J., Integrative plant biology: Role of phloem long-distance macromolecular trafficking. *Annu Rev Plant Biol*, 2006. **57**: s. 203-32.
11. Xoconostle-Cazares, B., Xiang, Y., Ruiz-Medrano, R., Wang, H.L., Monzer, J., Yoo, B.C., McFarland, K.C., Franceschi, V.R. ve Lucas, W.J., Plant paralog to viral

movement protein that potentiates transport of mrna into the phloem. *Science*, 1999. **283**(5398): s. 94-8.

12. Ren, Y., Zhang, Z., Liu, J., Staub, J.E., Han, Y., Cheng, Z., Li, X., Lu, J., Miao, H., Kang, H., Xie, B., Gu, X., Wang, X., Du, Y., Jin, W. ve Huang, S., An integrated genetic and cytogenetic map of the cucumber genome. *PLOS ONE*, 2009. **4**(6): s. e5795.
13. Han, Y., Zhang, Z., Liu, C., Liu, J., Huang, S., Jiang, J. ve Jin, W., Centromere repositioning in cucurbit species: Implication of the genomic impact from centromere activation and inactivation. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2009. **106**(35): s. 14937-41.
14. Huang, S., Li, R., Zhang, Z., Li, L., Gu, X., Fan, W., Lucas, W.J., Wang, X., Xie, B., Ni, P., Ren, Y., Zhu, H., Li, J., Lin, K., Jin, W., Fei, Z., Li, G., Staub, J., Kilian, A., van der Vossen, E.A., Wu, Y., Guo, J., He, J., Jia, Z., Ren, Y., Tian, G., Lu, Y., Ruan, J., Qian, W., Wang, M., Huang, Q., Li, B., Xuan, Z., Cao, J., Asan, Wu, Z., Zhang, J., Cai, Q., Bai, Y., Zhao, B., Han, Y., Li, Y., Li, X., Wang, S., Shi, Q., Liu, S., Cho, W.K., Kim, J.Y., Xu, Y., Heller-Uszynska, K., Miao, H., Cheng, Z., Zhang, S., Wu, J., Yang, Y., Kang, H., Li, M., Liang, H., Ren, X., Shi, Z., Wen, M., Jian, M., Yang, H., Zhang, G., Yang, Z., Chen, R., Liu, S., Li, J., Ma, L., Liu, H., Zhou, Y., Zhao, J., Fang, X., Li, G., Fang, L., Li, Y., Liu, D., Zheng, H., Zhang, Y., Qin, N., Li, Z., Yang, G., Yang, S., Bolund, L., Kristiansen, K., Zheng, H., Li, S., Zhang, X., Yang, H., Wang, J., Sun, R., Zhang, B., Jiang, S., Wang, J., Du, Y. ve Li, S., The genome of the cucumber, *cucumis sativus* l. *Nat Genet*, 2009. **41**(12): s. 1275-81.
15. Guo, S., Zheng, Y., Joung, J.G., Liu, S., Zhang, Z., Crasta, O.R., Sobral, B.W., Xu, Y., Huang, S. ve Fei, Z., Transcriptome sequencing and comparative analysis of cucumber flowers with different sex types. *BMC Genomics*, 2010. **11**: s. 384.
16. Dobson, C.M., Šali, A. ve Karplus, M., Protein folding: A perspective from theory and experiment. *Angewandte Chemie International Edition*, 1998. **37**(7): s. 868-893.
17. Tutar, L. ve Tutar, Y., Heat shock proteins; an overview. *Curr Pharm Biotechnol*, 2010. **11**(2): s. 216-22.
18. Hames, D. ve Hooper, N., *Bios instant notes in biochemistry*. 2011: Taylor & Francis.
19. Ritossa, F., A new puffing pattern induced by temperature shock and dnp in drosophila. *Experientia*, 1962. **18**(12): s. 571-573.

20. Tissières, A., Mitchell, H.K. ve Tracy, U.M., Protein synthesis in salivary glands of *Drosophila melanogaster*: Relation to chromosome puffs. *Journal of Molecular Biology*, 1974. **84**(3): s. 389-398.
21. Richter, K., Haslbeck, M. ve Buchner, J., The heat shock response: Life on the verge of death. *Mol Cell*, 2010. **40**(2): s. 253-66.
22. Lindquist, S. ve Craig, E., The heat-shock proteins. *Annual review of genetics*, 1988. **22**(1): s. 631-677.
23. Lund, P.A., *Molecular chaperones in the cell*. Vol. 37. 2001: Oxford University Press, USA.
24. Poulain, P., Gelly, J.-C. ve Flatters, D., Detection and architecture of small heat shock protein monomers. *PLOS ONE*, 2010. **5**(4): s. e9990.
25. Sun, Y. ve MacRae, T.H., Small heat shock proteins: Molecular structure and chaperone function. *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS*, 2005. **62**(21): s. 2460-2476.
26. Jakob, U., Gaestel, M., Engel, K. ve Buchner, J., Small heat shock proteins are molecular chaperones. *J Biol Chem*, 1993. **268**(3): s. 1517-20.
27. Basha, E., O'Neill, H. ve Vierling, E., Small heat shock proteins and alpha-crystallins: Dynamic proteins with flexible functions. *Trends Biochem Sci*, 2012. **37**(3): s. 106-17.
28. Bukau, B., Weissman, J. ve Horwich, A., Molecular chaperones and protein quality control. *Cell*, 2006. **125**(3): s. 443-51.
29. Kampinga, H.H. ve Craig, E.A., The hsp70 chaperone machinery: J proteins as drivers of functional specificity. *Nat Rev Mol Cell Biol*, 2010. **11**(8): s. 579-92.
30. Walsh, P., Bursac, D., Law, Y.C., Cyr, D. ve Lithgow, T., The j-protein family: Modulating protein assembly, disassembly and translocation. *EMBO Rep*, 2004. **5**(6): s. 567-71.

31. Rajan, V.B. ve D'Silva, P., Arabidopsis thaliana j-class heat shock proteins: Cellular stress sensors. *Funct Integr Genomics*, 2009. **9**(4): s. 433-46.
32. Laufen, T., Mayer, M.P., Beisel, C., Klostermeier, D., Mogk, A., Reinstein, J. ve Bukau, B., Mechanism of regulation of hsp70 chaperones by dnaj cochaperones. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1999. **96**(10): s. 5452-5457.
33. Craig, E.A., Huang, P., Aron, R. ve Andrew, A., The diverse roles of j-proteins, the obligate hsp70 co-chaperone. *Rev Physiol Biochem Pharmacol*, 2006. **156**: s. 1-21.
34. Hartl, F.U. ve Hayer-Hartl, M., Molecular chaperones in the cytosol: From nascent chain to folded protein. *Science*, 2002. **295**(5561): s. 1852-8.
35. Spiess, C., Meyer, A.S., Reissmann, S. ve Frydman, J., Mechanism of the eukaryotic chaperonin: Protein folding in the chamber of secrets. *Trends Cell Biol*, 2004. **14**(11): s. 598-604.
36. Stoldt, V., Rademacher, F., Kehren, V., Ernst, J.F., Pearce, D.A. ve Sherman, F., Review: The cct eukaryotic chaperonin subunits of saccharomyces cerevisiae and other yeasts. *Yeast*, 1996. **12**(6): s. 523-9.
37. Xu, Z. ve Sigler, P.B., Groel/groes: Structure and function of a two-stroke folding machine. *Journal of Structural Biology*, 1998. **124**(2): s. 129-141.
38. Bukau, B. ve Horwich, A.L., The hsp70 and hsp60 chaperone machines. *Cell*, 1998. **92**(3): s. 351-66.
39. Young, J.C., Mechanisms of the hsp70 chaperone system. *Biochem Cell Biol*, 2010. **88**(2): s. 291-300.
40. Buchner, J., Hsp90 & co. - a holding for folding. *Trends Biochem Sci*, 1999. **24**(4): s. 136-41.
41. Young, J.C., Moarefi, I. ve Hartl, F.U., Hsp90: A specialized but essential protein-folding tool. *J Cell Biol*, 2001. **154**(2): s. 267-73.
42. Pearl, L.H. ve Prodromou, C., Structure and mechanism of the hsp90 molecular chaperone machinery. *Annu Rev Biochem*, 2006. **75**: s. 271-94.

43. Csermely, P., Schnaider, T., Soti, C., Prohaszka, Z. ve Nardai, G., The 90-kda molecular chaperone family: Structure, function, and clinical applications. A comprehensive review. *Pharmacol Ther*, 1998. **79**(2): s. 129-68.
44. Glover, J.R. ve Lindquist, S., Hsp104, hsp70, and hsp40: A novel chaperone system that rescues previously aggregated proteins. *Cell*, 1998. **94**(1): s. 73-82.
45. Parsell, D.A. ve Lindquist, S., The function of heat-shock proteins in stress tolerance: Degradation and reactivation of damaged proteins. *Annu Rev Genet*, 1993. **27**: s. 437-96.
46. Selye, H., A syndrome produced by diverse nocuous agents. 1936. *J Neuropsychiatry Clin Neurosci*, 1998. **10**(2): s. 230-1.
47. Tripathi, B.N. ve Müller, M., *Stress responses in plants: Mechanisms of toxicity and tolerance*. 2015: Springer International Publishing.
48. Larcher, W., Stress bei pflanzen. *Naturwissenschaften*, 1987. **74**(4): s. 158-167.
49. Lichtenthaler, H.K., *In vivo chlorophyll fluorescence as a tool for stress detection in plants*, in *Applications of chlorophyll fluorescense in photosynthesis research, stress physiology, hydrobiology and remote sensing: An introduction to the various fields of applications of the in vivo chlorophyll fluorescence also including the proceedings of the first international chlorophyll fluorescence symposium held in the physikzentrum, bad honnef, f.R.G., 6–8 june 1998*, H.K. Lichtenthaler, Editor. 1988, Springer Netherlands: Dordrecht. s. 129-142.
50. Lichtenthaler, H.K., Vegetation stress: An introduction to the stress concept in plants. *Journal of Plant Physiology*, 1996. **148**(1): s. 4-14.
51. Lichtenthaler, H.K., The stress concept in plants: An introduction. *Ann N Y Acad Sci*, 1998. **851**: s. 187-98.
52. Rehem, B.C., Bertolde, F.Z. ve Almeida, A.-A.F.d., *Regulation of gene expression in response to abiotic stress in plants*, in *Cell metabolism - cell homeostasis and stress response*, P. Bubulya, Editor. 2012, InTech: Rijeka. s. Ch. 2.

53. Green, C.D., Simons, J.F., Taillon, B.E. ve Lewin, D.A., Open systems: Panoramic views of gene expression. *J Immunol Methods*, 2001. **250**(1-2): s. 67-79.
54. Balođlu, M.C., *Expression analysis of nac type transcription factors on wheat seedlings under abiotic stress conditions*, in *Biyoloji Bölümü*. 2011, Orta Dođru Teknik Üniversitesi: Ankara.
55. Nolan, T., Hands, R.E. ve Bustin, S.A., Quantification of mrna using real-time rt-pcr. *Nat Protoc*, 2006. **1**(3): s. 1559-82.
56. Wilhelm, J. ve Pingoud, A., Real-time polymerase chain reaction. *Chembiochem*, 2003. **4**(11): s. 1120-8.
57. Finotello, F. ve Di Camillo, B., Measuring differential gene expression with rna-seq: Challenges and strategies for data analysis. *Briefings in Functional Genomics*, 2015. **14**(2): s. 130-142.
58. Zararsız, G., *Development and application of novel machine learning approaches for rna-seq data classification*, in *Biyoistatistik Programı*. 2015, Hacettepe Üniversitesi: Ankara.
59. Obata, T. ve Fernie, A.R., The use of metabolomics to dissect plant responses to abiotic stresses. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 2012. **69**(19): s. 3225-3243.
60. Fernie, A.R. ve Schauer, N., Metabolomics-assisted breeding: A viable option for crop improvement? *Trends Genet*, 2009. **25**(1): s. 39-48.
61. Khakimov, B., Bak, S. ve Engelsens, S.B., High-throughput cereal metabolomics: Current analytical technologies, challenges and perspectives. *Journal of Cereal Science*, 2014. **59**(3): s. 393-418.
62. Kusano, M., Yang, Z., Okazaki, Y., Nakabayashi, R., Fukushima, A. ve Saito, K., Using metabolomic approaches to explore chemical diversity in rice. *Mol Plant*, 2014.
63. Oms-Oliu, G., Hertog, M.L.A.T.M., Van de Poel, B., Ampofo-Asiama, J., Geeraerd, A.H. ve Nicolai, B.M., Metabolic characterization of tomato fruit during preharvest development, ripening, and postharvest shelf-life. *Postharvest Biology and Technology*, 2011. **62**(1): s. 7-16.

64. Kroymann, J., Natural diversity and adaptation in plant secondary metabolism. *Current Opinion in Plant Biology*, 2011. **14**(3): s. 246-251.
65. Allwood, J.W., Ellis, D.I. ve Goodacre, R., Metabolomic technologies and their application to the study of plants and plant-host interactions. *Physiol Plant*, 2008. **132**(2): s. 117-35.
66. Dixon, R.A. ve Strack, D., Phytochemistry meets genome analysis, and beyond. *Phytochemistry*, 2003. **62**(6): s. 815-6.
67. Wienkoop, S., Weiss, J., May, P., Kempa, S., Irgang, S., Recuenco-Munoz, L., Pietzke, M., Schwemmer, T., Rupprecht, J., Egelhofer, V. ve Weckwerth, W., Targeted proteomics for chlamydomonas reinhardtii combined with rapid subcellular protein fractionation, metabolomics and metabolic flux analyses. *Mol Biosyst*, 2010. **6**(6): s. 1018-31.
68. Fernie, A.R., Trethewey, R.N., Krotzky, A.J. ve Willmitzer, L., Metabolite profiling: From diagnostics to systems biology. *Nat Rev Mol Cell Biol*, 2004. **5**(9): s. 763-9.
69. Lisec, J., Schauer, N., Kopka, J., Willmitzer, L. ve Fernie, A.R., Gas chromatography mass spectrometry-based metabolite profiling in plants. *Nat Protoc*, 2006. **1**(1): s. 387-96.
70. Halket, J.M., Waterman, D., Przyborowska, A.M., Patel, R.K., Fraser, P.D. ve Bramley, P.M., Chemical derivatization and mass spectral libraries in metabolic profiling by gc/ms and lc/ms/ms. *J Exp Bot*, 2005. **56**(410): s. 219-43.
71. Schauer, N., Steinhäuser, D., Strelkov, S., Schomburg, D., Allison, G., Moritz, T., Lundgren, K., Roessner-Tunali, U., Forbes, M.G., Willmitzer, L., Fernie, A.R. ve Kopka, J., Gc-ms libraries for the rapid identification of metabolites in complex biological samples. *FEBS Lett*, 2005. **579**(6): s. 1332-7.
72. Kumari, S., Stevens, D., Kind, T., Denkert, C. ve Fiehn, O., Applying in-silico retention index and mass spectra matching for identification of unknown metabolites in accurate mass gc-tof mass spectrometry. *Anal Chem*, 2011. **83**(15): s. 5895-902.
73. Kind, T., Wohlgemuth, G., Lee, D.Y., Lu, Y., Palazoglu, M., Shahbaz, S. ve Fiehn, O., Fiehnlib: Mass spectral and retention index libraries for metabolomics based on quadrupole and time-of-flight gas chromatography/mass spectrometry. *Anal Chem*, 2009. **81**(24): s. 10038-48.

74. Kopka, J., Schauer, N., Krueger, S., Birkemeyer, C., Usadel, B., Bergmuller, E., Dormann, P., Weckwerth, W., Gibon, Y., Stitt, M., Willmitzer, L., Fernie, A.R. ve Steinhauser, D., Gmd@csb.Db: The golm metabolome database. *Bioinformatics*, 2005. **21**(8): s. 1635-8.
75. Wang, W., Vinocur, B., Shoseyov, O. ve Altman, A., Role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in the abiotic stress response. *Trends Plant Sci*, 2004. **9**(5): s. 244-52.
76. Gaci, O. ve Balev, S., *A general model for amino acid interaction networks*. 2008.
77. Cramer, G.R., Urano, K., Delrot, S., Pezzotti, M. ve Shinozaki, K., Effects of abiotic stress on plants: A systems biology perspective. *BMC Plant Biology*, 2011. **11**: s. 163-163.
78. Ortbauer, M., *Abiotic stress adaptation: Protein folding stability and dynamics*, in *Abiotic stress - plant responses and applications in agriculture*, K. Vahdati and C. Leslie, Editors. 2013, InTech: Rijeka. s. Ch. 01.
79. Hossain, Z., Nouri, M.Z. ve Komatsu, S., Plant cell organelle proteomics in response to abiotic stress. *J Proteome Res*, 2012. **11**(1): s. 37-48.
80. Gregersen, N., Bross, P., Vang, S. ve Christensen, J.H., Protein misfolding and human disease. *Annu Rev Genomics Hum Genet*, 2006. **7**: s. 103-24.
81. Lin, B.L., Wang, J.S., Liu, H.C., Chen, R.W., Meyer, Y., Barakat, A. ve Delseny, M., Genomic analysis of the hsp70 superfamily in arabidopsis thaliana. *Cell Stress Chaperones*, 2001. **6**(3): s. 201-8.
82. Sung, D.Y., Vierling, E. ve Guy, C.L., Comprehensive expression profile analysis of the arabidopsis hsp70 gene family. *Plant Physiol*, 2001. **126**(2): s. 789-800.
83. Guy, C.L. ve Li, Q.B., The organization and evolution of the spinach stress 70 molecular chaperone gene family. *Plant Cell*, 1998. **10**(4): s. 539-56.
84. Yamada, A., Sekiguchi, M., Mimura, T. ve Ozeki, Y., The role of plant cct α in salt- and osmotic-stress tolerance. *Plant and cell physiology*, 2002. **43**(9): s. 1043-1048.

85. Krishna, P. ve Gloor, G., The hsp90 family of proteins in arabidopsis thaliana. *Cell Stress & Chaperones*, 2001. **6**(3): s. 238-246.
86. Milioni, D. ve Hatzopoulos, P., Genomic organization of hsp90 gene family in arabidopsis. *Plant Mol Biol*, 1997. **35**(6): s. 955-61.
87. Agarwal, M., Katiyar-Agarwal, S., Sahi, C., Gallie, D.R. ve Grover, A., Arabidopsis thaliana hsp100 proteins: Kith and kin. *Cell Stress & Chaperones*, 2001. **6**(3): s. 219-224.
88. Keeler, S.J., Boettger, C.M., Haynes, J.G., Kuches, K.A., Johnson, M.M., Thureen, D.L., Keeler, C.L., Jr. ve Kitto, S.L., Acquired thermotolerance and expression of the hsp100/clpb genes of lima bean. *Plant Physiol*, 2000. **123**(3): s. 1121-32.
89. Queitsch, C., Hong, S.W., Vierling, E. ve Lindquist, S., Heat shock protein 101 plays a crucial role in thermotolerance in arabidopsis. *Plant Cell*, 2000. **12**(4): s. 479-92.
90. Schirmer, E.C., Lindquist, S. ve Vierling, E., An arabidopsis heat shock protein complements a thermotolerance defect in yeast. *The Plant Cell*, 1994. **6**(12): s. 1899-1909.
91. Hamilton, E.W., 3rd ve Heckathorn, S.A., Mitochondrial adaptations to nacl. Complex i is protected by anti-oxidants and small heat shock proteins, whereas complex ii is protected by proline and betaine. *Plant Physiol*, 2001. **126**(3): s. 1266-74.
92. Wang, D. ve Luthe, D.S., Heat sensitivity in a bentgrass variant. Failure to accumulate a chloroplast heat shock protein isoform implicated in heat tolerance. *Plant Physiol*, 2003. **133**(1): s. 319-27.
93. Scharf, K.-D., Siddique, M. ve Vierling, E., The expanding family of arabidopsis thaliana small heat stress proteins and a new family of proteins containing α -crystallin domains (acd proteins). *Cell Stress & Chaperones*, 2001. **6**(3): s. 225-237.
94. Pandey, B., Kaur, A., Gupta, O.P., Sharma, I. ve Sharma, P., Identification of hsp20 gene family in wheat and barley and their differential expression profiling under heat stress. *Appl Biochem Biotechnol*, 2015. **175**(5): s. 2427-46.

95. Sarkar, N.K., Kim, Y.-K. ve Grover, A., Rice shsp genes: Genomic organization and expression profiling under stress and development. *BMC Genomics*, 2009. **10**(1): s. 393.
96. Guo, M., Liu, J.-H., Lu, J.-P., Zhai, Y.-F., Wang, H., Gong, Z.-H., Wang, S.-B. ve Lu, M.-H., Genome-wide analysis of the cahsp20 gene family in pepper: Comprehensive sequence and expression profile analysis under heat stress. *Frontiers in Plant Science*, 2015. **6**: s. 806.
97. Yu, J., Cheng, Y., Feng, K., Ruan, M., Ye, Q., Wang, R., Li, Z., Zhou, G., Yao, Z., Yang, Y. ve Wan, H., Genome-wide identification and expression profiling of tomato hsp20 gene family in response to biotic and abiotic stresses. *Frontiers in Plant Science*, 2016. **7**: s. 1215.
98. Lopes-Caitar, V.S., de Carvalho, M.C., Darben, L.M., Kuwahara, M.K., Nepomuceno, A.L., Dias, W.P., Abdelnoor, R.V. ve Marcelino-Guimaraes, F.C., Genome-wide analysis of the hsp20 gene family in soybean: Comprehensive sequence, genomic organization and expression profile analysis under abiotic and biotic stresses. *BMC Genomics*, 2013. **14**: s. 577.
99. YER, E.N., *Isı şoku protein genlerinin (hsp) bazı populus taksonlarında fonksiyonel genom analizi ve abiyotik stres koşullarında hsp genlerinin İfade seviyelerinin belirlenmesi*. 2017, Kastamonu University.
100. Miernyk, J.A., The j-domain proteins of arabidopsis thaliana: An unexpectedly large and diverse family of chaperones. *Cell Stress Chaperones*, 2001. **6**(3): s. 209-18.
101. Sarkar, N.K., Kundnani, P. ve Grover, A., Functional analysis of hsp70 superfamily proteins of rice (*oryza sativa*). *Cell Stress Chaperones*, 2013. **18**(4): s. 427-37.
102. Hill, J.E. ve Hemmingsen, S.M., Arabidopsis thaliana type i and ii chaperonins. *Cell Stress & Chaperones*, 2001. **6**(3): s. 190-200.
103. Singh, R.K., Jaishankar, J., Muthamilarasan, M., Shweta, S., Dangi, A. ve Prasad, M., Genome-wide analysis of heat shock proteins in c4 model, foxtail millet identifies potential candidates for crop improvement under abiotic stress. *Scientific Reports*, 2016. **6**: s. 32641.
104. Wang, Y., Lin, S., Song, Q., Li, K., Tao, H., Huang, J., Chen, X., Que, S. ve He, H., Genome-wide identification of heat shock proteins (hsps) and hsp interactors in rice: Hsp70s as a case study. *BMC Genomics*, 2014. **15**: s. 344.

105. Hu, W., Hu, G. ve Han, B., Genome-wide survey and expression profiling of heat shock proteins and heat shock factors revealed overlapped and stress specific response under abiotic stresses in rice. *Plant Sci*, 2009. **176**(4): s. 583-90.
106. Wen, F., Wu, X., Li, T., Jia, M., Liu, X., Li, P., Zhou, X., Ji, X. ve Yue, X., Genome-wide survey of heat shock factors and heat shock protein 70s and their regulatory network under abiotic stresses in brachypodium distachyon. *PLOS ONE*, 2017. **12**(7): s. e0180352.
107. Goodstein, D.M., Shu, S., Howson, R., Neupane, R., Hayes, R.D., Fazo, J., Mitros, T., Dirks, W., Hellsten, U., Putnam, N. ve Rokhsar, D.S., Phytozome: A comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Res*, 2012. **40**(Database issue): s. D1178-86.
108. Finn, R.D., Coghill, P., Eberhardt, R.Y. ve Eddy, S.R., The pfam protein families database: Towards a more sustainable future. 2016. **44**(D1): s. D279-85.
109. Gasteiger, E., Hoogland, C., Gattiker, A., Wilkins, M.R., Appel, R.D. ve Bairoch, A., *Protein identification and analysis tools on the expasy server*, in *The proteomics protocols handbook*. 2005, Springer. s. 571-607.
110. Hu, B., Jin, J., Guo, A.Y., Zhang, H., Luo, J. ve Gao, G., Gsds 2.0: An upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*, 2015. **31**(8): s. 1296-7.
111. Voorrips, R.E., Mapchart: Software for the graphical presentation of linkage maps and qtls. *Journal of Heredity*, 2002. **93**(1): s. 77-78.
112. Kumar, S., Stecher, G. ve Tamura, K., Mega7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 2016. **33**(7): s. 1870-1874.
113. Larkin, M.A., Blackshields, G., Brown, N.P., Chenna, R., McGettigan, P.A., McWilliam, H., Valentin, F., Wallace, I.M., Wilm, A., Lopez, R., Thompson, J.D., Gibson, T.J. ve Higgins, D.G., Clustal w and clustal x version 2.0. *Bioinformatics*, 2007. **23**(21): s. 2947-8.
114. Felsenstein, J., Evolutionary trees from DNA sequences: A maximum likelihood approach. *J Mol Evol*, 1981. **17**(6): s. 368-76.

115. Bailey, T.L. ve Elkan, C., Fitting a mixture model by expectation maximization to discover motifs in biopolymers. *Proc Int Conf Intell Syst Mol Biol*, 1994. **2**: s. 28-36.
116. Conesa, A. ve Götz, S., Blast2go: A comprehensive suite for functional analysis in plant genomics. *International Journal of Plant Genomics*, 2008. **2008**: s. 12.
117. Suyama, M., Torrents, D. ve Bork, P., Pal2nal: Robust conversion of protein sequence alignments into the corresponding codon alignments. *Nucleic acids research*, 2006. **34**(Web Server issue): s. W609-12.
118. Lynch, M. ve Conery, J.S., The evolutionary fate and consequences of duplicate genes. *Science*, 2000. **290**(5494): s. 1151-5.
119. Kozomara, A. ve Griffiths-Jones, S., Mirbase: Annotating high confidence micrnas using deep sequencing data. *Nucleic Acids Res*, 2014. **42**(Database issue): s. D68-73.
120. Dai, X. ve Zhao, P.X., Psrnatarget: A plant small rna target analysis server. *Nucleic Acids Research*, 2011. **39**(Web Server issue): s. W155-W159.
121. Kelley, L.A., Mezulis, S., Yates, C.M., Wass, M.N. ve Sternberg, M.J., The phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. 2015. **10**(6): s. 845-58.
122. Zhao, P., Wang, D., Wang, R., Kong, N., Zhang, C., Yang, C., Wu, W., Ma, H. ve Chen, Q., Genome-wide analysis of the potato hsp20 gene family: Identification, genomic organization and expression profiles in response to heat stress. *BMC Genomics*, 2018. **19**(1): s. 61.
123. Buyuk, I., Inal, B., Ilhan, E., Tanriseven, M., Aras, S. ve Erayman, M., Genome-wide identification of salinity responsive hsp70s in common bean. *Mol Biol Rep*, 2016. **43**(11): s. 1251-1266.
124. Liu, Y., Wan, H., Yang, Y., Wei, Y., Li, Z., Ye, Q., Wang, R., Ruan, M., Yao, Z. ve Zhou, G., [genome-wide identification and analysis of heat shock protein 90 in tomato]. *Yi Chuan*, 2014. **36**(10): s. 1043-52.
125. Agarwal, G., Garg, V., Kudapa, H., Doddamani, D., Pazhamala, L.T., Khan, A.W., Thudi, M., Lee, S.H. ve Varshney, R.K., Genome-wide dissection of ap2/erf and

hsp90 gene families in five legumes and expression profiles in chickpea and pigeonpea. *Plant Biotechnology Journal*, 2016. **14**(7): s. 1563-1577.

126. Liu, J., Wang, R., Liu, W., Zhang, H., Guo, Y. ve Wen, R., Genome-wide characterization of heat-shock protein 70s from chenopodium quinoa and expression analyses of cqhsp70s in response to drought stress. *Genes (Basel)*, 2018. **9**(2).
127. Waters, E.R., The evolution, function, structure, and expression of the plant shsps. *J Exp Bot*, 2013. **64**(2): s. 391-403.
128. Tao, P., Guo, W.L., Li, B.Y., Wang, W.H., Yue, Z.C., Lei, J.L. ve Zhong, X.M., Genome-wide identification, classification, and expression analysis of shsp genes in chinese cabbage (*brassica rapa ssp pekinensis*). *Genet Mol Res*, 2015. **14**(4): s. 11975-93.
129. Kim, K.K., Kim, R. ve Kim, S.H., Crystal structure of a small heat-shock protein. *Nature*, 1998. **394**(6693): s. 595-9.
130. Mayer, M.P., Brehmer, D., Gassler, C.S. ve Bukau, B., Hsp70 chaperone machines. *Adv Protein Chem*, 2001. **59**: s. 1-44.
131. Goetz, M.P., Toft, D.O., Ames, M.M. ve Erlichman, C., The hsp90 chaperone complex as a novel target for cancer therapy. *Ann Oncol*, 2003. **14**(8): s. 1169-76.
132. Yan, H., Zhang, A., Chen, J., He, X., Xu, B., Xie, G., Miao, Z., Zhang, X. ve Huang, L., Genome-wide analysis of the pvhsp20 family in switchgrass: Motif, genomic organization, and identification of stress or developmental-related hsp20s. *Frontiers in Plant Science*, 2017. **8**: s. 1024.
133. Horwich, A.L., Fenton, W.A., Chapman, E. ve Farr, G.W., Two families of chaperonin: Physiology and mechanism. *Annu Rev Cell Dev Biol*, 2007. **23**: s. 115-45.
134. Doyle, S.M. ve Wickner, S., Hsp104 and clpb: Protein disaggregating machines. *Trends Biochem Sci*, 2009. **34**(1): s. 40-8.
135. Yang, J., Zhang, N., Ma, C., Qu, Y., Si, H. ve Wang, D., Prediction and verification of micrnas related to proline accumulation under drought stress in potato. *Comput Biol Chem*, 2013. **46**: s. 48-54.

136. Shiram, V., Kumar, V., Devarumath, R.M., Khare, T.S. ve Wani, S.H., Micrnas as potential targets for abiotic stress tolerance in plants. *Frontiers in Plant Science*, 2016. **7**: s. 817.
137. Wan, P., Wu, J., Zhou, Y., Xiao, J., Feng, J., Zhao, W., Xiang, S., Jiang, G. ve Chen, J.Y., Computational analysis of drought stress-associated mirnas and mirna co-regulation network in physcomitrella patens. *Genomics Proteomics Bioinformatics*, 2011. **9**(1-2): s. 37-44.
138. Kantar, M., Lucas, S.J. ve Budak, H., Mirna expression patterns of triticum dicoccoides in response to shock drought stress. *Planta*, 2011. **233**(3): s. 471-84.
139. Alptekin, B., Langridge, P. ve Budak, H., Abiotic stress mirnoms in the triticeae. *Functional & Integrative Genomics*, 2017. **17**(2): s. 145-170.
140. Xie, X., Li, X., Tian, Y., Su, M., Zhang, J., Han, X., Cui, Y. ve Bian, S., Identification and characterization of micrnas and their targets from expression sequence tags of ribes nigrum. *Canadian Journal of Plant Science*, 2016. **96**(6): s. 995-1001.
141. Abdel-Ghany, S.E. ve Pilon, M., Microrna-mediated systemic down-regulation of copper protein expression in response to low copper availability in arabidopsis. *J Biol Chem*, 2008. **283**.
142. Ma, C., Burd, S. ve Lers, A., Mir408 is involved in abiotic stress responses in arabidopsis. *Plant J*, 2015. **84**(1): s. 169-87.
143. Zhang, H. ve Li, L., Squamosa promoter binding protein-like7 regulated microrna408 is required for vegetative development in arabidopsis. *Plant J*, 2013. **74**(1): s. 98-109.
144. Thatcher, S.R., Burd, S., Wright, C., Lers, A. ve Green, P.J., Differential expression of mirnas and their target genes in senescing leaves and siliques: Insights from deep sequencing of small rnas and cleaved target rnas. *Plant, Cell & Environment*, 2015. **38**(1): s. 188-200.
145. Wang, T., Chen, L., Zhao, M., Tian, Q. ve Zhang, W.-H., Identification of drought-responsive micrnas in medicago truncatula by genome-wide high-throughput sequencing. *BMC Genomics*, 2011. **12**(1): s. 367.

146. Bhardwaj, R., Ohri, P., Kaur, R., Rattan, A., Kapoor, D., Bali, S., Kaur, P., Khajuria, A. ve Singh, R., *Chapter 10 - gene silencing: A novel cellular defense mechanism improving plant productivity under environmental stresses*, in *Emerging technologies and management of crop stress tolerance*. 2014, Academic Press: San Diego. s. 209-228.
147. Bej, S. ve Basak, J., Micrnas: The potential biomarkers in plant stress response. *American Journal of Plant Sciences*, 2014. **Vol.05No.05**: s. 12.
148. Caraux, G. ve Pinloche, S., Permutmatrix: A graphical environment to arrange gene expression profiles in optimal linear order. *Bioinformatics*, 2005. **21**(7): s. 1280-1281.
149. Li, Z., Zhang, Z., Yan, P., Huang, S., Fei, Z. ve Lin, K., Rna-seq improves annotation of protein-coding genes in the cucumber genome. *BMC Genomics*, 2011. **12**: s. 540.
150. Hoagland, D.R. ve Arnon, D.I., The water-culture method for growing plants without soil. *Circular. California Agricultural*, 1950.
151. Wu, W., Deng, Q., Shi, P., Yang, J., Hu, Z. ve Zhang, M., Identification of appropriate reference genes for normalization of mirna expression in grafted watermelon plants under different nutrient stresses. *PLOS ONE*, 2016. **11**(10): s. e0164725.
152. Livak, K.J. ve Schmittgen, T.D., Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative pcr and the 2⁻ $\delta\delta$ ct method. *Methods*, 2001. **25**(4): s. 402-408.
153. Hahn, A., Bublak, D., Schleiff, E. ve Scharf, K.D., Crosstalk between hsp90 and hsp70 chaperones and heat stress transcription factors in tomato. *Plant Cell*, 2011. **23**(2): s. 741-55.
154. Timperio, A.M., Egidi, M.G. ve Zolla, L., Proteomics applied on plant abiotic stresses: Role of heat shock proteins (hsp). *J Proteomics*, 2008. **71**(4): s. 391-411.
155. Jenny, R., Jean-Francois, H. ve E., W.M., Proteomics and low-temperature studies: Bridging the gap between gene expression and metabolism. *Physiologia Plantarum*, 2006. **126**(1): s. 97-109.
156. Wang, X., Zhuang, L., Shi, Y. ve Huang, B., Up-regulation of hsf2c and hsps by aba contributing to improved heat tolerance in tall fescue and arabidopsis. *International Journal of Molecular Sciences*, 2017. **18**(9): s. 1981.

157. Rai, V., Role of amino acids in plant responses to stresses. *Biologia Plantarum*, 2002. **45**(4): s. 481-487.
158. Singh, T., Aspinall, D. ve Paleg, L., Proline accumulation and varietal adaptability to drought in barley: A potential metabolic measure of drought resistance. *Nature New Biology*, 1972. **236**(67): s. 188.
159. Aspinall, D. ve Paleg, L., Proline accumulation: Physiological aspects. *Physiology and biochemistry of drought resistance in plants*, 1981.
160. MORI, T., SAKAGAMI, Y. ve DoI, K., Change in free amino acid content in cryptomeria japonica transplants under various soil moisture conditions. *JOURNAL OF THE JAPANESE FORESTRY SOCIETY*, 1971. **53**(11): s. 350-354.
161. Hanower, P. ve Brzozowska, J., Effects of osmotic stress on composition of free amino acids in cotton leaves. *Phytochem*, 1975. **14**: s. 1691-4.
162. Slukhai, S. ve Shvedova, O., Dynamics of free amino acid contents in maize plants in connection with soil water regimes. *Fizio Biokhim kul't Rast*, 1972. **4**: s. 151-6.
163. Yang, C.-W., Lin, C. ve Kao, C., Proline, ornithine, arginine and glutamic acid contents in detached rice leaves. *Biologia Plantarum*, 2000. **43**(2): s. 305-307.
164. Barnett, N.M. ve Naylor, A.W., Amino acid and protein metabolism in bermuda grass during water stress. *Plant Physiol*, 1966. **41**(7): s. 1222-30.
165. Lugan, R., Niogret, M.F., Leport, L., Guegan, J.P., Larher, F.R., Savoure, A., Kopka, J. ve Bouchereau, A., Metabolome and water homeostasis analysis of thellungiella salsuginea suggests that dehydration tolerance is a key response to osmotic stress in this halophyte. *Plant J*, 2010. **64**(2): s. 215-29.
166. Usadel, B., Blasing, O.E., Gibon, Y., Poree, F., Hohne, M., Gunter, M., Trethewey, R., Kamlage, B., Poorter, H. ve Stitt, M., Multilevel genomic analysis of the response of transcripts, enzyme activities and metabolites in arabidopsis rosettes to a progressive decrease of temperature in the non-freezing range. *Plant Cell Environ*, 2008. **31**(4): s. 518-47.

167. Kaplan, F. ve Guy, C.L., Beta-amylase induction and the protective role of maltose during temperature shock. *Plant Physiol*, 2004. **135**(3): s. 1674-84.
168. Brosche, M., Vinocur, B., Alatalo, E.R., Lamminmaki, A., Teichmann, T., Ottow, E.A., Djilianov, D., Afif, D., Bogeat-Triboulot, M.B., Altman, A., Polle, A., Dreyer, E., Rudd, S., Paulin, L., Auvinen, P. ve Kangasjarvi, J., Gene expression and metabolite profiling of populus euphratica growing in the negev desert. *Genome Biol*, 2005. **6**(12): s. R101.
169. Handa, S., Bressan, R.A., Handa, A.K., Carpita, N.C. ve Hasegawa, P.M., Solutes contributing to osmotic adjustment in cultured plant cells adapted to water stress. *Plant Physiol*, 1983. **73**(3): s. 834-43.
170. Rhodes, D., Handa, S. ve Bressan, R.A., Metabolic changes associated with adaptation of plant cells to water stress. *Plant Physiol*, 1986. **82**(4): s. 890-903.
171. Kempa, S., Krasensky, J., Dal Santo, S., Kopka, J. ve Jonak, C., A central role of abscisic acid in stress-regulated carbohydrate metabolism. *PLoS One*, 2008. **3**(12): s. e3935.
172. Sanchez, D.H., Siahpoosh, M.R., Roessner, U., Udvardi, M. ve Kopka, J., Plant metabolomics reveals conserved and divergent metabolic responses to salinity. *Physiol Plant*, 2008. **132**(2): s. 209-19.
173. Ashraf, M. ve Foolad, M., Roles of glycine betaine and proline in improving plant abiotic stress resistance. *Environmental and experimental botany*, 2007. **59**(2): s. 206-216.
174. Beisson, F., Li, Y., Bonaventure, G., Pollard, M. ve Ohlrogge, J.B., The acyltransferase gpat5 is required for the synthesis of suberin in seed coat and root of arabidopsis. *Plant Cell*, 2007. **19**(1): s. 351-68.
175. Iba, K., Acclimative response to temperature stress in higher plants: Approaches of gene engineering for temperature tolerance. *Annu Rev Plant Biol*, 2002. **53**: s. 225-45.
176. Grechkin, A., Recent developments in biochemistry of the plant lipoxygenase pathway. *Prog Lipid Res*, 1998. **37**(5): s. 317-52.

177. Kachroo, P., Shanklin, J., Shah, J., Whittle, E.J. ve Klessig, D.F., A fatty acid desaturase modulates the activation of defense signaling pathways in plants. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2001. **98**(16): s. 9448-53.
178. Blee, E., Impact of phyto-oxylipins in plant defense. *Trends Plant Sci*, 2002. **7**(7): s. 315-22.
179. Routaboul, J.M., Fischer, S.F. ve Browse, J., Trienoic fatty acids are required to maintain chloroplast function at low temperatures. *Plant Physiol*, 2000. **124**(4): s. 1697-705.
180. Miquel, M., James, D., Jr., Dooner, H. ve Browse, J., Arabidopsis requires polyunsaturated lipids for low-temperature survival. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 1993. **90**(13): s. 6208-12.
181. Vega, S.E., Alfonso, H., Bamberg, J.B. ve Palta, J.P., Evidence for the up-regulation of stearoyl-*acp* ($\delta 9$) desaturase gene expression during cold acclimation. *American journal of potato research*, 2004. **81**(2): s. 125-135.
182. Upchurch, R.G., Fatty acid unsaturation, mobilization, and regulation in the response of plants to stress. *Biotechnology Letters*, 2008. **30**(6): s. 967-977.
183. Zhang, M., Barg, R., Yin, M., Gueta-Dahan, Y., Leikin-Frenkel, A., Salts, Y., Shabtai, S. ve Ben-Hayyim, G., Modulated fatty acid desaturation via overexpression of two distinct omega-3 desaturases differentially alters tolerance to various abiotic stresses in transgenic tobacco cells and plants. *Plant J*, 2005. **44**(3): s. 361-71.
184. Berberich, T., Harada, M., Sugawara, K., Kodama, H., Iba, K. ve Kusano, T., Two maize genes encoding omega-3 fatty acid desaturase and their differential expression to temperature. *Plant Mol Biol*, 1998. **36**(2): s. 297-306.
185. Mikami, K. ve Murata, N., Membrane fluidity and the perception of environmental signals in cyanobacteria and plants. *Prog Lipid Res*, 2003. **42**(6): s. 527-43.
186. Rosa, M., Prado, C., Podazza, G., Interdonato, R., González, J.A., Hilal, M. ve Prado, F.E., Soluble sugars—metabolism, sensing and abiotic stress: A complex network in the life of plants. *Plant Signaling & Behavior*, 2009. **4**(5): s. 388-393.

187. Rosa, M., Hilal, M., Gonzalez, J.A. ve Prado, F.E., Changes in soluble carbohydrates and related enzymes induced by low temperature during early developmental stages of quinoa (*Chenopodium quinoa*) seedlings. *J Plant Physiol*, 2004. **161**(6): s. 683-9.
188. Hilal, M., Parrado, M.F., Rosa, M., Gallardo, M., Orce, L., Massa, E.M., Gonzalez, J.A. ve Prado, F.E., Epidermal lignin deposition in quinoa cotyledons in response to uv-b radiations. *Photochem Photobiol*, 2004. **79**(2): s. 205-10.
189. Ibanez, S., Rosa, M., Hilal, M., Gonzalez, J.A. ve Prado, F.E., Leaves of citrus *aurantifolia* exhibit a different sensibility to solar uv-b radiation according to development stage in relation to photosynthetic pigments and uv-b absorbing compounds production. *J Photochem Photobiol B*, 2008. **90**(3): s. 163-9.
190. Rosa, M., Hilal, M., Gonzalez, J.A. ve Prado, F.E., Low-temperature effect on enzyme activities involved in sucrose-starch partitioning in salt-stressed and salt-acclimated cotyledons of quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) seedlings. *Plant Physiol Biochem*, 2009. **47**(4): s. 300-7.
191. Morsy, M.R., Jouve, L., Hausman, J.F., Hoffmann, L. ve Stewart, J.M., Alteration of oxidative and carbohydrate metabolism under abiotic stress in two rice (*Oryza sativa* L.) genotypes contrasting in chilling tolerance. *J Plant Physiol*, 2007. **164**(2): s. 157-67.
192. Strand, A., Hurry, V., Henkes, S., Huner, N., Gustafsson, P., Gardestrom, P. ve Stitt, M., Acclimation of Arabidopsis leaves developing at low temperatures. Increasing cytoplasmic volume accompanies increased activities of enzymes in the Calvin cycle and in the sucrose-biosynthesis pathway. *Plant Physiol*, 1999. **119**(4): s. 1387-98.
193. Dubey, R. ve Singh, A., Salinity induces accumulation of soluble sugars and alters the activity of sugar metabolising enzymes in rice plants. *Biologia Plantarum*, 1999. **42**(2): s. 233-239.
194. Gill, P.K., Sharma, A.D., Singh, P. ve Bhullar, S.S., Effect of various abiotic stresses on the growth, soluble sugars and water relations of sorghum seedlings grown in light and darkness. *Bulg. J. Plant Physiol*, 2001. **27**(1-2): s. 72-84.
195. Castonguay, Y., Nadeau, P., Lechasseur, P. ve Chouinard, L., Differential accumulation of carbohydrates in alfalfa cultivars of contrasting winterhardiness. *Crop Science*, 1995. **35**(2): s. 509-516.

196. Gupta, A.K. ve Kaur, N., Sugar signalling and gene expression in relation to carbohydrate metabolism under abiotic stresses in plants. *J Biosci*, 2005. **30**(5): s. 761-76.
197. Roitsch, T., Source-sink regulation by sugar and stress. *Curr Opin Plant Biol*, 1999. **2**(3): s. 198-206.
198. Castonguay, Y. ve Nadeau, P., Enzymatic control of soluble carbohydrate accumulation in cold-acclimated crowns of alfalfa. *Crop Science*, 1998. **38**(5): s. 1183-1189.
199. Gilmour, S.J., Sebolt, A.M., Salazar, M.P., Everard, J.D. ve Thomashow, M.F., Overexpression of the arabidopsis cbf3 transcriptional activator mimics multiple biochemical changes associated with cold acclimation. *Plant Physiol*, 2000. **124**.
200. Taji, T., Ohsumi, C., Iuchi, S., Seki, M., Kasuga, M., Kobayashi, M., Yamaguchi-Shinozaki, K. ve Shinozaki, K., Important roles of drought and cold inducible genes for galactinol synthase in stress tolerance in arabidopsis thaliana. *Plant J*, 2002. **29**.
201. Peters, S., Mundree, S.G., Thomson, J.A., Farrant, J.M. ve Keller, F., Protection mechanisms in the resurrection plant xerophyta viscosa (baker): Both sucrose and raffinose family oligosaccharides (rfos) accumulate in leaves in response to water deficit. *J Exp Bot*, 2007. **58**(8): s. 1947-56.
202. Peterbauer, T. ve Richter, A., Biochemistry and physiology of raffinose family oligosaccharides and galactosyl cyclitols in seeds. *Seed Science Research*, 2001. **11**(3): s. 185-197.
203. Gong, L., Pachner, M., Kalai, K. ve Lelley, T., Ssr-based genetic linkage map of cucurbita moschata and its synteny with cucurbita pepo. *Genome*, 2008. **51**.
204. Gagneul, D., Ainouche, A., Duhaze, C., Lugan, R., Larher, F.R. ve Bouchereau, A., A reassessment of the function of the so-called compatible solutes in the halophytic plumbaginaceae limonium latifolium. *Plant Physiol*, 2007. **144**(3): s. 1598-611.
205. Zuther, E., Koehl, K. ve Kopka, J., *Comparative metabolome analysis of the salt response in breeding cultivars of rice*, in *Advances in molecular breeding toward drought and salt tolerant crops*. 2007, Springer. s. 285-315.

206. Urano, K., Maruyama, K., Ogata, Y., Morishita, Y., Takeda, M., Sakurai, N., Suzuki, H., Saito, K., Shibata, D., Kobayashi, M., Yamaguchi-Shinozaki, K. ve Shinozaki, K., Characterization of the aba-regulated global responses to dehydration in arabidopsis by metabolomics. *Plant J*, 2009. **57**(6): s. 1065-78.
207. Krasensky, J. ve Jonak, C., Drought, salt, and temperature stress-induced metabolic rearrangements and regulatory networks. *Journal of Experimental Botany*, 2012. **63**(4): s. 1593-1608.
208. Glaubitz, U., Erban, A., Kopka, J., Hinch, D.K. ve Zuther, E., High night temperature strongly impacts tca cycle, amino acid and polyamine biosynthetic pathways in rice in a sensitivity-dependent manner. *J Exp Bot*, 2015. **66**(20): s. 6385-97.
209. Cook, D., Fowler, S., Fiehn, O. ve Thomashow, M.F., A prominent role for the cbf cold response pathway in configuring the low-temperature metabolome of arabidopsis. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2004. **101**(42): s. 15243-8.
210. Reboul, R., Geserick, C., Pabst, M., Frey, B., Wittmann, D., Lutz-Meindl, U., Leonard, R. ve Tenhaken, R., Down-regulation of udp-glucuronic acid biosynthesis leads to swollen plant cell walls and severe developmental defects associated with changes in pectic polysaccharides. *J Biol Chem*, 2011. **286**(46): s. 39982-92.
211. Safronov, O., Kreuzwieser, J., Haberer, G., Alyousif, M.S., Schulze, W., Al-Harbi, N., Arab, L., Ache, P., Stempf, T., Kruse, J., Mayer, K.X., Hedrich, R., Rennenberg, H., Salojärvi, J. ve Kangasjärvi, J., Detecting early signs of heat and drought stress in phoenix dactylifera (date palm). *PLoS ONE*, 2017. **12**(6): s. e0177883.

EKLER



ÖZGEÇMİŞ

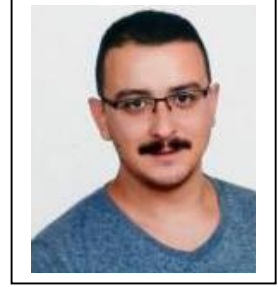
_Adı Soyad : Necdet Mehmet ÜNEL

Doğum Tarihi ve Yeri : 1990/05/22 Kastamonu

Tel : +905548955349

Mail : n.mehmetunel@gmail.com

Ev Adres : Karacaoğlan Mahallesi 6205/1 Sok. Forum Bornova
Evleri 2 No:15 daire:3 - Bornova (Işıkkent)



Eğitim Durumu

Lise : Mustafa Kaya Anadolu Lisesi / Kastamonu (2008 mezunu)

Ön Lisans : Anadolu Üniversitesi Açık Öğretim Fakültesi Fotoğrafçılık ve Kameramanlık Programı (2015- Devam Etmekte)

Lisans : Ege Üniversitesi Fen Fakültesi Biyokimya Bölümü / Biyoteknoloji Ağırlıklı Biyokimyagerlik Opsiyonu (2015 Mezunu)

Yüksek Lisans :Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Genetik ve Biyomühendislik Yüksek Lisans Programı (2016-2018)

İş Deneyimleri

İş Yeri : Genmar Teşhis Ürünleri Ar-ge Lab. Hiz. San. Tic. Ltd
(Temmuz- Ağustos 2014 / Stajyer)

İş Yeri : Genmar Teşhis Ürünleri Ar-ge Lab. Hiz. San. Tic. Ltd;
Oligonükleotidlerin (Primer ve Prob) Sentez, HPLC Saflaştırma Ar-Ge ve Üretim Sorumlusu. (Ağustos 2014-Temmuz 2015)

İş Yeri : Retrogen Biyoteknoloji San. ve Tic. Ltd. Şti.: Uygulama ve Üretim Sorumlusu (Kasım 2017- Halen devam etmekte)

Sertifikalar

- Kozmetik İyi Üretim Uygulamaları – GMP (ISO 22716 : 2007)

- Deneysel ve Kalibrasyon Laboratuvarlarının Yeterliliđi (ISO/IEC 17025: 2005)
- GLP - İyi Laboratuvar Uygulamaları
- GMP – İyi Üretim Uygulamaları

Yayımları

ULUSLARARASI (SCI) DERGİLERDE YAYINLANAN MAKALELER

- Necdet Mehmet ÜNEL, Fadime ÇETİN, Yasin KARACA, Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU, Mehmet Cengiz BALOĞLU. “*Comparative Identification, Characterization and Expression Analysis of bZIP Gene Family in Watermelon and Melon Genomes*” PLoS ONE. (Kabul edildi)
- Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU, Necdet Mehmet ÜNEL, Mehmet Cengiz BALOĞLU, Ferhat ULU, Tefvik Hasan CAN, Rahmi ÇETİNKAYA. “*Comparative Identification, Molecular Characterization and Evolutionary Relationship of Fatty Acid Desaturase (FAD) Genes in Some Oil Crops*” Biotechnology & Biotechnological Equipment. (Kabul edildi/ DOI bekleniyor)

ULUSLARARASI BİLİMSEL TOPLANTILARDA SUNULAN BİLDİRİLER

Sözlü Sunum

- Mehmet Cengiz Balođlu, Necdet Mehmet Ünel, Yasin Karaca, Fadime Çetin, “*Genome-wide Characterization of Basic leucine zipper (bZIP) Transcription Factors in Melon*”, 5th International Molecular Biology and Biotechnology Congress, s. 2, 25-29 Ağustos, 2016, Üsküp, Makedonya
- Pınar Balođlu, Necdet Mehmet Ünel, Yasemin Çelik Altunođlu, Mehmet Cengiz Balođlu, “*Identification and Characterization of Hsp90 Proteins in Eucalyptus*”, 5th International Molecular Biology and Biotechnology Congress, s. 61, 25-29 Ağustos, 2016, Üsküp, Makedonya
- Necdet Mehmet ÜNEL, Rahmi ÇETİNKAYA, Ayşenur MİDİLLİ, Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU, Mehmet Cengiz BALOĞLU, “*Bioinformatics Analysis of Hsp60 Genes in Cucumber Genome*”, International Conference on

Agriculture, Forest, Food Sciences and Technologies (ICAFOF), s. 816, 15-17 Mayıs, 2017, Kapadokta, Türkiye

- Necdet Mehmet ÜNEL, Mehmet Cengiz BALOĞLU, “**Detection and Molecular Characterization of Hsp90 Genes in Cucumber Genome**”, International Science and Technology Conference (ISTEC 2017 EUROPE), 17-19 Haziran, 2017 Berlin, Almanya

ULUSAL BİLİMSEL TOPLANTILARDA SUNULAN BİLDİRİLER

Sözlü Sunum

- Necdet Mehmet ÜNEL, Tevfik Hasan CAN, Gizem İNCİLİ, Esra ÇİĞDEM, Yasemin ÇELİK, ALTUNOĞLU, Mehmet Cengiz BALOĞLU, “**Yağ Bitkilerinin Genomlarında LEA Gen Ailesi Üyelerinin ve Karakterizasyonu**”, 7. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, 02-05 Temmuz 2018, Nevşehir, Türkiye
- Fadime Çetin, Necdet Mehmet ÜNEL, Mehmet Cengiz Baloğlu, “**Türk Buğday Çeşitlerinde Kuraklık Stresi Altında Biyokimyasal Parametrelerin İncelenmesi**”, 19. Uluslararası Katılımlı Ulusal Biyoteknoloji Kongresi, s.128, 1-3 Aralık, 2017, Eskişehir Türkiye
- Yasemin Çelik Altunoğlu, Necdet Mehmet ÜNEL, Şerife Yerlikaya, Mehmet Cengiz Baloğlu, “**Salatalık Hsp70 Genlerinin Tanımlanması ve Analizi**”, 19. Uluslararası Katılımlı Ulusal Biyoteknoloji Kongresi, s.113, 1-3 Aralık, 2017, Eskişehir Türkiye

Poster Sunum

- Necdet Mehmet ÜNEL, “**Serbest Formda ve Çapraz Bağlı Lipaz Enzimleri Kullanılarak Kiral Bileşiklerin Enantiyosaf Sentezlerinin Yoğunlaştırılmış Gaz Ortamında Biyotransformasyon ile Gerçekleştirilmesinin Değerlendirilmesi**”, 3. Biyokimya Kariyer Günleri, 11-13 Haziran 2015, İzmir, Türkiye

KİTAPLAR ve BÖLÜMLER

- Necdet Mehmet ÜNEL, Murat PEKTAŞ, Mehmet Cengiz BALOĞLU. **“Biyoinformatik”**, Biyolojide Özel Konular, Pegem Akademi Yayıncılık, 2018 (Baskı aşamasında)
- Necdet Mehmet ÜNEL, Aslı UĞURLU, Ferhat ULU, Merve CAFEROĞLU, Tevfik Hasan CAN, Mehmet Cengiz BALOĞLU, **“Genom Projeleri ve Genomlarda Gen Ailelerinin Biyoinformatik Analizleri”**, Biyoinformatik Temelleri ve Uygulamaları, Nobel Akademik Yayıncılık, 2018. (Baskı aşamasında)
- Necdet Mehmet ÜNEL, İlteriş KUTLUĞ, Şerife YERLİKAYA, Merve CAFEROĞLU, Murat PEKTAŞ, **“Biyoinformatiğe Giriş”**, Biyoinformatik Temelleri ve Uygulamaları, Nobel Akademik Yayıncılık, 2018. (Baskı aşamasında)

Referanslar

Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU

+90 538 375 7626 - 0366 280 2908 - mcbaloglu@kastamonu.edu.tr

Prof. Dr. Ali KILINÇ

+90 532 331 65 26 - 0 232 311 1775 - ali.kilinc@ege.edu.tr

Prof Dr. Figen ZİHNİOĞLU

+90 532 721 76 39 - 0 232 311 1773 - figen.zihnioglu@ege.edu.tr

Prof. Dr. Cenk SELÇUKİ

+90 537 446 0667 - 0 232 311 5426 – cenk.selcuki@ege.edu.tr

EKLER

- EK 1** 36 *Cucumis sativus* sHsp Proteini Katalođu
- EK 2** C_{ss}Hsp Proteinlerinin Blast2GO Analiz Detayları
- EK 3** C_{ss}Hsp Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları
- EK 4** C_{ss}Hsp Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları
- EK 5** C_{ss}Hsp Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları
- EK 6** C_{ss}Hsp Genlerinin Çeltik ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları
- EK 7** C_{ss}Hsp Genlerinin Kavak ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları
- EK 8** C_{ss}Hsp Genlerinin Üzüm ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları
- EK 9** C_{ss}Hsp Genlerinin Mısır ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları
- EK 10** C_{ss}Hsp Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Görseli
- EK 11** 100 *Cucumis sativus* Hsp40 Proteini Katalođu
- EK 12** CsHsp40 Proteinlerinin Blast2GO Analiz Detayları

EK 13 *CsHsp40* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 14 *CsHsp40* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 15 *CsHsp40* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 16 *CsHsp40* Genlerinin Çeltik ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 17 *CsHsp40* Genlerinin Kavak ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 18 *CsHsp40* Genlerinin Mısır ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 19 *CsHsp40* Genlerinin Üzüm ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 20 *CsHsp40* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

EK 21 *CsHsp40* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Görseli

EK 22 28 *Cucumis sativus* Hsp60 Proteini Kataloğu

EK 23 *CsHsp60* Proteinlerinin Blast2GO Analiz Detayları

EK 24 *CsHsp60* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 25 *CsHsp60* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 26 *CsHsp60* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 27 *CsHsp60* Genlerinin Çeltik ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 28 *CsHsp60* Genlerinin Kavak ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 29 *CsHsp60* Genlerinin Üzüm ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 30 *CsHsp60* Genlerinin Mısır ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 31 *CsHsp60* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

EK 32 *CsHsp60* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Görseli

EK 33 14 *Cucumis sativus* Hsp70 Proteini Kataloğu

EK 34 *CsHsp70* Proteinlerinin Blast2GO Analiz Detayları

EK 35 *CsHsp70* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 36 *CsHsp70* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 37 *CsHsp70* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 38 *CsHsp70* Genlerinin Çeltik ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 39 *CsHsp70* Genlerinin Kavak ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 40 *CsHsp70* Genlerinin Üzüm ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 41 *CsHsp70* Genlerinin Mısır ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 42 *CsHsp70* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

EK 43 *CsHsp70* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Görseli

EK 44 7 *Cucumis sativus* Hsp90 Proteini Kataloğu

EK 45 *CsHsp90* Proteinlerinin Blast2GO Analiz Detayları

EK 46 *CsHsp90* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 47 *CsHsp90* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 48 *CsHsp90* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 49 *CsHsp90* Genlerinin Çeltik ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 50 *CsHsp90* Genlerinin Kavak ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 51 *CsHsp90* Genlerinin Üzüm ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 52 *CsHsp90* Genlerinin Mısır ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 53 *CsHsp90* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

EK 54 *CsHsp90* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Görseli

EK 55 17 *Cucumis sativus* Hsp100 Proteini Kataloğu

EK 56 *CsHsp100* Proteinlerinin Blast2GO Analiz Detayları

EK 57 *CsHsp100* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 58 *CsHsp100* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 59 *CsHsp100* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 60 *CsHsp100* Genlerinin Çeltik ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 61 *CsHsp100* Genlerinin Kavak ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 62 *CsHsp100* Genlerinin Üzüm ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 63 *CsHsp100* Genlerinin Mısır ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları

EK 64 *CsHsp100* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

EK 65 *CsHsp100* Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Görseli

EK 66 Tuz Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 67 Tuz Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 68 Tuz Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 69 Tuz Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 70 Tuz Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 71 Tuz Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 72 Tuz Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 73 Tuz Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 74 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 75 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 76 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 77 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 78 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 79 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 80 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 81 Yüksek Sıcaklık Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 82 Kuraklık Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 83 Kuraklık Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 84 Kuraklık Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 85 Kuraklık Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 86 Kuraklık Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 87 Kuraklık Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 88 Kuraklık Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 89 Kuraklık Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 90 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 91 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 92 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 93 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 94 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 1. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 95 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 3. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 96 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 6. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 97 Düşük Sıcaklık Stresi Karşısında 12. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 98 ABA Uygulaması Karşısında 1. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 99 ABA Uygulaması Karşısında 3. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 100 ABA Uygulaması Karşısında 6. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 101 ABA Uygulaması Karşısında 12. Saat Salatalık Yaprak Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 102 ABA Uygulaması Karşısında 1. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 103 ABA Uygulaması Karşısında 3. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 104 ABA Uygulaması Karşısında 6. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 105 ABA Uygulaması Karşısında 12. Saat Salatalık Kök Örneğinin Kromatogram Görüntüsü

EK 1

36 <i>Cucumis Sativus</i> sHSP Proteini Kataloğu											
Protein Adı	Cucurbit Genome Veritabanı Tanımlayıcısı	Salatalık Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı veya Kararsız	Filogeni Grubu	NCBI Erişim No.
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)							
CssHsp-01	Csa1M031780.1	Chr1	3,359,891	3,361,244	168	9,46	18823,88	42,31	unstable	IIB	XP_004137386.1
CssHsp-02	Csa1M063560.1	Chr1	6,711,296	6,712,146	127	7,07	14400,31	55,67	unstable	IVA	XP_004145106.1
CssHsp-03	Csa1M527860.1	Chr1	18,407,905	18,408,871	148	4,51	16485,45	55,23	unstable	IVB	XP_004153731.1
CssHsp-04	Csa1M527870.1	Chr1	18,410,460	18,411,458	160	6,13	18205,74	57,4	unstable	IVB	XP_004153730.1
CssHsp-05	Csa1M600100.1	Chr1	23,093,822	23,095,017	356	9,21	39890,09	58,9	unstable	IIB	KGN66370.1
CssHsp-06	Csa1M600110.1	Chr1	23,099,797	23,101,595	351	9,54	39099,17	63,87	unstable	IIB	XP_004144143.2
CssHsp-07	Csa1M600120.1	Chr1	23,104,515	23,105,750	307	9,93	34250,91	62,12	unstable	IIB	KGN66372.1
CssHsp-08	Csa3M000100.1	Chr3	96,511	102,992	510	5,18	56349,09	49,02	unstable	IIB	XP_004146183.1
CssHsp-09	Csa3M020080.1	Chr3	2,117,181	2,119,000	186	4,93	20799,07	69,23	unstable	IIA	XP_004147203.2
CssHsp-10	Csa3M020090.1	Chr3	2,120,395	2,122,000	213	5,40	23887,81	59,14	unstable	IIA	KGN55870.1
CssHsp-11	Csa3M081340.1	Chr3	4,386,396	4,389,181	200	4,86	22980,62	47,39	unstable	III	XP_004152915.1
CssHsp-12	Csa3M113300.1	Chr3	5,736,647	5,737,544	193	5,62	21880,4	42,73	unstable	IVA	XP_004133737.1
CssHsp-13	Csa3M595190.1	Chr3	22,798,970	22,799,948	144	6,84	16310,74	44,54	unstable	IVB	XP_004145723.1
CssHsp-14	Csa3M733220.1	Chr3	27,832,224	27,833,222	200	8,34	23666,6	41,7	unstable	IVB	XP_004145723.1
CssHsp-15	Csa3M733230.1	Chr3	27,834,376	27,835,341	172	9,01	20332,22	27,55	stable	IVB	XP_004137920.1
CssHsp-16	Csa4M005000.1	Chr4	858,771	859,896	210	5,49	23988,18	53,76	unstable	I	XP_004152349.1
CssHsp-17	Csa4M269140.1	Chr4	10,651,377	10,652,306	196	8,93	22618,67	65,72	unstable	IIB	XP_004149651.1
CssHsp-18	Csa4M303700.1	Chr4	12,354,884	12,355,315	143	6,76	15905,19	31,49	stable	IVB	XP_004147911.1
CssHsp-19	Csa4M646340.1	Chr4	22,098,607	22,100,125	156	5,55	17490,21	32,48	stable	I	XP_004141334.1
CssHsp-20	Csa4M646350.1	Chr4	22,101,607	22,102,083	158	6,85	17590,11	36,87	stable	I	XP_004141335.1

EK 1' in devamı;

CssHsp-21	Csa5M138480.1	Chr5	3,340,320	3,342,432	229	9,12	25507,12	40,84	unstable	I	XP_004145960.1
CssHsp-22	Csa5M190530.1	Chr5	8,602,661	8,603,397	159	5,80	18123,47	66,05	unstable	IVB	XP_011654976.1
CssHsp-23	Csa5M190540.1	Chr5	8,607,105	8,607,301	55	8,18	6039,02	64,25	unstable	IVB	KGN50610.1
CssHsp-24	Csa5M190550.1	Chr5	8,612,955	8,613,582	152	9,27	17383,86	60,25	unstable	IVB	XP_004151581.1
CssHsp-25	Csa5M190560.1	Chr5	8,623,214	8,623,966	159	6,20	18098,44	67,3	unstable	IVB	XP_004149942.2
CssHsp-26	Csa5M197100.1	Chr5	8,694,766	8,695,432	202	9,55	23421,83	56,69	unstable	IVB	KGN50618.1
CssHsp-27	Csa5M197110.1	Chr5	8,696,956	8,697,706	191	6,47	22292,52	74,78	unstable	IVB	XP_004150237.2
CssHsp-28	Csa5M198120.1	Chr5	8,704,664	8,705,375	156	6,11	17857,1	60,43	unstable	IVB	XP_004150236.2
CssHsp-29	Csa5M591720.1	Chr5	21,401,013	21,402,356	232	8,95	26326,07	38,92	stable	I	XP_004135300.1
CssHsp-30	Csa5M612820.1	Chr5	24,038,035	24,038,779	223	9,68	25221,45	48,48	unstable	IIB	KGN52153.1
CssHsp-31	Csa5M612830.1	Chr5	24,039,550	24,041,583	352	4,94	38004,43	58,69	unstable	IIB	XP_004135374.1
CssHsp-32	Csa5M646740.1	Chr5	27,255,167	27,255,904	189	5,52	21605,89	54,46	unstable	IVA	XP_004141518.1
CssHsp-33	Csa6M009400.1	Chr6	1,010,246	1,010,704	152	5,84	17559,02	63,37	unstable	IVB	XP_004141518.1
CssHsp-34	Csa6M046370.1	Chr6	3,794,102	3,795,028	110	9,20	12854,66	38,05	stable	IIA	KGN46059.1
CssHsp-35	Csa6M421760.1	Chr6	19,513,004	19,515,508	246	7,60	27060,55	59,79	unstable	I	XP_004140134.1
CssHsp-36	Csa7M072770.1	Chr7	4,763,618	4,764,527	197	6,87	22215,72	46,4	unstable	IVA	XP_004136960.1

EK 2**CssHsp proteinlerinin Blast2Go analiz detayları**

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO: BİYOLOJİK SÜREÇ	GO: MOLEKÜLER FONKSİYON	GO: HÜCRE BİLEŞENİ
CssHsp-01	kDa heat shock -like	168	1.35E-103	66.05%			integral component of membrane
CssHsp-02	kDa class V heat shock	127	1.76E-75	77.9%			
CssHsp-03	kDa class I heat shock -like	148	2.42E-91	69.05%	oksidatif strese cevap		
CssHsp-04	small heat shock	160	1.23E-78	86.9%	ısıya tepki; sitoplazma; yüksek ışık yoğunluğuna cevap; hidrojen peroksite cevap		
CssHsp-05	inactive RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	356	0,00E+00	71.05%			membran
CssHsp-06	inactive RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	351	3.85E-160	74.05%			membranın integral bileşeni
CssHsp-07	inactive RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	307	2.12E-176	67.79%			membran; membranın integral bileşeni
CssHsp-08	AT-rich interactive domain-containing 6-like	510	0,00E+00	79.35%		DNA bağlanması	

EK 2' nin devamı;

CssHsp-09	small heat shock chloroplastic-like isoform X2	186	2.37E-73	85.9%			
CssHsp-10	small heat shock chloroplastic	213	4.14E-109	83.3%			
CssHsp-11	kDa class VI heat shock	200	1.21E-133	80.15%			
CssHsp-12	kDa class IV heat shock -like	193	1.32E-128	77.3%			
CssHsp-13	class I heat shock -like	144	1.62E-86	78.4%			
CssHsp-14	kDa class I heat shock -like	200	4.56E-132	74.5%			stoplazma
CssHsp-15	kDa class I heat shock -like	172	2.95E-126	57.35%			
CssHsp-16	kDa heat shock mitochondrial	210	2.61E-136	66.55%			
CssHsp-17	inactive RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	196	5.45E-123	67.85%			membranın integral bileşeni
CssHsp-18	kDa class I heat shock -like	143	6.86E-90	83.75%	ısıya tepki; sitoplazma		
CssHsp-19	kDa class II heat shock -like	156	1.64E-83	93%			
CssHsp-20	kDa class II heat shock -like	158	7.71E-102	80.3%			
CssHsp-21	small heat shock chloroplastic	229	1.89E-140	80.7%			

EK 2' nin devamı;

CssHsp-22	kDa class I heat shock - like	159	1.16E-82	91.8%			
CssHsp-23	cytosolic class I small heat shock partial	55	2.49E-31	82.5%			
CssHsp-24	kDa class I heat shock - like	152	1.22E-96	95.45%			
CssHsp-25	kDa class I heat shock - like	159	1.52E-101	93.1%			
CssHsp-26	kDa class I heat shock - like	202	2.69E-134	89.3%			
CssHsp-27	kDa class I heat shock - like	191	6.27E-118	74.75%			
CssHsp-28	kDa class I heat shock - like	156	2.25E-76	87.05%			
CssHsp-29	small heat shock chloroplastic-like	232	1.73E-143	78.2%			
CssHsp-30	RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	223	5.54E-146	58.2%			integral component of membrane
CssHsp-31	inactive RESTRICTED TEV MOVEMENT 2	352	3,00E-168	56.15%			integral component of membrane
CssHsp-32	kDa class IV heat shock	189	1.33E-133	73.75%			endoplasmic reticulum
CssHsp-33	kDa class I heat shock - like	152	6.04E-97	88.9%			

EK 2' nin devamı;

CssHsp-35	peroxisomal small heat shock	246	0,00E+00	66.7%			peroxisome
CssHsp-36	kDa class IV heat shock - like	197	1.19E-127	79.05%			

EK 3

Kromozom	Gen	Duplikasyon	E değeri	Homoloji (%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
Chr1	CssHsp-05	CssHsp-06	e-134	73%	5975	0,1971	0,1798	0,9122	1,5161
Chr1	CssHsp-05	CssHsp-07	1,00E-87	60%	10693	0,5236	0,3130	0,5978	4,0276
Chr1	CssHsp-06	CssHsp-07	4,00E-93	61%	4718	0,3559	0,2644	0,7429	2,7376
Chr3	CssHsp-09	CssHsp-10	7,00E-87	88%	3214	0,2216	0,068	0,3069	1,7046
Chr5	CssHsp-22	CssHsp-28	1,00E-78	92%	102003	0,0792	0,0267	0,3376	0,6092
Chr5	CssHsp-22	CssHsp-25	4,00E-78	86%	20553	0,6614	0,0672	0,1015	5,0876
Chr5	CssHsp-22	CssHsp-24	3,00E-72	86%	10294	0,578	0,0825	0,1427	4,4461
Chr5	CssHsp-22	CssHsp-26	3,00E-68	78%	92105	0,6303	0,1058	0,1679	4,8484
Chr5	CssHsp-23	CssHsp-25	2,00E-07	64%	16190	0,4392	0,1671	0,3805	3,3784
Chr5	CssHsp-23	CssHsp-22	5,00E-07	65%	4444	0,4779	0,1921	0,4019	3,6761
Chr5	CssHsp-23	CssHsp-26	1,00E-06	61%	87661	0,5872	0,2358	0,4016	4,5169
Chr5	CssHsp-24	CssHsp-25	5,00E-73	89%	10259	0,3719	0,0713	0,1918	2,8607
Chr5	CssHsp-24	CssHsp-28	2,00E-66	81%	91709	0,6527	0,0958	0,1467	5,0207
Chr5	CssHsp-24	CssHsp-26	4,00E-66	81%	81811	0,4809	0,0953	0,1983	3,6992
Chr5	CssHsp-25	CssHsp-22	4,00E-78	86%	20553	0,6614	0,0672	0,1015	5,0876
Chr5	CssHsp-25	CssHsp-26	6,00E-70	79%	71552	0,4488	0,0862	0,1922	3,4523
Chr5	CssHsp-25	CssHsp-28	8,00E-70	81%	81450	0,6702	0,0822	0,1227	5,1553
Chr5	CssHsp-26	CssHsp-28	2,00E-66	77%	9898	0,664	0,1296	0,1952	5,1076
Ortalama						0,48341	0,10	0,34043	3,7185

EK 4;

Gen 1	Lokasyon	Kro.	Gen 2	Lokasyon	Kro.	E değeri	Homoloji (%)	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CssHsp-04	18410460-18411458	Chr1	CssHsp-25	8623214-8623966	Chr5	1,00E-56	65%	2,1593	0,2381	0,1103	16,6100
CssHsp-04	18410460-18411458	Chr1	CssHsp-22	8602661-8603397	Chr5	2,00E-56	63%	2,3329	0,2414	0,1035	17,9454
CssHsp-04	18410460-18411458	Chr1	CssHsp-33	1010246-1010704	Chr6	2,00E-54	61%	3,6439	0,2322	0,0637	28,0300
CssHsp-04	18410460-18411458	Chr1	CssHsp-24	8612955-8613582	Chr5	8,00E-54	66%	5,3304	0,2350	0,0441	41,0031
CssHsp-18	12354884-12355315	Chr4	CssHsp-22	8602661-8603397	Chr5	1,00E-53	63%	11,9472	0,1864	0,0156	91,9015
CssHsp-18	12354884-12355315	Chr4	CssHsp-25	8623214-8623966	Chr5	3,00E-53	64%	17,3482	0,1923	0,0111	133,4480
CssHsp-18	12354884-12355315	Chr4	CssHsp-33	1010246-1010704	Chr6	1,00E-51	64%	26,671	0,2082	0,0078	205,1620
CssHsp-18	12354884-12355315	Chr4	CssHsp-24	8612955-8613582	Chr5	1,00E-50	66%	21,2673	0,2011	0,0095	163,5950
CssHsp-23	8607105-8607301	Chr5	CssHsp-33	1010246-1010704	Chr6	9,00E-06	86%	4,9528	0,2249	0,0454	38,0985
CssHsp-33	1010246-1010704	Chr6	CssHsp-25	8623214-8623966	Chr5	3,00E-66	72%	3,6699	0,1363	0,0371	28,2300
CssHsp-33	1010246-1010704	Chr6	CssHsp-22	8602661-8603397	Chr5	5,00E-64	69%	3,3721	0,1523	0,0452	25,9392
CssHsp-33	1010246-1010704	Chr6	CssHsp-24	8612955-8613582	Chr5	7,00E-63	77%	3,6462	0,1263	0,0346	28,0477
CssHsp-33	1010246-1010704	Chr6	CssHsp-26	8694766-8695432	Chr5	2,00E-60	68%	3,8146	0,1661	0,0435	29,3431
Ortalama								8,47352	0,19343	0,0417	65,1809

EK 5

Salatalık – Arabidopsis							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
CssHsp-04	1	AT2G29500.1	2	3,3487	0,1826	0,0545	25,7592
CssHsp-04	1	AT5G59720.1	5	54,4602	0,2143	0,0039	418,925
CssHsp-04	1	AT1G53540.1	1	55,3916	0,2149	0,0039	426,089
CssHsp-04	1	AT3G46230.1	3	56,8017	0,224	0,0039	436,936
CssHsp-04	1	AT1G07400.1	1	58,7951	0,2274	0,0039	452,27
CssHsp-04	1	AT1G59860.1	1	2,7663	0,1952	0,0705	21,2792
CssHsp-08	3	AT2G17410.1	2	2,5593	0,3761	0,1469	19,6869
CssHsp-08	3	AT2G17410.2	2	2,6442	0,3754	0,142	20,3400
CssHsp-08	3	AT1G76510.1	1	2,145	0,4295	0,2002	16,5000
CssHsp-08	3	AT1G76510.2	1	2,145	0,4295	0,2002	16,5000
CssHsp-08	3	AT1G20910.1	1	2,2317	0,4146	0,1858	17,1669
CssHsp-08	3	AT1G76510.3	1	2,1525	0,4289	0,1993	16,5577
CssHsp-11	3	AT5G54660.1	5	48,3559	0,3874	0,008	371,968
CssHsp-18	4	AT1G53540.1	1	2,5313	0,1825	0,0721	19,4715
CssHsp-18	4	AT5G59720.1	5	18,162	0,191	0,0105	139,708
CssHsp-18	4	AT3G46230.1	3	4,4347	0,2046	0,0461	34,1131
CssHsp-18	4	AT1G07400.1	1	3,3205	0,2159	0,065	25,5423

