



T.C.

KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**SOLGUNLUK HASTALIĞI (*Verticillium dahliae* Kleb.)  
İLE İLİŞKİLİ QTL BÖLGELERİNİN SAF HAT  
PAMUK POPÜLASYONUNDA (İs 8 x Orgosto 644)  
HARİTALANMASI**

**HALİL TEKEREK**

**DOKTORA TEZİ**

**TARIMSAL BİYOTEKNOLOJİ ANA BİLİM DALI**

**KAHRAMANMARAŞ 2019**

T.C.  
KAHRAMANMARAŞ SÜTÇÜ İMAM ÜNİVERSİTESİ  
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

**SOLGUNLUK HASTALIĞI (*Verticillium dahliae* Kleb.)  
İLE İLİŞKİLİ QTL BÖLGELERİNİN SAF HAT  
PAMUK POPÜLASYONUNDA (İs 8 x Orgosto 644)  
HARİTALANMASI**

**HALİL TEKEREK**

**Bu tez,  
Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalında  
DOKTORA Derecesi için hazırlanmıştır**

**KAHRAMANMARAŞ 2019**

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü öğrencisi Halil TEKEREK tarafından hazırlanan “SOLGUNLUK HASTALIĞI (*Verticillium dahliae* Kleb.) İLE İLİŞKİLİ QTL BÖLGELERİNİN SAF HAT PAMUK POPÜLASYONUNDA (İS 8 X ORGOSTO 644) HARİTALANMASI” adlı bu tez, jürimiz tarafından 04/07/2019 tarihinde oy birliği ile Tarımsal Biyoteknoloji Anabilim Dalında Doktora tezi olarak kabul edilmiştir.

Dr. Öğr. Üyesi Adem BARDAK (DANIŞMAN) .....  
Tarımsal Biyoteknoloji, KSÜ

Doç. Dr. Oktay ERDOĞAN (EŞ-DANIŞMAN) .....  
Uygulamalı Bilimler YO, Pamukkale Üniv.

Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR (ÜYE).....  
Tarımsal Biyoteknoloji, KSÜ

Doç. Dr. Osman ÇOPUR (ÜYE) .....  
Tarla Bitkileri, Harran Üniv.

Dr. Öğr. Üyesi Ramazan Şadet GÜVERCİN (ÜYE) .....  
Türkoğlu MYO, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniv.

Doç. Dr. Abdullah KAHRAMAN (ÜYE) .....  
Tarla Bitkileri, Harran Üniv.

Dr. Öğretim Üyesi Dr. Sabahattin CÖMERTPAY (ÜYE) .....  
Tarımsal Biyoteknoloji, KSÜ

Yukarıdaki imzaların adı geçen öğretim üyelerine ait olduğunu onaylarım.

Doç. Dr. M. Mustafa YAZICI .....  
Fen Bilimleri Enstitüsü Müdürü

## TEZ BİLDİRİMİ

Tez içindeki bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu, ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada, alıntı yapılan her türlü kaynağa eksiksiz atıf yapıldığını bildiririm.

Halil TEKEREK



Bu çalışma, Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından desteklenmiştir.

Proje No: 2017/2-58M

Not: Bu tezde kullanılan özgün ve başka kaynaktan yapılan bildirişlerin, çizelge, şekil ve fotoğrafların kaynak gösterilmeden kullanımı, 5846 sayılı Fikir ve Sanat Eserleri Kanunundaki hükümlere tabidir.



**SOLGUNLUK HASTALIĞI (*Verticillium dahliae* Kleb.) İLE İLİŞKİLİ QTL  
BÖLGELERİNİN SAF HAT PAMUK POPÜLASYONUNDA (İS 8 X ORGOSTO  
644) HARİTALANMASI**

**(DOKTORA)  
HALİL TEKEREK**

**ÖZET**

Pamuk (*Gossypium* spp.) dünya da sıcak iklimin görüldüğü tropik ve subtropik bölgelerde tarımı yapılan bir endüstri bitkisidir. Pamuk tarımında üretimin yanısıra verim ve kaliteyi etkileyen birçok hastalık ve zararlı bulunmaktadır. Bu hastalıkların en başında toprak kökenli bir fungus olan *Verticillium dahliae* Kleb.'in sebep olduğu solgunluk hastalığı gelmektedir. Etkin bir kimyasal mücadelesi bulunmayan bu hastalığa karşı en etkili yol ise dayanıklı/tolerant çeşitlerin geliştirilmesidir. Bu çalışmada İS 8 x Orgosto 644 melez kombinasyonundan elde edilen 112 adet saf pamuk genotipinin (F<sub>6</sub>) solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı reaksiyonlarının yanı sıra bu hastalık ile ilişkili markörlerin belirlenmesi amaçlanmıştır. Çalışmada hastalık etmeninin yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) ve yaprak döken (PYDV6 izolatu) patotipleri kullanılmıştır. İklim odası şartlarında tesadüf parselleri deneme desenine göre yürütülen çalışmada, hastalık etmenleri konidi süspansiyon tekniğine göre verilmiş ve pamuk hatların reaksiyonları belirlenmiştir.

Çalışma sonucunda, pamuk hatları (F<sub>6</sub>) arasındaki farkın, solgunluk hastalığı etmeninin hem yaprak döken hemde yaprak dökmeyen patotiplerine reaksiyonları bakımından çok önemli ( $p \leq 0.01$ ) olduğu belirlenmiştir. Onbir adet pamuk hattı, yaprak dökmeyen patotipe karşı tolerant kontrol çeşitler ile aynı grupta yer alırken, iki adet pamuk hattı yaprak döken patotipe karşı dayanıklı kontrol çeşitler ile aynı grupta yer almıştır.

Markör belirleme çalışmasında, 2734 adet Tek Nükleotit Polimorfizm (Single Nucleotid Polymorphism) allelleri kullanılarak bağlantı haritalaması (Linkage Mapping) ve ilişkilendirme haritalaması (Association Mapping) olmak üzere iki farklı program kullanılarak kantitatif özellik lokusları (QTLs) belirlenmiştir.

Bağlantı haritalaması yöntemi ile yapılan tek markör analizi sonucunda yaprak dökmeyen patotiple ilişkili 35 QTL'in 8 kromozom üzerinde olduğu belirlenirken, yaprak döken patotiple ilişkili 42 QTL'in 11 kromozom üzerinde olduğu belirlenmiştir. Öte yandan, kompozit interval haritalama (Composit Interval Mapping: CIM) yaprak dökmeyen patotiple ilişkili olan 3 QTL'in var olduğunu ve bunların 2 farklı kromozom üzerinde yer aldığını, ayrıca yaprak döken patotiple ilişkili 5 QTL'in ise 5 farklı kromozom üzerinde bulunduğunu ortaya koymuştur.

Yapılan ilişkilendirme haritalama çalışması sonucunda, yaprak dökmeven patotiple ilişkili genel linear modelde (GLM) 28 adet QTL'in 10 kromozom üzerinde, karışık linear modelde (MLM) 27 adet QTL'in 10 kromozom üzerinde olduğu belirlenmiştir. Yaprak dökmeven patotiple ilişkili genel linear modelde (GLM) 34 adet QTL'in 9 kromozom üzerinde, karışık linear modelde (MLM) 64 adet QTL'in 13 kromozom üzerinde olduğu saptanmıştır.

Her iki haritalama çalışmasında önemli olan 14 adet QTL 6 farklı kromozom üzerinde olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak her iki analizde solgunluk hastalığı ile güçlü ilişkili olduğu belirlenen QTL'lerin doğrulanması yapılarak moleküler ıslah programlarında, markör destekli seleksiyonda (MAS) kullanılması mümkün olacağı düşünülmektedir.

**Anahtar Kelimeler:** Pamuk, *Verticillium dahliae* Kleb. SNP, RIL, GBS, NGS, Patotip, Hastalık şiddeti

Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi

Fen Bilimleri Enstitüsü

Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, Temmuz/ 2019

Danışman: Dr. Öğr. Üyesi Adem BARDAK

Eş Danışman: Doç. Dr. Oktay ERDOĞAN

Sayfa sayısı: 173

**MAPPING OF QTLs ASSOCIATED WITH WILT DISEASE (*Verticillium dahliae* Kleb.) IN INBRED LINE COTTON POPULATION ( IS 8 X ORGOSTO 644)**

**ABSTRACT**

Cotton (*Gossypium* spp.) is a industrial plant cultivated in large areas both tropical and subtropical regions where the climate is considered as warm around the world. In cotton cultivation, there are many disease and pests that affect yield and quality along with the production. Among these pests and diseases, the most destructive one is Verticillium wilt, which is caused by *Verticillium dahliae* Kleb., a soil-born fungus. The most effective way against this disease without chemical and effective control is the development of resistant/tolerant varieties. In this study, it was aimed to determine the reactions of 112 inbred lines at F<sub>6</sub> level (Is 8 x Orgosto 644) against Verticillium wilt and to determine the markers associated with the disease. For this purpose, in climatic chamber, a randomized plot against defoliating (PYDV6 isolate) and non-defoliating (Vd11 isolate) pathotypes of this fungus was designed with random plot using conidial suspension technique.

As a result of study, the difference between recombinant inbred lines in terms of reactions of verticillium wilt disease to defoliant and non-defoliant pathotypes was found to be statistically very significant ( $p \leq 0.01$ ). It was determined that of the 11 recombinant inbred lines against non-defoliant pathotype belong to the same group as tolerant control varieties. As for the ones against the defoliant pathotype, 2 recombinant inbred lines are detected to be in the same group as resistant control varieties.

In the marker determination study, Quantitative trait loci (QTLs) were identified through two different programs, Linkage mapping, and Association mapping, using 2734 Single Nucleotide Polymorphism (SNP) alleles.

At the end of single marker analysis, 35 QTLs related to non-defoliant pathotype was determined on 8 separated chromosomes while 42 QTLs related to defoliant pathotype was determined on 11 different chromosomes. Composite interval mapping (CIM), on the other hand, revealed that there were 3 QTLs associated with non-defoliant pathotype located on 2 different chromosomes and 5 QTLs associated with defoliant pathotype were on 5 distinct chromosomes.

As a result of the association mapping study, 28 QTLs related to the non-defoliant pathotype were found to be located on 10 different chromosomes in the general linear model (GLM) whereas only 27 QTLs were determined to be present on 10 chromosomes

in the mixed linear model (MLM).As for the QTLs associated with defoliant pathotype; in GLM, 34 QTLs were found on 9 chromosomes and 64 QTLs were detected to be on 13 chromosomes in MLM.

In short, 14 QTLs which were determined to be important in both mapping studies were identified on 6 different chromosomes. As a conclusion, we believe that it will be possible to use QTLs in molecular breeding programs and marker-assisted selection (MAS) by confirming the QTLs that are strongly associated with wilt disease in both analyzes.

**Key words:** Cotton, *Verticillium dahliae* Kleb. SNP, RIL, GBS, NGS, Pathotype, Disease Severity

Kahramanmaraş Sütçü İmam University

Institute for Graduate Studies In Science And Technology

Department of Agricultural Biotechnology, July / 2019

Supervisor: Asst. Prof. Dr. Adem BARDAK

Co-supervisor: Assoc. Prof. Dr. Oktay ERDOĞAN

Page number: 173

## TEŞEKKÜR

“Solgunluk Hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) İle İlişkili QTL Bölgelerinin Saf Hat Pamuk Popülasyonunda (İs 8 x Orgosto 644) Haritalanması” isimli tezimin belirlenmesi, tezimle ilgili arazi ve laboratuvar çalışmalarına ait verilerin analiz ve yorumlanmasında bana destek olan değerli danışmanım ve hocam sayın Dr. Öğr. Üyesi Adem BARDAK'a, solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile ilgili konularda bana destek veren eş danışman hocam sayın Doç. Dr. Oktay ERDOĞAN'a, istatistiki analizler noktasında desteğini benden esirgemeyen sayın Doç. Dr. Ziya DUMLUPINAR, Dr. Öğr. Üyesi Ramazan Şadet GÜVERCİN ve Dr. Öğr. Üyesi Sadettin ÇELİK hocalarıma sonsuz teşekkürlerimi sunarım. Arazi ve laboratuvar çalışmalarında her daim yardımlarını esirgemeyen Dr. Döne PARLAK, Dr. Khezir Hayat BHATTI, Alican SEVER, Rıdvan UÇAR ve Elif DAĞGEÇEN arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Ayrıca tez çalışmam boyunca manevi desteğini esirgemeyen ve her zaman yanımda olan eşim Özge TEKEREK ve oğlum Ahmet Musab TEKEREK'e çok teşekkür ederim.

Halil TEKEREK

# İÇİNDEKİLER

	Sayfa No
ÖZET .....	I
ABSTRACT .....	III
TEŞEKKÜR .....	V
İÇİNDEKİLER.....	VI
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ .....	IX
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	XI
ÇİZELGELER DİZİNİ.....	XIV
1. GİRİŞ.....	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR .....	6
2.1. Pamukta solgunluk hastalığına ( <i>Verticillium dahliae</i> Kleb.) dayanıklılık/tolerantlık ile ilgili yürütülen çalışmalar .....	6
2.2. Pamukta <i>Verticillium</i> solgunluk hastalığı ile ilgili olarak yürütülen moleküler çalışmalar .....	13
2.3. Pamukta yapılan diğer moleküler çalışmalar .....	20
3. MATERYAL METOT .....	23
3.1. Materyal .....	23
3.1.1. Bitki Materyali .....	23
3.1.2.Solgunluk testlemesinde kullanılan <i>V. dahliae</i> Kleb. izolatları .....	23
3.2. Metot .....	24
3.2.1. Rekombinant kendilenmiş saf hat (RIL) popülasyonunun geliştirilmesi..	24
3.2.2. İklim odası testlemeleri .....	27
3.2.1.1. <i>Verticillium dahliae</i> Kleb. kültürlerinin hazırlanması .....	27
3.2.1.2. Toprağın hazırlanması .....	28
3.2.1.2. Ekim yapılacak saksıların hazırlanması.....	28

3.2.1.3. Pamuk fidelerinin iklim odasında yetiştirilmesi .....	28
3.2.1.4. <i>Verticillium dahliae</i> Kleb. izolatlarının sıvı besi yerinde geliştirilmesi	29
3.2.1.5. Pamuk fidelerine hastalık uygulaması ve hastalık şiddetinin belirlenmesi .....	29
3.2.1.6. Hastalık şiddeti indeks formülü .....	30
3.2.2. Solgunluk hastalığı ( <i>Verticillium dahliae</i> Kleb.) ile ilişkili QTL belirleme. .....	31
3.2.3. İstatistiksel analizler.....	34
4. BULGULAR ve TARTIŞMA .....	36
4.1. İklim odası testlemesi.....	36
4.1.1. Pamuk genotiplerinin <i>V. dahliae</i> Kleb.'in yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipine karşı reaksiyonları.....	36
4.1.2. Pamuk genotiplerinin <i>V. dahliae</i> Kleb.'in yaprak döken (PYDV6 izolatu) patotipine karşı reaksiyonları.....	41
4.2. <i>Verticillium</i> Solgunluk Hastalığı ile İlişkili Kantitatif Karakter Lokuslarının (QTLs) Belirlenmesi.....	45
4.2.1. Markörlerin WinQTLCart programında kromozomlar üzerinde gösterilmesi.....	48
4.2.1.1. Tek Markör Analizi ile solgunluk hastalığı ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi .....	55
4.2.1.1.1. Tek Markör Analizi ile yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipiyle ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	55
4.2.1.1.2. Tek Markör Analizi ile yaprak döken (PYDV6 izolatu ) patotip ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	57
4.2.1.2. Komposit interval haritalama (CIM) Analizi ile solgunluk hastalığı ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi.....	60
4.2.1.2.1. Komposit interval haritalama yöntemine göre yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipi ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi .....	60

4.2.1.2.2. Komposit interval haritalama yöntemine göre yaprak dökken (PYDV6 izolatu) patotipi ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi .....	62
4.3. Verticillium Solgunluk Hastalığı ile İlişkili QTL'lerin İlişkilendirme Haritalamasının Belirlenmesi .....	66
4.3.1. Bağlantı eşitsizliği (LD).....	66
4.3.2. İncelenen karakterlerle ilişkili SNP (Tek nükleotit farklılığı) markörlerinin belirlenmesi .....	68
4.3.2.1. Yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipine dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörler .....	68
4.3.2.3. Bağlantı Haritalaması ve İlişkilendirme Haritalaması ile Belirlenen Markörlerin Karşılaştırılması .....	76
5. SONUÇ VE ÖNERİLER .....	78
KAYNAKLAR.....	81
EKLER .....	92
ÖZGEÇMİŞ.....	171



## SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

<b>AFLP</b>	: Amplified Fragment Polymorphic DNA (Çoğaltmış Polimorfik DNA Fragmentleri)
<b>BC</b>	: Backcross (Gerimelez)
<b>Bp</b>	: Base pair (Baz çifti)
<b>CIM</b>	: Composite Interval Mapping
<b>CTAB</b>	: Setiltrimetiletidyum Bromür
<b>cM</b>	: centiMorgan
<b>da</b>	: Dekar
<b>DNA</b>	: Deoksiribo Nucleic Acid
<b>g</b>	: gram
<b>GBS</b>	: Genotyping by Sequencing (Sekanslama Yoluyla Genotipleme)
<b>GLM</b>	: Genel Linear Model
<b>HŞİ</b>	: Hastalık Şiddeti İndeksi
<b>ha</b>	: Hektar
<b>KCI</b>	: Potasyum Klorür
<b>L</b>	: Litre
<b>LD</b>	: Linkage Disequilibrium (Bağlantı Eşitsizliği)
<b>LOD</b>	: Logarithm of Odds (İhtimaller Logaritması)
<b>MAF</b>	: Minor Allel Frequency (En küçük Allel Frekansı)
<b>MAS</b>	: Marker Assisted Selection (Markör Yardımıyla Seleksiyon)
<b>mL</b>	: mililitre
<b>mm</b>	: milimetre
<b>ms</b>	: mikrosklerot
<b>MLM</b>	: Mixed Linear Model (Karışık Linear Model)
<b>NGS</b>	: New Generation Sequencing (Yeni Nesil Dizileme)
<b>QTL</b>	: Quantitative Trait Loci (Kantitatif Karakter Lokusu)
<b>p</b>	: Propagül
<b>PIC</b>	: Polymorphism Information Content (Polimorfik Bilgi İçeriği)
<b>PCR</b>	: Polymerase Chain Reaction (Polimeraz Zincir Reaksiyonu)
<b>PYDV6</b>	: <i>Verticillium dahliae</i> Kleb.'in yaprak dökken patotip izolatu
<b>RAPD</b>	: Randomly Amplified Polymorphic DNA (Rastgele Çoğaltılmış DNA Parçaları)
<b>RFLP</b>	: Restriction Fragment Length Polymorphism
<b>RIL</b>	: Recombinant Inbred Line (Kendilenmiş Saf Hat)
<b>R<sup>2</sup>-r<sup>2</sup></b>	: Fenotipik Varyasyon

<b>SNP</b>	: Single Nucleotid Polymorphism (Tek Nükleotid Farklılığı)
<b>SSR</b>	: Simple Sequence Repeat (Basit DiziTekrarları)
<b>SRAP</b>	: Sequence Related Amplified Polymorphism (Dizi İlişkili Çoğaltılmış Polimorfizm)
<b>TAE</b>	: Tris- Asetik Asit- Edta
<b>TBE</b>	: Trizmabase- Borik asid- Edta
<b>Vd11</b>	: <i>Verticillium dahliae</i> Kleb.'in yaprak dökmeven patotip izolati



## ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa No

Şekil 3.1. Solgunluk hastalığı ( <i>Verticillium dahliae</i> Kleb.) izolatlarının PDA besiyerinde geliştirilmesi .....	24
Şekil 3.2. Tarla şartlarında popülasyon geliştirme ve kendileme çalışmaları .....	25
Şekil 3.3. Sera şartlarında kendileme ve generasyon atlatma çalışmaları .....	26
Şekil 3.4. Kendilenmiş saf hatların oluşturulmasında kullanılan çalışma planı .....	27
Şekil 3.5. <i>Verticillium dahliae</i> Kleb. izolatların sıvı besiyerine ekimi ve geliştirilmesi.....	27
Şekil 3.6. İklim odasında fidelerin yetiştirilmesi.....	28
Şekil 3.7. Fidelere 4-6 yapraklı dönemde <i>Verticillium dahliae</i> Kleb. etmeninin verilmesi	30
Şekil 3.8. Saksı denemesinde kullanılan solgunluk skalası.....	31
Şekil 3.9. Genomik DNA'ların agaroz jele yüklenmesi .....	32
Şekil 3.10. Genomik DNA'ların agaroz jel görüntüsü .....	33
Şekil 3.11. GBS yönteminde iş akışı .....	34
Şekil 4.1. Genotiplerin iklim odasında yaprak dökmeyen (Vd11 izolatı) patotipine karşı hastalık şiddeti frekans tablosu.....	37
Şekil 4.2. Vd11 izolatına karşı tolerant hatlar .....	40
Şekil 4.3. Vd11 izolatına karşı duyarlı hatlar .....	40
Şekil 4.4. Genotiplerin iklim odasında yaprak döken (PYDV6 izolatı) patotipe karşı hastalık şiddeti frekans tablosu.....	42
Şekil 4.5. PYDV6 izolatına karşı tolerant olan saf hat.....	42
Şekil 4.6. PYDV6 izolatına karşı duyarlı saf hat.....	42
Şekil 4.7. Kromozomlar üzerinde belirlenen markör sayısı .....	45
Şekil 4.8. Kullanılan markörlere ait PIC değeri .....	46
Şekil 4.9. Gen farklılığına ait frekans tablosu .....	47
Şekil 4.10. Heterozigotluk değerine ait frekans tablosu.....	47
Şekil 4.11. QTL haritalama (Kromozom 1-2) .....	49