EK 5' in devamı;

CssHsp-18	4	AT2G29500.1	2	11,771	0,2258	0,0192	90,5462
CssHsp-18	4	AT1G59860.1	1	4,5444	0,2461	0,0542	34,9569
CssHsp-19	4	AT5G12020.1	5	7,243	0,2227	0,0308	55,7154
CssHsp-19	4	AT5G12030.1	5	7,8085	0,2738	0,0351	60,0654
CssHsp-21	5	AT4G27670.1	4	4,1593	0,3839	0,0923	31,9946
CssHsp-22	5	AT1G53540.1	1	50,8498	0,1787	0,0035	391,152
CssHsp-22	5	AT5G59720.1	5	32,4669	0,1896	0,0058	249,745
CssHsp-22	5	AT3G46230.1	3	41,8756	0,1767	0,0042	322,120
CssHsp-22	5	AT1G07400.1	1	10,8083	0,2095	0,0194	83,1408
CssHsp-22	5	AT2G29500.1	2	14,8116	0,2015	0,0136	113,935
CssHsp-22	5	AT1G59860.1	1	45,0622	0,2089	0,0046	346,632
CssHsp-24	5	AT5G59720.1	5	8,9467	0,2102	0,0235	68,8208
CssHsp-24	5	AT1G53540.1	1	53,3796	0,1992	0,0037	410,612
CssHsp-24	5	AT3G46230.1	3	50,756	0,1979	0,0039	390,431
CssHsp-24	5	AT1G07400.1	1	55,0891	0,2378	0,0043	423,762
CssHsp-24	5	AT2G29500.1	2	17,5595	0,214	0,0122	135,073
CssHsp-24	5	AT1G59860.1	1	54,4125	0,2308	0,0042	418,558
CssHsp-25	5	AT1G53540.1	1	48,8259	0,1777	0,0036	375,584
CssHsp-25	5	AT3G46230.1	3	48,6074	0,1722	0,0035	373,903
CssHsp-25	5	AT5G59720.1	5	13,4724	0,1915	0,0142	103,634
CssHsp-25	5	AT2G29500.1	2	16,1987	0,211	0,013	124,605
CssHsp-25	5	AT1G07400.1	1	4,5524	0,2382	0,0523	35,0185

EK 5' in devamı;

CssHsp-25	5	AT1G59860.1	1	13,7533	0,2233	0,0162	105,795
CssHsp-26	5	AT5G59720.1	5	52,0866	0,1948	0,0037	400,666
CssHsp-26	5	AT1G53540.1	1	52,7709	0,1706	0,0032	405,93
CssHsp-26	5	AT3G46230.1	3	49,8876	0,1846	0,0037	383,751
CssHsp-26	5	AT1G07400.1	1	4,7681	0,2392	0,0502	36,6777
CssHsp-26	5	AT2G29500.1	2	5,646	0,2661	0,0471	43,4308
CssHsp-26	5	AT1G59860.1	1	9,1566	0,226	0,0247	70,4354
CssHsp-28	5	AT1G53540.1	1	30,7535	0,1852	0,006	236,565
CssHsp-28	5	AT3G46230.1	3	13,8252	0,2172	0,0157	106,348
CssHsp-28	5	AT5G59720.1	5	14,6893	0,2046	0,0139	112,995
CssHsp-28	5	AT1G07400.1	1	52,4942	0,246	0,0047	403,802
CssHsp-28	5	AT1G59860.1	1	51,8143	0,2333	0,0045	398,572
CssHsp-28	5	AT2G29500.1	2	13,7029	0,2365	0,0173	105,407
CssHsp-32	5	AT4G10250.1	4	4,1303	0,3037	0,0735	31,7715
CssHsp-33	6	AT5G59720.1	5	44,5299	0,1809	0,0041	342,538
CssHsp-33	6	AT3G46230.1	3	41,8453	0,2099	0,005	321,887
CssHsp-33	6	AT1G53540.1	1	29,036	0,1937	0,0067	223,354
CssHsp-33	6	AT2G29500.1	2	54,4871	0,2201	0,004	419,132
CssHsp-33	6	AT1G07400.1	1	3,6923	0,2199	0,0596	28,4023
CssHsp-33	6	AT1G59860.1	1	6,2118	0,226	0,0364	47,7831
CssHsp-36	7	AT4G10250.1	4	54,7329	0,5186	0,0095	421,022
Ortalama				25,491	0,243195	0,037458	196,085

EK 6

Salatalık - Çeltik							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
CssHsp-04	1	LOC_Os03g16020.1	3	58,8532	0,2207	0,0037	452,717
CssHsp-04	1	LOC_Os01g04360.1	1	15,2484	0,1995	0,0131	117,295
CssHsp-04	1	LOC_Os03g15960.1	3	74,1816	0,2062	0,0028	570,628
CssHsp-04	1	LOC_Os03g16030.1	3	58,6307	0,2104	0,0036	451,005
CssHsp-04	1	LOC_Os01g04380.1	1	68,9385	0,2091	0,003	530,296
CssHsp-04	1	LOC_Os01g04370.1	1	67,3338	0,2153	0,0032	517,952
CssHsp-04	1	LOC_Os03g16040.1	3	12,6365	0,2871	0,0227	97,2038
CssHsp-08	3	LOC_Os06g41730.1	6	4,5377	0,4127	0,0909	34,9054
CssHsp-08	3	LOC_Os06g41730.2	6	4,5377	0,4127	0,0909	34,9054
CssHsp-08	3	LOC_Os02g48370.1	2	3,3405	0,4832	0,1446	25,6962
CssHsp-08	3	LOC_Os02g48370.2	2	3,3405	0,4832	0,1446	25,6962
CssHsp-18	4	LOC_Os01g04380.1	1	72,2523	0,2224	0,0031	555,787
CssHsp-18	4	LOC_Os01g04370.1	1	74,6808	0,2295	0,0031	574,468
CssHsp-18	4	LOC_Os01g04360.1	1	85,7957	0,2369	0,0028	659,967
CssHsp-18	4	LOC_Os01g08860.1	1	55,6969	0,2302	0,0041	428,438
CssHsp-21	5	LOC_Os03g14180.1	3	49,526	0,4335	0,0088	380,969
CssHsp-22	5	LOC_Os03g15960.1	3	57,2217	0,1988	0,0035	440,167
CssHsp-22	5	LOC_Os03g16040.1	3	22,5839	0,24	0,0106	173,722
CssHsp-22	5	LOC_Os01g04380.1	1	34,692	0,1543	0,0044	266,862

EK 6' nın devamı;

CssHsp-22	5	LOC_Os01g04370.1	1	38,0232	0,159	0,0042	292,486
CssHsp-22	5	LOC_Os03g16030.1	3	75,8004	0,1991	0,0026	583,08
CssHsp-22	5	LOC_Os01g04360.1	1	14,1501	0,1512	0,0107	108,847
CssHsp-22	5	LOC_Os03g16020.1	3	55,0012	0,2107	0,0038	423,086
CssHsp-24	5	LOC_Os03g16020.1	3	49,0819	0,2168	0,0044	377,553
CssHsp-24	5	LOC_Os03g16030.1	3	39,1862	0,212	0,0054	301,432
CssHsp-24	5	LOC_Os01g04380.1	1	35,485	0,1915	0,0054	272,962
CssHsp-24	5	LOC_Os01g04370.1	1	49,584	0,1974	0,004	381,415
CssHsp-24	5	LOC_Os01g04360.1	1	37,8079	0,1845	0,0049	290,83
CssHsp-24	5	LOC_Os03g16040.1	3	18,1019	0,2566	0,0142	139,245
CssHsp-24	5	LOC_Os03g15960.1	3	18,8677	0,2284	0,0121	145,136
CssHsp-25	5	LOC_Os03g16020.1	3	54,5775	0,2003	0,0037	419,827
CssHsp-25	5	LOC_Os03g16030.1	3	36,3197	0,1989	0,0055	279,382
CssHsp-25	5	LOC_Os01g04370.1	1	20,097	0,1648	0,0082	154,592
CssHsp-25	5	LOC_Os01g04380.1	1	19,1176	0,1640	0,0086	147,059
CssHsp-25	5	LOC_Os03g16040.1	3	17,3908	0,2301	0,0132	133,775
CssHsp-25	5	LOC_Os01g04360.1	1	16,9181	0,1649	0,0097	130,139
CssHsp-25	5	LOC_Os03g15960.1	3	27,9581	0,2025	0,0072	215,062
CssHsp-25	5	LOC_Os03g15960.2	3	25,0497	0,2511	0,01	192,69
CssHsp-26	5	LOC_Os03g16020.1	3	37,5949	0,1976	0,0053	289,192
CssHsp-26	5	LOC_Os03g16030.1	3	44,9812	0,2097	0,0047	346,009

EK 6' nın devamı;

CssHsp-26	5	LOC_Os03g16040.1	3	16,9267	0,2281	0,0135	130,205
CssHsp-26	5	LOC_Os01g04380.1	1	13,984	0,2014	0,0144	107,569
CssHsp-26	5	LOC_Os01g04370.1	1	13,0272	0,2073	0,0159	100,209
CssHsp-26	5	LOC_Os01g04360.1	1	10,9434	0,2025	0,0185	84,18
CssHsp-26	5	LOC_Os03g15960.1	3	19,6434	0,2131	0,0108	151,103
CssHsp-26	5	LOC_Os03g15960.2	3	19,8329	0,2782	0,014	152,561
CssHsp-28	5	LOC_Os03g15960.1	3	74,7498	0,2266	0,003	574,999
CssHsp-28	5	LOC_Os03g16040.1	3	56,1483	0,2461	0,0044	431,91
CssHsp-28	5	LOC_Os01g04380.1	1	30,8578	0,1823	0,0059	237,368
CssHsp-28	5	LOC_Os01g04370.1	1	26,202	0,1875	0,0072	201,554
CssHsp-32	5	LOC_Os04g36750.1	4	59,2552	0,4481	0,0076	455,809
CssHsp-33	6	LOC_Os01g04380.1	1	11,9291	0,1875	0,0157	91,7623
CssHsp-33	6	LOC_Os01g04370.1	1	10,178	0,1935	0,019	78,2923
CssHsp-33	6	LOC_Os01g04370.1	1	10,1754	0,1935	0,019	78,2723
CssHsp-33	6	LOC_Os03g16030.1	3	12,6487	0,1815	0,0143	97,2977
CssHsp-33	6	LOC_Os03g16020.1	3	10,7048	0,1995	0,0186	82,3446
CssHsp-33	6	LOC_Os01g04360.1	1	17,7248	0,1837	0,0104	136,345
CssHsp-33	6	LOC_Os03g16040.1	3	6,5682	0,2153	0,0328	50,5246
CssHsp-33	6	LOC_Os03g15960.1	3	9,8551	0,1959	0,0199	75,8085
CssHsp-33	6	LOC_Os03g15960.2	3	12,9224	0,2852	0,0221	99,4031
Ortalama				33,3233	0,23244	0,01775	256,333

EK 7

Salatalık - Kavak							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
CssHsp-04	1	GRMZM2G306679_T01	1	8,8819	0,2283	0,0257	68,3223
CssHsp-04	1	GRMZM2G158232_T01	3	46,725	0,2321	0,005	359,423
CssHsp-04	1	GRMZM2G046382_T01	1	11,8654	0,2392	0,0202	91,2723
CssHsp-04	1	AC208204.3_FGT006	1	11,0681	0,2401	0,0217	85,1392
CssHsp-04	1	GRMZM2G479260_T01	9	8,6051	0,2272	0,0264	66,1931
CssHsp-04	1	GRMZM2G333635_T01	8	46,1057	0,2625	0,0057	354,659
CssHsp-04	1	GRMZM2G437100_T01	3	40,4952	0,2073	0,0051	311,502
CssHsp-08	3	GRMZM2G180654_T04	6	2,144	0,2219	0,1035	16,4923
CssHsp-08	3	GRMZM2G421899_T03	5	11,405	0,4468	0,0392	87,7308
CssHsp-08	3	GRMZM2G421899_T02	5	37,7108	0,4562	0,0121	290,083
CssHsp-08	3	GRMZM2G421899_T01	5	48,9869	0,4795	0,0098	376,822
CssHsp-08	3	GRMZM5G883993_T01	9	1,7882	0,4793	0,268	13,7554
CssHsp-08	3	GRMZM5G883993_T02	9	2,1273	0,3695	0,1737	16,3638
CssHsp-08	3	GRMZM2G180654_T05	6	2,8308	0,3907	0,138	21,7754
CssHsp-08	3	GRMZM2G180654_T02	6	2,7667	0,4006	0,1448	21,2823
CssHsp-08	3	GRMZM2G110109_T01	4	6,6896	0,4394	0,0657	51,4585
CssHsp-18	4	GRMZM2G333635_T01	8	76,4297	0,2164	0,0028	587,921
CssHsp-18	4	GRMZM2G158232_T01	3	58,0704	0,2348	0,004	446,695
CssHsp-19	4	GRMZM2G034157_T01	8	68,9771	0,2324	0,0034	530,593
CssHsp-19	4	GRMZM5G899188_T01	9	69,3072	0,2074	0,003	533,132
CssHsp-19	4	GRMZM2G404249_T01	9	69,3059	0,2076	0,003	533,122

EK 7' nin devamı;

CssHsp-19	4	GRMZM2G083810_T01	3	69,1077	0,1997	0,0029	531,598
CssHsp-21	5	GRMZM2G149647_T01	1	60,1525	0,4568	0,0076	462,712
CssHsp-21	5	GRMZM2G306679_T01	1	14,8692	0,2174	0,0146	114,379
CssHsp-21	5	GRMZM2G479260_T01	9	52,788	0,2391	0,0045	406,062
CssHsp-21	5	AC208204.3_FGT006	1	52,0126	0,1927	0,0037	400,097
CssHsp-21	5	GRMZM2G046382_T01	1	44,2142	0,1931	0,0044	340,109
CssHsp-21	5	GRMZM2G158232_T01	3	32,3791	0,1995	0,0062	249,07
CssHsp-21	5	GRMZM2G333635_T01	8	31,9865	0,2012	0,0063	246,05
CssHsp-24	5	AC208204.3_FGT006	1	13,5669	0,2187	0,0161	104,361
CssHsp-24	5	GRMZM2G306679_T01	1	33,5198	0,2277	0,0068	257,845
CssHsp-24	5	GRMZM2G158232_T01	3	30,927	0,2355	0,0076	237,9
CssHsp-24	5	GRMZM2G046382_T01	1	12,953	0,2194	0,0169	99,6385
CssHsp-24	5	GRMZM2G479260_T01	9	27,6872	0,2648	0,0096	212,979
CssHsp-24	5	GRMZM2G333635_T01	8	31,6127	0,221	0,007	243,175
CssHsp-25	5	AC208204.3_FGT006	1	14,1826	0,1908	0,0135	109,097
CssHsp-25	5	GRMZM2G158232_T01	3	23,0583	0,2061	0,0089	177,372
CssHsp-25	5	GRMZM2G306679_T01	1	16,0993	0,2369	0,0147	123,841
CssHsp-25	5	GRMZM2G333635_T01	8	21,0096	0,1936	0,0092	161,612
CssHsp-25	5	GRMZM2G046382_T01	1	13,8776	0,1914	0,0138	106,751
CssHsp-25	5	GRMZM2G479260_T01	9	15,2017	0,2365	0,0156	116,936
CssHsp-25	5	GRMZM2G422240_T01	3	13,7526	0,2348	0,0171	105,789
CssHsp-25	5	GRMZM2G437100_T01	3	27,0602	0,2446	0,009	208,155
CssHsp-26	5	AC208204.3_FGT006	1	22,4006	0,2039	0,0091	172,312

EK 7' nin devamı;

CssHsp-26	5	GRMZM2G333635_T01	8	23,9721	0,2109	0,0088	184,401
CssHsp-26	5	GRMZM2G046382_T01	1	23,3251	0,2091	0,0090	179,424
CssHsp-26	5	GRMZM2G158232_T01	3	17,758	0,2309	0,013	136,6
CssHsp-26	5	GRMZM2G306679_T01	1	13,3931	0,2437	0,0182	103,024
CssHsp-26	5	GRMZM2G479260_T01	9	18,7091	0,2389	0,0128	143,916
CssHsp-26	5	GRMZM2G437100_T01	3	14,6882	0,2408	0,0164	112,986
CssHsp-28	5	GRMZM2G306679_T01	1	13,7058	0,2306	0,0168	105,429
CssHsp-28	5	GRMZM2G479260_T01	9	22,7565	0,2579	0,0113	175,05
CssHsp-32	5	GRMZM2G331701_T01	2	57,1749	0,4517	0,0079	439,807
CssHsp-32	5	GRMZM2G346839_T01	10	55,2016	0,463	0,0084	424,628
CssHsp-33	5	AC208204.3_FGT006	1	6,9739	0,1791	0,0257	53,6454
CssHsp-33	6	GRMZM2G306679_T01	1	7,8703	0,2074	0,0263	60,5408
CssHsp-33	6	GRMZM2G306679_T01	1	7,8697	0,2074	0,0263	60,5362
CssHsp-33	6	GRMZM2G046382_T01	1	6,746	0,1795	0,0266	51,8923
CssHsp-33	6	GRMZM2G158232_T01	3	10,5235	0,2143	0,0204	80,95
CssHsp-33	6	GRMZM2G333635_T01	8	13,3437	0,2212	0,0166	102,644
CssHsp-33	6	GRMZM2G479260_T01	9	9,0841	0,2296	0,0253	69,8777
CssHsp-33	6	GRMZM2G437100_T01	3	9,8579	0,2408	0,0244	75,83
CssHsp-33	6	GRMZM2G422240_T01	3	7,9233	0,2442	0,0308	60,9485
CssHsp-36	7	GRMZM2G375517_T01	2	53,3895	0,4512	0,0085	410,689
Ortalama				26,5777	0,26321	0,02812	204,444

EK 8

Salatalık - Üzüm							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
CssHsp-02	1	GSVIVT01002954001.1	scaffold	1,6974	0,2331	0,1373	13,0569
CssHsp-02	1	GSVIVT01002382001.2	scaffold	1,7161	0,2446	0,1425	13,2008
CssHsp-08	3	GSVIVT01026435001	4	1,3193	0,0549	0,0416	10,1485
CssHsp-08	3	GSVIVT01013439001	18	1,8706	0,3812	0,2038	14,3892
CssHsp-10	3	GSVIVT01001315001	2	1,4738	0,2642	0,1793	11,3369
CssHsp-10	3	GSVIVT01018654001	16	1,3016	0,2786	0,214	10,0123
CssHsp-11	3	GSVIVT01014582001	19	2,407	0,2848	0,1183	18,5154
CssHsp-12	3	GSVIVT01023134001	12	6,6623	0,3271	0,0491	51,2485
CssHsp-19	4	GSVIVT01035435001	4	3,9343	0,1184	0,0301	30,2638
CssHsp-19	4	GSVIVT01035434001	4	4,0603	0,1128	0,0278	31,2331
CssHsp-19	4	GSVIVT01035436001	4	8,2491	0,1906	0,0231	63,4546
CssHsp-19	4	GSVIVT01035430001	4	4,4846	0,1062	0,0237	34,4969
CssHsp-19	4	GSVIVT01035428001	4	12,6446	0,3048	0,0241	97,2662
CssHsp-21	5	GSVIVT01038631001	16	4,548	0,3902	0,0858	34,9846
CssHsp-24	5	GSVIVT01016403001	13	7,7586	0,1588	0,0205	59,6815
CssHsp-24	5	GSVIVT01016408001	13	62,511	0,3205	0,0051	480,854

EK 8' in devamı;

CssHsp-25	5	GSVIVT01016403001	13	5,297	0,1605	0,0303	40,7462
CssHsp-25	5	GSVIVT01016412001	13	13,0362	0,2637	0,0202	100,278
CssHsp-25	5	GSVIVT01016429001	13	3,1868	0,1797	0,0564	24,5138
CssHsp-25	5	GSVIVT01016408001	13	55,5611	0,3038	0,0055	427,393
CssHsp-26	5	GSVIVT01016403001	13	11,5144	0,1595	0,0139	88,5723
CssHsp-29	5	GSVIVT01010308001	1	2,5208	0,1686	0,0669	19,3908
CssHsp-33	6	GSVIVT01016403001	13	3,7239	0,1564	0,042	28,6454
CssHsp-33	6	GSVIVT01016429001	13	3,2245	0,1776	0,0551	24,8038
CssHsp-33	6	GSVIVT01016408001	13	7,512	0,2691	0,0358	57,7846
CssHsp-35	6	GSVIVT01020783001	12	1,1253	0,3696	0,3285	8,65615
CssHsp-36	7	GSVIVT01023134001	12	14,4256	0,2927	0,0203	110,966
Ortalama				9,17653	0,23728	0,08636	70,5887

EK 9

Salatalık - Mısır							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
CssHsp-02	1	Potri.011G001600.1	11	2,6162	0,2857	0,1092	20,1246
CssHsp-04	1	Potri.009G039200.1	9	4,4832	0,197	0,0439	34,4862
CssHsp-04	1	Potri.008G062300.1	8	54,066	0,2009	0,0372	415,892
CssHsp-04	1	Potri.019G081200.1	19	3,9516	0,1965	0,0497	30,3969
CssHsp-04	1	Potri.004G187400.1	4	2,5399	0,205	0,0807	19,5377
CssHsp-04	1	Potri.010G195700.1	10	55,7404	0,2037	0,0037	428,772
CssHsp-04	1	Potri.009G049800.1	9	35,715	0,2003	0,0561	274,731
CssHsp-04	1	Potri.009G147900.1	9	2,0311	0,1991	0,098	15,6238
CssHsp-04	1	Potri.009G148000.1	9	2,5822	0,1986	0,0769	19,8631
CssHsp-04	1	Potri.009G049900.1	9	3,0103	0,2495	0,0829	23,1562
CssHsp-04	1	Potri.006G093500.1	6	56,9935	0,216	0,0038	438,412

EK 9' un devamı;

CssHsp-08	3	Potri.001G456500.1	1	1,6367	0,3087	0,1886	12,59
CssHsp-08	3	Potri.001G456500.2	1	1,7182	0,3438	0,2001	13,2169
CssHsp-08	3	Potri.004G208900.1	4	2,3338	0,3763	0,1612	17,9523
CssHsp-08	3	Potri.004G208900.2	4	2,3338	0,3763	0,1612	17,9523
CssHsp-08	3	Potri.011G145400.1	11	1,4708	0,1178	0,0801	11,3138
CssHsp-08	3	Potri.001G456500.3	1	1,928	0,3817	0,1980	14,8308
CssHsp-08	3	Potri.005G257300.1	5	2,836	0,6072	0,2141	21,8154
CssHsp-08	3	Potri.002G003700.1	2	3,8962	0,4536	0,1164	29,9708
CssHsp-11	3	Potri.001G416200.1	1	2,9442	0,286	0,0971	22,6477
CssHsp-11	3	Potri.011G131800.1	11	3,4484	0,352	0,1021	26,5262
CssHsp-13	3	Potri.T125900.1	scaffold	6,3624	0,1942	0,0305	48,9415
CssHsp-18	4	Potri.006G093500.1	6	4,4608	0,1678	0,0376	34,3138
CssHsp-18	4	Potri.001G238700.1	1	51,1359	0,1936	0,0038	393,353
CssHsp-18	4	Potri.008G062300.1	8	49,1725	0,1924	0,0039	378,25

EK 9' un devamı;

CssHsp-18	4	Potri.009G039200.1	9	17,3662	0,2065	0,0119	133,586
CssHsp-18	4	Potri.010G195700.1	10	25,1699	0,2034	0,0081	193,615
CssHsp-18	4	Potri.009G148000.1	9	6,0172	0,202	0,0336	46,2862
CssHsp-18	4	Potri.019G081200.1	19	6,07	0,2181	0,0359	46,6923
CssHsp-18	4	Potri.004G187400.1	4	31,513	0,217	0,0069	242,408
CssHsp-18	4	Potri.009G147900.1	9	6,393	0,2275	0,0356	49,1769
CssHsp-18	4	Potri.009G049800.1	9	3,9466	0,2528	0,0641	30,3585
CssHsp-19	4	Potri.006G223900.1	6	2,1334	0,0991	0,0464	16,4108
CssHsp-20	4	Potri.006G223900.1	6	2,9165	0,3741	0,1283	22,4346
CssHsp-21	5	Potri.012G022400.1	12	26,6054	0,3355	0,0126	204,657
CssHsp-22	5	Potri.008G062300.1	8	2,9255	0,1367	0,0467	22,5038

EK 9' un devamı;

CssHsp-22	5	Potri.001G238700.1	1	41,2992	0,1237	0,003	317,686
CssHsp-22	5	Potri.010G195700.1	10	5,803	0,1449	0,025	44,6385
CssHsp-22	5	Potri.009G039200.1	9	1,4637	0,1889	0,129	11,2592
CssHsp-22	5	Potri.009G147900.1	9	1,6882	0,2034	0,1205	12,9862
CssHsp-22	5	Potri.004G187400.1	4	1,2907	0,205	0,1589	9,9285
CssHsp-22	5	Potri.009G148000.1	9	1,6815	0,1977	0,1175	12,9346
CssHsp-22	5	Potri.009G049800.1	9	1,8152	0,2139	0,1179	13,9631
CssHsp-22	5	Potri.019G081200.1	19	2,6052	0,176	0,0676	20,04
CssHsp-22	5	Potri.009G049900.1	9	2,4997	0,236	0,0944	19,2285
CssHsp-22	5	Potri.001G254700.1	1	1,5846	0,2501	0,1579	12,1892
CssHsp-24	5	Potri.001G238700.1	1	10,5623	0,1331	0,0126	81,2485

EK 9' un devamı;

CssHsp-24	5	Potri.008G062300.1	8	3,4865	0,172	0,0493	26,8192
CssHsp-24	5	Potri.010G195700.1	10	4,2748	0,1597	0,0374	32,8831
CssHsp-24	5	Potri.009G039200.1	9	2,9091	0,2356	0,081	22,3777
CssHsp-24	5	Potri.004G187400.1	4	1,4135	0,2379	0,1683	10,8731
CssHsp-24	5	Potri.009G148000.1	9	1,8625	0,2235	0,12	14,3269
CssHsp-24	5	Potri.009G147900.1	9	1,9278	0,2202	0,1142	14,8292
CssHsp-24	5	Potri.019G081200.1	19	4,0853	0,2048	0,0501	31,4254
CssHsp-24	5	Potri.009G049800.1	9	2,5865	0,2334	0,0902	19,8962
CssHsp-24	5	Potri.009G049900.1	9	3,212	0,2601	0,081	24,7077

EK 9' un devamı;

CssHsp-24	5	Potri.006G093500.1	6	3,23	0,2339	0,0724	24,8462
CssHsp-25	5	Potri.008G062300.1	8	3,7517	0,1447	0,0386	28,8592
CssHsp-25	5	Potri.010G195700.1	10	4,5651	0,1438	0,0315	35,1162
CssHsp-25	5	Potri.001G238700.1	1	9,7633	0,1333	0,0137	75,1023
CssHsp-25	5	Potri.009G039200.1	9	3,9412	0,1926	0,0489	30,3169
CssHsp-25	5	Potri.004G187400.1	4	1,332	0,2119	0,1591	10,2462
CssHsp-25	5	Potri.019G081200.1	19	4,5044	0,1786	0,0396	34,6492
CssHsp-25	5	Potri.009G148000.1	9	1,6694	0,1972	0,1181	12,8415
CssHsp-25	5	Potri.009G147900.1	9	1,595	0,2161	0,1355	12,2692
CssHsp-25	5	Potri.009G049800.1	9	2,5156	0,2004	0,0797	19,3508
CssHsp-25	5	Potri.006G093500.1	6	56,0195	0,2155	0,0038	430,919

EK 9' un devamı;

CssHsp-25	5	Potri.009G049900.1	9	2,7273	0,2475	0,0908	20,9792
CssHsp-26	5	Potri.010G195700.1	10	4,1256	0,1868	0,0453	31,7354
CssHsp-26	5	Potri.008G062300.1	8	2,1969	0,1982	0,0902	16,8992
CssHsp-26	5	Potri.001G238700.1	1	19,4955	0,1735	0,0089	149,965
CssHsp-26	5	Potri.009G039200.1	9	1,9644	0,2161	0,11	15,1108
CssHsp-26	5	Potri.004G187400.1	4	1,4718	0,2373	0,1612	11,3215
CssHsp-26	5	Potri.019G081200.1	19	2,2357	0,2188	0,0978	17,1977
CssHsp-26	5	Potri.009G148000.1	9	1,8247	0,2408	0,1320	14,0362
CssHsp-26	5	Potri.009G147900.1	9	1,4337	0,2221	0,1549	11,0285

EK 9' un devamı;

CssHsp-26	5	Potri.009G049800.1	9	1,694	0,2418	0,1427	13,0308
CssHsp-26	5	Potri.006G093500.1	6	55,5904	0,2691	0,0048	427,619
CssHsp-26	5	Potri.009G049900.1	9	2,0247	0,2763	0,1365	15,5746
CssHsp-28	5	Potri.008G062300.1	8	4,1733	0,1434	0,0344	32,1023
CssHsp-28	5	Potri.009G039200.1	9	2,0501	0,2472	0,1206	15,77
CssHsp-28	5	Potri.001G238700.1	1	48,3624	0,1333	0,0028	372,019
CssHsp-28	5	Potri.010G195700.1	10	4,6909	0,1521	0,0324	36,0838
CssHsp-28	5	Potri.009G148000.1	9	1,572	0,2297	0,1461	12,0923
CssHsp-28	5	Potri.009G147900.1	9	1,9178	0,1995	0,104	14,7523
CssHsp-28	5	Potri.004G187400.1	4	1,2177	0,2339	0,1921	9,3669
CssHsp-28	5	Potri.009G049800.1	9	1,6511	0,2141	0,1297	12,7008

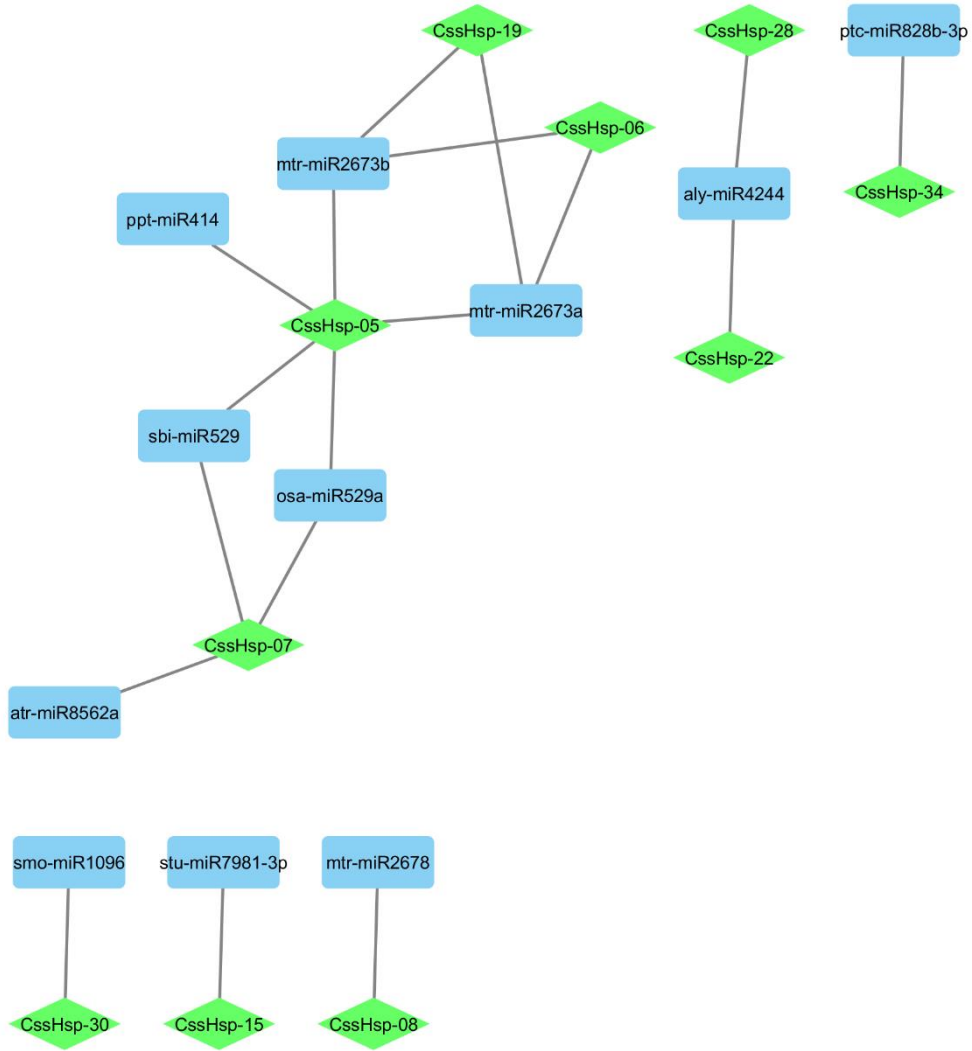
EK 9' un devamı;

CssHsp-28	5	Potri.019G081200.1	19	2,3638	0,1867	0,079	18,1831
CssHsp-28	5	Potri.009G049900.1	9	24,66	0,2507	0,1017	189,692
CssHsp-29	5	Potri.010G053400.1	10	4,8947	0,1929	0,0394	37,6515
CssHsp-29	5	Potri.010G053400.2	10	4,8949	0,1929	0,0394	37,6531
CssHsp-32	5	Potri.013G089200.1	13	3,4435	0,2946	0,0856	26,4885
CssHsp-33	6	Potri.010G195700.1	10	2,9042	0,1426	0,0491	22,34
CssHsp-33	6	Potri.008G062300.1	8	4,9289	0,161	0,0327	37,9146
CssHsp-33	6	Potri.001G238700.1	1	7,4809	0,1598	0,0214	57,5454
CssHsp-33	6	Potri.009G039200.1	9	7,5971	0,1946	0,0256	58,4392
CssHsp-33	6	Potri.019G081200.1	19	4,9769	0,1962	0,0394	38,2838
CssHsp-33	6	Potri.004G187400.1	4	3,6457	0,1936	0,0531	28,0438
CssHsp-33	6	Potri.009G148000.1	9	3,6035	0,2066	0,0573	27,7192
CssHsp-33	6	Potri.009G147900.1	9	5,6315	0,2153	0,0382	43,3192
CssHsp-33	6	Potri.009G049800.1	8	4,7256	0,2099	0,0444	36,3508

EK 9' un devamı;

CssHsp-33	6	Potri.006G093500.1	6	55,7785	0,2368	0,0042	429,065
CssHsp-33	6	Potri.009G049900.1	9	2,9714	0,2733	0,0920	22,8569
CssHsp-35	6	Potri.014G141500.2	14	1,113	0,5064	0,455	8,5615
CssHsp-35	6	Potri.014G141500.1	14	1,1961	0,5164	0,4317	9,2008
CssHsp-35	6	Potri.014G141500.3	14	1,177	0,5263	0,4472	9,0538
Ortalama				9,35669	0,22368	0,08965	71,9746

EK 10



EK 11

100 <i>Cucumis Sativus</i> HSP40 Proteini Katalođu											
Protein Adı	Cucurbit Genome Veritabanı Tanımlayıcısı	Salatalık Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluđu (aa)	pI	Moleküler Ađırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı veya Kararsız	Filogeni Grubu	NCBI Eriřim No.
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiř Pozisyonu (bç)							
CsHsp40-01	Csa1M001510.1	Chr1	266,604	269,244	841	9,06	94259,89	45,96	unstable	IV	XP_004138256.1
CsHsp40-02	Csa1M009890.1	Chr1	1,534,932	1,546,189	704	5,91	78990,83	51,85	unstable	X	XP_004138176.1
CsHsp40-03	Csa1M011490.1	Chr1	1,613,065	1,615,990	119	9,46	13208,02	52,88	unstable	IX	XP_011660201.1
CsHsp40-04	Csa1M013230.1	Chr1	1,782,802	1,785,241	588	5,31	67454,09	51,44	unstable	X	XP_004138317.1
CsHsp40-05	Csa1M031210.1	Chr1	3,264,769	3,274,362	313	9,81	35618,20	43,94	unstable	X	KGN63946.1
CsHsp40-06	Csa1M031710.1	Chr1	3,284,188	3,303,460	387	8,96	42610,20	53,36	unstable	VI	KGN63947.1
CsHsp40-07	Csa1M042670.1	Chr1	4,430,048	4,431,545	234	5,48	27081,43	49,25	unstable	IX	XP_004137622.1
CsHsp40-08	Csa1M045610.1	Chr1	5,036,912	5,039,959	346	9,13	38692,83	37,80	stable	V	XP_004152445.1
CsHsp40-09	Csa1M064710.1	Chr1	6,813,658	6,818,208	299	9,28	35197,53	48,15	unstable	III	XP_004153452.1
CsHsp40-10	Csa1M185100.1	Chr1	11,241,452	11,243,871	116	9,52	12934,73	48,48	unstable	IX	XP_004139541.1
CsHsp40-11	Csa1M320350.1	Chr1	13,738,487	13,741,140	361	7,60	40733,63	49,34	unstable	X	XP_004150020.1
CsHsp40-12	Csa1M397110.1	Chr1	14,711,311	14,728,796	2550	5,81	279559,49	47,40	unstable	VIII	XP_004149863.1
CsHsp40-13	Csa1M535800.1	Chr1	19,204,081	19,207,106	467	4,88	53524,86	69,60	unstable	X	XP_004154377.1
CsHsp40-14	Csa1M572990.1	Chr1	21,351,042	21,354,512	847	8,82	94551,90	41,53	unstable	IV	XP_011659923.1
CsHsp40-15	Csa1M637960.1	Chr1	25,490,096	25,498,071	251	9,19	29889,13	53,99	unstable	X	XP_004139080.1
CsHsp40-16	Csa1M637960.2	Chr1	25,490,096	25,498,071	233	8,90	27461,26	48,23	unstable	X	XP_004139080.1
CsHsp40-17	Csa1M642540.1	Chr1	25,607,133	25,609,719	413	5,86	45818,70	41,55	unstable	VI	XP_004139085.1
CsHsp40-18	Csa2M022810.1	Chr2	2,736,153	2,738,850	264	5,37	29853,66	49,39	unstable	VII	KGN60912.1
CsHsp40-19	Csa2M033330.1	Chr2	3,197,987	3,200,621	161	5,52	18213,34	63,52	unstable	I	XP_004144765.1
CsHsp40-20	Csa2M058620.1	Chr2	4,319,569	4,324,459	333	5,59	37388,05	56,13	unstable	VII	XP_004150330.1

EK 11' in devamı;

CsHsp40-21	Csa2M249270.1	Chr2	12,158,601	12,162,192	339	6,20	38112,16	36,66	stable	II	XP_004150069.1
CsHsp40-22	Csa2M264570.1	Chr2	12,787,491	12,788,095	145	8,49	16060,92	54,67	unstable	VII	XP_004147068.2
CsHsp40-23	Csa2M301500.1	Chr2	14,466,098	14,470,314	283	9,54	31788,45	30,93	stable	X	XP_011649393.1
CsHsp40-24	Csa2M353470.1	Chr2	16,349,111	16,352,145	244	9,40	29240,18	48,49	unstable	X	XP_004142908.1
CsHsp40-25	Csa2M360030.1	Chr2	16,976,993	16,979,050	173	4,89	19229,75	30,01	stable	VIII	XP_004152732.1
CsHsp40-26	Csa2M369750.1	Chr2	18,070,524	18,082,899	467	7,56	51461,32	43,83	unstable	VI	XP_011649674.1
CsHsp40-27	Csa2M369750.2	Chr2	18,070,524	18,082,899	444	7,91	48894,14	46,30	unstable	VI	XP_011649675.1
CsHsp40-28	Csa2M372140.1	Chr2	18,428,099	18,431,824	134	4,98	15909,82	37,58	stable	I	XP_004148414.1
CsHsp40-29	Csa2M408950.1	Chr2	21,233,928	21,236,619	342	8,97	38041,08	35,73	stable	V	XP_004138602.1
CsHsp40-30	Csa3M006750.1	Chr3	864,24	866,082	448	8,99	51836,12	58,38	unstable	X	XP_004146190.1
CsHsp40-31	Csa3M020050.1	Chr3	2,083,620	2,090,586	539	9,01	60077,62	38,20	stable	X	XP_011650401.1
CsHsp40-32	Csa3M129700.1	Chr3	8,368,761	8,370,568	217	9,61	25062,20	70,81	unstable	VII	XP_004133982.1
CsHsp40-33	Csa3M165080.1	Chr3	10,876,613	10,878,005	267	9,18	30777,65	46,58	unstable	IV	XP_004134496.2
CsHsp40-34	Csa3M184060.1	Chr3	12,941,508	12,946,289	685	5,52	76809,99	48,22	unstable	VIII	XP_004140746.1
CsHsp40-35	Csa3M223330.1	Chr3	14,791,608	14,794,730	647	8,16	74158,16	61,11	unstable	VIII	XP_004146256.1
CsHsp40-36	Csa3M710780.1	Chr3	26,888,164	26,889,931	156	6,13	17508,25	48,05	unstable	VII	XP_011651813.1
CsHsp40-37	Csa3M710790.1	Chr3	26,897,124	26,898,835	156	5,43	17641,41	46,18	unstable	VII	XP_004137653.2
CsHsp40-38	Csa3M730990.1	Chr3	27,445,080	27,449,407	572	9,41	62800,97	40,13	unstable	III	XP_004137701.1
CsHsp40-39	Csa3M731180.1	Chr3	27,558,672	27,560,991	343	8,99	37879,35	42,49	unstable	V	XP_004137718.1
CsHsp40-40	Csa3M782800.1	Chr3	30,422,428	30,425,931	275	5,22	31191,29	51,41	unstable	IX	XP_004136528.1
CsHsp40-41	Csa3M806290.1	Chr3	30,865,483	30,869,971	267	9,39	31032,27	44,72	unstable	X	XP_004136566.1
CsHsp40-42	Csa3M810550.1	Chr3	31,089,653	31,092,665	282	8,47	32557,70	49,07	unstable	III	XP_004136585.1
CsHsp40-43	Csa3M810550.2	Chr3	31,089,653	31,092,665	215	6,92	24841,21	42,62	unstable	III	XP_004136585.1
CsHsp40-44	Csa3M843760.1	Chr3	34,066,279	34,069,137	316	9,50	35601,89	49,23	unstable	VII	XP_004141138.1
CsHsp40-45	Csa3M859680.1	Chr3	35,959,418	35,965,559	1457	4,87	163214,61	49,31	unstable	X	KGN59981.1
CsHsp40-46	Csa3M878950.1	Chr3	37,009,441	37,011,982	335	8,66	36836,66	41,70	unstable	V	XP_004136336.1

EK 11' in devamı;

CsHsp40-47	Csa3M878950.2	Chr3	37,009,441	37,011,982	289	7,75	31380,66	43,02	unstable	V	XP_004136336.1
CsHsp40-48	Csa3M890060.1	Chr3	37,991,530	37,994,560	137	4,87	16243,92	31,85	stable	I	XP_004136261.1
CsHsp40-49	Csa3M891630.1	Chr3	38,046,989	38,048,804	335	8,32	37619,54	47,33	unstable	IV	XP_004136257.1
CsHsp40-50	Csa4M003100.1	Chr4	631,456	634,325	558	8,62	62318,26	52,91	unstable	X	XP_004152231.1
CsHsp40-51	Csa4M006450.1	Chr4	1,129,977	1,137,749	505	9,01	54495,41	39,18	stable	VI	XP_004152176.1
CsHsp40-52	Csa4M011640.1	Chr4	1,683,695	1,688,164	785	9,32	88321,66	49,99	unstable	IV	XP_004152307.1
CsHsp40-53	Csa4M064050.1	Chr4	5,150,715	5,158,029	557	8,65	63659,17	47,66	unstable	II	XP_004147756.1
CsHsp40-54	Csa4M095550.1	Chr4	6,246,049	6,250,698	445	9,23	47927,55	43,77	unstable	VI	XP_004137194.1
CsHsp40-55	Csa4M095550.2	Chr4	6,246,049	6,250,698	441	9,18	47484,04	43,64	unstable	VI	XP_011653349.1
CsHsp40-56	Csa4M292450.1	Chr4	11,482,044	11,483,605	112	10,27	12174,06	29,08	stable	IX	XP_011653595.1
CsHsp40-57	Csa4M343090.1	Chr4	14,208,070	14,217,583	1368	5,95	150585,73	46,36	unstable	IX	XP_004142715.1
CsHsp40-58	Csa4M361870.1	Chr4	14,660,756	14,662,306	364	9,32	40508,92	48,06	unstable	V	XP_004142703.1
CsHsp40-59	Csa4M593910.1	Chr4	19,036,303	19,037,201	198	9,22	22362,26	40,80	unstable	VII	KGN54906.1
CsHsp40-60	Csa4M665650.1	Chr4	23,260,271	23,282,496	398	5,76	44165,75	38,96	stable	II	XP_011654298.1
CsHsp40-61	Csa5M139530.1	Chr5	3,617,391	3,620,332	759	9,16	85654,81	32,31	stable	IV	XP_004145984.1
CsHsp40-62	Csa5M175710.1	Chr5	7,327,362	7,329,584	465	9,23	51275,83	40,46	unstable	VII	XP_011654903.1
CsHsp40-63	Csa5M467910.1	Chr5	16,420,635	16,426,713	407	8,59	46061,27	40,42	unstable	III	XP_004143771.1
CsHsp40-64	Csa5M523160.1	Chr5	18,508,684	18,512,685	301	8,77	34222,86	39,10	stable	VII	XP_004142792.1
CsHsp40-65	Csa5M571570.1	Chr5	19,994,469	19,995,680	138	4,80	15948,86	75,79	unstable	I	XP_004150474.1
CsHsp40-66	Csa5M577340.1	Chr5	20,263,640	20,267,696	344	5,89	38533,49	34,09	stable	III	KGN51543.1
CsHsp40-67	Csa5M585980.1	Chr5	20,909,760	20,912,016	134	10,00	14888,00	56,42	unstable	VIII	XP_004135355.1
CsHsp40-68	Csa5M604140.1	Chr5	22,402,004	22,404,623	316	9,12	35564,65	34,66	stable	V	XP_004135205.1
CsHsp40-69	Csa5M610320.1	Chr5	23,699,983	23,704,976	409	6,17	45377,95	30,11	stable	III	XP_004135086.1
CsHsp40-70	Csa5M613470.1	Chr5	24,102,123	24,104,968	413	6,06	46064,14	37,79	stable	VI	Q04960.1
CsHsp40-71	Csa5M623520.1	Chr5	24,863,348	24,866,050	112	10,56	12099,93	45,11	unstable	IX	XP_004142436.1
CsHsp40-72	Csa6M067950.1	Chr6	4,818,083	4,821,462	940	5,70	107265,11	53,05	unstable	IV	XP_004153904.1

EK 11' in devamı;

CsHsp40-73	Csa6M190200.1	Chr6	12,300,916	12,303,900	273	5,37	31507,91	60,42	unstable	VII	XP_011657144.1
CsHsp40-74	Csa6M306340.1	Chr6	14,649,575	14,651,979	348	8,58	39934,09	54,94	unstable	X	XP_004148209.1
CsHsp40-75	Csa6M324860.1	Chr6	15,126,474	15,131,174	730	8,47	81350,85	48,05	unstable	II	XP_004148820.2
CsHsp40-76	Csa6M344270.1	Chr6	15,645,519	15,650,234	385	5,52	43448,70	41,99	unstable	II	XP_011657312.1
CsHsp40-77	Csa6M367120.1	Chr6	16,836,152	16,842,153	393	6,26	45023,41	60,62	unstable	X	XP_004144161.2
CsHsp40-78	Csa6M399770.1	Chr6	17,734,003	17,735,932	271	9,40	32041,35	58,74	unstable	I	XP_004146779.2
CsHsp40-79	Csa6M417870.1	Chr6	19,237,389	19,239,863	392	9,61	43604,48	73,99	unstable	V	XP_011657541.1
CsHsp40-80	Csa6M434360.1	Chr6	20,551,854	20,561,950	1341	5,55	148406,23	49,87	unstable	X	XP_004140209.1
CsHsp40-81	Csa6M445030.1	Chr6	20,678,413	20,683,581	498	6,39	54754,36	39,94	stable	IX	XP_004143240.1
CsHsp40-82	Csa6M502820.1	Chr6	25,402,473	25,408,232	1433	5,21	160381,51	43,74	unstable	IX	XP_011658022.1
CsHsp40-83	Csa6M505950.1	Chr6	25,811,706	25,812,690	164	9,77	18190,55	65,43	unstable	VII	XP_004134859.1
CsHsp40-84	Csa6M518110.1	Chr6	27,357,927	27,360,377	349	9,13	38044,40	33,79	stable	V	XP_004134686.1
CsHsp40-85	Csa6M524620.1	Chr6	28,237,753	28,241,178	469	5,13	52811,60	67,35	unstable	X	KGN49424.1
CsHsp40-86	Csa7M014590.2	Chr7	910,221	914,594	297	9,03	33334,97	54,24	unstable	II	XP_004144862.1
CsHsp40-87	Csa7M014590.1	Chr7	910,221	914,594	290	9,14	32600,19	53,13	unstable	II	XP_004144862.1
CsHsp40-88	Csa7M019910.1	Chr7	1,169,032	1,171,062	221	8,31	24144,91	36,14	stable	X	XP_004144937.1
CsHsp40-89	Csa7M032270.1	Chr7	1,819,347	1,823,445	708	8,84	78912,04	35,76	stable	IV	XP_004144545.1
CsHsp40-90	Csa7M039200.1	Chr7	2,096,427	2,098,557	339	8,93	37599,60	31,98	stable	V	XP_004144520.1
CsHsp40-91	Csa7M061190.1	Chr7	3,563,962	3,564,459	165	9,93	18579,10	56,63	unstable	VII	XP_004136866.1
CsHsp40-92	Csa7M065180.1	Chr7	3,930,497	3,933,920	577	6,27	63276,94	53,80	unstable	IV	XP_004136890.1
CsHsp40-93	Csa7M190690.1	Chr7	6,926,212	6,926,975	120	9,38	13688,28	112,01	unstable	VII	XP_004139766.1
CsHsp40-94	Csa7M280860.1	Chr7	9,912,318	9,918,086	227	8,99	26178,39	32,36	stable	X	KGN44406.1
CsHsp40-95	Csa7M405850.1	Chr7	15,519,490	15,520,689	130	8,67	14881,89	66,02	unstable	I	XP_004136162.1
CsHsp40-96	Csa7M407530.1	Chr7	15,637,312	15,641,532	344	6,11	38827,08	41,90	unstable	VI	XP_004136000.1
CsHsp40-97	Csa7M407590.1	Chr7	15,676,241	15,679,062	580	9,09	64577,17	46,58	unstable	X	XP_004135998.2
CsHsp40-98	Csa7M428930.1	Chr7	16,580,272	16,585,384	447	8,89	49033,32	34,13	stable	VI	XP_004135911.1

EK 11' in devamı;

CsHsp40-99	Csa7M428930.2	Chr7	16,580,272	16,585,384	403	8,46	44571,41	35,70	stable	VI	XP_004135911.1
CsHsp40-100	Csa7M448690.1	Chr7	18,324,127	18,326,791	243	6,45	27420,19	54,30	unstable	I	XP_004141723.1

EK 12

CsHsp40 proteinlerinin Blast2Go analiz detayları							
Protein Adı	Açıklama	Uzunluk (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO: BİYOLOJİK SÜREÇ	GO: MOLEKÜLER FONKSİYON	GO: HÜCRE BİLEŞENİ
CsHsp40-01	meiotically up-regulated gene 184 - like	841	0,00E+00	66.15%			
CsHsp40-02	homolog subfamily C member 10	704	0,00E+00	75.55%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-03	mitochondrial import inner membrane translocase subunit tim16	119	1.15E-82	86%	mitokondriyal matrise protein aktarımı		mitokondriyal iç zarın önceliği transkripsiyon kompleksi;
CsHsp40-04	DNAJ JJJ1 homolog	588	0,00E+00	87%		nükleik asit bağlanması; çinko iyonu bağlanması	
CsHsp40-05	chaperone dnaJ mitochondrial isoform X1	313	0,00E+00	84.25%	protein katlama	açılmamış protein bağlanması	sitoplazma; zar;
CsHsp40-06	chaperone isoform X1	387	0,00E+00	78.15%	protein katlama	ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması;	zar;
CsHsp40-07	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit chloroplastic	234	2.41E-164	83.3%			membranın ayrılmaz bileşeni; NAD (P) H dehidrogenaz kompleksi (plastokinon); kloroplast thylakoid membran
CsHsp40-08	dnaJ homolog subfamily B member 1	346	0,00E+00	82.1%	protein katlama	açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-09	chaperone dnaJ 50	299	0,00E+00	89.25%			membranın ayrılmaz bileşeni; endoplazmik retikulum

EK 12' nin devamı;

CsHsp40-10	mitochondrial import inner membrane translocase subunit tim16	116	1.61E-79	90%	mitokondriyal matrise protein aktarımı		mitokondriyal iç zarın önceliği transkripsiyon kompleksi;
CsHsp40-11	chaperone dnaJ 49-like	361	0,00E+00	83.6%			
CsHsp40-12	dnaJ homolog subfamily C GRV2	2550	0,00E+00	90.6%	endozom organizasyonu; tohum dormansında biten embriyo gelişimi; amiloplast organizasyonu; açılığa tepki; vakuole geç endozom; negatif gravitizm; ışıkgöçüm		taşınması; endoplazmik retikulum; Clate endozom membranı; trans-Golgi ağı;
CsHsp40-13	auxilin-related 2 isoform X2	467	0,00E+00	66.85%			
CsHsp40-14	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing	847	0,00E+00	60.6%	sinyal iletimi; lipit metabolik süreci; hücre içi sinyal iletimi	fosfatidilinositol fosfolipaz C aktivitesi	sitoplazma
CsHsp40-15	dnaJ homolog subfamily C member 8	251	1.3E-133	94.6%			
CsHsp40-16	J domain-containing spf31	233	4.09E-115	87.15%			
CsHsp40-17	dnaJ homolog	413	0,00E+00	95%	protein katlanması; ısıya tepki	metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması; ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması;	hücre zarı
CsHsp40-18	pentatricopeptide repeat-containing At3g05340	264	0,00E+00	84.15%			kloroplast
CsHsp40-19	dnaJ homolog subfamily B member 6	161	2.2E-107	88.15%			
CsHsp40-20	dnaJ homolog subfamily C member 2	333	0,00E+00	84.1%		demir iyonu bağlanması; elektron taşıyıcı etkinliği	kloroplast;
CsHsp40-21	chaperone dnaJ 10-like	339	0,00E+00	89.8%			
CsHsp40-22	chaperone dnaJ chloroplastic-like	145	2.61E-77	76.05%			

EK 12' nin devamı;

CsHsp40-23	Chaperone -domain superfamily	283	0,00E+00	69.6%				kloroplast
CsHsp40-24	dnaJ homolog subfamily C member 7 homolog isoform X1	244	4.49E-148	85.7%				membranın integral bileşeni
CsHsp40-25	DPH4 homolog	173	4.12E-124	81.15%				
CsHsp40-26	chaperone dnaJ mitochondrial isoform X1	467	0,00E+00	78.5%	protein katlanması; ısıya tepki	ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması; açılmamış protein bağlanması; metal iyonu bağlanması;		
CsHsp40-27	chaperone dnaJ mitochondrial isoform X2	444	0,00E+00	78.75%	protein katlanması; ısıya tepki	metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması; ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması;		
CsHsp40-28	chaperone -like	134	1.45E-96	81.9%				
CsHsp40-29	dnaJ homolog subfamily B member 13-like	342	0,00E+00	85.55%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;		
CsHsp40-30	Chaperone dnaJ 49	448	0,00E+00	77.15%				
CsHsp40-31	chaperone dnaJ 13	539	0,00E+00	89.7%	çok düşük ışık şiddeti uyarısına cevap; meristemin vejetatif üreme faz geçişi			membranın ayrılmaz bileşeni; C: Plastid
CsHsp40-32	chaperone dnaJ chloroplastic-like	217	6,00E-160	73.25%	biyolojik düzenleme			hücre içi zar-sınırlı organel
CsHsp40-33	Chaperone dnaJ 49	267	0,00E+00	65.5%				
CsHsp40-34	dnaJ ERDJ2A-like	685	0,00E+00	90.9%				endoplazmik retikulum membranının integral bileşeni; C: plazma zarı
CsHsp40-35	dnaJ homolog subfamily C member 2-like	647	0,00E+00	86.95%		DNA bağlanması		çekirdeği;
CsHsp40-36	chaperone dnaJ chloroplastic	156	1.8E-100	75.8%				kloroplast

EK 12' nin devamı;

CsHsp40-37	chaperone dnaJ chloroplastic-like	156	1.93E-89	75.15%			kloroplast
CsHsp40-38	dnaJ ERDJ3A	572	0,00E+00	81.8%	ısıya tepki; polen tüpü büyümesi; oksidasyon redüksiyon işlemi	oksidoredüktaz aktivitesi;	endoplazmik retikulum lümeni; C; plasmodesma;
CsHsp40-39	dnaJ homolog subfamily B member 13-like	343	0,00E+00	76.75%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-40	iron-sulfur cluster co- chaperone mitochondrial	275	0,00E+00	80.55%	protein katlanması; protein oligomerizasyonu; demir-kükürt küme derlemesi	şaperon bağlanması;	Mitokondri;
CsHsp40-41	heat shock binding	267	0,00E+00	73.05%			
CsHsp40-42	chaperone dnaJ 6	282	0,00E+00	89.65%	oksidasyon-indirgeme işlemi; protein fosforilasyonu	ATP bağlanması; demir iyonu bağlanması; moleküler oksijenin dahil edilmesi veya azaltılması ile eşleştirilmiş donörler üzerinde etki eden oksidoredüktaz aktivitesi; protein serin / treonin kinaz aktivitesi; heme bağlanması	membranın ayrılmaz bileşeni;
CsHsp40-43	chaperone dnaJ 6	215	6.6E-143	88.95%	oksidasyon-indirgeme işlemi; protein fosforilasyonu	ATP bağlanması; demir iyonu bağlanması; moleküler oksijenin dahil edilmesi veya azaltılması ile eşleştirilmiş donörler üzerinde etki eden oksidoredüktaz aktivitesi; protein serin / treonin kinaz aktivitesi; heme bağlanması	
CsHsp40-44	dnaJ homolog subfamily C member 18	316	0,00E+00	80.25%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-45	auxilin 1	1457	0,00E+00	79.75%		hidrolaz aktivitesi	
CsHsp40-46	dnaJ homolog subfamily B member 1	335	0,00E+00	90.15%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-47	dnaJ homolog subfamily B member 1	289	1.62E- 154	88.7%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-48	chaperone -like	137	1.62E-97	84%			

EK 12' nin devamı;

CsHsp40-49	J JJJ2-like	335	0,00E+00	79.7%			
CsHsp40-50	Heat shock with tetratricopeptide repeat isoform 1	558	0,00E+00	77.75%			
CsHsp40-51	chaperone	505	0,00E+00	88.3%	ısıya tepki; protein katlanması	ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	kloroplast zarfı; C: kloroplast thylakoid membran
CsHsp40-52	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing isoform 1	785	0,00E+00	73.6%			
CsHsp40-53	dnaJ homolog dnj-5-like	557	0,00E+00	87.5%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-54	dnaJ homolog mitochondrial-like	445	0,00E+00	91.65%	ısıya tepki; protein katlanması	ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-55	dnaJ homolog mitochondrial-like	441	0,00E+00	90.95%	ısıya tepki; protein katlanması	ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-56	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14-1	112	9.88E-60	94.15%			
CsHsp40-57	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family	1368	0,00E+00	65.7%			kloroplast
CsHsp40-58	dnaJ homolog subfamily B member 13-like	364	0,00E+00	74.95%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-59	chaperone dnaJ 72	198	4.59E-101	88.65%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-60	chaperone dnaJ 10-like	398	0,00E+00	92.35%			
CsHsp40-61	Curved DNA-binding	759	0,00E+00	74.95%		DNA bağlanması	

EK 12' nin devamı;

CsHsp40-62	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing	465	0,00E+00	73.75%			sitoplazma; membranın integral bileşeni
CsHsp40-63	chaperone dnaJ 16	407	0,00E+00	90.6%			
CsHsp40-64	chaperone -like isoform X3	301	0,00E+00	78.6%			
CsHsp40-65	chaperone -like	138	2.35E-93	80.8%			çekirdeği; sitoplazma
CsHsp40-66	chaperone dnaJ 15	344	0,00E+00	95.05%	pozitif gravitizm		
CsHsp40-67	Heat shock N-terminal	134	1.13E-84	83.05%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-68	dnaJ homolog subfamily B member 1	316	0,00E+00	83.15%	protein katlama	DNA bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-69	chaperone dnaJ 15	409	0,00E+00	91.15%	pozitif gravitizm		
CsHsp40-70	dnaJ homolog	413	0,00E+00	96.4%	ısıya tepki; protein katlanması	ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	hücre zarı
CsHsp40-71	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14-1	112	5.18E-65	92.2%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-72	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing	940	0,00E+00	66.2%			
CsHsp40-73	dnaJ homolog subfamily B member 9 isoform X2	273	0,00E+00	78.45%			
CsHsp40-74	chaperone dnaJ 49	348	0,00E+00	80.8%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-75	homolog subfamily C member 14	730	0,00E+00	76.5%			membranın integral bileşeni
CsHsp40-76	chaperone dnaJ 10	385	0,00E+00	91.15%			
CsHsp40-77	WEB family chloroplastic	393	0,00E+00	84.9%			vakumlu membran

EK 12' nin devamı;

CsHsp40-78	chaperone dnaJ chloroplastic	271	1.16E-177	85.3%				kloroplast
CsHsp40-79	chaperone -like	392	0,00E+00	81.9%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;		
CsHsp40-80	homolog subfamily C member 7	1341	0,00E+00	65.65%				kloroplast
CsHsp40-81	dnaJ P58IPK homolog	498	0,00E+00	92.7%	viral süreç ev sahibi tarafından pozitif düzenleme			endoplazmik retikulum lümeni; membranın ayrılmaz bileşeni; hücre zarı
CsHsp40-82	auxilin 1	1433	0,00E+00	77.2%				
CsHsp40-83	chaperone dnaJ chloroplastic-like	164	5.25E-87	83.35%				
CsHsp40-84	dnaJ homolog subfamily B member 13-like	349	0,00E+00	88.25%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;		
CsHsp40-85	auxilin-related isoform X2	469	0,00E+00	73.5%				
CsHsp40-86	dnaJ homolog subfamily C member 17	297	6.9E-180	84.8%		nükleotit bağlanması; nükleik asit bağlanması		
CsHsp40-87	dnaJ homolog subfamily C member 17	290	6.21E-180	84.85%		nükleotit bağlanması; nükleik asit bağlanması		
CsHsp40-88	cytokinin riboside 5 - monophosphate phosphoribohydrolase LOG5-like	221	5.49E-155	93.65%	sitokinin biyosentez süreci	hidrolaz aktivitesi, N-glikozil bileşiklerinin hidrolize edilmesi; liyaz aktivitesi;		çekirdeği; sitozolunda
CsHsp40-89	Chaperone dnaJ 49	708	0,00E+00	79.65%				
CsHsp40-90	dnaJ homolog subfamily B member 13-like	339	0,00E+00	87.65%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;		sitoplazma;
CsHsp40-91	chaperone dnaJ chloroplastic-like	165	3.17E-101	67.6%				

EK 12' nin devamı;

CsHsp40-92	AT-rich interactive domain-containing 1A	577	0,00E+00	72.4%			
CsHsp40-93	chaperone dnaJ chloroplastic	120	7.44E-67	65.55%			kloroplast
CsHsp40-94	calponin homology domain-containing DDB_G0272472	227	1.07E-129	85.15%	protein çekirdeği nükleus içine	protein taşıyıcı etkinliği	çekirdeği; sitoplazma;
CsHsp40-95	chaperone -like	130	5.81E-92	77.8%			
CsHsp40-96	dnaJ ERDJ3B	344	0,00E+00	92.65%	protein katlanması	açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp40-97	Heat shock with tetratricopeptide repeat isoform 1	580	0,00E+00	83.7%			
CsHsp40-98	chaperone dnaJ mitochondrial	447	0,00E+00	80.9%	ısıya tepki; sinerjik ölüm; polar nükleus füzyonu; kofaktör gerektiren chaperone aracılı protein katlanması; nükleer membran füzyonu; embriyo kesesi hüreselleşme	ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	Mitokondri;
CsHsp40-99	chaperone dnaJ mitochondrial	403	0,00E+00	78.5%	ısıya tepki; sinerjik ölüm; polar nükleus füzyonu; kofaktör gerektiren chaperone aracılı protein katlanması; nükleer membran füzyonu; embriyo kesesi hüreselleşme	ATP bağlanması; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	Mitokondri;
CsHsp40-100	dnaJ homolog subfamily B member 6-like	243	5.05E-123	80.85%			

EK 13

Kromozom	Gen	Duplikasyon	E değeri	Homoloji (%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
1	CsHsp40-03	CsHsp40-10	2,00E-49	81%	9,628,387	0,2547	0,0995	0,3907	1,9592
3	CsHsp40-34	CsHsp40-35	9,00E-79	91%	8960	27,5444	1,1755	0,0427	211,8800
3	CsHsp40-39	CsHsp40-46	2,00E-88	47%	9,450,769	11,9331	0,4598	0,0385	91,7931
4	CsHsp40-51	CsHsp40-55	e-112	54%	5,116,072	54,3998	0,4376	0,0080	418,4600
4	CsHsp40-51	CsHsp40-54	e-112	54%	5,116,072	54,1456	0,4533	0,0084	416,5046
7	CsHsp40-99	CsHsp40-98	0.0	100%	0	0,0335	0,0444	1,3254	10,1952
4	CsHsp40-55	CsHsp40-54	0.0	99%	0	0,0061	0,0010	0,1639	1,2610
Ortalama						21,1882	0,3816	0,2825	164,5790

EK 14

Gene 1	Lokasyon	Kro.	Gene 2	Lokasyon	Kro.	E değeri	Homoloji (%)	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp40-08	5,036,912-5,039,959	1	CsHsp40-68	22,402,004-22,404,623	5	-116	62%	2,8285	0,2302	0,0814	21,7577
CsHsp40-08	5,036,912-5,039,959	1	CsHsp40-90	20,964,27-20,985,57	7	-113	58%	31,5177	0,3158	0,0100	242,4438
CsHsp40-08	5,036,912-5,039,959	1	CsHsp40-84	27,357,927-27,360,377	6	-109	56%	10,4725	0,3398	0,0324	80,5577
CsHsp40-08	5,036,912-5,039,959	1	CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	-109	56%	11,3062	0,3349	0,0296	86,9708
CsHsp40-13	19,204,081-19,207,106	1	CsHsp40-85	28,237,753-28,241,178	6	e-121	51%	1,5866	0,3448	0,2173	12,2046
CsHsp40-17	25,607,133-25,609,719	1	CsHsp40-70	24,102,123-24,104,968	5	0	91%	2,5952	0,0490	0,0189	19,9631
CsHsp40-21	12,158,601-12,162,192	2	CsHsp40-60	23,260,271-23,282,496	4	e-105	57%	3,5976	0,3435	0,0955	27,6738
CsHsp40-21	12,158,601-12,162,192	2	CsHsp40-76	15,645,519-15,650,234	6	9,00E-92	52%	57,1071	0,3846	0,0067	439,2854
CsHsp40-28	18,428,099-18,431,824	2	CsHsp40-48	37,991,530-37,994,560	3	1,00E-47	65%	1,4343	0,2987	0,2083	11,0331
CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	CsHsp40-90	2,096,427-2,098,557	7	e-157	77%	2,2226	0,1268	0,0571	17,0969
CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	CsHsp40-84	27,357,927-27,360,377	6	e-155	74%	2,4600	0,1415	0,0575	18,9231
CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	CsHsp40-46	37,009,441-37,011,982	3	e-121	61%	54,5575	0,3152	0,0058	419,6731
CsHsp40-39	27,558,672-27,560,991	3	CsHsp40-90	2,096,427-2,098,557	7	e-107	57%	7,7410	0,3045	0,0393	59,5462
CsHsp40-39	27,558,672-27,560,991	3	CsHsp40-84	27,357,927-27,360,377	6	e-104	56%	6,6052	0,3275	0,0496	50,8092
CsHsp40-39	27,558,672-27,560,991	3	CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	e-103	56%	38,0211	0,3248	0,0085	292,4700
CsHsp40-46	37,009,441-37,011,982	3	CsHsp40-90	2,096,427-2,098,557	7	e-123	63%	39,1609	0,2641	0,0067	301,2377
CsHsp40-46	37,009,441-37,011,982	3	CsHsp40-84	27,357,927-27,360,377	6	e-121	61%	9,2282	0,2784	0,0302	70,9862
CsHsp40-46	37,009,441-37,011,982	3	CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	e-121	61%	54,5608	0,3152	0,0058	419,6985
CsHsp40-48	37,991,530-37,994,560	3	CsHsp40-28	18,428,099-18,431,824	2	1,00E-47	65%	1,4343	0,2987	0,2083	11,0331
CsHsp40-50	631,456-634,325	4	CsHsp40-97	15,676,241-15,679,062	7	0	62%	2,7835	0,2063	0,0741	21,4115

EK 14' ün devamı;

CsHsp40-97	15,676,241-15,679,062	7	CsHsp40-50	631,456-634,325	4	0.0	62%	2,7834	0,2063	0,074118	21,41
CsHsp40-90	2,096,427-2,098,557	7	CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	e-157	77%	2,2226	0,1268	0,05705	17,10
CsHsp40-90	2,096,427-2,098,557	7	CsHsp40-84	27,357,927-27,360,377	6	e-156	76%	50,1311	0,1272	0,002537	385,62
CsHsp40-90	2,096,427-2,098,557	7	CsHsp40-46	37,009,441-37,011,982	3	e-123	63%	38,7210	0,2642	0,006823	297,85
CsHsp40-90	2,096,427-2,098,557	7	CsHsp40-08	5,036,912-5,039,959	1	e-113	58%	30,4685	0,3158	0,010365	234,37
CsHsp40-89	1,819,347-1,823,445	7	CsHsp40-61	3,617,391-3,620,332	5	e-139	38%	8,2787	0,551	0,066556	63,68
CsHsp40-85	28,237,753-28,241,178	6	CsHsp40-13	19,204,081-19,207,106	1	e-121	51%	1,5866	0,3448	0,21732	12,20
CsHsp40-84	27,357,927-27,360,377	6	CsHsp40-29	21,233,928-21,236,619	2	e-155	61%	2,4600	0,1415	0,05752	18,92
CsHsp40-70	24,102,123-24,104,968	5	CsHsp40-17	25,607,133-25,609,719	1	0.0	91%	2,5954	0,049	0,01888	19,96
CsHsp40-69	23,699,983-23,704,976	5	CsHsp40-66	20,263,640-20,267,696	5	e-174	86%	1,6899	0,072	0,042606	13,00
Ortalama								16,0719	0,2581	0,0599	123,6303

EK 15

Salatalık -Arabidopsis							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp40-01	1	AT5G53150.1	5	24,832	0,564	0,0227	191,016
CsHsp40-01	1	AT5G35753.1	5	13,27	0,676	0,0509	102,075
CsHsp40-01	1	AT2G25560.1	2	3,9074	0,5309	0,1359	30,0569
CsHsp40-01	1	AT5G50115.1	5	31,232	0,566	0,0181	240,247
CsHsp40-02	1	AT1G18700.1	1	2,3679	0,3451	0,1457	18,2146
CsHsp40-02	1	AT1G18700.2	1	2,4363	0,353	0,1449	18,7408
CsHsp40-02	1	AT1G18700.4	1	2,3679	0,3451	0,1457	18,2146
CsHsp40-02	1	AT1G18700.3	1	2,427	0,3542	0,1459	18,6692
CsHsp40-03	1	AT3G59280.1	3	30,533	0,2243	0,0073	234,869
CsHsp40-04	1	AT1G74250.1	1	6,0123	0,374	0,0622	46,2485
CsHsp40-06	1	AT3G17830.1	3	1,559	0,3481	0,2233	11,9923
CsHsp40-07	1	AT4G09350.1	4	4,743	0,3243	0,0684	36,4846
CsHsp40-08	1	AT3G47940.1	3	2,7963	0,2071	0,0741	21,51
CsHsp40-08	1	AT1G10350.1	1	2,5643	0,3006	0,1172	19,7254
CsHsp40-08	1	AT2G20560.1	2	9,4309	0,3185	0,0338	72,5454
CsHsp40-08	1	AT4G28480.1	4	15,057	0,3262	0,0217	115,824
CsHsp40-08	1	AT1G59725.1	1	4,0629	0,3008	0,074	31,2531
CsHsp40-08	1	AT3G08910.1	3	4,7326	0,3364	0,0711	36,4046
CsHsp40-08	1	AT5G01390.1	5	7,611	0,3576	0,047	58,5462
CsHsp40-08	1	AT5G25530.1	5	9,2879	0,3553	0,0383	71,4454

EK 15' in devamı;

CsHsp40-08	1	AT2G20550.2	2	6,0002	0,4119	0,0686	46,1554
CsHsp40-08	1	AT2G20550.1	2	6,0008	0,4119	0,0686	46,16
CsHsp40-09	1	AT1G61770.1	1	1,9919	0,1994	0,1001	15,3223
CsHsp40-10	1	AT3G59280.1	3	2,1765	0,1653	0,0759	16,7423
CsHsp40-11	1	AT3G57340.1	3	10,922	0,2691	0,0246	84,0162
CsHsp40-11	1	AT3G57340.2	3	10,899	0,2691	0,0247	83,8408
CsHsp40-11	1	AT5G05750.1	5	6,6117	0,3026	0,0458	50,8592
CsHsp40-12	1	AT2G26890.1	2	2,0785	0,1507	0,0725	15,9885
CsHsp40-13	1	AT1G30280.1	1	3,1869	0,5547	0,1741	24,5146
CsHsp40-14	1	AT5G18750.1	5	4,2662	0,6783	0,159	32,8169
CsHsp40-15	1	AT5G22080.1	5	2,8477	0,117	0,0411	21,9054
CsHsp40-15	1	AT5G22080.2	5	2,7354	0,1249	0,0457	21,0415
CsHsp40-16	1	AT5G22080.2	5	2,8204	0,1221	0,0433	21,6954
CsHsp40-16	1	AT5G22080.1	5	2,7807	0,1249	0,0449	21,39
CsHsp40-17	1	AT3G44110.1	3	2,2458	0,0857	0,0382	17,2754
CsHsp40-17	1	AT5G22060.1	5	61,055	0,1046	0,0017	469,654
CsHsp40-17	1	AT3G44110.2	3	2,3059	0,1007	0,0437	17,7377
CsHsp40-18	2	AT3G05345.1	3	1,9053	0,2516	0,1321	14,6562
CsHsp40-19	2	AT1G56300.1	1	3,6017	0,2042	0,0567	27,7054
CsHsp40-20	2	AT2G42750.1	2	2,5812	0,2235	0,0866	19,8554
CsHsp40-21	2	AT4G39150.1	4	3,2526	0,1905	0,0586	25,02
CsHsp40-21	2	AT4G39150.2	4	3,2525	0,1905	0,0586	25,0192
CsHsp40-21	2	AT2G21510.1	2	2,9374	0,185	0,063	22,5954

EK 15' in devamı;

CsHsp40-21	2	AT1G76700.1	1	5,3293	0,3334	0,0626	40,9946
CsHsp40-21	2	AT1G21080.1	1	4,2404	0,3577	0,0844	32,6185
CsHsp40-21	2	AT1G21080.3	1	4,2403	0,3577	0,0844	32,6177
CsHsp40-21	2	AT1G77020.1	1	51,441	0,3794	0,0074	395,7
CsHsp40-21	2	AT1G21080.2	1	2,9283	0,4204	0,1436	22,5254
CsHsp40-24	2	AT4G07990.1	4	1,8874	0,2945	0,156	14,5185
CsHsp40-24	2	AT4G07990.2	4	2,2689	0,3303	0,1456	17,4531
CsHsp40-25	2	AT4G10130.1	4	10,919	0,3925	0,0359	83,9954
CsHsp40-26	2	AT1G28210.2	1	3,6144	0,3085	0,0854	27,8031
CsHsp40-26	2	AT1G28210.1	1	3,5053	0,3047	0,0869	26,9638
CsHsp40-27	2	AT1G28210.1	1	2,6937	0,2876	0,1068	20,7208
CsHsp40-27	2	AT1G28210.2	1	3,2995	0,3061	0,0928	25,3808
CsHsp40-29	2	AT2G20560.1	2	49,236	0,1367	0,0028	378,739
CsHsp40-29	2	AT4G28480.1	4	6,6966	0,1619	0,0242	51,5123
CsHsp40-29	2	AT5G01390.1	5	11,065	0,2456	0,0222	85,1169
CsHsp40-29	2	AT3G08910.1	3	23,923	0,195	0,0082	184,022
CsHsp40-29	2	AT4G28480.2	4	5,5942	0,1347	0,0241	43,0323
CsHsp40-29	2	AT1G10350.1	1	15,292	0,3562	0,0233	117,628
CsHsp40-29	2	AT1G59725.1	1	7,1617	0,3064	0,0428	55,09
CsHsp40-29	2	AT3G47940.1	3	11,145	0,3543	0,0318	85,7338
CsHsp40-29	2	AT5G25530.1	5	46,226	0,3137	0,0068	355,584
CsHsp40-29	2	AT5G01390.2	5	11,495	0,23	0,02	88,4231
CsHsp40-29	2	AT5G01390.4	5	13,52	0,2579	0,0191	104,003