Şekil 4.12. QTL haritalama (Kromozom 3-4) .....	50
Şekil 4.13. QTL haritalama (Kromozom 5-6) .....	51
Şekil 4.14. QTL haritalama (Kromozom 7-8) .....	52
Şekil 4.15. QTL haritalama (Kromozom 9-10) .....	53
Şekil 4.16. QTL haritalama (Kromozom 11-12) .....	54
Şekil 4.17. QTL haritalama (Kromozom 13) .....	55
Şekil 4.18. CIM metoduna göre yaprak dökmeyen patotipi ile ilişki gösteren QTL'lerin kromozom 5 üzerinde haritalanması.....	61
Şekil 4.19. CIM metoduna göre yaprak dökmeyen patotipi ile ilişki gösteren QTL'lerin kromozom 10 üzerinde haritalanması .....	61
Şekil 4.20. CIM metoduna göre yaprak döken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 5 üzerinde haritalanması .....	63
Şekil 4.21. CIM metoduna göre yaprak döken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 6 üzerinde haritalanması .....	63
Şekil 4.22. CIM metoduna göre yaprak döken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 7 üzerinde haritalanması .....	64
Şekil 4.23. CIM metoduna göre yaprak döken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 11 üzerinde haritalanması .....	64
Şekil 4.24. CIM metoduna göre yaprak döken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 12 üzerinde haritalanması .....	65
Şekil 4.25. CIM metoduna göre yaprak döken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 13 üzerinde haritalanması .....	65
Şekil 4.26. TASSEL programında bağlantı eşitsizliği (LD) grafiği .....	67
Şekil 4.27. Bağlantı eşitsizliği (LD) yayılım diyagramı .....	67
Şekil 4.28. GLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökmeyen patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Manhattan plot grafiği.....	71

Şekil 4.29. MLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökme-yen patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Menhatton plot grafiđi.....	71
Şekil 4.30. GLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökme-yen patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Menhatton plot grafiđi .....	75
Şekil 4.31. MLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökme-yen patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Menhatton plot grafiđi .....	75



## ÇİZELGELER DİZİNİ

Sayfa No

Çizelge 3.1. İklim odasında kullanılan 0-5 solgunluk skalası .....	30
Çizelge 4.1. Yaprak dökme (Vd11 izolatı) patotipin hastalık şiddeti varyans analiz tablosu.....	36
Çizelge 4.2. Genotiplerin Yaprak dökme (Vd11 izolatı) patotipe karşı hastalık şiddeti indeksi ortalama değerleri .....	39
Çizelge 4.3. Yaprak döken (PYDV6 izolatı) patotipinin hastalık şiddeti varyans analiz tablosu.....	41
Çizelge 4.4. Genotiplerin Yaprak döken (PYDV6 izolatı) patotipe karşı hastalık şiddeti indeks ortalama değerleri.....	43
Çizelge 4.5. Tek markör analizinde yaprak dökme patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişki belirlenen markörler .....	56
Çizelge 4.6. Tek markör analizinde yaprak dökme patotipe karşı duyarlılık ile ilişki belirlenen markörler .....	57
Çizelge 4.7. Tek markör analizinde yaprak döken patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişki belirlenen markörler .....	58
Çizelge 4.8. Tek markör analizinde yaprak döken patotipe karşı duyarlılık ile ilişki belirlenen markörler .....	59
Çizelge 4.9. CIM yöntemine göre yaprak dökme patotip ile ilişkili QTL'ler .....	60
Çizelge 4.10. CIM yöntemine göre yaprak döken ile ilişkili QTL'ler .....	62
Çizelge 4.11. Yaprak dökme patotipi ile ilişkili GLM ve MLM yöntemleri ile belirlenen SNP markörleri.....	69
Çizelge 4.12. Yaprak döken patotipi ile ilişkili GLM ve MLM yöntemleri ile belirlenen SNP markörleri.....	73
Çizelge 4.13. WinQTLCart ve TASSEL programında ortak çıkan markörler .....	76

## 1. GİRİŞ

Pamuk (*Gossypium* spp.) dünya da sıcak iklimin görüldüğü tropik ve subtropik bölgelerde tarımı yapılan bir endüstri bitkisidir. Geniş istihdam ve katma değere sahip olması dolayısıyla büyük bir öneme sahiptir. Pamuk sadece çırçır ve tekstil sanayisi için değil, çırçırlandıktan sonra geriye kalan tohumdan elde edilen ham yağ ile gıda ve yakıt üretimi, geriye kalan küspesinin yüksek protein ile deyim sanayisi yönünden önem arz ederken, linterleri isekâğıtve barut yapımında hammadde olarak kullanılmaktadır (Akçar, 1986; Bölek ve ark., 2016; Anonim, 2018a).

Uluslararası Pamuk İstişare Komitesi'nin (ICAC) 2013-2017 verilerine göre, pamuk bitkisinin yaklaşık 70 ülkede, 32.1 milyon hektar alanda ekimi yapılmakta ve ortalama olarak 24.4 milyon ton lif üretilmektedir. Ayrıca yaklaşık 180 milyon insanın geçimine sağlamaktadır (Anonim, 2018b; Anonim, 2018c). Türkiye de ise pamuk üretimi 455 bin ha alanda, ortalama 511 kg da<sup>-1</sup> olarak gerçekleşmekte ve toplam 2.325 milyon kütlü pamuk, buradan da ve 882 bin ton lif üretimi sağlanmaktadır (Anonim, 2019). Dünya pamuk üretiminin yaklaşık %80'i Türkiye'nin de arasında bulunduğu belirli sayıda ülkeler tarafından yapılmaktadır. Türkiye pamuk üretimi, lif ithalatı ve tekstil ürünleri ihracatı açısından dünyada önemli ülkeler arasında yer almakta; bu sebeple de pamuk ülkemizde yetiştirilen ürünler arasında stratejik öneme sahip bir bitki konumundadır (Anonim, 2018b).

Stratejik öneme sahip pamuk bitkisinin başta ekim alanlarının artırılması, bunun yanında üretim miktarı ve kalite unsurlarının iyileştirilmesi de önemli bir kriterdir. Pamukta verim ve kalite unsurlarını etkileyen birçok stres faktörü bulunmaktadır. Bu faktörlerin en başında ise toprak kökenli bir fungus olan *Verticillium dahliae* Kleb.'in sebep olduğu solgunluk hastalığı gelmektedir. Bu hastalığın etkin bir kimyasal mücadelesi olmamakla beraber, hastalığa neden olan fungus toprakta uzun yıllar boyunca canlı kalabilmekte (Wilhelm, 1974; El-Zik, 1985; Kurt ve ark., 2003; Erdoğan, 2009) ve solgunluk hastalığı pamuk ekimi yapılan bütün ülkelerde önemli verim kayıplarına sebep olabilmektedir (Zhang ve ark., 2017).

Solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.), ilk olarak Amerika'da (1927 yılında Tennessee ve 1930 yılında Kaliforniya) tespit edilmiştir (Watkins, 1981). Ülkemizde ilk olarak 1941 yılında Manisa Kırkağaç'ta İyriboz (1941) tarafından saptanmış ve Karaca

ve ark., (1971) tarafından hastalık etmeninin *Verticillium dahliae* Kleb. olduğu belirlenmiştir.

Toprak kökenli fungus olan *Verticillium dahliae* Kleb.'in yaklaşık 40 farklı familya'dan 160'ın üzerinde bitkiyi enfekte ettikleri bilinmektedir. Solgunluk hastalığı geniş bir konukçu yelpazesine sahip olmakla beraber pamukta da önemli verim ve kalite kayıplarına sebep olmaktadır. *Verticillium dahliae* Kleb. 20 kadar önemli hastalığa sahip olan pamukta en yıkıcı ve tahripkâr olanıdır (Pegg, 1984; Devey and Roose, 1987; Hui Fang, 2013; Erdoğan ve ark., 2015). *V. dahliae* Kleb.'in Vd11 (yaprak dökmeyen patotip-SS4) ve PYDV6 (yaprak döken patotip-T1) olarak iki farklı patotipi mevcuttur. Yaprak döken patotip oldukça virulent olup yaprakların tamamen dökülmesine ve bitkinin ölmesine sebep olurken, yaprak dökmeyen patotip ise orta derecede virulent olup solgunluk meydana getirip az miktarda yaprak dökülmesine sebep olmaktadır (Bejarano-Alcazar ve ark., 1995; Mert ve ark., 2005; Göre ve ark., 2007; Erdoğan ve ark., 2014; Baytar ve ark., 2017).

*Verticillium dahliae* Kleb. yaşam döngüsünü üç evrede (dormant-parazitik-saprofitik) tamamlamaktadır (Schnathorst, 1981). Genel olarak kışı toprakta ya da bitki artıklarının arasında mikrosklerot şeklinde dormansi halinde geçirmektedir. Hava ve toprak sıcaklığının uygun seviyeye gelmesi ile mikrosklerot yapıdan çıkarak bitkiyi hasta edebilecek seviyede parazitik hale gelmektedir. Uygun şartları sağlayınca bitkiye kökten ya da kökte bulunan açık yaralardan girmeye başlar (Schnathorst, 1981; El-Zik 1985; Berg ve ark., 2001; Land, 2017).

*Verticillium* türleri, öncelikle kökten dokuya kademeli olarak girerek, odun borularına yerleşerek burada gelişmeye başlamakta ve gövdede bulunan damarlarda çökeltme yaparak tıkanmalara sebep olmakta ve başta yapraklarda kloroz ve nekrozlara sebep olarak, solgunluk daha sonra tilloz oluşturmaktadır (Pegg, 1989; Hempton ve ark., 1990; Bowman, 1999; Jian ve ark., 2003a; Mert ve ark., 2005). Hastalık etmeni kökten alınan su ve diğer mineral maddelerin yaprak ve dokulara taşınmasını engelleyerek önce fotosentezin azalmasına, alt yapraklardan başlayarak solgunluk ve kuruma, daha sonra ise küçük kozalarda dökülmelere bağlı olarak verim ve lif kalite özelliklerinin değişmesine neden olmaktadır (Beckman, 1987; Pegg ve Brady, 2002; Rowe ve Pawelson, 2002).

Hastalığın epidemiyolojisinde; solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) belirtileri, patotipin virülensliğine, bitki gelişme dönemine, inokulum miktarına ve sıcaklığa bağlı olarak kendisini gösterir.



Topraktaki inokulum yoğunluğu ve patotip (yaprak dökme ve yaprak dökme), bitkinin hastalığa yakalanma zamanı, ekimi yapılan çeşidin hastalığa karşı direnci, bitki yoğunluğu, hava ve toprağın sıcaklığı etkilidir (El-Zik, 1985).

*Verticillium dahliae* Kleb. enfekte ettiği diğer bitkiler gibi pamukta da bitki boyunda, meyve dalının oluşumunda ve başta yaprak ve kozalarda olmak üzere köklerde ve iletim demetlerinde besin eksikliğine sebep olmaktadır (Xiao, 2000; Pullman, 1982).

*Verticillium solgunluğuna* karşı en uygun ekonomik ve pratik mücadele yöntemi patojene dayanıklı ya da tolerant çeşitlerin geliştirilmesidir (Zhang ve ark., 2000; Jian ve ark., 2003a; Mert ve ark., 2005, Wang ve ark., 2014). Dünyada yoğun olarak ekimi yapılan ve ıslah çalışmalarında kullanılan iki tür olan *Gossypium barbadense* L. solgunluğa dayanıklı olarak kabul edilirken, *Gossypium hirsutum* L. solgunluğa daha duyarlı tür olarak kabul edilmektedir (Wilhelm ve ark., 1974; Fang ve ark., 2013). *Verticillium solgunluğuna* dayanıklılığının kalıtımında *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. arasında yapılan (interspesifik) melezleme çalışmalarında dayanıklılığın kısmi yada dominant genlerin kontrolünde olduğu belirlenmiştir (Bell ve Presley, 1969; Wilhelm ve ark., 1972; Du ve ark., 2004).

*Verticillium solgunluğu* ile mücadelede; toprağa veya tohumla farklı dozlarda kimyasal uygulamalar (Land ve ark., 2017; El-Zik, 1985), sulama, münavebe, bitki sıklığı, gübreleme, ekim zamanı uygulaması (Xiao ve Subbarao, 2000; Zhu ve ark., 2009; Erdoğan, 2010;) gibi uygulamalar ile hastalık etmeni patojenlerin topraktaki yoğunluğu, patotipler arasındaki ırksal farklılıklar ile ilgili çalışmalar da bulunmaktadır (Perez-Artes ve ark., 2000; Derviş ve Biçici, 2005; Fradin ve Thomma, 2006; Derviş ve ark., 2009). Yapılan bu çalışmalarda geliştirilen çeşitlere aiddayanıklılığın zamanla iklim ve çevre şartlarına göre değiştiği bildirilmiştir. Solgunluk hastalığını kontrol etmenin en etkili ve uygulanabilir yolu, geleneksel ıslahı kullanarak yeni dayanıklı/tolerant çeşitlerin geliştirilmesine ilaveten, dayanıklılıkla/tolerantlıkla ilgili kantitatif özellik lokuslarının (QTLs) bölgelerinin haritalanması ve markör destekli seleksiyonun kullanılması büyük bir önem arz etmektedir (Bowman, 1999; Zhang ve ark., 2000; Jian ve ark., 2003b; Mert ve ark., 2005).

Kantitatif özellik lokuslarını (QTLs) haritalamak için linkage haritalama veya ilişkilendirme haritalaması yöntemlerinden birine ihtiyaç vardır. Linkage haritalarının oluşturulabilmesi için aynı anne ve babadan gelen, geniş bir varyasyona sahip açılım popülasyonlarına ihtiyaç vardır.

Linkage haritalamada F<sub>2</sub>, double haploid, geri melez (BC), veya kendilenmiş saf hat (RIL) popülasyonları kullanılabilir (Yu ve ark., 2010; Wang ve ark., 2008; Poland ve Rife, 2012; Shi ve ark., 2016; Zhao ve ark., 2018).

Bu açılım popülasyonları karşılaştırıldığında farklı çevre şartları ve tekrarlı denemeler için daha uygun olan RIL popülasyonu kullanılabilir. RIL popülasyonu kullanılması bağlantılı markörlerle rekombinasyonu belirlemek için daha fazla olanak sağlar. RIL popülasyonunda saf hat olmadan önce meydana gelen çok sayıda mayoz olması bağlı genlerin rekombinasyonun olmasına olanak sağlamaktadır. RIL popülasyonu çoklu ve tekrarlı testlerde sürekli kullanılabilmesi ve kantitatif özelliklerin doğru fenotiplenmesinde deneysel hataları büyük ölçüde en aza indirmesi nedeniyle tercih edilmektedir. Birçok rekombinasyonun oluşmasına olanak sağlaması, genetik bağlamda saflaşması ve yapılan çalışmalarda deneysel hataların en aza indirilmesi sebebiyle bağlantı haritalamasında RIL popülasyonunun kullanılması önem arz etmektedir (Said ve ark., 2013; Zhang ve ark., 2014).

Kantitatif özellik lokuslarının (QTLs) belirlenmesi, bağlantı (linkage) haritalarının oluşturulması ve ilişkilendirme haritalanması çalışmalarında PCR'a (Polymerase Chain Reaction) dayalı (RAPD, AFLP, SSR, SRAP), hibridizasyona dayalı (RFLP), ve sekanslamaya dayalı (SNP) markör sistemleri yaygın olarak kullanılmaktadır (Meena ve ark., 2017).

Bu markörlerden SNP markörü çok az DNA miktarına ihtiyaç duymaktadır ve bitki genomunda her 100-300 bp'de SNP'lerin bulunması yüksek miktarda markör verisi elde edilmesine olanak sağlamaktadır (Xu, 2010). Bu SNP'ler genom üzerinde hem kodlanan hem de kodlanmayan gen bölgelerinde ya da farklı kromozomlar bölgelerinde meydana gelebilmektedir. Bu sebeple geniş ölçekte genotipleme analizlerinde avantaj sağlamaktadır. Ayrıca SNP markörü doğru, hızlı ve düşük maliyetli sekanslama teknolojilerinde yaygın olarak kullanılmaktadır. SNP markörünün ıslah çalışmalarında QTL belirleme, germplazm karakterizasyonu, moleküler ıslah ve diğer genetik varyasyon, popülasyon yapı analizi, ilişkilendirme haritalaması, bağlantı haritalaması gibi birçok analizde kullanılması potansiyeli değerini arttırmıştır (Kumar ve ark., 2012; Abdel-Haleem ve ark., 2013).

GBS (Genotyping by Sequencing) yeni bir çeşit geliştirme ve ıslah çalışmalarında genotipleme ve SNP belirleme de oldukça yeni bir nesil dizileme metodudur. GBS'in düşük maliyeti ve haritalama ve ıslah popülasyonlarında kullanılacak yüksek yoğunluklu SNP elde edilmesinden dolayı cazip bir uygulama olmuştur.

Bu yöntemle elde edilen yüksek yoğunluklu veriler; genetik çeşitliliğin belirlenmesi, genetik haritalama, kantitatif gen bölgelerinin belirlenmesi (QTL), ilişkilendirme haritaları ve markör destekli seleksiyon çalışmalarında kullanılmaktadır (Elshire ve ark., 2011; Poland ve Rife, 2012; Spindel ve ark., 2013, He ve ark., 2014; Galubitz ve ark., 2014; Wang ve ark., 2015; Sikhakhane ve ark., 2016; Kim ve ark., 2016).

GBS ile yeni uygulamalarla ıslahçılar yeni bir çeşit geliştirmede özellikle markör destekli seleksiyon (MAS) daha aktif kullanabileceklerdir (He ve ark., 2014).

Yeni nesil sekanslama (NGS) (Next Generation Sequencing) DNA parçaları üzerinde farklı platformlarda belirli yöntemlerle genetik kaynak veya popülasyonlardan daha düşük maliyetli SNP belirlenmesine olanak sağlayan bir sistemdir (Chen ve ark., 2014), NGS teknolojisi nükleotid sekansının maliyetinin düşürmesinden dolayı hem genetik hemde genomik çalışmalarda gelişmiş sekanslama teknolojisi ile birçok bitki türünde tüm genomun sekansı tamamlanmış olup, daha ileri çalışmalarda SNP verisi ve referans genom olarak kullanılmaktadır (Huang ve ark., 2009; Xu ve ark., 2010; Kim ve ark., 2015).

Pamukta solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile ilişkili QTL bölgelerinin belirlenmesi DNA markörlerinin kullanımı ile artış göstermiştir. Bu markörlerden SSR markörü (Bölek ve ark., 2005a; Wang ve ark., 2008; Feng ve ark., 2009; Li ve ark., 2013; Fang ve ark., 2014; Zang ve ark., 2014; Zhang ve ark., 2015; Chen ve ark., 2015; Guo ve ark., 2016; Shi ve ark., 2016; Baytar ve ark., 2017), AFLP markörü (Yu ve ark., 2007; Fang ve ark., 2013; Reddy ve ark., 2011), SRAP (Yu ve ark., 2007) gibi farklı markör sistemlerine dayalı haritalama çalışmalarında kullanılmıştır. Fakat Yeni Nesil Dizileme yönteminden elde edilen SNP markörünün pamukta genetik analizlerde kullanılması yeni ve yeterli seviyeye ulaşmamıştır (Abdurakhmonov ve ark., 2008; Çelik, 2018).

Bu çalışmada; İs 8 ve Orgosto 644 pamuk genotiplerinin melezlenmesi sonucu elde edilen ve her yıl kendilenecek F<sub>6</sub> generasyonuna ulaştırılmış rekombinant kendilenmiş hat (RIL) popülasyonunun *Verticillium solgunluğuna* karşı reaksiyonlarının belirlenmesi ve SNP markörü ile solgunluk hastalığına dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili QTL bölgelerinin belirlenmesi amaçlanmıştır.

## 2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

### 2.1. Pamukta solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılık/tolerantlık ile ilgili yürütülen çalışmalar

El-Zik (1985), solgunluk hastalığının (*Verticillium dahliae* Kleb.) mücadele stratejileri isimli derlemesinde, lif verimi ve yaprak solgunluğu yüzdesi arasında çok önemli pozitif bir ilişkinin olduğunu belirtmiştir. Ayrıca; toprakta 5 p g<sup>-1</sup> (propagül/gram) olmasında pamuk bitkisinde hastalık oranı % 15, 22 p g<sup>-1</sup> olması % 50, 60 p g<sup>-1</sup> olması durumunda ise hastalık görülme oranının % 95 olduğunu belirtmiştir.

Clark ve ark. (1987), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılığı belirlemek amacıyla yürüttükleri tarla denemesinde kullanılan Deltapine 90, Germains GC365, Deltapine 77, Deltapine Exp, Stoneville 506, Acala 1517-75, NK KC 380, Stoneville 825 ve Deltapine 90 çeşidinin hastalığa en dayanıklı çeşitler olduğunu saptamışlardır.

Devey ve Roose (1987), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı tolerantlık belirleme çalışmasında tolerant Acala SJ2-1 ile duyarlı S5971, Deltapine 70 ve Acala4-42 çeşitleri arasında yapılan melezleme sonucu tolerantlık durumunun resesif genler tarafından kontrol edildiğini bulmuşlardır.

Sağır (1995), bazı pamuk genotiplerinin solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) patojenine karşı reaksiyonlarını belirlemek amacıyla sera ve tarla şartlarında yürüttükleri denemelerde, Taşkent 1, Nazilli-87, Nazilli M39, Nazilli 503/9, ST250-1, ST250-2, Erşan-92 ve Maraş-92 çeşitlerinin tolerant olduğunu; Sayar 314, Stoneville 453, Stoneville 825, ST-691/32, ST907, Deltapine 20, Deltapine 50, Deltapine 90, Aktaş 3, McNair-325 çeşitlerinin duyarlı olduğunu bildirmiştir.

Bell (1999), pamukta ıslah çalışmalarında kullanılan *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. türlerine ait bazı çeşitlerin *V. dahliae* Kleb.'e karşı reaksiyonlarını belirlenmesi için yürütülen çalışmada, *G. hirsutum* L. çeşitlerinden Acala Maxxa, Acala Royale, Acala Prema ve *G. barbadense* L. çeşidinden ise Pima çeşidinin ise yüksek oranda tolerant olduklarını; Deltapine 20, Paymaster HS-26, Hyperformer HS-23, Stoneville 495, Deltapine çeşitlerinin orta seviyedeki inokulumda tolerant olduklarını bildirmişlerdir. Bu çeşitlerin hastalık oranının az olduğu arazilerde solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı tolerant olduklarını da bildirmişlerdir.

Aydın ve Sağır (2001), Diyarbakır (Bismil)'de 26 farklı pamuk çeşidinde solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı reaksiyonlarını belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada hastalık oranını % 23,47 ile % 58,92 olarak bulunurken, en az hastalanan çeşitlerin Erşan 92, Sivon, BD-11, Vered ve GW-1710 olduğunu saptamışlardır.

Gencer ve ark. (2001), bazı pamuk çeşitlerinde solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) üzerine yaptıkları çalışmada SG 125, SG 404 ve SG 501 çeşitlerinin tolerant, Çukurova 1518 çeşidinin duyarlı ve Nazilli 143 çeşidinin ise dayanıklı olduğunu bildirmişlerdir.

Mert ve ark. (2001), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı dayanıklılığı belirlemek amacıyla yaptıkları çalışmada PAUM 400, 401, 402, 403, 404, 405, 406 hatlarının ve Nazilli 143 çeşidinin dayanıklı olduğunu, Suregrown 125, Suregrown 404, Suregrown 501, Suregrown 1001 çeşitlerinin tolerant olduğu ve Çukurova 1518 çeşidinin ise duyarlı olduğunu belirlemişlerdir.

Jian ve ark. (2003b), pamuk genotiplerinin farklı sıcaklık seviyelerinde solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı verdikleri tepkiyi belirleme çalışmasında, hastalığa dayanıklı olan BD18 çeşidinin 25°C sıcaklıkta mukavemetinin oldukça iyi olduğunu gözlemlemişlerdir.

Bölek ve ark. (2005a), dört farklı pamuk çeşidinde (Pima S7, Acala Prema, M-315, Acala 44) dört farklı *V. dahliae* Kleb. izolatına karşı dayanıklılık çalışması yapmış ve dayanıklı olan çeşit (Pima S7) ile duyarlı olan çeşit (Acala 44) melezleyerek F<sub>2</sub> popülasyonunu elde etmiş ve bu popülasyonunda yine 6 parametrede (sağlıklı yaprak, nod sayısı, yaprak ağırlığı, gövde ağırlığı, yaprak gövde oranı, toplam sürgün ağırlığı) dirençlilik ve kalıtım derecesini belirlemiştir. F<sub>2</sub> popülasyonunun bu parametrelerde çokgen ve dirençliliğe doğru bir eğilim gösterdiğini ve transgresif dağılım gösterdiğini bildirmiştir. Dirençlilik için en iyi belirtecin sağlıklı yaprak ve sürgün ağırlığı olduğunu bildirmişlerdir.

Korkmaz (2005), pamuk genotiplerinin *V. dahliae* Kleb.'e karşı reaksiyonlarını belirleme çalışmasında, solgunluğa duyarlı olan genotiplerin Çukurova 1518, Karlık ve Aktaş, tolerant olan genotiplerin Teks ve Carmen olduğunu ve dayanıklı olan genotiplerin Erşan 92, Sayar 314 ve Golda genotiplerinin olduğunu bildirmişlerdir.

Derviş ve Biçici (2005), Türkiye'nin güney bölgesinde beş farklı il ve 151 pamuk ekim alanında solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) üzerine yaptıkları yaygınlık, oran ve inokulum yoğunluğu survey çalışmasında; hastalığın % 37 oranında ekim alanında

gözlendiğini, damar sisteminde kahverengileşme yoğunluğu % 31.2, ve hastalık şiddetinin 3.4 ile 0.9 arasında değiştiğini bulmuşlardır. Topraktaki inokulum yoğunluğunu ise 7 ile 28.4 ms g<sup>-1</sup> arasında olduğunu bildirmişlerdir.

Mert ve ark. (2005), solgunluk hastalığının (*Verticillium dahliae* Kleb.) kalıtsal derecesini belirlemek amacıyla yerli çeşit olan Çukurova 1518 ile dayanıklı PAUM 401, PAUM 403, PAUM 405 ve PAUM 406 dayanıklı çeşitleri melezlenerek F<sub>2</sub> ve F<sub>2:3</sub> popülasyonlarını elde etmiştir. Ebeveynlerin ve melezpopülasyonların, hem yaprak döken hem de yaprak dökmeyen patotiplerine karşı reaksiyonlarını 0-4 skalasına göre belirlemişlerdir. F<sub>2</sub> popülasyonun yaprak döken patotipe karşı 3:1 (dayanıklı: duyarlı) segregasyon oranının elde edildiğini ve F<sub>2:3</sub> popülasyonlarının testlenmesi sonucu *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılığın dominant bir gen tarafından kontrol edildiğini bildirmişlerdir.

Erdoğan ve ark. (2006), Ege Bölgesinde solgunluk hastalığının (*Verticillium dahliae* Kleb.) pamukta verim ve lif kalitesi üzerine Nazilli 84S, Carmen, Çukurova 1518 ile yaptıkları çalışmada, hastalığın verim, lif uzunluğu ve lif mukavemetini önemli derecede azalttığını ve verimin % 15.93 oranında düştüğünü bildirmişlerdir. Carmen çeşidinin hastalıklı bölgelerde ekilmesini de tavsiye etmektedirler.

Göre ve ark. (2007), 2004 yılında pamukta solgunluk hastalığının etmeni olan *V. dahliae* Kleb. üzerine farklı bölgelere patotiplerin tanımlanması üzerine yaptıkları survey çalışmasında, yaprak döken patotipin Ege bölgesindeki patotiplerin % 29'unu oluşturan tüm çalışmadan elde edilen patotipin % 93 'ünü oluşturduğu, Çukurova bölgesinde ise bu patotipe rastlanmadığını bildirmişlerdir. Yaprak dökmeyen izolatlarına bölgelere göre dağılımı ise Ege % 32, Doğu Akdeniz % 39 ve Güneydoğu Anadolu bölgesinde ise % 61 oranında oranında değiştiğini bildirmişlerdir. Yaprak dökmeyen patotipe bütün bölgelerde rastlandığını fakat yaprak döken patotipe yoğun bir şekilde Ege Bölgesinde rastlandığını bildirmişlerdir.

Azzaddisfani ve Zangi (2007), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıklarının belirlenmesi için kullanılan 21 farklı pamuk genotipten (Sahel, Siokra, Varamin, Q26, Q27, Q29, Bakhtegan, Red leaf okra, B-557, Sindos, 818-312, Deltapine 25, Termez 14, Pak, Glandless Stoneville, Smooth leaf, Deformeah leaf, Giza, Barbadosense 5539, Gokroba, 43259) solgunluk hastalığına karşı en tolerant olan genotiplerin, Q29 ve Termez 14, en duyarlı olan genotiplerin ise Sahel, Smooth leaf, Gokroba genotipinin olduğunu belirlemişlerdir.

Erdoğan (2007), Aydın ilinde, pamuk yetiştirilen alanlarda yabancı ot ve farklı pamuk çeşitlerinden izole edilen *Fluoresan pseudomonas* bakterilerini iki farklı pamuk çeşidinin (Sayar 314 ve Acala Maxxa) tohumlarına uygulayarak bu bakterilerin, solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) ve bitki gelişimine olan etkilerini belirlemek amacıyla yaptığı çalışmada, yaprakta meydana gelen semptomları dikkate alarak yaptığı sayımlarda 2005 yılında % 33-45, 2006 yılında % 22-25 başarı sağladığını ve tohuma bakteri uygulamasının verimi % 17-24 oranında artırdığını bildirmiştir.

Aguado ve ark. (2008), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılık yönüyle Deltapine 90, Acala Germanin 510, Acala Prema genotiplerinin, koza ağırlığı yönünden ise Deltapine 90, Acala Prema, Acala Germanin 510 ve Victoria genotiplerinin öne çıktığını bildirmişlerdir. Öne çıkan bu genotiplerin ıslah programlarında kullanmak için ideal ebeveynler olduğunu belirtmişlerdir.

Lüders ve ark. (2008), pamuk bitkisinin dayanıklılık kalıtımı üzerine yaptıkları çalışmada; solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı dayanıklılığın eklemeli genler tarafından kontrol edildiğini ve yapılan analizler sonucu hastalığa karşı dayanıklılığın iki ya da üç genin etkili olduğu ve dayanıklılığın birden çok gen tarafından kontrol edildiğini bildirmişlerdir.

Erdoğan (2009), Nazilli Pamuk Araştırma Enstitüsü'nde bazı pamuk hatlarının solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı duyarlılığını belirlemek, verim ve lif kalite özelliklerini incelemek üzere iklim odası ve arazi şartlarında yürüttükleri çalışmada, kontrol olarak kullanılan Sayar 314 ve Nazilli 84S çeşitlerinin duyarlı, Carmen çeşidinin ise en tolerant çeşit olduğunu bildirmiştir. Çalışma sonucunda NGC, M25 G ve GSN-12 hatları, Carmen çeşidinin yakın tolerant hatlar olurken, NMCH-BC ¼, NMCH-11/4, NCCH-9/2 ve NCCH-8/1 hatları ise Sayar 314'e yakın ve duyarlı hatlar olduğu saptanmıştır.

Göre ve ark. (2009), Türkiye'de ekimi yapılan 28 adet ticari çeşidin solgunluk hastalığına karşı dayanıklılıklarını belirlemek üzere yaptıkları çalışmada, bütün çeşitlerin orta derece de hassas ya da duyarlı olduğunu bildirmişlerdir. Türkiye'de önemli ticari çeşitlerin bir kısmının (Aksel, BA-151, BA-308, BA-525, BA, Gold, M-503, Maraş 92, Nazilli 84S, ST-453, ST468, ST-488) duyarlı olduklarının, diğerlerinin ise orta deredere duyarlı ya da duyarlı olduklarının bildirmişlerdir. Solgunluk hastalığına karşı dayanıklı olarak BA-119, Tex, Carmen çeşitlerinin ön plana çıktığını, Çulurova 1518 çeşidinin ise diğer çeşitlerden daha düşük değere sahip olduğunu bildirmişlerdir.

Genel olarak Türkiye’de ekimi yapılan çeşitlerin yaprak dökken patotipe karşı yaprak dökmeven patotie göre daha duvarlı olduklarını belirlemişlerdir.

Karademir ve ark. (2010), Diyarbakır koşullarında solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile doğal bulaşık arazide 10 farklı ticari pamuk çeşidi ile yürütölen hastalık denemesinde en tolerant çeşitlerin GW-Teks, GW-Golda ve Carmen olduğunu, en duvarlı çeşitlerin ise Stoneville 453, Sayar 314 ve Maraş 92 olduğunu, diğere çeşitlerde ise ortalamasının tolerant düzeyde olduğunu bildirmişlerdir.

Kheiri ve Fatahi (2010), altı farklı pamuk genotipinin solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı reaksiyonlarının ve verim özelliğini incelemişlerdir. Yapılan çalışmada, yapraklarda meydana gelen hastalık simptomlarına göre hastalık yüzdesi, hastalık şiddeti ve hastalık indeksi belirlenmiştir. Elde edilen bulgulara göre; Bakhtegan 818 ve B-557 genotipinin en düşük hastalık yüzdesi (% 20-29.38), en düşük hastalık şiddeti (1.42-1.62) ve en düşük hastalık indeksine (32.13-54.69) sahip olduğunu, Varamin genotipinin ise en yüksek hastalık yüzdesi (% 85.63), en yüksek hastalık şiddeti (3.23), en yüksek hastalık şiddet indeksine (278) sahip olduğunu bildirmişlerdir. Verim özelliği bakımından ise Bakhtegan 818 ve B-557 genotiplerinin diğerelerinden önemli oranda farklılık gösterdiğini bildirmişlerdir.

Erdoğan ve ark. (2011a), melezleme yoluyla elde edilmiş onüç farklı pamuk genotipinin solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı hem tarla hem de iklim odası dayanıklılık/tolerantlık belirleme çalışmalarında 1001, 211, 305, 405 nolu genotiplerin uzun life sahip genotiplerden daha tolerant olduklarını bildirmişlerdir.

Erdoğan ve ark. (2011b), bazı pamuk genotiplerinin solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) etmenine karşı reaksiyonlarının belirlenmesi amacıyla, iklim odası ve tarla koşullarında yapılan deneme sonucunda, en tolerant çeşidin Carmen, en duvarlı çeşidin ise Çukurova 1518 olduğunu bildirmiştir. İklim odası denemesinde kullanılan patotipe ait virülensliğinin yüksek olması sebebiyle saksı denemesinin hastalık şiddet indeksinin tarla denemesinden daha yüksek olduğunu bildirmiştir.

Gözcü ve ark. (2012), Kahramanmaraş’ta solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile doğal bulaşık arazide 13 farklı pamuk çeşidiyle (Napa-122, GSN-12, ST-468, DP-388, DP-419, Ayhan-107, BA-525, Menderes 2005, Ekşi-911, ST-373, Teks, Çukurova 1518, Erşan-92) yapılan solgunluğa dayanıklılık test çalışmasında Teks, GSN-



12, ST-468 çeşidinin tolerant, Çukurova 1518, DP-388, Ekşi-911, Ayhan-107, BA-525 çeşitlerinin ise en duyarlı çeşitler olduğu bildirilmiştir.

Zhang ve ark. (2012), bazı ticari çeşitler ve genetik materyallerinin solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklı genotipleri belirlemek amacıyla hem sera hem de arazi koşullarında 3 yıl süre ile deneme yapmışlardır. 267 ticari çeşit ve 357 tane de genetik stok materyalini sera da, 357 genetik stok materyalini tekrar tarlada denediklerini bildirmişlerdir. Yapılan denemeler sonucunda; *Verticillium* solgunluk hastalığının pamukta verim, lif inceliği, lif uzunluğu ve lif mukavemet gibi parametreleri önemli ölçüde etkilediğini ve geliştirilen bazı çeşitlerin ise *Verticillium* solgunluğuna karşı daha dayanıklı olduklarını belirtmişlerdir.

Erdoğan ve ark. (2013), solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile doğal bulaşık olan arazide 13 farklı pamuk genotipinin solgunluk hastalığına karşı duyarlılıklarının belirlenmesi çalışmasında Carmen, M25-G, NGC, GSN12 genotiplerinin dayanıklı olduğunu ve Carmen çeşidinin ıslah programlarında kullanılarak tolerantlığın artırılabilirliğini bildirmişlerdir. Ayrıca NP-100 genotipinin hastalığa karşı duyarlı olduğunu bildirmişlerdir.

Khaskheli ve ark. (2013), farklı genetik potansiyele sahip 10 adet pamuk genotipinin arazi ve sera denemelerinde solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) tolerantlık yönünden genotipler arasında önemli varyasyonlar olduğunu tespit etmişlerdir. Genotipler arasında hastalığa karşı oldukça tolerant çıkan genotipler 1421Bt-4133, O Siv2, Arcot-1 ve GP93 iken orta derece de tolerant olanların Zhong21371 ve Yumian 2067 olduğunu bildirmişlerdir. Solgunluğa karşı duyarlı çıkan genotiplerin ise Arcot402bne, Arcot438, Xinluzao-3 ve Jimian11 olduğunu bildirmişlerdir. Doğal enfekte olan arazi denemesi sonucunda O Siv2, Arcot-1, GP93, Zhong 21371 ve Yuminan 2067 genotiplerinin dayanıklılıklarının farklılık gösterdiğini bulmuşlardır.

Çelik ve ark. (2014), Türkiye de ekimi yapılan Candia, Carmen, Çukurova 1518, BA308, NP Özbek, Flash çeşitlerinin solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) hastalığı ile kütlü pamuk verimi arasındaki ilişkiyi belirleme çalışması sonucu, hastalık etmeninin cinsi, ksilemde hastalık etmeninin ilerleme hızı, kullanılan genotiplerin duyarlı-tolerant durumu, hastalığın topraktaki seviyesi ve bitkilerin hastalığa yakalanma süreleri ile kütlü pamuk verimi arasında negatif yönlü bir ilişki olduğunu ortaya koymuşlardır.

Zhou ve ark. (2014), bazı ticari pamuk çeşitleri ve ıslah hatlarını kullanarak solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilgili yaprak dökme patotiple yaptıkları sera denemesi sonucunda, solgunluk hastalığına dayanıklılık kalıtımının 0.58 ile 0.80 arasında değiştiğini ortalamasının 0.67 olduğunu ve dayanıklılığın daha baskın olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca; 10 farklı çeşidin ve 7 farklı hattın oldukça yüksek seviyede dayanıklılığa sahip olduğunu ve 19 genotipin orta derece de dayanıklılığa sahip olduğunu ve 30 farklı ıslah hattında solgunluğa dayanıklı çeşitler olarak geliştirilebileceğini bildirmişlerdir.

Erdoğan ve ark. (2014), bazı pamuk çeşitlerinin solgunluk hastalığının (*Verticillium dahliae* Kleb.)'in sahip olduğu iki farklı patotip olan yaprak dökme (PYDV6 izolatu) ve yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipine karşı hastalık şiddetlerinin ölçüldüğü çalışmada, en düşük hastalık şiddetine Giza 45 çeşidinin sonrasında ise Carmen çeşidinin sahip olduğunu bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda en yüksek hastalık şiddetine sahip çeşitlerin Acala SJ2 ve Çukurova 1518 olduğunu bildirmişlerdir. Sonuç olarak Giza 45 (*G. barbadense* L.) dayanıklı çeşit olduğu, Carmen çeşidinin toleran, Çukurova 1518 ve Acala SJ2 çeşitlerinin ise duyarlı çeşitler olarak öne çıktığını bildirmişlerdir.

Guo ve ark. (2016), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı dayanıklı iki farklı upland pamuktan elde edilen RIL popülasyonunda, solgunluğa toleran ve lif kalite özellikleri iyi olan hatların belirlenmesi çalışmasında, 34 hattın hem toleran hem de lif kalitesi ve yüksek verim, 14 hattın lif kalitesi ve toleranslık yönünden, 12 hattın ise sadece toleranslık yönünden çok iyi olduğunu bildirmişlerdir.

Çelik ve ark. (2017), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) neden olan yaprak dökme (PYDV6 izolatu) ve yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) iki patotipini kullanarak 20 farklı pamuk genotipinin toleranslıklarını belirlemek amacıyla iklim odasında yürüttükleri çalışmada, dayanıklı kontrol olarak kullanılan Giza 75 çeşidinin yaprak dökme patotipte hastalık şiddeti 1, toleran olarak kullanılan Carmen 1.75 ve duyarlı kontrol olarak kullanılan Acala SJ2'nin ise 3.5 olduğunu bulmuşlardır. Yaprak dökmeyen patotipte ise en dayanıklı yine Giza 75 (0.35) olurken, bunu sırası ile Carmen ve Gaia takip etmiştir. En yüksek hastalık şiddetine sahip genotipler ise yine Acala SJ2 ve Beren olmuştur.

Göre ve ark. (2017), farklı pamuk türlerine ait pamuk çeşitlerinin solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.)'e ait T-1 ve SS-4 patotiplerine karşı reaksiyonlarını belirlediği iklim odasında yapılan saksı denemesi sonucunda; hastalık şiddetinin en az

görüldüğü çeşidin Maydos Yerlisi olduğu ve Carmen çeşidinin ise buna en yakın çeşit olduğunu belirlemişlerdir.

Land ve ark. (2017), sulama ve farklı toprak tiplerinde verimi koruyarak, hastalık yönetimini belirleme için duyarlı pamuk genotipler üzerine yaptıkları çalışmada, hastalık verilen genotiplerin damarlarında solma meydana geldiği, çeşitler arasında hastalığa tolerantlığın değişiklik gösterdiği ve sulama ile birlikte hastalık yoğunluğunun ve şiddetinin arttığını belirlemişlerdir.

## **2.2. Pamukta *Verticillium solgunluk* hastalığı ile ilgili olarak yürütülen moleküler çalışmalar**

Bölek ve ark. (2005b), *Verticillium solgunluğuna* tolerant, Pima S7 ile duyarlı Acala 44 çeşidini melezleyerek elde edilen 110 F<sub>2</sub> melez bireyi çalışmada öncelikle virulent olan V7 izolatu dayanıklılık çalışması yapmıştır. Daha sonra elde edilen 110 bireyi 255 SSR markörleriyle tarayarak oluşturulan haritada; 15 markörün önemli düzeyde dayanıklılıkla ilişkili olduğunu ve bunlardan 9'unun 10., 11., 12 ve 25. kromozomlara dağıldığını, solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile ilgili 3 bölge belirlendiğini, bu bölgelerden ikisi LG-1 ve diğerinin LG-2' olduğunu ve bu 3 bölgeninde 11. kromozom üzerinde bulunduğunu bildirmişlerdir.