EK 15' in devamı;

CsHsp40-29	2	AT2G20550.2	2	6,7678	0,3449	0,051	52,06
CsHsp40-29	2	AT2G20550.1	2	6,7672	0,3449	0,051	52,0554
CsHsp40-30	3	AT2G35540.1	2	64,113	0,5331	0,0083	493,18
CsHsp40-31	3	AT2G35720.1	2	2,198	0,2064	0,0939	16,9077
CsHsp40-32	3	AT4G13830.2	4	4,2409	0,4219	0,0995	32,6223
CsHsp40-34	3	AT1G79940.1	1	1,8365	0,1403	0,0764	14,1269
CsHsp40-34	3	AT1G79940.3	1	1,8365	0,1403	0,0764	14,1269
CsHsp40-34	3	AT1G79940.2	1	1,8365	0,1403	0,0764	14,1269
CsHsp40-34	3	AT1G79940.4	1	1,7965	0,1504	0,0837	13,8192
CsHsp40-34	3	AT4G21180.1	4	2,3401	0,2012	0,086	18,0008
CsHsp40-35	3	AT3G11450.1	3	4,8685	0,2339	0,048	37,45
CsHsp40-35	3	AT5G06110.1	5	3,582	0,2721	0,076	27,5538
CsHsp40-35	3	AT5G06110.2	5	3,582	0,2721	0,076	27,5538
CsHsp40-38	3	AT3G08970.1	3	2,3506	0,3047	0,1296	18,0815
CsHsp40-39	3	AT3G08910.1	3	2,7206	0,2966	0,109	20,9277
CsHsp40-39	3	AT5G01390.1	5	2,9601	0,318	0,1074	22,77
CsHsp40-39	3	AT2G20560.1	2	6,0119	0,3177	0,0528	46,2454
CsHsp40-39	3	AT4G28480.1	4	8,5267	0,3421	0,0401	65,59
CsHsp40-39	3	AT5G01390.4	5	2,6793	0,3241	0,121	20,61
CsHsp40-39	3	AT2G20550.2	2	8,3793	0,5082	0,0606	64,4562
CsHsp40-39	3	AT2G20550.1	2	8,3825	0,5082	0,0606	64,4808
CsHsp40-40	3	AT5G06410.1	5	3,2992	0,3441	0,1043	25,3785
CsHsp40-41	3	AT2G42080.1	2	2,7658	0,3577	0,1293	21,2754

EK 15' in devamı;

CsHsp40-42	3	AT3G12170.1	3	7,9038	0,1729	0,0219	60,7985
CsHsp40-42	3	AT5G06910.1	5	3,7765	0,1947	0,0516	29,05
CsHsp40-43	3	AT5G06910.1	5	2,3798	0,1493	0,0627	18,3062
CsHsp40-43	3	AT3G12170.1	3	3,9011	0,1584	0,0406	30,0085
CsHsp40-44	3	AT5G18140.1	5	2,3884	0,4029	0,1687	18,3723
CsHsp40-45	3	AT4G36520.1	4	7,4148	0,8171	0,1102	57,0369
CsHsp40-45	3	AT1G75310.1	1	7,0933	0,8356	0,1178	54,5638
CsHsp40-45	3	AT4G12780.1	4	17,525	0,8306	0,0474	134,81
CsHsp40-45	3	AT4G12770.1	4	14,663	0,8218	0,056	112,791
CsHsp40-45	3	AT4G12770.2	4	13,857	0,8269	0,0597	106,59
CsHsp40-45	3	AT1G21660.1	1	6,6467	0,8137	0,1224	51,1285
CsHsp40-46	3	AT5G25530.1	5	4,167	0,1184	0,0284	32,0538
CsHsp40-46	3	AT2G20560.1	2	4,7208	0,2701	0,0572	36,3138
CsHsp40-46	3	AT3G08910.1	3	17,675	0,2747	0,0155	135,959
CsHsp40-46	3	AT4G28480.1	4	5,8246	0,2894	0,0497	44,8046
CsHsp40-46	3	AT5G01390.1	5	12,99	0,3045	0,0234	99,92
CsHsp40-46	3	AT1G10350.1	1	55,079	0,3249	0,0059	423,686
CsHsp40-46	3	AT1G59725.1	1	55,715	0,3249	0,0058	428,576
CsHsp40-46	3	AT3G47940.1	3	54,997	0,3809	0,0069	423,051
CsHsp40-46	3	AT5G01390.4	5	15,991	0,3082	0,0193	123,005
CsHsp40-46	3	AT2G20550.2	2	4,8012	0,4268	0,0889	36,9323
CsHsp40-46	3	AT2G20550.1	2	4,8012	0,4268	0,0889	36,9323
CsHsp40-46	3	AT4G28480.2	4	5,5035	0,2578	0,0468	42,3346

EK 15' in devamı;

CsHsp40-46	3	AT1G44160.1	1	54,993	0,7347	0,0134	423,019
CsHsp40-47	3	AT5G25530.1	5	6,1664	0,1469	0,0238	47,4338
CsHsp40-47	3	AT2G20560.1	2	3,4344	0,3375	0,0983	26,4185
CsHsp40-47	3	AT3G08910.1	3	9,5009	0,3538	0,0372	73,0838
CsHsp40-47	3	AT1G59725.1	1	57,104	0,3993	0,007	439,264
CsHsp40-47	3	AT4G28480.1	4	52,111	0,365	0,007	400,857
CsHsp40-47	3	AT5G01390.1	5	5,7688	0,3908	0,0677	44,3754
CsHsp40-47	3	AT1G10350.1	1	53,858	0,412	0,0076	414,293
CsHsp40-47	3	AT2G20550.2	2	4,8012	0,4268	0,0889	36,9323
CsHsp40-47	3	AT2G20550.1	2	4,8011	0,4268	0,0889	36,9315
CsHsp40-47	3	AT4G28480.2	4	52,401	0,3406	0,0065	403,088
CsHsp40-47	3	AT5G01390.2	5	5,0268	0,3956	0,0787	38,6677
CsHsp40-49	3	AT2G01710.1	2	53,672	0,3795	0,0071	412,862
CsHsp40-50	3	AT4G02100.1	4	4,4483	0,2967	0,0667	34,2177
CsHsp40-50	3	AT2G47440.1	2	3,063	0,3105	0,1014	23,5615
CsHsp40-51	4	AT1G80030.3	1	2,9749	0,1973	0,0663	22,8838
CsHsp40-51	4	AT1G80030.1	1	2,9747	0,1973	0,0663	22,8823
CsHsp40-51	4	AT1G80030.2	1	2,9747	0,1973	0,0663	22,8823
CsHsp40-51	4	AT3G17830.1	3	15,619	0,5034	0,0322	120,149
CsHsp40-51	4	AT2G22360.1	2	52,164	0,4416	0,0085	401,263
CsHsp40-51	4	AT4G39960.1	4	24,445	0,4543	0,0186	188,04
CsHsp40-52	4	AT2G25560.1	2	2,5553	0,4673	0,1829	19,6562
CsHsp40-52	4	AT5G53150.1	5	5,3813	0,5706	0,106	41,3946

EK 15' in devamı;

CsHsp40-52	4	AT5G35753.1	5	8,9484	0,681	0,0761	68,8338
CsHsp40-53	4	AT1G16680.1	1	2,1176	0,1839	0,0868	16,2892
CsHsp40-53	4	AT1G79030.1	1	2,0683	0,173	0,0836	15,91
CsHsp40-54	4	AT2G22360.1	2	7,9857	0,1499	0,0188	61,4285
CsHsp40-54	4	AT4G39960.1	4	8,4701	0,1521	0,018	65,1546
CsHsp40-54	4	AT1G80030.1	1	52,109	0,4555	0,0087	400,84
CsHsp40-54	4	AT1G80030.2	1	52,109	0,4555	0,0087	400,84
CsHsp40-54	4	AT1G80030.3	1	52,109	0,4555	0,0087	400,84
CsHsp40-54	4	AT3G17830.1	3	52,824	0,5287	0,01	406,341
CsHsp40-55	4	AT2G22360.1	2	6,7811	0,1515	0,0223	52,1623
CsHsp40-55	4	AT4G39960.1	4	7,4686	0,1577	0,0211	57,4508
CsHsp40-55	4	AT1G80030.3	1	52,188	0,4607	0,0088	401,449
CsHsp40-55	4	AT1G80030.1	1	52,188	0,4607	0,0088	401,449
CsHsp40-55	4	AT1G80030.2	1	52,188	0,4607	0,0088	401,449
CsHsp40-55	4	AT3G17830.1	3	50,634	0,53	0,0105	389,494
CsHsp40-57	4	AT5G12430.1	5	6,998	0,5893	0,0842	53,8308
CsHsp40-57	4	AT2G41520.1	2	3,5818	0,5997	0,1674	27,5523
CsHsp40-58	4	AT1G11040.1	1	4,7327	0,5743	0,1213	36,4054
CsHsp40-58	4	AT1G44160.1	1	53,857	0,5413	0,0101	414,285
CsHsp40-60	4	AT1G21080.1	1	1,6932	0,1485	0,0877	13,0246
CsHsp40-60	4	AT1G21080.3	1	1,823	0,1505	0,0826	14,0231
CsHsp40-60	4	AT1G76700.1	1	2,091	0,1582	0,0757	16,0846
CsHsp40-60	4	AT1G21080.2	1	1,6728	0,1765	0,1055	12,8677

EK 15' in devamı;

CsHsp40-60	4	AT1G77020.1	1	23,218	0,36	0,0155	178,603
CsHsp40-60	4	AT4G39150.1	4	53,957	0,3775	0,007	415,05
CsHsp40-60	4	AT4G39150.2	4	53,957	0,3775	0,007	415,05
CsHsp40-60	4	AT2G21510.1	2	56,193	0,3691	0,0066	432,252
CsHsp40-62	4	AT5G23240.1	5	3,5754	0,3851	0,1077	27,5031
CsHsp40-63	4	AT1G24120.1	1	2,6472	0,1652	0,0624	20,3631
CsHsp40-63	4	AT1G68370.1	1	13,802	0,3134	0,0227	106,169
CsHsp40-63	4	AT1G59980.1	1	5,8198	0,2356	0,0405	44,7677
CsHsp40-66	5	AT1G68370.1	1	1,9455	0,0887	0,0456	14,9654
CsHsp40-66	5	AT1G24120.1	1	10,011	0,3016	0,0301	77,0046
CsHsp40-66	5	AT1G59980.1	1	28,385	0,3533	0,0124	218,346
CsHsp40-68	5	AT1G10350.1	1	1,9407	0,1938	0,0999	14,9285
CsHsp40-68	5	AT1G59725.1	1	5,2842	0,197	0,0373	40,6477
CsHsp40-68	5	AT2G20560.1	2	33,999	0,2727	0,008	261,527
CsHsp40-68	5	AT3G08910.1	3	9,4727	0,2993	0,0316	72,8669
CsHsp40-68	5	AT3G47940.1	3	19,159	0,2799	0,0146	147,379
CsHsp40-68	5	AT5G01390.1	5	7,149	0,2877	0,0402	54,9923
CsHsp40-68	5	AT4G28480.1	4	17,255	0,2825	0,0164	132,731
CsHsp40-68	5	AT5G25530.1	5	9,041	0,2901	0,0321	69,5462
CsHsp40-68	5	AT5G01390.2	5	8,1605	0,27	0,0331	62,7731
CsHsp40-68	5	AT2G20550.2	2	17,462	0,4051	0,0232	134,319
CsHsp40-68	5	AT2G20550.1	2	17,498	0,4051	0,0232	134,596
CsHsp40-69	5	AT1G68370.1	1	3,1121	0,1128	0,0362	23,9392

EK 15' in devamı;

CsHsp40-69	5	AT1G24120.1	1	8,6627	0,3431	0,0396	66,6362
CsHsp40-69	5	AT1G59980.1	1	5,3584	0,4062	0,0758	41,2185
CsHsp40-70	5	AT3G44110.1	3	3,5903	0,0941	0,0262	27,6177
CsHsp40-70	5	AT5G22060.1	5	5,5027	0,1193	0,0217	42,3285
CsHsp40-70	5	AT3G44110.2	3	4,1184	0,1071	0,026	31,68
CsHsp40-73	6	AT5G59610.1	5	60,389	0,3745	0,0062	464,532
CsHsp40-76	6	AT1G77020.1	1	5,0473	0,1643	0,0326	38,8254
CsHsp40-76	6	AT1G76700.1	1	38,457	0,3488	0,0091	295,82
CsHsp40-76	6	AT1G21080.3	1	57,912	0,3916	0,0068	445,477
CsHsp40-76	6	AT1G21080.1	1	42,43	0,3901	0,0092	326,381
CsHsp40-76	6	AT2G21510.1	2	59,05	0,3692	0,0063	454,232
CsHsp40-76	6	AT4G39150.1	4	57,15	0,3955	0,0069	439,617
CsHsp40-76	6	AT4G39150.2	4	57,154	0,3955	0,0069	439,646
CsHsp40-76	6	AT1G21080.2	1	5,3077	0,4544	0,0856	40,8285
CsHsp40-78	6	AT1G77930.2	1	4,0654	0,1876	0,0461	31,2723
CsHsp40-78	6	AT1G77930.1	1	4,0654	0,1876	0,0461	31,2723
CsHsp40-79	6	AT1G11040.1	1	51,44	0,5173	0,0101	395,695
CsHsp40-81	6	AT5G03160.1	5	2,3369	0,1535	0,0657	17,9762
CsHsp40-82	6	AT4G36520.1	4	7,4077	0,6036	0,0815	56,9823
CsHsp40-82	6	AT1G75310.1	1	6,3468	0,8761	0,138	48,8215
CsHsp40-84	6	AT1G10350.1	1	45,59	0,3665	0,008	350,689
CsHsp40-84	6	AT1G59725.1	1	12,844	0,3267	0,0254	98,8
CsHsp40-84	6	AT5G25530.1	5	4,2858	0,2984	0,0696	32,9677

EK 15' in devamı;

CsHsp40-84	6	AT3G47940.1	3	55,155	0,3548	0,0064	424,271
CsHsp40-84	6	AT2G20560.1	2	5,2251	0,1292	0,0247	40,1931
CsHsp40-84	6	AT4G28480.1	4	3,8775	0,1411	0,0364	29,8269
CsHsp40-84	6	AT3G08910.1	3	50,932	0,1777	0,0035	391,781
CsHsp40-84	6	AT2G20550.2	2	4,6566	0,2736	0,0588	35,82
CsHsp40-84	6	AT2G20550.1	2	4,6566	0,2736	0,0588	35,82
CsHsp40-84	6	AT5G01390.1	5	9,7254	0,2062	0,0212	74,8108
CsHsp40-84	6	AT4G28480.2	4	4,6235	0,1299	0,0281	35,5654
CsHsp40-86	7	AT5G23590.1	5	3,7714	0,2805	0,0744	29,0108
CsHsp40-86	7	AT5G23590.2	5	3,7714	0,2805	0,0744	29,0108
CsHsp40-88	7	AT4G35190.1	4	2,9557	0,1424	0,0482	22,7362
CsHsp40-88	7	AT2G37210.1	2	51,57	0,2052	0,004	396,695
CsHsp40-88	7	AT3G53450.1	3	13,428	0,2133	0,0159	103,295
CsHsp40-88	7	AT2G28305.1	2	8,2338	0,2121	0,0258	63,3369
CsHsp40-88	7	AT5G06300.1	5	3,6831	0,2323	0,0631	28,3315
CsHsp40-88	7	AT2G37210.2	2	39,87	0,2082	0,0052	306,691
CsHsp40-88	7	AT2G35990.1	2	7,0321	0,2674	0,038	54,0931
CsHsp40-88	7	AT5G11950.1	5	4,5836	0,3376	0,0737	35,2585
CsHsp40-88	7	AT5G11950.2	5	4,5836	0,3376	0,0737	35,2585
CsHsp40-88	7	AT5G03270.1	5	16,192	0,2823	0,0174	124,55
CsHsp40-88	7	AT2G35990.2	2	7,9876	0,2638	0,033	61,4431
CsHsp40-88	7	AT2G35990.3	2	7,9876	0,2638	0,033	61,4431
CsHsp40-89	7	AT2G05230.1	2	6,388	0,385	0,0603	49,1385

EK 15' in devamı;

CsHsp40-89	7	AT2G05250.1	2	6,3875	0,385	0,0603	49,1346
CsHsp40-94	7	AT1G65280.1	1	5,1162	0,2513	0,0491	39,3554
CsHsp40-96	7	AT3G62600.1	3	2,8877	0,1333	0,0462	22,2131
CsHsp40-97	7	AT2G47440.1	2	4,4763	0,2214	0,0495	34,4331
CsHsp40-97	7	AT4G02100.1	4	4,3377	0,2588	0,0597	33,3669
CsHsp40-97	7	AT3G62570.1	3	4,2802	0,2839	0,0663	32,9246
CsHsp40-99	7	AT5G48030.1	5	5,1093	0,3078	0,0602	39,3023
Ortalama				14,67	0,323	0,055	112,85

EK 16

Salatalık - Çeltik							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp40-01	1	LOC_Os04g31940.1	4	7,4087	0,5377	0,07258	56,99
CsHsp40-01	1	LOC_Os01g69930.1	1	6,156	0,6168	0,10019	47,35
CsHsp40-02	1	LOC_Os07g43870.1	7	2,4263	0,4772	0,19668	18,66
CsHsp40-02	1	LOC_Os07g43870.3	7	2,4263	0,4772	0,19668	18,66
CsHsp40-02	1	LOC_Os07g43870.2	7	2,4263	0,4772	0,19668	18,66
CsHsp40-03	1	LOC_Os10g33910.1	10	2,7898	0,2502	0,08968	21,46
CsHsp40-04	1	LOC_Os12g31840.1	12	53,705	0,4963	0,00924	413,11
CsHsp40-08	1	LOC_Os02g20394.1	2	54,23	0,336	0,0062	417,15
CsHsp40-08	1	LOC_Os08g06460.1	8	56,796	0,3576	0,0063	436,89
CsHsp40-08	1	LOC_Os05g03630.1	5	14,666	0,3794	0,02587	112,82
CsHsp40-08	1	LOC_Os05g48810.1	5	60,329	0,3067	0,00508	464,07
CsHsp40-08	1	LOC_Os08g06460.2	8	57,134	0,3953	0,00692	439,5
CsHsp40-08	1	LOC_Os08g28700.1	8	58,238	0,3908	0,00671	447,99
CsHsp40-09	1	LOC_Os12g15590.1	12	2,353	0,1933	0,08215	18,1
CsHsp40-09	1	LOC_Os12g15590.2	12	2,353	0,1933	0,08215	18,1
CsHsp40-10	1	LOC_Os10g33910.1	10	2,4199	0,1861	0,0769	18,61
CsHsp40-11	1	LOC_Os01g37560.1	1	56,154	0,333	0,00593	431,96
CsHsp40-11	1	LOC_Os01g37560.2	1	56,16	0,3332	0,00593	432
CsHsp40-11	1	LOC_Os01g37560.3	1	55,537	0,3331	0,006	427,2
CsHsp40-12	1	LOC_Os10g42439.1	10	2,8921	0,1726	0,05968	22,25

EK 16' nın devamı;

CsHsp40-15	1	LOC_Os03g15480.1	3	5,3383	0,1186	0,02222	41,06
CsHsp40-16	1	LOC_Os03g15480.1	3	3,855	0,1283	0,03328	29,65
CsHsp40-17	1	LOC_Os03g44620.2	3	4,1889	0,0789	0,01884	32,22
CsHsp40-17	1	LOC_Os03g57340.1	3	31,882	0,0741	0,00232	245,25
CsHsp40-17	1	LOC_Os02g43930.2	2	40,321	0,1815	0,0045	310,16
CsHsp40-17	1	LOC_Os02g43930.3	2	38,597	0,1816	0,00471	296,9
CsHsp40-17	1	LOC_Os02g43930.1	2	36,778	0,1859	0,00505	282,91
CsHsp40-17	1	LOC_Os04g46390.1	4	8,5568	0,1962	0,02293	65,82
CsHsp40-17	1	LOC_Os04g46390.2	4	8,5426	0,1962	0,02297	65,71
CsHsp40-17	1	LOC_Os04g46390.3	4	6,6376	0,2979	0,04488	51,06
CsHsp40-17	1	LOC_Os12g42440.1	12	58,053	0,4972	0,00856	446,56
CsHsp40-18	2	LOC_Os05g33010.2	5	5,4335	0,2613	0,04809	41,8
CsHsp40-20	2	LOC_Os01g53020.1	1	6,8223	0,2531	0,0371	52,48
CsHsp40-20	2	LOC_Os05g45350.2	5	48,718	0,3002	0,00616	374,75
CsHsp40-20	2	LOC_Os05g45350.1	5	48,425	0,2963	0,00612	372,5
CsHsp40-20	2	LOC_Os05g45350.3	5	49,01	0,3304	0,00674	377
CsHsp40-21	2	LOC_Os05g46620.1	5	3,5629	0,2501	0,0702	27,41
CsHsp40-21	2	LOC_Os01g50700.1	1	4,8571	0,2662	0,05481	37,36
CsHsp40-21	2	LOC_Os09g32050.1	9	5,8682	0,3672	0,06257	45,14
CsHsp40-21	2	LOC_Os08g41110.1	8	10,691	0,384	0,03592	82,24
CsHsp40-21	2	LOC_Os02g35000.1	2	26,589	0,4312	0,01622	204,53
CsHsp40-21	2	LOC_Os09g32050.2	9	10,99	0,4459	0,04057	84,54
CsHsp40-24	2	LOC_Os03g51830.1	3	5,868	0,3837	0,06539	45,14

EK 16' nın devamı;

CsHsp40-24	2	LOC_Os07g03270.1	7	3,2216	0,4807	0,14921	24,78
CsHsp40-28	2	LOC_Os02g52270.1	2	12,765	0,306	0,02397	98,19
CsHsp40-29	2	LOC_Os05g48810.1	5	23,118	0,1605	0,00694	177,83
CsHsp40-29	2	LOC_Os02g20394.1	2	7,2023	0,2217	0,03078	55,4
CsHsp40-29	2	LOC_Os01g13760.1	1	12,991	0,2857	0,02199	99,93
CsHsp40-29	2	LOC_Os08g06460.1	8	55,498	0,334	0,00602	426,91
CsHsp40-29	2	LOC_Os05g03630.1	5	53,415	0,2965	0,00555	410,88
CsHsp40-30	3	LOC_Os06g02170.1	6	51,972	0,5973	0,01149	399,78
CsHsp40-31	3	LOC_Os10g36370.1	10	2,7804	0,2301	0,08276	21,39
CsHsp40-34	3	LOC_Os04g24180.1	4	6,5376	0,1667	0,0255	50,29
CsHsp40-34	3	LOC_Os04g24180.2	4	6,5365	0,1667	0,0255	50,28
CsHsp40-35	3	LOC_Os04g30890.1	4	5,6959	0,41	0,07198	43,81
CsHsp40-38	3	LOC_Os03g18200.2	3	6,2167	0,4161	0,06693	47,82
CsHsp40-38	3	LOC_Os03g18200.1	3	5,63	0,4093	0,0727	43,31
CsHsp40-39	3	LOC_Os05g48810.1	5	54,514	0,3335	0,00612	419,34
CsHsp40-39	3	LOC_Os02g20394.1	2	50,839	0,3615	0,00711	391,07
CsHsp40-39	3	LOC_Os01g13760.1	1	4,1162	0,417	0,10131	31,66
CsHsp40-39	3	LOC_Os05g03630.1	5	6,8555	0,3908	0,05701	52,73
CsHsp40-40	3	LOC_Os12g27070.1	12	6,1714	0,3955	0,06409	47,47
CsHsp40-42	3	LOC_Os02g10220.1	2	51,723	0,1967	0,0038	397,87
CsHsp40-43	3	LOC_Os02g10220.1	2	11,915	0,1492	0,01252	91,66
CsHsp40-45	3	LOC_Os01g44310.2	1	9,7284	0,8845	0,09092	74,83
CsHsp40-45	3	LOC_Os01g44310.1	1	10,353	0,8733	0,08435	79,64

EK 16' nın devamı;

CsHsp40-45	3	LOC_Os05g50370.1	5	5,6554	0,7916	0,13997	43,5
CsHsp40-45	3	LOC_Os01g25320.1	1	13,806	0,8415	0,06095	106,2
CsHsp40-45	3	LOC_Os12g36180.1	12	13,566	0,9229	0,06803	104,36
CsHsp40-45	3	LOC_Os11g43950.1	11	54,973	0,8547	0,01555	422,87
CsHsp40-46	3	LOC_Os08g06460.1	8	4,2353	0,216	0,051	32,58
CsHsp40-46	3	LOC_Os02g20394.1	2	42,744	0,3099	0,00725	328,8
CsHsp40-46	3	LOC_Os08g28700.1	8	53,516	0,2992	0,00559	411,66
CsHsp40-46	3	LOC_Os01g13760.1	1	50,068	0,3785	0,00756	385,14
CsHsp40-46	3	LOC_Os05g03630.1	5	11,414	0,3903	0,0342	87,8
CsHsp40-46	3	LOC_Os08g06460.2	8	5,245	0,2268	0,04324	40,35
CsHsp40-46	3	LOC_Os05g48810.1	5	42,987	0,2635	0,00613	330,67
CsHsp40-47	3	LOC_Os08g06460.1	8	4,6216	0,2578	0,05578	35,55
CsHsp40-47	3	LOC_Os08g06460.2	8	5,2447	0,2268	0,04324	40,34
CsHsp40-47	3	LOC_Os02g20394.1	2	53,006	0,3775	0,00712	407,74
CsHsp40-47	3	LOC_Os05g48810.1	5	54,606	0,3301	0,00605	420,05
CsHsp40-47	3	LOC_Os08g28700.1	8	32,056	0,343	0,0107	246,58
CsHsp40-47	3	LOC_Os05g03630.1	5	6,5256	0,433	0,06635	50,2
CsHsp40-48	3	LOC_Os02g52270.1	2	3,4881	0,2566	0,07356	26,83
CsHsp40-51	4	LOC_Os02g56040.1	2	9,0433	0,2302	0,02546	69,56
CsHsp40-51	4	LOC_Os05g26926.1	5	53,156	0,4536	0,00853	408,89
CsHsp40-51	4	LOC_Os05g26902.1	5	53,158	0,4535	0,00853	408,9
CsHsp40-52	4	LOC_Os04g31940.1	4	5,4745	0,5219	0,09533	42,11
CsHsp40-52	4	LOC_Os02g30620.1	2	6,9892	0,5487	0,07851	53,76

EK 16' nın devamı;

CsHsp40-52	4	LOC_Os02g30620.2	2	6,9896	0,5487	0,0785	53,77
CsHsp40-52	4	LOC_Os02g30620.3	2	6,9893	0,5487	0,07851	53,76
CsHsp40-52	4	LOC_Os03g28310.1	3	5,7758	0,4849	0,08395	44,43
CsHsp40-53	4	LOC_Os12g41820.1	12	3,6213	0,3165	0,0874	27,86
CsHsp40-53	4	LOC_Os03g61730.1	3	52,365	0,605	0,01155	402,81
CsHsp40-54	4	LOC_Os05g26926.1	5	4,776	0,1739	0,03641	36,74
CsHsp40-54	4	LOC_Os05g26902.1	5	4,776	0,1739	0,03641	36,74
CsHsp40-54	4	LOC_Os02g56040.1	2	50,02	0,4423	0,00884	384,77
CsHsp40-55	4	LOC_Os05g26926.1	5	5,4652	0,1763	0,03226	42,04
CsHsp40-55	4	LOC_Os05g26902.1	5	5,4597	0,1763	0,03229	42
CsHsp40-55	4	LOC_Os02g56040.1	2	50,208	0,431	0,00858	386,22
CsHsp40-57	4	LOC_Os05g31062.1	5	8,6253	0,4679	0,05425	66,35
CsHsp40-60	4	LOC_Os08g41110.1	8	2,2009	0,1824	0,08288	16,93
CsHsp40-60	4	LOC_Os09g32050.1	9	14,592	0,1771	0,01214	112,25
CsHsp40-60	4	LOC_Os09g32050.2	9	13,113	0,2181	0,01663	100,87
CsHsp40-60	4	LOC_Os02g35000.1	2	49,188	0,3589	0,0073	378,37
CsHsp40-60	4	LOC_Os05g46620.1	5	32,578	0,3535	0,01085	250,6
CsHsp40-60	4	LOC_Os01g50700.1	1	52,434	0,4335	0,00827	403,34
CsHsp40-62	4	LOC_Os04g57880.1	4	17,783	0,4846	0,02725	136,79
CsHsp40-63	4	LOC_Os02g50760.2	2	7,7598	0,2134	0,0275	59,69
CsHsp40-63	4	LOC_Os02g50760.1	2	7,7662	0,2134	0,02748	59,74
CsHsp40-63	4	LOC_Os06g13060.1	6	7,6243	0,2158	0,0283	58,65
CsHsp40-63	4	LOC_Os01g32870.1	1	11,832	0,3142	0,02656	91,01

EK 16' nın devamı;

CsHsp40-63	4	LOC_Os01g32870.2	1	11,835	0,3142	0,02655	91,03
CsHsp40-63	4	LOC_Os02g50760.3	2	23,933	0,2199	0,00919	184,1
CsHsp40-66	5	LOC_Os01g32870.1	1	3,0643	0,0982	0,03205	23,57
CsHsp40-66	5	LOC_Os01g32870.2	1	3,0644	0,0982	0,03205	23,57
CsHsp40-66	5	LOC_Os06g13060.1	6	54,547	0,2817	0,00516	419,59
CsHsp40-66	5	LOC_Os02g50760.2	2	54,746	0,2917	0,00533	421,13
CsHsp40-66	5	LOC_Os02g50760.1	2	54,749	0,2914	0,00532	421,15
CsHsp40-66	5	LOC_Os02g50760.3	2	53,905	0,3097	0,00575	414,65
CsHsp40-68	5	LOC_Os05g48810.1	5	18,08	0,2536	0,01403	139,08
CsHsp40-68	5	LOC_Os08g06460.1	8	21,847	0,313	0,01433	168,05
CsHsp40-68	5	LOC_Os02g20394.1	2	10,549	0,2953	0,02799	81,15
CsHsp40-68	5	LOC_Os01g13760.1	1	10,762	0,3751	0,03485	82,79
CsHsp40-68	5	LOC_Os05g03630.1	5	22,08	0,3566	0,01615	169,85
CsHsp40-68	5	LOC_Os08g06460.2	8	14,147	0,3761	0,02659	108,82
CsHsp40-69	5	LOC_Os01g32870.1	1	9,1118	0,14	0,01536	70,09
CsHsp40-69	5	LOC_Os01g32870.2	1	9,1118	0,14	0,01536	70,09
CsHsp40-69	5	LOC_Os02g50760.2	2	42,793	0,3399	0,00794	329,18
CsHsp40-69	5	LOC_Os02g50760.1	2	42,793	0,3399	0,00794	329,18
CsHsp40-69	5	LOC_Os06g13060.1	6	54,783	0,3352	0,00612	421,41
CsHsp40-69	5	LOC_Os02g50760.3	2	53,419	0,2996	0,00561	410,91
CsHsp40-70	5	LOC_Os03g44620.2	3	2,1762	0,0635	0,02918	16,74
CsHsp40-70	5	LOC_Os03g57340.1	3	35,442	0,0753	0,00212	272,63
CsHsp40-70	5	LOC_Os02g43930.2	2	33,936	0,167	0,00492	261,05

EK 16' nın devamı;

CsHsp40-70	5	LOC_Os02g43930.3	2	34,177	0,1671	0,00489	262,9
CsHsp40-70	5	LOC_Os02g43930.1	2	22,748	0,1693	0,00744	174,98
CsHsp40-70	5	LOC_Os04g46390.1	4	8,6833	0,1865	0,02148	66,79
CsHsp40-70	5	LOC_Os04g46390.2	4	8,701	0,1865	0,02143	66,93
CsHsp40-75	6	LOC_Os03g61730.1	3	3,7514	0,4332	0,11548	28,86
CsHsp40-76	6	LOC_Os02g35000.1	2	7,512	0,235	0,03128	57,78
CsHsp40-76	6	LOC_Os08g41110.1	8	37,991	0,4125	0,01086	292,24
CsHsp40-76	6	LOC_Os09g32050.1	9	9,697	0,3848	0,03968	74,59
CsHsp40-76	6	LOC_Os01g50700.1	1	56,266	0,4414	0,00784	432,82
CsHsp40-76	6	LOC_Os05g46620.1	5	55,93	0,3701	0,00662	430,23
CsHsp40-76	6	LOC_Os09g32050.2	9	8,1731	0,4461	0,05458	62,87
CsHsp40-78	6	LOC_Os07g43330.1	7	5,4877	0,2497	0,0455	42,21
CsHsp40-81	6	LOC_Os01g74580.1	1	4,1757	0,2089	0,05003	32,12
CsHsp40-81	6	LOC_Os01g74580.2	1	3,8964	0,1938	0,04974	29,97
CsHsp40-81	6	LOC_Os02g10180.1	1	4,0278	0,2208	0,05482	30,98
CsHsp40-81	6	LOC_Os02g10180.2	1	4,0278	0,2208	0,05482	30,98
CsHsp40-82	6	LOC_Os05g50370.1	5	7,4082	0,827	0,11163	56,99
CsHsp40-82	6	LOC_Os01g44310.1	1	5,3022	0,8278	0,15612	40,79
CsHsp40-82	6	LOC_Os01g44310.2	1	2,1791	0,8325	0,38204	16,76
CsHsp40-82	6	LOC_Os01g25320.1	1	6,8315	0,7569	0,1108	52,55
CsHsp40-84	6	LOC_Os02g20394.1	2	23,512	0,1636	0,00696	180,86
CsHsp40-84	6	LOC_Os01g13760.1	1	39,774	0,2158	0,00543	305,96
CsHsp40-84	6	LOC_Os05g48810.1	5	33,739	0,1262	0,00374	259,53

EK 16' nın devamı;

CsHsp40-84	6	LOC_Os05g03630.1	5	53,852	0,284	0,00527	414,25
CsHsp40-88	7	LOC_Os10g33900.1	10	18,624	0,1701	0,00913	143,26
CsHsp40-88	7	LOC_Os03g01880.1	3	13,988	0,2054	0,01468	107,6
CsHsp40-88	7	LOC_Os02g41770.1	2	8,8854	0,2398	0,02699	68,35
CsHsp40-88	7	LOC_Os04g43840.1	4	46,099	0,2476	0,00537	354,6
CsHsp40-88	7	LOC_Os01g40630.1	1	5,8369	0,3027	0,05186	44,9
CsHsp40-88	7	LOC_Os05g51390.1	5	49,837	0,2878	0,00577	383,36
CsHsp40-88	7	LOC_Os09g37540.1	9	47,8	0,2093	0,00438	367,69
CsHsp40-88	7	LOC_Os01g51210.1	1	46,723	0,3433	0,00735	359,41
CsHsp40-88	7	LOC_Os03g64070.1	3	25,988	0,2922	0,01124	199,91
CsHsp40-88	7	LOC_Os05g46360.1	5	40,204	0,3706	0,00922	309,26
CsHsp40-88	7	LOC_Os05g46360.2	5	31,798	0,3537	0,01112	244,6
CsHsp40-94	7	LOC_Os01g33800.2	1	4,4813	0,2977	0,06643	34,47
CsHsp40-94	7	LOC_Os01g33800.1	1	4,4813	0,2977	0,06643	34,47
CsHsp40-94	7	LOC_Os01g33840.1	1	7,6591	0,6526	0,08521	58,92
CsHsp40-96	7	LOC_Os05g06440.1	5	4,8887	0,1374	0,02811	37,61
CsHsp40-97	7	LOC_Os03g19200.1	3	45,865	0,3693	0,00805	352,81
CsHsp40-97	7	LOC_Os07g49000.1	7	45,492	0,4342	0,00954	349,93
CsHsp40-98	7	LOC_Os06g02620.1	6	48,318	0,3359	0,00695	371,68
CsHsp40-98	7	LOC_Os12g07060.1	12	10,425	0,3509	0,03366	80,19
CsHsp40-99	7	LOC_Os06g02620.1	6	49,299	0,4303	0,00873	379,22
CsHsp40-99	7	LOC_Os12g07060.1	12	55,418	0,394	0,00711	426,29
Ortalama				23,3	0,336	0,038	179,24

EK 17

Salatalık -Kavak							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp40-01	1	Potri.001G057200.2	1	2,8949	0,4515	0,15596	22,27
CsHsp40-01	1	Potri.001G057200.1	1	2,8949	0,4515	0,15596	22,27
CsHsp40-01	1	Potri.003G171200.2	3	2,5708	0,1768	0,06877	19,78
CsHsp40-01	1	Potri.003G171200.1	3	2,5708	0,1768	0,06877	19,78
CsHsp40-01	1	Potri.012G098800.2	12	2,0736	0,3942	0,1901	15,95
CsHsp40-01	1	Potri.012G098800.1	12	1,8519	0,4029	0,21756	14,25
CsHsp40-01	1	Potri.015G097500.1	15	2,4596	0,4247	0,17267	18,92
CsHsp40-01	1	Potri.015G097500.2	15	2,4596	0,4247	0,17267	18,92
CsHsp40-01	1	Potri.015G097500.2	15	2,4596	0,4247	0,17267	18,92
CsHsp40-01	1	Potri.001G057200.3	1	2,5544	0,4101	0,16055	19,65
CsHsp40-01	1	Potri.003G171200.3	3	2,7187	0,4239	0,15592	20,91
CsHsp40-01	1	Potri.012G001100.2	12	7,114	0,4838	0,06801	54,72
CsHsp40-01	1	Potri.015G020200.1	15	5,5166	0,4357	0,07898	42,44
CsHsp40-02	1	Potri.017G112200.2	17	1,2366	0,2883	0,23314	9,51
CsHsp40-02	1	Potri.017G112200.1	17	1,2503	0,2996	0,23962	9,62
CsHsp40-02	1	Potri.017G112200.3	17	1,2119	0,3039	0,25076	9,32
CsHsp40-03	1	Potri.014G151200.2	14	1,4771	0,1651	0,11177	11,36
CsHsp40-03	1	Potri.014G151200.1	14	1,7909	0,1965	0,10972	13,78
CsHsp40-03	1	Potri.012G108600.1	12	1,6536	0,2555	0,15451	12,72
CsHsp40-03	1	Potri.015G106600.1	15	1,2914	0,2597	0,2011	9,93
CsHsp40-04	1	Potri.009G018400.3	9	3,7086	0,3048	0,08219	28,53

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-04	1	Potri.009G018400.1	9	3,7086	0,3048	0,08219	28,53
CsHsp40-04	1	Potri.009G018400.2	9	3,9751	0,321	0,08075	30,58
CsHsp40-04	1	Potri.009G018400.4	9	3,975	0,321	0,08075	30,58
CsHsp40-05	1	Potri.015G035300.2	15	2,4769	0,4347	0,1755	19,05
CsHsp40-05	1	Potri.015G035300.1	15	2,8838	0,5292	0,18351	22,18
CsHsp40-06	1	Potri.015G035300.2	15	3,7338	0,3442	0,09218	28,72
CsHsp40-06	1	Potri.015G035300.1	15	3,7338	0,3442	0,09218	28,72
CsHsp40-07	1	Potri.013G109000.1	13	2,7925	0,2707	0,09694	21,48
CsHsp40-08	1	Potri.015G066100.1	15	1,7146	0,2052	0,11968	13,19
CsHsp40-08	1	Potri.010G035000.1	10	3,8777	0,2251	0,05805	29,83
CsHsp40-08	1	Potri.008G194000.1	8	2,688	0,2352	0,0875	20,68
CsHsp40-08	1	Potri.018G034600.1	18	10,315	0,3174	0,03077	79,35
CsHsp40-08	1	Potri.017G016100.1	17	7,4476	0,3551	0,04768	57,29
CsHsp40-08	1	Potri.007G136700.1	7	11,061	0,3381	0,03057	85,08
CsHsp40-08	1	Potri.007G135700.1	7	4,3586	0,3716	0,08526	33,53
CsHsp40-08	1	Potri.017G016000.1	17	5,5116	0,3253	0,05902	42,4
CsHsp40-08	1	Potri.006G246700.1	6	6,5107	0,3525	0,05414	50,08
CsHsp40-08	1	Potri.007G136700.2	7	11,132	0,3379	0,03035	85,63
CsHsp40-08	1	Potri.007G135800.1	7	8,9881	0,4509	0,05017	69,14
CsHsp40-08	1	Potri.007G136400.1	7	7,3547	0,5383	0,07319	56,57
CsHsp40-08	1	Potri.007G136400.2	7	6,6849	0,4997	0,07475	51,42
CsHsp40-08	1	Potri.007G136600.1	7	8,8361	0,5249	0,0594	67,97
CsHsp40-08	1	Potri.007G136200.1	7	11,375	0,5319	0,04676	87,5

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-08	1	Potri.007G135900.2	7	8,9133	0,4018	0,04508	68,56
CsHsp40-08	1	Potri.007G135900.1	7	8,9128	0,4018	0,04508	68,56
CsHsp40-08	1	Potri.007G136000.1	7	7,5534	0,4797	0,06351	58,1
CsHsp40-09	1	Potri.004G022600.1	4	1,1824	0,1252	0,10589	9,1
CsHsp40-10	1	Potri.014G151200.2	14	1,2251	0,1147	0,09363	9,42
CsHsp40-10	1	Potri.014G151200.1	14	1,4745	0,1342	0,09101	11,34
CsHsp40-10	1	Potri.012G108600.1	12	2,0416	0,1823	0,08929	15,7
CsHsp40-10	1	Potri.015G106600.1	15	1,3302	0,1871	0,14066	10,23
CsHsp40-11	1	Potri.006G153700.2	6	5,0581	0,2421	0,04786	38,91
CsHsp40-11	1	Potri.006G153700.1	6	5,0575	0,2421	0,04787	38,9
CsHsp40-12	1	Potri.018G072600.2	18	1,2778	0,1041	0,08147	9,83
CsHsp40-12	1	Potri.018G072600.3	18	1,2778	0,1041	0,08147	9,83
CsHsp40-12	1	Potri.018G072600.1	18	1,2797	0,1041	0,08135	9,84
CsHsp40-15	1	Potri.001G215800.3	1	0,9265	0,0734	0,07922	7,13
CsHsp40-15	1	Potri.001G215800.1	1	0,9605	0,0751	0,07819	7,39
CsHsp40-15	1	Potri.009G016700.1	9	0,9611	0,0702	0,07304	7,39
CsHsp40-15	1	Potri.001G215800.2	1	0,9378	0,0737	0,07859	7,21
CsHsp40-15	1	Potri.001G215800.4	1	0,9749	0,0757	0,07765	7,5
CsHsp40-16	1	Potri.001G215800.3	1	0,9219	0,0805	0,08732	7,09
CsHsp40-16	1	Potri.001G215800.1	1	0,9583	0,0824	0,08599	7,37
CsHsp40-16	1	Potri.009G016700.1	9	0,9343	0,077	0,08241	7,19
CsHsp40-16	1	Potri.001G215800.2	1	0,9342	0,0808	0,08649	7,19
CsHsp40-16	1	Potri.001G215800.4	1	0,9546	0,0828	0,08674	7,34

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-17	1	Potri.009G015700.1	9	2,7855	0,0494	0,01773	21,43
CsHsp40-17	1	Potri.008G018800.1	8	2,4336	0,0618	0,02539	18,72
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.6	10	2,361	0,0611	0,02588	18,16
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.8	10	2,361	0,0611	0,02588	18,16
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.3	10	2,361	0,0611	0,02588	18,16
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.2	10	2,361	0,0611	0,02588	18,16
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.5	10	2,3609	0,0611	0,02588	18,16
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.4	10	2,3609	0,0611	0,02588	18,16
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.1	10	2,3946	0,061	0,02547	18,42
CsHsp40-17	1	Potri.002G141100.2	2	10,214	0,1648	0,01613	78,57
CsHsp40-17	1	Potri.002G141100.1	2	11,309	0,1677	0,01483	86,99
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.9	10	2,7348	0,0816	0,02984	21,04
CsHsp40-17	1	Potri.002G141100.5	2	19,607	0,2003	0,01022	150,82
CsHsp40-17	1	Potri.002G141100.4	2	8,3019	0,1937	0,02333	63,86
CsHsp40-17	1	Potri.002G141100.3	2	8,2863	0,1937	0,02338	63,74
CsHsp40-17	1	Potri.001G215100.1	1	2,5202	0,1782	0,07071	19,39
CsHsp40-17	1	Potri.010G243100.7	10	2,2933	0,0502	0,02189	17,64
CsHsp40-17	1	Potri.014G055300.1	14	6,341	0,2275	0,03588	48,78
CsHsp40-18	2	Potri.013G021000.1	13	1,2283	0,1966	0,16006	9,45
CsHsp40-19	2	Potri.005G020300.1	5	1,6621	0,1862	0,11203	12,79
CsHsp40-19	2	Potri.013G010800.2	13	2,1145	0,1678	0,07936	16,27
CsHsp40-19	2	Potri.013G010800.1	13	2,1098	0,1716	0,08133	16,23
CsHsp40-20	2	Potri.014G143400.1	14	1,7651	0,1708	0,09677	13,58

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-20	2	Potri.014G143400.2	14	1,8351	0,2246	0,12239	14,12
CsHsp40-20	2	Potri.014G143400.3	14	2,1283	0,2267	0,10652	16,37
CsHsp40-20	2	Potri.014G143400.4	14	2,1399	0,193	0,09019	16,46
CsHsp40-21	2	Potri.009G119800.1	9	1,2311	0,1771	0,14386	9,47
CsHsp40-21	2	Potri.004G158300.4	4	1,3644	0,1985	0,14549	10,5
CsHsp40-21	2	Potri.004G158300.1	4	1,3644	0,1985	0,14549	10,5
CsHsp40-21	2	Potri.004G158300.3	4	1,3644	0,1985	0,14549	10,5
CsHsp40-21	2	Potri.004G158300.2	4	1,3644	0,1985	0,14549	10,5
CsHsp40-21	2	Potri.009G119800.2	9	1,1288	0,1927	0,17071	8,68
CsHsp40-21	2	Potri.005G260400.4	5	4,6991	0,3462	0,07367	36,15
CsHsp40-21	2	Potri.005G260400.3	5	4,6991	0,3462	0,07367	36,15
CsHsp40-21	2	Potri.005G260400.1	5	4,6991	0,3462	0,07367	36,15
CsHsp40-21	2	Potri.002G000300.2	2	5,5891	0,3373	0,06035	42,99
CsHsp40-21	2	Potri.002G000300.1	2	5,5898	0,3373	0,06034	43
CsHsp40-21	2	Potri.005G260400.2	5	6,422	0,3183	0,04956	49,4
CsHsp40-21	2	Potri.004G158300.5	4	1,3377	0,2291	0,17126	10,29
CsHsp40-21	2	Potri.002G000300.4	2	8,0048	0,3096	0,03868	61,58
CsHsp40-21	2	Potri.002G000300.3	2	4,6689	0,3479	0,07451	35,91
CsHsp40-21	2	Potri.005G185800.1	5	26,906	0,3875	0,0144	206,97
CsHsp40-21	2	Potri.002G074600.2	2	24,685	0,3864	0,01565	189,89
CsHsp40-21	2	Potri.002G074600.1	2	12,797	0,3887	0,03037	98,44
CsHsp40-21	2	Potri.002G000300.5	2	3,5351	0,4137	0,11703	27,19
CsHsp40-21	2	Potri.005G260400.5	5	2,7406	0,4214	0,15376	21,08

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-23	2	Potri.019G010000.2	19	1,3375	0,3861	0,28867	10,29
CsHsp40-24	2	Potri.002G114600.1	2	1,0191	0,2106	0,20665	7,84
CsHsp40-24	2	Potri.002G114600.2	2	1,0609	0,1983	0,18692	8,16
CsHsp40-24	2	Potri.005G146600.2	5	1,2855	0,1662	0,12929	9,89
CsHsp40-24	2	Potri.005G146600.4	5	1,2855	0,1662	0,12929	9,89
CsHsp40-24	2	Potri.005G146600.3	5	1,2855	0,1662	0,12929	9,89
CsHsp40-24	2	Potri.002G114600.3	2	1,1604	0,2741	0,23621	8,93
CsHsp40-24	2	Potri.005G146600.1	5	1,5964	0,3112	0,19494	12,28
CsHsp40-25	2	Potri.014G032000.2	14	4,5709	0,2843	0,0622	35,16
CsHsp40-25	2	Potri.014G032000.1	14	4,5709	0,2843	0,0622	35,16
CsHsp40-26	2	Potri.005G160200.1	5	1,7799	0,2562	0,14394	13,69
CsHsp40-27	2	Potri.005G160200.1	5	1,924	0,2424	0,12599	14,8
CsHsp40-28	2	Potri.002G103900.1	2	2,9361	0,2118	0,07214	22,59
CsHsp40-28	2	Potri.002G103900.2	2	2,1309	0,2313	0,10855	16,39
CsHsp40-29	2	Potri.007G136700.1	7	2,697	0,1359	0,05039	20,75
CsHsp40-29	2	Potri.017G016100.1	17	2,1609	0,1535	0,07104	16,62
CsHsp40-29	2	Potri.017G016000.1	17	2,5813	0,1397	0,05412	19,86
CsHsp40-29	2	Potri.007G135700.1	7	2,0979	0,1514	0,07217	16,14
CsHsp40-29	2	Potri.018G034600.1	18	8,1688	0,2819	0,03451	62,84
CsHsp40-29	2	Potri.010G035000.1	10	9,6654	0,27	0,02793	74,35
CsHsp40-29	2	Potri.008G194000.1	8	13,461	0,2684	0,01994	103,55
CsHsp40-29	2	Potri.006G246700.1	6	45,195	0,3199	0,00708	347,65
CsHsp40-29	2	Potri.015G066100.1	15	55,704	0,3605	0,00647	428,49

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-29	2	Potri.007G136400.1	7	2,4062	0,3172	0,13183	18,51
CsHsp40-29	2	Potri.007G136600.1	7	2,8457	0,3388	0,11906	21,89
CsHsp40-29	2	Potri.007G136400.2	7	2,5774	0,3619	0,14041	19,83
CsHsp40-29	2	Potri.007G136200.1	7	2,7866	0,3382	0,12137	21,44
CsHsp40-29	2	Potri.007G135800.1	7	2,1878	0,3116	0,14243	16,83
CsHsp40-29	2	Potri.007G135900.2	7	2,0292	0,2854	0,14065	15,61
CsHsp40-29	2	Potri.007G135900.1	7	2,0292	0,2854	0,14065	15,61
CsHsp40-29	2	Potri.007G136000.1	7	2,4431	0,3346	0,13696	18,79
CsHsp40-29	2	Potri.011G057600.1	11	5,2846	0,2796	0,05291	40,65
CsHsp40-29	2	Potri.007G136700.2	7	2,6084	0,108	0,0414	20,06
CsHsp40-29	2	Potri.T099100.1	scaffold_139:108343..109769	2,2063	0,3454	0,15655	16,97
CsHsp40-29	2	Potri.007G136100.1	7	3,0359	0,1828	0,06021	23,35
CsHsp40-29	2	Potri.T099000.1	scaffold_139:104122..104820	3,077	0,183	0,05947	23,67
CsHsp40-29	2	Potri.007G136300.1	7	3,0359	0,1828	0,06021	23,35
CsHsp40-30	3	Potri.003G097800.1	3	4,3443	0,4225	0,09725	33,42
CsHsp40-31	3	Potri.003G076600.1	3	1,3846	0,1403	0,10133	10,65
CsHsp40-31	3	Potri.001G158200.1	1	1,3419	0,1443	0,10753	10,32
CsHsp40-31	3	Potri.003G076600.2	3	1,3485	0,1385	0,10271	10,37
CsHsp40-31	3	Potri.003G076600.3	3	1,344	0,1748	0,13006	10,34
CsHsp40-31	3	Potri.003G076600.4	3	1,5691	0,1922	0,12249	12,07
CsHsp40-32	3	Potri.017G058400.1	17	2,5714	0,3431	0,13343	19,78
CsHsp40-32	3	Potri.001G319100.1	1	6,4587	0,3239	0,05015	49,68
CsHsp40-32	3	Potri.017G058400.2	17	3,5339	0,3652	0,10334	27,18

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-34	3	Potri.004G072200.1	4	1,3847	0,1029	0,07431	10,65
CsHsp40-34	3	Potri.017G148800.1	17	1,5175	0,1067	0,07031	11,67
CsHsp40-34	3	Potri.004G072200.2	4	1,4098	0,1027	0,07285	10,84
CsHsp40-35	3	Potri.003G190000.1	3	1,8936	0,1472	0,07774	14,57
CsHsp40-35	3	Potri.001G035800.1	1	1,767	0,1574	0,08908	13,59
CsHsp40-38	3	Potri.016G120000.1	16	1,574	0,2393	0,15203	12,11
CsHsp40-39	3	Potri.017G016100.1	17	11,182	0,3296	0,02948	86,02
CsHsp40-39	3	Potri.007G135700.1	7	7,8639	0,3212	0,04084	60,49
CsHsp40-39	3	Potri.007G136700.1	7	9,1213	0,3062	0,03357	70,16
CsHsp40-39	3	Potri.017G016000.1	17	11,784	0,3359	0,02851	90,65
CsHsp40-39	3	Potri.018G034600.1	18	3,756	0,436	0,11608	28,89
CsHsp40-39	3	Potri.007G136700.2	7	13,971	0,2941	0,02105	107,47
CsHsp40-39	3	Potri.011G057600.1	11	61,971	0,4908	0,00792	476,7
CsHsp40-40	3	Potri.006G200900.2	6	1,9635	0,3596	0,18314	15,1
CsHsp40-40	3	Potri.006G200900.1	6	1,9635	0,3596	0,18314	15,1
CsHsp40-40	3	Potri.006G200900.3	6	1,9635	0,3596	0,18314	15,1
CsHsp40-41	3	Potri.016G045400.2	16	1,1906	0,3353	0,28162	9,16
CsHsp40-41	3	Potri.016G045400.3	16	1,1746	0,3208	0,27311	9,04
CsHsp40-42	3	Potri.006G056400.2	6	1,721	0,1715	0,09965	13,24
CsHsp40-42	3	Potri.006G056400.1	6	1,7902	0,177	0,09887	13,77
CsHsp40-42	3	Potri.016G051800.1	16	2,0165	0,1689	0,08376	15,51
CsHsp40-43	3	Potri.016G051800.1	16	1,8871	0,1282	0,06793	14,52
CsHsp40-43	3	Potri.006G056400.2	6	1,4795	0,1296	0,0876	11,38

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-43	3	Potri.006G056400.1	6	1,5263	0,136	0,0891	11,74
CsHsp40-44	3	Potri.013G058100.1	13	1,5119	0,3396	0,22462	11,63
CsHsp40-44	3	Potri.019G035100.1	19	1,5704	0,383	0,24389	12,08
CsHsp40-45	3	Potri.005G229300.1	5	4,4112	0,7298	0,16544	33,93
CsHsp40-45	3	Potri.002G033800.1	2	4,4561	0,7402	0,16611	34,28
CsHsp40-45	3	Potri.005G120700.2	5	5,4697	0,7627	0,13944	42,07
CsHsp40-45	3	Potri.005G120700.1	5	5,2583	0,7601	0,14455	40,45
CsHsp40-45	3	Potri.007G022600.1	7	6,8836	0,785	0,11404	52,95
CsHsp40-45	3	Potri.002G217200.3	2	9,0852	0,8195	0,0902	69,89
CsHsp40-45	3	Potri.002G217200.2	2	8,802	0,8204	0,09321	67,71
CsHsp40-45	3	Potri.002G217200.1	2	8,8021	0,8203	0,09319	67,71
CsHsp40-45	3	Potri.014G197600.1	14	8,6314	0,7914	0,09169	66,4
CsHsp40-45	3	Potri.014G197600.2	14	59,108	0,954	0,01614	454,68
CsHsp40-45	3	Potri.002G079200.1	2	8,9865	0,8705	0,09687	69,13
CsHsp40-46	3	Potri.018G034600.1	18	1,6048	0,0964	0,06007	12,34
CsHsp40-46	3	Potri.006G246700.1	6	1,5287	0,0945	0,06182	11,76
CsHsp40-46	3	Potri.007G136700.1	7	11,995	0,2686	0,02239	92,27
CsHsp40-46	3	Potri.017G016100.1	17	6,3544	0,2668	0,04199	48,88
CsHsp40-46	3	Potri.007G135700.1	7	4,9162	0,2819	0,05734	37,82
CsHsp40-46	3	Potri.010G035000.1	10	29,594	0,2778	0,00939	227,65
CsHsp40-46	3	Potri.008G194000.1	8	39,118	0,2895	0,0074	300,91
CsHsp40-46	3	Potri.017G016000.1	17	7,4564	0,2586	0,03468	57,36
CsHsp40-46	3	Potri.015G066100.1	15	56,137	0,3462	0,00617	431,83

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-46	3	Potri.007G136600.1	7	7,5826	0,4838	0,0638	58,33
CsHsp40-46	3	Potri.007G135800.1	7	6,3193	0,4748	0,07513	48,61
CsHsp40-46	3	Potri.007G136200.1	7	7,6462	0,4938	0,06458	58,82
CsHsp40-46	3	Potri.007G136400.1	7	6,5833	0,4848	0,07364	50,64
CsHsp40-46	3	Potri.007G136400.2	7	6,753	0,5023	0,07438	51,95
CsHsp40-46	3	Potri.007G135900.2	7	6,7597	0,4215	0,06235	52
CsHsp40-46	3	Potri.007G135900.1	7	6,7597	0,4215	0,06235	52
CsHsp40-46	3	Potri.007G136000.1	7	6,7419	0,4748	0,07043	51,86
CsHsp40-46	3	Potri.007G136700.2	7	15,288	0,2575	0,01684	117,6
CsHsp40-46	3	Potri.011G057600.1	11	4,1779	0,4218	0,10096	32,14
CsHsp40-47	3	Potri.018G034600.1	18	1,8657	0,1252	0,06711	14,35
CsHsp40-47	3	Potri.006G246700.1	6	1,8357	0,1247	0,06793	14,12
CsHsp40-47	3	Potri.017G016100.1	17	6,6608	0,3382	0,05077	51,24
CsHsp40-47	3	Potri.007G136700.1	7	17,383	0,341	0,01962	133,71
CsHsp40-47	3	Potri.017G016000.1	17	7,8667	0,3235	0,04112	60,51
CsHsp40-47	3	Potri.007G135700.1	7	5,2903	0,3509	0,06633	40,69
CsHsp40-47	3	Potri.010G035000.1	10	43,168	0,3479	0,00806	332,06
CsHsp40-47	3	Potri.008G194000.1	8	49,257	0,3597	0,0073	378,9
CsHsp40-47	3	Potri.015G066100.1	15	55,934	0,4257	0,00761	430,26
CsHsp40-47	3	Potri.007G136600.1	7	7,583	0,4838	0,0638	58,33
CsHsp40-47	3	Potri.007G135800.1	7	6,3193	0,4748	0,07513	48,61
CsHsp40-47	3	Potri.007G136200.1	7	7,647	0,4938	0,06457	58,82
CsHsp40-47	3	Potri.007G136400.1	7	6,6852	0,4898	0,07327	51,42

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-47	3	Potri.007G136400.2	7	6,7536	0,5023	0,07438	51,95
CsHsp40-47	3	Potri.007G135900.2	7	6,7592	0,4215	0,06236	51,99
CsHsp40-47	3	Potri.007G135900.1	7	6,7589	0,4215	0,06236	51,99
CsHsp40-47	3	Potri.007G136000.1	7	6,7422	0,4748	0,07042	51,86
CsHsp40-47	3	Potri.007G136700.2	7	16,52	0,3397	0,02056	127,08
CsHsp40-48	3	Potri.002G103900.1	2	2,2272	0,2585	0,11607	17,13
CsHsp40-48	3	Potri.002G103900.2	2	2,4613	0,2897	0,1177	18,93
CsHsp40-49	3	Potri.005G156100.3	5	2,4751	0,2981	0,12044	19,04
CsHsp40-49	3	Potri.005G156100.1	5	2,4751	0,2981	0,12044	19,04
CsHsp40-49	3	Potri.002G105500.1	2	3,6146	0,3025	0,08369	27,8
CsHsp40-49	3	Potri.005G156100.4	5	2,342	0,2703	0,11541	18,02
CsHsp40-49	3	Potri.005G156100.2	5	2,342	0,2703	0,11541	18,02
CsHsp40-49	3	Potri.002G105500.2	2	3,2046	0,3024	0,09436	24,65
CsHsp40-50	3	Potri.014G122300.1	14	3,6364	0,2389	0,0657	27,97
CsHsp40-50	3	Potri.002G197300.1	2	2,9882	0,3082	0,10314	22,99
CsHsp40-50	3	Potri.002G197300.2	2	2,7042	0,3201	0,11837	20,8
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.2	3	1,8014	0,1329	0,07378	13,86
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.1	3	1,8243	0,1488	0,08157	14,03
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.6	3	1,8589	0,1351	0,07268	14,3
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.7	3	1,8416	0,1326	0,072	14,17
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.8	3	1,7906	0,1325	0,074	13,77
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.5	3	1,7933	0,1333	0,07433	13,79
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.3	3	1,7755	0,1394	0,07851	13,66

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.4	3	1,6243	0,1316	0,08102	12,49
CsHsp40-51	4	Potri.003G031800.9	3	1,6276	0,1324	0,08135	12,52
CsHsp40-51	4	Potri.015G035300.2	15	39,223	0,5414	0,0138	301,71
CsHsp40-51	4	Potri.015G035300.1	15	10,183	0,5468	0,0537	78,33
CsHsp40-51	4	Potri.007G094900.2	7	53,223	0,4682	0,0088	409,4
CsHsp40-51	4	Potri.007G094900.4	7	53,226	0,468	0,00879	409,43
CsHsp40-51	4	Potri.007G094900.1	7	53,226	0,4682	0,0088	409,43
CsHsp40-51	4	Potri.007G094900.3	7	53,227	0,4681	0,00879	409,44
CsHsp40-51	4	Potri.005G073900.2	5	52,568	0,4898	0,00932	404,37
CsHsp40-51	4	Potri.005G073900.3	5	52,57	0,4897	0,00932	404,38
CsHsp40-51	4	Potri.005G073900.5	5	52,566	0,4897	0,00932	404,36
CsHsp40-51	4	Potri.005G073900.4	5	52,568	0,4898	0,00932	404,37
CsHsp40-51	4	Potri.005G073900.1	5	52,568	0,4896	0,00931	404,37
CsHsp40-52	4	Potri.001G057200.2	1	1,6354	0,3068	0,1876	12,58
CsHsp40-52	4	Potri.001G057200.1	1	1,6354	0,3068	0,1876	12,58
CsHsp40-52	4	Potri.003G171200.2	3	1,7036	0,3187	0,18707	13,1
CsHsp40-52	4	Potri.003G171200.1	3	1,7036	0,3187	0,18707	13,1
CsHsp40-52	4	Potri.001G057200.3	1	1,6793	0,3035	0,18073	12,92
CsHsp40-52	4	Potri.003G171200.3	3	1,6546	0,3156	0,19074	12,73
CsHsp40-52	4	Potri.012G001100.3	12	4,7207	0,4604	0,09753	36,31
CsHsp40-52	4	Potri.012G001100.1	12	4,7207	0,4604	0,09753	36,31
CsHsp40-52	4	Potri.012G001100.2	12	4,0097	0,4517	0,11265	30,84
CsHsp40-52	4	Potri.015G020200.1	15	3,5558	0,4322	0,12155	27,35

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-52	4	Potri.015G097500.1	15	3,2279	0,4691	0,14533	24,83
CsHsp40-52	4	Potri.015G097500.2	15	3,2279	0,4691	0,14533	24,83
CsHsp40-52	4	Potri.012G098800.1	12	2,7901	0,4669	0,16734	21,46
CsHsp40-53	4	Potri.001G438300.1	1	1,1854	0,1114	0,09398	9,12
CsHsp40-53	4	Potri.001G438300.2	1	1,1854	0,1114	0,09398	9,12
CsHsp40-53	4	Potri.011G142000.1	11	1,2357	0,1223	0,09897	9,51
CsHsp40-53	4	Potri.011G142000.2	11	1,2019	0,116	0,09651	9,25
CsHsp40-53	4	Potri.011G142000.3	11	1,4854	0,1333	0,08974	11,43
CsHsp40-54	4	Potri.007G094900.2	7	1,6734	0,0736	0,04398	12,87
CsHsp40-54	4	Potri.007G094900.3	7	1,6734	0,0736	0,04398	12,87
CsHsp40-54	4	Potri.007G094900.1	7	1,6734	0,0736	0,04398	12,87
CsHsp40-54	4	Potri.007G094900.4	7	1,6734	0,0736	0,04398	12,87
CsHsp40-54	4	Potri.005G073900.1	5	1,6933	0,092	0,05433	13,03
CsHsp40-54	4	Potri.005G073900.2	5	1,6933	0,092	0,05433	13,03
CsHsp40-54	4	Potri.005G073900.3	5	1,6933	0,092	0,05433	13,03
CsHsp40-54	4	Potri.005G073900.4	5	1,6933	0,092	0,05433	13,03
CsHsp40-54	4	Potri.005G073900.5	5	1,6933	0,092	0,05433	13,03
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.8	3	54,245	0,4406	0,00812	417,27
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.5	3	54,245	0,4406	0,00812	417,27
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.7	3	54,241	0,4404	0,00812	417,24
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.6	3	54,241	0,4404	0,00812	417,24
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.1	3	54,242	0,4406	0,00812	417,25
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.2	3	54,239	0,4406	0,00812	417,22

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.3	3	53,09	0,4619	0,0087	408,38
CsHsp40-54	4	Potri.015G035300.2	15	55,538	0,6271	0,01129	427,21
CsHsp40-54	4	Potri.015G035300.1	15	55,538	0,6271	0,01129	427,22
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.9	3	53,665	0,4649	0,00866	412,81
CsHsp40-54	4	Potri.003G031800.4	3	52,906	0,4822	0,00911	406,97
CsHsp40-55	4	Potri.007G094900.2	7	1,656	0,0697	0,04209	12,74
CsHsp40-55	4	Potri.007G094900.4	7	1,656	0,0697	0,04209	12,74
CsHsp40-55	4	Potri.007G094900.1	7	1,656	0,0697	0,04209	12,74
CsHsp40-55	4	Potri.007G094900.3	7	1,656	0,0697	0,04209	12,74
CsHsp40-55	4	Potri.005G073900.2	5	1,6823	0,0886	0,05267	12,94
CsHsp40-55	4	Potri.005G073900.1	5	1,6823	0,0886	0,05267	12,94
CsHsp40-55	4	Potri.005G073900.3	5	1,6823	0,0886	0,05267	12,94
CsHsp40-55	4	Potri.005G073900.4	5	1,6823	0,0886	0,05267	12,94
CsHsp40-55	4	Potri.005G073900.5	5	1,6823	0,0886	0,05267	12,94
CsHsp40-55	4	Potri.003G031800.8	3	54,477	0,4393	0,00806	419,05
CsHsp40-57	4	Potri.006G047700.2	6	1,7564	0,5483	0,31217	13,51
CsHsp40-57	4	Potri.006G047700.1	6	1,7651	0,5461	0,30939	13,58
CsHsp40-57	4	Potri.001G255000.1	1	3,9925	0,6056	0,15168	30,71
CsHsp40-57	4	Potri.009G050200.2	9	3,9906	0,6363	0,15945	30,7
CsHsp40-57	4	Potri.009G050200.1	9	3,9691	0,6347	0,15991	30,53
CsHsp40-57	4	Potri.009G050200.3	9	4,3109	0,6541	0,15173	33,16
CsHsp40-58	4	Potri.002G081700.1	2	55,62	0,3523	0,00633	427,85
CsHsp40-60	4	Potri.002G000300.2	2	1,2025	0,0958	0,07967	9,25

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-60	4	Potri.002G000300.1	2	1,2025	0,0958	0,07967	9,25
CsHsp40-60	4	Potri.005G260400.1	5	1,1532	0,1006	0,08724	8,87
CsHsp40-60	4	Potri.002G000300.3	2	1,2079	0,0978	0,08097	9,29
CsHsp40-60	4	Potri.005G260400.4	5	1,1786	0,101	0,08569	9,07
CsHsp40-60	4	Potri.005G260400.3	5	1,1786	0,101	0,08569	9,07
CsHsp40-60	4	Potri.002G000300.5	2	1,4834	0,1392	0,09384	11,41
CsHsp40-60	4	Potri.002G000300.4	2	1,3938	0,0635	0,04556	10,72
CsHsp40-60	4	Potri.005G260400.2	5	1,2334	0,0706	0,05724	9,49
CsHsp40-60	4	Potri.005G260400.5	5	1,302	0,1399	0,10745	10,02
CsHsp40-60	4	Potri.005G185800.1	5	14,09	0,3425	0,02431	108,39
CsHsp40-60	4	Potri.002G074600.1	2	4,3213	0,3629	0,08398	33,24
CsHsp40-60	4	Potri.002G074600.2	2	9,3211	0,3342	0,03585	71,7
CsHsp40-60	4	Potri.009G119800.1	9	57,394	0,372	0,00648	441,49
CsHsp40-60	4	Potri.004G158300.4	4	54,308	0,3796	0,00699	417,75
CsHsp40-60	4	Potri.004G158300.1	4	54,308	0,3796	0,00699	417,75
CsHsp40-60	4	Potri.004G158300.3	4	54,017	0,4046	0,00749	415,52
CsHsp40-60	4	Potri.004G158300.2	4	54,017	0,4046	0,00749	415,52
CsHsp40-60	4	Potri.009G119800.2	9	56,651	0,3987	0,00704	435,77
CsHsp40-60	4	Potri.004G158300.5	4	53,507	0,4358	0,00814	411,59
CsHsp40-61	5	Potri.012G001100.3	12	1,7371	0,3536	0,20356	13,36
CsHsp40-61	5	Potri.012G001100.1	12	1,7371	0,3536	0,20356	13,36
CsHsp40-61	5	Potri.012G001100.2	12	1,7276	0,34	0,1968	13,29
CsHsp40-61	5	Potri.015G020200.1	5	1,6973	0,3037	0,17893	13,06

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-61	5	Potri.001G057200.2	1	2,5744	0,3825	0,14858	19,8
CsHsp40-61	5	Potri.001G057200.1	1	2,5744	0,3825	0,14858	19,8
CsHsp40-61	5	Potri.003G171200.2	3	2,575	0,3988	0,15487	19,81
CsHsp40-61	5	Potri.003G171200.1	3	2,575	0,3988	0,15487	19,81
CsHsp40-61	5	Potri.003G171200.3	3	2,6279	0,3805	0,14479	20,21
CsHsp40-61	5	Potri.001G057200.3	1	2,7838	0,3589	0,12892	21,41
CsHsp40-62	4	Potri.007G072600.1	7	2,8703	0,3432	0,11957	22,08
CsHsp40-63	4	Potri.010G036200.5	10	1,5447	0,1054	0,06823	11,88
CsHsp40-63	4	Potri.010G036200.4	10	1,5447	0,1554	0,1006	11,88
CsHsp40-63	4	Potri.010G036200.2	10	1,5447	0,1554	0,1006	11,88
CsHsp40-63	4	Potri.010G036200.1	10	1,5447	0,1554	0,1006	11,88
CsHsp40-63	4	Potri.008G193500.1	8	1,6253	0,1128	0,0694	12,5
CsHsp40-63	4	Potri.008G193500.2	8	1,825	0,154	0,08438	14,04
CsHsp40-63	4	Potri.010G036200.3	10	1,8186	0,1253	0,0689	13,99
CsHsp40-63	4	Potri.010G122300.3	10	12,24	0,2879	0,02352	94,16
CsHsp40-63	4	Potri.010G122300.2	10	12,261	0,2879	0,02348	94,32
CsHsp40-63	4	Potri.008G123200.1	8	12,339	0,3012	0,02441	94,91
CsHsp40-63	4	Potri.010G122300.1	10	12,262	0,2879	0,02348	94,32
CsHsp40-63	4	Potri.008G123200.3	8	12,166	0,3028	0,02489	93,58
CsHsp40-63	4	Potri.010G122300.4	10	10,145	0,2514	0,02478	78,04
CsHsp40-63	4	Potri.008G123200.2	8	22,829	0,2761	0,01209	175,61
CsHsp40-63	4	Potri.008G123200.4	8	12,516	0,3162	0,02526	96,28
CsHsp40-63	4	Potri.008G123200.5	8	6,6167	0,2825	0,0427	50,9

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-64	5	Potri.001G347600.2	1	2,0133	0,3049	0,15144	15,49
CsHsp40-64	5	Potri.001G347600.1	1	1,9623	0,3004	0,15309	15,09
CsHsp40-64	5	Potri.001G347600.4	1	2,0431	0,3147	0,15403	15,72
CsHsp40-64	5	Potri.001G347600.3	1	2,0382	0,2934	0,14395	15,68
CsHsp40-66	5	Potri.010G122300.3	10	1,5119	0,0836	0,05529	11,63
CsHsp40-66	5	Potri.010G122300.2	10	1,5119	0,0836	0,05529	11,63
CsHsp40-66	5	Potri.008G123200.1	8	1,2877	0,1024	0,07952	9,91
CsHsp40-66	5	Potri.008G123200.3	8	1,2859	0,1022	0,07948	9,89
CsHsp40-66	5	Potri.010G122300.1	10	1,5119	0,0836	0,05529	11,63
CsHsp40-66	5	Potri.010G122300.4	10	1,611	0,1243	0,07716	12,39
CsHsp40-66	5	Potri.008G123200.2	8	1,7008	0,1428	0,08396	13,08
CsHsp40-66	5	Potri.008G123200.4	8	1,0754	0,0725	0,06742	8,27
CsHsp40-66	5	Potri.010G036200.3	10	19,09	0,2523	0,01322	146,85
CsHsp40-66	5	Potri.010G036200.5	10	16,988	0,2572	0,01514	130,68
CsHsp40-66	5	Potri.010G036200.4	10	17,023	0,2572	0,01511	130,94
CsHsp40-66	5	Potri.010G036200.2	10	17,018	0,2571	0,01511	130,91
CsHsp40-66	5	Potri.010G036200.1	10	16,969	0,2572	0,01516	130,53
CsHsp40-66	5	Potri.008G193500.1	8	42,502	0,2649	0,00623	326,94
CsHsp40-66	5	Potri.008G193500.2	8	35,909	0,3151	0,00878	276,22
CsHsp40-66	5	Potri.008G123200.5	8	1,4043	0,1569	0,11173	10,8
CsHsp40-68	5	Potri.008G194000.1	8	1,4787	0,1671	0,113	11,37
CsHsp40-68	5	Potri.010G035000.1	10	1,8836	0,1626	0,08632	14,49
CsHsp40-68	5	Potri.015G066100.1	15	8,2923	0,2473	0,02982	63,79

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-68	5	Potri.018G034600.1	18	5,0075	0,2868	0,05727	38,52
CsHsp40-68	5	Potri.017G016100.1	17	6,8858	0,2767	0,04018	52,97
CsHsp40-68	5	Potri.007G136700.1	7	6,4551	0,2855	0,04423	49,65
CsHsp40-68	5	Potri.006G246700.1	6	7,8478	0,3145	0,04007	60,37
CsHsp40-68	5	Potri.007G135700.1	7	5,2145	0,2799	0,05368	40,11
CsHsp40-68	5	Potri.017G016000.1	17	7,6911	0,2835	0,03686	59,16
CsHsp40-68	5	Potri.007G136600.1	7	10,665	0,5257	0,04929	82,04
CsHsp40-68	5	Potri.007G136200.1	7	11,162	0,5387	0,04826	85,86
CsHsp40-68	5	Potri.007G135900.2	7	5,6458	0,4087	0,07239	43,43
CsHsp40-68	5	Potri.007G135900.1	7	5,6457	0,4087	0,07239	43,43
CsHsp40-68	5	Potri.007G136700.2	7	6,7801	0,2983	0,044	52,15
CsHsp40-68	5	Potri.011G057600.1	11	8,4433	0,4226	0,05005	64,95
CsHsp40-69	5	Potri.010G122300.3	10	1,8928	0,0844	0,04459	14,56
CsHsp40-69	5	Potri.010G122300.2	10	1,8928	0,0844	0,04459	14,56
CsHsp40-69	5	Potri.008G123200.1	8	1,6729	0,1018	0,06085	12,87
CsHsp40-69	5	Potri.010G122300.1	10	1,8928	0,0844	0,04459	14,56
CsHsp40-69	5	Potri.008G123200.3	8	1,6668	0,1031	0,06186	12,82
CsHsp40-69	5	Potri.008G123200.4	8	1,6221	0,0883	0,05444	12,48
CsHsp40-69	5	Potri.010G122300.4	10	1,6553	0,1061	0,0641	12,73
CsHsp40-69	5	Potri.008G123200.2	8	1,7359	0,1262	0,0727	13,35
CsHsp40-69	5	Potri.008G193500.1	8	18,875	0,3028	0,01604	145,19
CsHsp40-69	5	Potri.010G036200.5	10	17,179	0,3051	0,01776	132,15
CsHsp40-69	5	Potri.010G036200.4	10	17,179	0,3051	0,01776	132,15