Song ve ark. (2005), *G. hirsutum* L. ve *G. barbadense* L. türlerine ait çeşitler melezlenerek elde edilen, double haploid ve BC<sub>1</sub> popülasyonlarında SSR markörü kullanarak genetik harita oluşturduklarını bildirmişler ve toplamda 34 bağlantı grubunun belirlendiği bildirilen BC<sub>1</sub> popülasyonunun 440 SSR markörü ile tarandığını ve oluşan haritanın pamuk genomunda yaklaşık % 78.7 veya 4331.2 cM olduğunu belirtmişlerdir. Ayrıca, markörler arası ortalama mesafenin 9.80 cM olduğunu bildirmişlerdir. Haploid popülasyonda ise yine aynı sayıda markör ile tarandığını ve tetraploid genomun yaklaşık % 60 ya da 3262.9cM olduğunu ve markörler arası mesafenin yaklaşık 7.35cM olduğunu ve 40 bağlantı grubunun olduğunu tespit etmişlerdir.

Fu-Wrong ve ark. (2007), yüksek lif kalitesine sahip *G. barbadense* L. türüne ait Lumianyan ile solgunluğa karşı hassas olan upland pamuk türüne ait pamuk çeşidi Luyuan 343 ile melezlenerek elde edilen F<sub>2:3</sub> popülasyonunun SSR markörü kullanılarak taranması ile yapılan haritalama sonucu; Kromozom 2 üzerinde 1 adet QTL (*qVWR-16-1b*) ve Cr16 üzerinde ise 3 adet QTL (*qVWR-16-1a*, *qVWR-16-1b*, *qVWR-16-2a*) bölgesinin bulunduğunu ve bunların LOD değerinin 1.25-3.59 arasında değiştiğini bildirmişlerdir.

Wang ve ark. (2007), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilişkili tolerant ve duyarlı iki farklı genotipin melezlenmesi ile elde edilen popülasyon önce hastalık indeksine göre değerlendirildiğini ve SSR markörü ile taranarak genetik haritalama sonucu NAU751 ve BNL1395 markörünün tolerantlığı arttıran markörler olduğunu bildirmişlerdir.

Wang ve ark. (2008), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) duyarlı XLZ1 çeşidi (*G. hirsutum* L.) ile dayanıklı çeşit olan H7124 (*G. barbadense* L.) kullanılarak elde edilen F<sub>2:3</sub> popülasyonu yaprak dökmeven patotipe karşı reaksiyonun belirlendiği çalışmada, popülasyonun aynı zamanda 1142 SSR markörü ile taradıklarını ve bunlardan 430 adet markörün haritalandığını ve 41 bağlantı grubu elde ettiklerini bildirmişlerdir. Elde edilen haritanın 3745,9 cM uzunlukta olduğu ve lokuslar arası ortalama mesafenin ise 8.71 cM olduğunu bildirmişlerdir. Ayrıca, 9 adet QTL bölgesinin hastalık indeksi ile bağlantılı olduğunu, fenotipik varyansın % 10.63-28.83 arasında olduğunu açıkladığını ve 6 QTL bölgesinin D alt genomda yerleştiğini bildirmişlerdir.

Xu ve ark. (2008), pamukta (*G. hirsutum* L.) 12. ve 26. homolog kromozomların fiziksel ve genetik haritalarının tamamlanması için yaptıkları çalışmada, fiziksel harita oluşturulurken her bir homolog kromozom için 12. kromozomda 220, 26. kromozomda ise 115 BAC (Bacterial artificial chromosome) kontig ile geliştirilen kromozomların fiziksel uzunluklarının 12. kromozomda 73.49 Mb ve 26. kromozomun 34.23 Mb uzunluğuna sahip olduğunu bildirmişlerdir. Yaklaşık 220 kontig bölgesinin yarısının A alt genomuna, 115 contig bölgesinin 48 adedi D alt genomuna bağlı olduğunu bildirmişlerdir. Upland pamuk gibi poliploid genomların genom çapında fiziksel harita elde edilmesinde kullanılabilecek yararlı yol olduğunu bildirmişlerdir.

Yang ve ark. (2008), pamukta solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilgili yaprak dökmeven BP2 ırkını kullanarak fenotipleme çalışması ve solgunluk hastalığına dayanıklılık-tolerantlık ile ilgili QTL belirleme çalışması yapmışlardır. Yapılan haritalama çalışması sonucu pamuğun A5, A9 ve A7 kromozomları üzerinde damar dokusu ile ilgili 3 adet QTL, A8, A5 ve A7 kromozomları üzerinde yaprak özelliği ile ilişkili 4 adet QTL belirlediklerini bildirmişlerdir. Elde edilen bu QTL'ler *Verticillium* solgunluğuna dirençli çeşitlerin geliştirilmesinde bu markörlerin ıslahta kullanılmasının yararlı olabileceğini bildirmişlerdir.

Zhang ve ark., (2008), Dezhou 047 ile Acala 1517 genotiplerinin melezlenmesi sonucu elde edilen kendilenmiş saf hat (RIL) popülasyonunu kullanarak yaptıkları QTL belirleme çalışmasında 51 adet SSR markörünün 15 tane bağlantı grubunu meydana getirdiğini ve bulunan 3 adet QTL markörünün bitki gelişim aşamasıyla ilişkili olduğunu bildirmişlerdir.

Abdurakhmonov ve ark., (2009), farklı pamuk genotipleri üzerine yaptıkları ilişkilendirme haritalamasına ilişkin olarak LD'nin 5-6 cM'a ulaştığında ( $r^2 > 0.2$ ) ilişkilendirme haritalaması yapabilmek için asgari 1000 adet polimorfik markörün gerekli olduğunu bildirmişlerdir.

Jiang ve ark., (2009), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) tolerant 60182 çeşidi ile duyarlı olan Junmian 1 çeşidi mezlenerek elde edilen F<sub>2:3</sub> popülasyonunda hastalık denemesi yapılarak fenotipik veri elde edildiğini ve F<sub>2</sub> popülasyonu ile *Verticillium* solgunluğu ile ilişkili genetik bağlantı haritası oluşturulduğunu bildirmişlerdir. Fenotipleme çalışmasında BP2, VD8 ve T9 patotipleri kullanılmıştır. Oluşturulan genetik haritada 139 gen bölgesi, 31 bağlantı haritası, markörler arası toplam mesafe 1165 cM ve iki markör arası mesafe ortalama 8.38 cM olduğunu bildirmişler ve yapılan haritalamanın yaklaşık % 25.89'e denk geldiğini bildirmişlerdir. Çalışma sonucu, BP2 izolatına dayanıklılıkla ilişkili 4 QTL D7 kromozomu üzerinde, 4 QTL ise D9 kromozomu üzerinde bulunduğunu; VD8 izolatına dayanıklılıkla ilişkili 5 QTL D7 kromozomu üzerinde, 9 QTL D9 kromozomu üzerinde olduğunu; T9 izolatına dayanıklılıkla ilişkili 4 QTL D7 kromozomu üzerinde, 5 QTL D9 kromozomu üzerinde olduğunu ve karışık izolatlarla ilişkili 3 QTL D7 kromozomu üzerinde ve 7 QTL D9 kromozomu üzerinde olduğunu, 60182 çeşidinin hem yaprak dökme hem de yaprak dökmeyen patotipe karşı iki majör gen tarafından dayanıklılığın sağlandığını saptamışlardır. Dayanıklılık ile ilişkili bu QTL bölgelerinin pamuk ıslah programlarında yardımcı olacağını da belirtmişlerdir.

Zhang ve ark. (2011), *G. barbadense* L. türünde solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı dayanıklılığı sağlayan 3819 bp uzunluğundaki *GbVe* genini karakterize ederek klonlandığını ve bu genin işlevini tespit etmek için *Agrobacterium* ile gen aktarımı yöntemi kullanılarak *Arabidopsis thaliana*'ya aktarıldığını ve deneme bitkileri arasında gen aktarılmış *A. thaliana* bitkilerinin kontrol bitkilerine nazaran *Verticillium* hastalık etmeni olan *V. dahliae* Kleb.'e karşı daha dayanıklı olduklarını

bildirmişlerdir. Sonuç olarak, fungus hastalıklarına karşı yapılan çalışmalarda *GbVe* geninin dayanıklılığı artırma noktasında kullanılmasının yarar sağlayabileceğini bildirmişlerdir.

Said ve ark. (2013), Cotton Marker Database veri tabanını kullanarak pamuk genomunun farklı özellikleri ile ilişkili yürüttükleri çalışmada, 223 farklı QTL'i V3 metodu kullanarak haritalama çalışması yapmışlardır. Sonuç olarak, 63 adet *Verticillium solgunluğu* ile ilişkili QTL tespit ettiklerini ve 16 adet QTL 16. kromozom üzerinde olduğunu, 26 adet QTL'in 23. kromozom üzerinde olduğunu, 6 adet QTL'in 5. kromozom üzerinde olduğunu 3 adet QTL'in 19. kromozom üzerinde olduğu, 7., 8., 21., 22. ve 26. kromozomlar üzerinde 2'şer adet QTL olduğunu ve 9. ve 24. kromozomlar üzerinde birer adet QTL olduğunu bildirmişlerdir.

Fang ve ark. (2013), *G. barbadense* L. türüne ait olan ve solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı dayanıklı olan Pima S-7 çeşidi ile bu hastalığa karşı hassas olan *G. hirsutum* L. türüne ait olan Suregrow 747 çeşidinin melezlenmesi ile oluşan 146 bireyi 160 adet RGAP-AFLP markörü kullandıklarını, oluşturdukları bağlantı haritasının genom üzerinde yaklaşık 1.226 cM alanda olduğunu ve sonuç olarak 3 tane önemli QTL elde edildiğini, bu QTL'lerin fenotipik varyasyonun % 12-18.6 kısmını açıkladığını bildirmişlerdir.

Akköse (2014), yüzonsekiz pamuk çeşidinin solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) karşı dayanıklılığın belirlenmesi amacı ile yaptıkları çalışmada, 100 SSR markörü kullanarak yaptıkları haritalama çalışmasında *V. dahliae* Kleb. dayanıklılıkla ilişkili 30 adet SSR markörü belirlediklerini bildirmişlerdir.

Said ve ark. (2014), interspesifik ve intraspesifik popülasyonlar kullanarak yapılan solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilgili haritalama çalışmasında 26. kromozom üzerinde 11 adet QTL tespit ettiklerini ve *Verticillium solgunluğuna* dayanıklılıkla ilişkili QTL'lerin genelde 16. ve 23. kromozomda üzerinde olduğunu tespit etmişlerdir.

Wang ve ark. (2014), pamukta solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile ilişkili QTL bölgelerinin belirlenmesi için yaptıkları haritalama çalışmasında 42 adet QTL belirlendiğini, 19 adet QTL bölgesinin *Verticillium solgunluğa* karşı dayanıklılığı azalttığını, 23 adet QTL bölgesinin ise *Verticillium solgunluğa* karşı dayanıklılığı artırdığını tespit ettiklerini bildirmişlerdir.

18 QTL'in de A ve D alt genomlarında haritalandığını (D12, D8, D7, D5, D11, D3, D2, D4, D1, A12, A13, A9, A8, A1, A3, A5, A7, A8) ve A alt genomunun D alt genomuna göre solgunluk hastalığına daha dayanıklı olduğunu belirtmişlerdir.

Zhao ve ark. (2014), *G. hirsutum* L. türüne ait olan 158 adet elit pamuk genotipi kullanılarak solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilişkili popülasyon yapısı ve bağlantı eşitsizliği ile ilgili yaptıkları haritalama çalışmada, 42 farklı markörün 15 kromozomun üzerine dağıldığını bildirmişlerdir. Belirlenen bu markörlerden 10 tanesinin daha önceki çalışmalarla paralellik gösterdiği ancak, 32 adet markörün ise yeni QTL olduğunu bildirmişlerdir. *V. dahliae* Kleb.'in sebep olduğu solgunluğa karşı dayanıklı olan markörlerin 16. kromozomda yoğunlaştığını bildirmişlerdir.

Zhang ve ark. (2014), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilgili *G. hirsutum* L. türüne ait genotipler de QTL belirlemek amacıyla öncelikle sera koşullarında yaprak dökken patotiple (V991 ırkı) muamele edilmiştir. Genetik haritalama çalışması sonucunda *qVW-c6-1* QTL'inin hastalığa direnç yönünden önemli olduğunu ve fenotipik varyasyonun yaklaşık % 23,1 ile 27,1'lik kısmını karşıladığını belirtmişlerdir.

Zhang ve ark. (2015), Suregrow 747 (*G. hirsutum* L.) ile Giza 75 (*G. barbadense* L.) çeşitleri kullanılarak elde edilen 146 adet interspesifik geri melez saf hatlarda 392 adet SSR markörü kullanarak solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılık ile ilişkili haritalama çalışmasında, 2895 cM uzunluğunda bağlantı haritasında solgunluk hastalığına dayanıklılıkla ilişkili 10 adet QTL belirlendiğini bildirmişlerdir. Toplamda 193 adet QTL'in 24 farklı kromozom üzerinde yerleştiğini bildirmişlerdir.

Wang ve ark. (2015) RAD sekanslama teknolojisini kullanarak, Acala Prema ve 86-1 genotiplerinin melezlenmesiyle oluşturulan kendilenmiş saf hat popülasyonun kullanmasıyla QTL haritalama çalışması yapılmıştır. İki ebeveyn arasında 21109 SNP tespit edildiğini ve 161 saf hattın genotipleme de kullanıldığını bildirmişlerdir. Yüksek yoğunluklu bağlantı haritasında 3500 cM mesafede 4513 lokustan oluştuğunu bildirmişlerdir. Bu QTL haritalamanın SSR haritalaması ile elde edilen haritadan elde edilen haritadan lif mukavemetinin ve *Verticillium* solgunluk hastalığına dirençle ilgili bölgelerin daha doğru bir şekilde haritalandığını bildirmişlerdir. Bu haritaların ilgilenilen özelliklerin QTL bölgelerinin klonlanması ve pamuk ıslahında marköre dayalı seleksiyonunda hızlı tespit edilmesine yardımcı olacağını bildirmişlerdir.

Guo ve ark. (2016), daha önceden ıslah çalışması sonucu elde ettikleri ve solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklı olan 5026 ve 60182 hatların melezlenmesi ile elde edilen 155 saf hattın QTL haritalama çalışması yapılmıştır. Sonuç olarak bu haritalamadan *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılıkla ilişkili 25 adet QTL elde ettiklerini ve bunlardan 13 tanesinin kullanılan popülasyonda çok daha yakın olduğunu bildirmişlerdir. Her bir allelin saf hatlardaki hastalık dayanıklılığını artıran ve solgunluk hastalığına dayanıklılık için önemli QTL 'lerin bulunması için çoklu karşılaştırma analizi sonucu 4 elit QTL/gen (*q-5/NAU905-2*, *q-6/NAU2754-2*, *q-8/NAU3053-1* ve *q-13/NAU6598-1*) belirlediklerini bildirmişlerdir. Çalışmada lif kalitesi yüksek, yüksek verime sahip ve solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) hastalık etmenine karşı dayanıklı 14 hat, yüksek verim ve hastalığa dayanıklı 3 hat ve sadece hastalığa dayanıklı hastalığa dayanıklı 12 hat olmak üzere toplamda 34 elit hat elde ettiklerini bildirmişlerdir. Ayrıca çalışmanın, marköre dayalı seleksiyonda kullanılmasının hastalığa dayanıklı markörlerin sağlandığını ve modern pamuk ıslahında önemli agronomik özelliklerin geliştirilmesinde yardımcı olacağını bildirmişlerdir.

Shi ve ark. (2016), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilgili QTL haritalama çalışmasında oldukça dayanıklı Hai1 (*G. barbadense* L.) ile duyarlı çeşit olan CCRI6 (*G. hirsutum* L.) interspesifik melezleme yaparak oluşturulan geri melez popülasyonlarında haritalama yapmışlardır. Solgunlukla ilişkili QTL belirleme çalışmasında SSR markörü kullanılarak oldukça yoğun bir harita elde edildiğini, AD genomunda 2292 lokusu kapsayan 5115.6 cM uzunluğunda olduğunu belirlediklerini bildirmişlerdir. Toplamda 48 QTL belirlendiğini, 42 adet QTL'in yeni belirlendiğini ve 37 adet QTL'in ise solgunluğa dayanıklılığın artmasına ve hastalık indeksinin azalmasında pozitif etki ettiğini bildirmişlerdir. Ayrıca bu QTL'lerin 19 farklı kromozom üzerine dağıldığını, 33 adet QTL A alt genomunda olduğunu ve 15 adet QTL D alt genomunda yerleştiğini bildirmişlerdir.

Li ve ark. (2017), 299 adet upland pamuk genotiplerinde solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) tolerantlıkla ilgili genlerin belirlenmesi ile GWAS kullanarak elde edilen 85630 SNP markörlerini haritalama da kullanılmış ve önemli gen bölgeleri tespit edilmiştir. İlişkilendirme analizlerinde 17 adet önemli SNP bölgesi tespit edildiğini, *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılıkla ilgili 22 adet tahmini gen bölgesinin ise A 1099672586 SNP bölgesi ile bağlantılı olduğunu tespit etmişlerdir. Sonuç olarak, CG02 olarak ifade edilen bölgenin solgunluğa karşı tolerantlık geni olabileceğini belirtmişlerdir.



Tanımlanan lokus veya genlerin genetik mühendisliği ve solgunluğa dayanıklı olarak geliştirilen pamukların ıslahında kullanılabileceğini belirtmişlerdir.

Baytar ve ark. (2017), 108 adet seçkin pamuk genotipinde (*G. hirsutum* L.) solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilişkili QTL'lerin belirlenmesi için yaptıkları haritalama çalışmasında 117 adet SSR markörü ile genotiplerin tarandığını ve genetik çeşitlilik, bağlantı eşitsizliği, popülasyon yapısı, ilişkilendirme haritalaması yapıldığını bildirmişlerdir. Toplamda 26 adet markörün 14 farklı kromozoma dağıldığını ve bunlardan 3 adet markörün (CIR218, JESPR153, JESPR274) daha önceki çalışmalarla benzerlik gösterdiği ve çalışmanın solgunluğa dayanıklılık ıslahında kullanılmasının fayda sağlayabileceğini öne sürmüşlerdir.

Palanga ve ark. (2017), solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilişkili QTL belirleme çalışmasında edilen RIL popülasyonu bir yıl sera ve 4 yıl arazi çalışmalarında fenotipik gözlemler alınmış ve QTL'leri belirlemek için Cotton SNP70K çipi ve SSR markörü kullanılmıştır. Hastalık indeksi ve hastalık oranı ile ilişkili toplamda 119 QTL belirlenmiş ve bunlar 25 kromozom üzerine dağılmıştır. Hastalık indeksi ile ilgili 62 QTL, fenotipik varyasyon % 3.7-12.2 arasında olduğu ve bu QTL'lerin 24 kromozom üzerinde bulunduğunu; hastalık yoğunluğu ile ilgili 59 QTL'in, fenotipik varyansı % 2.3-21.3 arasında açıkladığını ve bu QTL'lerin 19 kromozom üzerinde dağıldığını bildirmişlerdir. 18 QTL kümesinde 40 adet QTL tanımlandığını bildirmişlerdir. Tanımlanan bu QTL ve kümelerin upland pamukta *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılık genini klonlanmasında önemli adım olabileceğini ve kompleks genetik tabanın anlamak için yararlı bilgi sağlayabileceğini bildirmişlerdir.

Zhao ve ark. (2017), 120 bireylik popülasyonu kullanarak solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilişkili yaptıkları haritalama çalışmasında, kromozom 9 üzerinde elde ettikleri 100 VW QTL'lerinin genomun 14.453.469-55.190.112 bp'lik alanı kapsadığını bildirmişlerdir. Geniş spektrumlu VW dayanıklı olan qVW-D9-1'in QTL i23734 Gh, i10740 Gh ve JESPR001 QTL'leri ile yakın ilişki içinde olduğunu belirtmişlerdir. Sonuç olarak, *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılığın iki büyük QTL ve birkaç lokus tarafından kontrol edildiğini, qVW-D9-1 QTL'inin iki büyük QTL ile yakın ilişki içinde olduğunu ve JESPR001'de dayanıklılık genlerinin tespit edildiğini, elde edilen aday genlerin solgunluğa dayanıklılık ile ilişkili QTL belirlemede genlerin tespit edilmesi ve karakterizasyonunda önemli rol oynayabileceğini belirtmişlerdir.

Abdelraheem ve ark. (2017), farklı çalışmalardan faydalanarak yaptıkları derlemede, biyotik ve abiyotik streslere dayanıklılıkla ilişkili bulunan QTL'leri Meta-analiz Biomarkör programı kullanarak QTL eşleşmesi yaptıkları çalışmada, *Verticillium solgunluğuna* ile alakalı 201 adet QTL tespit ettiklerini bildirmişlerdir. VW içinde olduğu 28 QTL Cr4 üzerinde olduğunu, ayrıca Krm1-Krm13. kromozom arasında A-alt genomunda 83 adet QTL olduğunu, Krm14-Krm26. kromozom arasında D-alt genomunda 118 adet QTL olduğunu açıklamışlardır.