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-69	5	Potri.010G036200.2	10	17,179	0,3051	0,01776	132,15
CsHsp40-69	5	Potri.010G036200.1	10	17,179	0,3051	0,01776	132,15
CsHsp40-69	5	Potri.010G036200.3	10	30,232	0,2627	0,00869	232,55
CsHsp40-69	5	Potri.008G193500.2	8	23,953	0,3437	0,01435	184,25
CsHsp40-69	5	Potri.008G123200.5	8	1,9607	0,1277	0,06513	15,08
CsHsp40-70	5	Potri.008G018800.1	8	1,6956	0,0364	0,02147	13,04
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.6	10	1,3223	0,0309	0,02337	10,17
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.8	10	1,3223	0,0309	0,02337	10,17
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.3	10	1,3223	0,0309	0,02337	10,17
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.2	10	1,3223	0,0309	0,02337	10,17
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.5	10	1,3223	0,0309	0,02337	10,17
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.4	10	1,3223	0,0309	0,02337	10,17
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.1	10	1,3407	0,0308	0,02297	10,31
CsHsp40-70	5	Potri.009G015700.1	9	3,3528	0,0604	0,01801	25,79
CsHsp40-70	5	Potri.002G141100.2	2	7,7424	0,1582	0,02043	59,56
CsHsp40-70	5	Potri.002G141100.1	2	8,4206	0,1612	0,01914	64,77
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.9	10	1,4371	0,051	0,03549	11,05
CsHsp40-70	5	Potri.002G141100.5	2	4,5586	0,2049	0,04495	35,07
CsHsp40-70	5	Potri.002G141100.4	2	8,933	0,1908	0,02136	68,72
CsHsp40-70	5	Potri.002G141100.3	2	8,941	0,1908	0,02134	68,78
CsHsp40-70	5	Potri.001G215100.1	1	3,371	0,1964	0,05826	25,93
CsHsp40-70	5	Potri.010G243100.7	10	1,1712	0,0275	0,02348	9,01
CsHsp40-70	5	Potri.014G055300.1	14	6,7654	0,2235	0,03304	52,04

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-73	6	Potri.001G072700.2	1	1,676	0,2659	0,15865	12,89
CsHsp40-73	6	Potri.001G072700.1	1	1,7573	0,2653	0,15097	13,52
CsHsp40-75	6	Potri.010G148900.1	10	1,4099	0,277	0,19647	10,85
CsHsp40-75	6	Potri.010G148900.2	10	1,428	0,2834	0,19846	10,98
CsHsp40-76	6	Potri.005G185800.1	5	1,7112	0,1146	0,06697	13,16
CsHsp40-76	6	Potri.002G074600.1	2	1,6584	0,132	0,07959	12,76
CsHsp40-76	6	Potri.002G074600.2	2	1,7252	0,13	0,07535	13,27
CsHsp40-76	6	Potri.005G260400.4	5	46,738	0,3615	0,00773	359,52
CsHsp40-76	6	Potri.005G260400.3	5	46,738	0,3615	0,00773	359,52
CsHsp40-76	6	Potri.002G000300.2	2	7,7788	0,3523	0,04529	59,84
CsHsp40-76	6	Potri.002G000300.1	2	7,7788	0,3523	0,04529	59,84
CsHsp40-76	6	Potri.005G260400.1	5	8,8049	0,3605	0,04094	67,73
CsHsp40-76	6	Potri.002G000300.4	2	36,118	0,2835	0,00785	277,83
CsHsp40-76	6	Potri.005G260400.2	5	34,064	0,2428	0,00713	262,03
CsHsp40-76	6	Potri.002G000300.3	2	6,2582	0,364	0,05816	48,14
CsHsp40-76	6	Potri.002G000300.5	2	5,938	0,4129	0,06954	45,68
CsHsp40-76	6	Potri.009G119800.1	9	58,697	0,4133	0,00704	451,52
CsHsp40-76	6	Potri.004G158300.3	4	57,134	0,4412	0,00772	439,49
CsHsp40-76	6	Potri.004G158300.2	4	57,134	0,4412	0,00772	439,49
CsHsp40-76	6	Potri.004G158300.4	4	56,373	0,4251	0,00754	433,64
CsHsp40-76	6	Potri.004G158300.1	4	56,373	0,4251	0,00754	433,64
CsHsp40-78	6	Potri.002G090600.1	2	1,26	0,1666	0,13222	9,69
CsHsp40-78	6	Potri.002G090600.2	2	1,26	0,1666	0,13222	9,69

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-78	6	Potri.002G090600.4	2	1,3287	0,1801	0,13555	10,22
CsHsp40-78	6	Potri.002G090600.3	2	1,2873	0,2072	0,16096	9,9
CsHsp40-79	6	Potri.002G081700.1	2	7,9597	0,4205	0,05283	61,23
CsHsp40-79	6	Potri.001G211800.1	1	3,043	0,2544	0,0836	23,41
CsHsp40-79	6	Potri.005G179400.2	5	3,9235	0,4684	0,11938	30,18
CsHsp40-79	6	Potri.005G179400.1	5	3,8934	0,4718	0,12118	29,95
CsHsp40-81	6	Potri.016G088600.1	16	1,4486	0,1219	0,08415	11,14
CsHsp40-81	6	Potri.016G088600.2	16	1,425	0,1242	0,08716	10,96
CsHsp40-82	6	Potri.007G022600.1	7	2,5464	0,536	0,21049	19,59
CsHsp40-82	6	Potri.005G120700.2	5	2,6106	0,541	0,20723	20,08
CsHsp40-82	6	Potri.005G120700.1	5	2,4888	0,5369	0,21573	19,14
CsHsp40-82	6	Potri.002G033800.1	2	4,0238	0,7814	0,19419	30,95
CsHsp40-82	6	Potri.005G229300.1	5	4,5883	0,8178	0,17824	35,29
CsHsp40-84	6	Potri.007G136700.1	7	4,5177	0,114	0,02523	34,75
CsHsp40-84	6	Potri.007G135700.1	7	2,9081	0,1283	0,04412	22,37
CsHsp40-84	6	Potri.017G016000.1	17	3,4311	0,1184	0,03451	26,39
CsHsp40-84	6	Potri.017G016100.1	17	4,9312	0,127	0,02575	37,93
CsHsp40-84	6	Potri.007G136400.1	7	3,0186	0,3943	0,13062	23,22
CsHsp40-84	6	Potri.007G136400.2	7	3,402	0,3879	0,11402	26,17
CsHsp40-84	6	Potri.007G136600.1	7	3,2914	0,3539	0,10752	25,32
CsHsp40-84	6	Potri.007G135800.1	7	2,8049	0,3447	0,12289	21,58
CsHsp40-84	6	Potri.007G136200.1	7	3,4548	0,3698	0,10704	26,58
CsHsp40-84	6	Potri.007G135900.2	7	3,3507	0,268	0,07998	25,77

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-84	6	Potri.007G135900.1	7	3,3507	0,268	0,07998	25,77
CsHsp40-84	6	Potri.007G136000.1	7	3,174	0,3559	0,11213	24,42
CsHsp40-84	6	Potri.007G136700.2	7	4,8287	0,0948	0,01963	37,14
CsHsp40-84	6	Potri.015G066100.1	15	8,5983	0,3474	0,0404	66,14
CsHsp40-84	6	Potri.010G035000.1	10	26,689	0,2934	0,01099	205,3
CsHsp40-85	6	Potri.011G081500.2	11	2,011	0,3324	0,16529	15,47
CsHsp40-85	6	Potri.011G081500.1	11	2,0174	0,3544	0,17567	15,52
CsHsp40-85	6	Potri.011G081500.3	11	2,1159	0,3314	0,15662	16,28
CsHsp40-86	7	Potri.009G138100.1	9	2,6807	0,3316	0,1237	20,62
CsHsp40-86	7	Potri.009G138100.2	9	2,6807	0,3316	0,1237	20,62
CsHsp40-86	7	Potri.009G138100.3	9	2,6807	0,3316	0,1237	20,62
CsHsp40-88	7	Potri.002G012500.2	2	2,2426	0,1321	0,0589	17,25
CsHsp40-88	7	Potri.004G181800.1	4	1,3436	0,0955	0,07108	10,34
CsHsp40-88	7	Potri.005G248900.1	5	1,929	0,1422	0,07372	14,84
CsHsp40-88	7	Potri.002G012500.1	2	2,2426	0,1321	0,0589	17,25
CsHsp40-88	7	Potri.016G090500.1	16	20,413	0,2158	0,01057	157,02
CsHsp40-88	7	Potri.006G127400.1	6	17,34	0,2221	0,01281	133,38
CsHsp40-88	7	Potri.009G010800.1	9	10,718	0,2064	0,01926	82,45
CsHsp40-88	7	Potri.004G212200.1	4	11,949	0,2104	0,01761	91,91
CsHsp40-88	7	Potri.009G141500.1	9	1,1604	0,1195	0,10298	8,93
CsHsp40-88	7	Potri.006G204800.1	6	9,9953	0,2217	0,02218	76,89
CsHsp40-88	7	Potri.005G237600.1	5	4,8513	0,2488	0,05129	37,32
CsHsp40-88	7	Potri.002G024000.2	2	2,5931	0,2552	0,09842	19,95

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-88	7	Potri.002G024000.1	2	2,5931	0,2552	0,09842	19,95
CsHsp40-88	7	Potri.016G072000.1	16	43,813	0,2094	0,00478	337,02
CsHsp40-88	7	Potri.002G012500.3	2	1,7592	0,1107	0,06293	13,53
CsHsp40-88	7	Potri.002G024000.3	2	3,2181	0,232	0,07209	24,75
CsHsp40-89	7	Potri.014G165600.1	14	1,2664	0,2381	0,18801	9,74
CsHsp40-89	7	Potri.002G217500.1	2	1,4964	0,2309	0,1543	11,51
CsHsp40-89	7	Potri.002G217500.2	2	1,5278	0,2025	0,13254	11,75
CsHsp40-89	7	Potri.014G165600.2	14	1,1933	0,2512	0,21051	9,18
CsHsp40-89	7	Potri.014G165600.3	14	1,1933	0,2512	0,21051	9,18
CsHsp40-89	7	Potri.002G221000.1	2	1,435	0,245	0,17073	11,04
CsHsp40-94	7	Potri.019G083700.1	9	1,4371	0,1835	0,12769	11,05
CsHsp40-96	7	Potri.002G198000.1	2	1,4371	0,0916	0,06374	11,05
CsHsp40-96	7	Potri.014G122600.1	14	1,5099	0,0901	0,05967	11,61
CsHsp40-96	7	Potri.014G122600.2	14	1,4711	0,0944	0,06417	11,32
CsHsp40-97	7	Potri.014G122300.1	14	2,6801	0,1525	0,0569	20,62
CsHsp40-97	7	Potri.002G197300.1	2	2,6133	0,2336	0,08939	20,1
CsHsp40-97	7	Potri.002G197300.2	2	2,6133	0,2336	0,08939	20,1
CsHsp40-98	7	Potri.009G065500.2	9	1,3377	0,2277	0,17022	10,29
CsHsp40-98	7	Potri.009G065500.1	9	1,3377	0,2277	0,17022	10,29
CsHsp40-98	7	Potri.009G065500.4	9	1,3377	0,2277	0,17022	10,29
CsHsp40-98	7	Potri.009G065500.3	9	1,3377	0,2277	0,17022	10,29
CsHsp40-98	7	Potri.001G271300.1	1	1,4458	0,2377	0,16441	11,12
CsHsp40-98	7	Potri.001G271300.2	1	1,4458	0,2377	0,16441	11,12

EK 17' nin devamı;

CsHsp40-99	7	Potri.001G271300.1	1	1,5722	0,2995	0,1905	12,09
CsHsp40-99	7	Potri.001G271300.2	1	1,5722	0,2995	0,1905	12,09
CsHsp40-99	7	Potri.009G065500.1	9	1,6158	0,296	0,18319	12,43
CsHsp40-99	7	Potri.009G065500.2	9	1,6158	0,296	0,18319	12,43
CsHsp40-99	7	Potri.009G065500.3	9	1,6158	0,296	0,18319	12,43
CsHsp40-99	7	Potri.009G065500.4	9	1,6158	0,296	0,18319	12,43
CsHsp40-100	7	Potri.001G164700.5	1	7,6828	0,2959	0,03851	59,1
CsHsp40-100	7	Potri.001G164700.2	1	2,4842	0,2861	0,11517	19,11
CsHsp40-100	7	Potri.001G164700.4	1	2,7266	0,2926	0,10731	20,97
CsHsp40-100	7	Potri.001G164700.1	1	2,4847	0,2939	0,11828	19,11
Ortalama				8,88	0,28	0,0834	68,307

EK 18

Salatalık - Üzüm							
Protein Adları	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp40-01	1	GSVIVT01010500001	1	4,4072	0,4187	0,095	33,9
CsHsp40-01	1	GSVIVT01008568001	17	1,9462	0,529	0,27181	14,97
CsHsp40-01	1	GSVIVT01028708001	16	4,7825	0,4837	0,10114	36,79
CsHsp40-02	1	GSVIVT01007980001	17	1,3795	0,2894	0,20979	10,61
CsHsp40-03	1	GSVIVT01013542001	5	1,1092	0,1807	0,16291	8,53
CsHsp40-03	1	GSVIVT01008650001	17	1,7347	0,2057	0,11858	13,34
CsHsp40-05	1	GSVIVT01008471001	17	1,6195	0,6133	0,3787	12,46
CsHsp40-06	1	GSVIVT01008471001	17	1,7613	0,3158	0,1793	13,55
CsHsp40-07	1	GSVIVT01012773001	18	2,1873	0,268	0,12253	16,83
CsHsp40-08	1	GSVIVT01008076001	17	2,6868	0,1529	0,05691	20,67
CsHsp40-08	1	GSVIVT01021112001	10	9,0779	0,2751	0,0303	69,83
CsHsp40-08	1	GSVIVT01020090001	1	1,8913	0,2473	0,13076	14,55
CsHsp40-08	1	GSVIVT01035724001	4	9,3981	0,3343	0,03557	72,29
CsHsp40-08	1	GSVIVT01011160001	8	4,4541	0,2925	0,06567	34,26
CsHsp40-09	1	GSVIVT01012629001	10	1,2205	0,0974	0,0798	9,39
CsHsp40-10	1	GSVIVT01013542001	5	1,0999	0,126	0,11456	8,46
CsHsp40-10	1	GSVIVT01008650001	17	1,4626	0,1346	0,09203	11,25
CsHsp40-11	1	GSVIVT01015518001	11	2,8249	0,1726	0,0611	21,73
CsHsp40-12	1	GSVIVT01015442001	11	1,1863	0,0843	0,07106	9,13
CsHsp40-12	1	GSVIVT01015441001	11	1,5767	0,1474	0,09349	12,13

EK 18' in devamı;

CsHsp40-13	1	GSVIVT01021545001	10	1,3046	0,3731	0,28599	10,04
CsHsp40-15	1	GSVIVT01037590001	6	1,4814	0,0768	0,05184	11,4
CsHsp40-16	1	GSVIVT01037590001	6	1,484	0,0839	0,05654	11,42
CsHsp40-17	1	GSVIVT01034612001	13	2,2719	0,0504	0,02218	17,48
CsHsp40-17	1	GSVIVT01036049001	6	1,67	0,0423	0,02533	12,85
CsHsp40-17	1	GSVIVT01018226001	15	7,6171	0,1525	0,02002	58,59
CsHsp40-18	2	GSVIVT01000053001	14	1,4607	0,2156	0,1476	11,24
CsHsp40-19	2	GSVIVT01031207001	14	1,8934	0,2394	0,12644	14,56
CsHsp40-19	2	GSVIVT01011760001	1	56,827	0,3758	0,00661	437,13
CsHsp40-20	2	GSVIVT01020748001	12	1,4644	0,1628	0,11117	11,26
CsHsp40-21	2	GSVIVT01023820001	3	1,2204	0,1512	0,12389	9,39
CsHsp40-21	2	GSVIVT01013476001	18	4,3119	0,3338	0,07741	33,17
CsHsp40-21	2	GSVIVT01009982001	18	56,444	0,388	0,00687	434,18
CsHsp40-23	2	GSVIVT01026590001	4	1,2209	0,3431	0,28102	9,39
CsHsp40-24	2	GSVIVT01009286001	18	1,0864	0,2435	0,22413	8,36
CsHsp40-26	2	GSVIVT01009117001	18	1,4488	0,2587	0,17856	11,14
CsHsp40-27	2	GSVIVT01009117001	18	1,5715	0,2553	0,16246	12,09
CsHsp40-28	2	GSVIVT01009143001	18	3,7261	0,2445	0,06562	28,66
CsHsp40-29	2	GSVIVT01021112001	10	3,6049	0,136	0,03773	27,73
CsHsp40-29	2	GSVIVT01011160001	8	4,6625	0,1655	0,0355	35,87
CsHsp40-29	2	GSVIVT01008076001	17	7,6808	0,2713	0,03532	59,08
CsHsp40-29	2	GSVIVT01035724001	4	51,897	0,3253	0,00627	399,21
CsHsp40-30	3	GSVIVT01013048001	2	63,898	0,4032	0,00631	491,53

EK 18' in devamı;

CsHsp40-31	3	GSVIVT01001321001	2	1,4114	0,1225	0,08679	10,86
CsHsp40-32	3	GSVIVT01021014001	5	2,3588	0,3316	0,14058	18,14
CsHsp40-34	3	GSVIVT01028825001	16	1,0958	0,0931	0,08496	8,43
CsHsp40-35	3	GSVIVT01012187001	1	1,8067	0,1355	0,075	13,9
CsHsp40-38	3	GSVIVT01003939001	8	1,9202	0,408	0,21248	14,77
CsHsp40-39	3	GSVIVT01021112001	10	6,4305	0,2778	0,0432	49,47
CsHsp40-39	3	GSVIVT01011160001	8	2,6215	0,2225	0,08488	20,17
CsHsp40-40	3	GSVIVT01022555001	8	1,7928	0,2879	0,16059	13,79
CsHsp40-41	3	GSVIVT01033493001	8	2,1546	0,2835	0,13158	16,57
CsHsp40-42	3	GSVIVT01033339001	8	1,5575	0,0862	0,05535	11,98
CsHsp40-43	3	GSVIVT01033339001	8	1,6322	0,0886	0,05428	12,56
CsHsp40-44	3	GSVIVT01033405001	8	1,2845	0,299	0,23278	9,88
CsHsp40-45	3	GSVIVT01018928001	4	5,475	0,6736	0,12303	42,12
CsHsp40-45	3	GSVIVT01009738001	18	3,0413	0,6978	0,22944	23,39
CsHsp40-45	3	GSVIVT01022322001	7	4,1192	0,392	0,09516	31,69
CsHsp40-45	3	GSVIVT01008818001	18	18,818	0,6174	0,03281	144,76
CsHsp40-46	3	GSVIVT01035724001	4	1,4734	0,1009	0,06848	11,33
CsHsp40-46	3	GSVIVT01021112001	10	5,4537	0,2451	0,04494	41,95
CsHsp40-46	3	GSVIVT01008076001	17	38,347	0,2665	0,00695	294,98
CsHsp40-46	3	GSVIVT01011160001	8	14,098	0,2733	0,01939	108,45
CsHsp40-46	3	GSVIVT01022872001	2	19,505	0,6452	0,03308	150,04
CsHsp40-47	3	GSVIVT01035724001	4	1,554	0,1253	0,08063	11,95
CsHsp40-47	3	GSVIVT01021112001	10	5,3159	0,3135	0,05897	40,89

EK 18' in devamı;

CsHsp40-47	3	GSVIVT01008076001	17	48,18	0,3401	0,00706	370,62
CsHsp40-47	3	GSVIVT01011160001	8	10,332	0,3674	0,03556	79,48
CsHsp40-47	3	GSVIVT01020090001	1	44,307	0,3915	0,00884	340,83
CsHsp40-48	3	GSVIVT01009143001	18	2,1403	0,2794	0,13054	16,46
CsHsp40-49	3	GSVIVT01009170001	18	3,0053	0,2664	0,08864	23,12
CsHsp40-49	3	GSVIVT01015639001	3	34,213	0,4568	0,01335	263,17
CsHsp40-50	3	GSVIVT01028103001	7	1,8764	0,2104	0,11213	14,43
CsHsp40-51	4	GSVIVT01017355001	9	1,5102	0,1531	0,10138	11,62
CsHsp40-51	4	GSVIVT01008471001	17	6,6568	0,5299	0,0796	51,21
CsHsp40-52	4	GSVIVT01010500001	1	1,5107	0,3472	0,22983	11,62
CsHsp40-52	4	GSVIVT01008568001	1	3,4808	0,5277	0,1516	26,78
CsHsp40-52	4	GSVIVT01028708001	16	3,6038	0,439	0,12182	27,72
CsHsp40-53	4	GSVIVT01020448001	19	1,1717	0,1408	0,12017	9,01
CsHsp40-54	4	GSVIVT01017355001	9	53,255	0,4271	0,00802	409,65
CsHsp40-54	4	GSVIVT01006041001	chrUn	2,5197	0,1799	0,0714	19,38
CsHsp40-54	4	GSVIVT01008471001	17	48,856	0,5439	0,01113	375,81
CsHsp40-54	4	GSVIVT01032045001	13	56,966	0,7023	0,01233	438,2
CsHsp40-55	4	GSVIVT01017355001	9	53,871	0,4305	0,00799	414,39
CsHsp40-55	4	GSVIVT01006041001	chrUn	20,903	0,1854	0,00887	160,79
CsHsp40-55	4	GSVIVT01008471001	1	48,631	0,5317	0,01093	374,08
CsHsp40-57	4	GSVIVT01031545001	6	2,6772	0,5546	0,20716	20,59
CsHsp40-58	4	GSVIVT01022872001	12	2,1098	0,4023	0,19068	16,23
CsHsp40-60	4	GSVIVT01013476001	18	1,2506	0,0783	0,06261	9,62

EK 18' in devamı;

CsHsp40-60	4	GSVIVT01009982001	18	54,209	0,3578	0,0066	417
CsHsp40-60	4	GSVIVT01023820001	3	55,203	0,3337	0,00605	424,64
CsHsp40-61	5	GSVIVT01010500001	1	3,2358	0,3619	0,11184	24,89
CsHsp40-61	5	GSVIVT01028708001	16	1,5793	0,3384	0,21427	12,15
CsHsp40-61	5	GSVIVT01008568001	17	6,6595	0,5229	0,07852	51,23
CsHsp40-62	4	GSVIVT01026228001	10	1,8	0,325	0,18056	13,85
CsHsp40-63	4	GSVIVT01020157001	1	1,2467	0,1024	0,08214	9,59
CsHsp40-63	4	GSVIVT01011867001	1	7,2463	0,2968	0,04096	55,74
CsHsp40-64	5	GSVIVT01001994001	19	2,285	0,2747	0,12022	17,58
CsHsp40-64	5	GSVIVT01001992001	19	3,1172	0,3741	0,12001	23,98
CsHsp40-66	5	GSVIVT01011867001	1	0,971	0,0654	0,06735	7,47
CsHsp40-66	5	GSVIVT01020157001	1	16,53	0,2408	0,01457	127,15
CsHsp40-68	5	GSVIVT01008076001	17	3,1139	0,1843	0,05919	23,95
CsHsp40-68	5	GSVIVT01021112001	10	7,1016	0,2775	0,03908	54,63
CsHsp40-68	5	GSVIVT01020090001	1	2,255	0,2231	0,09894	17,35
CsHsp40-68	5	GSVIVT01035724001	4	9,3718	0,2879	0,03072	72,09
CsHsp40-68	5	GSVIVT0101116000	8	7,6081	0,2673	0,03513	58,52
CsHsp40-69	5	GSVIVT01011867001	1	1,2919	0,0767	0,05937	9,94
CsHsp40-69	5	GSVIVT01020157001	1	13,908	0,3052	0,02194	106,99
CsHsp40-70	5	GSVIVT01034612001	13	1,7653	0,0278	0,01575	13,58
CsHsp40-70	5	GSVIVT01036049001	6	1,8065	0,0357	0,01976	13,9
CsHsp40-70	5	GSVIVT01018226001	15	8,5894	0,1535	0,01787	66,07
CsHsp40-73	6	GSVIVT01024914001	6	1,3039	0,2808	0,21535	10,03

EK 18' in devamı;

CsHsp40-75	6	GSVIVT01034951001	5	1,6212	0,2977	0,18363	12,47
CsHsp40-76	6	GSVIVT01009982001	18	1,8794	0,1177	0,06263	14,46
CsHsp40-76	6	GSVIVT01013476001	18	11,918	0,3431	0,02879	91,68
CsHsp40-76	6	GSVIVT01023820001	3	56,679	0,3906	0,00689	435,99
CsHsp40-78	6	GSVIVT01008959001	18	1,3963	0,15	0,10743	10,74
CsHsp40-79	6	GSVIVT01022872001	12	1,6992	0,3411	0,20074	13,07
CsHsp40-81	6	GSVIVT01025659001	8	1,2902	0,0969	0,0751	9,92
CsHsp40-82	6	GSVIVT01018928001	4	2,1885	0,4753	0,21718	16,83
CsHsp40-82	6	GSVIVT01022322001	7	4,9412	0,3379	0,06838	38,01
CsHsp40-84	6	GSVIVT01021112001	10	2,0042	0,056	0,02794	15,42
CsHsp40-84	6	GSVIVT01011160001	8	5,3346	0,1563	0,0293	41,04
CsHsp40-84	6	GSVIVT01008076001	17	54,027	0,2553	0,00473	415,6
CsHsp40-84	6	GSVIVT01020090001	1	13,514	0,3205	0,02372	103,95
CsHsp40-85	6	GSVIVT01021545001	10	1,3116	0,2571	0,19602	10,09
CsHsp40-86	7	GSVIVT01037045001	3	1,8498	0,2271	0,12277	14,23
CsHsp40-87	7	GSVIVT01037045001	3	1,7226	0,2122	0,12319	13,25
CsHsp40-88	7	GSVIVT01008688001	18	2,1448	0,1093	0,05096	16,5
CsHsp40-88	7	GSVIVT01023920001	3	1,7316	0,0915	0,05284	13,32
CsHsp40-88	7	GSVIVT01025695001	8	22,057	0,2052	0,0093	169,67
CsHsp40-88	7	GSVIVT01025206001	6	9,8674	0,1974	0,02001	75,9
CsHsp40-88	7	GSVIVT01033934001	8	6,7367	0,2041	0,0303	51,82
CsHsp40-88	7	GSVIVT01009880001	18	15,068	0,2294	0,01522	115,91
CsHsp40-94	7	GSVIVT01034483001	18	1,9537	0,1798	0,09203	15,03

EK 18' in devamı;

CsHsp40-96	7	GSVIVT01028094001	7	1,7279	0,0853	0,04937	13,29
CsHsp40-97	7	GSVIVT01028103001	7	1,784	0,1486	0,0833	13,72
CsHsp40-98	7	GSVIVT01032045001	13	1,6108	0,1981	0,12298	12,39
CsHsp40-98	7	GSVIVT01009117001	18	11,916	0,6078	0,05101	91,66
CsHsp40-99	7	GSVIVT01034612001	13	59,951	0,7324	0,01222	461,16
CsHsp40-100	7	GSVIVT01016700001	9	10,017	0,2811	0,02806	77,05
Ortalama				10,33	0,278	0,087	79,459

EK 19

Salatalık -Mısır							
Protein Adları	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp40-01	1	GRMZM2G159720_T01	10	7,6368	0,5241	0,06863	58,74
CsHsp40-01	1	AC235541.1_FGT002	2	7,3752	0,5308	0,07197	56,73
CsHsp40-01	1	GRMZM2G135655_T01	10	5,7197	0,6019	0,10523	44
CsHsp40-02	1	GRMZM2G119745_T01	2	2,4091	0,4922	0,20431	18,53
CsHsp40-03	1	GRMZM2G048434_T07	1	2,7187	0,2713	0,09979	20,91
CsHsp40-03	1	GRMZM2G164475_T01	3	3,5065	0,2786	0,07945	26,97
CsHsp40-04	1	GRMZM2G130127_T01	10	9,8399	0,4523	0,04597	75,69
CsHsp40-04	1	GRMZM2G302883_T01	10	5,8859	0,4391	0,0746	45,28
CsHsp40-04	1	GRMZM2G012879_T01	10	6,1062	0,4396	0,07199	46,97
CsHsp40-04	1	GRMZM2G047889_T01	10	6,4375	0,4461	0,0693	49,52
CsHsp40-04	1	GRMZM2G170027_T01	10	5,454	0,4452	0,08163	41,95
CsHsp40-07	1	GRMZM2G124644_T01	4	55,865	0,3538	0,00633	429,73
CsHsp40-08	1	GRMZM2G119316_T02	8	59,007	0,33	0,00559	453,9
CsHsp40-08	1	GRMZM2G137495_T01	5	56,325	0,353	0,00627	433,27
CsHsp40-08	1	GRMZM2G119316_T01	8	58,979	0,3299	0,00559	453,68
CsHsp40-08	1	GRMZM2G039886_T01	6	59,784	0,3405	0,0057	459,88
CsHsp40-08	1	GRMZM2G372870_T02	8	8,7644	0,3759	0,04289	67,42
CsHsp40-08	1	GRMZM2G372870_T01	8	8,7644	0,3759	0,04289	67,42
CsHsp40-08	1	GRMZM2G171187_T02	10	58,93	0,3794	0,00644	453,31
CsHsp40-08	1	GRMZM2G119483_T01	8	8,6433	0,3731	0,04317	66,49

EK 19' un devamı;

CsHsp40-08	1	GRMZM5G835677_T02	3	11,314	0,3946	0,03488	87,03
CsHsp40-08	1	GRMZM5G835677_T01	3	25,792	0,416	0,01613	198,4
CsHsp40-09	1	GRMZM2G156033_T02	3	2,2703	0,2025	0,0892	17,46
CsHsp40-09	1	GRMZM2G156033_T01	3	5,0195	0,1792	0,0357	38,61
CsHsp40-10	1	GRMZM2G048434_T07	1	1,8555	0,217	0,11695	14,27
CsHsp40-10	1	GRMZM2G164475_T01	3	3,6988	0,241	0,06516	28,45
CsHsp40-11	1	GRMZM2G048611_T02	8	55,041	0,3232	0,00587	423,39
CsHsp40-11	1	GRMZM2G048611_T01	8	55,027	0,3231	0,00587	423,28
CsHsp40-11	1	GRMZM2G064031_T02	3	54,998	0,3163	0,00575	423,06
CsHsp40-11	1	GRMZM2G064031_T01	3	54,985	0,0058	0,00011	422,96
CsHsp40-12	1	GRMZM2G049288_T01	9	3,3208	0,1844	0,05553	25,54
CsHsp40-12	1	GRMZM2G001895_T01	1	3,6776	0,1707	0,04642	28,29
CsHsp40-12	1	GRMZM2G367023_T01	1	3,5939	0,2641	0,07349	27,65
CsHsp40-15	1	GRMZM2G703555_T01	1	7,1967	0,1129	0,01569	55,36
CsHsp40-15	1	GRMZM2G703555_T02	1	6,4268	0,1441	0,02242	49,44
CsHsp40-16	1	GRMZM2G703555_T01	1	6,1515	0,1222	0,01987	47,32
CsHsp40-16	1	GRMZM2G703555_T02	1	5,8815	0,1577	0,02681	45,24
CsHsp40-17	1	GRMZM2G134917_T01	1	2,468	0,0597	0,02419	18,98
CsHsp40-17	1	GRMZM2G028218_T02	5	25,479	0,0688	0,0027	195,99
CsHsp40-17	1	GRMZM2G028218_T01	5	29,879	0,0674	0,00226	229,84
CsHsp40-17	1	GRMZM2G364069_T01	1	2,6333	0,0767	0,02913	20,26
CsHsp40-17	1	GRMZM2G134980_T02	5	3,8423	0,074	0,01926	29,56
CsHsp40-17	1	GRMZM2G134980_T01	5	3,8423	0,074	0,01926	29,56

EK 19' un devamı;

CsHsp40-17	1	GRMZM2G118731_T01	5	14,099	0,1783	0,01265	108,46
CsHsp40-17	1	GRMZM2G134980_T03	5	2,7184	0,0908	0,0334	20,91
CsHsp40-17	1	GRMZM2G433854_T01	2	47,526	0,1981	0,00417	365,58
CsHsp40-17	1	GRMZM2G354746_T01	9	52,403	0,1621	0,00309	403,1
CsHsp40-17	1	GRMZM2G042133_T01	1	3,3833	0,1811	0,05353	26,03
CsHsp40-17	1	GRMZM2G434839_T01 (9	55,801	0,3431	0,00615	429,24
CsHsp40-17	1	GRMZM2G063238_T01	2	4,4659	0,3568	0,07989	34,35
CsHsp40-17	1	GRMZM2G029079_T01	2	55,602	0,284	0,00511	427,71
CsHsp40-17	1	GRMZM2G337845_T01	2	3,4373	0,1023	0,02976	26,44
CsHsp40-17	1	GRMZM2G056988_T03	5	7,8851	0,3537	0,04486	60,65
CsHsp40-17	1	GRMZM2G004276_T02	6	7,193	0,3628	0,05044	55,33
CsHsp40-17	1	GRMZM2G400352_T02	1	7,5254	0,3594	0,04776	57,89
CsHsp40-17	1	GRMZM2G016281_T01	1	52,506	0,3161	0,00602	403,89
CsHsp40-17	1	GRMZM2G346863_T01	2	55,203	0,0866	0,00157	424,64
CsHsp40-17	1	GRMZM5G844262_T01	6	54,219	0,429	0,00791	417,07
CsHsp40-17	1	GRMZM2G042605_T01	2	3,0514	0,3516	0,11523	23,47
CsHsp40-18	2	GRMZM2G087758_T01	6	7,1406	0,3673	0,05144	54,93
CsHsp40-18	2	GRMZM2G087758_T03	6	11,685	0,3277	0,02804	89,89
CsHsp40-20	2	GRMZM2G029546_T02	6	5,3359	0,2995	0,05613	41,05
CsHsp40-20	2	GRMZM2G029546_T03	6	5,3715	0,3157	0,05877	41,32
CsHsp40-20	2	GRMZM2G059801_T01	3	8,9791	0,3187	0,03549	69,07
CsHsp40-21	2	GRMZM2G119722_T02	8	4,7362	0,2186	0,04616	36,43
CsHsp40-21	2	GRMZM2G119722_T01	8	4,7359	0,2186	0,04616	36,43

EK 19' un devamı;

CsHsp40-21	2	GRMZM2G119722_T03	8	4,7363	0,2186	0,04615	36,43
CsHsp40-21	2	GRMZM2G175089_T01	6	3,3002	0,2232	0,06763	25,39
CsHsp40-21	2	GRMZM2G175089_T03	6	3,3003	0,2232	0,06763	25,39
CsHsp40-21	2	GRMZM2G469901_T01	8	4,7734	0,2262	0,04739	36,72
CsHsp40-21	2	GRMZM2G141784_T01	1	8,9272	0,3952	0,04427	68,67
CsHsp40-21	2	GRMZM2G168397_T01	7	12,513	0,3937	0,03146	96,26
CsHsp40-21	2	GRMZM2G175089_T04	6	2,4477	0,241	0,09846	18,83
CsHsp40-21	2	GRMZM2G175089_T02	6	3,992	0,2119	0,05308	30,71
CsHsp40-21	2	GRMZM2G119566_T01	5	50,1	0,4413	0,00881	385,38
CsHsp40-21	2	GRMZM2G141784_T03	1	51,726	0,3782	0,00731	397,89
CsHsp40-21	2	GRMZM2G141784_T02	1	5,0496	0,4744	0,09395	38,84
CsHsp40-24	2	GRMZM2G129700_T01	5	5,8709	0,406	0,06915	45,16
CsHsp40-24	2	GRMZM2G129700_T04	5	5,8708	0,406	0,06916	45,16
CsHsp40-24	2	GRMZM2G129700_T02	5	7,7852	0,4107	0,05275	59,89
CsHsp40-24	2	GRMZM2G008061_T03	7	3,6574	0,4155	0,11361	28,13
CsHsp40-29	2	GRMZM2G039886_T01	6	11,236	0,1607	0,0143	86,43
CsHsp40-29	2	GRMZM2G119316_T02	8	8,0344	0,1895	0,02359	61,8
CsHsp40-29	2	GRMZM2G119316_T01	8	8,0352	0,1895	0,02358	61,81
CsHsp40-29	2	GRMZM2G137495_T01	5	5,4641	0,2194	0,04015	42,03
CsHsp40-29	2	GRMZM5G835677_T02	3	7,8073	0,254	0,03253	60,06
CsHsp40-29	2	GRMZM2G372870_T02	8	7	0,2661	0,03801	53,85
CsHsp40-29	2	GRMZM2G372870_T01	8	6,9998	0,2661	0,03802	53,84
CsHsp40-29	2	GRMZM2G119483_T01	8	56,249	0,2807	0,00499	432,68

EK 19' un devamı;

CsHsp40-29	2	GRMZM2G171187_T02	10	55,711	0,3415	0,00613	428,55
CsHsp40-31	3	GRMZM2G125617_T01	1	2,8406	0,2327	0,08192	21,85
CsHsp40-34	3	GRMZM2G007871_T01	2	2,7596	0,1694	0,06139	21,23
CsHsp40-34	3	GRMZM2G167868_T01	10	2,8826	0,1083	0,03757	22,17
CsHsp40-34	3	GRMZM2G007871_T02	2	3,677	0,1587	0,04316	28,28
CsHsp40-34	3	GRMZM2G009346_T01	10	7,3083	0,2776	0,03798	56,22
CsHsp40-35	3	GRMZM2G116693_T01	2	8,2714	0,2386	0,02885	63,63
CsHsp40-35	3	AC191253.3_FGT004	9	54,126	0,3534	0,00653	416,36
CsHsp40-35	3	AC197056.3_FGT005	2	50,969	0,4697	0,00922	392,07
CsHsp40-38	3	GRMZM5G898471_T01	9	9,2429	0,3993	0,0432	71,1
CsHsp40-39	3	GRMZM2G137495_T01	5	51,332	0,3818	0,00744	394,86
CsHsp40-39	3	GRMZM2G119316_T02	8	39,022	0,3429	0,00879	300,17
CsHsp40-39	3	GRMZM2G119316_T01	8	41,002	0,3428	0,00836	315,4
CsHsp40-39	3	GRMZM2G039886_T01	6	43,423	0,3452	0,00795	334,02
CsHsp40-39	3	GRMZM2G372870_T02	8	5,3584	0,376	0,07017	41,22
CsHsp40-39	3	GRMZM2G372870_T01	8	5,3579	0,376	0,07018	41,21
CsHsp40-39	3	GRMZM2G119483_T01	8	52,811	0,3872	0,00733	406,24
CsHsp40-40	3	GRMZM2G157588_T01	3	5,067	0,3839	0,07576	38,98
CsHsp40-42	3	GRMZM2G075485_T01	4	5,2501	0,2547	0,04851	40,39
CsHsp40-42	3	GRMZM2G129987_T01	5	4,175	0,2456	0,05883	32,12
CsHsp40-42	3	GRMZM2G075485_T02	4	7,2813	0,3161	0,04341	56,01
CsHsp40-42	3	GRMZM2G090689_T01	5	5,6159	0,3044	0,0542	43,2
CsHsp40-42	3	GRMZM2G006753_T02	3	6,186	0,266	0,043	47,58

EK 19' un devamı;

CsHsp40-42	3	GRMZM2G088440_T01	2	3,5282	0,3175	0,08999	27,14
CsHsp40-43	3	GRMZM2G075485_T01	4	4,2953	0,1952	0,04545	33,04
CsHsp40-43	3	GRMZM2G075485_T02	4	4,306	0,1976	0,04589	33,12
CsHsp40-43	3	GRMZM2G129987_T01	5	2,7149	0,1821	0,06707	20,88
CsHsp40-43	3	GRMZM2G088440_T01	2	3,5282	0,3175	0,08999	27,14
CsHsp40-43	3	GRMZM2G090689_T01	5	3,4682	0,2088	0,0602	26,68
CsHsp40-45	3	GRMZM2G438895_T01	6	9,6333	0,8547	0,08872	74,1
CsHsp40-45	3	GRMZM2G438895_T02	6	8,3217	0,871	0,10467	64,01
CsHsp40-45	3	GRMZM2G316635_T02	3	13,068	0,8942	0,06843	100,52
CsHsp40-45	3	GRMZM2G438895_T03	6	9,611	0,8557	0,08903	73,93
CsHsp40-45	3	GRMZM2G316635_T03	3	14,077	0,9242	0,06565	108,29
CsHsp40-45	3	GRMZM2G158872_T01	2	15,231	0,8395	0,05512	117,16
CsHsp40-46	3	GRMZM2G171187_T02	10	11,603	0,2231	0,01923	89,26
CsHsp40-46	3	GRMZM2G137495_T01	5	55,28	0,3063	0,00554	425,23
CsHsp40-46	3	GRMZM2G119316_T02	8	57,881	0,2723	0,0047	445,24
CsHsp40-46	3	GRMZM2G119316_T01	8	57,899	0,2724	0,0047	445,38
CsHsp40-46	3	GRMZM2G372870_T02	8	52,822	0,3394	0,00643	406,32
CsHsp40-46	3	GRMZM2G372870_T01	8	52,826	0,3393	0,00642	406,35
CsHsp40-46	3	GRMZM5G835677_T02	3	51,591	0,3711	0,00719	396,85
CsHsp40-46	3	GRMZM2G119483_T01	8	31,461	0,3564	0,01133	242
CsHsp40-46	3	GRMZM2G047153_T01	1	52,316	0,338	0,00646	402,43
CsHsp40-46	3	GRMZM2G069603_T01	4	5,3571	0,3765	0,07028	41,21
CsHsp40-46	3	GRMZM2G039886_T01	6	40,726	0,2703	0,00664	313,28

EK 19' un devamı;

CsHsp40-46	3	GRMZM5G835677_T01	3	4,7483	0,4163	0,08767	36,53
CsHsp40-47	3	GRMZM2G171187_T02	10	9,4027	0,2651	0,02819	72,33
CsHsp40-47	3	GRMZM2G119316_T01	8	53,174	0,3453	0,00649	409,03
CsHsp40-47	3	GRMZM2G119316_T02	8	54,076	0,3427	0,00634	415,97
CsHsp40-47	3	GRMZM2G137495_T01	5	55,552	0,3747	0,00675	427,32
CsHsp40-47	3	GRMZM2G039886_T01	6	55,128	0,3394	0,00616	424,06
CsHsp40-47	3	GRMZM2G372870_T02	8	52,278	0,4037	0,00772	402,14
CsHsp40-47	3	GRMZM2G372870_T01	8	52,271	0,4036	0,00772	402,08
CsHsp40-47	3	GRMZM2G119483_T01	8	16,867	0,4186	0,02482	129,74
CsHsp40-47	3	GRMZM2G047153_T01	1	50,414	0,3799	0,00754	387,8
CsHsp40-47	3	GRMZM5G835677_T02	3	51,111	0,4473	0,00875	393,16
CsHsp40-47	3	GRMZM5G835677_T01	3	4,749	0,4163	0,08766	36,53
CsHsp40-48	3	GRMZM2G072300_T01	5	3,9741	0,259	0,06517	30,57
CsHsp40-48	3	GRMZM2G072300_T02	5	3,9741	0,259	0,06517	30,57
CsHsp40-51	4	GRMZM2G536644_T01	5	9,4116	0,2398	0,02548	72,4
CsHsp40-51	4	GRMZM2G054076_T02	4	8,7826	0,2531	0,02882	67,56
CsHsp40-51	4	GRMZM2G054076_T01	4	8,7917	0,253	0,02878	67,63
CsHsp40-51	4	GRMZM2G536644_T02	5	5,5024	0,2432	0,0442	42,33
CsHsp40-51	4	GRMZM2G091811_T01	4	51,233	0,4745	0,00926	394,1
CsHsp40-51	4	GRMZM5G856084_T01	10	52,115	0,4686	0,00899	400,88
CsHsp40-52	4	GRMZM2G159720_T01	10	7,0585	0,5398	0,07648	54,3
CsHsp40-52	4	AC235541.1_FGT002	2	6,5331	0,5356	0,08198	50,25
CsHsp40-53	4	GRMZM2G003635_T01	1	2,7557	0,3232	0,11728	21,2

EK 19' un devamı;

CsHsp40-53	4	GRMZM2G104045_T01	3	2,9365	0,3217	0,10955	22,59
CsHsp40-53	4	GRMZM2G138511_T01	5	51,32	0,6386	0,01244	394,77
CsHsp40-53	4	GRMZM2G003635_T02	1	49,85	0,4728	0,00948	383,46
CsHsp40-54	4	GRMZM2G091811_T01	4	6,4398	0,2007	0,03117	49,54
CsHsp40-54	4	GRMZM5G856084_T01	10	6,6226	0,1961	0,02961	50,94
CsHsp40-54	4	GRMZM2G536644_T01	5	49,817	0,4182	0,00839	383,21
CsHsp40-54	4	GRMZM2G054076_T02	4	49,653	0,4395	0,00885	381,95
CsHsp40-54	4	GRMZM2G013934_T01	9	52,188	0,3864	0,0074	401,45
CsHsp40-54	4	GRMZM5G851710_T01	6	51,521	0,4104	0,00797	396,31
CsHsp40-54	4	GRMZM2G054076_T01	4	49,744	0,4422	0,00889	382,64
CsHsp40-54	4	GRMZM2G536644_T02	5	52,685	0,4602	0,00874	405,27
CsHsp40-54	4	GRMZM2G040561_T02	1	52,901	0,6107	0,01154	406,93
CsHsp40-55	4	GRMZM2G091811_T01	4	46,53	0,1946	0,00418	357,92
CsHsp40-55	4	GRMZM5G856084_T01	10	48,815	0,1963	0,00402	375,5
CsHsp40-55	4	GRMZM2G536644_T01	5	49,943	0,4205	0,00842	384,17
CsHsp40-55	4	GRMZM2G054076_T02	4	49,742	0,4377	0,0088	382,63
CsHsp40-55	4	GRMZM2G013934_T01	9	53,094	0,3937	0,00742	408,42
CsHsp40-55	4	GRMZM5G851710_T01	6	51,811	0,4062	0,00784	398,55
CsHsp40-57	4	AC207652.3_FGT001	3	8,2662	0,7287	0,08815	63,59
CsHsp40-58	4	GRMZM2G049373_T01	3	50,011	0,5942	0,01188	384,7
CsHsp40-60	4	GRMZM2G141784_T01	1	7,0102	0,2212	0,03155	53,92
CsHsp40-60	4	GRMZM2G168397_T01	7	5,4786	0,2166	0,03954	42,14
CsHsp40-60	4	GRMZM2G119566_T01	5	49,421	0,3991	0,00808	380,16

EK 19' un devamı;

CsHsp40-60	4	GRMZM2G119722_T02	8	52,44	0,3441	0,00656	403,38
CsHsp40-60	4	GRMZM2G119722_T01	8	52,44	0,3441	0,00656	403,38
CsHsp40-60	4	GRMZM2G119722_T03	8	52,44	0,3441	0,00656	403,38
CsHsp40-60	4	GRMZM2G175089_T01	6	52,469	0,3431	0,00654	403,61
CsHsp40-60	4	GRMZM2G175089_T03	6	52,469	0,3431	0,00654	403,61
CsHsp40-60	4	GRMZM2G469901_T01	8	53,43	0,3435	0,00643	411
CsHsp40-60	4	GRMZM2G141784_T02	1	4,8126	0,3023	0,06281	37,02
CsHsp40-60	4	GRMZM2G175089_T02	6	11,454	0,3039	0,02653	88,11
CsHsp40-60	4	GRMZM2G141784_T03	1	27,995	0,1631	0,00583	215,34
CsHsp40-62	4	GRMZM2G343149_T01	10	46,088	0,473	0,01026	354,52
CsHsp40-63	4	GRMZM2G140070_T01	5	4,9448	0,2157	0,04362	38,04
CsHsp40-63	4	GRMZM2G005753_T04	3	12,341	0,3039	0,02463	94,93
CsHsp40-63	4	GRMZM2G005753_T03	3	18,127	0,3139	0,01732	139,43
CsHsp40-63	4	GRMZM2G005753_T02	3	51,598	0,2557	0,00496	396,9
CsHsp40-64	5	GRMZM2G125072_T01	6	53,025	0,4392	0,00828	407,88
CsHsp40-66	5	GRMZM2G005753_T04	3	4,2172	0,1044	0,02476	32,44
CsHsp40-66	5	GRMZM2G005753_T03	3	3,4091	0,1096	0,03215	26,22
CsHsp40-66	5	GRMZM2G140070_T01	5	56,984	0,2973	0,00522	438,34
CsHsp40-66	5	GRMZM2G005753_T02	3	2,5456	0,1175	0,04616	19,58
CsHsp40-66	5	GRMZM2G009683_T01	6	56,429	0,4049	0,00718	434,07
CsHsp40-68	5	GRMZM2G137495_T01	5	9,8715	0,2858	0,02895	75,93
CsHsp40-68	5	GRMZM2G119316_T02	8	22,721	0,2861	0,01259	174,78
CsHsp40-68	5	GRMZM2G039886_T01	6	18,126	0,274	0,01512	139,43

EK 19' un devamı;

CsHsp40-68	5	GRMZM2G119316_T01	8	21,889	0,2842	0,01298	168,38
CsHsp40-68	5	GRMZM5G835677_T02	3	27,043	0,3641	0,01346	208,02
CsHsp40-68	5	GRMZM2G171187_T02	10	22,263	0,3212	0,01443	171,26
CsHsp40-68	5	GRMZM2G372870_T02	8	15,361	0,3594	0,0234	118,16
CsHsp40-68	5	GRMZM2G372870_T01	8	15,372	0,3594	0,02338	118,25
CsHsp40-68	5	GRMZM2G119483_T01	8	17,777	0,3615	0,02034	136,74
CsHsp40-68	5	GRMZM5G835677_T01	3	22,873	0,4071	0,0178	175,94
CsHsp40-69	5	GRMZM2G005753_T04	3	6,3874	0,1485	0,02325	49,13
CsHsp40-69	5	GRMZM2G005753_T03	3	5,44	0,1538	0,02827	41,85
CsHsp40-69	5	GRMZM2G140070_T01	5	59,153	0,3364	0,00569	455,03
CsHsp40-69	5	GRMZM2G005753_T02	3	4,2888	0,1293	0,03015	32,99
CsHsp40-69	5	GRMZM2G009683_T01	6	58,432	0,4258	0,00729	449,48
CsHsp40-70	5	GRMZM2G364069_T01	1	2,5634	0,0666	0,02598	19,72
CsHsp40-70	5	GRMZM2G134980_T02	5	2,4499	0,0692	0,02825	18,85
CsHsp40-70	5	GRMZM2G134980_T01	5	2,4499	0,0692	0,02825	18,85
CsHsp40-70	5	GRMZM2G134917_T01	1	2,3646	0,0643	0,02719	18,19
CsHsp40-70	5	GRMZM2G028218_T01	5	2,7175	0,0806	0,02966	20,9
CsHsp40-70	5	GRMZM2G028218_T02	5	2,6666	0,0738	0,02768	20,51
CsHsp40-70	5	GRMZM2G118731_T01	5	8,2234	0,1756	0,02135	63,26
CsHsp40-70	5	GRMZM2G134980_T03	5	2,0534	0,0889	0,04329	15,8
CsHsp40-70	5	GRMZM2G433854_T01	2	3,3688	0,2034	0,06038	25,91
CsHsp40-70	5	GRMZM2G354746_T01	9	48,209	0,1714	0,00356	370,84
CsHsp40-70	5	GRMZM2G434839_T01	9	3,6929	0,3682	0,0997	28,41

EK 19' un devamı;

CsHsp40-70	5	GRMZM2G042133_T01	1	2,7772	0,1957	0,07047	21,36
CsHsp40-70	5	GRMZM2G063238_T01	2	2,8549	0,3586	0,12561	21,96
CsHsp40-70	5	GRMZM2G029079_T01	2	53,492	0,3251	0,00608	411,47
CsHsp40-70	5	GRMZM2G337845_T01	2	2,5156	0,1182	0,04699	19,35
CsHsp40-70	5	GRMZM2G056988_T03	5	4,1137	0,3565	0,08666	31,64
CsHsp40-70	5	GRMZM2G004276_T02	6	3,8863	0,3656	0,09407	29,89
CsHsp40-70	5	GRMZM2G400352_T02	1	4,5337	0,3621	0,07987	34,87
CsHsp40-70	5	GRMZM2G016281_T01	1	53,753	0,3202	0,00596	413,48
CsHsp40-70	5	GRMZM2G346863_T01	2	25,838	0,0993	0,00384	198,75
CsHsp40-70	5	GRMZM5G844262_T01	6	53,421	0,4355	0,00815	410,93
CsHsp40-75	6	GRMZM2G138511_T01	5	3,6208	0,4731	0,13066	27,85
CsHsp40-76	6	GRMZM2G119566_T01	5	7,1033	0,2423	0,03411	54,64
CsHsp40-76	6	GRMZM2G141784_T01	1	49,812	0,4322	0,00868	383,17
CsHsp40-76	6	GRMZM2G168397_T01	7	54,086	0,3694	0,00683	416,04
CsHsp40-76	6	GRMZM2G119722_T02	8	54,695	0,3916	0,00716	420,73
CsHsp40-76	6	GRMZM2G119722_T01	8	54,695	0,3916	0,00716	420,73
CsHsp40-76	6	GRMZM2G119722_T03	8	54,695	0,3916	0,00716	420,73
CsHsp40-76	6	GRMZM2G175089_T03	6	54,132	0,4011	0,00741	416,4
CsHsp40-76	6	GRMZM2G175089_T01	6	54,132	0,4011	0,00741	416,4
CsHsp40-78	6	GRMZM2G382106_T01	7	7,4076	0,2425	0,03274	56,98
CsHsp40-81	6	GRMZM2G341404_T01	8	6,1087	0,2456	0,04021	46,99
CsHsp40-84	6	GRMZM2G119316_T02	8	24,125	0,1374	0,0057	185,57
CsHsp40-84	6	GRMZM2G119316_T01	8	23,806	0,1375	0,00578	183,12

EK 19' un devamı;

CsHsp40-84	6	GRMZM2G137495_T01	5	42,588	0,1729	0,00406	327,6
CsHsp40-84	6	GRMZM2G372870_T02	8	48,197	0,216	0,00448	370,75
CsHsp40-84	6	GRMZM2G372870_T01	8	48,197	0,216	0,00448	370,75
CsHsp40-84	6	GRMZM5G835677_T02	3	48,486	0,2249	0,00464	372,97
CsHsp40-84	6	GRMZM2G039886_T01	6	35,545	0,122	0,00343	273,43
CsHsp40-84	6	GRMZM5G835677_T01	3	14,497	0,2526	0,01742	111,52
CsHsp40-84	6	GRMZM2G119483_T01	8	50,817	0,2703	0,00532	390,9
CsHsp40-88	7	GRMZM2G100360_T01	5	56,589	0,1808	0,0032	435,3
CsHsp40-88	7	GRMZM5G879665_T01	1	54,565	0,2033	0,00373	419,73
CsHsp40-88	7	GRMZM2G019363_T02	7	19,532	0,2332	0,01194	150,25
CsHsp40-94	7	GRMZM2G063972_T01	10	55,305	0,3161	0,00572	425,42
CsHsp40-96	7	GRMZM2G086964_T02	8	43,366	0,1405	0,00324	333,58
CsHsp40-96	7	GRMZM2G129218_T01	6	56,95	0,1357	0,00238	438,08
CsHsp40-96	7	GRMZM2G086964_T01	8	54,651	0,1787	0,00327	420,39
CsHsp40-96	7	GRMZM2G108259_T01	8	5,884	0,2864	0,04867	45,26
CsHsp40-96	7	GRMZM2G086964_T03	8	23,011	0,1403	0,0061	177,01
CsHsp40-96	7	GRMZM2G108259_T02	8	4,7365	0,3059	0,06458	36,43
CsHsp40-97	7	GRMZM2G010000_T01	1	47,257	0,3744	0,00792	363,52
CsHsp40-97	7	GRMZM2G010000_T04	1	46,865	0,3452	0,00737	360,5
CsHsp40-97	7	GRMZM2G010000_T03	1	47,619	0,3704	0,00778	366,3
CsHsp40-97	7	GRMZM2G010000_T02	1	47,619	0,3704	0,00778	366,3
CsHsp40-97	7	GRMZM2G031637_T01	9	47,438	0,3974	0,00838	364,9
CsHsp40-97	7	GRMZM2G113036_T01	7	47,108	0,4232	0,00898	362,37

EK 19' un devamı;

CsHsp40-97	7	GRMZM5G855808_T01	2	46,33	0,4509	0,00973	356,38
CsHsp40-97	7	GRMZM2G029609_T01	10	45,872	0,4654	0,01015	352,86
CsHsp40-98	7	GRMZM2G153068_T01	6	52,375	0,2706	0,00517	402,89
CsHsp40-98	7	GRMZM2G118316_T01	10	8,1873	0,3755	0,04586	62,98
CsHsp40-98	7	GRMZM2G473367_T01	6	51,892	0,4505	0,00868	399,17
CsHsp40-99	7	GRMZM2G118316_T01	10	7,4462	0,4228	0,05678	57,28
CsHsp40-99	7	GRMZM2G153068_T01	6	54,547	0,351	0,00643	419,6
CsHsp40-99	7	GRMZM2G473367_T01	6	52,028	0,495	0,00951	400,21
Ortalama				25,33	0,315	0,0328	194,85

EK 20

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Aegilops tauschii</i>					
ata-miR166a-5p	CsHsp40-72	2,5	11.114	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAG	CUUGAACCAGACAUCAUUUU
<i>Arabidopsis lyrata</i>					
aly-miR847-3p	CsHsp40-06	3,00	13.688	UCACUCCUCUUCUU-CAUGAUG	UGUCAUGGAAGAGGAGGAGUGG
aly-miR472-5p	CsHsp40-12	3,00	15.314	AUGGUCGAAGUAGGCAAAAU	AUUUCGGCUGCUUCGAUCAU
aly-miR4221	CsHsp40-28	3,00	12.399	AAGAGUUCAAAAGUAGUGAAG	CUUUACUAAUUUUGAUCUCUU
aly-miR159b-5p	CsHsp40-72	3,00	24.328	GAGCUCCUUGAAGUUCAAUG	UAUGGAACUACAAGGGGCUC
aly-miR393a-3p	CsHsp40-76	3,00	17.311	AUCAUGCUAUCUCUUUGGAUU	AAUCCAGAGAGAUUACAUGAU
aly-miR393b-3p	CsHsp40-76	2,5	17.311	AUCAUGCUAUCUCUUUGGAUU	AAUCCAGAGAGAUUACAUGAU
aly-miR838-3p	CsHsp40-86	2,5	10.669	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	GAGCUAGAAGAGGAAGAAAA
aly-miR838-3p	CsHsp40-95	2,5	8.201	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	GAGGAAGAAGAAGAAGAGAA
aly-miR781-5p	CsHsp40-96	2,5	12.831	UUAGAGUUUCUGGAUACUU	AAGCAUCCAGAAAUUCUGG
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
ath-miR472-5p	CsHsp40-12	3.0	15.314	AUGGUCGAAGUAGGCAAAAU	AUUUCGGCUGCUUCGAUCAU
ath-miR414	CsHsp40-13	2.0	15.074	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGACGAUGACGAUGAAGAUGC
ath-miR848	CsHsp40-29	2,50	19.632	UGACAUGGGACUGCCUAAAGCU	AGCGUAGGCAGUCCAUGUCC
ath-miR5021	CsHsp40-36	3.0	9.979	UGAGAAGAAGAAGAAGAAAA	GUUUCUUCUUCUUUUUCUUC
ath-miR418	CsHsp40-57	2,50	11.525	UAAUGUGAUGAUGAACUGAC	GCCAGUUCAUCAUCGCAUUC
ath-miR5658	CsHsp40-57	2,50	22.509	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	AACAUCAUCAUUAUCAU
ath-miR8166	CsHsp40-61	3.0	15.282	AGAGAGUGUAGAAAGUUUCU	AGAGACUUUUUGGACUCUUU
ath-miR159b-5p	CsHsp40-72	3.0	24.328	GAGCUCCUUGAAGUUCAAUG	UAUGGAACUACAAGGGGCUC
ath-miR393a-3p	CsHsp40-76	3.0	17.311	AUCAUGCUAUCUCUUUGGAUU	AAUCCAGAGAGAUUACAUGAU
ath-miR393b-3p	CsHsp40-76	2,50	17.311	AUCAUGCUAUCUCUUUGGAUU	AAUCCAGAGAGAUUACAUGAU
ath-miR776	CsHsp40-85	3.0	14.53	UCUAAGUCUUCUAUUGAUGUU	AGUAUCAUUGGAUGAUUAGA
ath-miR836	CsHsp40-85	3.0	19.096	UCCUGUGUUCCUUUGAUGC	GCAUCAAAAGAAACAAGGGA

EK 20' nin devamı;

ath-miR781a	CsHsp40-96	2,50	12.831	UUAGAGUUUUCUGGAUACUU	AAGCAUCCAGAAAAUUCUGG
ath-miR781b	CsHsp40-96	2,50	12.831	UUAGAGUUUUCUGGAUACUU	AAGCAUCCAGAAAAUUCUGG
<i>Brachypodium distachyon</i>					
bdi-miR7721-3p	CsHsp40-30	3.0	11.363	AAAGUUUGGCAUAGAAUUCAA	UUGAGUUCUAGGCAAAAUUUU
bdi-miR9494	CsHsp40-34	3.0	9.782	UUCAUCACCUUCGUCUCCGU	GUGAAGACGAAGCUGAUGAA
bdi-miR166c-5p	CsHsp40-72	2,50	11.114	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAG	CUUGAACAGACAUCAUUUU
bdi-miR7776-3p.2	CsHsp40-79	2,50	20.868	UUGAAUAAUGGGUUGAAUGCG	CGCAUUCAAUCCUUGUCA
bdi-miR7757-5p.2	CsHsp40-80	3.0	20.838	CUUCCAUAUCAAUCAUCUCU	GGAGAAUUGUGCUAUGGAAG
<i>Carica papaya</i>					
cpa-miR8154	CsHsp40-51	3.0	5.551	CAGAGGAGGAGAUGAAGAGG	CCGCUUCAUCUCUUUCUCU
<i>Citrus sinensis</i>					
csi-miR172c	CsHsp40-61	3.0	20.641	UGGAAUCUUGAUGAUGCUGCAG	CAGCAGCAGCAUCAAUUUCUA
<i>Glycine max</i>					
gma-miR5035-5p	CsHsp40-11	3.0	17.797	CUUCUAAACAUUUUUUCCCU	UGGGAAAGAAUCUUUGGAAG
gma-miR482c-5p	CsHsp40-12	3.0	17.993	AUUUGUGGGAAUGGGCUGAUUGG	CUCGUCAGCUCAUUCUUACAAAG
gma-miR9748	CsHsp40-22	3.0	0.512	GAAGGAAGUGUAGAGGGAUGA	UCCUCCUUUUUCACUCCUUC
gma-miR5376	CsHsp40-29	3.0	15.253	UGAAGAUUUGAAGAAUUUGGG	UCUGAAUUCUUUGGAUUUCA
gma-miR4379	CsHsp40-39	2,50	14.709	UAGAGUGUAUACUGUGAGAG	CUCUAACAGGAUACACUCUG
gma-miR4343a	CsHsp40-58	2,50	17.728	AAAAAACUUACGGAUCAAGUUG	CGACUUGAUUCUUAAGUUUUUC
gma-miR169t	CsHsp40-80	2,50	17.74	UAGCCAAGGAUGGACUUGCCU	AGGCUGGUCAAUCCUUGGCUA
<i>Gossypium raimondii</i>					
gra-miR8663a	CsHsp40-04	2,50	13.157	UUUGAACUUGGCAACUUUUUUC	GGAGAAGGUUGCAGAGUUCAAA
gra-miR7494b	CsHsp40-36	3.0	10,03	AGAGGGAGAAGCAGAAGAGAAU	AGUUUCUUCUUCUUUUUCUUCU
gra-miR8677	CsHsp40-74	2,50	20.052	AAUGAAUCUAGGUUCUCUCUU	GAGCGAGCACUUAGAUUCAUU
gra-miR8780	CsHsp40-74	3.0	17.438	UUUGAUGAUGUGGCAACAAA	UUUUUUGUCAAAUCAUCAGA
gra-miR7504k	CsHsp40-82	3.0	14.646	UUUCUCCUGAUUUUUAGCAU	GUGCUNAAUGAUCUGGAGAAA

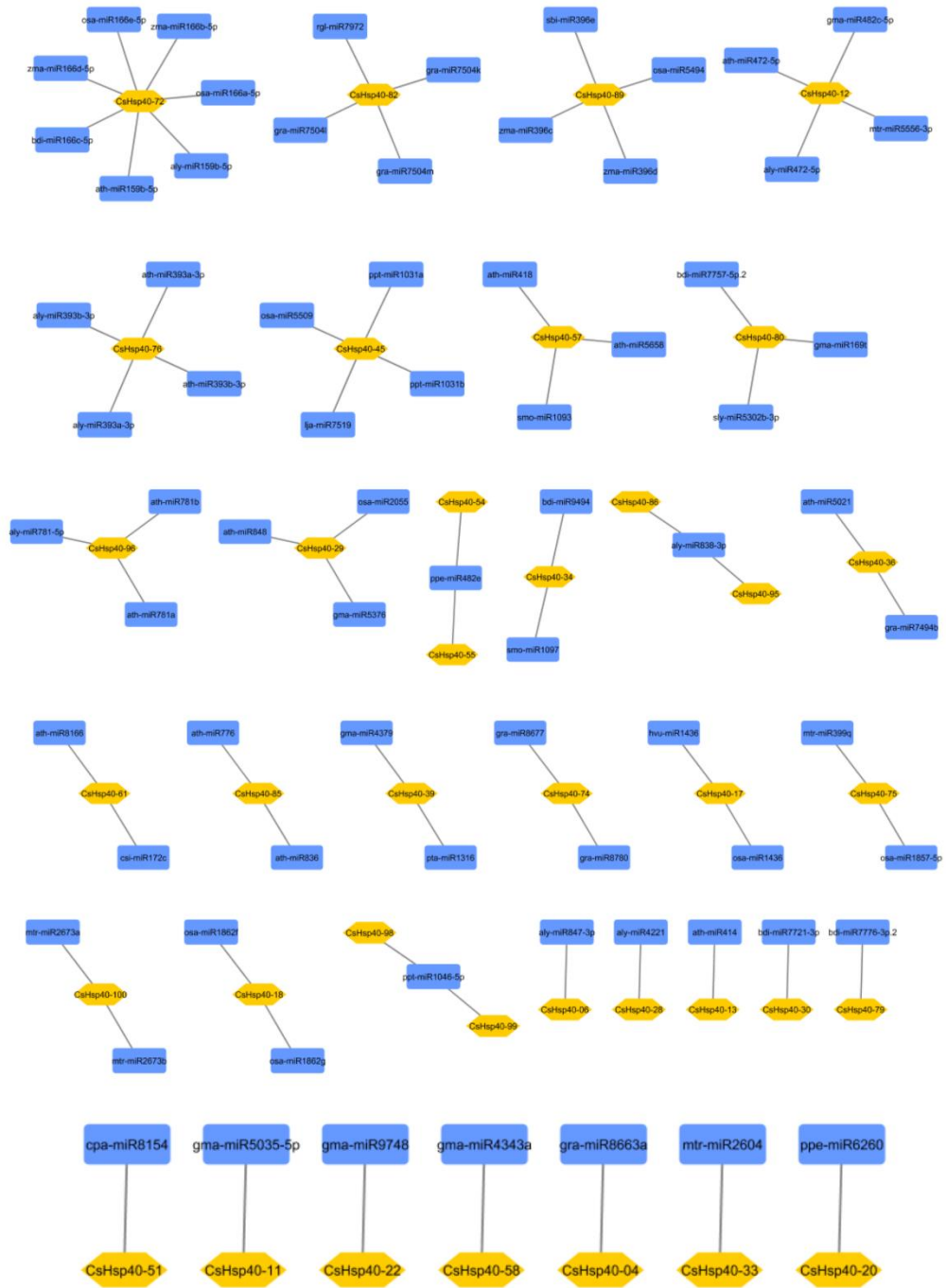
EK 20' nin devamı;

gra-miR7504l	CsHsp40-82	3.0	14.646	UUUCUCCUGAUUUUUAGCAU	GUGCUGAAUGAUCUGGAGAAA
gra-miR7504m	CsHsp40-82	3.0	14.646	UUUCUCCUGAUUUUUAGCAU	GUGCUGAAUGAUCUGGAGAAA
<i>Hordeum vulgare</i>					
hvu-miR1436	CsHsp40-17	3.0	18.614	ACAUAUAGGGACGGAGGGAGU	ACUUUCUCUGUCGCGUAAUGU
<i>Lotus japonicus</i>					
lja-miR7519	CsHsp40-45	3.0	13.976	CAAAUUUUCUAAGUGGGCUA	CAGCUCACUUGGAAAAUUUA
<i>Medicago truncatula</i>					
mtr-miR5556-3p	CsHsp40-12	2,50	20.81	UGAUGACGGAAGAAAUCCAA	UUGAAUUUCUUCAGUCAUUA
mtr-miR2604	CsHsp40-33	3.0	24.816	UAAUUUUUAUGUGGGAGUGU	ACAAUCCCUUAUAGAAUUA
mtr-miR399q	CsHsp40-75	2,50	19.254	UGCCAAAGGAGAGCUGCUCU	GGAGCAGCUUCCUUUGGUU
mtr-miR2673a	CsHsp40-100	1,50	22.736	CCUCUCCUCUCCUCUCC	GGGAGAGGAGGAGGAGGAGG
mtr-miR2673b	CsHsp40-100	1,50	22.736	CCUCUCCUCUCCUCUCC	GGGAGAGGAGGAGGAGGAGG
<i>Oryza sativa</i>					
osa-miR1436	CsHsp40-17	3.0	18.614	ACAUAUAGGGACGGAGGGAGU	ACUUUCUCUGUCGCGUAAUGU
osa-miR1862f	CsHsp40-18	3.0	17.558	AUGAGGUUGGUUUUUUUGG	CCAAAGUGAAGCAAUUUCAU
osa-miR1862g	CsHsp40-18	3.0	17.558	AUGAGGUUGGUUUUUUUGG	CCAAAGUGAAGCAAUUUCAU
osa-miR2055	CsHsp40-29	3.0	13.317	UUUCCUUGGGAAGGUGGUUU	AAAUCACUUUCCAGAGAAA
osa-miR5509	CsHsp40-45	3.0	17.32	UAGGCAUUUUCUCUUGGCAUG	CAUGCCAAGAGAAGGUGGCUG
osa-miR166a-5p	CsHsp40-72	2,50	11.114	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAG	CUUGAACCAGACAUCAUUUU
osa-miR166e-5p	CsHsp40-72	2,50	11.114	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAG	CUUGAACCAGACAUCAUUUU
osa-miR1857-5p	CsHsp40-75	3.0	22.326	UGGUUUUUUGGAGCAUGAGG	CUUCAUGGUCCAGAGGAACCA
osa-miR5494	CsHsp40-89	3.0	16.426	UUAUAGGAGGUAUAGACGGU	ACUGUUUGCACCUCUGUAA
<i>Physcomitrella patens</i>					
ppt-miR1031a	CsHsp40-45	3.0	12.739	UCAAUGCUCUCUGGAGCUUC	GGAGUACCAGAGAGCAUUGU
ppt-miR1031b	CsHsp40-45	3.0	12.739	UCAAUGCUCUCUGGAGCUUC	GGAGUACCAGAGAGCAUUGU
ppt-miR1046-5p	CsHsp40-98	3.0	15.038	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	UGUGAGAAAAAUGAAAUCUG

EK 20' nin devamı;

ppt-miR1046-5p	CsHsp40-99	3.0	15.038	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	UGUGAGAAAAAUGAAAUCUG
<i>Pinus taeda</i>					
pta-miR1316	CsHsp40-39	3.0	18.222	UCCAUCACAAACCAUUGGAA	UCCAUGAUUUGUUUAUGGG
<i>Prunus persica</i>					
ppe-miR6260	CsHsp40-20	2,50	4.625	UGGAGUGAG-AGAAUGGGAGGU	ACCUCCAUUCUUCUACUCCA
ppe-miR482e	CsHsp40-54	2,50	16.727	UUGCCUAUUCUCCCAUGCC	GGCAUGGGAGGCAUGGGCGG
ppe-miR482e	CsHsp40-55	2,50	16.727	UUGCCUAUUCUCCCAUGCC	GGCAUGGGAGGCAUGGGCGG
<i>Rehmannia glutinosa</i>					
rgl-miR7972	CsHsp40-82	3.0	19.979	UUGUCAGGCUUGUUAUUCUC	GAGAAAGCCAAGUCUGACAA
<i>Selaginella moellendorffii</i>					
smo-miR1097	CsHsp40-34	3.0	24.774	UAGCCAUUGUUGUUGUUGGA	UCCAAGGACAAGGAUGGCUA
smo-miR1093	CsHsp40-57	2,50	18.553	UGGAGGUGUCGUUGCCAAGG	UCUUGGAAAUGAUACCUCCA
<i>Solanum lycopersicum</i>					
sly-miR5302b-3p	CsHsp40-80	3.0	23.081	UUUUCAACUAUAGCAUUAUUU	AAAUGAUGUUAUAGAUGAAGA
<i>Sorghum bicolor</i>					
sbi-miR396e	CsHsp40-89	3.0	19.765	UUCCACAGGCUUUCUUGAACU	GGUUCACAAAUCCUGUGGAA
<i>Zea mays</i>					
zma-miR166b-5p	CsHsp40-72	2,50	11.114	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAG	CUUGAACCAGACAUCAUUUU
zma-miR166d-5p	CsHsp40-72	2,50	11.114	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAG	CUUGAACCAGACAUCAUUUU
zma-miR396c	CsHsp40-89	3.0	19.765	UUCCACAGGCUUUCUUGAACU	GGUUCACAAAUCCUGUGGAA
zma-miR396d	CsHsp40-89	3.0	19.765	UUCCACAGGCUUUCUUGAACU	GGUUCACAAAUCCUGUGGAA

EK 21



EK 22**28 Cucumis Sativus Hsp60 Proteini Katalođu**

Protein Adı	Cucurbit Genome Veritabanı Tanımlayıcısı	Salatalık Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluđu (aa)	pI	Moleküler Ađırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı veya Kararsız	Filogeni Grubu	NCBI Eriřim No.
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiř Pozisyonu (bç)							
CsHsp60-01	Csa1M042650.1	Chr1	4,406,237	4,408,320	533	7,60	57604,04	34,31	stable	I	XP_004137492.1
CsHsp60-02	Csa1M166820.1	Chr1	10,404,124	10,407,681	863	6,20	97723,70	35,03	stable	Va	XP_011654499.1
CsHsp60-03	Csa1M255160.1	Chr1	12,486,362	12,491,541	546	5,93	59650,92	36,87	stable	II	KGN65154.1
CsHsp60-04	Csa1M597740.1	Chr1	22,722,378	22,731,239	503	5,96	54810,72	42,26	unstable	IVb	KGN66327.1
CsHsp60-05	Csa1M599450.1	Chr1	22,938,324	22,943,990	608	5,86	64786,27	31,00	stable	Vb	XP_004144069.1
CsHsp60-06	Csa1M600870.1	Chr1	23,273,811	23,279,861	562	6,26	60574,16	36,02	stable	II	XP_004144081.1
CsHsp60-07	Csa1M662800.1	Chr1	26,764,319	26,777,487	1794	5,68	200594,06	53,04	unstable	IVa	XP_011660241.1
CsHsp60-08	Csa1M701900.1	Chr1	28,421,606	28,427,725	606	6,33	64797,19	30,08	stable	Vb	XP_004145436.2
CsHsp60-09	Csa2M000330.1	Chr2	179,808	184,225	527	5,77	57189,15	30,26	stable	II	XP_004141061.1
CsHsp60-10	Csa2M099450.1	Chr2	7,340,394	7,350,341	545	5,81	59296,47	31,35	stable	II	XP_011649041.1

EK 22' nin devamı;