Zhao ve ark. (2018), sera koşullarında *G. hirsutum* L. türüne ait solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) hassas Sumian 8 ile *G. barbadense* L. türüne ait dayanıklı çeşit olan H7124 melezlenmesi ile elde edilen F<sub>2</sub> popülasyonunu kullanılarak solgunluk hastalığına (*Verticillium dahliae* Kleb.) dayanıklılıkla ilişkili yaptıkları genetik haritalamada, yaprak dökmeyen patotip olan BP2 izolatına karşı dayanıklılıkla ilişkili 2 adet QTL belirlediklerinin, bunların *qVW-BP2-1*, *qVW-BP2-2* QTL'leri olduğu ve fenotipik varyansın % 16.38-22.36 arasında bulunduğunu bildirmişlerdir.

### **2.3. Pamukta yapılan diğer moleküler çalışmalar**

Li ve ark. (2016), Upland pamukta 172 adet çeşidin ilişkilendirme haritalaması yöntemiyle bitki yüksekliği, ilk meyve dalı boğum yüksekliği, toplam meyve dalı, meyve dalı ve meyve dalı köşeleri karakterleri ile QTL belirleme çalışması yapmışlardır. 101 adet polimorfik SSR markörü elde edilen 267 allel MLM yöntemine göre 66 markör özelliklerle ilişkili bulunurken, 35 markörün ise ortak olarak belirlendiğini bildirmişlerdir. Bu 35 adet markörün incelenen özelliklerin elde edilmesi amacıyla markör destekli seleksiyonda kullanılabileceği belirtilmiştir.

Samer ve ark. (2015), türler arası melezleme ile elde edilen F<sub>2</sub> ( Giza 45 x Tamcot Luxor) popülasyonunda 60 bireyde erkencilik, lif kalitesi ve verimle ilgili QTL belirleme ve bağlantı haritası oluşturmayı hedefledikleri çalışmalarında toplam 50 EST, 18 EST-SSR, 36 SSR, 64 AFLP primer kombinasyonu kullanılmıştır. Çalışmada toplamda 3503.8 cM uzunluğunda 26 bağlantı grubuna dağılmıştır. Çalışma sonucunda erkencilik, verim ve lif kalitesiyle ilişkili 81 QTL elde edildiğini bunlardan erkencilikle ilişkili olan 26 QTL'in 9 bağlantı grubuna (LG2, LG3, LG7, LG9, LG10, LG11, LG12, LG16, LG21, LG26) dağıldığını bildirmişlerdir.

Zhang ve ark. (2015), daha iyi lif kalitesinin elde edilmesi amacıyla allotetraploid TM-1 (*G. hirsutum* L.) GBS metodu ile sekanslamışlardır. TM-1 ve Hai 7124 melezlenmesi ile elde edilen 59 F<sub>2</sub> bireyinden geliştirilen ultra yoğunluklu harita elde edilmiştir ve belirlenen SNP 'ler 26 bağlantı grubuna dağıldığını bildirmişlerdir.

Jia ve ark. (2016), 137 hattın oluşan RIL popülasyonunda erkencilikle ilişkili özellikleri belirlemek amacıyla 6295 SNP markörü içeren 6434 lokusun elde edildiği yüksek yoğunlukta genetik harita elde edilmiştir. Markörler arası mesafenin 0.63 olarak belirlenmiştir. Erkencilikle ilişkili 247 QTL bölgesinin belirlendiği haritalama çalışmasında özellikle D3 kromozomunda tüm erkencilik karakterleriyle ilişkili QTL bölgelerinin yakın ilişkili olmasının oldukça önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Qi ve ark. (2017), F<sub>2</sub> popülasyonunda GBS yöntemi ile yaptıkları bitki boyu, ilk meyve dalı yüksekliği ve boğum sayısı ile gövde de yer alan vejetatif dalların sayısı gibi morfolojik karakterlerle ilgili QTL bölgeleri tanımlamışlardır. Toplam da 3187 markörün kullanıldığı haritalama çalışmasında 26 bağlantı grubu elde edildiğini bildirmişlerdir. Çalışmada markörler arası genetik mesafe 0.001-31.16 cM arasında, haritanın toplam genetik mesafesi 3828.55 cM, markörler arasındaki ortalama genetik mesafe 0.687 cM olarak bildirilmiştir. İncelenen özellikler ile ilişkili QTL bölgeleri ile aday genlerin belirlenmesi sağlanmış olup bu özellikler için 17 adet QTL belirlenmiştir.

Sun ve ark. (2017), lif kalitesi için farklı bölgelerden elde edilen pamuk tohumları ile yaptıkları ilişkilendirme haritalaması çalışmasında, lif kalitesi ile ilgili QTL bölgelerinin belirlenmesi için yaptıkları haritalama çalışmasında bütün genom üzerine 10511 SNP elde etmişlerdir. Lif kalitesi ile önemli ilişkili olan 46 adet SNP, lif uzunluğuna mukavemet ile ilişkili 2 adet QTL'in A07 ve D11. kromozomlar üzerinde olduğunu bildirmişlerdir.

Ravichandran ve ark. (2019), RIL popülasyonunda lif kalite özellikleri üzerine yaptıkları haritalama çalışmasında SSR markörü ile yaptıkları çalışmada 120 adet polimorfik markörüyle toplam genetik mesafe 2883.3 cM ve 18 adet bağlantı grubu elde edilmiştir.

Zhang ve ark. (2019), lif kalite özelliklerinden lif uzunluğu ile ilişkili 355 adet genotiple GWAS ve bağlantı haritalaması yapmışlardır. Elde edilen 93250 adet SNP markörü toplamda 3848.29 cM uzunluğunda ve markörler arası mesafe 1.41 cM uzunluğunda olduğunu bulmuşlardır.

İlişkilendirme haritalamasında 14, bağlantı haritalamasında 14 QTL belirlenmiştir. En önemli QTL % 10'dan daha fazla fenotipik varyansa sahipve D03 kromozomu üzerinde belirlenmiştir.

Yuan ve ark. (2019), 196 adet Upland pamukta lif kalite özellikleri ile ilişkili 41.815 SNP markörü ile yaptıkları ilişkilendirme haritalama çalışmasında diğer çalışmalarla benzer genler ve pamuk tohumu besin içeriği ile de benzer bulunmuştur. Analizler sonucu 40 SNP ve 38 QTL önemli bulunmuştur. Daha önceki çalışmalarla karşılaştırıldığında 23 adet QTL ve 71 adet gen belirlenmiştir. lif kalite özellikleri ve pamuk tohumu beslenme özellikleri ile ilişkili 17 benzer gen belirlenmiştir.



### 3. MATERYAL METOT

#### 3.1. Materyal

##### 3.1.1 Bitki Materyali

Çalışmada; Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Ziraat Fakültesi, Tarımsal Biyoteknoloji Bölümü, genetik stoğunda bulunan Bulgaristan orijinli Orgosto 644 (*G. hirsutum* L.) (erkenci, lif uzunluğu; 28 cm, esneklik; 84.6, lif kopma dayanıklılığı; 28.1, lif uzama; 4.1 olurken solgunluk hastalığı yaprak dökmeyen patotipe orta derecede tolerant, yaprak döken patotipe duyarlı) ve İsrail orijinli İs 8 (*G. hirsutum* L.) (orta erkenci, lif uzunluğu; 31.3, esneklik; 83.1, lif kopma dayanıklılığı; 39.8, lif uzama; 4.1 olurken solgunluk hastalığı yaprak dökmeyen patotipe tolerant, yaprak döken patotipe orta tolerant) (Parlak, 2018; Bhatti, 2018; Çelik, 2019) çeşitlerinin melezlenmesiyle elde edilen 112 adet (F<sub>6</sub>) kendilenmiş saf hat kullanılmıştır. Kontrol olarak ebeveynler ile birlikte dayanıklı Giza 45 (*G. barbadense* L.) ve tolerant Carmen (*G. hirsutum* L.) (Bölek ve ark., 2005a; Erdoğan ve ark., 2006), duyarlı Çukurova 1518 (*G. hirsutum* L.) ve Acala SJ2 (*G. hirsutum* L.) (Erdoğan ve ark., 2006; Erdoğan ve ark., 2014) çeşitleri olmak üzere toplam 118 adet pamuk genotipi bitkisel materyal olarak kullanılmıştır.

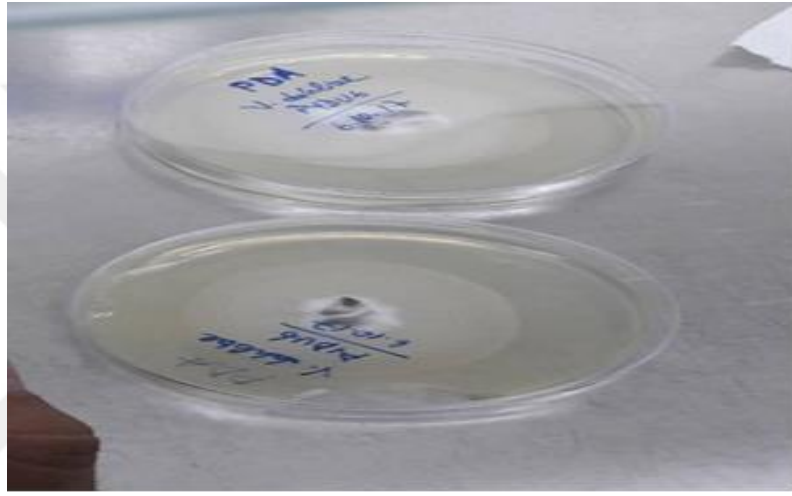
Dayanıklı kontrol çeşidi Giza 45 (geçici, lif uzunluğu; 36.7, esneklik; 86.7, lif kopma dayanıklılığı; 37.5, lif uzama; 6.3 olurken solgunluk hastalığı yaprak dökmeyen ve yaprak döken patotipe dayanıklı), tolerant kontrol çeşidi Carmen (orta erkenci, lif uzunluğu; 29.6, esneklik; 83, lif kopma dayanıklılığı; 35.5, lif uzama; 4.1 olurken solgunluk hastalığı yaprak dökmeyen patotipe tolerant, yaprak döken patotipe orta derecede tolerant), duyarlı kontrol çeşidi Çukurova 1518 (erkenci, lif uzunluğu; 28.6, esneklik; 80.7, lif kopma dayanıklılığı; 33.9, lif uzama; 4 olurken solgunluk hastalığı yaprak dökmeyen ve yaprak döken patotipe karşı duyarlı) ve Acala SJ2 (orta erkenci, lif uzunluğu; 29.1, esneklik; 83.6, lif kopma dayanıklılığı; 34.1, lif uzama; 3.6 olurken solgunluk hastalığı yaprak dökmeyen ve yaprak döken patotipe karşı duyarlı) özelliklerine sahiplerdir (Parlak, 2018; Bhatti, 2018; Çelik, 2019).

##### 3.1.2. Solgunluk testlemede kullanılan *V. dahliae* Kleb. izolatları

Pamuktan izole edilen ve virülenslikleri bilinen PYDV6 (Yaprak Döken Patotip; Adnan Menderes Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bitki Koruma Bölümü Öğretim Üyesi Prof. Dr. Kemal Benlioğlu'ndan temin edilmiştir) ve Vd11 (Yaprak Dökmeyen Patotip; Nazilli

Pamuk Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden temin edilmiştir) izolatları hastalık testlemelerinde kullanılmıştır (Şekil 3.1).

Yaprak Dökmeyen Vd11 izolatı orta derece de virüent olup 22-24°C sıcaklık isteği ile iletim demetlerinin tıkanmasına, yapraklarda klorozlara neden olarak solgunluğa sebep olurken, yaprak dökken PYDV6 izolatı ise daha virüent izolat olup 24-27°C sıcaklık isteği ile iletim demetlerinde tıkanmaya sebep olarak yapraklara kadar ulaşarak yapraklarda kloroz, nekroz oluşturmakta ve daha sonra yapraklarda dökülmelere sebep olmaktadır. Hastalığın her iki patotipi de bitkide verim kaybı ve lif kalite özelliklerini olumsuz etkilemektedir.



Şekil 3.1. Solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) izolatlarının PDA besiyerinde geliştirilmesi

### 3.2. Metot

Çalışma, iklim odası şartlarında solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) hastalık testlemeleri ve bu hastalık ile ilişkili QTL belirleme çalışmalarını kapsamaktadır.

#### 3.2.1. Rekombinant kendilenmiş saf hat (RIL) popülasyonunun geliştirilmesi

Ebeveyn olarak kullanılan genotiplerin melezlenmesi yapıldıktan sonra, F<sub>1</sub>, F<sub>2</sub> ve F<sub>3</sub> kademeleri her yıl kendileme yapılarak tarla şartlarında elde edilmiştir (Şekil 3.2). Kendileme işlemleri kafes yardımıyla gerçekleştirilmiştir. Daha sonra bir yılda iki generasyon elde etmek için sera şartlarında F<sub>6</sub> kademesine kadar kendilemelere devam edilmiştir (Şekil 3.3). Orgosto 644 (♀) ve İs 8 (♂) ebeveynlerinin melezlenmesi ile F<sub>6</sub> saf hatlarının geliştirilmesine kadar yapılan çalışma planı Şekil 3.4'de verilmiştir.



Şekil 3.2. Tarla şartlarında popülasyon geliştirme ve kendileme çalışmaları





Şekil 3.3. Sera şartlarında kendileme ve generasyon atlama çalışmaları



Melezleme için ebeveyn bitkilerin ekimi		
<div style="display: flex; justify-content: space-around; align-items: center;"> <div style="border: 1px solid black; padding: 5px; text-align: center;">Orgosto 644</div> <div style="border: 1px solid black; padding: 5px; text-align: center;">is 8</div> </div> <div style="text-align: center; margin-top: 10px;"> <math>\swarrow</math> X <math>\nwarrow</math> </div>	Ebeveynler	
F <sub>1</sub>	2009	Kendileme çalışmaları
F <sub>2</sub>	2012	
F <sub>3</sub>	2015	
F <sub>4</sub>	2015	
F <sub>5</sub>	2016	
(F <sub>6</sub> ) Kendilenmiş saf hatların elde edilmesi ve hastalık testlemeleri ve kantitatif özellik lokuskalarının belirlenmesi		

Şekil 3.4. Kendilenmiş saf hatların oluşturulmasında kullanılan çalışma planı

### 3.2.2. İklim odası testlemeleri

#### 3.2.2.1. *Verticillium dahliae* Kleb. kültürlerinin hazırlanması

Pamuktan izole edilen ve virülenslikleri yüksek olan *V. dahliae* Kleb.'in yaprak dökten (PYDV6 izolatı) ve yaprak dökmeyen (Vd11 izolatı) patotipleri Patates Dekstroz Agar (PDA-Difco) besi yerinde soğutmalı inkübatörde (24±1°C) 2 hafta süreyle geliştirilmiştir (Şekil 3.5).



Şekil 3.5. *Verticillium dahliae* Kleb. izolatların sıvı besiyerine ekimi ve geliştirilmesi

### 3.2.1.2. Toprağın hazırlanması

Saksılarda kullanılacak olan toprak, 1/3 perlit + 1/3 kum + 1/3 torf oranlarına göre homojen olacak şekilde karıştırılmış ve plastik poşetlere konularak 121°C’de otoklav da steril edilmiştir. Daha sonra ekimin yapılması için plastik saksılara konularak hazır hale gelmiştir.

### 3.2.1.2. Ekim yapılacak saksıların hazırlanması

Ekim işlemleri 250 mL’lik plastik bardaklara (saksı) yapılmıştır. Her bir bitki için 5 tekrarlı plastik saksı kullanılmış olup, saksılara daha önce steril edilen topraklar eklenmeden önce altlarına suyun topraktan rahat süzülmesi için delikler açılmıştır.

### 3.2.1.3. Pamuk fidelerinin iklim odasında yetiştirilmesi

Steril haldeki toprak karışımı saksılara doldurulduktan sonra her bir saksıya delinte edilmiş tohumlardan 4’er adet ekim yapılmıştır. İklim odasında  $24 \pm 1^{\circ}\text{C}$ ’de 12 saat aydınlık / 12 saat karanlık olacak şekilde tesadüf parselleri deneme desenine göre 5 tekerrürlü olarak deneme yürütülmüştür. Deneme aşamasında gübre vb kimyasal kullanılmamış ve bitkilerin su isteğine göre saf su ile sulama yapılmıştır. Fideler kotiledon yapraklı döneme geldiklerinde her saksı da bir fide kalacak şekilde seyreltme yapılmıştır (Şekil 3.6).



Şekil 3.6. İklim odasında fidelerin yetiştirilmesi

#### **3.2.1.4. *Verticillium dahliae* Kleb. izolatlarının sıvı besi yerinde geliştirilmesi**

*V. dahliae* Kleb.'in PYDV6 ve Vd11 izolatlarına ait sporların çoğaltımı için patojenin hızlı gelişebileceği sıvı besi yeri bitkilerin kotiledon yapraklı döneminde hazırlanmıştır. Bu amaçla, 1 L su içerisine 7.5 g sükröz, 0.5 g KCl, 1 g K<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, 2 g NaNO<sub>3</sub>, 0.5 g MgSO<sub>4</sub>.7H<sub>2</sub>O, 0.01 g FeSO<sub>4</sub>.7H<sub>2</sub>O eklenmiş ve her bir patotip için hastalık uygulamasında kullanmak üzere her bir patotip için yaklaşık 3 L besi yeri hazırlanmıştır. Daha sonra bu besi yerleri 121°C'de 15 dakika boyunca otoklav edilmiş ve oda sıcaklığında soğumaya bırakılmıştır. Oda sıcaklığına gelen besi yerine PDA besi yerinde geliştirilen ve virülenslikleri bilinen 14 günlük PYDV6 (yaprak döken) ve Vd11 (yaprak dökmeyen) izolatlarından 100 mL'ye 1 adet olacak şekilde 0.5 mm agar diskler alınarak sıvı besi yerine aktarılmış ve 14 gün boyunca çalkalayıcı da karıştırılarak sıvı kültür hazırlanmıştır (Şekil 3.5).

#### **3.2.1.5. Pamuk fidelerine hastalık uygulaması ve hastalık şiddetinin belirlenmesi**

Pamuk fidelerinin *V. dahliae* Kleb.'e karşı duyarlılıklarını belirlemek amacıyla yaprak döken (PYDV6 izolatı) ve yaprak dökmeyen (Vd11 izolatı) patotiplerinin inokulasyonunda konidi süspansiyon tekniği kullanılmıştır (Erdoğan ve ark., 2014). İki haftalık PYDV6 ve Vd11 izolatlarına ait sıvı besi yerinde gelişen sporlar 2 kat tülbentten süzülerek misel ve agar parçalarının süspansiyondan uzaklaştırılması sağlanmıştır. Thoma lamı yardımıyla sporların konsantrasyonu  $4 \times 10^6$  spor/mL olacak şekilde ayarlanmıştır. Hastalık inokule edilmeden önce yeni hazırlanan ve alt kısmı delinmeyen saksılara 5'er mL patojen süspansiyonu eklenmiştir. 4-6 yapraklı döneme gelen fideler içinde süspansiyon olan yeni saksılara eklenmiş ve altı deliksiz saksılarda 2 gün bekletilerek süspansiyonla kökün temas etmesi sağlanmış ve 2 günün sonunda saksıların altı delinmiştir (Şekil 3.7).



Şekil 3.7. Fidelere 4-6 yapraklı dönemde *Verticillium dahliae* Kleb. etmeninin verilmesi

Saksıda gelişen fideler hastalığın seyrine takiben yaklaşık 4-5 hafta sonra Çizelge 3.2 ve Çizelge 3.8’de verilen 0-5 skalası kullanılarak değerlendirilmiştir (Tsrör ve ark., 2001).