CsHsp60-11	Csa2M169720.1	Chr2	9,558,136	9,562,754	575	5,85	61205,57	24,87	stable	Vb	XP_004147171.1
CsHsp60-12	Csa2M169720.2	Chr2	9,558,136	9,562,754	444	4,99	47267,55	24,54	stable	Vb	XP_004147171.1
CsHsp60-13	Csa2M350200.1	Chr2	15,890,914	15,896,614	535	5,52	59225,25	41,73	unstable	I	XP_004142957.2
CsHsp60-14	Csa3M128890.1	Chr3	8,205,871	8,208,506	141	9,17	15081,62	34,50	stable	IVb	XP_004133964.1
CsHsp60-15	Csa3M843780.1	Chr3	34,078,394	34,089,448	545	5,44	58852,37	38,16	stable	III	XP_004141139.1
CsHsp60-16	Csa3M848280.1	Chr3	34,690,023	34,692,153	705	7,30	78570,73	32,02	stable	Va	XP_004146851.1
CsHsp60-17	Csa4M426760.1	Chr4	15,975,608	15,978,593	97	8,96	10693,58	26,59	stable	IVb	XP_004144325.1
CsHsp60-18	Csa5M607990.1	Chr5	23,165,640	23,170,572	189	5,41	20872,52	40,55	unstable	IVb	KGN51495.1
CsHsp60-19	Csa5M607990.2	Chr5	23,165,640	23,170,572	619	8,95	67078,67	34,97	stable	Vb	KGN52011.1
CsHsp60-20	Csa5M644550.1	Chr5	27,070,353	27,076,752	548	9,21	59376,91	35,85	stable	Vb	KGN52011.1
CsHsp60-21	Csa6M080390.1	Chr6	5,477,191	5,479,980	535	6,19	59079,02	31,75	stable	I	XP_004141501.1
CsHsp60-22	Csa6M147530.1	Chr6	10,198,210	10,201,773	133	8,91	14477,9	22,96	stable	IVb	XP_004145027.1
CsHsp60-23	Csa7M206930.1	Chr7	7,288,742	7,299,951	583	5,06	61437,35	30,78	stable	Vb	XP_004145754.1
CsHsp60-24	Csa7M332900.1	Chr7	11,781,733	11,786,733	1477	5,45	165062,22	48,76	unstable	IVa	KGN44142.1
CsHsp60-25	Csa7M448020.1	Chr7	18,194,737	18,204,785	572	5,79	61059,09	29,48	stable	Vb	XP_004139642.1
CsHsp60-26	Csa7M451310.1	Chr7	18,748,025	18,754,212	1823	5,20	203281,69	49,45	unstable	IVa	XP_011659601.1

EK 22' nin devamı;

CsHsp60-27	Csa7M451310.1	Chr7	18,748,025	18,754,212	570	6,05	60696,73	23,15	stable	Vb	XP_011659644.1
CsHsp60-28	CsaUNM018640.1	Scaffold	233,407	241,49	1747	5,92	196521,27	50,81	unstable	IVa	XP_011659841.1

EK 23

CsHsp60 proteinlerinin Blast2Go analiz detayları

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO: BİYOLOJİK SÜREÇ	GO: MOLEKÜLER FONKSİYON	GO: HÜCRE BİLEŞENİ
CsHsp60-01	T-complex 1 subunit delta	533	0,00E+00	97.15%	Protein katlanması	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	sitosol
CsHsp60-02	pentatricopeptide repeat-containing At2g13600-like isoform X1	863	0,00E+00	82.85%		Çinko iyonu bağlanması	
CsHsp60-03	T-complex 1 subunit gamma	546	0,00E+00	94.9%	Protein katlanması	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	sitosol
CsHsp60-04	20 kDa chloroplastic	503	0,00E+00	89.85%	süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif regülasyonu, kofaktör gerektiren chaperone aracılı protein katlanması: açılmayan yanıt	açılmamış protein bağlanması	kloroplast stroma, kloroplast zarfı
CsHsp60-05	chaperonin 60 subunit beta chloroplastic	608	0,00E+00	95.55%	protein katkısı	ATP bağlanması	sitoplazma
CsHsp60-06	T-complex 1 subunit eta	562	0,00E+00	98.05%	Protein katlanması	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	sitozolunda
CsHsp60-07	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1A-like	1794	0,00E+00	73.15%	fosfatidilinositol fosforilasyon	ATP bağlanması, fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi, metal iyonu bağlanması	
CsHsp60-08	chaperonin 60 subunit alpha chloroplastic isoform X1	606	0,00E+00	88%	protein katkısı	ATP bağlanması	sitoplazma
CsHsp60-09	T-complex 1 subunit beta	527	0,00E+00	98.15%	protein katlama	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	hücre duvarı, sitosol, plazma membranının bağlantılı bileşeni
CsHsp60-10	T-complex 1 subunit alpha	545	0,00E+00	97.3%	protein katlama	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	sitozolunda
CsHsp60-11	chaperonin CPN60-mitochondrial	575	0,00E+00	97.25%	protein katkısı	ATP bağlanması, bakır iyonu bağlanması	sitosolik ribozom, mitokondriyal matriks, vakuoller membran

EK 23' ün devamı;

CsHsp60-12	chaperonin CPN60-mitochondrial	444	0,00E+00	97.65%	protein katkısı	ATP bağlanması, bakır iyonu bağlanması	sitosolik ribozom, mitokondriyal matris
CsHsp60-13	T-complex 1 subunit epsilon	535	0,00E+00	98.2%	protein katlama	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	plazmozma, sitoplazma, plazma zarı
CsHsp60-14	10 kDa chaperonin	141	2.67E-97	84.45%	kofaktör gerektirmeyen chaperone aracılı protein katlanması, katlanmamış proteine cevap	metal iyonu bağlanması, şaperon bağlanması, açılmamış protein bağlanması	kloroplast, mitokondriyal matris
CsHsp60-15	T-complex 1 subunit theta	545	0,00E+00	95.65%	ulaştırmada pozitif düzenleme; protein katlama	ATP bağlanması, protein katlanmasıyla ilgili protein bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	plasmodesma, membran, sitosol
CsHsp60-16	pentatricopeptide repeat-containing At1g17630	705	0,00E+00	79.1%		hidrolaz aktivitesi	membranın integral bileşeni
CsHsp60-17	10 kDa chaperonin-like	97	6.1E-62	94.6%	kofaktör gerektirmeyen chaperone aracılı protein katlanması, katlanmamış proteine cevap	ATP bağlanması, metal iyonu bağlanması, şaperon bağlanması, açılmamış protein bağlanması	Mitokondriyal matriks
CsHsp60-18	10 kDa chaperonin-like	189	5.62E-135	94.05%	protein katlama		sitoplazma
CsHsp60-19	ru large subunit-binding subunit chloroplastic isoform X1	619	0,00E+00	89.55%	protein katkısı	ATP bağlanması	kloroplast stroma, kloroplast zarfı
CsHsp60-20	chaperonin 60 subunit beta chloroplastic	548	0,00E+00	89.85%	protein katkısı	ATP bağlanması	Kloroplast stroma, kloroplast zarf, membranın ayrılmaz bileşeni
CsHsp60-21	T-complex 1 subunit zeta 1	535	0,00E+00	98%	protein katlama	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	sitoplazma
CsHsp60-22	10 kDa chaperonin	133	2.38E-91	83.35%	kofaktör gerektirmeyen chaperone aracılı protein katlanması, katlanmamış proteine cevap	metal iyonu bağlanması, şaperon bağlanması	kloroplast, mitokondriyal matris
CsHsp60-23	ru large subunit-binding subunit alpha	583	0,00E+00	96.05%	tohum uyusukluğu, protein katlanması, kloroplast organizasyonu ile sonuçlanan embriyo gelişimi	ATP bağlanması	sitosolik ribozom, membran, apoplast, kloroplast zarfı, thylakoid

EK 23' ün devamı;

CsHsp60-24	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1D	1477	0,00E+00	73%	fosfatidilinositol fosforilasyon	ATP bağlanması, fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi	
CsHsp60-25	chaperonin CPN60-mitochondrial	572	0,00E+00	94.45%	protein katkısı	ATP bağlanması	mitokondri
CsHsp60-26	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1B	1823	0,00E+00	77.2%	hücrel bileşen organizasyonu, fosfatidilinositol fosforilasyon	ATP bağlanması, fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi, metal iyonu bağlanması	hücre içi zar-sınırlı organel, sitoplazmik kısım
CsHsp60-27	chaperonin CPN60-like mitochondrial	570	0,00E+00	92.1%	protein katkısı	ATP bağlanması	sitoplazma, membranın integral bileşeni
CsHsp60-28	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1C	1747	0,00E+00	77.65%	fosfatidilinositol metabolik süreç, fosforilasyon	fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi	

EK 24

Kromozom	Gen	Duplikasyon	E Deęeri	Homoloji (%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
Chr7	CsHsp60-25	CsHsp60-27	0.0	87%	6.187	12,0372	0,1939	0,0161	92,5938
Chr1	CsHsp60-08	CsHsp60-05	e-136	46%	5.666	50,8721	0,5515	0,0108	391,3238
Chr2	CsHsp60-11	CsHsp60-12	0.0	100%	4.618	23,8808	1,2496	0,0523	183,6985
Chr5	CsHsp60-19	CsHsp60-20	0.0	99%	4.932	47,9452	1,2501	0,0260	368,8092
Ortalama						33,68	0,8112	0,0263	259,11

EK 25

Gene 1	Lokasyon	Kro.	Gene 2	Lokasyon	Kro.	E Değeri	Homoloji(%)	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp60-01	4,406,237-4,408,320	Chr1	CsHsp60-13	15,890,914-15,896,614	Chr2	0.0	100%	57,4801	0,6564	0,01142	442,1546
CsHsp60-05	22,938,324-22,943,990	Chr1	CsHsp60-19	23,165,640-23,170,572	Chr5	0.0	64%	15,9677	0,2524	0,015807	122,8285
CsHsp60-05	22,938,324-22,943,990	Chr1	CsHsp60-20	23,165,640-23,170,572	Chr5	0.0	64%	16,4438	0,2595	0,015781	126,4908
CsHsp60-05	22,938,324-22,943,990	Chr1	CsHsp60-23	10,198,210-10,201,773	Chr6	e-152	52%	49,6576	0,4733	0,009531	381,9815
CsHsp60-07	26,764,319-26,777,487	Chr1	CsHsp60-26	18,194,737-18,204,785	Chr7	0.0	50%	3,5674	0,406	0,113808	27,4415
CsHsp60-08	28,421,606-28,427,725	Chr1	CsHsp60-23	10,198,210-10,201,773	Chr6	0.0	63%	29,3911	0,2951	0,01004	226,0854
CsHsp60-08	28,421,606-28,427,725	Chr1	CsHsp60-05	22,938,324-22,943,990	Chr1	e-136	46%	50,8710	0,5517	0,010845	391,3154
CsHsp60-08	28,421,606-28,427,725	Chr1	CsHsp60-19	23,165,640-23,170,572	Chr5	e-122	44%	52,0935	0,576	0,011057	400,7192
CsHsp60-08	28,421,606-28,427,725	Chr1	CsHsp60-11	9,558,136-9,562,754	Chr2	e-122	39%	9,2930	0,6597	0,070989	71,4846
CsHsp60-11	9,558,136-9,562,754	Chr2	CsHsp60-26	11,781,733-11,786,733	Chr7	0.0	87%	9,9432	1,1463	0,115285	76,4861
CsHsp60-11	9,558,136-9,562,754	Chr2	CsHsp60-12	9,558,136-9,562,754	Chr2	0.0	100%	0	0	0	0
CsHsp60-11	9,558,136-9,562,754	Chr2	CsHsp60-27	18,748,025-18,754,212	Chr7	0.0	69%	3,7787	0,1998	0,052875	29,0669
CsHsp60-12	9,558,136-9,562,754	Chr2	CsHsp60-25	11,781,733-11,786,733	Chr7	0.0	87%	4,3972	0,0681	0,015487	33,8246
CsHsp60-12	9,558,136-9,562,754	Chr2	CsHsp60-27	18,748,025-18,754,212	Chr7	e-177	70%	3,6329	0,1934	0,053236	27,9453

EK 25' in devamı;

CsHsp60-14	8,205,871-8,208,506	Chr3	CsHsp60-22	5,477,191-5,479,980	Chr6	1,00E-43	69%	1,7162	0,2148	0,12516	13,2015
CsHsp60-17	15,975,608-15,978,593	Chr4	CsHsp60-18	19,905,779-19,906,786	Chr5	2,00E-32	75%	4,0812	0,2579	0,063192	31,3938
CsHsp60-19	23,165,640-23,170,572	Chr5	CsHsp60-20	23,165,640-23,170,572	Chr5	0.0	99%	0,0145	0,0110	0,758621	0,1115
CsHsp60-19	23,165,640-23,170,572	Chr5	CsHsp60-23	10,198,210-10,201,773	Chr6	0.0	64%	50,1946	0,5262	0,010483	386,1123
CsHsp60-25	11,781,733-11,786,733	Chr7	CsHsp60-27	18,748,025-18,754,212	Chr7	0.0	87%	12,0248	0,1939	0,016125	92,4984
Ortalama								19,71	0,37	0,08	151,64

EK 26

Salatalık -Arabidopsis							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp60-01	1	AT3G18190.1	1	6,3872	0,0531	0,0083	49,1323
CsHsp60-02	1	AT2G13600.1	2	59,7486	0,5966	0,0099	459,6046
CsHsp60-03	1	AT5G26360.1	5	3,5852	0,0525	0,01464	27,5784
CsHsp60-04	1	AT5G20720.2	5	4,56	0,1806	0,03960	35,0769
CsHsp60-05	1	AT1G55490.1	1	4,0082	0,0762	0,0190	30,8323
CsHsp60-05	1	AT1G55490.2	1	4,0094	0,0762	0,01900	30,8415
CsHsp60-05	1	AT3G13470.1	3	2,8599	0,0725	0,0253	21,9992
CsHsp60-05	1	AT5G56500.2	5	24,4891	0,0816	0,00333	188,3776
CsHsp60-05	1	AT5G56500.1	5	24,9692	0,0815	0,0032	192,0707
CsHsp60-05	1	AT1G26230.1	1	12,345	0,252	0,02041	94,9615
CsHsp60-05	1	AT1G26230.2	1	9,6261	0,2305	0,0239	74,0469
CsHsp60-06	1	AT3G11830.1	3	3,2409	0,045	0,01388	24,93
CsHsp60-06	1	AT3G11830.2	3	3,247	0,0452	0,0139	24,9769
CsHsp60-07	1	AT3G14270.1	3	4,3179	0,3941	0,0912	33,2146
CsHsp60-07	1	AT4G33240.3	4	3,4494	0,3846	0,1114	26,5338
CsHsp60-08	1	AT5G18820.1	5	4,6597	0,173	0,0371	35,8438
CsHsp60-08	1	AT2G28000.1	2	17,2147	0,3001	0,0174	132,4207
CsHsp60-09	2	AT5G20890.1	5	2,183	0,0459	0,0210	16,7923

EK 26' nın devamı;

CsHsp60-10	2	AT3G20050.1	3	2,6461	0,0518	0,0195	20,3546
CsHsp60-11	2	AT3G23990.1	3	2,3524	0,0559	0,02376	18,0953
CsHsp60-11	2	AT2G33210.1	2	4,9231	0,0787	0,0159	37,87
CsHsp60-11	2	AT2G33210.2	2	4,9188	0,0784	0,0159	37,8369
CsHsp60-11	2	AT3G13860.1	3	7,3097	0,2014	0,0275	56,2284
CsHsp60-12	2	AT3G23990.1	3	1,9973	0,0492	0,0246	15,3638
CsHsp60-12	2	AT2G33210.1	2	3,7818	0,0746	0,0197	29,0907
CsHsp60-12	2	AT2G33210.2	2	3,784	0,0741	0,0195	29,1076
CsHsp60-12	2	AT3G13860.1	3	6,4079	0,1817	0,0283	49,2915
CsHsp60-13	2	AT1G24510.1	1	3,3879	0,0447	0,0131	26,0607
CsHsp60-13	2	AT1G24510.2	1	2,3458	0,0444	0,0189	18,0446
CsHsp60-15	3	AT3G03960.1	3	2,2371	0,0972	0,0434	17,2084
CsHsp60-19	5	AT1G26230.1	1	2,9358	0,1922	0,0654	22,5830
CsHsp60-19	5	AT1G26230.2	1	3,16	0,1746	0,0552	24,3076
CsHsp60-19	5	AT3G13470.1	3	13,2199	0,2514	0,0190	101,6915
CsHsp60-19	5	AT1G55490.1	1	16,5835	0,2559	0,0154	127,5653
CsHsp60-19	5	AT1G55490.2	1	16,5223	0,2559	0,0154	127,0946
CsHsp60-19	5	AT5G56500.2	5	11,1594	0,2598	0,0232	85,8415
CsHsp60-19	5	AT5G56500.1	5	11,1682	0,2598	0,0232	85,9092
CsHsp60-20	5	AT1G26230.1	1	2,5101	0,1827	0,0727	19,3084
CsHsp60-20	5	AT1G26230.2	1	2,599	0,162	0,0623	19,9923

EK 26' nın devamı;

CsHsp60-20	5	AT3G13470.1	3	14,4823	0,2555	0,0176	111,4023
CsHsp60-20	5	AT1G55490.1	1	17,0405	0,2643	0,0155	131,0807
CsHsp60-20	5	AT1G55490.2	1	17,059	0,2643	0,0154	131,2230
CsHsp60-20	5	AT5G56500.2	5	11,4402	0,2718	0,0237	88,0015
CsHsp60-20	5	AT5G56500.1	5	11,4412	0,2718	0,0237	88,0092
CsHsp60-21	5	AT3G02530.1	3	2,6019	0,0484	0,0186	20,0146
CsHsp60-21	5	AT5G16070.1	5	2,3563	0,0503	0,0213	18,1253
CsHsp60-23	6	AT2G28000.1	2	5,3179	0,0812	0,0152	40,9069
CsHsp60-23	6	AT5G18820.1	5	25,5611	0,3336	0,0130	196,6238
CsHsp60-24	7	AT1G34260.1	1	2,968	0,4494	0,1514	22,8307
CsHsp60-25	7	AT3G23990.1	3	6,4033	0,0863	0,0134	49,2561
CsHsp60-25	7	AT2G33210.1	2	6,8653	0,1063	0,0154	52,8100
CsHsp60-25	7	AT2G33210.2	2	6,8363	0,1062	0,0155	52,5869
CsHsp60-25	7	AT3G13860.1	3	13,1899	0,2058	0,0156	101,4607
CsHsp60-26	7	AT3G14270.1	3	1,9687	0,309	0,1569	15,14384
CsHsp60-27	7	AT3G13860.1	3	3,2023	0,1255	0,0391	24,6330
CsHsp60-27	7	AT3G23990.1	3	5,0341	0,2017	0,0400	38,7238
CsHsp60-27	7	AT2G33210.1	2	7,032	0,216	0,0307	54,0923
CsHsp60-27	7	AT2G33210.2	2	6,6667	6	0,8999	51,2823
CsHsp60-28	Scaffold000113	AT1G71010.1	1	2,4968	0,3011	0,1205	19,2061
Ortalama				8,3188	0,2731	0,0470	63,9914

EK 27

Salatalık - Çeltik							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp60-01	1	LOC_Os02g22780.1	2	48,185	0,1233	0,002	370,6538
CsHsp60-01	1	LOC_Os10g37060.1	10	50,0012	0,1458	0,0029	384,6246
CsHsp60-01	1	LOC_Os02g22780.2	2	47,6515	0,1281	0,0026	366,55
CsHsp60-02	1	LOC_Os04g49520.1	4	6,2291	0,4549	0,0730	47,9161
CsHsp60-03	1	LOC_Os06g34690.1	6	5,2628	0,0652	0,0123	40,4830
CsHsp60-03	1	LOC_Os02g14929.1	2	4,5644	0,0678	0,0148	35,1107
CsHsp60-04	1	LOC_Os06g09679.2	6	11,2032	0,2106	0,0187	86,1784
CsHsp60-04	1	LOC_Os06g09679.1	6	11,2045	0,2106	0,0187	86,1884
CsHsp60-05	1	LOC_Os06g02380.2	6	15,4117	0,0913	0,0059	118,5515
CsHsp60-05	1	LOC_Os06g02380.1	6	15,4093	0,0913	0,0059	118,5330
CsHsp60-05	1	LOC_Os02g01280.1	2	8,0475	0,1115	0,01385	61,9038
CsHsp60-05	1	ChrSy.fgenesh.mRNA.28	ChrSy	16,1893	0,2905	0,01794	124,5330
CsHsp60-06	1	LOC_Os06g47320.1	6	35,8879	0,535	0,01490	276,0607
CsHsp60-07	1	LOC_Os03g28140.1	3	5,6542	0,4317	0,07635	43,4938
CsHsp60-07	1	LOC_Os08g34950.1	8	5,6311	0,396	0,0703	43,3161
CsHsp60-07	1	LOC_Os09g23740.1	9	54,9468	0,5655	0,0102	422,6676
CsHsp60-08	1	LOC_Os12g17910.1	12	48,207	0,2861	0,0059	370,8230

EK 27' nin devamı;

CsHsp60-08	1	LOC_Os09g38980.1	9	51,2813	0,2619	0,0051	394,4715
CsHsp60-08	1	LOC_Os03g64210.1	3	46,5428	0,2845	0,0061	358,0215
CsHsp60-08	1	LOC_Os03g64210.2	3	20,6874	0,2457	0,01187	159,1338
CsHsp60-08	1	LOC_Os03g64210.3	3	21,0207	0,2457	0,01168	161,6979
CsHsp60-09	2	LOC_Os03g42220.1	3	3,6248	0,0582	0,01605	27,8830
CsHsp60-09	2	LOC_Os03g42220.2	3	3,8276	0,0523	0,0136	29,4430
CsHsp60-09	2	LOC_Os05g48290.3	5	3,6738	0,0659	0,0179	28,26
CsHsp60-09	2	LOC_Os03g42220.3	3	3,9625	0,0576	0,0145	30,4807
CsHsp60-10	2	LOC_Os04g46620.1	4	4,4587	0,0483	0,0108	34,2976
CsHsp60-11	2	LOC_Os10g32550.1	10	6,2076	0,0633	0,0101	47,7507
CsHsp60-11	2	LOC_Os03g04970.1	3	4,9593	0,0829	0,0167	38,1484
CsHsp60-11	2	LOC_Os05g46290.1	5	8,014	0,2181	0,0272	61,6461
CsHsp60-12	2	LOC_Os10g32550.1	10	5,3643	0,0488	0,0090	41,2638
CsHsp60-12	2	LOC_Os03g04970.1	3	4,407	0,0677	0,0153	33,9
CsHsp60-12	2	LOC_Os05g46290.1	5	7,7963	0,1925	0,0246	59,9715
CsHsp60-13	2	LOC_Os06g36700.1	6	3,9779	0,0411	0,0103	30,5992
CsHsp60-14	3	LOC_Os10g41710.1	10	6,1865	0,3234	0,0522	47,5884
CsHsp60-15	3	LOC_Os03g59020.1	3	4,2166	0,0684	0,01622	32,4353
CsHsp60-19	5	LOC_Os06g02380.2	6	4,8405	0,2675	0,05526	37,2346

EK 27' nin devamı;

CsHsp60-19	5	LOC_Os06g02380.1	6	4,8404	0,2675	0,0552	37,2338
CsHsp60-19	5	LOC_Os02g01280.1	2	6,614	0,2807	0,0424	50,8769
CsHsp60-19	5	ChrSy.fgenesh.mRNA.28	scaffold	5,2273	0,2266	0,0433	40,21
CsHsp60-20	5	LOC_Os06g02380.2	6	4,4399	0,2789	0,0628	34,1530
CsHsp60-20	5	LOC_Os06g02380.1	6	4,4404	0,2789	0,0628	34,1569
CsHsp60-20	5	ChrSy.fgenesh.mRNA.28	scaffold	6,0675	0,2506	0,0413	46,6730
CsHsp60-20	5	LOC_Os02g01280.1	2	5,6767	0,2797	0,0492	43,6669
CsHsp60-21	5	LOC_Os05g05470.1	5	3,4676	0,0541	0,0156	26,6738
CsHsp60-22	6	LOC_Os10g41710.1	10	39,9887	0,361	0,0090	307,6053
CsHsp60-23	6	LOC_Os12g17910.1	12	27,1641	0,1071	0,0039	208,9546
CsHsp60-23	6	LOC_Os03g64210.1	3	46,0863	0,1263	0,0027	354,51
CsHsp60-23	6	LOC_Os03g64210.2	3	45,8377	0,0891	0,0019	352,5976
CsHsp60-23	6	LOC_Os03g64210.3	3	45,8366	0,0892	0,0019	352,589
CsHsp60-23	6	LOC_Os09g38980.	9	48,8645	0,3272	0,0066	375,8807
CsHsp60-23	6	LOC_Os06g02380.2	6	49,3511	0,4357	0,0088	379,6238
CsHsp60-25	7	LOC_Os10g32550.1	10	6,0589	0,855	0,1411	46,60692
CsHsp60-25	7	LOC_Os03g04970.1	3	6,6148	0,0913	0,0138	50,88307
CsHsp60-25	7	LOC_Os05g46290.1	5	11,7783	0,2274	0,0193	90,60230
CsHsp60-26	7	LOC_Os08g34950.1	8	5,614	0,3804	0,0677	43,1846

EK 27' nin devamı;

CsHsp60-26	7	LOC_Os03g28140.1	3	5,144	0,3962	0,0770	39,5692
CsHsp60-26	7	LOC_Os08g33200.1	8	13,5133	0,5199	0,0384	103,948
CsHsp60-27	7	LOC_Os05g46290.1	5	5,2157	0,1986	0,0380	40,1207
CsHsp60-27	7	LOC_Os10g32550.1	10	16,1075	0,2005	0,0124	123,903
CsHsp60-27	7	LOC_Os03g04970.1	3	13,568	0,2148	0,0158	104,3692
CsHsp60-28	Scaffold	LOC_Os06g14750.1	6	5,043	0,4451	0,0882	38,7923
CsHsp60-28	Scaffold	LOC_Os08g33200.1	8	5,96	0,3978	0,0667	45,8461
CsHsp60-28	Scaffold	LOC_Os08g34950.1	8	13,2586	0,5142	0,0387	101,989
CsHsp60-28	Scaffold	LOC_Os09g23740.1	9	7,6293	0,4435	0,0581	58,6869
Ortalama				16,6272	0,2380	0,0280	127,9018
Salatalık - Mısır							

EK 28

Protein Adı	Kromozom	Gene Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp60-01	1	GRMZM2G085909_T01	1	48,3118	0,1161	0,0024	371,6292
CsHsp60-01	1	GRMZM2G122767_T01	4	48,7744	0,1202	0,0024	375,1876
CsHsp60-02	1	GRMZM2G017197_T02	2	7,2943	0,4993	0,0684	56,11
CsHsp60-02	1	GRMZM2G017197_T01	2	7,3249	0,488	0,0666	56,3453
CsHsp60-03	1	GRMZM2G069765_T01	1	5,7478	0,0655	0,0113	44,2138
CsHsp60-03	1	GRMZM2G175510_T01	4	5,3895	0,0667	0,0123	41,4576
CsHsp60-03	1	GRMZM2G069765_T05	1	5,3923	0,0648	0,0120	41,4792
CsHsp60-03	1	GRMZM2G069765_T02	1	7,8398	0,1485	0,0189	60,3061
CsHsp60-04	1	GRMZM2G127609_T02	9	3,5095	0,2199	0,0626	26,9961
CsHsp60-04	1	GRMZM2G127609_T03	9	3,5094	0,2199	0,0626	26,9953
CsHsp60-05	1	GRMZM2G083716_T01	9	7,6295	0,0752	0,0098	58,6884
CsHsp60-05	1	GRMZM2G083716_T03	9	9,0822	0,0753	0,0082	69,8630
CsHsp60-05	1	GRMZM2G083716_T04	9	9,064	0,0753	0,0083	69,7230
CsHsp60-05	1	GRMZM2G083716_T02	9	9,0926	0,0753	0,0082	69,9430
CsHsp60-05	1	GRMZM2G015989_T01	4	9,5271	0,1196	0,0125	73,2853
CsHsp60-05	1	GRMZM2G015989_T02	4	9,5369	0,1196	0,0125	73,3607
CsHsp60-05	1	GRMZM2G095252_T01	6	7,1488	0,0791	0,01106	54,9907
CsHsp60-05	1	GRMZM2G042253_T01	1	48,511	0,2949	0,0060	373,1615
CsHsp60-06	1	GRMZM2G009871_T03	4	36,7602	0,0523	0,0014	282,7707
CsHsp60-06	1	GRMZM2G009871_T01	4	47,671	0,0523	0,0010	366,7

EK 28' in devamı;

CsHsp60-06	1	GRMZM2G009871_T04	4	49,3858	0,0518	0,0010	379,8907
CsHsp60-06	1	GRMZM2G009871_T05	4	36,9929	0,0525	0,0014	284,5607
CsHsp60-06	1	GRMZM2G009871_T02	4	49,6851	0,0563	0,0011	382,1930
CsHsp60-07	1	GRMZM2G111208_T01	1	5,9985	0,4148	0,0691	46,1423
CsHsp60-07	1	GRMZM2G153722_T01	4	5,457	0,4157	0,0761	41,9769
CsHsp60-07	1	GRMZM2G153722_T02	4	4,8723	0,4643	0,0952	37,4792
CsHsp60-08	1	GRMZM2G321767_T02	2	48,7534	0,2753	0,0056	375,0261
CsHsp60-08	1	GRMZM2G434173_T01	1	47,2147	0,298	0,0063	363,19
CsHsp60-08	1	AC215201.3_FGT005	6	41,7104	0,2685	0,0064	320,8492
CsHsp60-09	2	GRMZM2G058276_T01	8	4,7035	0,0659	0,0140	36,1807
CsHsp60-09	2	EF517601.1_FGT012	3	4,1773	0,0663	0,0158	32,1330
CsHsp60-10	2	GRMZM2G039263_T01	4	3,8289	0,0576	0,0150	29,4530
CsHsp60-10	2	GRMZM2G110626_T01	5	4,2827	0,0643	0,0150	32,9438
CsHsp60-10	2	GRMZM2G039263_T02	4	4,2353	0,0556	0,0131	32,5792
CsHsp60-11	2	GRMZM2G416120_T01	1	5,5851	0,0747	0,013	42,9623
CsHsp60-11	2	GRMZM2G074790_T01	6	42,9387	0,2315	0,0053	330,2976
CsHsp60-11	2	GRMZM2G074790_T03	6	47,5654	0,232	0,0048	365,8876
CsHsp60-11	2	GRMZM2G074790_T02	6	18,0735	0,2341	0,0129	139,0269
CsHsp60-11	2	GRMZM2G458208_T01	5	6,3237	0,1077	0,0170	48,6438
CsHsp60-12	2	GRMZM2G416120_T01	1	5,22	0,0611	0,0117	40,1538
CsHsp60-12	2	GRMZM2G074790_T01	6	37,6607	0,2041	0,0054	289,6976
CsHsp60-12	2	GRMZM2G074790_T02	6	35,6965	0,2066	0,0057	274,5884

EK 28' in devamı;

CsHsp60-12	2	GRMZM2G074790_T03	6	37,9594	0,2042	0,0053	291,9953
CsHsp60-13	2	GRMZM2G070542_T02	2	7,1656	0,0451	0,0062	55,12
CsHsp60-13	2	GRMZM2G043383_T01	7	5,2892	0,0471	0,0089	40,6861
CsHsp60-13	2	GRMZM2G070542_T01	2	7,1617	0,0459	0,0064	55,09
CsHsp60-13	2	GRMZM2G043383_T02	7	5,2289	0,0475	0,0090	40,2223
CsHsp60-13	2	GRMZM2G070542_T03	2	7,8904	0,0994	0,0125	60,6953
CsHsp60-15	3	GRMZM2G381744_T01	4	9,0148	0,0756	0,0083	69,3444
CsHsp60-15	3	GRMZM2G083095_T01	2	6,9901	0,0748	0,0107	53,77
CsHsp60-15	3	GRMZM2G083095_T02	2	7,3471	0,0744	0,0101	56,5161
CsHsp60-15	3	GRMZM2G083095_T03	2	16,458	0,0615	0,0037	126,6
CsHsp60-19	5	GRMZM2G083716_T03	9	4,3295	0,2542	0,0587	33,3038
CsHsp60-19	5	GRMZM2G083716_T04	9	4,3295	0,2542	0,0587	33,3038
CsHsp60-19	5	GRMZM2G083716_T02	9	4,3299	0,2542	0,0587	33,3069
CsHsp60-19	5	GRMZM2G083716_T01	9	5,3055	0,2852	0,0537	40,8115
CsHsp60-19	5	GRMZM2G015989_T01	4	5,8898	0,2702	0,0458	45,3061
CsHsp60-19	5	GRMZM2G015989_T02	4	5,8896	0,2702	0,0458	45,3046
CsHsp60-20	5	GRMZM2G042253_T01	1	7,3116	0,2218	0,0303	56,2430
CsHsp60-20	5	GRMZM2G083716_T03	9	4,1274	0,2646	0,0641	31,7492
CsHsp60-20	5	GRMZM2G083716_T04	9	4,1276	0,2646	0,0641	31,7507
CsHsp60-20	5	GRMZM2G083716_T02	9	4,1274	0,2646	0,0641	31,7492
CsHsp60-20	5	GRMZM2G083716_T01	9	5,0902	0,2995	0,0588	39,1553
CsHsp60-20	5	GRMZM2G015989_T01	4	5,8534	0,2737	0,0467	45,0261

EK 28' in devamı;

CsHsp60-20	5	GRMZM2G015989_T02	4	5,8539	0,2737	0,0467	45,03
CsHsp60-21	5	GRMZM2G109425_T01	2	4,4106	0,0566	0,0128	33,9276
CsHsp60-21	5	GRMZM2G109425_T02	2	4,4102	0,0566	0,0128	33,9246
CsHsp60-21	5	GRMZM2G109425_T03	2	3,6612	0,0573	0,0156	28,1630
CsHsp60-23	6	GRMZM2G103236_T01	9	46,0045	0,3295	0,0071	353,8807
CsHsp60-23	6	AC215201.3_FGT005	6	47,3997	0,1084	0,0022	364,6130
CsHsp60-23	6	GRMZM2G434173_T01	1	35,1083	0,1471	0,0041	270,0638
CsHsp60-23	6	GRMZM2G321767_T02	2	35,7291	0,3217	0,0090	274,8392
CsHsp60-23	6	GRMZM2G083716_T03	9	47,8582	0,4334	0,0090	368,14
CsHsp60-23	6	GRMZM2G083716_T01	9	47,9775	0,4488	0,0093	369,0574
CsHsp60-25	7	GRMZM2G416120_T01	1	6,5585	0,0947	0,0144	50,45
CsHsp60-25	7	GRMZM2G074790_T01	6	15,6535	0,2397	0,0153	120,4115
CsHsp60-25	7	GRMZM2G074790_T03	6	49,2554	0,242	0,0049	378,8876
CsHsp60-25	7	GRMZM2G074790_T02	6	15,9648	0,2448	0,0153	122,8061
CsHsp60-25	7	GRMZM2G458208_T01	5	5,4016	0,1157	0,0214	41,5507
CsHsp60-26	7	GRMZM2G153722_T01	4	6,1482	0,374	0,0608	47,293
CsHsp60-26	7	GRMZM2G111208_T01	1	4,0632	0,3948	0,0971	31,2553
CsHsp60-26	7	GRMZM2G066876_T01	7	12,6049	0,5203	0,0412	96,9607
CsHsp60-26	7	GRMZM2G092595_T01	1	6,4492	0,5136	0,0796	49,6092
CsHsp60-26	7	GRMZM2G132373_T01	6	10,7757	0,5499	0,0510	82,89
CsHsp60-26	7	GRMZM2G153722_T02	4	7,0517	0,4176	0,0592	54,2434
CsHsp60-27	7	GRMZM2G074790_T01	6	8,3433	0,195	0,0233	64,1792

EK 28' in devamı;

CsHsp60-27	7	GRMZM2G074790_T03	6	8,3475	0,195	0,0233	64,2115
CsHsp60-27	7	GRMZM2G416120_T01	1	16,5497	0,2084	0,0125	127,3053
CsHsp60-27	7	GRMZM2G074790_T02	6	8,1134	0,2009	0,0247	62,4107
CsHsp60-28	Scaffold000113	GRMZM2G066876_T01	7	5,5375	0,4541	0,0820	42,5961
CsHsp60-28	Scaffold000113	GRMZM2G092595_T01	1	4,1642	0,3746	0,0899	32,0323
CsHsp60-28	Scaffold000113	GRMZM2G132373_T01	6	3,8065	0,4672	0,1227	29,2807
CsHsp60-28	Scaffold000113	GRMZM2G111208_T01	1	13,3539	0,5155	0,0386	102,7223
CsHsp60-28	Scaffold000113	GRMZM2G153722_T01	4	13,3545	0,5321	0,0445	91,83
Ortalama				16,1854	0,213	0,0276	124,1562

EK 29

Salatalık - Kavak							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp60-01	1	Potri.012G051300.1	12	34,6852	0,0419	0,0012	266,8092
CsHsp60-01	1	Potri.015G042600.1	15	45,3584	0,0454	0,001	348,9108
CsHsp60-01	1	Potri.010G051700.1	10	36,0247	0,6659	0,0185	277,1131
CsHsp60-01	1	Potri.010G051700.2	10	36,1447	0,6659	0,0184	278,0362
CsHsp60-03	1	Potri.018G138200.2	18	1,9793	0,0438	0,0221	15,2254
CsHsp60-03	1	Potri.018G138200.1	18	1,9792	0,0438	0,2213	15,2246
CsHsp60-03	1	Potri.004G133800.1	4	1,8898	0,047	0,0249	14,5369
CsHsp60-03	1	Potri.T046300.1	scaffold	1,5532	0,0352	0,2266	11,9477
CsHsp60-04	1	Potri.018G063200.1	18	5,6406	0,1754	0,0311	43,3892
CsHsp60-04	1	Potri.018G063200.5	18	5,6406	0,1754	0,0311	43,3892
CsHsp60-04	1	Potri.006G138600.3	6	5,3806	0,1811	0,0337	41,3892
CsHsp60-04	1	Potri.006G138600.4	6	5,3809	0,1811	0,0337	41,3915
CsHsp60-04	1	Potri.006G138600.2	6	5,3817	0,1811	0,0337	41,3977
CsHsp60-04	1	Potri.018G063200.2	18	5,9721	0,1746	0,0292	45,9392
CsHsp60-04	1	Potri.006G138600.1	6	5,3807	0,1811	0,0337	41,39
CsHsp60-04	1	Potri.006G138400.1	6	3,1089	0,2701	0,0869	23,9146
CsHsp60-04	1	Potri.018G063200.4	18	9,1246	0,2419	0,0265	70,1892
CsHsp60-04	1	Potri.018G063200.3	18	51,826	0,287	0,0055	398,6615
CsHsp60-04	1	Potri.006G138400.2	6	4,2344	0,2840	0,0671	32,5723
CsHsp60-05	1	Potri.003G222400.1	3	2,0963	0,0575	0,0274	16,1254
CsHsp60-05	1	Potri.001G002500.2	1	1,5941	0,0613	0,0385	12,2623

EK 29' un devamı;

CsHsp60-05	1	Potri.001G002500.1	1	1,5941	0,0613	0,0385	12,2623
CsHsp60-05	1	Potri.003G222400.2	3	3,4304	0,0808	0,0236	26,3877
CsHsp60-05	1	Potri.010G135100.1	10	17,8216	0,2489	0,014	137,0892
CsHsp60-05	1	Potri.010G135100.2	10	19,466	0,2468	0,0127	149,7385
CsHsp60-05	1	Potri.010G135100.3	10	19,6442	0,2544	0,013	151,1092
CsHsp60-06	1	Potri.004G195300.1	4	1,6657	0,0288	0,0173	12,8131
CsHsp60-06	1	Potri.004G195300.2	4	1,6658	0,0288	0,017	12,8138
CsHsp60-06	1	Potri.009G157400.1	9	1,6518	0,0288	0,0174	12,7062
CsHsp60-06	1	Potri.009G157400.4	9	1,761	0,0494	0,0281	13,5462
CsHsp60-06	1	Potri.009G157400.3	9	2,0798	0,0646	0,031	15,9985
CsHsp60-06	1	Potri.009G157400.2	9	1,7245	0,0291	0,0169	13,2654
CsHsp60-06	1	Potri.004G195100.1	4	1,7684	0,0522	0,0295	13,6031
CsHsp60-07	1	Potri.003G072300.1	3	2,5368	0,3644	0,1436	19,5138
CsHsp60-07	1	Potri.001G163200.1	1	2,923	0,3663	0,1253	22,4846
CsHsp60-07	1	Potri.001G163200.3	1	3,0357	0,3474	0,1144	23,3515
CsHsp60-07	1	Potri.001G163200.2	1	2,9211	0,3607	0,1235	22,47
CsHsp60-08	1	Potri.015G122800.1	15	1,479	0,1440	0,0974	11,3769
CsHsp60-08	1	Potri.015G123600.1	15	1,4231	0,1484	0,1043	10,9469
CsHsp60-08	1	Potri.015G123600.2	15	1,4368	0,1628	0,1133	11,0523
CsHsp60-08	1	Potri.015G122800.2	15	1,5913	0,1832	0,1151	12,2408
CsHsp60-08	1	Potri.004G213400.1	4	52,9724	0,2891	0,0054	407,48
CsHsp60-08	1	Potri.009G009300.1	9	52,5283	0,2839	0,0054	404,0638
CsHsp60-08	1	Potri.009G009300.2	9	52,3832	0,248	0,0047	402,9477

EK 29' un devamı;

CsHsp60-08	1	Potri.015G123200.1	15	1,5729	0,1244	0,079	12,0992
CsHsp60-09	2	Potri.001G341100.1	1	1,1788	0,0423	0,0358	9,0677
CsHsp60-09	2	Potri.001G341100.3	1	1,1816	0,0423	0,0357	9,0892
CsHsp60-09	2	Potri.006G128600.4	6	1,4403	0,0519	0,3603	11,0792
CsHsp60-09	2	Potri.001G341100.2	1	1,1867	0,0349	0,0294	9,1285
CsHsp60-09	2	Potri.001G341100.4	1	1,1985	0,0391	0,0326	9,2192
CsHsp60-10	2	Potri.014G058500.1	14	1,8419	0,0376	0,0204	14,1685
CsHsp60-10	2	Potri.002G142700.1	4	1,6787	0,0379	0,0225	12,9131
CsHsp60-10	2	Potri.014G058500.2	14	2,0519	0,0573	0,0279	15,7838
CsHsp60-11	2	Potri.001G054400.1	1	1,7322	0,0553	0,0319	13,3246
CsHsp60-11	2	Potri.003G173900.1	3	1,6045	0,0572	0,0356	12,3423
CsHsp60-11	2	Potri.002G252900.1	2	2,5655	0,0674	0,0262	19,7346
CsHsp60-11	2	Potri.002G252900.2	2	2,6655	0,0636	0,0238	20,5038
CsHsp60-11	2	Potri.003G173900.2	3	1,716	0,1007	0,0586	13,2
CsHsp60-11	2	Potri.003G039600.1	3	3,7958	0,1796	0,0473	29,1985
CsHsp60-11	2	Potri.003G037400.1	3	4,5578	0,1904	0,0417	35,06
CsHsp60-12	2	Potri.001G054400.1	1	1,7881	0,0508	0,0284	13,7546
CsHsp60-12	2	Potri.003G173900.1	3	1,6118	0,0535	0,0331	12,3985
CsHsp60-12	2	Potri.002G252900.1	2	2,1263	0,0584	0,0274	16,3562
CsHsp60-12	2	Potri.002G252900.2	2	2,1583	0,0529	0,0245	16,6023
CsHsp60-12	2	Potri.003G173900.2	3	1,7244	0,1118	0,0684	13,2646
CsHsp60-12	2	Potri.003G037400.1	3	4,5581	0,1904	0,0417	35,0623
CsHsp60-12	2	Potri.003G039600.1	3	3,3574	0,1807	0,0538	25,8262

EK 29' un devamı;

CsHsp60-13	2	Potri.010G051700.1	10	1,9422	0,0414	0,0213	14,94
CsHsp60-13	2	Potri.010G051700.2	10	1,9422	0,0414	0,0213	14,94
CsHsp60-13	2	Potri.008G182300.1	8	3,5518	0,0384	0,0108	27,3215
CsHsp60-13	2	Potri.008G182300.3	8	3,0929	0,043	0,0139	23,7915
CsHsp60-13	2	Potri.008G182300.2	8	4,0604	0,0364	0,0089	31,2338
CsHsp60-14	3	Potri.014G044300.1	14	1,5022	0,1985	0,1321	11,5554
CsHsp60-14	3	Potri.014G044300.2	14	1,6533	0,3272	0,1979	12,7177
CsHsp60-14	3	Potri.002G135700.1	2	1,1873	0,1791	0,1508	9,1331
CsHsp60-15	3	Potri.019G034200.1	19	2,6621	0,0658	0,0247	20,4777
CsHsp60-15	3	Potri.013G058500.1	13	2,3106	0,0645	0,0279	17,7738
CsHsp60-15	3	Potri.019G034200.2	19	3,1051	0,0719	0,0231	23,8854
CsHsp60-15	3	Potri.013G058500.2	13	2,2055	0,0895	0,0405	16,9654
CsHsp60-17	4	Potri.001G274300.1	1	1,7166	0,1374	0,08	13,2046
CsHsp60-17	4	Potri.009G068900.1	9	2,027	0,1494	0,0737	15,5923
CsHsp60-17	4	Potri.008G130500.1	8	3,4551	0,1767	0,0511	26,5777
CsHsp60-17	4	Potri.010G111600.1	10	36,6814	0,1714	0,0046	282,1646
CsHsp60-17	4	Potri.001G274300.2	1	1,6491	0,133	0,0806	12,6854
CsHsp60-17	4	Potri.010G111600.2	10	3,3504	0,1676	0,05	25,7723
CsHsp60-18	5	Potri.008G130500.1	8	2,3268	17,1098	7,3533	17,8985
CsHsp60-18	5	Potri.001G274300.1	1	1,152	17,1515	14,8884	8,8615
CsHsp60-18	5	Potri.010G111600.1	10	2,3929	11,0646	4,6239	18,4069
CsHsp60-18	5	Potri.001G274300.2	1	1,3914	0,1615	0,116	10,7031
CsHsp60-18	5	Potri.010G111600.2	10	1,5503	0,1678	0,1082	11,9254

EK 29' un devamı;

CsHsp60-18	5	Potri.009G068900.1	9	1,5123	0,2686	0,1776	11,6331
CsHsp60-19	5	Potri.010G135100.1	10	1,5161	0,1713	0,1129	11,6623
CsHsp60-19	5	Potri.010G135100.2	10	1,4889	0,1606	0,1078	11,4531
CsHsp60-19	5	Potri.010G135100.3	10	1,5448	0,1672	0,1082	11,8831
CsHsp60-19	5	Potri.001G002500.2	1	6,8048	0,2588	0,038	52,3446
CsHsp60-19	5	Potri.001G002500.1	1	6,8041	0,2588	0,038	52,3392
CsHsp60-19	5	Potri.003G222400.1	3	6,7918	0,2557	0,0376	52,2446
CsHsp60-19	5	Potri.003G222400.2	3	8,4875	0,2741	0,0322	65,2885
CsHsp60-20	5	Potri.010G135100.1	10	1,5999	0,1643	0,1026	12,3069
CsHsp60-20	5	Potri.010G135100.2	10	1,5999	0,1643	0,1026	12,3069
CsHsp60-20	5	Potri.010G135100.3	10	1,6654	0,1719	0,1032	12,8108
CsHsp60-20	5	Potri.003G222400.2	3	7,1029	0,2601	0,0366	54,6377
CsHsp60-20	5	Potri.001G002500.2	1	7,16	0,2652	0,037	55,0769
CsHsp60-20	5	Potri.001G002500.1	1	7,1582	0,2652	0,037	55,0631
CsHsp60-20	5	Potri.003G222400.1	3	7,1715	0,2635	0,0367	55,1654
CsHsp60-21	5	Potri.010G135100.1	10	1,5999	0,1643	0,1026	12,3069
CsHsp60-21	5	Potri.010G135100.2	10	1,5999	0,1643	0,1026	12,3069
CsHsp60-21	5	Potri.010G135100.3	10	1,6654	0,1719	0,1032	12,8108
CsHsp60-21	5	Potri.003G222400.2	3	7,1019	0,2601	0,0366	54,63
CsHsp60-21	5	Potri.001G002500.2	1	7,1589	0,2652	0,037	55,0685
CsHsp60-21	5	Potri.001G002500.1	1	7,159	0,2652	0,037	55,0692
CsHsp60-21	5	Potri.003G222400.1	3	7,1711	0,2635	0,0367	55,1623
CsHsp60-22	5	Potri.004G101500.1	4	1,6335	0,0387	0,0236	12,5654

EK 29' un devamı;

CsHsp60-22	5	Potri.004G101500.2	4	1,622	0,0422	0,026	12,4769
CsHsp60-22	5	Potri.T147600.1	scaffold_480	1,6224	0,0404	0,0249	12,48
CsHsp60-22	5	Potri.T147600.2	scaffold_480	1,5826	0,0357	0,0225	12,1738
CsHsp60-22	5	Potri.017G113600.1	17	1,6733	0,0413	0,0246	12,8715
CsHsp60-23	6	Potri.014G044300.1	14	1,6307	0,2258	0,1568	12,5438
CsHsp60-23	6	Potri.014G044300.2	14	1,8096	0,3584	0,198	13,92
CsHsp60-23	6	Potri.002G135700.1	2	1,7496	0,1555	0,0888	13,4585
CsHsp60-24	6	Potri.004G213400.1	4	3,1073	0,0738	0,0237	23,9023
CsHsp60-24	6	Potri.009G009300.1	9	2,1847	0,0690	0,0315	16,8054
CsHsp60-24	6	Potri.009G009300.2	9	1,5856	0,0538	0,0339	12,1969
CsHsp60-24	6	Potri.015G122800.1	15	23,2424	0,2899	0,0124	178,7877
CsHsp60-24	6	Potri.015G123600.1	15	21,0879	0,2945	0,0139	162,2146
CsHsp60-24	6	Potri.015G123600.2	15	20,9651	0,3098	0,0147	161,27
CsHsp60-24	6	Potri.015G122800.2	15	38,0149	0,3175	0,0083	292,4223
CsHsp60-25	7	Potri.019G087000.1	19	1,7167	0,3346	0,1949	13,2054
CsHsp60-25	7	Potri.019G087000.2	19	1,6757	0,3314	0,1977	12,89
CsHsp60-25	7	Potri.013G116400.1	13	1,6475	0,3567	0,2165	12,6731
CsHsp60-25	7	Potri.019G087000.3	19	1,7248	0,3368	0,1952	13,2677
CsHsp60-26	7	Potri.003G173900.1	3	3,6093	0,0889	0,0246	27,7638
CsHsp60-26	7	Potri.003G173900.2	3	3,087	0,1156	0,0374	23,7462
CsHsp60-26	7	Potri.002G252900.1	2	1,7424	0,0869	498	13,4031
CsHsp60-26	7	Potri.002G252900.2	2	1,7028	0,0832	0,0488	13,0985
CsHsp60-26	7	Potri.001G054400.1	1	3,77	0,0957	0,0253	29

EK 29' un devamı;

CsHsp60-26	7	Potri.003G039600.1	3	8,4077	0,1916	0,0227	64,6746
CsHsp60-26	7	Potri.003G037400.1	3	8,0708	0,1961	0,0242	62,0831
CsHsp60-27	7	Potri.003G072300.1	3	1,4049	0,2579	0,1835	10,8069
CsHsp60-27	7	Potri.001G163200.1	1	1,4165	0,2594	0,1831	10,8962
CsHsp60-27	7	Potri.001G163200.2	1	1,3882	0,2568	0,1849	10,6785
CsHsp60-27	7	Potri.008G128800.1	8	9,2832	0,5173	0,0557	71,4092
CsHsp60-28	7	Potri.001G054400.1	1	5,9154	0,1999	0,0337	45,5031
CsHsp60-28	7	Potri.003G173900.1	3	4,4447	0,2023	0,0455	34,19
CsHsp60-28	7	Potri.002G252900.1	2	6,0866	0,2019	0,0331	46,82
CsHsp60-28	7	Potri.002G252900.2	2	5,597	0,1891	0,0337	43,0538
CsHsp60-28	7	Potri.003G039600.1	3	1,1409	0,1105	0,0968	8,7762
CsHsp60-28	7	Potri.003G173900.2	3	5,1906	0,2209	0,0425	39,9277
CsHsp60-28	7	Potri.003G037400.1	3	1,308	0,1209	0,0924	10,0615
CsHsp60-29	scaffold00011	Potri.008G128800.2	8	1,3964	0,2576	0,1844	10,7415
CsHsp60-29	scaffold00011	Potri.001G163200.3	1	17,1716	0,4764	0,0277	132,0892
CsHsp60-29	scaffold00011	Potri.003G072300.1	3	11,6384	0,4888	0,0419	89,5262
CsHsp60-29	scaffold00011	Potri.001G163200.2	1	15,5687	0,5034	0,0323	119,7592
CsHsp60-29	scaffold00011	Potri.001G163200.1	1	15,9964	0,5016	0,0313	123,0492
CsHsp60-29	scaffold00011	Potri.010G113700.2	10	1,3955	0,2441	0,1749	10,7346
Ortalama				6,6126	0,5325	10,0654	50,8662

EK 30

Salatalık – Üzüm							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp60-01	1	GSVIVT01008363001	17	1,7482	0,0243	0,0139	13,4476
CsHsp60-02	1	GSVIVT01013416001	18	1,8542	0,2901	0,1463	15,2438
CsHsp60-03	1	GSVIVT01000266001	7	1,4523	0,0399	0,0319	9,60461
CsHsp60-04	1	GSVIVT01015036001	11	7,6541	0,1554	0,0203	58,8546
CsHsp60-04	1	GSVIVT01008295001	17	3,6547	0,1938	0,0515	28,9423
CsHsp60-04	1	GSVIVT01015033001	11	1,3863	0,2124	0,1532	10,6638
CsHsp60-05	1	GSVIVT01025490001	6	1,8715	0,0527	0,0281	14,3961
CsHsp60-05	1	GSVIVT01017032001	9	4,4667	0,078	0,0174	34,3592
CsHsp60-05	1	GSVIVT01010149001	1	15,567	0,1893	0,0121	119,746
CsHsp60-06	1	GSVIVT01002278001	scaffold	1,8615	0,0289	0,0155	14,3192
CsHsp60-07	1	GSVIVT01016674001	9	2,1021	0,3041	0,1446	16,17
CsHsp60-07	1	GSVIVT01015004001	11	1,4576	0,2907	0,1994	11,2123
CsHsp60-07	1	GSVIVT01011764001	1	8,4337	0,4438	0,0526	64,8746
CsHsp60-08	1	GSVIVT01012098001	1	1,734	0,1354	0,078	13,3384
CsHsp60-08	1	GSVIVT01031526001	6	50,0469	0,2808	0,0056	384,976
CsHsp60-09	2	GSVIVT01008708001	18	1,1765	0,0319	0,2711	9,05
CsHsp60-10	2	GSVIVT01018213001	15	1,4075	0,0319	0,2266	10,8269
CsHsp60-11	2	GSVIVT01029025001	5	1,636	0,0408	0,0249	12,5846
CsHsp60-12	2	GSVIVT01029025001	5	1,6057	0,0344	0,0214	12,3515
CsHsp60-12	2	GSVIVT01016859001	9	5,2751	0,2027	0,0384	40,5776
CsHsp60-13	2	GSVIVT01020856001	12	1,7981	0,0318	0,1768	13,8315

EK 30' un devamı;

CsHsp60-13	2	GSVIVT01000590001	1	1,8067	0,0295	0,0163	13,8976
CsHsp60-14	3	GSVIVT01018352001	15	1,3841	0,2157	0,1558	10,6469
CsHsp60-15	3	GSVIVT01033394001	8	1,6593	0,0535	0,0322	12,7638
CsHsp60-16	3	GSVIVT01016860001	9	1,5337	0,2616	0,1705	11,7976
CsHsp60-17	4	GSVIVT01037354001	6	1,2038	0,1308	0,1086	9,26
CsHsp60-17	4	GSVIVT01025759001	8	1,6126	0,1313	0,0814	12,4046
CsHsp60-17	4	GSVIVT01011742001	1	4,5175	0,1544	0,0342	34,75
CsHsp60-18	5	GSVIVT01037354001	6	1,8461	0,2523	0,1367	14,2007
CsHsp60-18	5	GSVIVT01011742001	1	1,5444	0,2511	0,1626	11,88
CsHsp60-18	5	GSVIVT01025759001	8	2,1283	0,2726	0,1281	16,371
CsHsp60-19	5	GSVIVT01010149001	1	1,2613	0,1110	0,0880	9,70230
CsHsp60-19	5	GSVIVT01017032001	9	8,1648	0,2562	0,0314	62,8061
CsHsp60-19	5	GSVIVT01025490001	6	4,9185	0,2643	0,0537	37,8346
CsHsp60-20	5	GSVIVT01010149001	1	1,3184	0,1043	0,0791	10,1415
CsHsp60-20	5	GSVIVT01017032001	9	7,6823	0,2739	0,0357	59,0946
CsHsp60-20	5	GSVIVT01025490001	6	4,7777	0,2732	0,0572	36,7515
CsHsp60-21	5	GSVIVT01010149001	1	1,3184	0,1043	0,0791	10,1415
CsHsp60-21	5	GSVIVT01017032001	9	7,6844	0,2739	0,0356	59,1107
CsHsp60-22	5	GSVIVT01031067001	14	1,3617	0,0232	0,0170	10,4746
CsHsp60-23	6	GSVIVT01018352001	15	1,3196	0,229	0,1736	10,1507
CsHsp60-24	6	GSVIVT01031526001	6	4,2353	0,0664	0,0157	32,5792
CsHsp60-24	6	GSVIVT01012098001	1	29,4683	0,2723	0,0092	226,679
CsHsp60-25	7	GSVIVT01036852001	18	1,432	0,31	0,2187	11,0153

EK 30' un devamı;

CsHsp60-26	7	GSVIVT01029025001	5	2,3601	0,0766	0,0325	18,1546
CsHsp60-26	7	GSVIVT01016859001	9	15,1096	0,1972	0,0131	116,227
CsHsp60-27	7	GSVIVT01016674001	9	1,2446	0,2211	0,1776	9,57384
CsHsp60-27	7	GSVIVT01015004001	11	1,7357	0,2637	0,1519	13,3515
CsHsp60-27	7	GSVIVT01011764001	1	12,9867	0,4365	0,0336	99,8976
CsHsp60-28	7	GSVIVT01016859001	9	1,3771	0,1301	0,0945	10,5930
CsHsp60-28	7	GSVIVT01029025001	5	4,2374	0,1939	0,0458	32,5953
CsHsp60-29	scaffold00011	GSVIVT01011764001	1	1,2986	0,2225	0,1713	9,98923
Ortalama				4,8599	0,1768	0,0821	37,3886

EK 31

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis lyrata</i>					
aly-miR781-5p	CsHsp60-15	2,00	11.506	UUAGAGUUUCUGGAUACUU	AAGAAUCCAGAAAAUUUUA
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
ath-miR3434-5p	CsHsp60-03	3,00	15.402	ACUUGGCUGAUUCUAUUAU	AAUAAUAGAAU-AGCCAAGG
ath-miR781a	CsHsp60-15	2,00	11.506	UUAGAGUUUCUGGAUACUU	AAGAAUCCAGAAAAUUUUA
ath-miR781b	CsHsp60-15	2,00	11.506	UUAGAGUUUCUGGAUACUU	AAGAAUCCAGAAAAUUUUA
<i>Brachypodium distachyon</i>					
bdi-miR5185a-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185b-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185c-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185d-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185e-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185f-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185g-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185h-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185i-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185j-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR5185k-5p	CsHsp60-27	3,00	15.47	UUCUAGUUCAUUUUCAAU	CUUUGGAAGAUGAAUUGGAA
bdi-miR7729a-5p	CsHsp60-28	3,00	17.245	UGUUUCAUAGGCCAUGUAG	CUCCAUGGCUUUUGAAAGCA
bdi-miR7729b-5p	CsHsp60-28	3,00	17.245	UGUUUCAUAGGCCAUGUAG	CUCCAUGGCUUUUGAAAGCA
<i>Citrus sinensis</i>					
csi-miR3948	CsHsp60-20	3,00	7.198	UGGAGUGGGAGUGGGAGUAGG	UCUUCUCCCACUCCAUUUCU
csi-miR3948	CsHsp60-19	3,00	7.198	UGGAGUGGGAGUGGGAGUAGG	UCUUCUCCCACUCCAUUUCU
<i>Glycine max</i>					

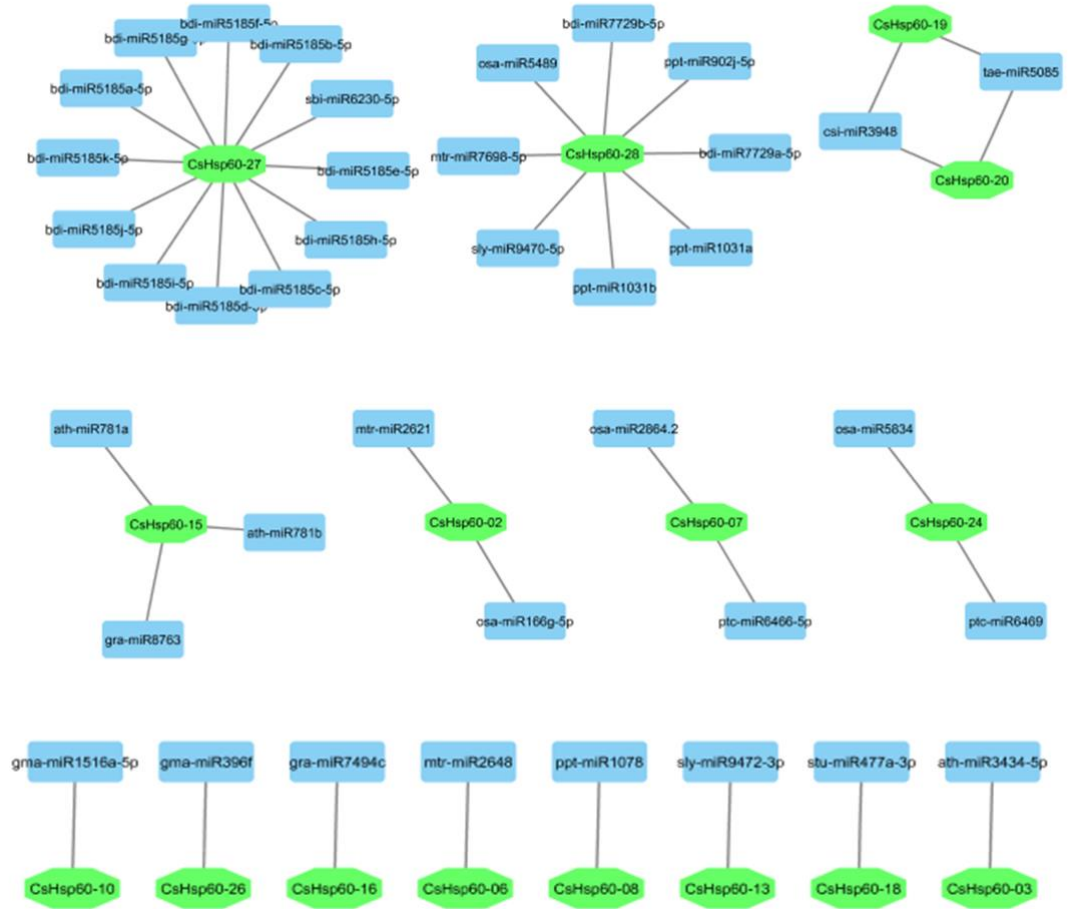
EK 31' in devamı;

gma-miR1516a-5p	CsHsp60-10	2,50	17.767	CAAGUUAUAAGCUCUUUUGAG	CUCAAGAGAGCUAAUGAUUUG
gma-miR396f	CsHsp60-26	3,00	15.354	AGCUUUCUUGAACUUCUUAU	AGAAGAGGUUCAGGAAAGCA
gra-miR7494c	CsHsp60-16	1,50	4.249	AUGGAGGAAAACAGAGGGAGA	UUUCCUUUUGUUUCCUCCAU
gra-miR8763	CsHsp60-15	3,00	15.723	UUAUUACUGUUAAAUUUGUU	AACAAAAGGAACAGUAUUA
<i>Medicago truncatula</i>					
mtr-miR2621	CsHsp60-02	3,00	16.675	AGCUUGGGCUAGGAAUUUGUG	CACAAAUUC-UAUCCCAAGCU
mtr-miR2648	CsHsp60-06	3,00	21.528	UAGCCAAUGGGAAUAACAGA	UCUGUUAUUGCUAUUGGCAA
mtr-miR7698-5p	CsHsp60-28	2,50	14.354	UUUUCAUCAAGUUUCUGG	UCUGAAAGUUUGAUGAAAA
<i>Oryza sativa</i>					
osa-miR166g-5p	CsHsp60-02	2,50	22.219	AAUGGAGGCUGAUCCAAGAU	AUCUUGGAUCAACAUCCAU
osa-miR2864.2	CsHsp60-07	3,00	12.731	UUGUUUUGCAUUGUAUAGGUA	UAGUUAUGCGAUGCAAAUAA
osa-miR5489	CsHsp60-28	3,00	18.282	CAGGUGUUCUCGAUGGCUUC	GAAGGCGUCGGGAAUACUUG
osa-miR5834	CsHsp60-24	3,00	16.048	ACGGAUGUAGAAAUUGGUGA	UCACCAAUUUAACAUCUGA
<i>Physcomitrella patens</i>					
ppt-miR1031a	CsHsp60-28	3,00	15.279	UCAAUGCUCUCUGGAGCUUC	GAAGCUUCAGAGAUUAUUGG
ppt-miR1031b	CsHsp60-28	3,00	15.279	UCAAUGCUCUCUGGAGCUUC	GAAGCUUCAGAGAUUAUUGG
ppt-miR1078	CsHsp60-08	3,00	16.126	UUUGGAUGAUUCAAUUGUGAU	AUCUCAAUUGAGUCAUAAAA
ppt-miR902j-5p	CsHsp60-28	3,00	13.983	AUAUGUUGCAGAUUCUUCAU	AUGCAGAUUUUGCAGCAU
<i>Populus trichocarpa</i>					
ptc-miR6466-5p	CsHsp60-07	3,00	16.648	UCUGGUAUGAGCAUUUGAUG	UAUUCAUUGCUUAUGCCAGA
ptc-miR6469	CsHsp60-24	3,00	19.609	UGGCAGAAAAGGAUUCGUUU	GAGCAAUCUUUUUUUGCCA
sbi-miR6230-5p	CsHsp60-27	3,00	18.906	UUUUGGG-UCCCUAAACUUGU	ACAAGUUUCGGGAGCCCAAAA
<i>Selaginella moellendorffii</i>					
sly-miR9470-5p	CsHsp60-28	3,00	20.334	UGAAAUCCAUGA-GCCUAAA	UUUAGGCAUCAUCGAUUUCA
sly-miR9472-3p	CsHsp60-13	3,00	14.259	UUCACAAUCUCUGCUGAAAAA	UUUAUCAUCAAGAUUGUGAA
<i>Solanum tuberosum</i>					

EK 31' in devamı;

stu-miR477a-3p	CsHsp60-18	3,00	14.045	GAAGCUCUAGCAGGGAGAGCCA	UUGUGCUIUUUUGCUAGAGCUUC
tae-miR5085	CsHsp60-19	3,00	17.445	AAGGACAUUUUUUGUGGCCU	AUGCUAUAAAAAUGUCCUG
tae-miR5085	CsHsp60-20	3,00	17.445	AAGGACAUUUUUUGUGGCCU	AUGCUAUAAAAAUGUCCUG

EK 32



EK 33

Protein Adı	Cucurbit Genome Veritabanı Tanımlayıcısı	Salatalık Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı veya Kararsız	Filogeni Grubu	NCBI Erişim No.
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)							
CsHsp70-01	Csa2M070310.1	Chr2	5,427,208	5,429,443	650	5,18	71279,95	35,04	stable	II	XP_004152854.1
CsHsp70-02	Csa2M122520.1	Chr2	8,176,614	8,180,834	707	5,18	75396,1	32,36	stable	III	ABM92419.1
CsHsp70-03	Csa3M147740.1	Chr3	9,928,649	9,930,364	571	5,52	61985,5	39,06	stable	III	XP_004134140.1
CsHsp70-04	Csa3M391900.1	Chr3	19,117,817	19,123,998	762	5,63	85391,4	44,4	unstable	I	XP_004151979.1
CsHsp70-05	Csa4M179170.1	Chr4	8,965,693	8,969,625	680	5,69	73123,8	40,82	unstable	III	XP_004147511.1
CsHsp70-06	Csa4M295440.1	Chr4	11,823,184	11,826,273	647	5,16	70869,3	34,67	stable	II	KGN54238.1
CsHsp70-07	Csa4M418540.1	Chr4	15,722,107	15,722,991	130	6,72	14121,1	32,89	stable	III	KGN54661.1
CsHsp70-08	Csa4M617390.1	Chr4	19,669,174	19,679,176	898	5,27	100136	43,6	unstable	I	XP_004149526.1
CsHsp70-09	Csa4M617390.2	Chr4	19,669,174	19,679,176	841	5,67	94167,9	42,55	unstable	I	XP_004149526.1
CsHsp70-10	Csa5M149330.1	Chr5	4,469,887	4,473,757	665	5,1	73429,1	27,83	stable	II	KGN50013.1
CsHsp70-11	Csa5M512930.1	Chr5	17,912,303	17,915,006	652	5,1	71453,8	36,13	stable	II	KGN51286.1
CsHsp70-12	Csa5M514500.1	Chr5	17,969,849	17,972,430	648	5,21	71046,6	34,78	stable	II	XP_004142749.1
CsHsp70-13	Csa7M312930.1	Chr7	10,868,096	10,872,494	666	5,09	71510,8	31,42	stable	III	KGN44489.1
CsHsp70-14	Csa7M446710.1	Chr7	17,685,920	17,691,540	843	5,4	92899,1	41,6	unstable	I	XP_004141777.1

EK 34**CsHsp70 proteinlerinin Blast2Go analiz detayları**

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO: BİYOLOJİK SÜREÇ	GO: MOLEKÜLER FONKSİYON	GO: HÜCRE BİLEŞENİ
CsHsp70-01	heat shock 70 kDa	650	0,00E+00	96.55%		ATP bağlanması;	kloroplast, hücre duvarı; hücre zarı
CsHsp70-02	stromal 70 kDa heat shock-related chloroplastic	707	0,00E+00	94.25%	oksidasyon- indirgeme işlemi; protein katlama	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi; açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp70-03	heat shock 70 kDa 8	571	0,00E+00	91.05%	oksidasyon redüksiyon işlemi	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	
CsHsp70-04	heat shock 70 kDa 16	762	0,00E+00	82.3%	oksidasyon redüksiyon işlemi	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	
CsHsp70-05	heat shock 70 kDa mitochondrial	680	0,00E+00	97.65%	oksidasyon- indirgeme işlemi; protein katlama	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi; açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp70-06	heat shock cognate 70 kDa 2	647	0,00E+00	98.65%	oksidasyon redüksiyon işlemi	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	
CsHsp70-07	stromal 70 kDa heat shock-related chloroplastic	130	8.84E-91	61.05%	protein katlama	nükleotit bağlanması; ATP bağlanması; açılmamış protein bağlanması;	
CsHsp70-08	heat shock 70 kDa 17	898	0,00E+00	87.4%	oksidasyon- indirgeme işlemi;	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	kloroplast; endoplazmik retikulum; Golgi aparatı; vakumlu membran
CsHsp70-09	heat shock 70 kDa 17	841	0,00E+00	87.5%	oksidasyon- indirgeme işlemi;	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	kloroplast; endoplazmik retikulum; Golgi aparatı; vakumlu membran
CsHsp70-10	luminal-binding 5	665	0,00E+00	97.8%	oksidasyon redüksiyon işlemi	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	endoplazmik retikulum;

EK 34' ün devamı;

CsHsp70-11	Heat shock 70	652	0,00E+00	98.3%		ATP bağlanması	
CsHsp70-12	heat shock cognate 70 kDa 2	648	0,00E+00	98.4%	oksidasyon redüksiyon işlemi	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	
CsHsp70-13	stromal 70 kDa heat shock-related chloroplastic	666	0,00E+00	91.95%	oksidasyon redüksiyon işlemi, protein katlanması	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, katlanmamış protein bağlanması;	
CsHsp70-14	heat shock 70 kDa 15-like	843	0,00E+00	88.5%	oksidasyon redüksiyon işlemi	ATP bağlanması; 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi;	

EK 35

Kromozom	Gene	Duplikasyon	E Deęeri	Homoloji (%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
Chr4	CsHsp70-08	CsHsp70-09	0.0	100%	0	0,0136	0.0138	1,0190	0,104615
Chr5	CsHsp70-10	CsHsp70-12	0.0	65%	13,499,962	48,4308	0.3026	0.0062	372,5446
Chr5	CsHsp70-10	CsHsp70-11	0.0	64%	5,862,736	43,2376	0.3096	0.0072	332,5969
Chr5	CsHsp70-11	CsHsp70-12	0.0	93%	283,929	3,6122	0.0328	0.0091	27,78615
Ortalama						23,82355			183,2581

EK 36

Gene 1	Lokasyon	Kro.	Gene 2	Lokasyon	Kro.	E Değeri	Homoloji (%)	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp70-01	5,427,208-5,429,443	Chr2	CsHsp70-12	17,969,849-17,972,430	Chr5	0.0	86%	6,8483	0.0785	0.0115	52,67923
CsHsp70-01	5,427,208-5,429,443	Chr2	CsHsp70-11	17,912,303-17,915,006	Chr5	0.0	85%	8,1210	0.0920	0.0113	62,46923
CsHsp70-01	5,427,208-5,429,443	Chr2	CsHsp70-06	11,823,184-11,826,273	Chr4	0.0	84%	46,9147	0.0943	0.0020	360,8823
CsHsp70-01	5,427,208-5,429,443	Chr2	CsHsp70-10	11,823,184-11,826,273	Chr5	0.0	65%	50,5365	0.2929	0.0058	388,7423
CsHsp70-02	8,176,614-8,180,834	Chr2	CsHsp70-13	10,868,096-10,872,494	Chr7	0.0	84%	7,1667	0.1096	0.0153	55,12846
CsHsp70-06	11,823,184-11,826,273	Chr4	CsHsp70-12	17,969,849-17,972,430	Chr5	0.0	95%	2,7870	0.0261	0.0094	21,43846
CsHsp70-06	11,823,184-11,826,273	Chr4	CsHsp70-11	17,685,920-17,691,540	Chr5	0.0	94%	4,9718	0.0277	0.0056	38,24462
CsHsp70-06	11,823,184-11,826,273	Chr4	CsHsp70-10	11,823,184-11,826,273	Chr5	0.0	64%	52,3535	0.3077	0.0059	402,7192
Ortalama								22,4624			172,788

EK 37

Salatalık -Arabidopsis							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp70-01	2	AT1G16030,1	1	5,4808	0,098	0,018	42,16
CsHsp70-01	2	AT3G12580,1	3	9,3586	0,093	0,010	71,99
CsHsp70-01	2	AT5G02500,1	5	20,02	0,099	0,005	154,00
CsHsp70-01	2	AT3G09440,2	3	5,8737	0,099	0,017	45,18
CsHsp70-01	2	AT3G09440,1	3	5,8734	0,099	0,017	45,18
CsHsp70-01	2	AT5G02490,1	5	11,902	0,106	0,009	91,55
CsHsp70-01	2	AT1G56410,1	1	5,9	0,118	0,020	45,38
CsHsp70-01	2	AT5G28540,1	5	19,604	0,299	0,015	150,80
CsHsp70-01	2	AT5G42020,1	5	21,058	0,299	0,014	161,98
CsHsp70-01	2	AT1G09080,2	1	5,1885	0,302	0,058	39,91
CsHsp70-01	2	AT1G09080,1	1	5,1891	0,302	0,058	39,92
CsHsp70-01	2	AT5G02500,2	5	58,876	0,109	0,002	452,89
CsHsp70-01	2	AT5G42020,2	5	16,101	0,302	0,019	123,86
CsHsp70-01	2	AT4G37910,1	4	13,561	0,471	0,035	104,31
CsHsp70-01	2	AT5G09590,1	5	50,6493	0,4560	0,009	389,61
CsHsp70-01	2	AT4G24280,1	4	51,321	0,512	0,010	394,77

EK 37' nin devamı;

CsHsp70-01	2	AT5G49910,1	5	38,802	0,505	0,013	298,48
CsHsp70-02	2	AT4G24280,1	4	3,875	0,101	0,026	29,81
CsHsp70-02	2	AT5G49910,1	5	4,9268	0,103	0,021	37,90
CsHsp70-02	2	AT5G09590,1	5	19,362	0,422	0,022	148,94
CsHsp70-02	2	AT4G37910,1	4	50,425	0,446	0,009	387,89
CsHsp70-02	2	AT5G28540,1	5	52,393	0,538	0,010	403,02
CsHsp70-02	2	AT5G42020,1	5	51,62	0,546	0,011	397,08
CsHsp70-02	2	AT5G02490,1	5	52,772	0,489	0,009	405,94
CsHsp70-02	2	AT5G02500,1	5	52,501	0,5	0,010	403,86
CsHsp70-02	2	AT3G12580,1	3	52,417	0,521	0,010	403,21
CsHsp70-02	2	AT1G16030,1	1	53,64	0,509	0,009	412,62
CsHsp70-02	2	AT3G09440,2	3	52,019	0,455	0,009	400,15
CsHsp70-02	2	AT3G09440,1	3	52,318	0,511	0,010	402,45
CsHsp70-02	2	AT1G09080,2	1	52,951	0,566	0,011	407,31
CsHsp70-02	2	AT1G56410,1	1	53,911	0,51	0,009	414,70
CsHsp70-02	2	AT1G09080,1	1	53,061	0,566	0,011	408,16
CsHsp70-02	2	AT5G42020,2	5	50,471	0,562	0,011	388,24
CsHsp70-03	3	AT2G32120,2	2	6,078	0,192	0,032	46,75
CsHsp70-03	3	AT2G32120,1	2	60900	0,192	0,000	468461,54
CsHsp70-03	3	AT3G12580,1	3	48,613	0,698	0,014	373,95