Çizelge 3.1. İklim odasında kullanılan 0-5 solgunluk skalası

Skala değeri	Hastalık belirtisi
0	Belirti yok
1	Yapraklarda az düzeyde kloroz (% 25’ten az solgunluk)
2	Yaprakların % 30-50’sinde orta düzeyde kloroz ve solgunluk
3	Orta düzeyde solgunluk, yapraklarda % 50-75 solgunluk
4	Yaprakların % 75’inden fazla kloroz veya solgunluk
5	Ölü bitki

### 3.2.1.6. Hastalık şiddeti indeks formülü

Saksı denemesinde yapraktaki hastalık şiddeti indeks değeri aşağıdaki formül yardımıyla hesaplanmıştır (Karman, 1971).



$$\text{Yaprakta Hastalık Şiddeti İndeksi} = \frac{(ax0) + (bx1) + (cx2) + (dx3) + (ex4) + (fx5)}{M}$$

a, b, c, d, e, f: her skala değerine giren bitki sayısı

M: toplam bitki sayısı



Şekil 3.8. Saksı denemesinde kullanılan solgunluk skalası

### 3.2.2. Solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile ilişkili QTL belirleme

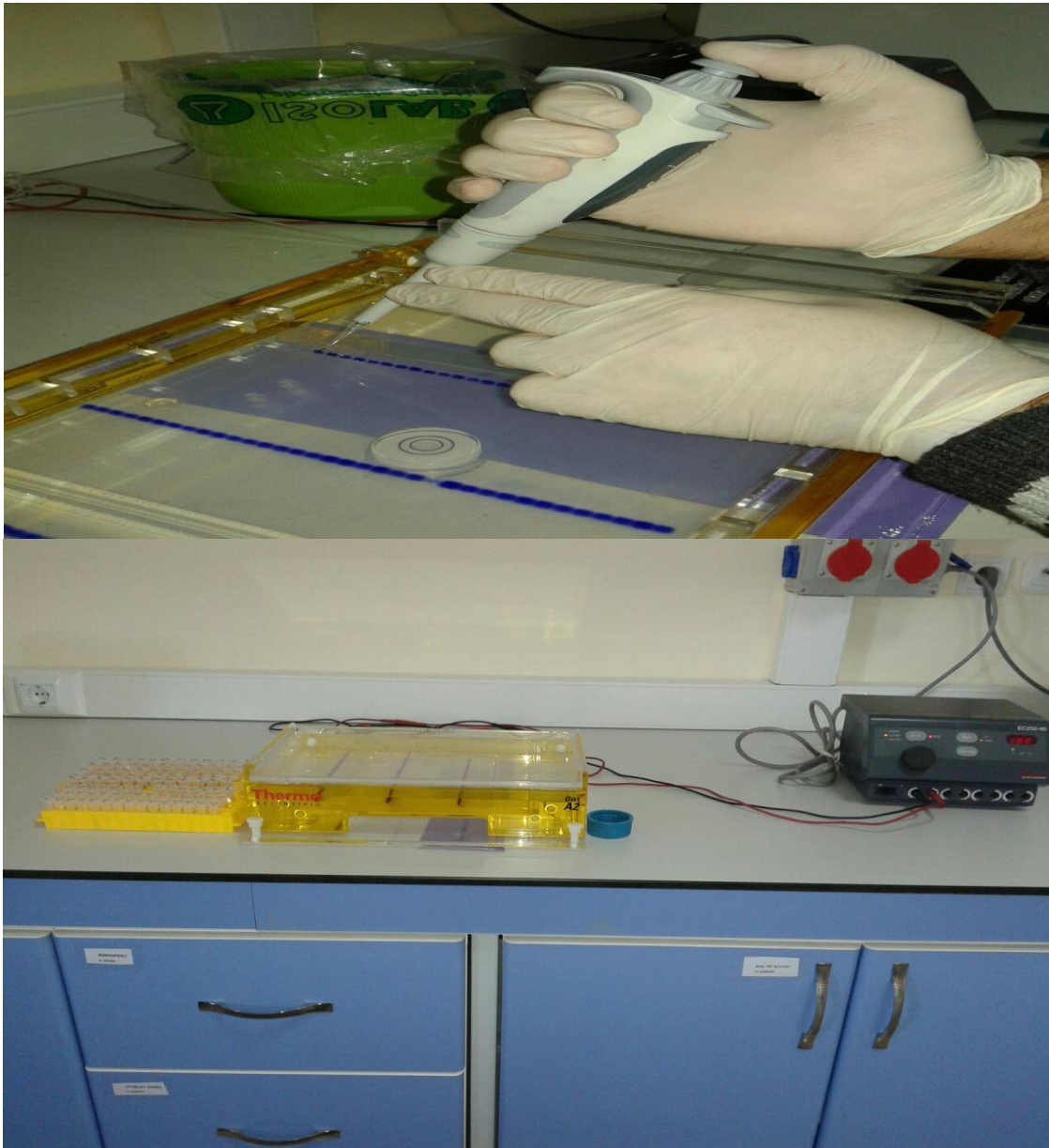
Solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.) ile ilişkili QTL belirleme çalışmasında, hastalık reaksiyonlarından elde edilen sonuçlara göre seçilmiş ebeveynlerinde dahil olduğu 94 adet bireyde, sekanslama yoluyla genotipleme (GBS; Genotyping by sequencing) analiz yöntemiyle elde edilen tek nükleotid polimorfizmi (SNP; Single nucleotide polymorphism) kullanılmıştır.

#### 3.2.2.1. Bitkilerin yaprak örneklerinin alınması ve DNA izolasyonu

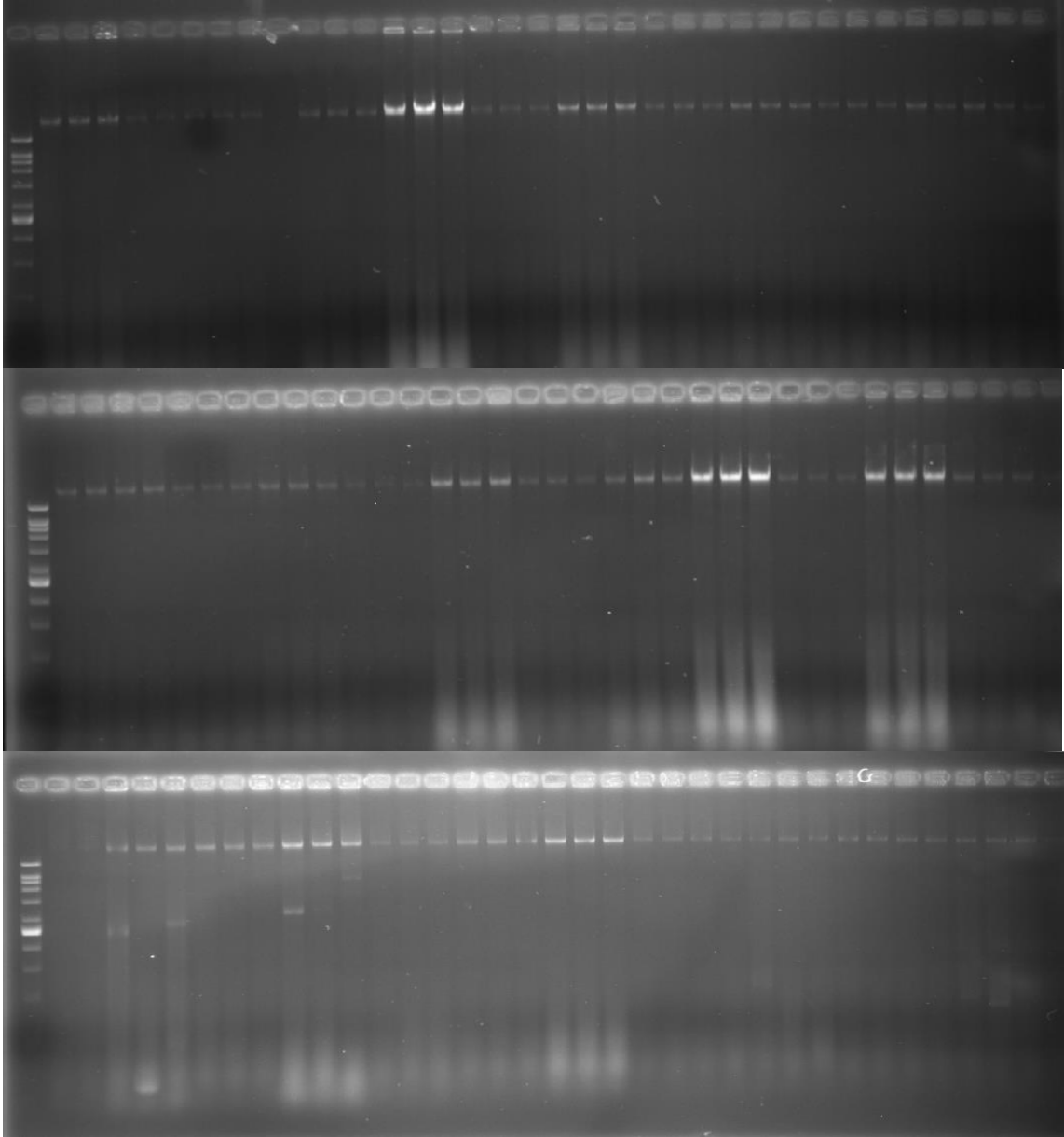
Yaprak örnekleri her bir bitkiden yaklaşık 0.3-0.5 g genç yaprak alınarak sterilsaf su ile yıkanmış ve 0.2 mL ependorf tüplere konularak etiketlenmiş ve kuru buz içerisinde muhafaza edilmiş ve DNA izolasyonuna kadar -80°C derin dondurucuda muhafaza edilmiştir. DNA izolasyonunda Zhang ve Steward (2000)'in geliştirdiği ve Bardak (2012)'in modifiye ettiği pamuk DNA izolasyon protokolü kullanılmıştır.

### 3.2.2.2. DNA konsantrasyonu ve saflığının belirlenmesi

İzolasyonları yapılan pamuk DNA'ları % 1'lik Agaroz jelde TAE [(1XTAE; 4.84 g Tris, 1.142 mL Asetik Asit, 2 mL 0.5 Molar (M) EDTA (Tris-Asetat-EDTA, Ph:8)] çözeltisi içerisinde 50 mA elektrik akımında elektroforez yapılarak ultra viyole (UV) ışık altında görüntüleme yapılmıştır (Şekil 3.9; Şekil 3.10). Ayrıca izole edilen DNA'ların konsantrasyon ve saflık dereceleri Nanodrop Spektrofotometre 2000 yardımıyla belirlenmiştir. Saflık ve konsantrasyonları ayarlanan 94 adet DNA özel bir plate konularak Diversity Array Technology (Canberra/Avustralya) firmasına gönderilmiştir.



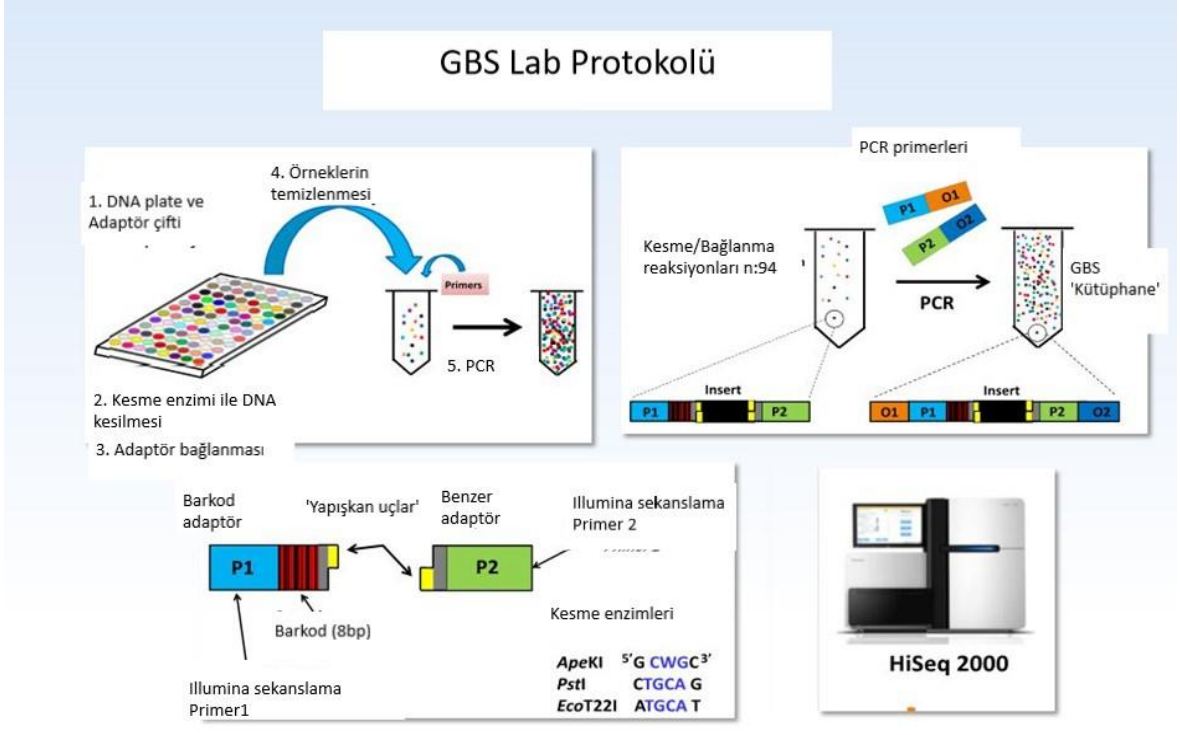
Şekil 3.9. Genomik DNA'ların agaroz jele yüklenmesi



Şekil 3.10. Genomik DNA'ların agaroz jel görüntüsü

### 3.2.2.3. Sekanslama yoluyla genotipleme (GBS) yöntemiyle tek nükleotid polimorfizmlerinin (SNP) belirlenmesi

GBS analizleri Elshire ve ark. (2011) ve Poland ve ark. (2012)'in uyguladıkları yönteme göre DART (Diversity Array Technologies) firmasından hizmet alımı şeklinde gerçekleştirilmiştir. Ham dizi verilerinin elde edilmesi ve SNP'lerin belirlenmesi ve diğer işlemler Şekil 3.11'de gösterilmiştir.



Şekil 3.11. GBS yönteminde iş akışı

### 3.2.3. İstatistiksel analizler

Fenotipik varyasyonlara ait varyans analizleri Tesadüf parselleri deneme desenine göre JMP (version 11.0) programında yapılmış ve ortalamalar Student t testine göre ( $p < 0.05$ ) göre karşılaştırılmıştır. Frekans grafikleri ortalamalar kullanılarak Microsoft Excel'de yapılmıştır.

Markörlerin, gen farklılığı, heterozigotluk ve polimorfizm bilgi içerikleri (PIC) PowerMarker (version 3.25) paket programı kullanılarak yapılmıştır (Liu and Muse, 2005).

SNP sonucu elde edilen markörlerin kromozomlar üzerinde haritalanması WinQTLCart (Wang ve ark., 2012) programı ile belirlenmiştir. Programda 'Tek Markör Analizi' ile SNP markörlerinin test istatistikleri önem düzeyi, kıkare ( $\chi^2$ ) ve  $r^2$  olarak belirlenmiştir. Sonuç olarak kullanılan markörler % 5 (\*), % 1 (\*\*), % 0,1 (\*\*\*) olarak önem düzeyinde belirlenmiştir. Composit Interval Haritalama (CIM) yöntemi ile standart program ayarları kullanılarak LOD değeri ( $LOD \geq 2,5$ ) olan kantitatif karakter lokusları belirlenmiş ve grafik üzerinde gösterilmiştir.



Ayrıca kendilenmiş saf pamuk hatlarının *Verticillium solgunluk* hastalığı ile ilişkili SNP markörü belirlemede farklı bir yaklaşım olan ilişkilendirme haritalaması (Association Mapping) için TASSEL 5 (Braubury ve ark., 2007) bilgisayar paket programı kullanılmıştır. STRUCTURE (Pritchard ve ark., 2010) programında TASSEL programında kullanılmak üzere popülasyon genetik yapısını temsil eden Q matris verileri hesaplanmıştır. Bu amaçla öncelikle GBS metodu sonucu elde edilen SNP markörlerinin minör allel frekansı 0.05'den küçük olanlar ( $MAF < 0.05$ ) program yardımıyla belirlenerek çıkarılmış ve datalar analize hazır hale getirilmiştir. Filtrelemeden sonra TASSEL paket programında bağlantı denksizliği (LD; linkage disequilibrium) hesaplanmış fenotip, genotip, ve Q matris verileri kullanılarak TASSEL programında genel linear modelde (GLM) ilişkilendirme yapılmıştır.

Genel linear modelin (GLM) doğrulaması olan karışık linear modelde (MLM) ilişkilendirmede fenotip, genotip, Q matris ve TASSEL programından elde edilen kinship matris verileri kullanılmıştır. Her iki modelde de her bir özellik için ayrı ayrı Manhattanplot grafikleri çizilmiştir.

## 4. BULGULAR ve TARTIŞMA

### 4.1. İklim odası testlemesi

112 kendilenmiş saf hat, iki ebeveyn ve dayanıklı (Giza 45 ), tolerant (Carmen), duyarlı (Çukurova 1518 ve Acala SJ2) çeşitleri iklim odasında plastik saksılarda yetiştirilerek 4-6 haftalık dönemde sağlıklı fidelere patojen inoküle edilmiş ve genotiplerin solgunluk belirtileri değerlendirilmiştir. Solgunluk belirtileri, yaprak dökmeyen patotipin (Vd11 izolatu) inoküle edildiği bitkilerle yaprak dökken patotipin (PYDV6 izolatu) inoküle edilen bitkiler arasında farklılık göstermiştir. Yaprak dökmeyen patotiplerde solma belirtileri daha fazla görülürken, yaprak dökken patotipte hem solgunluk hem de yaprak dökme daha fazla görülmüştür. Testlemede kullanılan hatlar yaprak dökmeyen patotipe karşı tolerant bir etki gösterirken, yaprak dökken patotipe karşı daha duyarlı oldukları belirlenmiştir.

#### 4.1.1. Pamuk genotiplerinin *V. dahliae* Kleb.'in yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipine karşı reaksiyonları

Kendilenmiş saf hatların iklim odası testlemede yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipine karşı reaksiyonları incelenmiş, varyans analizi sonuçları Çizelge 4.1'de verilmiştir.

Patojenin yaprak dökmeyen patotipine karşımelez genotiplerarasındaki farkın çok önemli ( $p \leq 0.01$ ) olduğu belirlenmiştir.

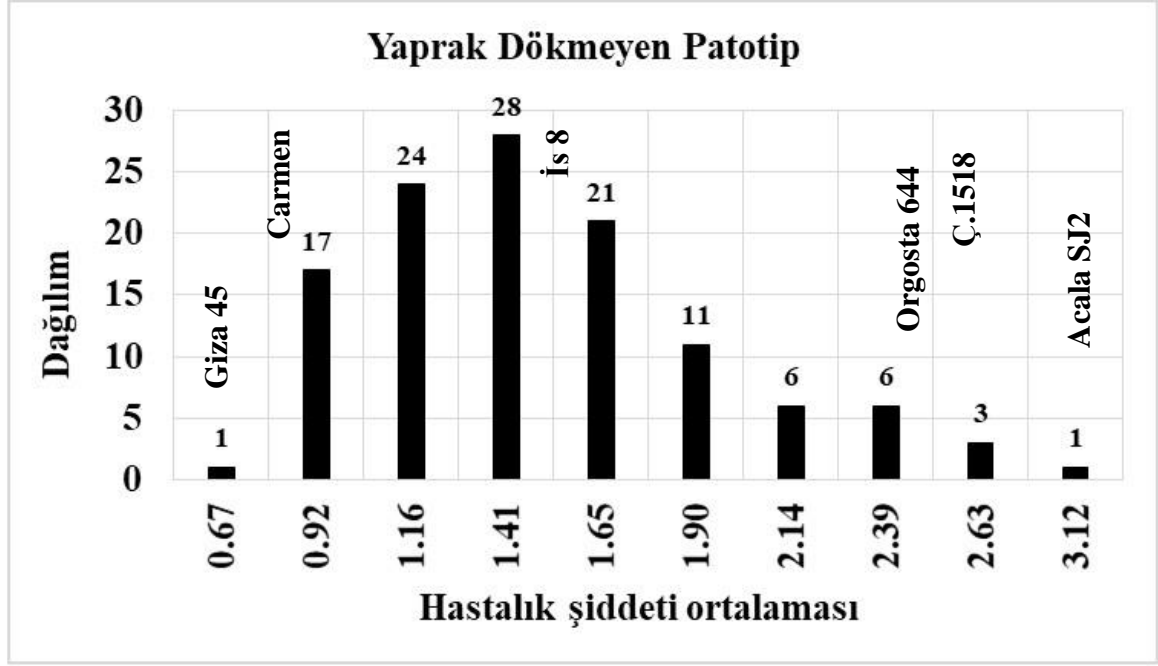
Çizelge 4.1. Yaprak dökmeyen (Vd11 izolatu) patotipin hastalık şiddeti varyans analiz tablosu

VK	SD	KT	KO	F
Genotip	117	97.576	0.834	2.04**
Hata	354	144.825	0.409	
Toplam	471	242.400		
CV (%)	15			

\*\*,  $P < 0.01$ ; VK; Varyans kaynağı; SD; serbestlik derecesi; KT; Kareler toplamı; KO; Kareler ortalaması

Yaprak dökmeyen patotipe karşı kendilenmiş saf hat bireylerinde 11 adet hat ( $H\hat{S}\hat{I} < 0.89$ ) tolerant konroller Giza 45 ve Carmen genotipleri ile aynı grupta yer almışlar ve tolerant olarak belirlenmişlerdir.

Duyarlı kontrol Çukurova 1518 ve Acala SJ2 genotipleri ile ebeveynlerden Orgosto 644 genotipi aynı grupta ( $H\dot{S}\dot{I}>2.26$ ) yer almışlardır. Ayrıca kendilenmiş saf hat bireylerinden ise 5 adet hat duyarlı kontroller ile aynı grupta yer almışlardır (Şekil 4.1 ve Çizelge 4.2). Elde edilen bu sonuçla oluşturulan kendilenmiş saf hat popülasyonunun yaprak dökme patotipe karşı geniş bir dağılım gösterdiği ve genetik haritalama ve markör belirleme çalışmalarında model popülasyon olarak kullanılabilmesi düşünülmektedir.



Şekil 4.1. Genotiplerin iklim odasında yaprak dökme (Vd11 izolatı) patotipine karşı hastalık şiddeti frekans tablosu

Saf hat bireylerinin yaprak dökme patotipe karşı reaksiyonlarının ortalaması 1,37 indeks değeri ile hastalığa karşı tolerant bir yapıya sahip olduğu görülmektedir ve saf hatların hastalığa karşı gösterdikleri hastalık şiddeti indeksi ( $H\dot{S}\dot{I}$ ) ortalamaları Çizelge 4.2’de verilmiştir. Hastalık şiddeti ortalaması en yüksek olan bireyler kontrol grubu olan Çukurova 1518 ve Acala SJ2 çeşitlerinin olduğu (Erdoğan ve ark., 2011, 2015; Göre ve ark., 2014) kullanılan M6-72 numaralı hattın duyarlı kontroller ile birlikte en yüksek hastalık şiddeti indeksine ( $H\dot{S}\dot{I}:2.57$ ) sahip olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.3).

Melezleme de kullanılan ebeveynlerin hastalık testlemede Vd11 izolatına karşı İS 8 genotipinin ( $H\dot{S}\dot{I}:1.12$ ) tolerant, Orgosto 644 genotipinin ( $H\dot{S}\dot{I}:2.57$ ) ise duyarlı olduğu belirlenmiştir.

*G. hirsutum* L. türünün solgunluk hastalığına karşı *G. barbadense* L. türüne göre daha duyarlı olmasına rağmen (Bell, 1999; Wilhelm ve ark., 1974; Fang ve ark., 2013) elde edilen popülasyonun daha çok tolerantlık eğilimi göstermesi, oluşturulan popülasyon için doğru ebeveyn seçildiğini göstermektedir.

Vd11 izolatına karşı M6-214, M6-171, M6-203 ve M6-59 numaralı hatlar orta derece de tolerant hatlar olarak öne çıkmaktadır (Şekil 4.2). Ayrıca hastalık testlemede M6-186, M6-155, M6-136, M6-207, M6-163, M6-164 numaralı hatlar ise tolerant bireyler olarak öne çıkmaktadır (Şekil 4.2). Fang ve ark. (2014), tür içi (*G. hirsutum* L.) RIL popülasyonunda yaptıkları deneme de hem ebeveynlerin hem de saf hatların yapraklar da görülen kloroz yoğunluğunun zamanla arttığını bildirmişler ve oluşturdukları popülasyonun *Verticillium* solgunluğuna tolerant olduğu bildirirken, yaptığımız bu çalışma ile örtüşmektedir. Ayrıca Jiang ve ark. (2009), intraspesifik (*G. hirsutum* L.) F<sub>2</sub> ve gerimelez popülasyonlarında yaptıkları çalışmada bitki yapraklarının yaklaşık %50'sinin infekte olduğunu bildirmişlerdir. Yaprak dökmeyen patotipe karşı hatlarda infekte olan yaprak oranı %10 ile %96 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Çalışmada yaprak dökmeyen patotipe karşı popülasyon ortalaması toleranta yakın olması çalışmamızı önemli kılmaktadır.

May ve ark. (2008), F<sub>2</sub> popülasyonunda arazi şartlarında *Verticillium* solgunluğuna karşı yaptıkları çalışmada farklı zamanda yaptıkları ölçümlerde yapraklarda hastalığın görülmesinin zamanla azaldığı ve segregasyonun dayanıklı yönünde olduğunu bildirmişlerdir. Palanga ve ark. (2017), RIL hatlarda yaptıkları hastalık şiddeti ve oranının belirlenmesi çalışmasında 15 ve 30 günde yaptıkları ölçümde hastalık şiddeti ve oranının zamanla arttığını bildirmişlerdir. Çalışmada hastalığın yapraklarda görülme oranı 30 gün ölçümünde %50'yi geçtiğini de bildirmişlerdir. Bizim çalışmamızda hatların tolerant bir eğilim gösterdikleri ve yapraklar da daha az kloroz oluşumu belirlenmiştir.

Çokkızgın (2015), F<sub>2</sub> ve genetik stok materyallerinde yaprak dökmeyen patotipe karşı iklim odası hastalık testlemede, F<sub>2</sub> popülasyonunda yaprak dökmeyen patotipe karşı 3.26 ile 0.60 arasında ve ortalama hastalık şiddet indeks değerini 1.36 olarak belirlemiştir. Ayrıca genetik stok materyallerinde ise ortalama hastalık şiddeti indeksini 1.47 belirlediği ve çalışmamızla örtüştüğü saptanmıştır.

Çizelge 4.2. Genotiplerin Yaprak dökme (Vd11 izolatu) patotipe karşı hastalık şiddeti indeksi ortalama değerleri

Genotip		Ortalama	Genotip		Ortalama	Genotip		Ortalama
<b>Acala SJ2 (Du)</b>	a	3.12	M6-156	e-y	1.47	M6-159	j-y	1.12
<b>Orgosto 644</b>	a-b	2.57	M6-131	e-y	1.46	M6-119	k-y	1.1
M6-72	a-b	2.57	M6-183	e-y	1.45	M6-11	k-y	1.09
<b>Çukurova 1518 (Du)</b>	a-b	2.55	M6-85	e-y	1.45	M6-139	l-y	1.07
M6-214	a-c	2.43	M6-51	e-y	1.42	M6-79	l-y	1.07
M6-171	a-d	2.37	M6-144	e-y	1.42	M6-193	l-y	1.06
M6-203	a-e	2.3	M6-170	e-y	1.42	M6-168	l-y	1.05
M6-59	a-f	2.27	M6-67	e-y	1.41	M6-172	l-y	1.05
M6-179	a-g	2.26	M6-52	e-y	1.41	M6-22	l-y	1.04
M6-8	b-h	2.18	M6-25	e-y	1.41	M6-147	l-y	1.04
M6-196	b-h	2.16	M6-81	f-y	1.39	M6-208	m-y	1.03
M6-92	b-i	2.07	M6-143	f-y	1.38	M6-181	n-y	1.03
M6-140	b-j	2	M6-6	g-y	1.38	M6-154	n-y	1.03
M6-34	b-k	1.98	M6-96	h-y	1.36	M6-166	o-y	1
M6-146	b-l	1.93	M6-93	h-y	1.35	M6-177	o-y	1
M6-173	b-m	1.92	M6-213	h-y	1.35	M6-142	p-y	0.98
M6-162	b-n	1.91	M6-86	h-y	1.34	M6-148	q-y	0.97
M6-185	b-n	1.89	M6-39	h-y	1.33	M6-74	q-y	0.96
M6-167	b-o	1.89	M6-184	h-y	1.33	M6-169	q-y	0.95
M6-73	b-o	1.88	M6-55	h-y	1.32	M6-209	q-y	0.95
M6-192	b-o	1.87	M6-151	h-y	1.32	M6-205	q-y	0.93
M6-83	b-p	1.87	M6-66	h-y	1.32	M6-132	q-y	0.92
M6-13	b-q	1.78	M6-111	h-y	1.31	M6-158	q-y	0.91
M6-176	b-r	1.78	M6-95	h-y	1.31	M6-24	q-y	0.91
M6-100	b-s	1.74	M6-17	h-y	1.3	<b>Carmen(T)</b>	s-y	0.89
M6-157	b-t	1.73	M6-94	h-y	1.29	M6-178	r-y	0.89
M6-160	b-u	1.72	M6-71	i-y	1.26	M6-195	r-y	0.89
M6-134	b-v	1.7	M6-200	i-y	1.25	M6-197	s-y	0.89
M6-20	c-v	1.63	M6-105	i-y	1.25	M6-138	s-y	0.88
M6-182	c-w	1.62	M6-174	i-y	1.25	M6-189	s-y	0.88
M6-65	c-x	1.58	M6-70	i-y	1.24	M6-199	s-y	0.87
M6-150	c-y	1.55	M6-7	i-y	1.23	M6-188	t-y	0.85
M6-23	c-y	1.55	M6-69	i-y	1.22	M6-186	t-y	0.85
M6-37	c-y	1.55	M6-101	i-y	1.2	M6-155	t-y	0.84
M6-40	d-y	1.51	M6-152	i-y	1.19	<b>Giza-45(Da)</b>	u-y	0.84
M6-135	d-y	1.5	M6-90	i-y	1.19	M6-136	v-y	0.83
M6-98	d-y	1.5	M6-84	i-y	1.19	M6-207	w-y	0.74
<b>İs 8</b>	j-y	1.5	M6-180	j-y	1.16	M6-163	x-y	0.73
M6-99	d-y	1.49	M6-21	j-y	1.14	M6-164	y	0.67
M6-43	e-y	1.48						

CV (%) 15; Du: Duyarlı kontrol; T: Tolerant kontrol; Da: Dayanıklı kontrol



Şekil 4.2. Vd11 izolatına karşı tolerant hatlar



Şekil 4.3. Vd11 izolatına karşı duyarlı hatlar

#### 4.1.2. Pamuk genotiplerinin *V. dahliae* Kleb.'in yaprak dökken (PYDV6 izolatu) patotipine karşı reaksiyonları

Saf hatların yaprak dökken (PYDV6 izolatu) patotipine karşı reaksiyonları incelenmiş, varyans analiz sonuçları Çizelge 4.3'de verilmiştir.

Patojenin yaprak dökken patotipine karşı kendilenmiş saf hatlar arasındaki farkın çok önemli ( $p \leq 0.01$ ) olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.3. Yaprak dökken (PYDV6 izolatu) patotipinin hastalık şiddeti varyans analiz tablosu

VK	SD	KT	KO	F
Genotip	117	169.561	1.450	3.65**
Hata	354	140.490	0.397	
Toplam	471	310.052		
CV	14			

\*\* ,  $P < 0.01$ ; VK; Varyans kaynağı; SD; serbestlik derecesi; KT; Kareler toplamı; KO; Kareler ortalaması

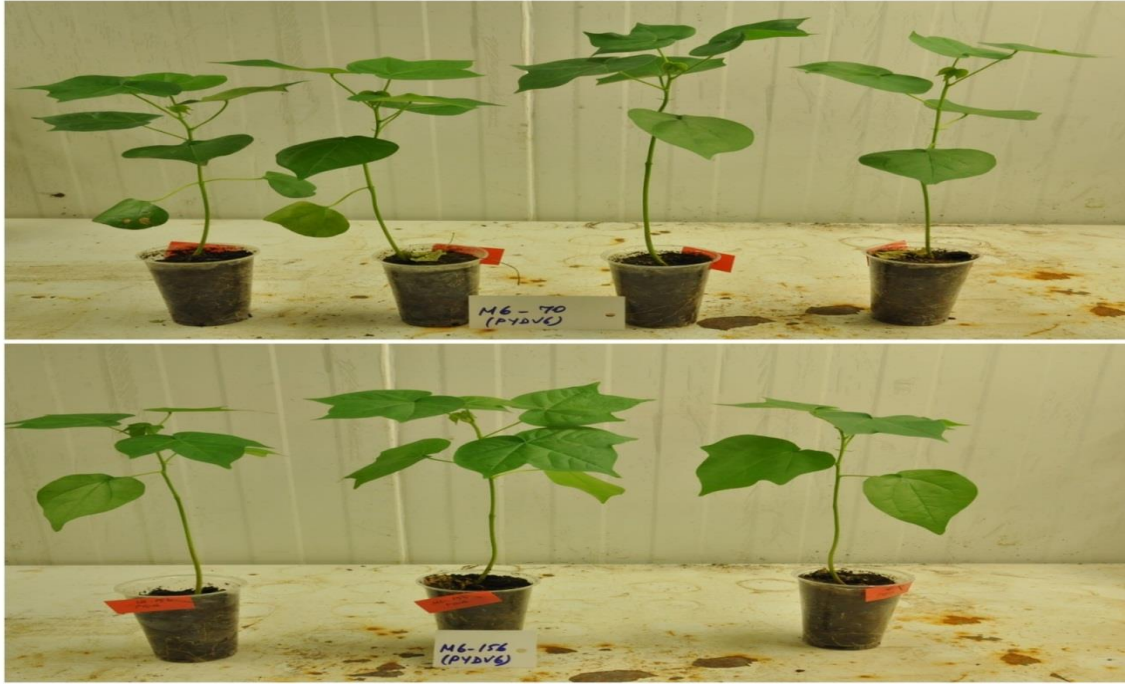
*V. dahliae* Kleb.'in yaprak dökken (PYDV6 izolatu) karşı iklim odası hastalık testlemesinde kontrol olarak kullanılan çeşitlerden en tolerant Giza 45 (1.14) genotipi belirlenirken, bunu tolerant kontrol Carmen (2.05) ve M6-156 ile M6-70 hatları takip etmiştir. Ebeveynlerden İ8 genotipi 2.72 hastalık şiddeti indeksi ile tolerant kontrollere daha yakın olduğu belirlenmiştir. 65 kendilenmiş saf hat ise en tolerant ebeveyn ile aynı grupta ve daha düşük hastalık şiddeti indeksi değerine sahip olmuşlardır. Duyarlı kontrollerden Çukurova 1518 (4.36) genotipi en duyarlı kontrol olarak belirlenirken, 16 kendilenmiş saf hat ve ebeveynlerden Orgosto 644 aynı grupta yer almışlardır (Şekil 4.4 ve Çizelge 4.4).

Hastalık testlemesi sonucu oluşturulan frekans tablosunda bireylerin orta tolerant bir dağılım gösterdikleri görülmektedir (Şekil 4.4). Yaprak dökken patotiple yapılan hastalık testlemesi sonucu kendilenmiş saf hatların ortalama hastalık şiddeti 2.79 orta tolerant olarak bulunmuştur. Hastalık testlemesinde tolerant olarak kullanılan çeşitlerden Giza45 en tolerant çeşit olup daha tolerant saf hat bulunmamaktadır. Diğer tolerant kontrol çeşit olan Carmen çeşidinde ise 2 adet saf hat (M6-156, M6-70) daha tolerant olarak belirlenmiştir (Şekil 4.5). Hastalık şiddeti ortalaması Çukurova 1518 kontrol çeşidinden daha duyarlı olan 2 adet saf hat (M6-173, M6-180) belirlenirken (Şekil 4.6), diğer kontrol çeşidi olan Acala SJ2 çeşidinden ise daha duyarlı 18 adet kendilenmiş saf hat (M6-162, M6-171, M6-174, M6-177, M6-183, M6-178, M6-182, M6-179, M6-176) belirlenmiştir (Çizelge 4.4).





Şekil 4.4. Genotiplerin iklim odasında yaprak döken (PYDV6 izolatı) patotipe karşı hastalık şiddeti frekans tablosu



Şekil 4.5. PYDV6 izolatına karşı tolerant olan saf hat



Şekil 4.6. PYDV6 izolatına karşı duyarlı saf hat



Çizelge 4.4. Genotiplerin Yaprak dökken (PYDV6 izolatu) patotipe karşı hastalık şiddeti indeks ortalama değerleri

Genotip		Ortalama	Genotip		Ortalama	Genotip		Ortalama
<b>Çukurova 1518(Du)</b>	a	4.36	M6-24	g-o	2.75	M6-43	j-o	2.5
M6-173	a	4.38	M6-52	g-o	2.75	M6-69	j-o	2.5
M6-180	a	4.38	M6-55	g-o	2.75	M6-7	j-o	2.5
M6-162	a	4.25	M6-66	g-o	2.75	M6-74	j-o	2.5
M6-171	a	4.25	M6-72	g-o	2.75	M6-85	j-o	2.5
M6-174	a	4.25	M6-93	g-o	2.75	M6-92	j-o	2.5
M6-177	a	4.25	M6-94	g-o	2.75	M6-95	j-o	2.5
M6-183	a-b	4.13	M6-96	g-o	2.75	M6-13	k-o	2.38
M6-178	a-b	4.09	M6-98	g-o	2.75	M6-147	k-o	2.38
M6-182	a-c	4	<b>İs-8</b>	h-o	2.72	M6-150	k-o	2.38
M6-179	a-d	3.88	M6-138	i-o	2.67	M6-154	k-o	2.38
M6-176	a-d	3.88	M6-73	i-o	2.67	M6-163	k-o	2.38
M6-184	a-e	3.75	M6-214	i-o	2.65	M6-21	k-o	2.38
M6-186	a-f	3.67	M6-67	i-o	2.63	M6-37	k-o	2.38
M6-181	a-g	3.63	M6-6	i-o	2.63	M6-59	k-o	2.38
<b>Orgosto 644</b>	a-h	3.59	M6-101	i-o	2.63	M6-71	k-o	2.38
M6-170	a-i	3.5	M6-11	i-o	2.63	M6-79	k-o	2.38
M6-189	a-i	3.5	M6-143	i-o	2.63	M6-100	k-o	2.38
M6-209	b-j	3.36	M6-167	i-o	2.63	M6-157	k-o	2.38
M6-197	b-j	3.33	M6-172	i-o	2.63	M6-158	k-o	2.38
M6-166	b-k	3.25	M6-51	i-o	2.63	M6-90	k-o	2.38
M6-208	c-l	3.2	M6-81	i-o	2.63	M6-196	l-o	2.33
M6-213	c-l	3.16	M6-83	i-o	2.63	M6-22	l-o	2.33
<b>Acala SJ2(Du)</b>	c-l	3.18	M6-84	i-o	2.63	M6-205	l-o	2.33
M6-164	c-m	3.13	M6-86	i-o	2.63	M6-134	m-o	2.25
M6-199	d-m	3.07	M6-200	j-o	2.55	M6-148	m-o	2.25
M6-139	d-n	3	M6-203	j-o	2.53	M6-151	m-o	2.25
M6-140	d-n	3	M6-105	j-o	2.5	M6-152	m-o	2.25
M6-160	d-n	3	M6-111	j-o	2.5	M6-195	m-o	2.25
M6-185	d-n	3	M6-119	j-o	2.5	M6-20	m-o	2.25
M6-207	e-n	2.96	M6-142	j-o	2.5	M6-65	m-o	2.25
M6-131	e-o	2.88	M6-144	j-o	2.5	M6-99	m-o	2.25
M6-135	e-o	2.88	M6-146	j-o	2.5	M6-155	n-o	2.13
M6-168	e-o	2.88	M6-188	j-o	2.5	M6-192	n-o	2.13
M6-17	e-o	2.88	M6-193	j-o	2.5	M6-8	n-o	2.13
M6-159	f-o	2.83	M6-25	j-o	2.5	<b>Carmen(T)</b>	o	2.05
M6-132	g-o	2.75	M6-34	j-o	2.5	M6-156	o-p	2
M6-136	g-o	2.75	M6-39	j-o	2.5	M6-70	o-p	2
M6-169	g-o	2.75	M6-40	j-o	2.5	<b>Giza-45(Da)</b>	p	1.14
M6-23	g-o	2.75						

CV(%) 14; Du: Duyarlı kontrol; T: Tolerant kontrol; Da: Dayanıklı kontrol

İklim odası testlemesi sonucu popülasyonun PYDV6 izolatına ait hastalık şiddeti değerleri Vd11 izolatına göre daha yüksek değerde olduğu belirlenmiştir. Bu durum, yaprak dökken patotipin yüksek virülensliğe sahip olması, enfeksiyonun iletim demetlerinde hızlı yayılmasına ve simptomların yapraklarda hızlı bir şekilde kloroza sebep olarak yaprakların dökülmesinin sonucu olarak açıklanabilir (Schnathorst ve ark., 1975; El-Zik, 1985; Bejarano-Alcazar ve ark., 1996; Göre ve ark., 2017b). Verticillium solgunluğu üzerine iklim odası, sera ve arazi testlemelerinde de kullanılan hem spesifik popülasyonlarda hem de genetik stok materyalleri üzerine yapılan çalışmalarda, bizim çalışmamıza paralel olarak yaprak dökken patotipin yaprak dökmeyen patotipten daha virülens, daha tahripkar olduğu ve üretimi sınırlandırdığı bildirilmektedir (Daayf ve ark., 1995; Wu and Wu, 1997; Korolev ve ark., 2001; Göre ve ark., 2007; Erdoğan ve ark., 2015).

Çokkızgın (2015), genetik stok materyalleri ve F<sub>2</sub> popülasyonu ile Verticillium solgunluğuna dayanıklılıkla ilgili PYDV6 patotipine karşı yaptığı hastalık testlemesinde genetik stok materyallerinin yaprak dökken patotipe karşı ortalama hastalık şiddeti indeksini 2.00 olarak belirlerken, F<sub>2</sub> popülasyonunda yaprak dökken patotipe karşı hastalık şiddeti indeksini 0.76 - 3.20 arasında ve ortalama 1.58 olarak belirlemiştir. Kullanmış olduğumuz RIL popülasyonunun araştırmacının kullanmış olduğu popülasyonlara göre daha duyarlı olduğu görülmektedir. Aynı patotipe karşı çalışmada kullanılan saf hatların yaprak dökken patotipe karşı daha duyarlı olarak belirlenmiştir.

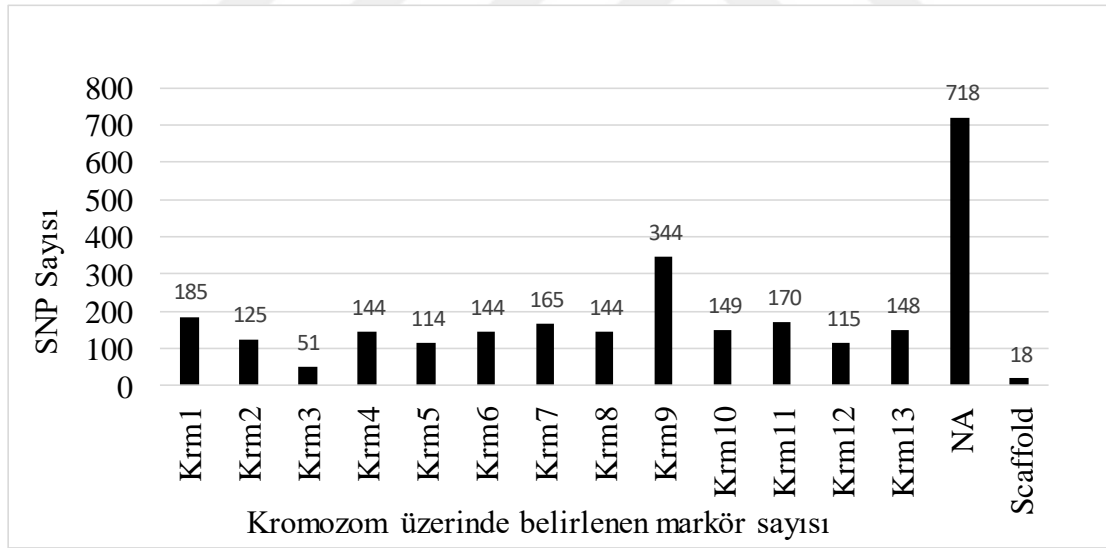
Bu çalışma ile çalışmamız arasındaki farkın kullanılan ebevyenlerden kaynaklandığı düşünülmektedir. Çünkü kullanmış olduğumuz ebevyenlerden Orgosto 644 yaprak dökken patotipine karşı oldukça duyarlıdır.