EK 37' nin devamı;

CsHsp70-03	3	AT1G16030,1	1	48,643	0,714	0,015	374,18
CsHsp70-03	3	AT5G02500,1	5	48,338	0,697	0,014	371,83
CsHsp70-03	3	AT3G09440,2	3	49,079	0,689	0,014	377,53
CsHsp70-03	3	AT3G09440,1	3	49,078	0,689	0,014	377,52
CsHsp70-03	3	AT5G02490,1	5	48,42	0,708	0,015	372,46
CsHsp70-03	3	AT1G56410,1	1	49,424	0,716	0,014	380,19
CsHsp70-03	3	AT1G09080,2	1	49,811	0,774	0,016	383,16
CsHsp70-04	3	AT1G11660,1	1	9,5661	0,896	0,094	73,59
CsHsp70-04	3	AT1G79930,1	1	51,118	0,888	0,017	393,21
CsHsp70-04	3	AT1G79920,2	1	51,117	0,888	0,017	393,21
CsHsp70-04	3	AT1G09080,2	1	52,945	0,566	0,011	407,27
CsHsp70-04	3	AT1G09080,1	1	54,873	0,821	0,015	422,10
CsHsp70-04	3	AT3G12580,1	3	26,169	0,872	0,033	201,30
CsHsp70-04	3	AT5G28540,1	5	6,4946	0,865	0,133	49,96
CsHsp70-04	3	AT5G42020,1	5	5,1265	0,866	0,169	39,43
CsHsp70-04	3	AT1G16030,1	1	55,367	0,849	0,015	425,90
CsHsp70-04	3	AT5G02500,1	5	53,628	0,909	0,017	412,52
CsHSp70-05	4	AT5G09590,1	5	2,7319	0,078	0,029	21,01
CsHSp70-05	4	AT4G37910,1	4	5,1745	0,119	0,023	39,80

EK 37' nin devamı;

CsHSp70-05	4	AT4G24280,1	4	49,778	0,408	0,008	382,91
CsHSp70-05	4	AT5G49910,1	5	43,761	0,425	0,010	336,62
CsHSp70-05	4	AT5G42020,1	5	52,467	0,494	0,009	403,59
CsHSp70-05	4	AT5G28540,1	5	53,061	0,485	0,009	408,16
CsHSp70-05	4	AT5G02500,1	5	52,946	0,453	0,009	407,27
CsHSp70-05	4	AT3G12580,1	3	43,367	0,445	0,010	333,59
CsHSp70-05	4	AT1G56410,1	1	53,205	0,447	0,008	409,27
CsHSp70-05	4	AT3G09440,2	3	52,517	0,45	0,009	403,97
CsHsp70-06	4	AT5G02500,1	5	3,5254	0,04	0,011	27,12
CsHsp70-06	4	AT3G12580,1	3	11,784	0,043	0,004	90,65
CsHsp70-06	4	AT5G02490,1	5	6,7764	0,051	0,007	52,13
CsHsp70-06	4	AT3G09440,2	3	4,7059	0,053	0,011	36,20
CsHsp70-06	4	AT3G09440,1	3	4,7025	0,053	0,011	36,17
CsHsp70-06	4	AT1G56410,1	1	2,3654	0,062	0,026	18,20
CsHsp70-06	4	AT1G16030,1	1	10,359	0,107	0,010	79,68
CsHsp70-06	4	AT5G28540,1	5	53,669	0,301	0,006	412,83
CsHsp70-06	4	AT5G42020,1	5	53,679	0,308	0,006	412,92
CsHsp70-06	4	AT5G02500,2	5	4,2363	0,045	0,011	32,59
CsHsp70-07	4	AT4G24280,1	4	51,866	0,293	0,006	398,97

EK 37' nin devamı;

CsHsp70-07	4	AT5G49910,1	5	53,871	0,285	0,005	414,39
CsHsp70-07	4	AT4G37910,1	4	14,244	0,643	0,045	109,57
CsHsp70-07	4	AT5G09590,1	5	4,7476	0,633	0,133	36,52
CsHsp70-07	4	AT1G56410,1	1	53,445	0,764	0,014	411,11
CsHsp70-07	4	AT5G42020,1	5	4,6813	0,955	0,204	36,01
CsHsp70-07	4	AT5G28540,1	5	50,973	0,996	0,020	392,10
CsHsp70-07	4	AT5G42020,2	5	4,1638	0,948	0,228	32,03
CsHsp70-07	4	AT3G12580,1	3	55,629	0,785	0,014	427,92
CsHsp70-07	4	AT5G02500,2	5	53,528	0,839	0,016	411,75
CsHsp70-08	4	AT4G16660,1	4	2,6915	0,2	0,074	20,70
CsHsp70-08	4	AT1G11660,1	1	55,007	0,842	0,015	423,13
CsHsp70-08	4	AT1G79930,2	1	54,361	0,106	0,002	418,16
CsHsp70-08	4	AT1G79930,1	1	54,362	0,882	0,016	418,17
CsHsp70-08	4	AT3G12580,1	1	23,646	0,845	0,036	181,89
CsHsp70-08	4	AT5G28540,1	5	52,274	0,87	0,017	402,11
CsHsp70-08	4	AT5G02500,1	5	40,897	0,847	0,021	314,59
CsHsp70-08	4	AT1G09080,2	1	23,697	0,858	0,036	182,28
CsHsp70-08	4	AT1G09080,1	1	22,355	0,871	0,039	171,96
CsHsp70-08	4	AT5G42020,2	5	54,286	0,865	0,016	417,59

EK 37' nin devamı;

CsHsp70-09	4	AT4G16660,1	4	2,5153	0,196	0,078	19,35
CsHsp70-09	4	AT1G11660,1	1	55,454	0,822	0,015	426,57
CsHsp70-09	4	AT1G79930,2	1	54,522	0,872	0,016	419,40
CsHsp70-09	4	AT1G79920,1	1	53,57	0,865	0,016	412,07
CsHsp70-09	4	AT1G79930,1	1	54,602	0,879	0,016	420,01
CsHsp70-09	4	AT3G12580,1	3	23,644	0,845	0,036	181,88
CsHsp70-09	4	AT5G28540,1	5	52,276	0,87	0,017	402,12
CsHsp70-09	4	AT5G02500,1	5	41,359	0,849	0,021	318,15
CsHsp70-09	4	AT1G09080,2	1	22,436	0,858	0,038	172,58
CsHsp70-09	4	AT1G09080,1	1	21,225	0,87	0,041	163,27
CsHsp70-10	5	AT5G42020,1	5	1,5575	0,0480	0,031	11,98
CsHsp70-10	5	AT5G28540,1	5	1,5017	0,0481	0,032	11,55
CsHsp70-10	5	AT1G09080,2	1	32,0028	0,1523	0,005	246,18
CsHsp70-10	5	AT1G09080,1	1	33,2465	0,1461	0,004	255,74
CsHsp70-10	5	AT5G42020,2	5	1,4591	0,0497	0,034	11,22
CsHsp70-10	5	AT3G12580,1	3	29,3289	0,2930	0,010	225,61
CsHsp70-10	5	AT3G09440,2	3	53,2142	0,2925	0,005	409,34

EK 37' nin devamı;

CsHsp70-10	5	AT3G09440,2	3	53,2155	0,2925	0,005	409,35
CsHsp70-10	5	AT3G09440,1	3	53,2136	0,2925	0,005	409,34
CsHsp70-10	5	AT1G16030,1	1	39,0791	0,3030	0,008	300,61
CsHsp70-10	5	AT5G02500,1	5	54,7630	0,3055	0,006	421,25
CsHsp70-10	5	AT5G02490,1	5	41,5760	0,3056	0,007	319,82
CsHsp70-11	5	AT5G02500,1	5	11,271	0,05	0,004	86,70
CsHsp70-11	5	AT3G12580,1	3	6,5196	0,049	0,007	50,15
CsHsp70-11	5	AT5G02490,1	5	6,8324	0,054	0,008	52,56
CsHsp70-11	5	AT3G09440,2	3	7,7628	0,054	0,007	59,71
CsHsp70-11	5	AT3G09440,1	3	7,7568	0,054	0,007	59,67
CsHsp70-11	5	AT1G56410,1	1	8,0537	0,07	0,009	61,95
CsHsp70-11	5	AT1G16030,1	1	13,05	0,106	0,008	100,39
CsHsp70-11	5	AT5G28540,1	5	28,425	0,304	0,011	218,65
CsHsp70-11	5	AT5G42020,1	5	28,373	0,03	0,001	218,25
CsHsp70-11	5	AT5G02500,2	5	11,798	0,059	0,005	90,75
CsHsp70-12	5	AT3G12580,1	3	4,1764	0,042	0,010	32,13

EK 37' nin devamı;

CsHsp70-12	5	AT5G02500,1	5	7,1909	0,044	0,006	55,31
CsHsp70-12	5	AT3G09440,2	3	4,9215	0,048	0,010	37,86
CsHsp70-12	5	AT3G09440,1	3	4,9259	0,048	0,010	37,89
CsHsp70-12	5	AT5G02490,1	5	6,2351	0,054	0,009	47,96
CsHsp70-12	5	AT1G56410,1	1	4,0166	0,066	0,017	30,90
CsHsp70-12	5	AT1G16030,1	1	10,458	0,107	0,010	80,45
CsHsp70-12	5	AT5G28540,1	5	43,879	0,289	0,007	337,53
CsHsp70-12	5	AT5G42020,1	5	46,158	0,299	0,006	355,06
CsHsp70-12	5	AT5G02500,2	5	6,52	0,05	0,01	50,15
CsHsp70-13	7	AT4G24280,1	4	6,1399	0,123	0,020	47,23
CsHsp70-13	7	AT5G49910,1	5	7,387	0,12	0,016	56,82
CsHsp70-13	7	AT5G09590,1	5	48,422	0,436	0,009	372,47
CsHsp70-13	7	AT4G37910,1	4	24,34	0,44	0,018	187,23
CsHsp70-13	7	AT5G28540,1	5	52,217	0,548	0,010	401,67
CsHsp70-13	7	AT5G42020,1	5	51,386	0,548	0,011	395,28
CsHsp70-13	7	AT5G02500,1	5	51,2	0,524	0,010	393,85
CsHsp70-13	7	AT3G12580,1	3	50,999	0,507	0,010	392,30

EK 37' nin devamı;

CsHsp70-13	7	AT5G02490,1	5	51,476	0,513	0,010	395,97
CsHsp70-13	7	AT3G09440,2	3	50,887	0,541	0,011	391,44
CsHsp70-14	7	AT1G79930,1	1	3,5243	0,144	0,041	27,11
CsHsp70-14	7	AT1G79930,2	1	3,9763	0,134	0,034	30,59
CsHsp70-14	7	AT1G11660,1	1	25,607	0,399	0,016	196,97
CsHsp70-14	7	AT1G16030,1	1	53,357	0,792	0,015	410,44
CsHsp70-14	7	AT5G02500,1	5	52,353	0,796	0,015	402,72
CsHsp70-14	7	AT5G02500,2	5	51,714	0,805	0,016	397,80
CsHsp70-14	7	AT3G12580,1	3	54,412	0,773	0,014	418,55
CsHsp70-14	7	AT1G09080,2	1	53,484	0,824	0,015	411,42
CsHsp70-14	7	AT3G09440,2	3	9,2562	0,796	0,086	71,20
CsHsp70-14	7	AT3G09440,1	3	9,2581	0,796	0,086	71,22
Ortalama				25,387	0,361	0,022	3263,94

EK 38

Salatalık - Çeltik							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp70-01	2	LOC_Os05g38530,1	5	17,28	0,0834	0,00483	132,94
CsHsp70-01	2	LOC_Os01g62290,1	1	27,44	0,0782	0,00285	211,08
CsHsp70-01	2	LOC_Os03g16920,1	3	31,10	0,0782	0,00251	239,24
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g47760,1	11	18,65	0,0963	0,00516	143,46
CsHsp70-01	2	LOC_Os03g60620,1	3	10,36	0,0925	0,00893	79,65
CsHsp70-01	2	LOC_Os03g16860,1	3	51,88	0,1012	0,00195	399,06
CsHsp70-01	2	LOC_Os01g62290,2	1	31,66	0,0752	0,00238	243,51
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g47760,2	11	15,71	0,093	0,00592	120,86
CsHsp70-01	2	LOC_Os03g16860,2	3	48,53	0,0975	0,00201	373,34
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g47760,3	11	15,08	0,1616	0,01072	116,01
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g47760,5	11	15,53	0,0736	0,00474	119,48
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g47760,4	11	45,47	0,099	0,00218	349,74
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g47760,6	11	31,52	0,072	0,00228	242,49
CsHsp70-01	2	LOC_Os03g16880,1	3	11,68	0,1972	0,01688	89,85
CsHsp70-01	2	LOC_Os02g02410,1	2	53,14	0,2837	0,00534	408,79
CsHsp70-01	2	LOC_Os03g50250,1	3	60,50	0,3098	0,00512	465,40

EK 38' in devamı;

CsHsp70-01	2	LOC_Os08g09770,1	8	59,70	0,3037	0,00509	459,24
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g08460,1	11	10,97	0,2387	0,02177	84,35
CsHsp70-01	2	LOC_Os05g35400,1	5	59,94	0,2989	0,00499	461,11
CsHsp70-01	2	LOC_Os05g30480,1	5	56,94	0,3501	0,00615	437,98
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g08440,1	11	57,05	0,2947	0,00517	438,82
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g08445,1	11	57,21	0,3492	0,00610	440,10
CsHsp70-01	2	LOC_Os11g08460,2	11	23,03	0,2287	0,00993	177,14
CsHsp70-01	2	LOC_Os02g53420,1	2	50,79	0,4652	0,00916	390,73
CsHsp70-01	2	LOC_Os01g49430,1	1	39,28	0,3771	0,00960	302,14
CsHsp70-01	2	LOC_Os03g02260,1	3	32,51	0,4633	0,01425	250,06
CsHsp70-01	2	LOC_Os09g31486,1	9	24,17	0,4728	0,01956	185,94
CsHsp70-01	2	LOC_Os05g23740,1	5	14,49	0,5155	0,03557	111,49
CsHsp70-02	2	LOC_Os05g23740,1	5	13,44	0,094	0,00700	103,35
CsHsp70-02	2	LOC_Os12g14070,1	12	6,85	0,1001	0,01462	52,68
CsHsp70-02	2	LOC_Os02g53420,1	2	49,83	0,4475	0,00898	383,28
CsHsp70-02	2	LOC_Os03g02260,1	3	49,20	0,4406	0,00896	378,43
CsHsp70-02	2	LOC_Os09g31486,1	9	41,80	0,4516	0,01080	321,53
CsHsp70-02	2	LOC_Os09g31486,2	9	36,07	0,4106	0,01138	277,47
CsHsp70-02	2	LOC_Os08g09770,1	8	56,58	0,5047	0,00892	435,19
CsHsp70-02	2	LOC_Os03g50250,1	3	56,73	0,4994	0,00880	436,41

EK 38' in devamı;

CsHsp70-02	2	LOC_Os02g02410,1	2	52,44	0,5179	0,00988	403,40
CsHsp70-02	2	LOC_Os05g35400,1	5	55,37	0,5371	0,00970	425,94
CsHsp70-02	2	LOC_Os03g16920,1	3	58,43	0,4733	0,00810	449,43
CsHsp70-02	2	LOC_Os03g60620,1	3	52,02	0,5041	0,00969	400,15
CsHsp70-02	2	LOC_Os03g16860,1	3	57,27	0,4905	0,00857	440,52
CsHsp70-02	2	LOC_Os11g47760,1	11	53,49	0,5103	0,00954	411,43
CsHsp70-02	2	LOC_Os05g38530,1	5	59,42	0,4823	0,00812	457,11
CsHsp70-02	2	LOC_Os01g62290,1	1	56,56	0,4892	0,00865	435,08
CsHsp70-02	2	LOC_Os11g47760,3	11	51,49	0,5183	0,01007	396,06
CsHsp70-02	2	LOC_Os03g16860,2	3	56,53	0,486	0,00860	434,85
CsHsp70-02	2	LOC_Os01g62290,2	1	55,54	0,4712	0,00848	427,22
CsHsp70-02	2	LOC_Os11g47760,2	11	52,80	0,4959	0,00939	406,18
CsHsp70-02	2	LOC_Os11g47760,5	11	51,97	0,4509	0,00868	399,73
CsHsp70-02	2	LOC_Os05g30480,1	5	54,02	0,5603	0,01037	415,57
CsHsp70-02	2	LOC_Os11g47760,4	11	53,96	0,4806	0,00891	415,08
CsHsp70-02	2	LOC_Os03g16880,1	3	53,73	0,483	0,00899	413,34
CsHsp70-03	3	LOC_Os03g11910,2	3	47,60	0,2296	0,00482	366,16
CsHsp70-03	3	LOC_Os03g11910,1	3	47,62	0,2298	0,00483	366,33
CsHsp70-03	3	LOC_Os01g62290,2	1	49,79	0,6829	0,01371	383,02

EK 38' in devamı;

CsHsp70-03	3	LOC_Os01g62290,1	1	50,00	0,6888	0,01378	384,63
CsHsp70-03	3	LOC_Os11g47760,5	11	47,01	0,6959	0,01480	361,63
CsHsp70-03	3	LOC_Os05g38530,1	5	52,36	0,6681	0,01276	402,74
CsHsp70-03	3	LOC_Os11g47760,3	11	47,14	0,7205	0,01529	362,59
CsHsp70-03	3	LOC_Os11g47760,2	11	47,70	0,7132	0,01495	366,89
CsHsp70-03	3	LOC_Os11g47760,1	11	47,70	0,7158	0,01501	366,95
CsHsp70-03	3	LOC_Os03g16920,1	3	52,46	0,672	0,01281	403,55
CsHsp70-04	3	LOC_Os06g46600,1	6	7,60	0,3983	0,05238	58,49
CsHsp70-04	3	LOC_Os01g08560,2	1	37,18	0,4185	0,01126	286,02
CsHsp70-04	3	LOC_Os05g08840,1	5	50,40	0,4225	0,00838	387,68
CsHsp70-04	3	LOC_Os03g16920,1	3	35,61	0,8466	0,02377	273,94
CsHsp70-04	3	LOC_Os03g60620,1	3	39,76	0,9052	0,02277	305,81
CsHsp70-04	3	LOC_Os01g62290,1	1	56,46	0,8777	0,01555	434,27
CsHsp70-04	3	LOC_Os05g38530,1	5	57,98	0,8636	0,01489	446,04
CsHsp70-04	3	LOC_Os11g47760,1	11	45,27	0,8929	0,01972	348,23
CsHsp70-04	3	LOC_Os03g16860,1	3	31,13	0,8967	0,02881	239,45
CsHsp70-04	3	LOC_Os03g16860,1	3	30,94	0,8968	0,02898	238,02
CsHSp70-05	4	LOC_Os02g53420,1	2	4,62	0,0872	0,01888	35,53
CsHSp70-05	4	LOC_Os03g02260,1	3	3,53	0,093	0,02633	27,17

EK 38' in devamı;

CsHSp70-05	4	LOC_Os09g31486,1	9	51,28	0,143	0,00279	394,49
CsHSp70-05	4	LOC_Os09g31486,2	9	17,66	0,1027	0,00581	135,88
CsHSp70-05	4	LOC_Os12g14070,1	12	48,29	0,4135	0,00856	371,49
CsHSp70-05	4	LOC_Os05g23740,1	5	29,71	0,4078	0,01372	228,56
CsHSp70-05	4	LOC_Os03g16920,1	3	59,79	0,4117	0,00689	459,96
CsHSp70-05	4	LOC_Os05g38530,1	5	60,10	0,4239	0,00705	462,29
CsHSp70-05	4	LOC_Os02g02410,1	2	39,43	0,4656	0,01181	303,27
CsHSp70-05	4	LOC_Os03g60620,1	3	51,97	0,4494	0,00865	399,78
CsHsp70-06	4	LOC_Os11g47760,1	11	9,01	0,0259	0,00288	69,30
CsHsp70-06	4	LOC_Os03g60620,1	3	9,78	0,0315	0,00322	75,24
CsHsp70-06	4	LOC_Os05g38530,1	5	36,72	0,0367	0,00100	282,48
CsHsp70-06	4	LOC_Os01g62290,1	1	33,71	0,0337	0,00100	259,28
CsHsp70-06	4	LOC_Os03g16860,1	3	42,43	0,0434	0,00102	326,41
CsHsp70-06	4	LOC_Os03g16920,1	3	52,23	0,0642	0,00123	401,81
CsHsp70-06	4	LOC_Os11g47760,2	11	7,98	0,0225	0,00282	61,40
CsHsp70-06	4	LOC_Os01g62290,2	1	31,22	0,0312	0,00100	240,13
CsHsp70-06	4	LOC_Os03g16860,2	3	39,65	0,0396	0,00100	304,99
CsHsp70-06	4	LOC_Os11g47760,3	11	11,57	0,1119	0,00967	88,98
CsHsp70-07	4	LOC_Os05g23740,1	5	9,00	0,275	0,03056	69,21

EK 38' in devamı;

CsHsp70-07	4	LOC_Os12g14070,1	12	51,26	0,352	0,00687	394,33
CsHsp70-07	4	LOC_Os03g02260,1	3	16,42	0,5677	0,03457	126,31
CsHsp70-07	4	LOC_Os02g53420,1	2	7,09	0,6316	0,08904	54,56
CsHsp70-07	4	LOC_Os09g31486,2	9	48,86	0,7451	0,01525	375,87
CsHsp70-07	4	LOC_Os09g31486,1	9	48,86	0,7452	0,01525	375,86
CsHsp70-07	4	LOC_Os03g60620,1	3	52,61	0,8034	0,01527	404,67
CsHsp70-07	4	LOC_Os11g47760,6	11	53,25	0,8073	0,01516	409,58
CsHsp70-07	4	LOC_Os03g16860,1	3	54,33	0,7745	0,01426	417,91
CsHsp70-07	4	LOC_Os03g16860,2	3	54,40	0,7688	0,01413	418,46
CsHsp70-08	4	LOC_Os02g48110,1	2	48,00	0,2833	0,00590	369,26
CsHsp70-08	4	LOC_Os01g08560,2	1	53,36	0,891	0,01670	410,48
CsHsp70-08	4	LOC_Os01g08560,1	1	53,36	0,8911	0,01670	410,46
CsHsp70-08	4	LOC_Os06g46600,1	6	49,87	0,8774	0,01759	383,65
CsHsp70-08	4	LOC_Os05g08840,1	5	52,22	0,9154	0,01753	401,69
CsHsp70-08	4	LOC_Os11g47760,5	11	23,91	0,7912	0,03309	183,90
CsHsp70-08	4	LOC_Os11g47760,3	11	17,23	0,8064	0,04681	132,53
CsHsp70-08	4	LOC_Os03g16860,2	3	31,87	0,7996	0,02509	245,18

EK 38' in devamı;

CsHsp70-08	4	LOC_Os01g62290,2	1	53,48	0,8054	0,01506	411,36
CsHsp70-08	4	LOC_Os03g16860,1	3	49,37	0,819	0,01659	379,74
CsHsp70-09	4	LOC_Os02g48110,1	2	51,24	0,2607	0,00509	394,14
CsHsp70-09	4	LOC_Os01g08560,2	1	54,02	0,8794	0,01628	415,57
CsHsp70-09	4	LOC_Os01g08560,1	1	54,02	0,8794	0,01628	415,55
CsHsp70-09	4	LOC_Os06g46600,1	6	0,16	15,9645	98,97396	1,24
CsHsp70-09	4	LOC_Os05g08840,1	5	51,66	0,9119	0,01765	397,37
CsHsp70-09	4	LOC_Os11g47760,5	11	23,85	0,7912	0,03318	183,45
CsHsp70-09	4	LOC_Os11g47760,3	11	17,23	0,8064	0,04681	132,51
CsHsp70-09	4	LOC_Os03g16860,2	3	31,32	0,8006	0,02556	240,91
CsHsp70-09	4	LOC_Os03g16860,1	3	48,47	0,8163	0,01684	372,81
CsHsp70-09	4	LOC_Os01g62290,2	1	53,48	0,8054	0,01506	411,36
CsHsp70-10	5	LOC_Os02g02410,1	2	5,3167	0,0528	0,00993	40,90
CsHsp70-10	5	LOC_Os03g50250,1	3	61,7556	0,1614	0,00261	475,04
CsHsp70-10	5	LOC_Os08g09770,1	8	60,5589	0,1676	0,00277	465,84
CsHsp70-10	5	LOC_Os05g35400,1	5	61,0494	0,1615	0,00265	469,61

EK 38' in devamı;

CsHsp70-10	5	LOC_Os05g30480,1	5	58,7451	0,2094	0,00356	451,89
CsHsp70-10	5	LOC_Os03g16920,1	3	68,24	0,2653	0,00389	524,91
CsHsp70-10	5	LOC_Os03g60620,1	3	19,8046	0,2911	0,01470	152,34
CsHsp70-10	5	LOC_Os01g62290,1	1	45,4538	0,2721	0,00599	349,64
CsHsp70-10	5	LOC_Os05g38530,1	5	45,9833	0,2712	0,00590	353,72
CsHsp70-10	5	LOC_Os03g16860,1	3	60,4291	0,2801	0,00464	464,84
CsHsp70-11	5	LOC_Os11g47760,1	11	6,40	0,0348	0,00544	49,24
CsHsp70-11	5	LOC_Os01g62290,1	1	29,69	0,0404	0,00136	228,41
CsHsp70-11	5	LOC_Os03g60620,1	3	7,78	0,0415	0,00533	59,87
CsHsp70-11	5	LOC_Os03g16860,1	3	26,71	0,0466	0,00174	205,47
CsHsp70-11	5	LOC_Os05g38530,1	5	29,45	0,046	0,00156	226,52
CsHsp70-11	5	LOC_Os03g16920,1	3	38,05	0,0722	0,00190	292,66
CsHsp70-11	5	LOC_Os11g47760,2	11	5,51	0,0296	0,00537	42,37
CsHsp70-11	5	LOC_Os01g62290,2	1	33,92	0,034	0,00100	260,91
CsHsp70-11	5	LOC_Os03g16860,2	3	29,62	0,0411	0,00139	227,87
CsHsp70-11	5	LOC_Os11g47760,5	11	5,28	0,0251	0,00475	40,61
CsHsp70-12	5	LOC_Os05g38530,1	5	28,02	0,039	0,00139	215,51

EK 38' in devamı;

CsHsp70-12	5	LOC_Os11g47760,1	11	7,52	0,0328	0,00436	57,88
CsHsp70-12	5	LOC_Os01g62290,1	1	29,50	0,0345	0,00117	226,92
CsHsp70-12	5	LOC_Os03g60620,1	3	10,54	0,0401	0,00381	81,04
CsHsp70-12	5	LOC_Os03g16860,1	3	35,56	0,0471	0,00132	273,56
CsHsp70-12	5	LOC_Os03g16920,1	3	32,67	0,0623	0,00191	251,33
CsHsp70-12	5	LOC_Os01g62290,2	1	29,70	0,0297	0,00100	228,48
CsHsp70-12	5	LOC_Os11g47760,2	11	6,87	0,0305	0,00444	52,83
CsHsp70-12	5	LOC_Os03g16860,2	3	30,74	0,0425	0,00138	236,50
CsHsp70-12	5	LOC_Os11g47760,3	11	6,42	0,1151	0,01793	49,38
CsHsp70-13	7	LOC_Os05g23740,1	5	3,98	0,1129	0,02836	30,63
CsHsp70-13	7	LOC_Os12g14070,1	12	5,49	0,1196	0,02177	42,25
CsHsp70-13	7	LOC_Os02g53420,1	2	48,54	0,4229	0,00871	373,35
CsHsp70-13	7	LOC_Os03g02260,1	3	48,82	0,4095	0,00839	375,52
CsHsp70-13	7	LOC_Os09g31486,1	9	49,16	0,4614	0,00939	378,16
CsHsp70-13	7	LOC_Os09g31486,2	9	49,94	0,4310	0,00863	384,13
CsHsp70-13	7	LOC_Os08g09770,1	8	55,58	0,5493	0,00988	427,54
CsHsp70-13	7	LOC_Os03g50250,1	3	55,17	0,5306	0,00962	424,37
CsHsp70-13	7	LOC_Os02g02410,1	2	51,29	0,532	0,01037	394,51
CsHsp70-13	7	LOC_Os05g35400,1	5	55,36	0,5398	0,00975	425,88

EK 38' in devamı;

CsHsp70-14	7	LOC_Os01g08560,2	1	5,16	0,1794	0,03480	39,65
CsHsp70-14	7	LOC_Os01g08560,1	1	5,09	0,1422	0,02793	39,17
CsHsp70-14	7	LOC_Os05g08840,1	5	5,71	0,2169	0,03799	43,92
CsHsp70-14	7	LOC_Os06g46600,1	6	10,27	0,4672	0,04549	79,00
CsHsp70-14	7	LOC_Os03g16920,1	3	16,42	0,7177	0,04371	126,30
CsHsp70-14	7	LOC_Os05g38530,1	5	59,62	0,744	0,01248	458,59
CsHsp70-14	7	LOC_Os01g62290,1	1	57,42	0,7682	0,01338	441,68
CsHsp70-14	7	LOC_Os01g62290,2	1	55,48	0,7818	0,01409	426,79
CsHsp70-14	7	LOC_Os03g60620,1	3	53,33	0,8049	0,01509	410,22
CsHsp70-14	7	LOC_Os11g47760,1	11	53,71	0,7758	0,01444	413,16
Ortalama				31,27058	0,343198	0,652	298,33

EK 39

Salatalık - Kavak							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp70-01	2	Potri,001G042600,1	1	3,742	0,056	0,0150	28,78
CsHsp70-01	2	Potri,001G042700,1	1	5,6589	0,0714	0,0126	43,53
CsHsp70-01	2	Potri,001G087500,1	1	51,0571	0,2907	0,0057	392,75
CsHsp70-01	2	Potri,001G087500,2	1	10,8467	0,2751	0,0254	83,44
CsHsp70-01	2	Potri,001G087500,3	1	14,2881	0,2843	0,0199	109,91
CsHsp70-01	2	Potri,001G285500,1	1	42,0807	0,4516	0,0107	323,70
CsHsp70-01	2	Potri,003G006300,1	3	50,4123	0,5153	0,0102	387,79
CsHsp70-01	2	Potri,003G143600,1	3	30,4145	0,2901	0,0095	233,96
CsHsp70-01	2	Potri,003G143600,2	3	19,8475	0,295	0,0149	152,67
CsHsp70-01	2	Potri,003G143600,3	3	11,9963	0,2757	0,0230	92,28
CsHsp70-01	2	Potri,003G184000,1	3	2,9313	0,0955	0,0326	22,55
CsHsp70-01	2	Potri,004G224400,3	4	50,1901	0,4886	0,0097	386,08
CsHsp70-01	2	Potri,008G054000,1	8	7,7312	0,0861	0,0111	59,47
CsHsp70-01	2	Potri,008G054600,1	8	8,3699	0,0958	0,0114	64,38
CsHsp70-01	2	Potri,008G054600,2	8	9,1281	0,0881	0,0097	70,22
CsHsp70-01	2	Potri,008G054700,1	8	8,9886	0,0989	0,0110	69,14
CsHsp70-01	2	Potri,008G054700,2	8	9,4555	0,0951	0,0101	72,73
CsHsp70-01	2	Potri,008G054700,3	8	9,2305	0,1072	0,0116	71,00
CsHsp70-01	2	Potri,008G054900,1	8	14,4695	0,2231	0,0154	111,30
CsHsp70-01	2	Potri,010G205700,1	10	8,4259	0,0983	0,0117	64,81
CsHsp70-01	2	Potri,010G205800,1	10	9,0631	0,0915	0,0101	69,72
CsHsp70-01	2	Potri,010G205800,2	10	9,4164	0,0932	0,0099	72,43
CsHsp70-01	2	Potri,010G206600,1	10	7,7743	0,0878	0,0113	59,80

EK 39' un devamı;

CsHsp70-01	2	Potri,012G017600,1	12	34,7177	0,2946	0,0085	267,06
CsHsp70-01	2	Potri,013G018000,1	13	5,4183	0,303	0,0559	41,68
CsHsp70-02	2	Potri,004G224400,1	4	2,3249	0,0583	0,0251	17,88
CsHsp70-02	2	Potri,003G006300,1	3	2,1396	0,0621	0,0290	16,46
CsHsp70-02	2	Potri,004G224400,2	4	2,2691	0,0584	0,0257	17,45
CsHsp70-02	2	Potri,004G224400,3	4	2,164	0,0585	0,0270	16,65
CsHsp70-02	2	Potri,003G006300,2	3	2,1532	0,1066	0,0495	16,56
CsHsp70-02	2	Potri,009G079700,1	9	50,5925	0,4251	0,0084	389,17
CsHsp70-02	2	Potri,001G285500,1	1	50,1629	0,4266	0,0085	385,87
CsHsp70-02	2	Potri,001G087500,1	1	52,8021	0,5251	0,0099	406,17
CsHsp70-02	2	Potri,003G143600,1	3	53,4397	0,5238	0,0098	411,07
CsHsp70-02	2	Potri,013G018000,1	13	53,653	0,5349	0,0100	412,72
CsHsp70-02	2	Potri,012G017600,1	12	53,0741	0,5373	0,0101	408,26
CsHsp70-02	2	Potri,001G042700,1	1	54,8741	0,5021	0,0092	422,11
CsHsp70-02	2	Potri,001G042600,1	1	56,5284	0,5136	0,0091	434,83
CsHsp70-02	2	Potri,010G205700,1	10	53,6661	0,4917	0,0092	412,82
CsHsp70-02	2	Potri,010G206600,1	10	53,2364	0,5093	0,0096	409,51
CsHsp70-02	2	Potri,008G054700,3	8	54,5771	0,5024	0,0092	419,82
CsHsp70-02	2	Potri,003G143600,3	3	53,5676	0,5057	0,0094	412,06
CsHsp70-02	2	Potri,001G087500,2	1	51,6896	0,4954	0,0096	397,61
CsHsp70-02	2	Potri,008G054900,1	8	16,6935	0,5663	0,0339	128,41
CsHsp70-02	2	Potri,003G184000,1	3	57,3644	0,5407	0,0094	441,26
CsHsp70-02	2	Potri,010G205800,2	10	54,5777	0,4967	0,0091	419,83
CsHsp70-03	3	Potri,008G152000,1	8	1,8561	0,1371	0,0739	14,28
CsHsp70-03	3	Potri,010G088600,1	10	1,8356	0,1356	0,0739	14,12

EK 39' un devamı;

CsHsp70-03	3	Potri,008G054700,2	8	49,4201	0,6945	0,0141	380,15
CsHsp70-03	3	Potri,008G054700,3	8	49,376	0,7046	0,0143	379,82
CsHsp70-03	3	Potri,008G054000,1	8	50,1472	0,7043	0,0140	385,75
CsHsp70-03	3	Potri,008G054700,1	8	49,3777	0,7045	0,0143	379,83
CsHsp70-03	3	Potri,001G042700,1	1	50,301	0,7121	0,0142	386,93
CsHsp70-03	3	Potri,010G206600,1	10	48,7758	0,718	0,0147	375,20
CsHsp70-03	3	Potri,010G205800,1	10	49,128	0,7032	0,0143	377,91
CsHsp70-03	3	Potri,010G205700,1	10	49,4141	0,7155	0,0145	380,11
CsHsp70-04	3	Potri,011G139100,2	11	1,3598	0,1516	0,1115	10,46
CsHsp70-04	3	Potri,011G139100,1	11	1,3366	0,2055	0,1537	10,28
CsHsp70-04	3	Potri,004G016700,2	4	2,5042	0,2685	0,1072	19,26
CsHsp70-04	3	Potri,004G016700,1	4	2,652	0,2659	0,1003	20,40
CsHsp70-04	3	Potri,004G016700,3	4	2,5063	0,2417	0,0964	19,28
CsHsp70-04	3	Potri,003G055800,4	3	11,7267	0,4001	0,0341	90,21
CsHsp70-04	3	Potri,003G055800,3	3	12,104	0,3963	0,0327	93,11
CsHsp70-04	3	Potri,003G055800,2	3	11,6351	0,3829	0,0329	89,50
CsHSp70-05	4	Potri,001G285500,1	1	2,2555	0,0635	0,0282	17,35
CsHSp70-05	4	Potri,009G079700,1	9	2,1946	0,0635	0,0289	16,88
CsHSp70-05	4	Potri,004G224400,1	4	49,4581	0,4269	0,0086	380,45
CsHSp70-05	4	Potri,003G006300,1	3	20,1792	0,4294	0,0213	155,22
CsHSp70-05	4	Potri,004G224400,3	4	49,5652	0,4038	0,0081	381,27
CsHSp70-05	4	Potri,004G224400,2	4	49,7763	0,4247	0,0085	382,89
CsHSp70-05	4	Potri,003G006300,2	3	50,9201	0,4267	0,0084	391,69
CsHSp70-05	4	Potri,013G018000,1	13	11,7764	0,4996	0,0424	90,59
CsHSp70-05	4	Potri,012G017600,1	12	43,856	0,4788	0,0109	337,35

EK 39' un devamı;

CsHsp70-05	4	Potri,008G054000,1	8	46,0046	0,4556	0,0099	353,88
CsHsp70-06	4	Potri,008G054000,1	8	1,9838	0,0223	0,0112	15,26
CsHsp70-06	4	Potri,010G206600,1	10	2,4758	0,0273	0,0110	19,04
CsHsp70-06	4	Potri,008G054600,1	8	2,2946	0,0263	0,0115	17,65
CsHsp70-06	4	Potri,010G205700,1	10	2,4914	0,025	0,0100	19,16
CsHsp70-06	4	Potri,010G205800,1	10	2,0241	0,0288	0,0142	15,57
CsHsp70-06	4	Potri,008G054700,1	8	2,2246	0,027	0,0121	17,11
CsHsp70-06	4	Potri,008G054600,2	8	1,984	0,0283	0,0143	15,26
CsHsp70-06	4	Potri,008G054700,3	8	2,3494	0,0452	0,0192	18,07
CsHsp70-06	4	Potri,001G042600,1	1	11,714	0,0732	0,0062	90,11
CsHsp70-06	4	Potri,003G184000,1	3	10,5128	0,1079	0,0103	80,87
CsHsp70-07	4	Potri,004G224400,3	4	53,1909	0,2785	0,0052	409,16
CsHsp70-07	4	Potri,004G224400,2	4	53,1873	0,2783	0,0052	409,13
CsHsp70-07	4	Potri,004G224400,1	4	53,1905	0,2784	0,0052	409,16
CsHsp70-07	4	Potri,003G006300,1	3	52,2231	0,2778	0,0053	401,72
CsHsp70-07	4	Potri,003G006300,2	3	52,2156	0,2778	0,0053	401,66
CsHsp70-07	4	Potri,009G079700,1	9	50,0157	0,5782	0,0116	384,74
CsHsp70-07	4	Potri,001G285500,	1	29,0197	0,5723	0,0197	223,23
CsHsp70-07	4	Potri,003G184000,1	3	59,637	0,7847	0,0132	458,75
CsHsp70-07	4	Potri,003G143600,3	3	54,738	0,8399	0,0153	421,06
CsHsp70-07	4	Potri,010G205700,	10	53,5003	0,7996	0,0149	411,54
CsHsp70-08	4	Potri,006G022100,1	6	2,1078	0,188	0,0892	16,21
CsHsp70-08	4	Potri,016G019800,	16	1,8149	0,1799	0,0991	13,96
CsHsp70-08	4	Potri,016G019800,2	16	1,7789	0,1729	0,0972	13,68
CsHsp70-08	4	Potri,006G022100,2	6	2,0982	0,1885	0,0898	16,14

EK 39' un devamı;

CsHsp70-08	4	Potri,016G019800,3	16	1,7483	0,1547	0,0885	13,45
CsHsp70-08	4	Potri,006G022100,3	6	1,9902	0,1598	0,0803	15,31
CsHsp70-08	4	Potri,016G019800,5	16	1,8089	0,1462	0,0808	13,91
CsHsp70-08	4	Potri,016G019800,4	16	1,8235	0,1523	0,0835	14,03
CsHsp70-08	4	Potri,004G016700,1	4	57,7125	0,8623	0,0149	443,94
CsHsp70-08	4	Potri,004G016700,2	4	57,4868	0,8687	0,0151	442,21
CsHsp70-09	4	Potri,006G022100,1	6	2,0058	0,1707	0,0851	15,43
CsHsp70-09	4	Potri,016G019800,1	16	1,7591	0,1716	0,0975	13,53
CsHsp70-09	4	Potri,016G019800,2	16	1,7591	0,1716	0,0975	13,53
CsHsp70-09	4	Potri,006G022100,2	6	1,9983	0,1712	0,0857	15,37
CsHsp70-09	4	Potri,016G019800,3	16	1,7483	0,1547	0,0885	13,45
CsHsp70-10	5	Potri,003G143600,1	3	1,1500	0,0276	0,0240	8,85
CsHsp70-10	5	Potri,001G087500,1	1	1,2912	0,0270	0,0209	9,93
CsHsp70-10	5	Potri,012G017600,1	12	1,5896	0,0495	0,0311	12,23
CsHsp70-10	5	Potri,013G018000,1	13	38,3878	0,1193	0,0031	295,29
CsHsp70-10	5	Potri,003G143600,3	3	1,1415	0,0484	0,0424	8,78
CsHsp70-10	5	Potri,001G087500,2	1	1,1214	0,0330	0,0294	8,63
CsHsp70-10	5	Potri,003G143600,2	3	1,2813	0,0439	0,0343	9,86
CsHsp70-10	5	Potri,012G017600,2	12	1,5448	0,1224	0,0792	11,88
CsHsp70-10	5	Potri,010G206600,1	10	52,4850	0,3069	0,0058	403,73
CsHsp70-10	5	Potri,010G205800,1	10	53,1911	0,3057	0,0057	409,16
CsHsp70-11	5	Potri,008G054000,1	8	3,1127	0,0302	0,0097	23,94
CsHsp70-11	5	Potri,008G054600,1	8	3,3871	0,0326	0,0096	26,05
CsHsp70-11	5	Potri,010G206600,1	10	2,4098	0,0325	0,0135	18,54
CsHsp70-11	5	Potri,010G205800,1	10	2,9203	0,0304	0,0104	22,46

EK 39' un devamı;

CsHsp70-11	5	Potri,010G205700,1	10	2,6677	0,0259	0,0097	20,52
CsHsp70-11	5	Potri,008G054700,1	8	2,4769	0,0333	0,0134	19,05
CsHsp70-11	5	Potri,008G054600,2	8	3,2524	0,0339	0,0104	25,02
CsHsp70-11	5	Potri,008G054700,3	8	2,8397	0,0484	0,0170	21,84
CsHsp70-11	5	Potri,001G042600,1	1	9,2152	0,0815	0,0088	70,89
CsHsp70-11	5	Potri,008G054700,2	8	2,5304	0,0307	0,0121	19,46
CsHsp70-12	5	Potri,008G054000,1	8	4,2656	0,034	0,0080	32,81
CsHsp70-12	5	Potri,010G206600,1	10	3,3425	0,0381	0,0114	25,71
CsHsp70-12	5	Potri,008G054600,1	8	3,3159	0,0346	0,0104	25,51
CsHsp70-12	5	Potri,010G205700,1	10	3,7296	0,0357	0,0096	28,69
CsHsp70-12	5	Potri,010G205800,1	10	3,3871	0,0327	0,0097	26,05
CsHsp70-12	5	Potri,008G054700,1	8	30050	0,0406	0,0000	231153,85
CsHsp70-12	5	Potri,008G054600,2	8	31560	0,0308	0,0000	242769,23
CsHsp70-12	5	Potri,001G042600,1	1	10,9175	0,0655	0,0060	83,98
CsHsp70-12	5	Potri,008G054700,3	8	2,9868	0,054	0,0181	22,98
CsHsp70-12	5	Potri,008G054700,2	8	3,1422	0,0361	0,0115	24,17
CsHsp70-13	7	Potri,004G224400,1	4	4,6683	0,11	0,0236	35,91
CsHsp70-13	7	Potri,003G006300,1	3	4,779	0,1134	0,0237	36,76
CsHsp70-13	7	Potri,004G224400,2	4	4,3577	0,1073	0,0246	33,52
CsHsp70-13	7	Potri,004G224400,3	4	5,54	0,0957	0,0173	42,62
CsHsp70-13	7	Potri,003G006300,2	3	7,3844	0,1427	0,0193	56,80
CsHsp70-13	7	Potri,009G079700,1	9	49,6868	0,4355	0,0088	382,21
CsHsp70-13	7	Potri,001G285500,1	1	49,0353	0,4246	0,0087	377,19
CsHsp70-13	7	Potri,001G087500,1	1	52,0917	0,5265	0,0101	400,71
CsHsp70-13	7	Potri,003G143600,1	3	52,8979	0,5261	0,0099	406,91

EK 39' un devamı;

CsHsp70-13	7	Potri,013G018000,1	13	52,2805	0,5333	0,0102	402,16
CsHsp70-14	7	Potri,001G180100,1	1	2,5364	0,1245	0,0491	19,51
CsHsp70-14	7	Potri,003G055800,1	3	2,2195	0,1285	0,0579	17,07
CsHsp70-14	7	Potri,003G055800,5	3	2,2195	0,1285	0,0579	17,07
CsHsp70-14	7	Potri,003G055800,3	3	2,3139	0,1404	0,0607	17,80
CsHsp70-14	7	Potri,003G055800,2	3	2,1584	0,1256	0,0582	16,60
CsHsp70-14	7	Potri,001G180100,2	1	2,6596	0,1266	0,0476	20,46
CsHsp70-14	7	Potri,011G139100,1	11	12,8399	0,3968	0,0309	98,77
CsHsp70-14	7	Potri,011G139100,2	11	13,2806	0,3978	0,0300	102,16
CsHsp70-14	7	Potri,004G016700,2	4	10,3876	0,3901	0,0376	79,90
CsHsp70-14	7	Potri,004G016700,1	4	10,926	0,4044	0,0370	84,05
Ortalama				446,18	0,174211	0,028	3217,63

EK 40

Salatalık - Üzüm							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp70-01	2	GSVIVT01016567001	13	15,2578	0,2067	0,01	117,37
CsHsp70-01	2	GSVIVT01019607001	2	51,8118	0,2889	0,01	398,55
CsHsp70-01	2	GSVIVT01031125001	14	9,9471	0,2973	0,03	76,52
CsHsp70-01	2	GSVIVT01038517001	3	16,9151	0,4232	0,03	130,12
CsHsp70-01	2	GSVIVT01038580001	16	40,0945	0,2973	0,01	308,42
CsHsp70-02	2	GSVIVT0101960700	2	51,9947	0,4971	0,01	399,96
CsHsp70-02	2	GSVIVT01038580001	16	52,5992	0,5445	0,01	404,61
CsHsp70-02	2	GSVIVT01031125001	14	52,1994	0,5285	0,01	401,53
CsHsp70-03	3	GSVIVT01017960001	5	1,3874	0,1671	0,12	10,67
CsHsp70-03	3	GSVIVT01019607001	2	49,1523	0,8293	0,02	378,09
CsHsp70-03	3	GSVIVT01038580001	16	49,3765	0,8129	0,02	379,82
CsHsp70-03	3	GSVIVT01031125001	14	33,4861	0,7955	0,02	257,59
CsHsp70-03	3	GSVIVT01038517001	3	49,691	0,7813	0,02	382,24
CsHsp70-04	3	GSVIVT0101711000	9	7,9293	0,4179	0,05	60,99
CsHsp70-04	3	GSVIVT01037642001	19	1,0436	0,2557	0,25	8,03
CsHsp70-04	3	GSVIVT01031125001	14	8,6176	0,8169	0,09	66,29
CsHSp70-05	4	GSVIVT01038517001	3	1,6893	0,0457	0,03	12,99
CsHSp70-05	4	GSVIVT01006769001	un	2,9546	0,073	0,02	22,73
CsHSp70-05	4	GSVIVT01026014001	18	30,5619	0,403	0,01	235,09
CsHSp70-05	4	GSVIVT01008331001	17	18,3568	0,3754	0,02	141,21
CsHSp70-05	4	GSVIVT01019607001	2	52,8963	0,45	0,01	406,89
CsHSp70-05	4	GSVIVT01038580001	16	53,5224	0,4817	0,01	411,71
CsHSp70-05	4	GSVIVT01031125001	14	50,4834	0,496	0,01	388,33

EK 40' in devamı;

CsHsp70-06	4	GSVIVT01038580001	16	24,8419	0,3012	0,01	191,09
CsHsp70-06	4	GSVIVT01019607001	2	52,7003	0,2983	0,01	405,39
CsHsp70-06	4	GSVIVT01031125001	14	13,4855	0,3032	0,02	103,73
CsHsp70-06	4	GSVIVT01038517001	3	51,1674	0,4135	0,01	393,60
CsHsp70-06	4	GSVIVT01016567001	13	4,1868	0,1493	0,04	32,21
CsHsp70-07	4	GSVIVT01008331001	17	50,085	0,2795	0,01	385,27
CsHsp70-07	4	GSVIVT01026014001	18	3,1817	0,2739	0,09	24,47
CsHsp70-07	4	GSVIVT01006769001	UN	7,0082	0,5754	0,08	53,91
CsHsp70-07	4	GSVIVT01038517001	3	40,2886	0,5712	0,01	309,91
CsHsp70-07	4	GSVIVT01028680001	7	5,4708	0,6092	0,11	42,08
CsHsp70-07	4	GSVIVT01031125001	14	50,5446	0,9362	0,02	388,80
CsHsp70-07	4	GSVIVT01038580001	16	53,278	0,8481	0,02	409,83
CsHsp70-07	4	GSVIVT01019607001	2	52,8971	0,832	0,02	406,90
CsHsp70-07	4	GSVIVT01032146001	13	4,1769	0,6452	0,15	32,13
CsHsp70-08	4	GSVIVT01038380001	9	1,8546	0,1781	0,10	14,27
CsHsp70-08	4	GSVIVT01035736001	4	1,7915	0,1704	0,10	13,78
CsHsp70-08	4	GSVIVT01026352001	4	1,8523	0,2311	0,12	14,25
CsHsp70-08	4	GSVIVT01031125001	14	19,8837	0,7847	0,04	152,95
CsHsp70-08	4	GSVIVT01019607001	2	47,542	0,8449	0,02	365,71
CsHsp70-09	4	GSVIVT01038380001	9	1,7831	0,1665	0,09	13,72
CsHsp70-09	4	GSVIVT01035736001	4	1,7531	0,1585	0,09	13,49
CsHsp70-09	4	GSVIVT01026352001	4	1,5581	0,1778	0,11	11,99
CsHsp70-09	4	GSVIVT01031125001	14	19,6242	0,7843	0,04	150,96
CsHsp70-09	4	GSVIVT01019607001	2	46,2756	0,8451	0,02	355,97
CsHsp70-09	4	GSVIVT01038580001	16	41,7558	0,8744	0,02	321,20

EK 40' in devamı;

CsHsp70-10	5	GSVIVT01038580001	16	1,6973	0,0401	0,02	13,06
CsHsp70-10	5	GSVIVT01019607001	2	1,2140	0,0271	0,02	9,34
CsHsp70-10	5	GSVIVT01031125001	14	22,6680	0,1164	0,01	174,37
CsHsp70-10	5	GSVIVT01038517001	3	54,0523	0,4290	0,01	415,79
CsHsp70-11	5	GSVIVT01038580001	16	14,7398	0,3078	0,02	113,38
CsHsp70-11	5	GSVIVT01019607001	2	16,2795	0,2962	0,02	125,23
CsHsp70-11	5	GSVIVT01031125001	14	8,0965	0,3038	0,04	62,28
CsHsp70-11	5	GSVIVT01038517001	3	52,1983	0,4151	0,01	401,53
CsHsp70-11	5	GSVIVT01016567001	13	2,8226	0,1549	0,05	21,71
CsHsp70-12	5	GSVIVT01038580001	16	28,42	0,2976	0,01	218,62
CsHsp70-12	5	GSVIVT01019607001	2	52,2324	0,2922	0,01	401,79
CsHsp70-12	5	GSVIVT01031125001	14	22,0436	0,2982	0,01	169,57
CsHsp70-12	5	GSVIVT01038517001	3	51,5208	0,4083	0,01	396,31
CsHsp70-12	5	GSVIVT01016567001	13	2,6945	0,1528	0,06	20,73
CsHsp70-13	7	GSVIVT01026014001	18	2,2269	0,0668	0,03	17,13
CsHsp70-13	7	GSVIVT01008331001	17	2,0899	0,0691	0,03	16,08
CsHsp70-13	7	GSVIVT01038517001	3	49,1183	0,4006	0,01	377,83
CsHsp70-13	7	GSVIVT01006769001	un	50,1815	0,4036	0,01	386,01
CsHsp70-13	7	GSVIVT01019607001	2	50,6477	0,4789	0,01	389,60
CsHsp70-13	7	GSVIVT01038580001	16	52,0325	0,553	0,01	400,25
CsHsp70-13	7	GSVIVT01031125001	14	49,7666	0,5387	0,01	382,82
CsHsp70-14	7	GSVIVT01017110001	9	2,0022	0,1184	0,06	15,40
CsHsp70-14	7	GSVIVT01037642001	19	10,2809	0,5371	0,05	79,08
CsHsp70-14	7	GSVIVT01031125001	14	50,8979	0,792	0,02	391,52
CsHsp70-14	7	GSVIVT01019607001	2	52,0681	0,8324	0,02	400,52

EK 40' in devamı;

CsHsp70-14	7	GSVIVT01038580001	16	53,4591	0,8467	0,02	411,22
Ortalama				28,97907	0,434847	0,03662	213,76

EK 41

Salatalık - Mısır							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromzom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp70-01	2	GRMZM2G056039_T01	1	19,5537	0,105	0,0054	150,41
CsHsp70-01	2	GRMZM2G066902_T01	2	48,9376	0,2676	0,0055	376,44
CsHsp70-01	2	GRMZM2G079668_T01	1	50,0278	0,5281	0,0106	384,83
CsHsp70-01	2	GRMZM2G079668_T02	1	50,0332	0,5281	0,0106	384,87
CsHsp70-01	2	GRMZM2G106429_T01	4	15,6221	0,1919	0,0123	120,17
CsHsp70-01	2	GRMZM2G111475_T01	5	48,9061	0,5146	0,0105	376,20
CsHsp70-01	2	GRMZM2G114793_T01	5	37,3162	0,2781	0,0075	287,05
CsHsp70-01	2	GRMZM2G145275_T01	1	24,8585	0,2255	0,0091	191,22
CsHsp70-01	2	GRMZM2G153815_T01	5	47,9329	0,4595	0,0096	368,71
CsHsp70-01	2	GRMZM2G310431_T01	8	26,5795	0,0772	0,0029	204,46
CsHsp70-01	2	GRMZM2G340251_T01	3	22,4863	0,1037	0,0046	172,97
CsHsp70-01	2	GRMZM2G340251_T02	3	21,6573	0,1038	0,0048	166,59
CsHsp70-01	2	GRMZM2G340251_T03	3	21,4279	0,1038	0,0048	164,83
CsHsp70-01	2	GRMZM2G340251_T04	3	45,1632	0,1066	0,0024	347,41
CsHsp70-01	2	GRMZM2G365374_T01	2	37,5064	0,4671	0,0125	288,51
CsHsp70-01	2	GRMZM2G366532_T01	9	37,6553	0,0787	0,0021	289,66
CsHsp70-01	2	GRMZM2G366532_T02	9	39,5141	0,0787	0,0020	303,95
CsHsp70-01	2	GRMZM2G415007_T0	4	38,2687	0,2802	0,0073	294,37
CsHsp70-01	2	GRMZM2G428391_T0	1	48,1782	0,1019	0,0021	370,60
CsHsp70-01	2	GRMZM2G428391_T02	1	52,1725	0,1034	0,0020	401,33
CsHsp70-01	2	GRMZM2G428391_T02	1	63,3085	0,1035	0,0016	486,99
CsHsp70-01	2	GRMZM2G471196_T01	5	59,1724	0,3331	0,0056	455,17
CsHsp70-01	2	GRMZM5G802801_T01	8	3,8402	0,0784	0,0204	29,54

EK 41' in devamı;

CsHsp70-02	2	GRMZM2G111475_T01	5	31,6128	0,0919	0,0029	243,18
CsHsp70-02	2	GRMZM2G079668_T02	1	30,4263	0,0994	0,0033	234,05
CsHsp70-02	2	GRMZM2G079668_T01	1	51,6444	0,0993	0,0019	397,26
CsHsp70-02	2	GRMZM2G001500_T02	10	9,4479	0,1051	0,0111	72,68
CsHsp70-02	2	GRMZM2G001500_T01	10	17,7027	0,1518	0,0086	136,17
CsHsp70-02	2	GRMZM2G153815_T01	5	49,0824	0,4304	0,0088	377,56
CsHsp70-02	2	GRMZM2G365374_T01	2	50,7375	0,4327	0,0085	390,29
CsHsp70-02	2	GRMZM2G111475_T02	5	6,8283	0,0773	0,0113	52,53
CsHsp70-02	2	GRMZM2G415007_T01	4	53,3402	0,5092	0,0095	410,31
CsHsp70-02	2	GRMZM2G114793_T0	5	53,3401	0,5097	0,0096	410,31
CsHsp70-02	2	AC209784,3_FGT007	3	53,3528	0,5006	0,0094	410,41
CsHsp70-03	3	GRMZM2G024718_T01	9	14,2251	0,2234	0,0157	109,42
CsHsp70-03	3	GRMZM5G802801_T01	8	49,6508	0,6854	0,0138	381,93
CsHsp70-03	3	GRMZM2G366532_T01	9	50,887	0,6828	0,0134	391,44
CsHsp70-03	3	GRMZM2G310431_T01	8	48,856	0,6902	0,0141	375,82
CsHsp70-03	3	GRMZM2G340251_T02	3	47,5443	0,7162	0,0151	365,73
CsHsp70-03	3	GRMZM2G340251_T03	3	47,5426	0,7163	0,0151	365,71
CsHsp70-03	3	GRMZM2G340251_T01	3	47,5442	0,7162	0,0151	365,72
CsHsp70-03	3	GRMZM2G366532_T02	9	50,1773	0,6894	0,0137	385,98
CsHsp70-03	3	GRMZM2G428391_T01	1	50,5841	0,6854	0,0135	389,11
CsHsp70-03	3	GRMZM2G415007_T01	4	48,8392	0,7836	0,0160	375,69
CsHsp70-04	3	GRMZM2G023232_T01	6	44,6051	0,4112	0,0092	343,12
CsHsp70-04	3	GRMZM2G361605_T01	6	19,3546	0,4287	0,0221	148,88
CsHsp70-04	3	GRMZM2G063676_T0	8	13,9203	0,4248	0,0305	107,08
CsHsp70-04	3	GRMZM2G361605_T02	6	20,7396	0,4279	0,0206	159,54

EK 41' in devamı;

CsHSp70-05	4	GRMZM2G153815_T01	5	5,5056	0,0918	0,0167	42,35
CsHSp70-05	4	GRMZM2G365374_T01	2	50,5205	0,1382	0,0027	388,62
CsHSp70-05	4	GRMZM2G111475_T01	5	48,0742	0,4188	0,0087	369,80
CsHSp70-05	4	GRMZM2G079668_T02	1	47,91	0,4317	0,0090	368,54
CsHSp70-05	4	GRMZM2G079668_T01	1	47,9105	0,4318	0,0090	368,54
CsHSp70-05	4	GRMZM2G001500_T02	10	27,1489	0,4232	0,0156	208,84
CsHSp70-05	4	GRMZM2G366532_T01	9	58,5689	0,4178	0,0071	450,53
CsHSp70-05	4	GRMZM2G310431_T01	8	54,8973	0,4422	0,0081	422,29
CsHSp70-05	4	GRMZM5G802801_T01	8	56,4335	0,4311	0,0076	434,10
CsHSp70-05	4	GRMZM2G366532_T02	9	43,3154	0,4539	0,0105	333,20
CsHsp70-06	4	GRMZM2G056039_T01	1	9,5269	0,0312	0,0033	73,28
CsHsp70-06	4	GRMZM2G340251_T02	3	8,7509	0,0323	0,0037	67,31
CsHsp70-06	4	GRMZM2G340251_T03	3	8,7809	0,0323	0,0037	67,55
CsHsp70-06	4	GRMZM2G340251_T01	3	8,7114	0,0323	0,0037	67,01
CsHsp70-06	4	AC209784,3_FGT007	3	41,8411	0,0418	0,0010	321,85
CsHsp70-06	4	GRMZM5G802801_T01	8	42,9140	0,0429	0,0010	330,11
CsHsp70-06	4	GRMZM2G310431_T01	8	42,7776	0,0428	0,0010	329,06
CsHsp70-06	4	GRMZM2G428391_T01	1	37,2321	0,0533	0,0014	286,40
CsHsp70-06	4	GRMZM2G428391_T02	1	46,8608	0,0559	0,0012	360,47
CsHsp70-06	4	GRMZM2G365374_T01	2	52,5764	0,4828	0,0092	404,43
CsHsp70-07	4	GRMZM2G111475_T01	5	9,2797	0,2738	0,0295	71,38
CsHsp70-07	4	GRMZM2G079668_T02	1	5,7058	0,2801	0,0491	43,89
CsHsp70-07	4	GRMZM2G079668_T01	1	5,7060	0,2801	0,0491	43,89
CsHsp70-07	4	GRMZM2G001500_T01	10	7,709	0,3394	0,0440	59,30
CsHsp70-07	4	GRMZM2G001500_T02	10	10,9137	0,3493	0,0320	83,95

EK 41' in devamı;

CsHsp70-07	4	GRMZM2G111475_T02	5	7,2043	0,3849	0,0534	55,42
CsHsp70-07	4	GRMZM2G153815_T01	5	9,0426	0,6171	0,0682	69,56
CsHsp70-07	4	GRMZM2G365374_T01	2	44,1918	0,7203	0,0163	339,94
CsHsp70-07	4	GRMZM5G802801_T01	8	53,1376	0,7822	0,0147	408,75
CsHsp70-07	4	GRMZM2G340251_T04	3	51,1667	0,8693	0,0170	393,59
CsHsp70-08	4	GRMZM2G020040_T02	5	52,8911	0,2752	0,0052	406,85
CsHsp70-08	4	GRMZM2G020040_T01	5	53,5437	0,3043	0,0057	411,87
CsHsp70-08	4	GRMZM2G158093_T01	4	50,3595	0,3351	0,0067	387,38
CsHsp70-08	4	GRMZM2G137696_T02	4	56,706	0,4222	0,0074	436,20
CsHsp70-08	4	GRMZM2G023232_T01	6	53,808	0,9158	0,0170	413,91
CsHsp70-09	4	GRMZM2G020040_T02	5	53,2954	0,2532	0,0048	409,96
CsHsp70-09	4	GRMZM2G020040_T01	5	54,0467	0,2515	0,0047	415,74
CsHsp70-09	4	GRMZM2G158093_T01	4	51,0601	0,2968	0,0058	392,77
CsHsp70-09	4	GRMZM2G137696_T02	4	59,4647	0,395	0,0066	457,42
CsHsp70-09	4	GRMZM2G023232_T01	6	54,4215	0,8869	0,0163	418,63
CsHsp70-09	4	GRMZM2G361605_T01	6	54,078	0,8977	0,0166	415,98
CsHsp70-09	4	GRMZM2G063676_T01	8	52,6146	0,9098	0,0173	404,73
CsHsp70-09	4	GRMZM2G428391_T01	1	50,6714	0,8519	0,0168	389,78
CsHsp70-09	4	GRMZM5G802801_T01	8	52,5064	0,8438	0,0161	403,90
CsHsp70-09	4	GRMZM2G056039_T01	1	50,4075	0,8362	0,0166	387,75
CsHsp70-10	5	GRMZM2G114793_T01	5	5,5774	0,0512	0,0092	42,90
CsHsp70-10	5	GRMZM2G415007_T01	4	4,9161	0,0536	0,0109	37,82
CsHsp70-10	5	GRMZM2G366532_T01	9	65,3501	0,2607	0,0040	502,69
CsHsp70-10	5	GRMZM2G366532_T02	9	62,7647	0,2812	0,0045	482,81
CsHsp70-10	5	AC209784,3_FGT007	3	58,8358	0,2705	0,0046	452,58

EK 41' in devamı;

CsHsp70-10	5	GRMZM5G802801_T01	8	63,1266	0,0042	0,0001	485,59
CsHsp70-10	5	GRMZM2G471196_T01	5	51,9550	0,1908	0,0037	399,65
CsHsp70-10	5	GRMZM2G310431_T01	8	60,4644	0,2694	0,0045	465,11
CsHsp70-10	5	GRMZM2G340251_T02	3	38,3351	0,2907	0,0076	294,89
CsHsp70-10	5	GRMZM2G340251_T03	3	38,4108	0,2907	0,0076	295,47
CsHsp70-11	5	GRMZM2G340251_T02	3	6,8903	0,042	0,0061	53,00
CsHsp70-11	5	GRMZM2G340251_T03	3	6,8807	0,042	0,0061	52,93
CsHsp70-11	5	GRMZM2G340251_T01	3	6,8725	0,042	0,0061	52,87
CsHsp70-11	5	GRMZM2G056039_T01	1	6,9613	0,0437	0,0063	53,55
CsHsp70-11	5	GRMZM5G802801_T01	8	48,6944	0,0488	0,0010	374,57
CsHsp70-11	5	GRMZM2G428391_T01	1	29,3118	0,0491	0,0017	225,48
CsHsp70-11	5	GRMZM2G310431_T01	8	39,3637	0,0459	0,0012	302,80
CsHsp70-11	5	GRMZM2G366532_T02	9	46,1372	0,0687	0,0015	354,90
CsHsp70-11	5	GRMZM2G366532_T01	9	49,2418	0,0692	0,0014	378,78
CsHsp70-12	5	GRMZM2G056039_T01	1	11,0081	0,0436	0,0040	84,68
CsHsp70-12	5	GRMZM5G802801_T01	8	37,4769	0,0375	0,0010	288,28
CsHsp70-12	5	GRMZM2G340251_T02	3	9,4881	0,0445	0,0047	72,99
CsHsp70-12	5	GRMZM2G340251_T03	3	9,4875	0,0445	0,0047	72,98
CsHsp70-12	5	GRMZM2G340251_T01	3	9,49	0,0445	0,0047	73,00
CsHsp70-12	5	GRMZM2G310431_T01	8	38,8771	0,0393	0,0010	299,05
CsHsp70-12	5	GRMZM2G428391_T01	1	18,1132	0,0519	0,0029	139,33
CsHsp70-12	5	GRMZM2G366532_T02	9	59,4689	0,0615	0,0010	457,45
CsHsp70-12	5	GRMZM2G366532_T01	9	42,6761	0,0619	0,0015	328,28
CsHsp70-13	7	GRMZM2G111475_T01	5	8,0739	0,1173	0,0145	62,11
CsHsp70-13	7	GRMZM2G079668_T02	1	7,5896	0,1224	0,0161	58,38

EK 41' in devamı;

CsHsp70-13	7	GRMZM2G079668_T01	1	7,5834	0,1224	0,0161	58,33
CsHsp70-13	7	GRMZM2G001500_T02	10	13,5463	0,1328	0,0098	104,20
CsHsp70-13	7	GRMZM2G001500_T01	10	45,8634	0,1692	0,0037	352,80
CsHsp70-13	7	GRMZM2G153815_T01	5	48,379	0,4149	0,0086	372,15
CsHsp70-13	7	GRMZM2G365374_T01	2	49,1394	0,4557	0,0093	378,00
CsHsp70-13	7	GRMZM2G111475_T02	5	4,5952	0,1158	0,0252	35,35
CsHsp70-13	7	GRMZM2G415007_T01	4	51,8324	0,5168	0,0100	398,71
CsHsp70-13	7	GRMZM2G114793_T01	5	51,698	0,5189	0,0100	397,68
CsHsp70-14	7	GRMZM2G063676_T01	8	8,1732	0,1914	0,0234	62,87
CsHsp70-14	7	GRMZM2G361605_T01	6	9,1608	0,1946	0,0212	70,47
CsHsp70-14	7	GRMZM2G361605_T02	6	9,1568	0,1946	0,0213	70,44
CsHsp70-14	7	GRMZM2G023232_T01	6	7,4207	0,1685	0,0227	57,08
CsHsp70-14	7	GRMZM2G063676_T02	8	10,2182	0,1485	0,0145	78,60
CsHsp70-14	7	GRMZM2G056766_T01	5	17,8584	0,4665	0,0261	137,37
CsHsp70-14	7	GRMZM2G366532_T01	9	57,201	0,7395	0,0129	440,01
CsHsp70-14	7	GRMZM5G802801_T01	8	56,0175	0,7692	0,0137	430,90
CsHsp70-14	7	GRMZM2G310431_T01	8	54,7181	0,7647	0,0140	420,91
Ortalama				32,04208	0,290737	0,01289	264,84

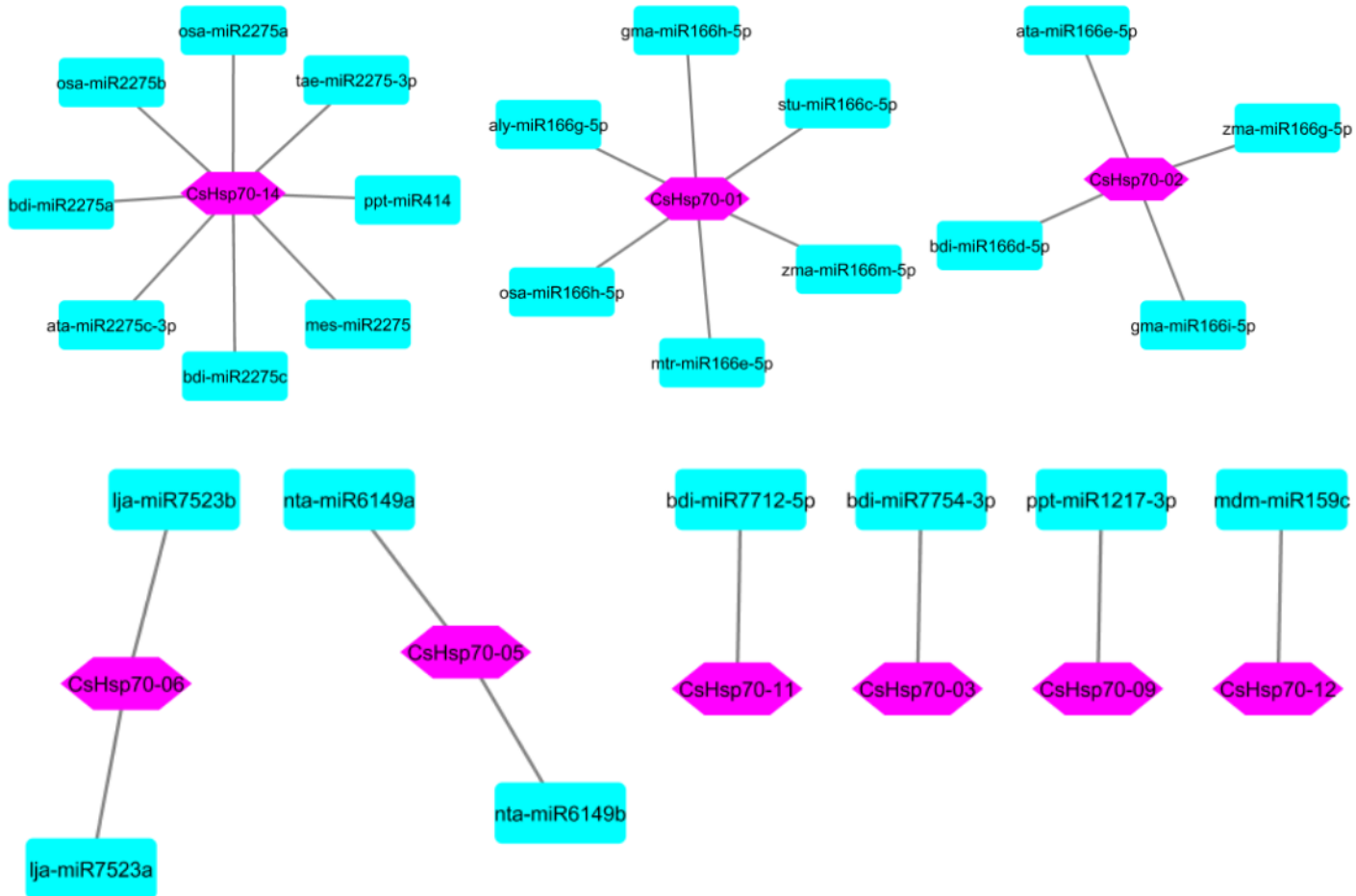
EK 42

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis lyrata</i>					
aly-miR166g-5p	CsHsp70-01	3.0	16.33	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAG	UUCGAGCUAACCGGCAUUCC
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
ath-miR2934-3p	CsbZIP-04	3.0	19.086	CAUCCAAGGUGUUUGUAGAA	UUCUCCAAGUCCCUUGGAUG
ath-miR397b	CsbZIP-08	3.0	17.575	UCAUUGAGUGCAUCGUUGAU	AUCGUCGAUCUACUCAAUGA
<i>Aegilops tauschii</i>					
ata-miR166e-5p	CsHsp70-02	2,5	18.473	GGAAUGUUGUCUGGUUGGAG	UCCGACUAGACGGCAUUCC
ata-miR2275c-3p	CsHsp70-14	2,5	12.266	UUUGGUUCCUCCAAUAUCUCA	UCGGGUAAUGGAGGAGACCAAA
<i>Brachypodium distachyon</i>					
bdi-miR166d-5p	CsHsp70-02	2,5	18.473	GGAAUGUUGUCUGGUUGGAG	UCCGACUAGACGGCAUUCC
bdi-miR7712-5p	CsHsp70-11	3.0	May.21	UAGAGCUCUGAAGUUACCAC	GUGGAAACCCAGAGCUCUA
bdi-miR7754-3p	CsHsp70-03	3.0	Haz.64	UUCUCUCGGCUAAGGAACUG	AAGGUUCUUAGCCGAGAGGA
bdi-miR2275a	CsHsp70-14	3.0	12.266	UUUGGUUCCUCCAAUGUCUCA	UCGGGUAAUGGAGGAGACCAAA
bdi-miR2275c	CsHsp70-14	2,5	12.266	UUUGGUUCCUCCAAUAUCUCA	UCGGGUAAUGGAGGAGACCAAA
<i>Lotus japonicus</i>					
lja-miR7523a	CsHsp70-06	2,5	22.22	ACCACCGGGCUCGAGGAUCAG	UUGAUCUUCGAUCUUGGUGGU
lja-miR7523b	CsHsp70-06	2,5	22.22	ACCACCGGGCUCGAGGAUCAG	UUGAUCUUCGAUCUUGGUGGU
<i>Manihot esculenta</i>					
mes-miR2275	CsHsp70-14	2,5	Tem.33	UUUGGUUCCUCCAAUAUCUUA	UCGGGUAAUGGAGGAGACCAAA
<i>Malus domestica</i>					
mdm-miR159c	CsHsp70-12	3.0	Mar.58	GAAUCCUUCUCCUCUCCUUU	AAAGGAGAAGAGAAGCAAUUU
<i>Nicotiana tabacum</i>					
nta-miR6149a	CsHsp70-05	3.0	17.276	UUGAUACGCACCUGAAUCGG	CAGACUCAGGUGGGUAUCA
nta-miR6149b	CsHsp70-05	3.0	17.276	UUGAUACGCACCUGAAUCGG	CAGACUCAGGUGGGUAUCA

EK 42' nin devamı;

<i>Glycine max</i>					
gma-miR166h-5p	CsHsp70-01	3.0	16.33	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAG	UUCGAGCUAACCGGCAUUCC
gma-miR166i-5p	CsHsp70-02	3.0	Tem.50	GGAAUGUCGUCUGGUUCGAG	UCCGACUAGACGGCAUUCC
gma-miR166j-5p	CsHsp70-01	3.0	16.33	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAG	UUCGAGCUAACCGGCAUUCC
<i>Solanum tuberosum</i>					
stu-miR166c-5p	CsHsp70-01	3.0	16.33	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAG	UUCGAGCUAACCGGCAUUCC
<i>Triticum aestivum</i>					
tae-miR2275-3p	CsHsp70-14	2,5	12.266	UUUGGUUCCUCCAAUAUCU	GGGUAAUGGAGGAGACCAA
<i>Zea mays</i>					
zma-miR166g-5p	CsHsp70-02	2,5	7,5	GGAAUGUUGUCUGGUUGGAG	UCCGACUAGACGGCAUUCC
zma-miR166m-5p	CsHsp70-01	3.0	16.33	GGAAUGUUGGCUGGCUCGAG	UUCGAGCUAACCGGCAUUCC
<i>oryza sativa</i>					
osa-miR2275a	CsHsp70-14	2,5	12.266	UUUGGUUCCUCCAAUAUCUCA	UCGGGUAAUGGAGGAGACCAA
osa-miR2275b	CsHsp70-14	2,5	12.266	UUUGGUUCCUCCAAUAUCUCA	UCGGGUAAUGGAGGAGACCAA
osa-miR166h-5p	CsHsp70-01	3.0	16.33	GGAAUGUUGGCUGGCUCGAG	UUCGAGCUAACCGGCAUUCC
<i>Physcomitrella patens</i>					
ppt-miR1217-3p	CsHsp70-09	3.0	17.572	AAUUUGAAGCAUGAUGUCAAG	UUUGGC-UUAUGCUUCAAAUU
ppt-miR1217-3p	CsHsp70-08	3.0	17.572	AAUUUGAAGCAUGAUGUCAAG	UUUGGC-UUAUGCUUCAAAUU
ppt-miR414	CsHsp70-14	3.0	17.362	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUCC	GUAUGAGGAUGGGGAGGAUGA

EK 43



EK 44**7 *Cucumis Sativus* Hsp90 Proteini Katalođu**

Protein Adı	Cucurbit Genome Veritabanı Tanımlayıcısı	Salatalık Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluđu (aa)	pI	Moleküler Ađırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı veya Kararsız	Filogeni Grubu	NCBI Eriřim No.
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiř Pozisyonu (bç)							
CsHsp90-01	Csa1M569270.1	Chr1	20,885,081	20,888,425	699	4,99	79930,02	35,19	stable	III	XP_011659851.1
CsHsp90-02	Csa1M569290.1	Chr1	20,896,746	20,899,322	631	5,01	72311,2	38,69	stable	III	KGN66052.1
CsHsp90-03	Csa2M368880.1	Chr2	17,841,192	17,846,126	817	4,89	93586,09	35,25	stable	III	XP_004152644.1
CsHsp90-04	Csa3M005030.1	Chr3	674,342	678,312	221	9,63	25177,75	46,18	unstable	I	XP_004146126.1
CsHsp90-05	Csa3M183950.1	Chr3	12,868,900	12,872,104	703	4,97	80926,05	38,33	stable	III	XP_004140753.1
CsHsp90-06	Csa5M135340.1	Chr5	3,212,436	3,219,423	783	4,86	88643,07	43,92	unstable	II	XP_011654561.1
CsHsp90-07	Csa6M111370.1	Chr6	7,595,875	7,603,266	791	5,47	89523,03	43,51	unstable	II	XP_004140007.1

EK 45

CsHsp90 proteinlerinin Blast2Go analiz detayları							
Protein Adı	Açıklama	Uzunluk (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO: BİYOLOJİK SÜREÇ	GO: MOLEKÜLER FONKSİYON	GO: HÜCRE BİLEŞENİ
CsHsp90-01	heat shock cognate 80	699	0,00E+00	98.2%	protein katlanması; strese cevap	ATP bağlanması; açılmamış protein bağlanması	
CsHsp90-02	heat shock cognate 80-like	631	0,00E+00	98.6%	protein katlanması; strese cevap	ATP bağlanması; açılmamış protein bağlanması	
CsHsp90-03	endoplasmin homolog	817	0,00E+00	93.85%	protein katlanması; strese cevap	ATP bağlanması; açılmamış protein bağlanması	
CsHsp90-04	54S ribosomal mitochondrial	221	3.76E-131	92.15%	çeviri	ribozomun yapısal bileşeni	mitokondriyal büyük ribozomal alt ünite
CsHsp90-05	heat shock 83	703	0,00E+00	97.4%	protein katlanması; strese cevap	ATP bağlanması; açılmamış protein bağlanması	sitoplazma
CsHsp90-06	heat shock 90-chloroplastic	783	0,00E+00	93.2%	protein kloroplast stromaya; de-etiolasyona; tuz stresine cevap; protein katlanması; su yoksunluğuna cevap; klorata cevap	açılmamış protein bağlanması, ATP bağlanması	kloroplast stroması; Mitokondri; kloroplast zarfı; vakumlu membran
CsHsp90-07	heat shock 90-mitochondrial	791	0,00E+00	90.9%	protein katlanması; strese cevap	ATP bağlanması; açılmamış protein bağlanması	

EK 46

Kromozom	Gene	Duplikasyon	E Değeri	Homoloji (%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
Chr1	CsHsp90-02	CsHsp90-01	0.0	86%	11.665	0,1264	0,0014	0,011	0,972308
Ortalama						0,0632	0,0007	0,0055	0,486155

EK 47

Gene 1	Lokasyon	Kro.	Gene 2	Lokasyon	Kro.	E Değeri	Homoloji (%)	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp90-01	20,885,081-20,888,425	Chr1	CsHsp90-05	12,868,900-12,872,104	Chr3	0.0	88%	58,9901	0,0755	0,0013	453,77
CsHsp90-05	12,868,900-12,872,104	Chr3	CsHsp90-06	3,212,436-3,219,423	Chr5	0.0	100%	20,3094	0,4994	0,0246	156,2262
CsHsp90-06	3,212,436-3,219,423	Chr5	CsHsp90-07	7,595,875-7,603,266	Chr6	0.0	71%	8,7428	0,2426	0,0277	67,25231
Ortalama								29,34743	0,2725	0,017867	225,7495

EK 48

Salatalık -Arabidopsis							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adı	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp90-01	1	AT5G56000,1	5	2,5127	0,0367	0,0146	19,3284
CsHsp90-01	1	AT5G56030,1	5	2,2038	0,0313	0,0142	16,9523
CsHsp90-01	1	AT5G56010,1	5	2,5321	0,0339	0,01338	19,4776
CsHsp90-01	1	AT5G56030,2	5	2,2035	0,0313	0,01420	16,95
CsHsp90-01	1	AT5G52640,1	5	21,8512	0,0772	0,0035	168,086
CsHsp90-01	1	AT4G24190,2	4	54,5724	0,4258	0,0078	419,787
CsHsp90-01	1	AT4G24190,1	4	54,5793	0,4257	0,0077	419,840
CsHsp90-01	1	AT2G04030,1	2	41,2463	0,4836	0,01172	317,279
CsHsp90-01	1	AT3G07770,1	3	29,7898	0,5163	0,01733	229,1521
CsHsp90-01	1	AT2G04030,2	2	42,9622	0,4915	0,01144	330,4784
CsHsp90-02	1	AT5G56030,1	5	1,9676	0,0303	0,01535	15,13538
CsHsp90-02	1	AT5G56010,1	5	2,4045	0,0334	0,01389	18,4961
CsHsp90-02	1	AT5G56000,1	5	2,2819	0,0363	0,01590	17,5530
CsHsp90-02	1	AT5G56030,2	5	1,9676	0,0303	0,01539	15,1353
CsHsp90-02	1	AT5G52640,1	5	23,6467	0,0642	0,0027	181,8979
CsHsp90-02	1	AT4G24190,1	4	54,592	0,408	0,0074	419,9384
CsHsp90-02	1	AT4G24190,2	4	54,6079	0,4081	0,0074	420,0607
CsHsp90-02	1	AT2G04030,1	2	54,1534	0,4669	0,0086	416,5646
CsHsp90-02	1	AT3G07770,1	3	34,3637	0,5083	0,01479	264,3361

EK 48' in devamı;

CsHsp90-02	1	AT2G04030,2	2	51,8279	0,4751	0,00916	398,6767
CsHsp90-03	2	AT4G24190,2	4	1,9997	0,121	0,0605	15,3823
CsHsp90-03	2	AT4G24190,1	4	2,046	0,1211	0,0591	15,7384
CsHsp90-03	2	AT5G52640,1	5	52,4656	0,4376	0,0083	403,5815
CsHsp90-03	2	AT5G56000,1	5	54,9486	0,4373	0,0079	422,6815
CsHsp90-03	2	AT5G56030,1	5	54,3945	0,4368	0,0080	418,4192
CsHsp90-03	2	AT5G56010,1	5	54,423	0,4418	0,0081	418,6384
CsHsp90-03	2	AT5G56030,2	5	54,4544	0,4381	0,0080	418,88
CsHsp90-03	2	AT2G04030,1	2	37,0452	0,533	0,0143	284,9630
CsHsp90-03	2	AT2G04030,2	2	37,7299	0,5366	0,0142	290,23
CsHsp90-03	2	AT3G07770,1	3	33,6431	0,5552	0,0165	258,7930
CsHsp90-04	3	AT4G31460,1	4	2,9738	0,2293	0,0771	22,8753
CsHsp90-05	3	AT5G52640,1	5	4,1773	0,0339	0,0081	32,1330
CsHsp90-05	3	AT5G56000,1	5	62,6224	0,0865	0,0013	481,7107
CsHsp90-05	3	AT5G56030,1	5	63,4053	0,0802	0,0012	487,7330
CsHsp90-05	3	AT5G56010,1	5	48,2273	0,0821	0,0017	370,9792
CsHsp90-06	5	AT2G04030,1	2	3,7353	0,0879	0,0235	28,7330
CsHsp90-06	5	AT2G04030,2	2	3,7172	0,089	0,0239	28,5938
CsHsp90-06	5	AT3G07770,1	3	17,07	0,2527	0,0148	131,3076
CsHsp90-07	6	AT3G07770,1	3	2,1789	0,1465	0,0672	16,7607
CsHsp90-07	6	AT2G04030,1	2	12,9474	0,2525	0,0195	99,5953
CsHsp90-07	6	AT2G04030,2	2	12,768	0,2527	0,0197	98,2153
Ortalama				28,51179	0,260146	0,016843	216,3676

EK 49

Salatalık -Çeltik							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp90-01	1	LOC_Os08g39140,1	8	9,5952	0,0426	0,0044	73,8092
CsHsp90-01	1	LOC_Os09g30412,1	9	4,2838	0,0473	0,0110	32,9527
CsHsp90-01	1	LOC_Os09g30418,1	9	4,6566	0,0483	0,0103	35,82
CsHsp90-01	1	LOC_Os04g01740,1	4	41,8857	0,088	0,0021	322,1975
CsHsp90-01	1	LOC_Os08g39140,2	8	10,1364	0,0482	0,0047	77,9723
CsHsp90-01	1	LOC_Os08g39140,3	8	11,5325	0,0377	0,0032	88,7115
CsHsp90-01	1	LOC_Os08g39140,4	8	9,4007	0,0637	0,0067	72,3130
CsHsp90-01	1	LOC_Os06g50300,1	6	57,7248	0,4351	0,00753	444,0369
CsHsp90-01	1	LOC_Os09g29840,1	9	22,3175	0,5105	0,02287	171,6737
CsHsp90-01	1	LOC_Os08g38086,3	8	24,6355	0,5	0,02029	189,5038
CsHsp90-01	1	LOC_Os12g32986,1	12	29,408	0,5311	0,01805	226,2153
CsHsp90-01	1	LOC_Os08g38086,4	8	26,6399	0,5026	0,01886	204,9227
CsHsp90-01	1	LOC_Os09g29840,2	9	37,0833	0,5294	0,0142	285,2561
CsHsp90-01	1	LOC_Os09g36420,1	9	8,2545	0,4234	0,0512	63,49615
CsHsp90-02	1	LOC_Os08g39140,2	8	10,5365	0,0481	0,0045	81,05
CsHsp90-02	1	LOC_Os08g39140,1	8	10,5555	0,0417	0,0039	81,196154
CsHsp90-02	1	LOC_Os08g39140,4	8	11,9055	0,0638	0,0053589	91,580769
CsHsp90-02	1	LOC_Os09g30412,1	9	5,3561	0,046	0,0085883	41,200769
CsHsp90-02	1	LOC_Os09g30418,1	9	5,9549	0,0469	0,0078759	45,806923
CsHsp90-02	1	LOC_Os04g01740,1	4	45,7524	0,0852	0,0018622	351,94154
CsHsp90-02	1	LOC_Os08g39140,3	8	11,8398	0,036	0,0030406	91,075385

EK 49' un devamı;

CsHsp90-02	1	LOC_Os06g50300,1	6	57,5704	0,4129	0,0071721	442,84923
CsHsp90-02	1	LOC_Os09g29840,2	9	53,8403	0,4869	0,0090434	414,15615
CsHsp90-02	1	LOC_Os09g29840,1	9	22,9354	0,4938	0,02153	176,42615
CsHsp90-02	1	LOC_Os08g38086,3	8	23,0167	0,4839	0,0210239	177,05154
CsHsp90-02	1	LOC_Os12g32986,1	12	17,879	0,5172	0,0289278	137,53077
CsHsp90-02	1	LOC_Os08g38086,4	8	24,4595	0,4864	0,0198859	188,15
CsHsp90-02	1	LOC_Os09g36420,1	9	5,4506	0,5433	0,0996771	41,927692
CsHsp90-03	2	LOC_Os06g50300,1	6	2,7956	0,1186	0,0424238	21,504615
CsHsp90-03	2	LOC_Os04g01740,1	4	67,1031	0,4202	0,006262	516,17769
CsHsp90-03	2	LOC_Os09g30412,1	9	56,7631	0,436	0,007681	436,63923
CsHsp90-03	2	LOC_Os09g30418,1	9	56,804	0,4435	0,0078075	436,95385
CsHsp90-03	2	LOC_Os08g39140,1	8	58,0044	0,431	0,0074305	446,18769
CsHsp90-03	2	LOC_Os08g38086,3	8	54,8102	0,534	0,0097427	421,61692
CsHsp90-03	2	LOC_Os09g29840,1	9	52,3063	0,5419	0,0103601	402,35615
CsHsp90-03	2	LOC_Os08g39140,2	8	58,7505	0,4059	0,0069089	451,92692
CsHsp90-03	2	LOC_Os08g38086,4	8	54,819	0,506	0,0092304	421,68462
CsHsp90-03	2	LOC_Os12g32986,1	12	30,9257	0,5655	0,0182858	237,89
CsHsp90-03	2	LOC_Os08g39140,3	8	56,9391	0,445	0,0078154	437,99308
CsHsp90-03	2	LOC_Os08g39140,4	8	57,139	0,4066	0,007116	439,53077
CsHsp90-03	2	LOC_Os09g29840,2	9	51,8898	0,6045	0,0116497	399,15231
CsHsp90-03	2	LOC_Os09g36420,1	9	52,4171	0,8107	0,0154663	403,20846
CsHsp90-04	3	LOC_Os07g36090,1	7	2,9549	0,2693	0,0911368	22,73
CsHsp90-04	3	LOC_Os07g36090,2	7	2,9549	0,2693	0,0911368	22,73

EK 49' un devamı;

CsHsp90-04	3	LOC_Os07g36090,3	7	2,9549	0,2693	0,0911368	22,73
CsHsp90-05	3	LOC_Os04g01740,1	4	73,7853	0,079	0,0010707	567,57923
CsHsp90-05	3	LOC_Os09g30412,1	9	59,1346	0,0796	0,0013461	454,88154
CsHsp90-05	3	LOC_Os09g30418,1	9	49,7657	0,0804	0,0016156	382,81308
CsHsp90-05	3	LOC_Os08g39140,1	8	61,8007	0,082	0,0013268	475,39
CsHsp90-05	3	LOC_Os08g39140,2	8	67,3511	0,0898	0,0013333	518,08538
CsHsp90-05	3	LOC_Os08g39140,3	8	46,2584	0,0777	0,0016797	355,83385
CsHsp90-05	3	LOC_Os08g39140,4	8	49,7556	0,102	0,00205	382,73538
CsHsp90-06	5	LOC_Os09g29840,1	9	3,6523	0,1261	0,0345262	28,094615
CsHsp90-06	5	LOC_Os08g38086,3	8	4,5536	0,1197	0,0262869	35,027692
CsHsp90-06	5	LOC_Os08g38086,4	8	3,9915	0,0904	0,0226481	30,703846
CsHsp90-07	6	LOC_Os12g32986,1	12	2,6669	0,1817	0,0681315	20,514615
CsHsp90-07	6	LOC_Os09g29840,1	9	54,2483	0,261	0,0048112	417,29462
CsHsp90-07	6	LOC_Os08g38086,3	8	5,4036	0,244	0,0451551	41,566154
Ortalama				31,160452	0,28777069	0,018828	239,6958

EK 50

Salatalık -Kavak							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromzom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp90-01	1	Potri,001G466000,1	1	2,3237	0,0329	0,0141585	17,874615
CsHsp90-01	1	Potri,001G466000,2	1	2,3236	0,0328	0,014116	17,873846
CsHsp90-01	1	Potri,016G003400,1	16	3,4043	0,0354	0,0103986	26,186923
CsHsp90-01	1	Potri,006G002800,1	6	2,9445	0,0381	0,0129394	22,65
CsHsp90-01	1	Potri,001G286700,1	1	2,4027	0,0354	0,0147334	18,482308
CsHsp90-01	1	Potri,017G146600,1	17	10,4388	0,0803	0,0076925	80,298462
CsHsp90-01	1	Potri,017G146600,2	17	10,3846	0,0803	0,0077326	79,881538
CsHsp90-01	1	Potri,004G073600,1	4	33,0408	0,0833	0,0025211	254,16
CsHsp90-01	1	Potri,001G466000,4	1	2,6146	0,0378	0,0144573	20,112308
CsHsp90-01	1	Potri,016G003400,3	16	3,1151	0,0757	0,024301	23,962308
CsHsp90-01	1	Potri,006G002800,2	6	3,094	0,0887	0,0286684	23,8
CsHsp90-01	1	Potri,016G003400,2	16	4,1715	0,0618	0,0148148	32,088462
CsHsp90-01	1	Potri,001G466000,3	1	2,7337	0,0717	0,0262282	21,028462
CsHsp90-01	1	Potri,001G286700,2	1	2,0815	0,0424	0,0203699	16,011538
CsHsp90-01	1	Potri,001G286700,3	1	2,3617	0,0497	0,0210442	18,166923
CsHsp90-01	1	Potri,005G241100,1	5	55,0681	0,4195	0,0076178	423,60077
CsHsp90-01	1	Potri,005G241100,3	5	54,9775	0,3907	0,0071065	422,90385
CsHsp90-01	1	Potri,008G112700,1	8	20,1231	0,4945	0,0245737	154,79308
CsHsp90-02	1	Potri,016G003400,3	16	2,9368	0,0775	0,0263893	22,590769
CsHsp90-02	1	Potri,016G003400,1	16	3,1822	0,0327	0,0102759	24,478462
CsHsp90-02	1	Potri,001G286700,2	1	2,4844	0,0862	0,0346965	19,110769

EK 50' nin devamı;

CsHsp90-02	1	Potri,001G466000,3	1	3,695	0,1283	0,0347226	28,423077
CsHsp90-02	1	Potri,001G286700,3	1	2,653	0,087	0,0327931	20,407692
CsHsp90-02	1	Potri,001G466000,1	1	2,1562	0,0298	0,0138206	16,586154
CsHsp90-02	1	Potri,001G466000,2	1	2,1563	0,0298	0,01382	16,586923
CsHsp90-02	1	Potri,006G002800,1	6	2,4738	0,0344	0,0139057	19,029231
CsHsp90-02	1	Potri,001G286700,1	1	2,4676	0,0337	0,013657	18,981538
CsHsp90-02	1	Potri,006G002800,2	6	2,7594	0,0904	0,0327607	21,226154
CsHsp90-02	1	Potri,004G073600,1	4	62,2605	0,074	0,0011886	478,92692
CsHsp90-02	1	Potri,017G146600,1	17	10,7735	0,0708	0,0065717	82,873077
CsHsp90-02	1	Potri,017G146600,2	17	10,7788	0,0708	0,0065684	82,913846
CsHsp90-02	1	Potri,001G466000,4	1	2,2157	0,0348	0,0157061	17,043846
CsHsp90-02	1	Potri,016G003400,2	16	3,8532	0,0618	0,0160386	29,64
CsHsp90-03	2	Potri,005G241100,1	5	1,7574	0,0929	0,0528622	13,518462
CsHsp90-03	2	Potri,005G241100,3	5	1,6308	0,0718	0,0440275	12,544615
CsHsp90-03	2	Potri,005G241100,4	5	1,8426	0,0952	0,0516661	14,173846
CsHsp90-03	2	Potri,005G241100,2	5	1,654	0,0711	0,0429867	12,723077
CsHsp90-03	2	Potri,004G073600,1	4	52,2996	0,4483	0,0085718	402,30462
CsHsp90-03	2	Potri,017G146600,1	17	52,7993	0,4482	0,0084887	406,14846
CsHsp90-03	2	Potri,017G146600,2	17	52,8024	0,4481	0,0084864	406,17231
CsHsp90-03	2	Potri,001G466000,1	1	53,6967	0,4429	0,0082482	413,05154
CsHsp90-03	2	Potri,001G466000,2	1	53,6992	0,4428	0,0082459	413,07077
CsHsp90-03	2	Potri,016G003400,1	16	54,8867	0,4472	0,0081477	422,20538
CsHsp90-03	2	Potri,006G002800,1	6	54,7441	0,4479	0,0081817	421,10846

EK 50' nin devamı;

CsHsp90-04	3	Potri,018G006900,1	18	2,4678	0,2705	0,1096118	18,983077
CsHsp90-05	3	Potri,017G146600,1	17	3,1238	0,0282	0,0090275	24,029231
CsHsp90-05	3	Potri,017G146600,2	17	3,1235	0,0282	0,0090283	24,026923
CsHsp90-05	3	Potri,004G073600,1	4	2,5558	0,0309	0,0120901	19,66
CsHsp90-05	3	Potri,016G003400,2	16	59,7469	0,1119	0,0018729	459,59154
CsHsp90-05	3	Potri,001G466000,2	1	57,3408	0,0756	0,0013184	441,08308
CsHsp90-05	3	Potri,014G164900,1	14	53,5962	0,5162	0,0096313	412,27846
CsHsp90-05	3	Potri,012G041500,1	12	35,3585	0,7958	0,0225066	271,98846
CsHsp90-05	3	Potri,005G241100,2	5	52,1676	0,3985	0,0076388	401,28923
CsHsp90-06	5	Potri,008G112700,1	8	1,6024	0,0801	0,0499875	12,326154
CsHsp90-06	5	Potri,010G136800,1	10	1,6219	0,0935	0,0576484	12,476154
CsHsp90-06	5	Potri,008G112700,3	8	1,6064	0,08	0,0498008	12,356923
CsHsp90-06	5	Potri,008G112700,2	8	1,6932	0,0631	0,0372667	13,024615
CsHsp90-06	5	Potri,010G136800,2	10	1,7287	0,0991	0,0573263	13,297692
CsHsp90-06	5	Potri,010G136800,3	10	1,798	0,1008	0,0560623	13,830769
CsHsp90-07	6	Potri,014G164900,3	13	1,51	0,098	0,0649007	11,615385
CsHsp90-07	6	Potri,014G164900,2	14	1,5108	0,0981	0,0649325	11,621538
CsHsp90-07	6	Potri,014G164900,1	14	1,51	0,098	0,0649007	11,615385
Ortalama				16,13428	0,155095	0,023901	124,1098

EK 51

Salatalık -Üzüm							
Protein Adı	Kromzom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp90-01	1	GSVIVT01003469001	Un	3,0584	0,0353	0,01	23,526154
CsHsp90-01	1	GSVIVT01028856001	16	15,5467	0,0726	0,00	119,59
CsHsp90-01	1	GSVIVT01009931001	18	54,4694	0,4394	0,01	418,99538
CsHsp90-01	1	GSVIVT01010120001	1	33,8556	0,4899	0,01	260,42769
CsHsp90-01	1	GSVIVT01030056001	12	53,704	0,5238	0,01	413,10769
CsHsp90-01	1	GSVIVT01019407001	2	54,4483	0,0806	0,00	418,83308
CsHsp90-01	1	GSVIVT01014747001	19	49,7156	0,0878	0,00	382,42769
CsHsp90-02	1	GSVIVT01028856001	16	14,181	0,0702	0,00	109,08462
CsHsp90-02	1	GSVIVT01003469001	scaffold	3,33	0,0353	0,01	25,615385
CsHsp90-02	1	GSVIVT01009931001	18	54,7247	0,4191	0,01	420,95923
CsHsp90-02	1	GSVIVT01010120001	1	30,3254	0,4731	0,02	233,27231
CsHsp90-02	1	GSVIVT01019407001	2	42,0872	0,0811	0,00	323,74769
CsHsp90-02	1	GSVIVT01030056001	12	53,7228	0,5114	0,01	413,25231
CsHsp90-02	1	GSVIVT01014747001	19	49,9265	0,0876	0,00	384,05
CsHsp90-03	2	GSVIVT01009931001	18	1,7189	0,0872	0,05	13,222308
CsHsp90-03	2	GSVIVT01010120001	1	53,8093	0,5372	0,01	413,91769
CsHsp90-03	2	GSVIVT01030056001	12	54,0092	0,5595	0,01	415,45538
CsHsp90-03	2	GSVIVT01028856001	16	53,2483	0,4262	0,01	409,60231
CsHsp90-03	2	GSVIVT01003469001	un	53,9108	0,4588	0,01	414,69846
CsHsp90-03	2	GSVIVT01019407001	2	51,653	0,3965	0,01	397,33077
CsHsp90-04	3	GSVIVT01009932001	18	1,6802	0,1368	0,08	12,924615

EK 51' in devamı;

CsHsp90-05	3	GSVIVT01028856001	16	1,998	0,0315	0,02	15,369231
CsHsp90-05	3	GSVIVT01003469001	un	31,1118	0,0876	0,00	239,32154
CsHsp90-05	3	GSVIVT01009931001	18	52,5111	0,4384	0,01	403,93154
CsHsp90-06	5	GSVIVT01010120001	1	1,443	0,0789	0,05	11,1
CsHsp90-06	5	GSVIVT01030056001	12	7,3773	0,2185	0,03	56,748462
CsHsp90-06	5	GSVIVT01009931001	18	20,1761	0,5512	0,03	155,20077
CsHsp90-06	5	GSVIVT01003469001	un	13,5182	0,5027	0,04	103,98615
CsHsp90-07	6	GSVIVT01030056001	12	1,2565	0,1156	0,09	9,6653846
CsHsp90-07	6	GSVIVT01010120001	1	53,4199	0,2383	0,00	410,92231
CsHsp90-07	6	GSVIVT01009931001	18	33,6836	0,5373	0,02	259,10462
Ortalama				32,24583	0,284174	0,02	248,0449

EK 52

Salatalık -Mısır							
ID	Chromosome	Gene IDs	Chromosome	Ks	Ka	Ka/Ks	Mya
CsHsp90-01	1	GRMZM2G112165_T01	2	16,6275	0,0459	0,0027605	127,903846
CsHsp90-01	1	GRMZM2G012631_T01	4	18,3077	0,0483	0,0026382	140,828462
CsHsp90-01	1	GRMZM2G069651_T01	7	12,6294	0,0472	0,0037373	97,1492308
CsHsp90-01	1	GRMZM5G833699_T01	10	74,102	0,0917	0,0012375	570,015385
CsHsp90-01	1	GRMZM2G069651_T02	7	30,6439	0,0733	0,002392	235,722308
CsHsp90-01	1	GRMZM2G069651_T05	7	16,1723	0,0437	0,0027022	124,402308
CsHsp90-01	1	GRMZM2G024668_T01	1	3,0247	0,0418	0,0138196	23,2669231
CsHsp90-01	1	GRMZM2G024668_T02	1	3,0243	0,0418	0,0138214	23,2638462
CsHsp90-01	1	GRMZM2G141931_T01	6	60,8612	0,4338	0,0071277	468,163077
CsHsp90-01	1	GRMZM2G399073_T03	5	57,8161	0,4411	0,0076294	444,739231
CsHsp90-01	1	GRMZM2G399073_T02	5	54,1042	0,4413	0,0081565	416,186154
CsHsp90-01	1	GRMZM2G141931_T04	6	61,3267	0,4448	0,007253	471,743846
CsHsp90-01	1	GRMZM2G002220_T01	4	20,9745	0,5006	0,0238671	161,342308
CsHsp90-01	1	GRMZM5G813217_T01	7	54,6477	0,4937	0,0090342	420,366923
CsHsp90-02	1	GRMZM2G069651_T02	7	32,4208	0,0833	0,0025693	249,390769
CsHsp90-02	1	GRMZM2G112165_T01	2	19,9987	0,0446	0,0022301	153,836154
CsHsp90-02	1	GRMZM2G012631_T01	4	19,3496	0,0471	0,0024342	148,843077
CsHsp90-02	1	GRMZM2G069651_T01	7	17,6768	0,0445	0,0025174	135,975385
CsHsp90-02	1	GRMZM5G833699_T01	10	55,3513	0,0892	0,0016115	425,779231
CsHsp90-02	1	GRMZM2G024668_T01	1	4,2146	0,0425	0,010084	32,42
CsHsp90-02	1	GRMZM2G024668_T02	1	4,2155	0,0425	0,0100818	32,4269231

EK 52' nin devamı;

CsHsp90-02	1	GRMZM2G141931_T03	6	59,4111	0,4702	0,0079143	457,008462
CsHsp90-02	1	GRMZM2G399073_T03	5	59,64	0,4232	0,0070959	458,769231
CsHsp90-02	1	GRMZM2G141931_T01	6	60,2095	0,4206	0,0069856	463,15
CsHsp90-02	1	GRMZM2G399073_T02	5	59,6425	0,4232	0,0070956	458,788462
CsHsp90-02	1	GRMZM2G069651_T05	7	21,65	0,0381	0,0017598	166,538462
CsHsp90-02	1	GRMZM5G813217_T01	7	54,072	0,4796	0,0088697	415,938462
CsHsp90-02	1	GRMZM2G002220_T01	4	20,6044	0,4976	0,0241502	158,495385
CsHsp90-02	1	GRMZM2G141931_T04	6	60,5428	0,4292	0,0070892	465,713846
CsHsp90-02	1	GRMZM5G813217_T03	7	53,4291	0,4869	0,009113	410,993077
CsHsp90-02	1	GRMZM5G813217_T02	7	53,9316	0,4336	0,0080398	414,858462
CsHsp90-03	2	GRMZM2G141931_T01	6	4,1249	0,1176	0,0285098	31,73
CsHsp90-03	2	GRMZM2G399073_T02	5	4,4296	0,1327	0,0299576	34,0738462
CsHsp90-03	2	GRMZM2G399073_T03	5	3,8354	0,1213	0,0316264	29,5030769
CsHsp90-03	2	GRMZM2G141931_T04	6	3,8729	0,1126	0,0290738	29,7915385
CsHsp90-03	2	GRMZM2G141931_T03	6	4,5324	0,1101	0,0242918	34,8646154
CsHsp90-03	2	GRMZM2G141931_T02	6	4,2543	0,1166	0,0274076	32,7253846
CsHsp90-03	2	GRMZM5G833699_T01	10	66,5157	0,4279	0,0064331	511,659231
CsHsp90-03	2	GRMZM2G012631_T01	4	57,7004	0,438	0,0075909	443,849231
CsHsp90-03	2	GRMZM2G112165_T01	2	56,7144	0,4322	0,0076206	436,264615
CsHsp90-03	2	GRMZM2G069651_T01	7	56,2245	0,4388	0,0078044	432,496154
CsHsp90-04	3	GRMZM2G058013_T02	7	3,799	0,3234	0,0851277	29,2230769
CsHsp90-04	3	GRMZM5G821027_T01	2	4,6721	0,3143	0,0672717	35,9392308
CsHsp90-05	3	GRMZM5G833699_T01	10	72,5333	0,0725	0,0009995	557,948462

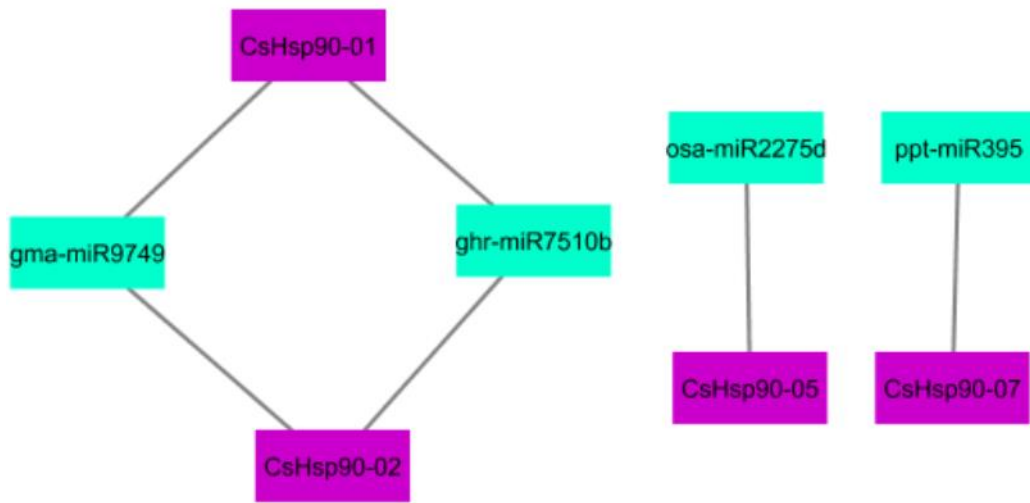
EK 52' nin devamı;

CsHsp90-05	3	GRMZM2G069651_T01	7	53,1337	0,0775	0,0014586	408,720769
CsHsp90-05	3	GRMZM2G112165_T01	2	64,3322	0,0851	0,0013228	494,863077
CsHsp90-05	3	GRMZM2G012631_T01	4	65,5756	0,0845	0,0012886	504,427692
CsHsp90-05	3	GRMZM2G069651_T02	7	53,7107	0,1003	0,0018674	413,159231
CsHsp90-06	5	GRMZM5G813217_T03	7	3,4328	0,0911	0,0265381	26,4061538
CsHsp90-06	5	GRMZM2G002220_T01	4	3,6673	0,1264	0,0344668	28,21
CsHsp90-06	5	GRMZM5G813217_T01	7	3,5681	0,1433	0,0401614	27,4469231
CsHsp90-06	5	GRMZM5G813217_T02	7	4,917	0,138	0,0280659	37,8230769
CsHsp90-06	5	GRMZM2G141931_T01	6	55,1109	0,5287	0,0095934	423,93
CsHsp90-07	6	GRMZM5G813217_T03	7	20,9574	0,202	0,0096386	161,210769
CsHsp90-07	6	GRMZM2G002220_T01	4	14,405	0,2577	0,0178896	110,807692
CsHsp90-07	6	GRMZM5G813217_T01	7	40,5242	0,2484	0,0061297	311,724615
Ortalama				33,34226	0,23082	0,013535	256,4789

EK 53

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Aegilops tauschii</i>					
ata-miR2275b-3p	CsHsp90-05	3.0	19.839	CUUGUUUCCUCCAAUAUCUCA	UGAGAUGUUGCAGCAGAACAAG
<i>Glycine max</i>					
gma-miR9749	CsHsp90-01	3.0	4,25	UUAGCUUCUUUCACCUUUC	GGAAAGGUUGAGGAAGUUGA
gma-miR9749	CsHsp90-02	3.0	5.035	UUAGCUUCUUUCACCUUUC	GGAAAGGUUGAGGAAGUUGA
<i>Gossypium hirsutum</i>					
ghr-miR7510b	CsHsp90-01	2,50	17.76	AAGAACAUGAUCUUUAGCGG	CUGUUAAGGAUCUUGUUCUU
ghr-miR7510b	CsHsp90-02	3.0	19.61	AAGAACAUGAUCUUUAGCGG	CCGUUAAGGAUCUUGUUCUC
<i>Oryza sativa</i>					
osa-miR2275d	CsHsp90-05	3.0	19.839	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCUCA	UGAGAUGUUGCAGCAGAACAAG
<i>Physcomitrella patens</i>					
ppt-miR395	CsHsp90-07	3.0	15.562	CUGAAGCGUUUGGGGAAGG	CCUCCUCUAAAUGUUUCAC

EK 54



EK 55

17 *Cucumis sativus* HSP100 Proteini Katalođu

Protein Adı	Cucurbit Genome Veritabanı Tanımlayıcısı	Salatalık Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluđu (aa)	pI	Moleküler Ađrlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı veya Kararsız	Filogeni Grubu	NCBI Eriřim No.
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiř Pozisyonu (bç)							
CsHsp100-01	Csa1M000600.1	Chr1	62,277	71,689	862	5,95	96008,99	42,9	unstable	VIa	XP_011648878.1
CsHsp100-02	Csa1M013170.1	Chr1	1,751,779	1,754,989	752	6,18	84750,25	41,03	unstable	VIb	XP_004138316.1
CsHsp100-03	Csa1M039100.1	Chr1	3,767,322	3,770,816	988	6,2	110182,1	40,71	unstable	VIb	KGN64043.1
CsHsp100-04	Csa1M502360.1	Chr1	17,760,147	17,766,475	924	6,5	102292,4	43,25	unstable	VIa	XP_004152900.1
CsHsp100-05	Csa2M061600.1	Chr2	5,013,156	5,017,079	952	6,44	107888,7	55,32	unstable	II	XP_004149505.2
CsHsp100-06	Csa3M239830.1	Chr3	15,401,910	15,409,880	571	6,59	61696,84	38,35	stable	Vb	XP_004146223.1
CsHsp100-07	Csa3M556200.1	Chr3	21,927,672	21,935,824	973	6,26	109295,5	38,69	stable	VIb	XP_004148000.1
CsHsp100-08	Csa3M778450.1	Chr3	30,133,269	30,137,802	882	6	98629,36	56,25	unstable	IV	XP_011652028.1
CsHsp100-09	Csa4M652050.1	Chr4	22,638,178	22,643,702	983	7,01	109929,7	37,48	stable	VIb	XP_004145506.1
CsHsp100-10	Csa5M527380.1	Chr5	18,726,266	18,729,107	228	5,39	24828,73	31,55	stable	Va	KGN51399.1
CsHsp100-11	Csa5M527880.1	Chr5	18,729,480	18,738,470	195	5,12	21137,02	14,9	stable	Vb	KGN51400.1
CsHsp100-12	Csa5M646720.1	Chr5	27,243,472	27,251,650	634	8,93	68900,42	38,22	stable	Vb	XP_011656044.1
CsHsp100-13	Csa5M646720.2	Chr5	27,243,472	27,251,650	700	8,86	75858,12	39,34	stable	Vb	XP_011656043.1
CsHsp100-14	Csa6M011680.1	Chr6	1,266,953	1,269,433	499	7,17	55331,15	48,05	unstable	III	KGN45792.1
CsHsp100-15	Csa6M011690.1	Chr6	1,269,525	1,271,330	601	6,41	67361,07	45,83	unstable	I	KGN45793.1
CsHsp100-16	Csa6M046310.1	Chr6	3,739,853	3,743,078	719	7,56	81634,14	53,63	unstable	IV	KGN46053.1
CsHsp100-17	Csa7M184660.1	Chr7	6,679,888	6,692,885	755	5,42	82993,97	42,02	unstable	VIa	XP_011658949.1

EK 56

CsHsp100 proteinlerinin Blast2Go analiz detayları							
Protein Adı	Açıklama	Uzunluk (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO: BİYOLOJİK SÜREÇ	GO: MOLEKÜLER FONKSİYON	GO: HÜCRE BİLEŞENİ
CsHsp100-01	chaperone chloroplastic	862	0	97.85%	proteoliz;	ATP bağlanması, peptidaz aktivitesi	
CsHsp100-02	chaperone 1	752	0	81%	protein metabolik süreci, ısıya tepki, translasyonun pozitif düzenlenmesi, protein açılımı	ATP bağlanması	kloroplast stroma, kloroplast zarfı, membranın integral bileşeni
CsHsp100-03	chaperone 1	988	0	96.25%	protein metabolizması süreci	ATP bağlanması	membranın integral bileşeni
CsHsp100-04	chaperone chloroplastic	924	0	95.2%	proteoliz	peptidaz aktivitesi, ATP bağlanması	
CsHsp100-05	SMAX1-LIKE 4-like	952	0	62.05%	protein metabolizması süreci		
CsHsp100-06	CLP protease regulatory subunit mitochondrial	571	0	84.85%	protein katabolik süreci, proteoliz, protein katlanması	ATP bağlanması, açılmamış protein bağlanması, ATP bağımlı peptidaz aktivitesi	Mitokondriyal matriks
CsHsp100-07	chaperone chloroplastic	973	0	95.2%	ısıya tepki, protein işleme, kloroplast organizasyonu	ATP bağlanması	kloroplast stroması
CsHsp100-08	SMAX1-LIKE 3-like	882	0	70.35%	protein metabolizması süreci		
CsHsp100-09	chaperone mitochondrial	983	0	91.1%	ısıya tepki, protein işleme	ATP bağlanması	sitoplazma
CsHsp100-10	CLP protease regulatory subunit mitochondrial	228	1.77E-165	90.95%	protein katlama	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması	membranın integral bileşeni
CsHsp100-11	CLP protease regulatory subunit mitochondrial	195	2.56E-139	89.9%	protein katabolik süreci, proteoliz, protein katlanması	ATP bağlanması, açılmamış protein bağlanması, ATP bağımlı peptidaz aktivitesi	Mitokondriyal matriks
CsHsp100-12	CLP protease regulatory subunit mitochondrial	634	0	93.6%	protein katabolik süreci, proteoliz, protein katlanması	ATP bağlanması, açılmamış protein bağlanması, ATP bağımlı peptidaz aktivitesi	Mitokondriyal matriks
CsHsp100-13	CLP protease regulatory subunit mitochondrial	700	0	83.15%	protein katabolik süreci, proteoliz, protein katlanması	ATP bağlanması, açılmamış protein bağlanması, ATP bağımlı peptidaz aktivitesi	Mitokondriyal matriks
CsHsp100-14	SMAX1-LIKE 7-like	499	0	80.45%	protein metabolizması süreci		
CsHsp100-15	SMAX1-LIKE 7-like	601	0	68.4%		ATP bağlanması	

EK 56' nın devamı;

CsHsp100-16	SMAX1-LIKE 3-like	719	0	74.5%	protein metabolizması süreci		
CsHsp100-17	chaperone chloroplastic	755	0	86%	protein metabolik süreci, protein heksamerizasyonu	ATPaz aktivitesi, ATP bağlanması, protein homodimerizasyon aktivitesi	kloroplast stroma; kloroplast zarfi

EK 57

Kromozom	Gen	Duplike	E Deęeri	Benzerlik (%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
Chr1	CsHsp100-01	CsHsp100-04	0.0	96%	17760147	0,535	0.0146	0.0272	4,115
Chr1	CsHsp100-03	CsHsp100-02	0.0	60%	2015543	46,885	0.2876	0.0613	360,654
Chr5	CsHsp100-11	CsHsp100-12	2,00E-70	77%	8513992	39,220	0.2564	0.0654	301,692
Chr5	CsHsp100-11	CsHsp100-13	2,00E-70	77%	8513992	3,922	0,2564	0,0654	30,169
Chr5	CsHsp100-12	CsHsp100-13	0.0	100%	0	0,000	0.0000	0.4981	0,000
Chr5	CsHsp100-12	CsHsp100-10	9,00E-70	64%	8517206	2,4606	0.2707	0.1100	18,928
Ortalama						15,50	0,2564	0,0654	119,26

EK 58

Gen 1	Lokasyon	Kromozom	Gen 2	Lokasyon	Kromozom	E Değeri	Benzerlik (%)	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp100-06	15401910-15409880	Chr3	CsHsp100-12	27243472-27251650	Chr5	0.0	74%	48,273	0,2573	0,0533	371,3308
CsHsp100-06	15401910-15409880	Chr3	CsHsp100-13	27243472-27251650	Chr5	0.0	70%	43,977	0,2995	0,0681	338,2846
CsHsp100-06	15401910-15409880	Chr3	CsHsp100-10	18726266-18729107	Chr5	9,00E-71	72%	37,610	0,2599	0,0691	289,3077
CsHsp100-06	15401910-15409880	Chr3	CsHsp100-11	18729480-18738470	Chr5	6,00E-68	76%	48,392	0,2381	0,0492	372,2462
CsHsp100-07	21927672-21935824	Chr3	CsHsp100-09	22638178-22643702	Chr4	0.0	72%	89,180	0,2255	0,0253	686
Ortalama								53,49	0,26	0,05	411,43

EK 59

Salatalık -Arabidopsis							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp100-01	1	AT5G50920.1	5	2,6185	0,0428	0,0163	20,14
CsHsp100-01	1	AT3G48870.2	3	2,9988	0,069	0,0230	23,07
CsHsp100-01	1	AT3G48870.1	3	2,9988	0,069	0,0230	23,07
CsHsp100-01	1	AT5G51070.1	5	50,7544	0,4569	0,0090	390,42
CsHsp100-01	1	AT5G15450.1	5	52,7943	0,523	0,0099	406,11
CsHsp100-01	1	AT2G25140.1	2	53,3394	0,503	0,0094	410,30
CsHsp100-01	1	AT1G74310.1	1	32,7107	0,5393	0,0165	251,62
CsHsp100-02	1	AT1G74310.1	1	8,0387	0,302	0,0376	61,84
CsHsp100-02	1	AT2G25140.1	2	27,9616	0,4801	0,0172	215,09
CsHsp100-02	1	AT1G74310.1	1	8,041	0,3019	0,0375	61,85
CsHsp100-02	1	AT5G50920.1	5	49,9	0,498	0,0100	383,85
CsHsp100-02	1	AT3G48870.2	3	48,4113	0,4961	0,0102	372,39
CsHsp100-02	1	AT3G48870.1	3	48,4312	0,4961	0,0102	372,55
CsHsp100-03	1	AT1G74310.1	1	3,0948	0,0598	0,0193	23,81
CsHsp100-03	1	AT4G14670.1	4	4,2536	0,1914	0,0450	32,72
CsHsp100-03	1	AT5G15450.1	5	52,7393	0,4781	0,0091	405,69
CsHsp100-03	1	AT2G25140.1	2	16,4773	0,5072	0,0308	126,75
CsHsp100-03	1	AT5G50920.1	5	48,9308	0,5825	0,0119	376,39
CsHsp100-04	1	AT5G50920.1	5	2,9812	0,07	0,0235	22,93
CsHsp100-06	3	AT5G53350.1	5	2,1755	0,2128	0,0978	16,73
CsHsp100-06	3	AT1G33360.1	1	30,5074	0,3328	0,0109	234,67
CsHsp100-06	3	AT5G49840.1	5	4,2018	0,3701	0,0881	32,32
CsHsp100-07	3	AT5G15450.1	5	2,536	0,1029	0,0406	19,51

EK 59' un devamı;

CsHsp100-07	3	AT2G25140.1	2	15,0841	0,2309	0,0153	116,03
CsHsp100-07	3	AT1G74310.1	1	15,3963	0,4528	0,0294	118,43
CsHsp100-07	3	AT3G48870.2	3	25,0678	0,5258	0,0210	192,83
CsHsp100-07	3	AT3G48870.1	3	14,7811	0,521	0,0352	113,70
CsHsp100-07	3	AT5G50920.1	5	24,3535	0,5458	0,0224	187,33
CsHsp100-09	4	AT2G25140.1	2	3,0342	0,1429	0,0471	23,34
CsHsp100-09	4	AT5G15450.1	5	9,5518	0,2346	0,0246	73,48
CsHsp100-09	4	AT1G74310.1	1	18,9097	0,4767	0,0252	145,46
CsHsp100-09	4	AT3G48870.2	3	51,7089	0,5589	0,0108	397,76
CsHsp100-09	4	AT3G48870.1	3	51,8376	0,5591	0,0108	398,75
CsHsp100-09	4	AT5G50920.1	5	53,0937	0,5458	0,0103	408,41
CsHsp100-10	5	AT5G49840.1	5	4,3905	0,2296	0,0523	33,77
CsHsp100-10	5	AT5G53350.1	5	4,324	0,3179	0,0735	33,26
CsHsp100-10	5	AT1G33360.1	1	3,5208	0,2987	0,0848	27,08
CsHsp100-11	5	AT5G53350.1	5	13,6407	0,2314	0,0170	104,93
CsHsp100-11	5	AT1G33360.1	1	19,8714	0,2167	0,0109	152,86
CsHsp100-11	5	AT5G49840.1	5	2,7947	0,2759	0,0987	21,50
CsHsp100-12	5	AT5G53350.1	5	5,245	0,2852	0,0544	40,35
CsHsp100-12	5	AT1G33360.1	1	3,2372	0,245	0,0757	24,90
CsHsp100-12	5	AT5G49840.1	5	4,7006	0,3588	0,0763	36,16
CsHsp100-13	5	AT1G33360.1	1	3,03	0,2807	0,0926	23,31
CsHsp100-13	5	AT5G53350.1	5	5,4841	0,2666	0,0486	42,19
CsHsp100-13	5	AT5G49840.1	5	5,6778	0,3586	0,0632	43,68
CsHsp100-17	7	AT5G51070.1	5	2,9348	0,2182	0,0743	22,58
CsHsp100-17	7	AT5G50920.1	5	52,6915	0,4519	0,0086	405,32

EK 59' un devamı;

CsHsp100-17	7	AT3G48870.2	3	24,9392	0,4613	0,0185	191,84
CsHsp100-17	7	AT3G48870.1	3	25,1118	0,4612	0,0184	193,17
Ortalama				20,43	0,349	0,0345	157,12

EK 60

Salatalık -Çeltik							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp100-01	1	LOC_Os12g12850.1	1	4,8595	0,0539	0,0111	37,38
CsHsp100-01	1	LOC_Os04g32560.1	4	2,6828	0,0465	0,0173	20,64
CsHsp100-01	1	LOC_Os12g12850.1	12	4,8562	0,0539	0,0111	37,36
CsHsp100-01	1	LOC_Os12g12850.2	12	4,8573	0,0539	0,0111	37,36
CsHsp100-01	1	LOC_Os11g16590.1	11	6,625	0,1707	0,0258	50,96
CsHsp100-01	1	LOC_Os11g16770.1	11	9,0903	0,3181	0,0350	69,93
CsHsp100-01	1	LOC_Os02g32520.1	2	49,0995	0,44	0,0090	377,69
CsHsp100-01	1	LOC_Os02g32520.2	2	52,34	0,3911	0,0075	402,62
CsHsp100-01	1	LOC_Os03g31300.1	3	51,1169	0,524	0,0103	393,21
CsHsp100-01	1	LOC_Os05g44340.1	5	51,3706	0,5495	0,0107	395,16
CsHsp100-02	1	LOC_Os05g44340.1	5	41,4136	0,2939	0,0071	318,57
CsHsp100-02	1	LOC_Os02g08490.1	2	22,2984	0,4946	0,0222	171,53
CsHsp100-02	1	LOC_Os03g31300.1	3	43,7781	0,4885	0,0112	336,75
CsHsp100-02	1	LOC_Os12g12850.1	12	49,1697	0,5038	0,0102	378,23
CsHsp100-02	1	LOC_Os12g12850.2	12	49,1694	0,504	0,0103	378,23
CsHsp100-02	1	LOC_Os04g32560.2	4	50,2842	0,4926	0,0098	386,80
CsHsp100-02	1	LOC_Os04g32560.1	4	50,2895	0,4925	0,0098	386,84
CsHsp100-02	1	LOC_Os11g16770.1	11	48,4179	0,5138	0,0106	372,45
CsHsp100-03	1	LOC_Os05g44340.1	5	12,0202	0,0879	0,0073	92,46
CsHsp100-03	1	LOC_Os03g31300.1	3	24,7757	0,5002	0,0202	190,58
CsHsp100-03	1	LOC_Os02g08490.1	2	49,1537	0,5207	0,0106	378,11
CsHsp100-03	1	LOC_Os04g32560.2	4	47,658	0,5772	0,0121	366,60

EK 60' in devamı;

CsHsp100-03	1	LOC_Os04g32560.1	4	47,6569	0,5772	0,0121	366,59
CsHsp100-03	1	LOC_Os12g12850.1	12	47,1154	0,5953	0,0126	362,43
CsHsp100-03	1	LOC_Os12g12850.2	12	47,1286	0,5942	0,0126	362,53
CsHsp100-04	1	LOC_Os04g32560.2	4	3,2827	0,0698	0,0212	25,25
CsHsp100-04	1	LOC_Os04g32560.1	4	3,2826	0,0698	0,0212	25,25
CsHsp100-04	1	LOC_Os12g12850.1	12	4,4075	0,0904	0,0205	33,90
CsHsp100-04	1	LOC_Os12g12850.2	12	4,4079	0,0904	0,0205	33,91
CsHsp100-04	1	LOC_Os11g16590.1	11	9,1899	0,1947	0,0212	70,69
CsHsp100-04	1	LOC_Os11g16770.1	11	6,8823	0,3343	0,0486	52,94
CsHsp100-04	1	LOC_Os02g32520.1	2	49,0328	0,4662	0,0095	377,18
CsHsp100-04	1	LOC_Os02g32520.2	2	52,289	0,3905	0,0075	402,22
CsHsp100-04	1	LOC_Os02g08490.1	2	50,1815	0,5409	0,0108	386,01
CsHsp100-04	1	LOC_Os03g31300.1	3	50,646	0,5519	0,0109	389,58
CsHsp100-04	1	LOC_Os05g44340.1	5	50,477	0,5478	0,0109	388,28
CsHsp100-06	3	LOC_Os02g35630.1	2	3,1243	0,2875	0,092	24,03
CsHsp100-06	3	LOC_Os02g19150.1	2	7,9598	0,2701	0,0339	61,23
CsHsp100-06	3	LOC_Os01g66330.1	1	5,3881	0,3536	0,0656	41,45
CsHsp100-06	3	LOC_Os05g45750.1	5	3,4648	0,3771	0,1088	26,65
CsHsp100-06	3	LOC_Os05g45750.2	5	2,2612	0,4326	0,1913	17,39
CsHsp100-07	3	LOC_Os03g31300.1	3	4,3405	0,1235	0,0285	33,39
CsHsp100-07	3	LOC_Os02g08490.1	2	31,2757	0,2381	0,0076	240,58
CsHsp100-07	3	LOC_Os05g44340.1	5	24,966	0,4408	0,0177	192,05
CsHsp100-07	3	LOC_Os04g32560.2	4	50,5039	0,5363	0,0106	388,49
CsHsp100-07	3	LOC_Os04g32560.1	4	50,5009	0,5363	0,0106	388,47
CsHsp100-07	3	LOC_Os12g12850.1	12	49,8788	0,5414	0,0109	383,68

EK 60'ın devamı;

CsHsp100-07	3	LOC_Os12g12850.2	12	49,8779	0,5416	0,0109	383,68
CsHsp100-07	3	LOC_Os02g32520.1	2	48,4432	0,6095	0,0126	372,64
CsHsp100-07	3	LOC_Os02g32520.2	2	53,3087	0,4882	0,0092	410,07
CsHsp100-09	4	LOC_Os03g31300.1	3	46,5186	0,2453	0,0053	357,84
CsHsp100-09	4	LOC_Os03g31300.1	3	49,0238	0,2452	0,005	377,11
CsHsp100-09	4	LOC_Os05g44340.1	5	54,3424	0,4739	0,0087	418,02
CsHsp100-09	4	LOC_Os12g12850.1	12	49,9101	0,5358	0,0107	383,92
CsHsp100-09	4	LOC_Os12g12850.2	12	49,9125	0,5357	0,0107	383,94
CsHsp100-09	4	LOC_Os04g32560.2	4	51,5527	0,5286	0,0103	396,56
CsHsp100-09	4	LOC_Os04g32560.1	4	51,5501	0,5288	0,0103	396,54
CsHsp100-09	4	LOC_Os11g16770.1	11	41,757	0,5353	0,0128	321,21
CsHsp100-10	5	LOC_Os02g19150.1	2	5,1301	0,2761	0,0538	39,46
CsHsp100-10	5	LOC_Os02g35630.1	2	6,9704	0,2479	0,0356	53,62
CsHsp100-10	5	LOC_Os01g66330.1	1	3,1121	0,2933	0,0943	23,94
CsHsp100-10	5	LOC_Os05g45750.1	5	4,2892	0,364	0,0849	32,99
CsHsp100-11	5	LOC_Os02g35630.1	2	8,8954	0,2299	0,0258	68,43
CsHsp100-11	5	LOC_Os01g66330.1	1	12,9466	0,2942	0,0227	99,59
CsHsp100-11	5	LOC_Os02g19150.1	2	20,3438	0,2889	0,0142	156,49
CsHsp100-11	5	LOC_Os05g45750.2	5	6,2506	0,4047	0,0647	48,08
CsHsp100-11	5	LOC_Os05g45750.1	5	6,2506	0,4047	0,0647	48,08
CsHsp100-12	5	LOC_Os02g35630.1	2	4,9391	0,2332	0,0472	37,99
CsHsp100-12	5	LOC_Os01g66330.1	1	3,4818	0,2957	0,0849	26,78
CsHsp100-12	5	LOC_Os02g19150.1	2	20,5385	0,3044	0,0148	157,99
CsHsp100-12	5	LOC_Os05g45750.1	5	9,7926	0,3538	0,0361	75,33
CsHsp100-13	5	LOC_Os02g35630.1	2	4,696	0,2488	0,053	36,12

EK 60' in devamı;

CsHsp100-13	5	LOC_Os01g66330.1	1	3,406	0,3354	0,0985	26,20
CsHsp100-13	5	LOC_Os02g19150.1	2	48,658	0,2948	0,0061	374,29
CsHsp100-13	5	LOC_Os05g45750.1	5	6,0362	0,3429	0,0568	46,43
CsHsp100-17	7	LOC_Os02g32520.2	2	4,7359	0,22	0,0465	36,43
CsHsp100-17	7	LOC_Os02g32520.2	2	4,7361	0,22	0,0465	36,43
Ortalama				27,49	0,37	0,028	211,43

EK 61

Salatalık - Kavak							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp100-01	1	Potri.012G105900.1	12	1,4955	0,04	0,0268	11,50
CsHsp100-01	1	Potri.012G105900.2	12	1,4955	0,04	0,0268	11,50
CsHsp100-01	1	Potri.015G105100.2	15	1,4747	0,0395	0,0268	11,34
CsHsp100-01	1	Potri.015G105100.4	15	1,4747	0,0395	0,0268	11,34
CsHsp100-01	1	Potri.015G105100.3	15	1,4747	0,0395	0,0268	11,34
CsHsp100-01	1	Potri.015G105100.1	15	1,4969	0,0481	0,0321	11,51
CsHsp100-01	1	Potri.012G112000.1	12	53,2547	0,4694	0,0088	409,65
CsHsp100-01	1	Potri.015G110000.1	15	52,8674	0,4644	0,0088	406,67
CsHsp100-01	1	Potri.004G124800.1	4	51,8609	0,4984	0,0096	398,93
CsHsp100-01	1	Potri.006G262700.1	6	52,2515	0,487	0,0093	401,93
CsHsp100-01	1	Potri.006G262700.2	6	52,1795	0,5	0,0096	401,38
CsHsp100-01	1	Potri.012G112000.2	12	54,3521	0,4674	0,0086	418,09
CsHsp100-01	1	Potri.004G124800.3	4	52,599	0,3868	0,0074	404,61
CsHsp100-01	1	Potri.004G124800.2	4	52,5955	0,3867	0,0074	404,58
CsHsp100-01	1	Potri.017G090600.2	17	52,8543	0,5065	0,0096	406,57
CsHsp100-01	1	Potri.017G090600.1	17	52,0888	0,5106	0,0098	400,68
CsHsp100-01	1	Potri.015G057000.1	15	31,2024	0,5461	0,0175	240,02
CsHsp100-01	1	Potri.015G056900.1	15	34,9136	0,5474	0,0157	268,57
CsHsp100-01	1	Potri.015G056900.2	15	34,9218	0,5474	0,0157	268,63
CsHsp100-02	1	Potri.015G057000.1	15	4,203	0,2919	0,0695	32,33
CsHsp100-02	1	Potri.015G056900.1	15	4,4972	0,2919	0,0649	34,59
CsHsp100-02	1	Potri.015G056900.2	15	4,4974	0,2919	0,0649	34,60

EK 61' in devamı;

CsHsp100-02	1	Potri.004G124800.1	4	17,9095	0,4953	0,0277	137,77
CsHsp100-02	1	Potri.004G124800.3	4	17,7111	0,4909	0,0277	136,24
CsHsp100-02	1	Potri.004G124800.2	4	17,6924	0,4909	0,0277	136,10
CsHsp100-02	1	Potri.017G090600.2	17	15,8944	0,495	0,0311	122,26
CsHsp100-02	1	Potri.017G090600.1	17	15,8833	0,495	0,0312	122,18
CsHsp100-02	1	Potri.006G262700.1	6	52,4677	0,4805	0,0092	403,60
CsHsp100-02	1	Potri.006G262700.2	6	52,4633	0,4806	0,0092	403,56
CsHsp100-02	1	Potri.012G105900.1	12	50,5932	0,4724	0,0093	389,18
CsHsp100-02	1	Potri.012G105900.2	12	50,5983	0,4723	0,0093	389,22
CsHsp100-02	1	Potri.015G105100.1	15	22,2481	0,477	0,0214	171,14
CsHsp100-02	1	Potri.015G105100.2	15	22,3124	0,477	0,0214	171,63
CsHsp100-02	1	Potri.015G105100.4	15	22,246	0,477	0,0214	171,12
CsHsp100-02	1	Potri.015G105100.3	15	22,3565	0,477	0,0213	171,97
CsHsp100-04	1	Potri.012G105900.1	12	1,7472	0,0712	0,0407	13,44
CsHsp100-04	1	Potri.012G105900.2	12	1,7472	0,0712	0,0407	13,44
CsHsp100-04	1	Potri.015G105100.2	15	1,7385	0,0721	0,0414	13,37
CsHsp100-04	1	Potri.015G105100.4	15	1,7385	0,0721	0,0414	13,37
CsHsp100-04	1	Potri.015G105100.3	15	1,7385	0,0721	0,0414	13,37
CsHsp100-04	1	Potri.015G105100.1	15	1,7516	0,0804	0,0459	13,47
CsHsp100-06	3	Potri.012G015600.3	12	1,5926	0,2251	0,1413	12,25
CsHsp100-06	3	Potri.012G015600.2	12	1,5983	0,2272	0,1422	12,29
CsHsp100-06	3	Potri.012G015600.3	12	1,5926	0,2251	0,1413	12,25
CsHsp100-06	3	Potri.015G012900.3	15	1,3531	0,2175	0,1607	10,41
CsHsp100-06	3	Potri.015G012900.2	15	1,4031	0,2017	0,1437	10,79
CsHsp100-06	3	Potri.012G015600.1	12	1,6234	0,227	0,1398	12,49

EK 61' in devamı;

CsHsp100-06	3	Potri.013G089500.1	13	5,2179	0,2722	0,0522	40,14
CsHsp100-06	3	Potri.013G089500.2	13	5,8098	0,2886	0,0497	44,69
CsHsp100-06	3	Potri.004G229400.1	4	50,9778	0,3078	0,006	392,14
CsHsp100-06	3	Potri.013G089500.3	13	4,5549	0,3237	0,0711	35,04
CsHsp100-06	3	Potri.013G089500.4	13	4,0319	0,3981	0,0987	31,01
CsHsp100-08	3	Potri.016G071800.1	16	2,9529	0,3231	0,1094	22,71
CsHsp100-08	3	Potri.006G204500.2	6	2,6864	0,3045	0,1133	20,66
CsHsp100-08	3	Potri.006G204500.1	6	2,939	0,3166	0,1077	22,61
CsHsp100-08	3	Potri.008G017600.2	8	3,5294	0,4383	0,1242	27,15
CsHsp100-10	5	Potri.004G229400.1	4	1,7677	0,2226	0,1259	13,60
CsHsp100-10	5	Potri.013G089500.1	13	2,5987	0,2339	0,09	19,99
CsHsp100-10	5	Potri.015G012900.2	15	3,7775	0,2103	0,0557	29,06
CsHsp100-10	5	Potri.015G012900.1	15	4,4259	0,279	0,063	34,05
CsHsp100-10	5	Potri.015G012900.3	15	3,4783	0,2419	0,0696	26,76
CsHsp100-10	5	Potri.012G015600.2	12	3,7361	0,3016	0,0807	28,74
CsHsp100-10	5	Potri.012G015600.3	12	3,7361	0,3016	0,0807	28,74
CsHsp100-10	5	Potri.012G015600.1	12	3,7361	0,3016	0,0807	28,74
CsHsp100-11	5	Potri.013G089500.3	13	3,3346	0,2317	0,0695	25,65
CsHsp100-11	5	Potri.013G089500.2	13	3,3345	0,2317	0,0695	25,65
CsHsp100-11	5	Potri.013G089500.1	13	3,3345	0,2317	0,0695	25,65
CsHsp100-11	5	Potri.015G012900.2	15	5,8956	0,268	0,0455	45,35
CsHsp100-11	5	Potri.015G012900.3	15	5,8949	0,268	0,0455	45,35
CsHsp100-17	7	Potri.012G112000.1	12	1,4951	0,1989	0,133	11,50
CsHsp100-17	7	Potri.015G110000.1	15	1,5697	0,1911	0,1218	12,07
CsHsp100-17	7	Potri.012G112000.2	12	1,4781	0,2072	0,1402	11,37

EK 61' in devamı;

CsHsp100-17	7	Potri.012G105900.1	12	54,4999	0,4508	0,0083	419,23
CsHsp100-17	7	Potri.012G105900.2	12	54,5053	0,4507	0,0083	419,27
CsHsp100-17	7	Potri.015G105100.2	15	54,4623	0,4516	0,0083	418,94
CsHsp100-17	7	Potri.015G105100.4	15	54,4597	0,4515	0,0083	418,92
CsHsp100-17	7	Potri.015G105100.3	15	54,4596	0,4517	0,0083	418,92
CsHsp100-17	7	Potri.015G105100.1	15	55,115	0,455	0,0083	423,96
Ortalama				19,41	0,322	0,051	149,29

EK 62

Salatalık- Üzüm							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp100-01	1	GRMZM2G001084_T01	2	3,8554	0,1537	0,0399	29,66
CsHsp100-01	1	GRMZM2G009443_T01	10	4,0762	0,0558	0,0137	31,36
CsHsp100-01	1	GRMZM2G001084_T01	2	3,8552	0,1537	0,0399	29,66
CsHsp100-01	1	GRMZM2G172230_T01	5	49,127	0,4752	0,0097	377,90
CsHsp100-01	1	GRMZM2G149567_T01	2	48,9401	0,4661	0,0095	376,46
CsHsp100-01	1	GRMZM2G060561_T02	5	52,0232	0,4988	0,0096	400,18
CsHsp100-01	1	GRMZM2G162968_T01	9	51,0763	0,5214	0,0102	392,89
CsHsp100-01	1	GRMZM2G360681_T01	6	49,5956	0,5476	0,011	381,50
CsHsp100-01	1	GRMZM2G060561_T01	5	53,349	0,4138	0,0078	410,38
CsHsp100-01	1	GRMZM2G130121_T01	1	51,7176	0,4349	0,0084	397,83
CsHsp100-02	1	GRMZM2G360681_T01	6	51,209	0,2957	0,0058	393,92
CsHsp100-02	1	GRMZM2G162968_T01	9	51,5304	0,4888	0,0095	396,39
CsHsp100-02	1	GRMZM2G060561_T02	5	43,7366	0,4874	0,0111	336,44
CsHsp100-02	1	GRMZM2G130121_T01	1	44,1267	0,5006	0,0113	339,44
CsHsp100-02	1	GRMZM2G060561_T01	5	37,8478	0,497	0,0131	291,14
CsHsp100-02	1	GRMZM2G123922_T01	10	51,0531	0,4827	0,0095	392,72
CsHsp100-02	1	GRMZM2G009443_T01	10	50,0616	0,5013	0,01	385,09
CsHsp100-03	1	GRMZM2G360681_T01	6	38,9057	0,0874	0,0022	299,27
CsHsp100-03	1	GRMZM2G162968_T01	9	43,2963	0,4959	0,0115	333,05
CsHsp100-03	1	GRMZM2G060561_T02	5	48,1423	0,5163	0,0107	370,33
CsHsp100-03	1	GRMZM2G130121_T01	1	17,5702	0,4188	0,0238	135,16
CsHsp100-03	1	GRMZM2G060561_T01	5	11,3652	0,4174	0,0367	87,42
CsHsp100-03	1	GRMZM2G009443_T01	10	47,6803	0,5719	0,012	366,77

EK 62' nin devamı;

CsHsp100-03	1	GRMZM2G123922_T01	10	49,0578	0,5787	0,0118	377,37
CsHsp100-03	1	GRMZM2G001084_T01	2	17,7946	0,6399	0,036	136,88
CsHsp100-04	1	GRMZM2G123922_T01	10	4,167	0,0769	0,0185	32,05
CsHsp100-04	1	GRMZM2G009443_T01	10	3,4458	0,0997	0,0289	26,51
CsHsp100-04	1	GRMZM2G001084_T01	2	5,6855	0,1803	0,0317	43,73
CsHsp100-04	1	GRMZM2G172230_T01	5	48,5766	0,4987	0,0103	373,67
CsHsp100-04	1	GRMZM2G149567_T01	2	48,7096	0,4794	0,0098	374,69
CsHsp100-04	1	GRMZM2G060561_T02	5	51,033	0,5238	0,0103	392,56
CsHsp100-04	1	GRMZM2G162968_T01	9	50,1842	0,5472	0,0109	386,03
CsHsp100-04	1	GRMZM2G360681_T01	6	48,8801	0,5272	0,0108	376,00
CsHsp100-04	1	GRMZM2G060561_T01	5	10,3453	0,4274	0,0413	79,58
CsHsp100-04	1	GRMZM2G130121_T01	1	50,8857	0,4352	0,0086	391,43
CsHsp100-04	1	AC211513.3_FGT003	1	55,0468	0,1873	0,0034	423,44
CsHsp100-04	1	GRMZM5G896496_T05	3	59,5904	0,2017	0,0034	458,39
CsHsp100-04	1	GRMZM5G896496_T04	3	59,8599	0,2014	0,0034	460,46
CsHsp100-04	1	GRMZM5G896496_T06	3	59,6798	0,2018	0,0034	459,08
CsHsp100-04	1	GRMZM2G113552_T01	3	46,1503	0,6812	0,0148	355,00
CsHsp100-07	3	GRMZM2G162968_T01	9	4,5772	0,1167	0,0255	35,21
CsHsp100-07	3	GRMZM2G060561_T02	5	23,4499	0,2158	0,0092	180,38
CsHsp100-07	3	GRMZM2G130121_T01	1	4,8632	0,0841	0,0173	37,41
CsHsp100-07	3	GRMZM2G060561_T01	5	44,7121	0,1588	0,0036	343,94
CsHsp100-07	3	GRMZM2G360681_T01	6	37,2471	0,4625	0,0124	286,52
CsHsp100-07	3	GRMZM2G123922_T01	10	52,4006	0,5282	0,0101	403,08
CsHsp100-07	3	GRMZM2G009443_T01	10	50,3563	0,5378	0,0107	387,36
CsHsp100-07	3	GRMZM2G172230_T01	5	47,3241	0,6186	0,0131	364,03

EK 62' nin devamı;

CsHsp100-07	3	GRMZM2G001084_T01	2	51,4057	0,5941	0,0116	395,43
CsHsp100-08	3	GRMZM2G049681_T01	10	49,7015	0,491	0,0099	382,32
CsHsp100-08	3	GRMZM2G128322_T01	2	49,6431	0,526	0,0106	381,87
CsHsp100-08	3	GRMZM2G013128_T01	4	7,4015	0,613	0,0828	56,93
CsHsp100-08	3	GRMZM2G013128_T02	4	6,6704	0,616	0,0924	51,31
CsHsp100-09	4	GRMZM2G060561_T02	5	4,7783	0,1415	0,0296	36,76
CsHsp100-09	4	GRMZM2G162968_T01	9	54,4055	0,2478	0,0046	418,50
CsHsp100-09	4	GRMZM2G060561_T01	5	3,564	0,1025	0,0288	27,42
CsHsp100-09	4	GRMZM2G130121_T01	1	36,1389	0,191	0,0053	277,99
CsHsp100-09	4	GRMZM2G360681_T01	6	52,5797	0,4809	0,0091	404,46
CsHsp100-09	4	GRMZM2G009443_T01	10	50,1562	0,534	0,0106	385,82
CsHsp100-09	4	GRMZM2G123922_T01	10	52,6949	0,537	0,0102	405,35
CsHsp100-09	4	GRMZM2G001084_T01	2	52,0334	0,5727	0,011	400,26
CsHsp100-10	5	GRMZM2G050186_T04	4	4,3982	0,2615	0,0595	33,83
CsHsp100-10	5	GRMZM2G050186_T06	4	4,398	0,2615	0,0595	33,83
CsHsp100-10	5	GRMZM2G050186_T02	4	4,398	0,2615	0,0595	33,83
CsHsp100-10	5	GRMZM2G050186_T05	4	4,3983	0,2615	0,0595	33,83
CsHsp100-10	5	GRMZM2G101791_T02	5	4,7718	0,2598	0,0544	36,71
CsHsp100-10	5	GRMZM2G101791_T01	5	4,7719	0,2598	0,0544	36,71
CsHsp100-10	5	GRMZM5G861603_T01	5	5,4144	0,3128	0,0578	41,65
CsHsp100-10	5	GRMZM2G172829_T01	8	3,5691	0,3031	0,0849	27,45
CsHsp100-10	5	GRMZM2G050186_T01	4	6,0757	0,2891	0,0476	46,74
CsHsp100-10	5	GRMZM2G331833_T01	6	23,9248	0,454	0,019	184,04
CsHsp100-10	5	GRMZM2G331833_T03	6	45,5032	1,4245	0,0313	350,02
CsHsp100-10	5	GRMZM2G331833_T02	6	39,981	1,2429	0,0311	307,55

EK 62 nin devamı;

CsHsp100-12	5	GRMZM2G101791_T01	5	3,3655	0,2436	0,0724	25,89
CsHsp100-12	5	GRMZM2G101791_T02	5	3,4214	0,2506	0,0732	26,32
CsHsp100-12	5	GRMZM2G172829_T01	8	3,4976	0,2977	0,0851	26,90
CsHsp100-12	5	GRMZM5G861603_T01	5	49,7954	0,3086	0,0062	383,04
CsHsp100-12	5	GRMZM2G050186_T04	4	2,7332	0,1088	0,0398	21,02
CsHsp100-12	5	GRMZM2G050186_T06	4	2,7332	0,1088	0,0398	21,02
CsHsp100-12	5	GRMZM2G050186_T02	4	2,7333	0,1088	0,0398	21,03
CsHsp100-12	5	GRMZM2G050186_T05	4	2,7331	0,1088	0,0398	21,02
CsHsp100-12	5	GRMZM2G050186_T01	4	2,2197	0,1453	0,0655	17,07
CsHsp100-12	5	GRMZM2G331833_T03	6	18,852	0,3399	0,018	145,02
CsHsp100-12	5	GRMZM2G331833_T02	6	15,3848	0,3437	0,0223	118,34
CsHsp100-12	5	GRMZM5G861603_T02	5	49,0083	0,4326	0,0088	376,99
CsHsp100-12	5	GRMZM2G050186_T03	4	9,0699	0,539	0,0594	69,77
CsHsp100-12	5	GRMZM2G331833_T01	6	54,7956	0,3326	0,0061	421,50
CsHsp100-13	5	GRMZM2G101791_T01	5	3,4038	0,2682	0,0788	26,18
CsHsp100-13	5	GRMZM2G101791_T02	5	3,4852	0,275	0,0789	26,81
CsHsp100-13	5	GRMZM2G172829_T01	8	3,624	0,3338	0,0921	27,88
CsHsp100-13	5	GRMZM5G861603_T01	5	42,7118	0,2985	0,007	328,55
CsHsp100-13	5	GRMZM2G050186_T04	4	2,7332	0,1088	0,0398	21,02
CsHsp100-13	5	GRMZM2G050186_T06	4	2,7331	0,1088	0,0398	21,02
CsHsp100-13	5	GRMZM2G050186_T02	4	2,7331	0,1088	0,0398	21,02
CsHsp100-13	5	GRMZM2G050186_T05	4	2,7332	0,1088	0,0398	21,02
CsHsp100-13	5	GRMZM2G050186_T01	4	2,2198	0,1453	0,0655	17,08
CsHsp100-13	5	GRMZM2G331833_T03	6	39,3477	0,3337	0,0085	302,67
CsHsp100-13	5	GRMZM2G331833_T02	6	36,5342	0,3376	0,0092	281,03

EK 62' nin devamı;

CsHsp100-13	5	GRMZM5G861603_T02	5	47,1404	0,4095	0,0087	362,62
CsHsp100-13	5	GRMZM2G050186_T03	4	7,0929	0,4151	0,0585	54,56
CsHsp100-13	5	GRMZM2G331833_T01	6	54,7961	0,3326	0,0061	421,51
CsHsp100-14	6	GRMZM2G109674_T01	10	17,7723	0,489	0,0275	136,71
CsHsp100-14	6	GRMZM2G471670_T01	3	48,1772	0,8107	0,0168	370,59
CsHsp100-14	6	GRMZM2G049681_T01	10	49,1306	0,867	0,0176	377,93
CsHsp100-16	6	GRMZM2G049681_T01	10	9,265	0,5999	0,0647	71,27
CsHsp100-16	6	GRMZM2G128322_T01	2	37,1131	0,6202	0,0167	285,49
CsHsp100-16	6	GRMZM2G013128_T02	4	8,6718	0,6182	0,0713	66,71
CsHsp100-16	6	GRMZM2G013128_T01	4	8,36	0,6064	0,0725	64,31
CsHsp100-17	7	GRMZM2G172230_T01	5	5,4482	0,2381	0,0437	41,91
CsHsp100-17	7	GRMZM2G149567_T01	2	4,3995	0,2541	0,0578	33,84
CsHsp100-17	7	GRMZM2G123922_T01	10	54,5221	0,445	0,0082	419,40
CsHsp100-17	7	GRMZM2G009443_T01	10	52,0699	0,4699	0,009	400,54
CsHsp100-17	7	GRMZM2G001084_T01	2	52,5564	0,4959	0,0094	404,28
CsHsp100-17	7	GRMZM2G162968_T01	9	53,6722	0,5206	0,0097	412,86
CsHsp100-17	7	GRMZM2G060561_T02	5	50,1974	0,5167	0,0103	386,13
CsHsp100-17	7	GRMZM2G149567_T02	2	10,2939	0,2397	0,0233	79,18
CsHsp100-17	7	GRMZM2G304019_T01	8	3,4357	0,3412	0,0993	26,43
CsHsp100-17	7	GRMZM2G307690_T02	4	3,6519	0,406	0,1112	28,09
CsHsp100-17	7	GRMZM2G307690_T01	4	3,3095	0,4356	0,1316	25,46
CsHsp100-17	7	GRMZM2G339009_T02	6	11,941	0,5748	0,0481	91,85
CsHsp100-17	7	GRMZM2G344513_T03	1	4,2774	0,5034	0,1177	32,90
CsHsp100-17	7	GRMZM2G339009_T01	6	51,6656	0,8215	0,0159	397,43
Ortalama				28,463	0,394	0,031	218,95

EK 63

Salatalık- Mısır							
Protein Adı	Kromozom	Gen Adları	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CsHsp100-01	1	GSVIVT01008636001	17	1,1218	0,0245	0,0218	8,63
CsHsp100-02	1	GSVIVT01007880001	17	5,0698	0,2912	0,0574	39,00
CsHsp100-02	1	GSVIVT01035900001	4	43,5863	0,5063	0,0116	335,28
CsHsp100-02	1	GSVIVT01014062001	19	52,4529	0,5432	0,0104	403,48
CsHsp100-02	1	GSVIVT01028580001	7	44,3213	0,5807	0,0131	340,93
CsHsp100-03	1	GSVIVT01007880001	17	1,9369	0,0517	0,0267	14,90
CsHsp100-03	1	GSVIVT01035900001	4	14,2352	0,5222	0,0367	109,50
CsHsp100-03	1	GSVIVT01011496001	14	34,1263	0,5242	0,0154	262,51
CsHsp100-03	1	GSVIVT01014062001	19	49,967	0,6312	0,0126	384,36
CsHsp100-03	1	GSVIVT01033000001	14	45,5248	0,4794	0,0105	350,19
CsHsp100-03	1	GSVIVT01028580001	7	52,1874	0,5865	0,0112	401,44
CsHsp100-03	1	GSVIVT01014779001	19	2,4691	0,46	0,1863	18,99
CsHsp100-04	1	GSVIVT01008636001	17	1,3592	0,0467	0,0344	10,46
CsHsp100-04	1	GSVIVT01014062001	19	51,8836	0,4796	0,0092	399,10
CsHsp100-04	1	GSVIVT01035900001	4	52,5142	0,5284	0,0101	403,96
CsHsp100-04	1	GSVIVT01007880001	17	18,8094	0,51	0,0271	144,69
CsHsp100-04	1	GSVIVT01033000001	14	17,8138	0,2801	0,0157	137,03
CsHsp100-04	1	GSVIVT01028580001	7	0,9853	10,0181	10,1674	7,58
CsHsp100-04	1	GSVIVT01008635001	17	13,8745	0,1399	0,0101	106,73
CsHsp100-06	3	GSVIVT01038550001	16	1,4745	0,158	0,1072	11,34
CsHsp100-06	3	GSVIVT01037101001	18	4,7921	0,2378	0,0496	36,86
CsHsp100-06	3	GSVIVT01023141001	12	53,461	0,2928	0,0055	411,24
CsHsp100-06	3	GSVIVT01018500001	16	1,997	0,1682	0,0842	15,36

EK 63' ün devamı;

CsHsp100-08	3	GSVIVT01029304001	11	33,0968	0,6588	0,0199	254,59
CsHsp100-08	3	GSVIVT01033944001	8	2,9481	0,3288	0,1115	22,68
CsHsp100-08	3	GSVIVT01034648001	13	4,3567	0,4437	0,1018	33,51
CsHsp100-08	3	GSVIVT01032812001	13	15,8797	0,8417	0,053	122,15
CsHsp100-09	4	GSVIVT01035900001	4	1,8132	0,112	0,0618	13,95
CsHsp100-09	4	GSVIVT01011496001	14	34,566	0,2204	0,0064	265,89
CsHsp100-09	4	GSVIVT01007880001	17	53,8189	0,4615	0,0086	413,99
CsHsp100-09	4	GSVIVT01033000001	14	53,1866	0,4017	0,0076	409,13
CsHsp100-09	4	GSVIVT01028580001	7	19,9422	0,7933	0,0398	153,40
CsHsp100-10	5	GSVIVT01023141001	12	2,0859	0,2253	0,108	16,05
CsHsp100-10	5	GSVIVT01038550001	16	4,9826	0,266	0,0534	38,33
CsHsp100-10	5	GSVIVT01037101001	18	2,3705	0,2373	0,1001	18,23
CsHsp100-10	5	GSVIVT01018500001	16	1,3685	0,8557	0,6253	10,53
CsHsp100-11	5	GSVIVT01023141001	12	1,5582	0,2152	0,1381	11,99
CsHsp100-11	5	GSVIVT01038550001	16	47,5893	0,2286	0,0048	366,07
CsHsp100-11	5	GSVIVT01037101001	18	1,565	0,2321	0,1483	12,04
CsHsp100-11	5	GSVIVT01018500001	16	1,5236	0,3721	0,2442	11,72
CsHsp100-12	5	GSVIVT01037101001	18	1,3405	0,1395	0,1041	10,31
CsHsp100-12	5	GSVIVT01023141001	12	2,1716	0,1995	0,0919	16,70
CsHsp100-12	5	GSVIVT01038550001	16	6,7877	0,2716	0,04	52,21
CsHsp100-12	5	GSVIVT01018500001	16	1,9196	0,1822	0,0949	14,77
CsHsp100-13	5	GSVIVT01023141001	12	2,1716	0,1995	0,0919	16,70
CsHsp100-13	5	GSVIVT01038550001	16	7,4435	0,2929	0,0393	57,26
CsHsp100-13	5	GSVIVT01018500001	16	1,9196	0,1822	0,0949	14,77
CsHsp100-13	5	GSVIVT01037101001	18	1,2315	0,1179	0,0957	9,47

EK 63' ün devamı;

CsHsp100-14	6	GSVIVT01032812001	13	1,9815	0,2382	0,1202	15,24
CsHsp100-14	6	GSVIVT01024729001	6	2,8245	0,352	0,1246	21,73
CsHsp100-14	6	GSVIVT01034648001	13	14,425	0,8243	0,0571	110,96
CsHsp100-15	6	GSVIVT01032812001	13	1,8161	0,4998	0,2752	13,97
CsHsp100-16	6	GSVIVT01029304001	11	7,4538	0,6637	0,089	57,34
CsHsp100-16	6	GSVIVT01034648001	13	2,4777	0,4294	0,1733	19,06
CsHsp100-16	6	GSVIVT01033944001	8	2,4832	0,4679	0,1884	19,10
CsHsp100-16	6	GSVIVT01032812001	13	14,2919	0,813	0,0569	109,94
CsHsp100-16	6	GSVIVT01024729001	6	11,1165	0,8287	0,0745	85,51
CsHsp100-17	7	GSVIVT01014062001	19	1,5583	0,1806	0,1159	11,99
CsHsp100-17	7	GSVIVT01008636001	17	54,8414	0,469	0,0086	421,86
CsHsp100-17	7	GSVIVT01033000001	14	13,6081	0,4442	0,0326	104,68
CsHsp100-17	7	GSVIVT01011496001	14	53,3112	0,555	0,0104	410,09
CsHsp100-17	7	GSVIVT01028580001	7	51,4862	0,8964	0,0174	396,05
Ortalama				17,859	0,552	0,238	137,38

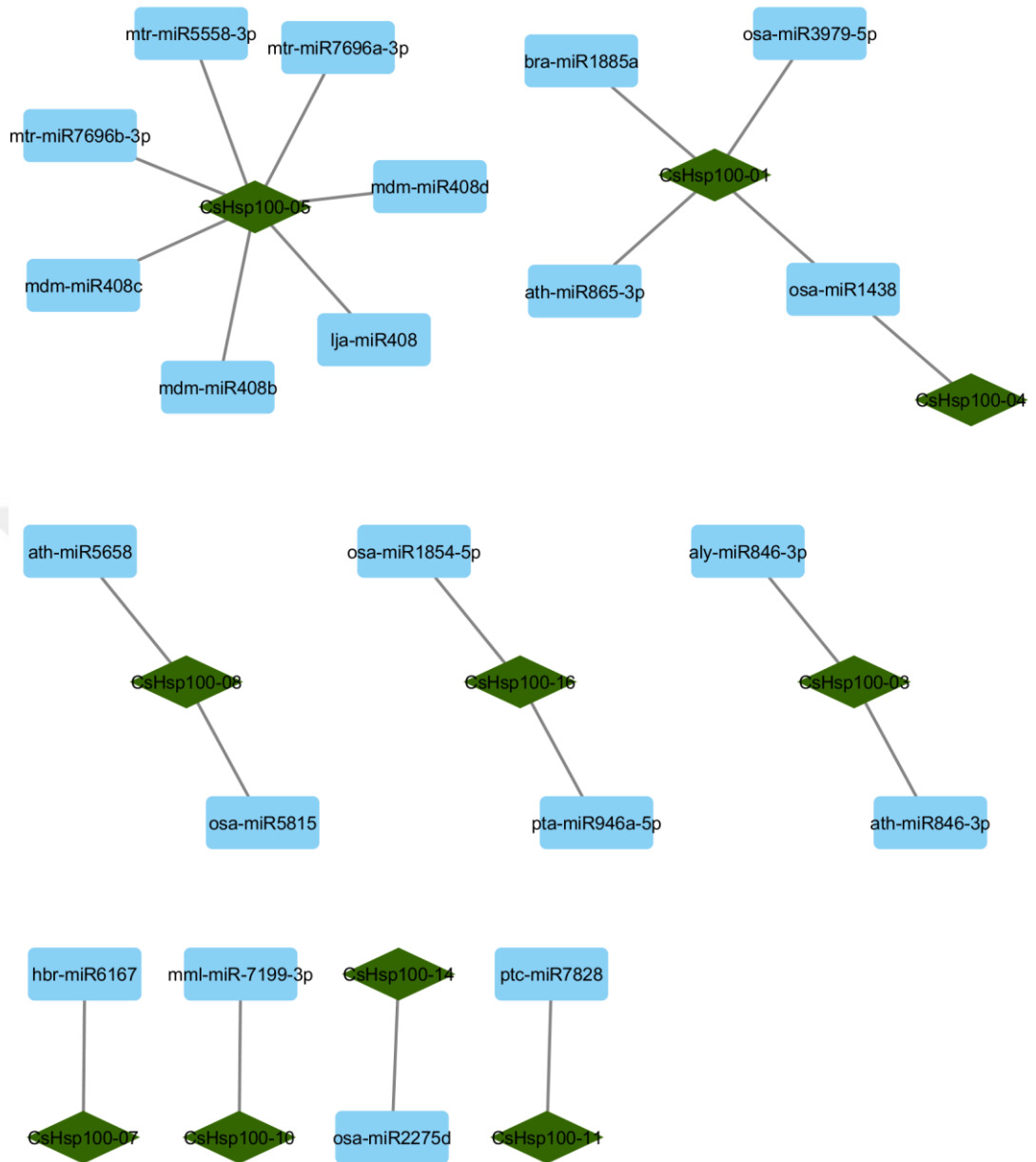
EK 64

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Amborella trichopoda</i>					
atr-miR8594.1	CsHsp100-09	3.0	18.387	UUAUCAACAGUAUCA AUGGAUAUG	CAAAGCCAUUGAUCUUGUUGAUGA
<i>Arabidopsis lyrata</i>					
aly-miR846-3p	CsHsp100-03	3.0	10.738	UUGAAUUGAAGUGCUUGAAU	AUUCUAACGCUCAAUUCGA
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
ath-miR846-3p	CsHsp100-03	3.0	10.738	UUGAAUUGAAGUGCUUGAAU	AUUCUAACGCUCAAUUCGA
ath-miR865-3p	CsHsp100-01	3.0	11.863	UUUUUCCUCAAAUUUAUCCA	UGGA-GAAUUUGAGGAAAGA
ath-miR5658	CsHsp100-08	2,50	14.198	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	AUCAUCAUCAUCAUAAU
<i>Brassica rapa</i>					
bra-miR1885a	CsHsp100-01	3.0	14,11	CAUCA AUGAAAGGUAUGAUCC	GAGAUUAUCCUUUUUAUGAUG
<i>Hevea brasiliensis</i>					
hbr-miR6167	CsHsp100-07	3.0	18.432	UACCCAGGUGGAAGCUUUGA	UCGGAGCU-CCACCUGGGUA
<i>Lotus japonicus</i>					
lja-miR408	CsHsp100-05	2.0	13.423	CAGGGAAGAGGCAGAGCAUGG	UCAUGCUCUCCUCUCCUC
<i>Malus domestica</i>					
mdm-miR408b	CsHsp100-05	2,50	12.543	ACAGGGAAGAGGUAGAGCAUG	CAUGCUCUCCUCUCCUCUCU
mdm-miR408c	CsHsp100-05	2,50	12.543	ACAGGGAAGAGGUAGAGCAUG	CAUGCUCUCCUCUCCUCUCU
mdm-miR408d	CsHsp100-05	2,50	12.543	ACAGGGAAGAGGUAGAGCAUG	CAUGCUCUCCUCUCCUCUCU
<i>Macaca mulatta</i>					
mml-miR-7199-3p	CsHsp100-10	3.0	10.547	UUCAGGUUUUGAACAUAGAGGU	AACGCAGUGUCAAUAUCUGAA
<i>Medicago truncatula</i>					
mtr-miR5558-3p	CsHsp100-05	3.0	17.872	UAGAUUUAGAAUUAGAAAAG	CUUCCUGGUUCUGGAUCUA
mtr-miR7696a-3p	CsHsp100-05	2,50	13.314	UUGAAUUAUGAGAACUUGAAG	CUUCAAGUGUUUAUGAUUCA
mtr-miR7696b-3p	CsHsp100-05	2,50	13.314	UUGAAUUAUGAGAACUUGAAG	CUUCAAGUGUUUAUGAUUCA
<i>Oryza sativa</i>					

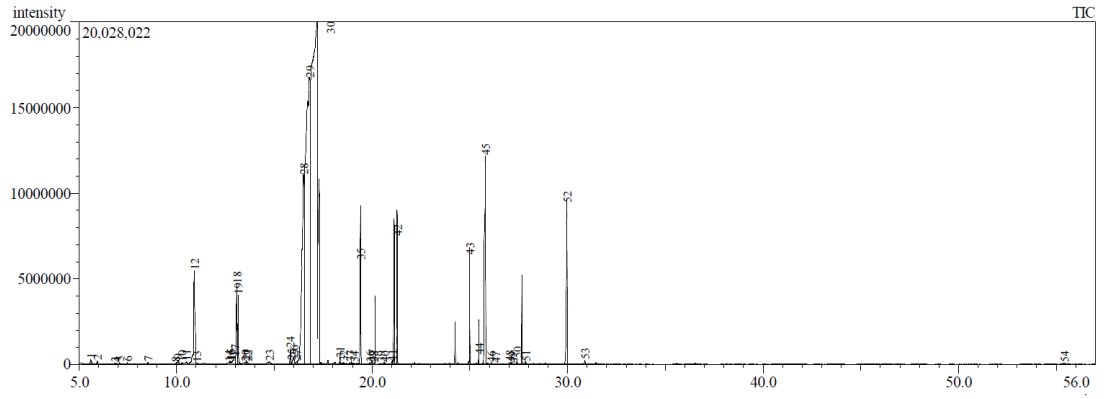
EK 64' ün devamı;

osa-miR1438	CsHsp100-01	3.0	12.395	AGGGUAAUUUUUAUCAUUUUU	CAAAGUGAUGAGAUUAUCCU
osa-miR1438	CsHsp100-04	3.0	8.598	AGGGUAAUUUUUAUCAUUUUU	CAAAGUGAUGAAAUUAUUCU
osa-miR1854-5p	CsHsp100-16	3.0	9.003	UGGUGAAUUUGUAGAUUGGA	UCCAAUCCACAAGUUUCACUU
osa-miR3979-5p	CsHsp100-01	3.0	16.494	UCUCUCUCUCCCUUGAAGGC	ACCUUCAAGUGACAGAGAGA
osa-miR2275d	CsHsp100-14	3.0	20.339	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCUC	GAGGUUUUGGGGAGAAACAGG
osa-miR5815	CsHsp100-08	3.0	18.705	AAUGUUAUGGACACUAGAUG	AAUUUGGUAUCCAUAACAUU
osa-miR1438	CsHsp100-04	3.0	8.598	AGGGUAAUUUUUAUCAUUUUU	CAAAGUGAUGAAAUUAUUCU
<i>Pinus taeda</i>					
pta-miR946a-5p	CsHsp100-16	3.0	3.226	UGUGGAUAGAGAAGGGUAGU	AUAAACCCUUCUCAAUCCAUA
<i>Populus trichocarpa</i>					
ptc-miR7828	CsHsp100-11	3.0	14.393	GAUGACAUGGACACCAAAAU	AUUUAGGUUCCAUGUUAUU

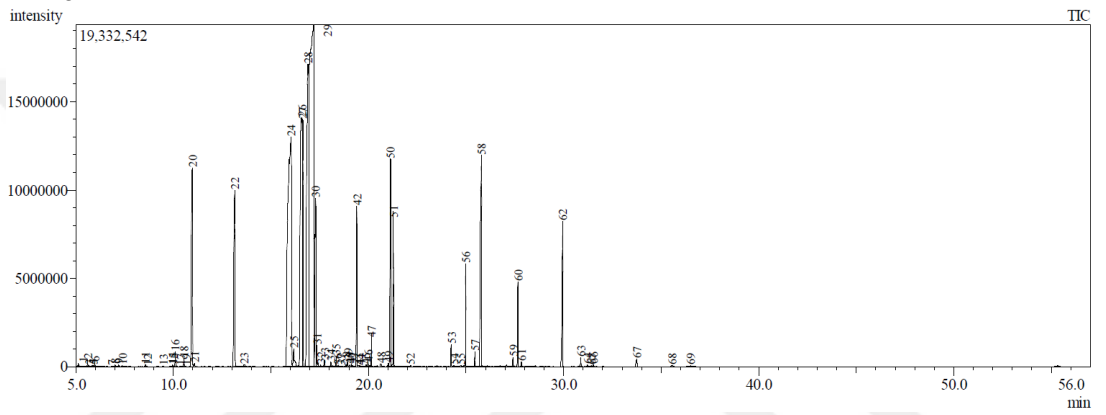
EK 65



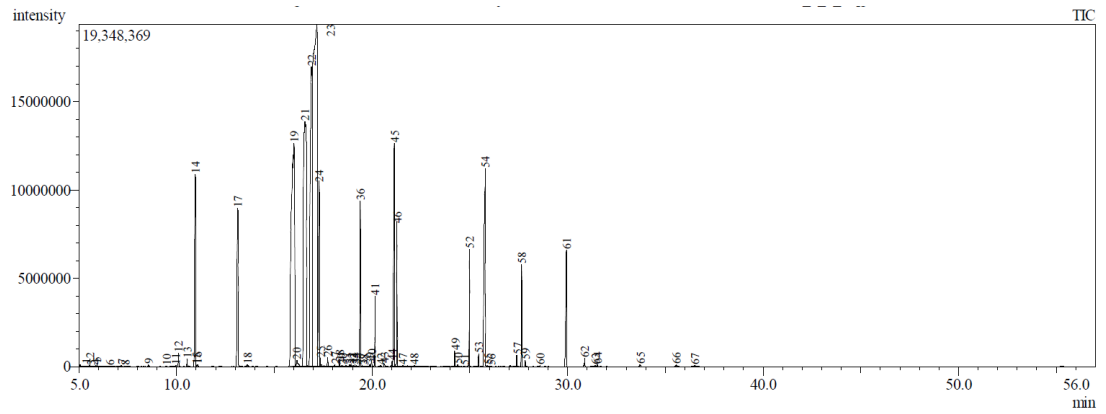
EK 66



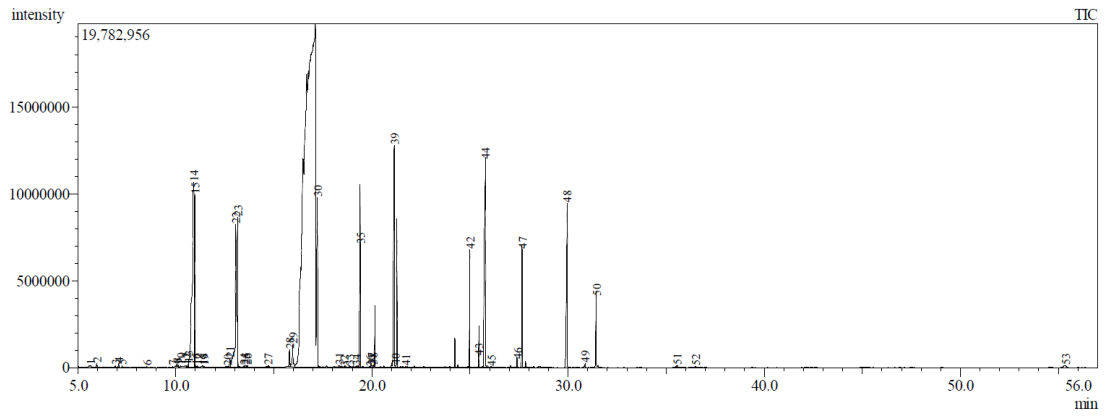
EK 67



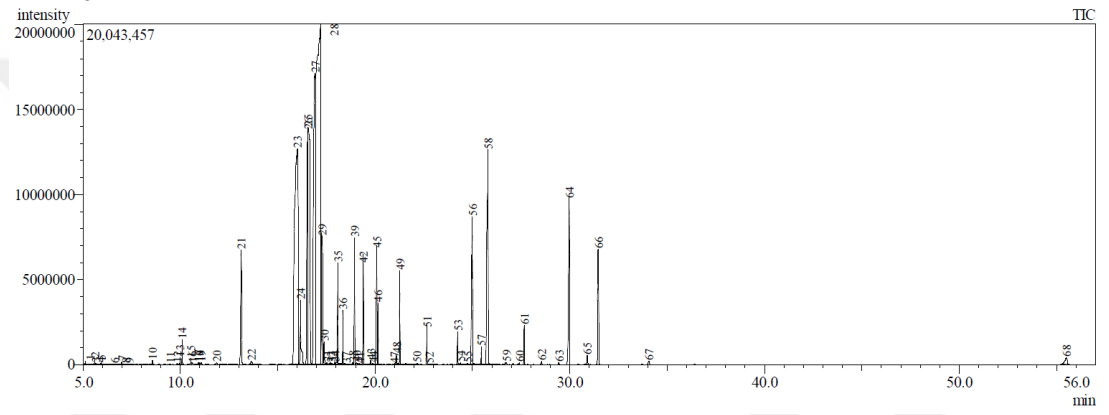
EK 68



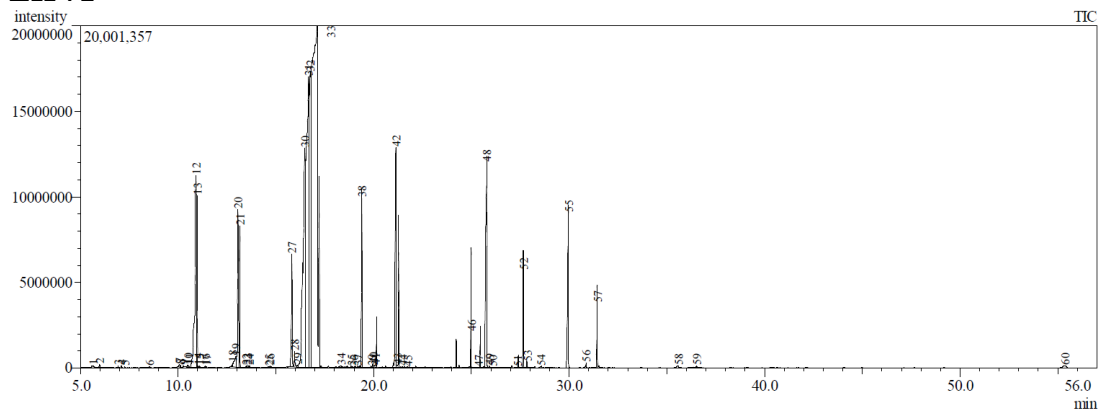
EK 69



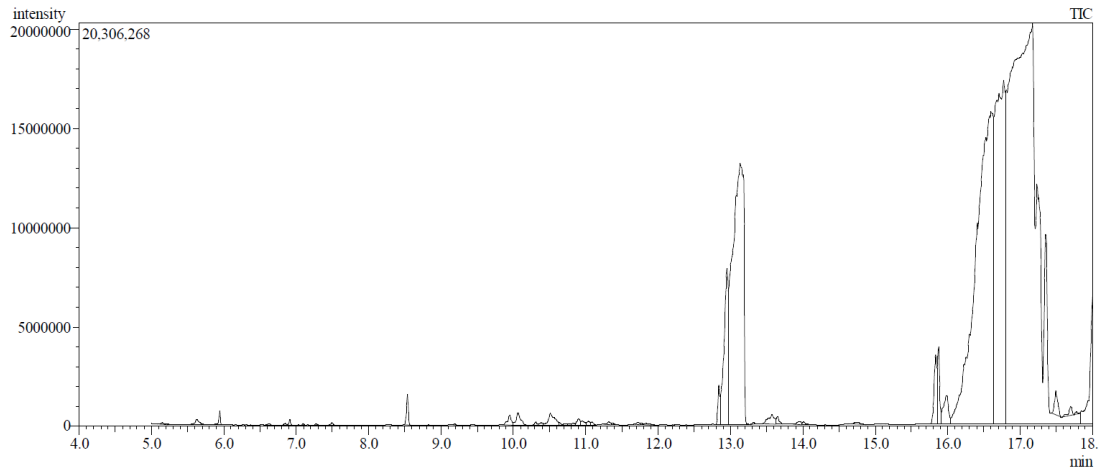
EK 70



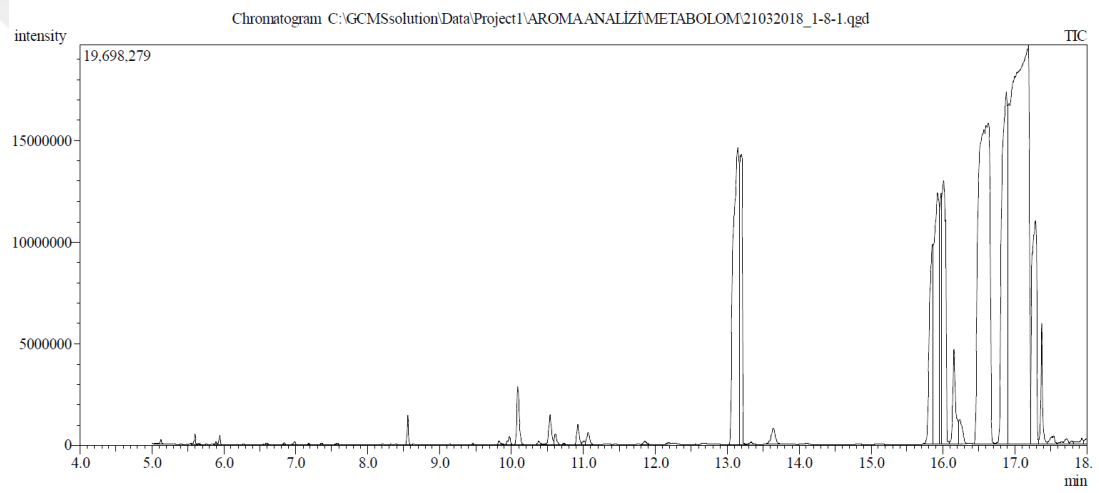
EK 71



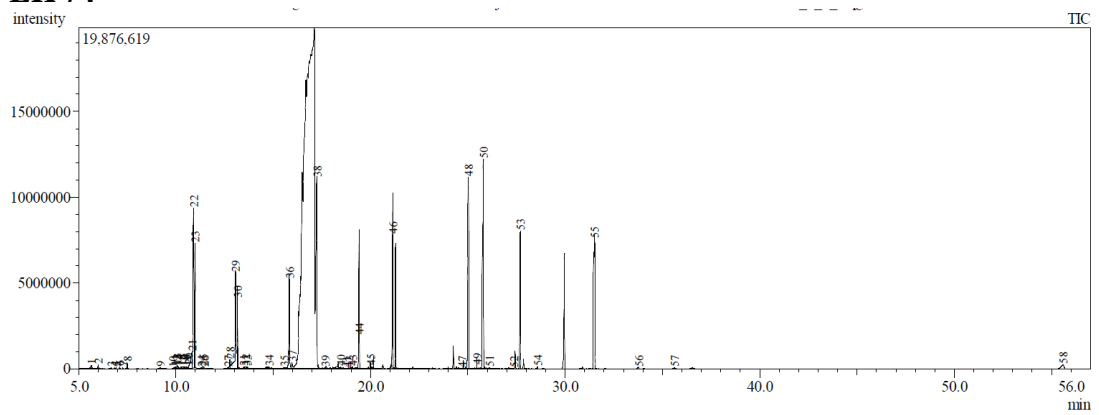
EK 72



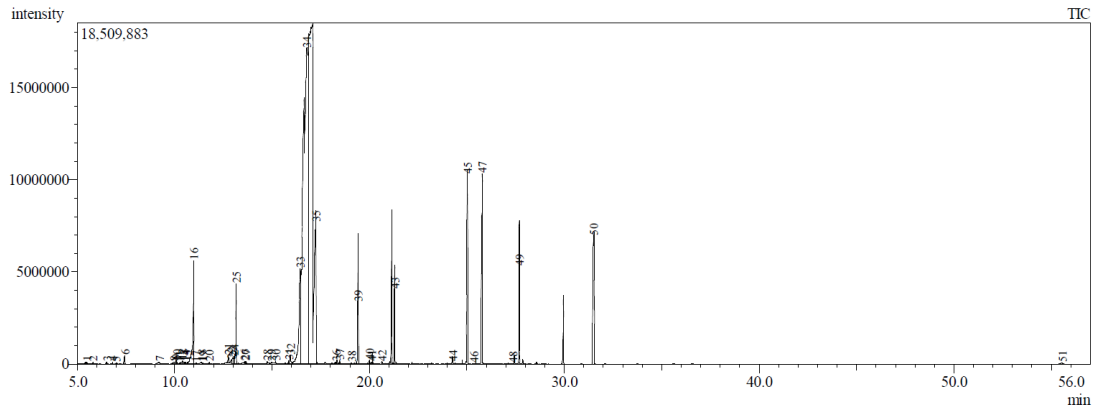
EK 73



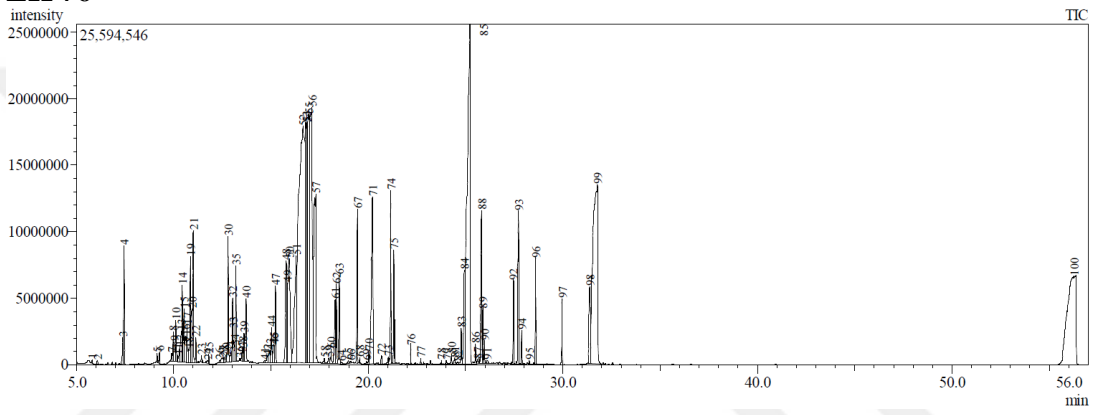
EK 74



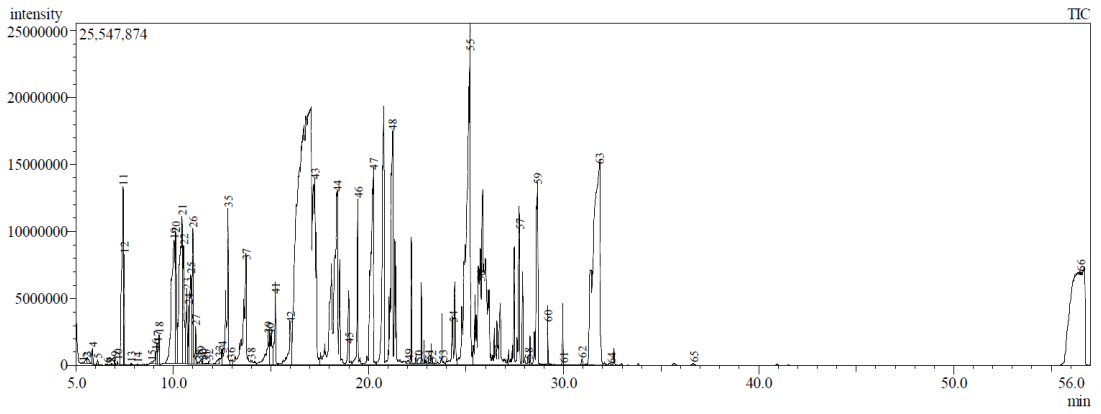
EK 75



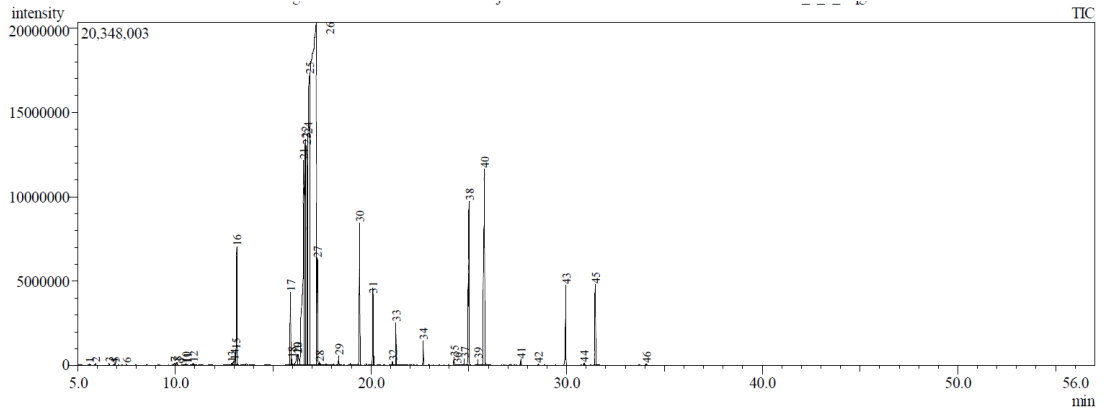
EK 76



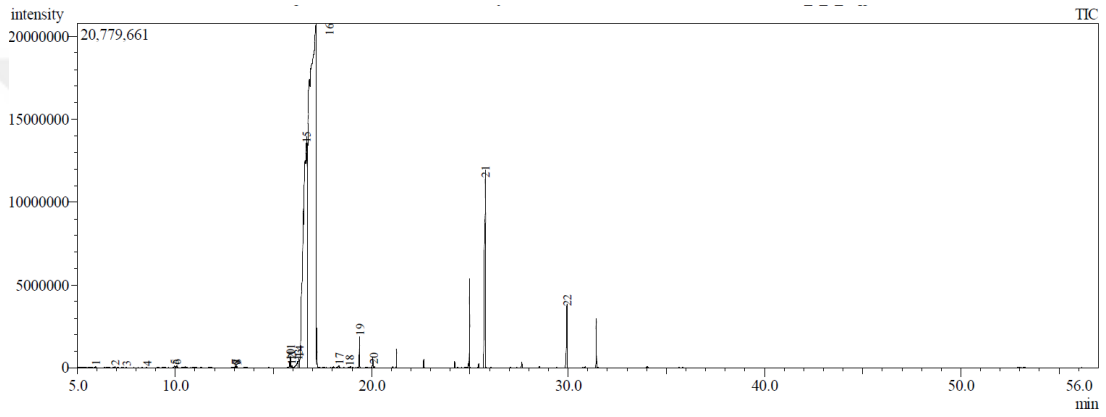
EK 77



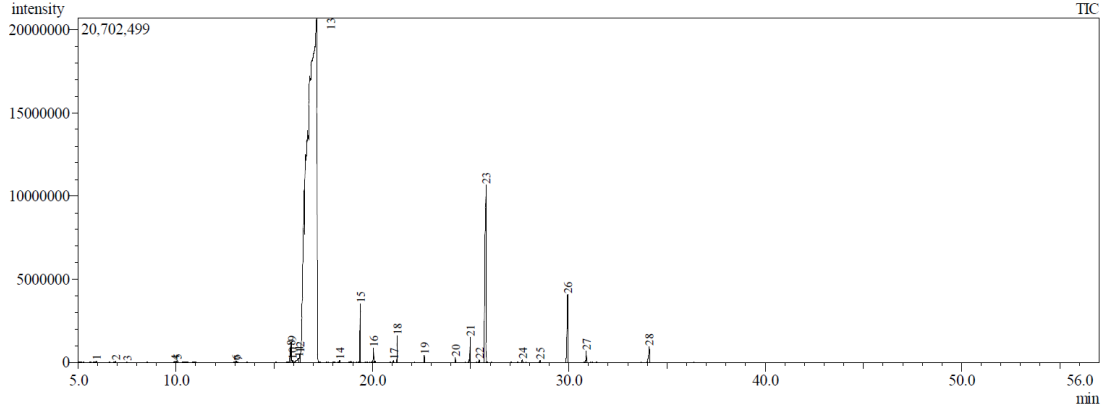
EK 78



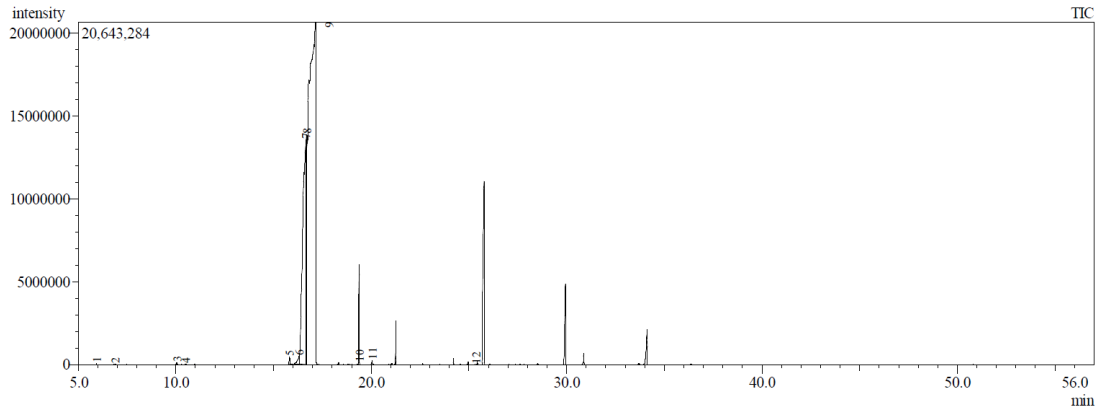
EK 79



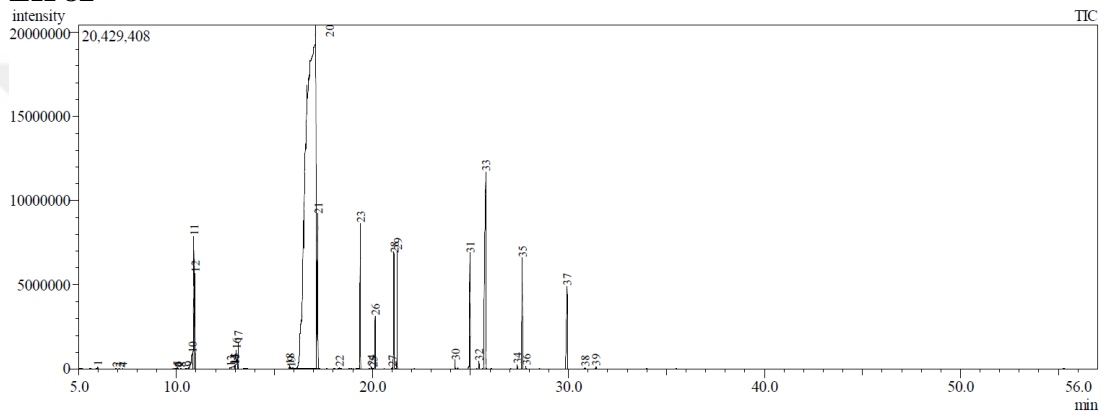
EK 80



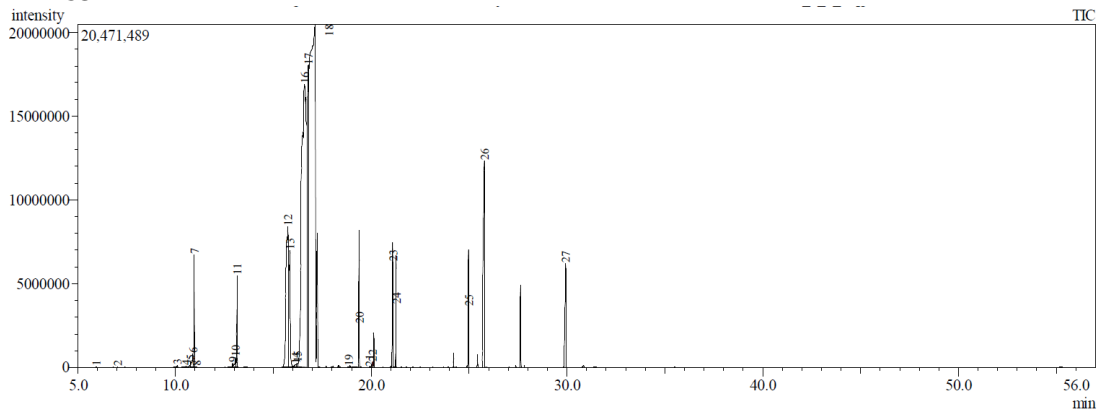
EK 81



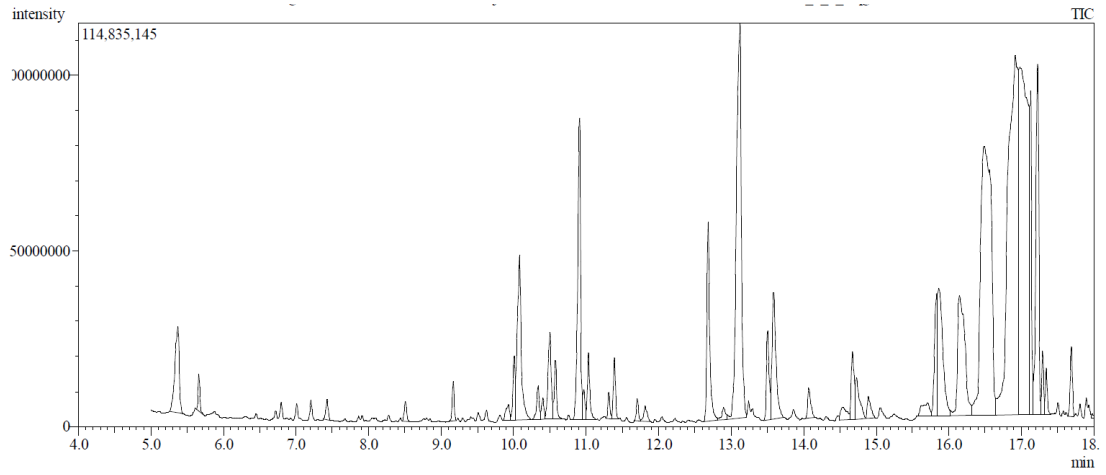
EK 82



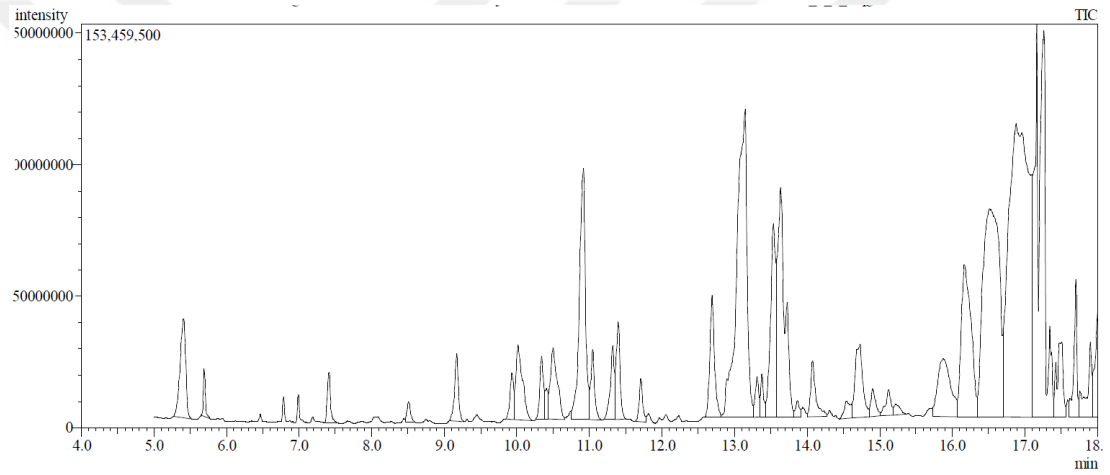
EK 83



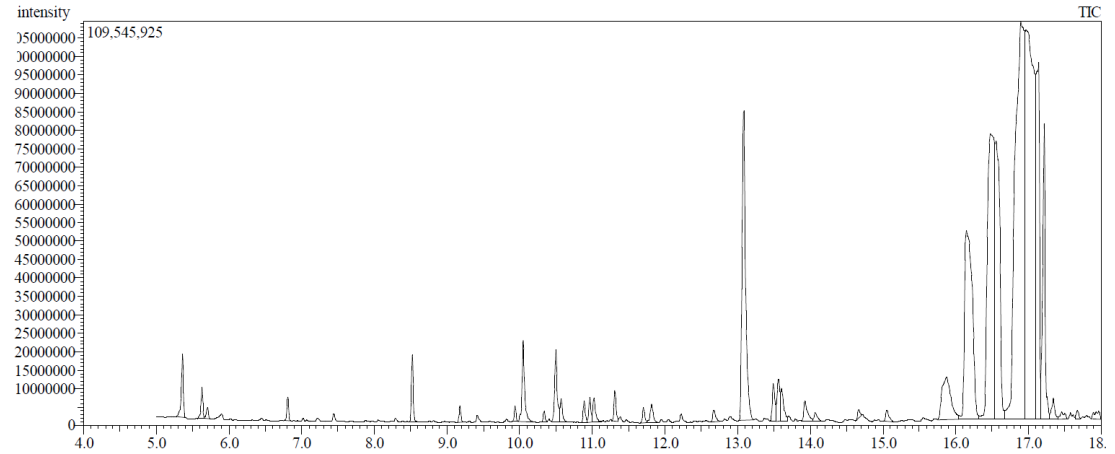
EK 84



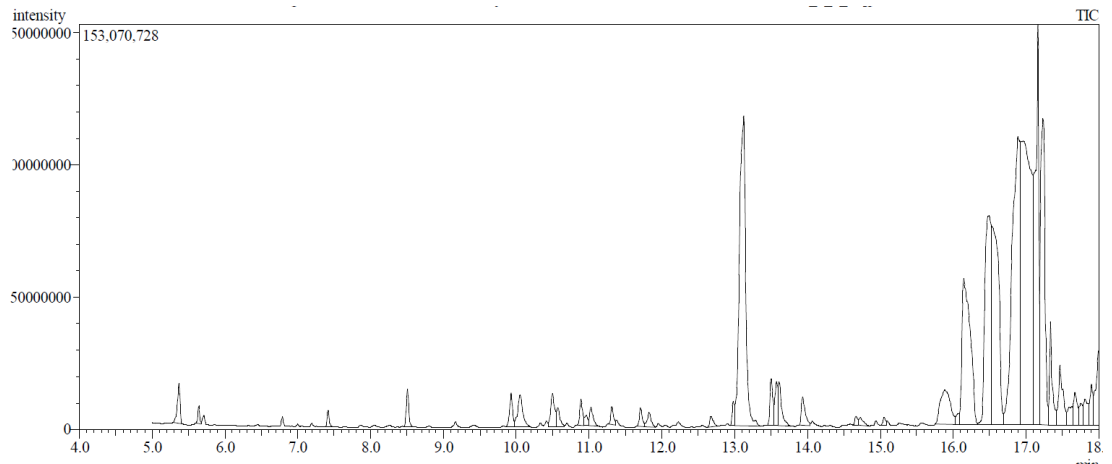
EK 85



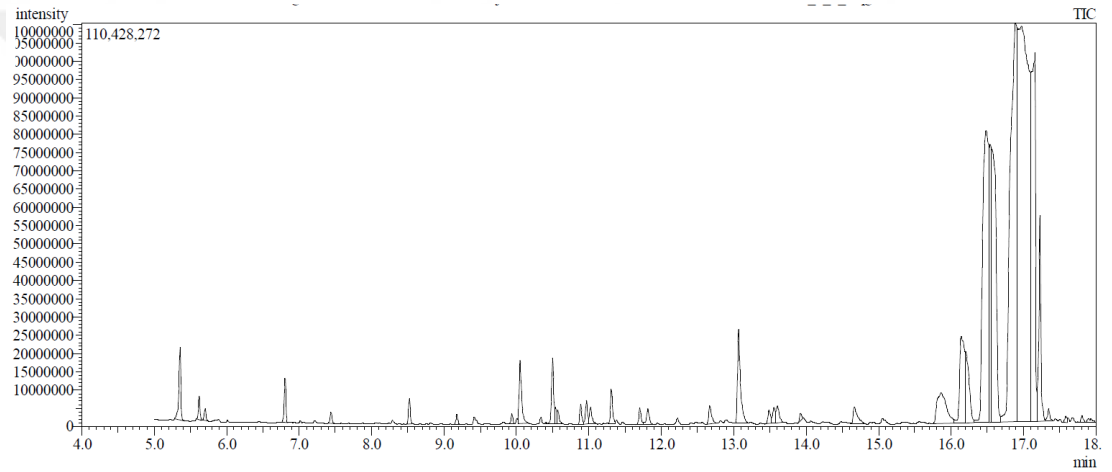
EK 86



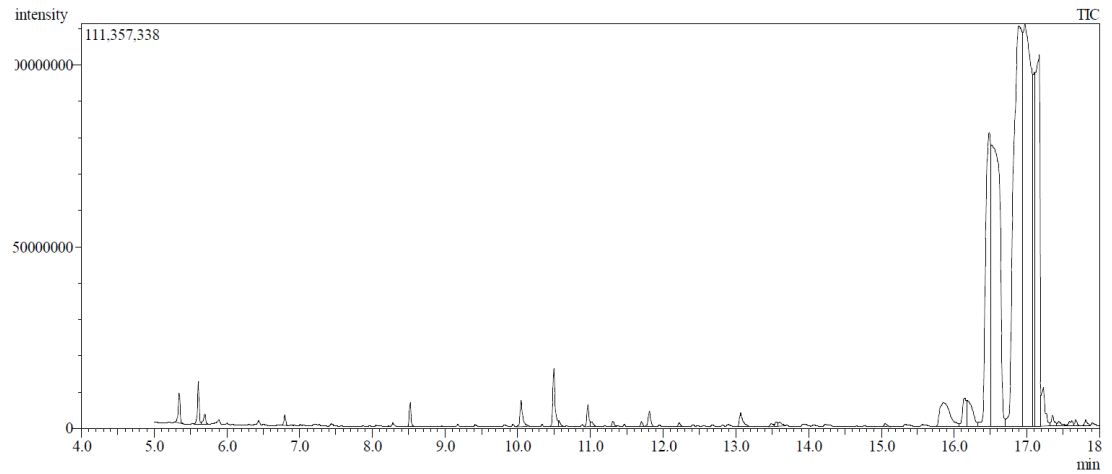
EK 87



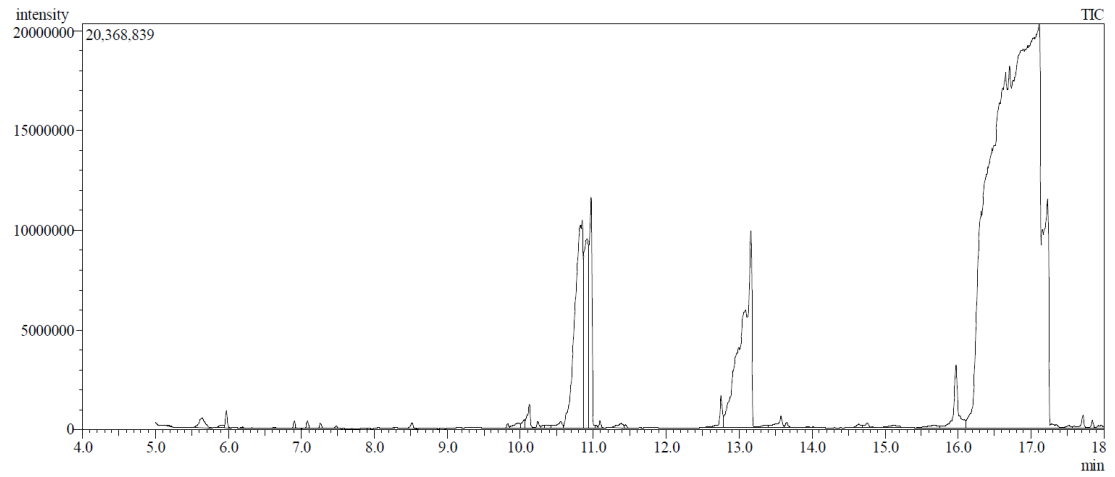
EK 88



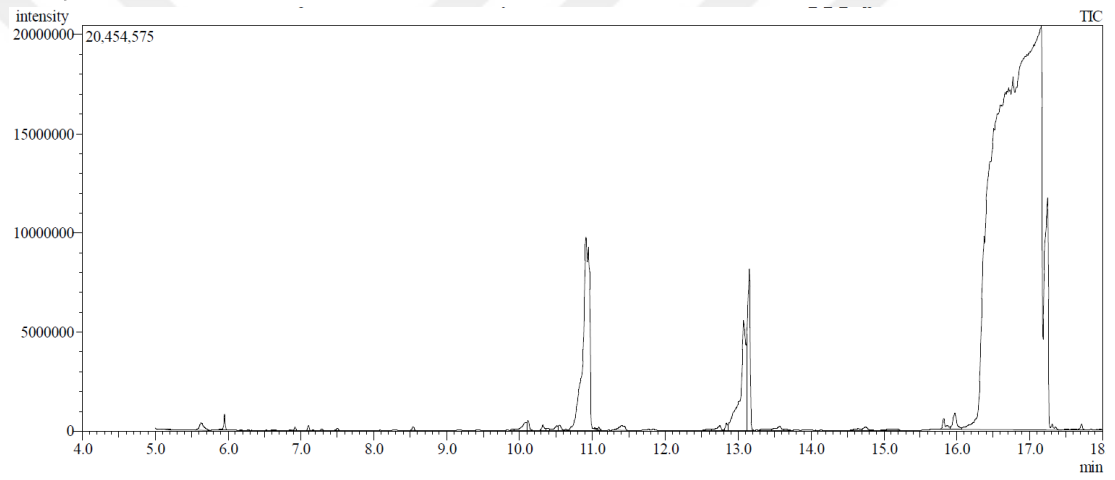
EK 89



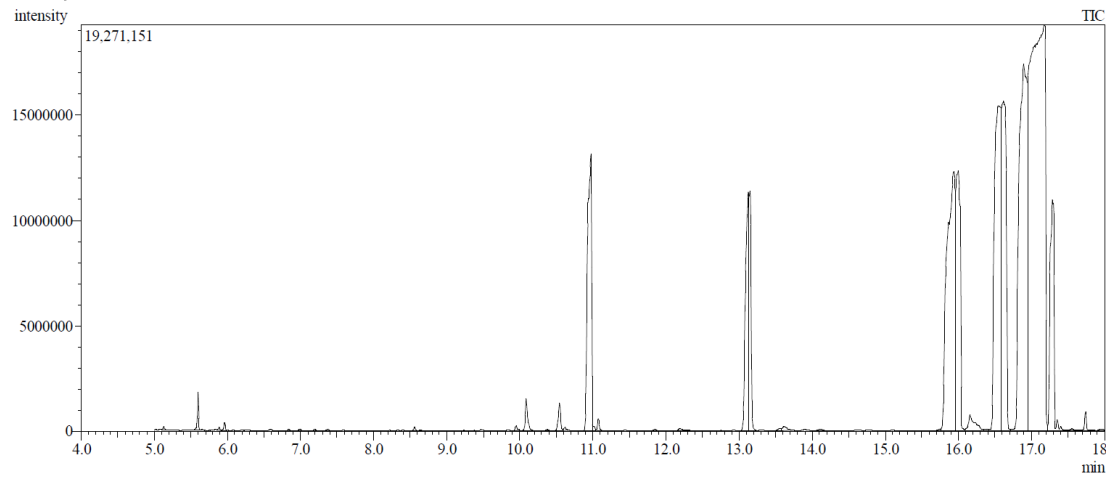
EK 90



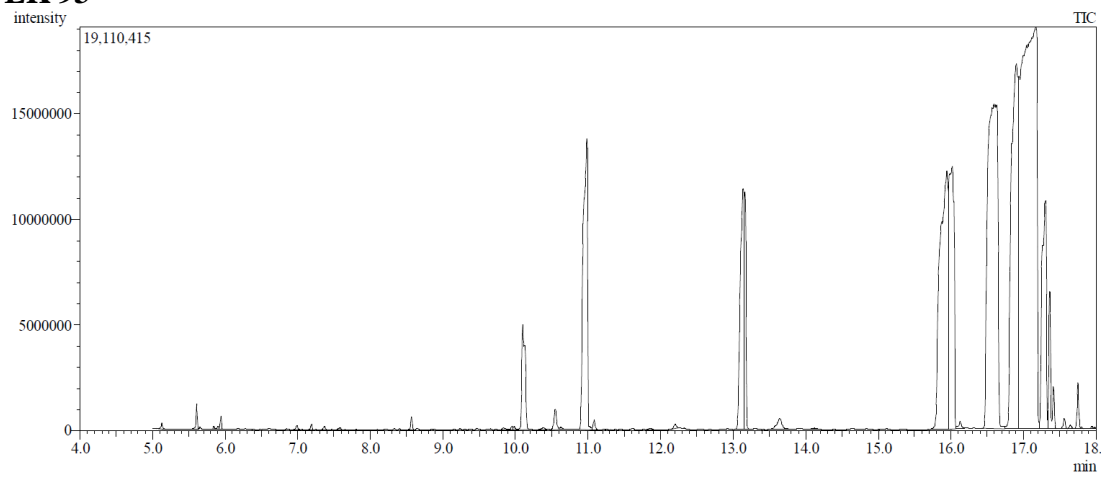
EK 91



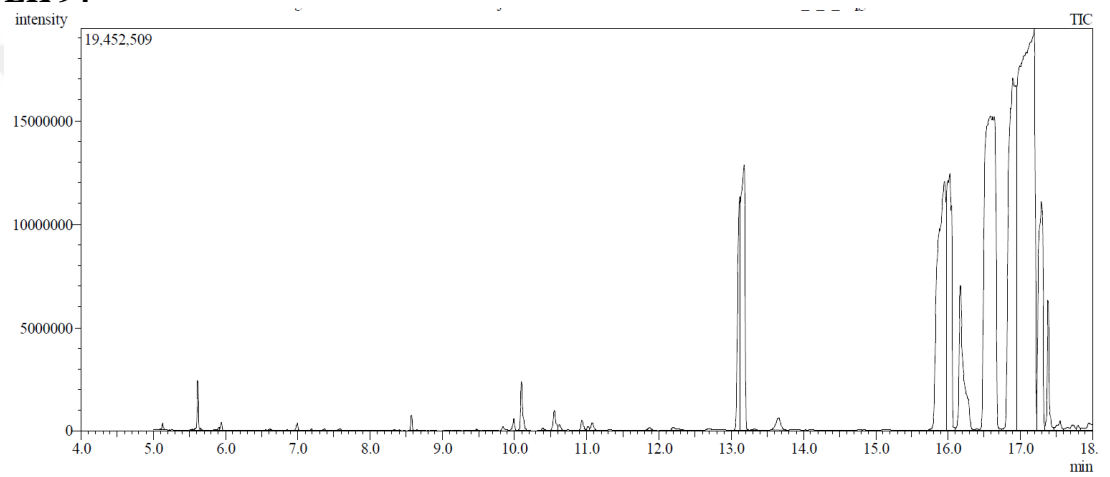
EK 92



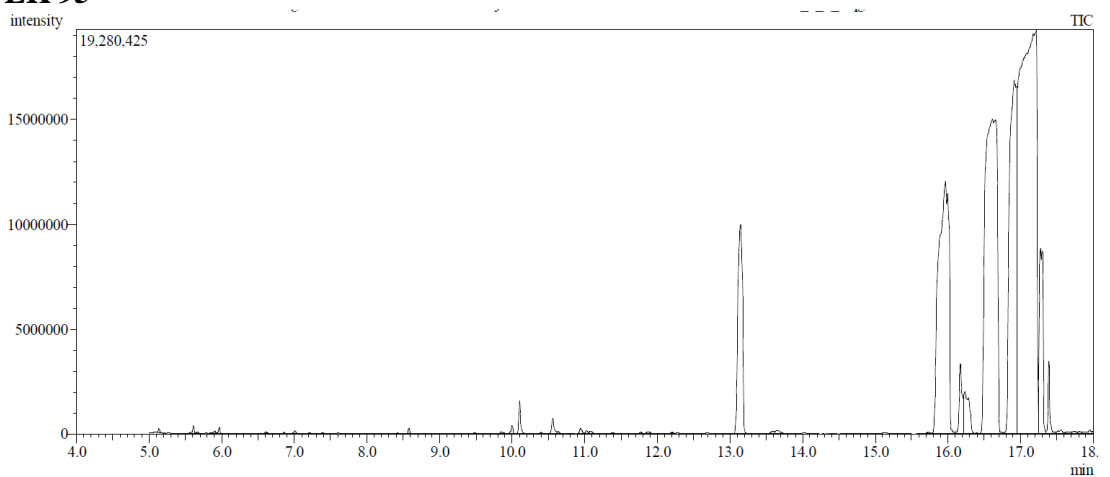
EK 93



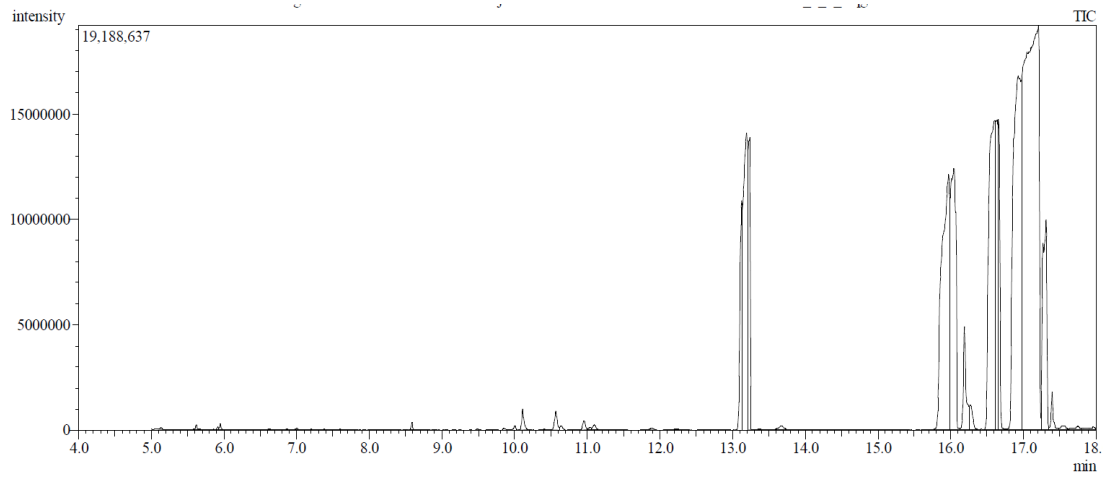
EK 94



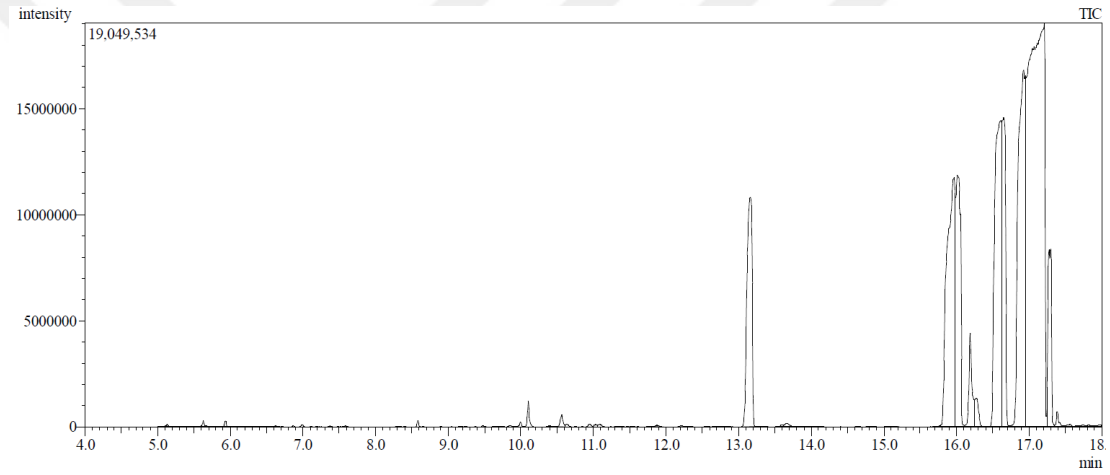
EK 95



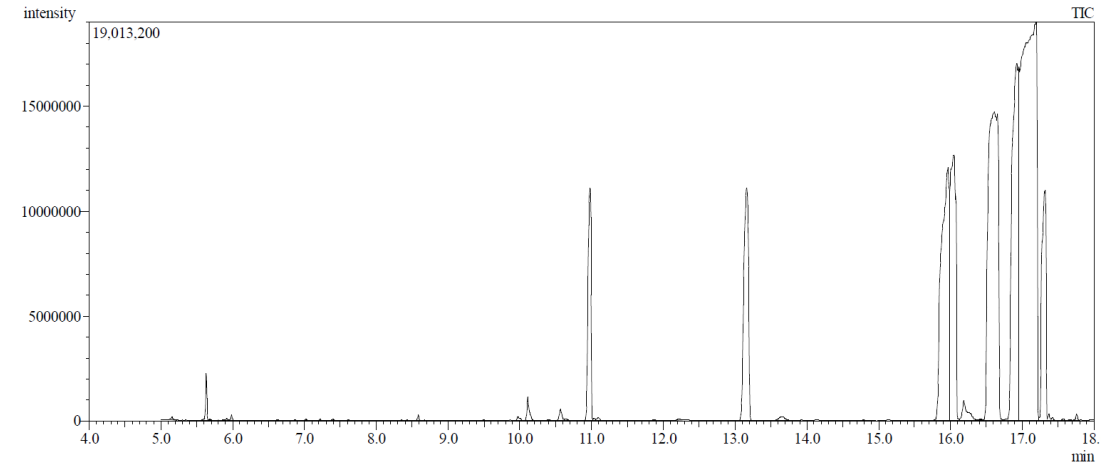
EK 96



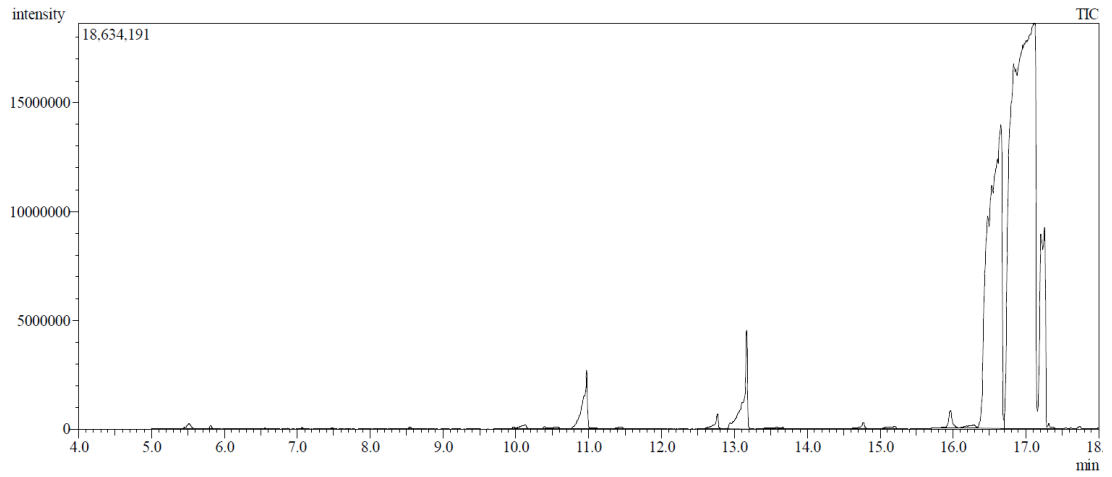
EK 97



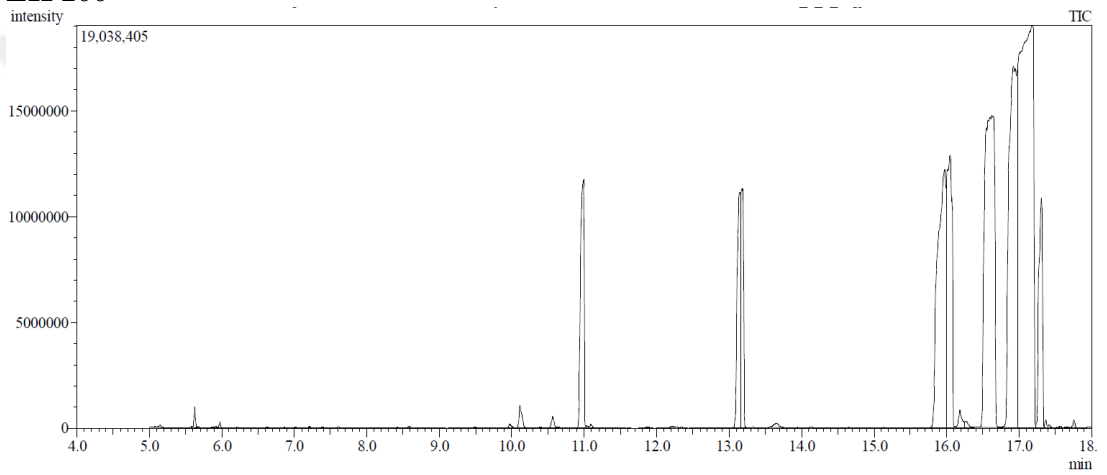
EK 98



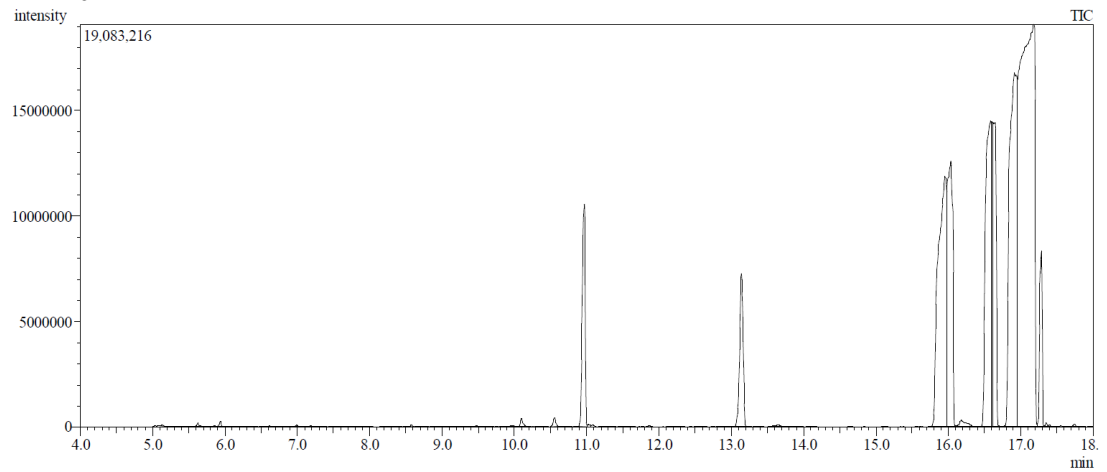
EK 99



EK 100

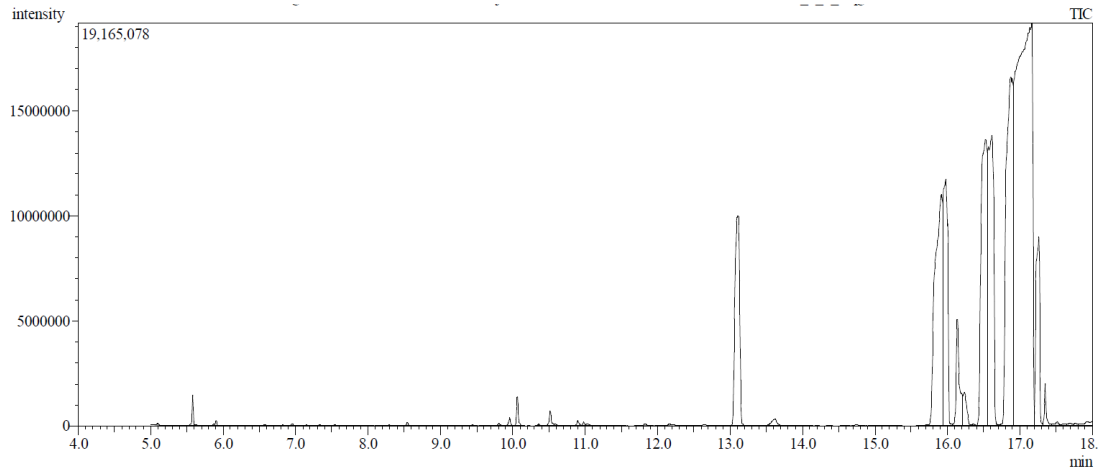


EK 101

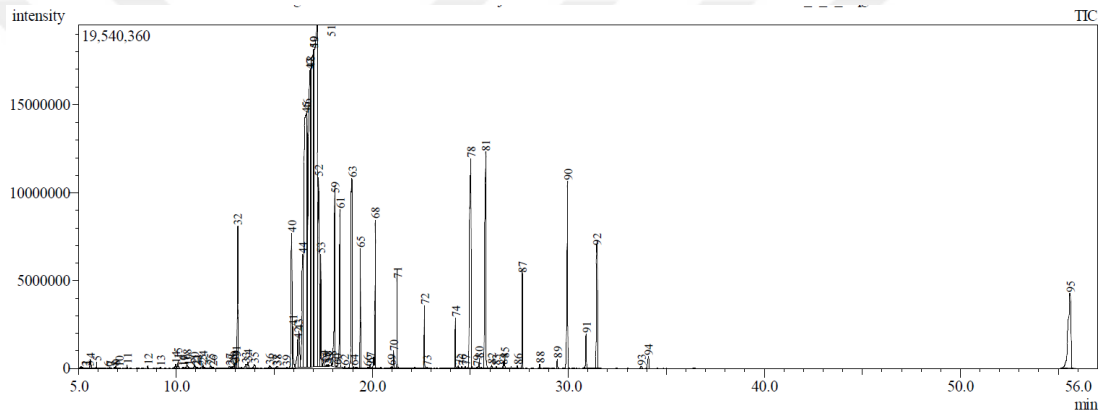


Peak Data TIC

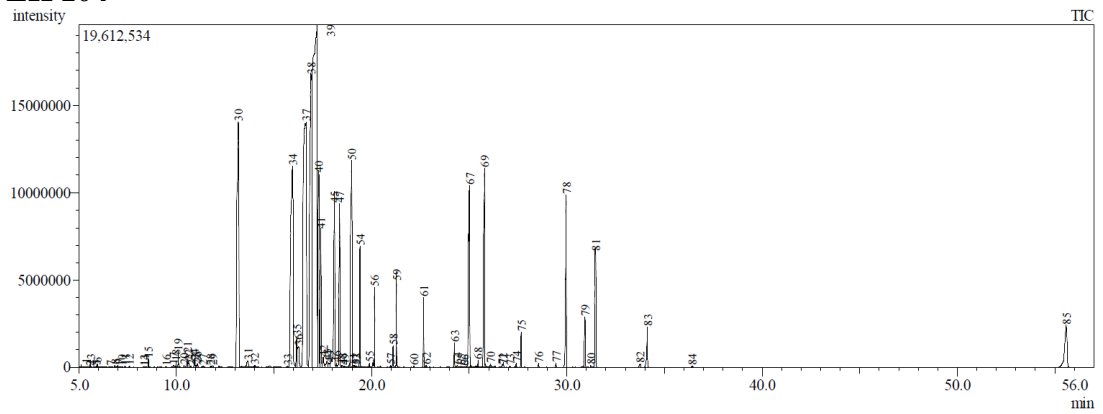
EK 102



EK 103



EK 104



EK 105