Saf hat popülasyonunda hem yaprak dökken hem de yaprak dökmeyen patotiplere karşı tolerant olan ve hastalık şiddeti ortalaması benzer olan hatlar bulunmamaktadır. Fakat yaprak dökmeyen patotipe karşı tolerant olup, yaprak dökken patotipe karşı orta düzeyde tolerant olan hatlar bulunmaktadır. Her iki patotipe karşı aynı derece de tepki gösteren hatların bulunmaması yaprak dökken patotipinin bitkiler üzerinde hastalığın daha tahripkâr ve şiddetli olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Yaprak dökken patotipe karşı duyarlı olan hatlar yaprak dökmeyen patotipe karşı tolerant bir yapıya sahip olabilmektedirler.

## 4.2. Verticillium Solgunluk Hastalığı ile İlişkili Kantitatif Karakter Lokuslarının (QTLs) Belirlenmesi

Haritalama çalışması için kullanılan 2734 adet SNP markörünün PIC değeri (Polimorphism Information Content), heterozigotluk, gen farklılığı ve majör allel frekansı değerleri belirlenmiştir. PowerMarker v3.25 programı ile SNP verisi kullanılarak analiz edilmiştir.

Saf hat popülasyonu ile yapılan çalışma da GBS (Genotyping by sequencing) yöntemi ile 2734 adet SNP markörü elde edilmiştir. Bu markörlerin 718 adediNCBI kütüphanesinde bulunan pamuktan elde edilen dizilerle örtüşürken, kromozom lokasyonları belirlenememektedir. Diğer markörler ise haploid kromozom üzerinde farklı yoğunluklarda dağılım göstermiştir. Dağılımın farklı olması kromozomların sekanslama yoğunluğuna göre benzerlik göstermektedir (Li ve ark., 2015). Markörlerin kromozom üzerinde dağılımları Krm1: 185, Krm2: 125, Krm3: 51, Krm4: 144, Krm5: 114, Krm6:144, Krm7: 165, Krm8: 144, Krm9: 344, Krm10: 149, Krm11: 170, Krm12: 115, Krm13: 148, NA: 718 ve Scaffold: 18 şeklinde olmuştur (Şekil 4. 7).

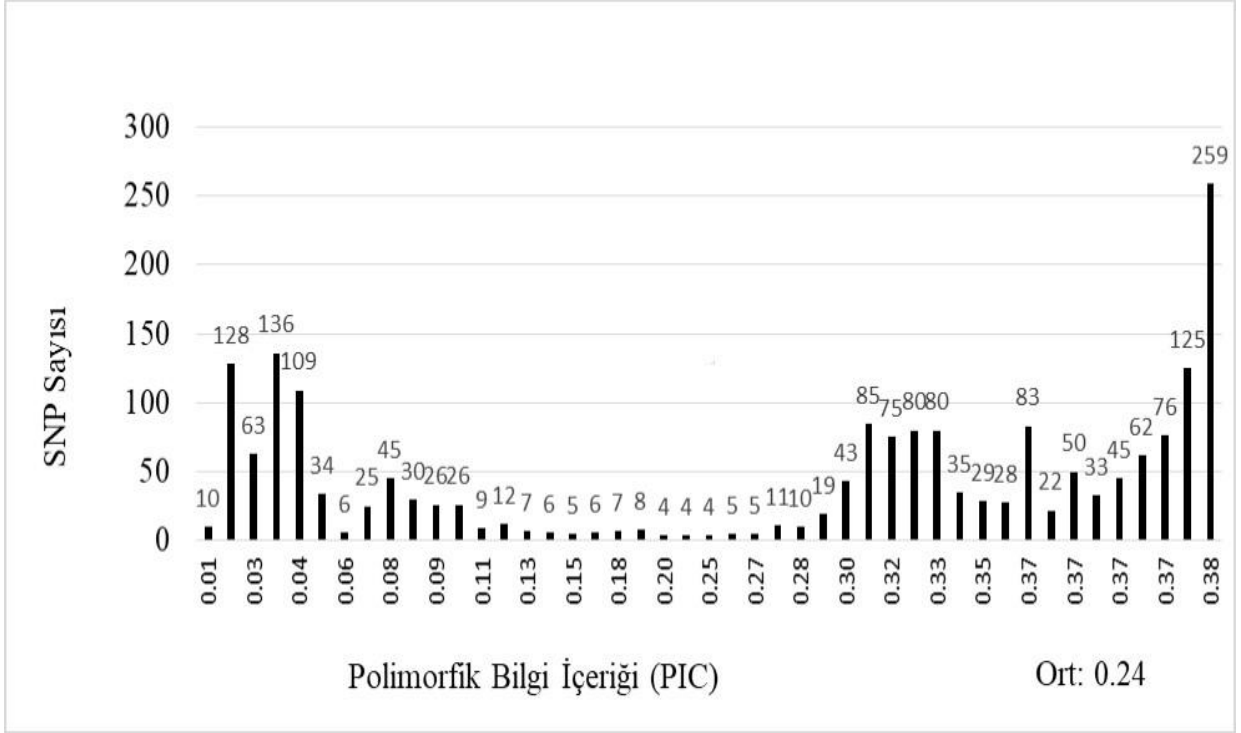


Şekil 4.7. Kromozomlar üzerinde belirlenen markör sayısı

Krm: Kromozom; NA: Lokasyon ve kromozomu bilinmeyen; Scaffold: Lokasyonu bilinip, kromozomu bilinmeyen markörler

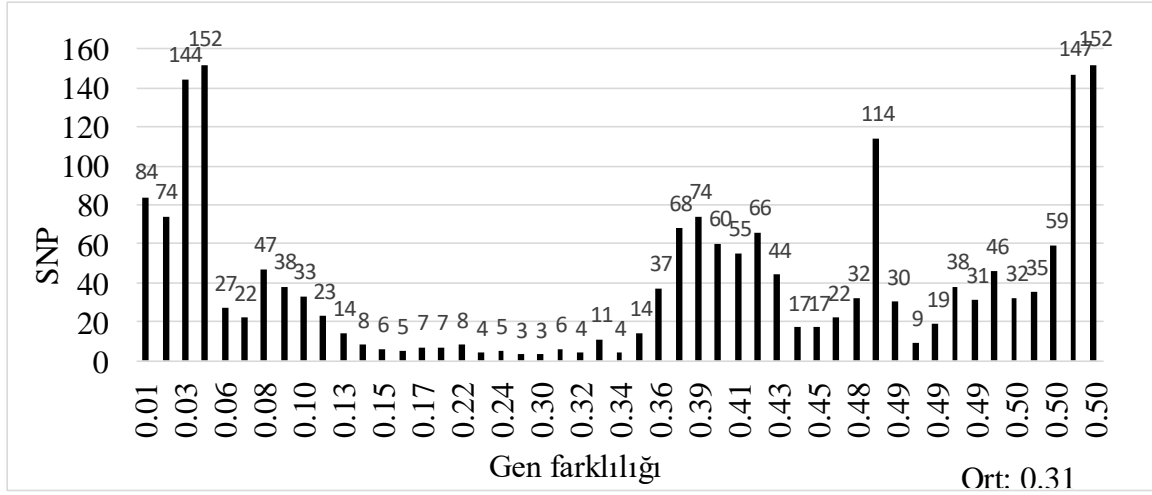
Kullanılan SNP markörlerinin polimorfizm bilgi içeriği (PIC) değeri 0.01-0.38 arasında ve ortalama 0.24 olarak belirlenmiştir (Şekil 4.8). Kullanılan markörlere ait PIC değerlerinin çok yüksek olmaması kullanılan popülasyonun tür içi melezleme ile oluşturulmasından kaynaklandığı söylenebilir. Hinze ve ark. (2015), farklı genoma sahip pamuklarda SSR markörü ile yaptıkları çalışmada ortalama PIC değerini 0.08 olarak

belirlerken, en düşük 0.01 olarak, en yüksek 0.13 olarak belirlemişlerdir. Abbas ve ark., (2015) yine SSR markörü ile yaptıkları çalışmada PIC değerini 0.16 ile 0.58 arasında olduğunu ve ortalama değerini 0.04 olduğunu belirlemişlerdir. Bertini ve ark. (2006),53 pamuk genotipinde yaptıkları çalışma ile ortalama PIC değerini 0.41 olarak belirlerken bu değerlerin 0.18 ile 0.62 arasında değiştiğini belirlemişlerdir.



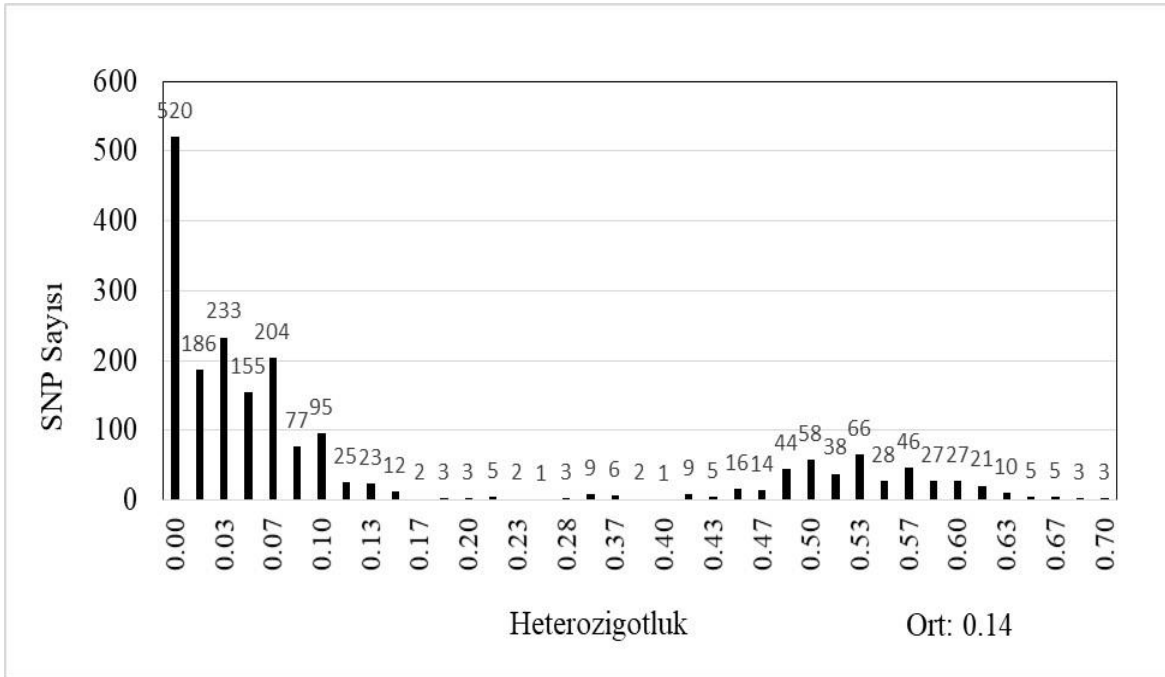
Şekil 4.8. Kullanılan markörlere ait PIC değeri

Çalışmada kullanılan markörlere ait gen farklılık değeri 0.01 ile 0.5 arasında değişmektedir ve ortalama 0.31 olarak belirlenmiştir (Şekil 4.9). Abbas ve ark. (2015), SSR markörü ile yaptıkları çalışmada gen farklılığını 0.18 ile 0.64 arasında olduğu ve ortalama ise 0.05 olduğunu belirlemişlerdir.



Şekil 4.9. Gen farklılığına ait frekans tablosu

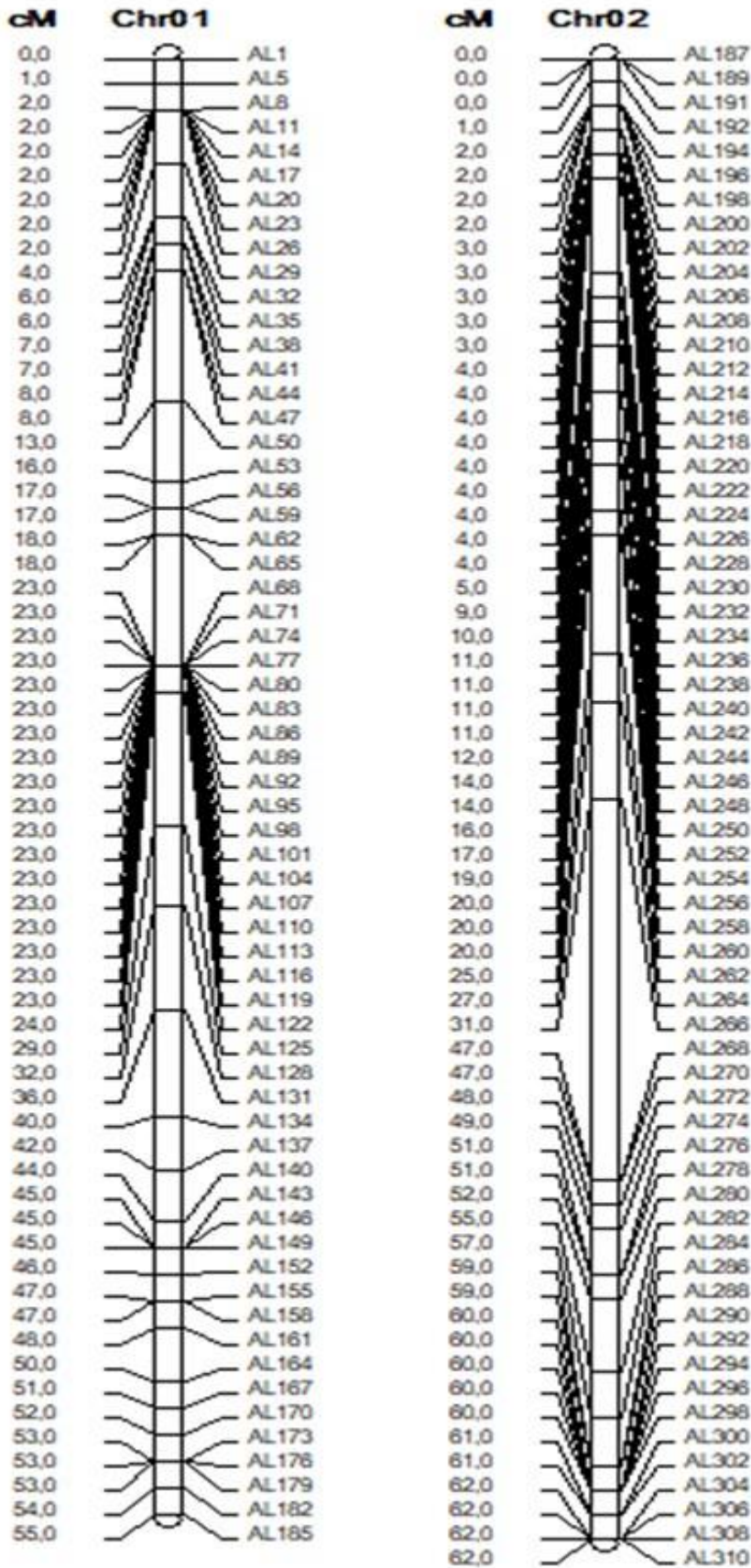
Belirlenen 2734 SNP markörünün ortalama heterozigotluk değeri 0.14 olarak bulunmuş olup, 0.00 - 0.73 arasında değiştiği belirlenmiştir. Kullanılan SNP markörlerinin % 77.12'i 0.20 daha az heterozigotluk değerine sahip olmuşlardır (Şekil 4.10). Dai ve ark. (2016), iki farklı F<sub>2</sub> popülasyonunda yaptıkları çalışmada heterozigotluk değerini 0.0-0.7 arasında, belirlemişler ve çalışmamızla benzer sonuçlar elde etmişlerdir. Nuriada ve ark. (2017), yürüttükleri bir çalışmada heterozigotluk değerini 0.33 - 0.92 arasında ve ortalama 0.71 olarak saptamışlardır. Kullanmış oldukları popülasyon ve markör tiplerinin farklı olmasından dolayı çalışmamızdan çok daha yüksek heterozigotluk değeri saptamışlardır.



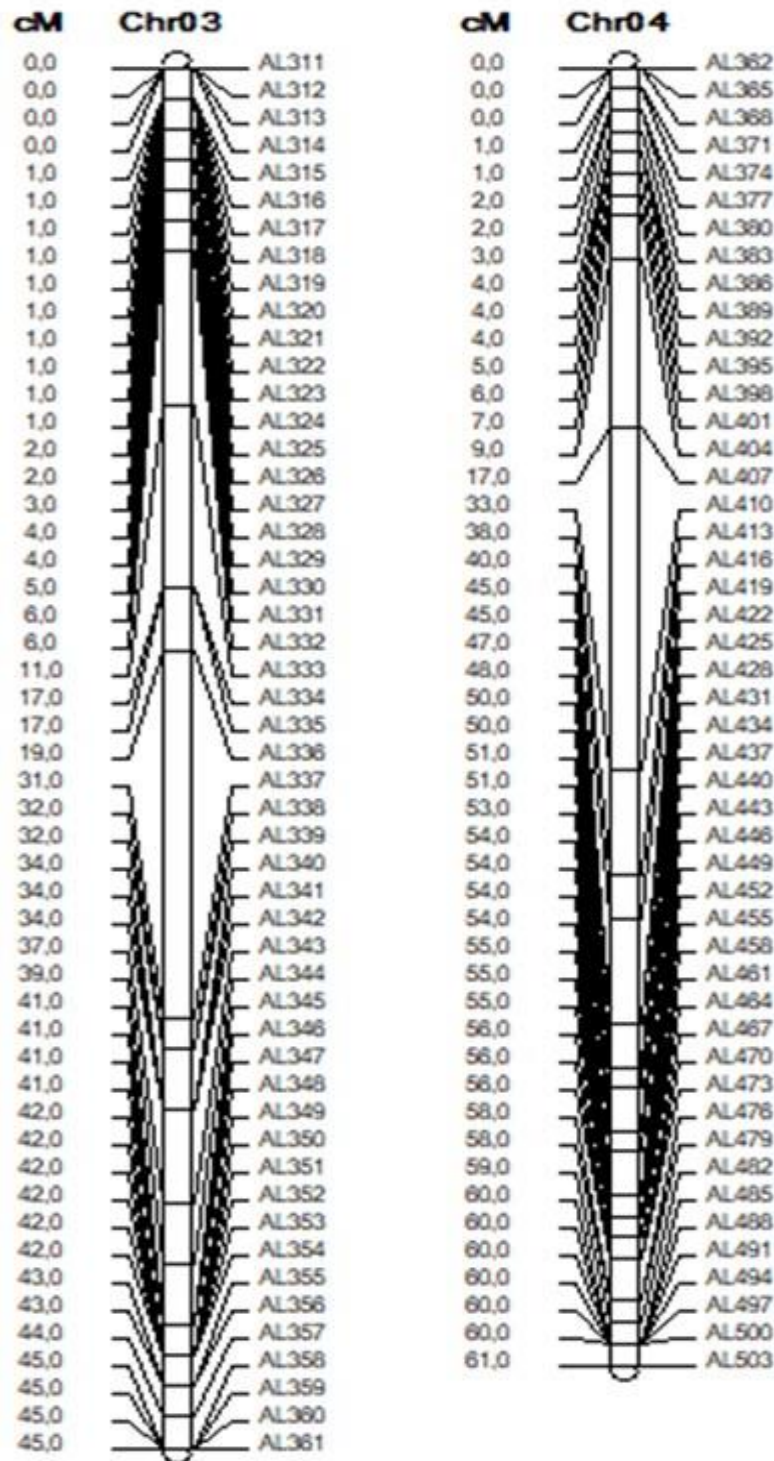
Şekil 4.10. Heterozigotluk değerine ait frekans tablosu

#### **4.2.1. Markörlerin WinQTLCart programında kromozomlar üzerinde gösterilmesi**

Haritalama çalışmasında, RILpopülasyonunda 94 adet genotip Dart (Diversity Array Technology) firmasına GBS yöntemi ile SNP (Tek Nükleotid Farklılığı) bölgelerinin belirlenmesi yaptırılmıştır. SNP bölgelerinin belirlenmesinde Li ve ark (2015) referans genom olarak kullanılmıştır. Belirlenen bu bölgelerden 2734 adet SNP markör elde edilmiş ve bu markörlerin pamuk genomu üzerinde kromozom bölgeleri belirlenmiştir. Elde edilen markörlerin kromozom üzerindeki mesafesi bp olarak verilmiştir. Kromozomlar üzerinde belirlenen markörlerin yoğunluğu referans genomda sekanslanan kromozomların yoğunluğu ile benzerlik göstermektedir. Linkage haritaların oluşturulmasında WinQTLCart 2.5 paket programı kullanılmıştır (Şekil 4. 11-Şekil 4. 17). Kantitatif özellik lokusları (QTL) ise Tek Markör Analizi (Single Marker Analysis) ve Composit Interval Haritalama (CIM) yöntemine göre belirlenmiştir. SNP markörünün diğer markör sistemlerine göre daha güçlü olması ve genom üzerindeki bütün bölgelerin taranması sonucu daha yoğun haritaların elde edilmesine olanak sağlamaktadır. Bizim çalışmamızda da markörler yoğun olarak kromozomlar üzerinde dağılmıştır. Çalışmamızda hem yaprak dökme (Vd11 izolatu) hem de yaprak dökme (PYDV6 izolatu) patotipine karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili QTL'ler belirlenmiştir.

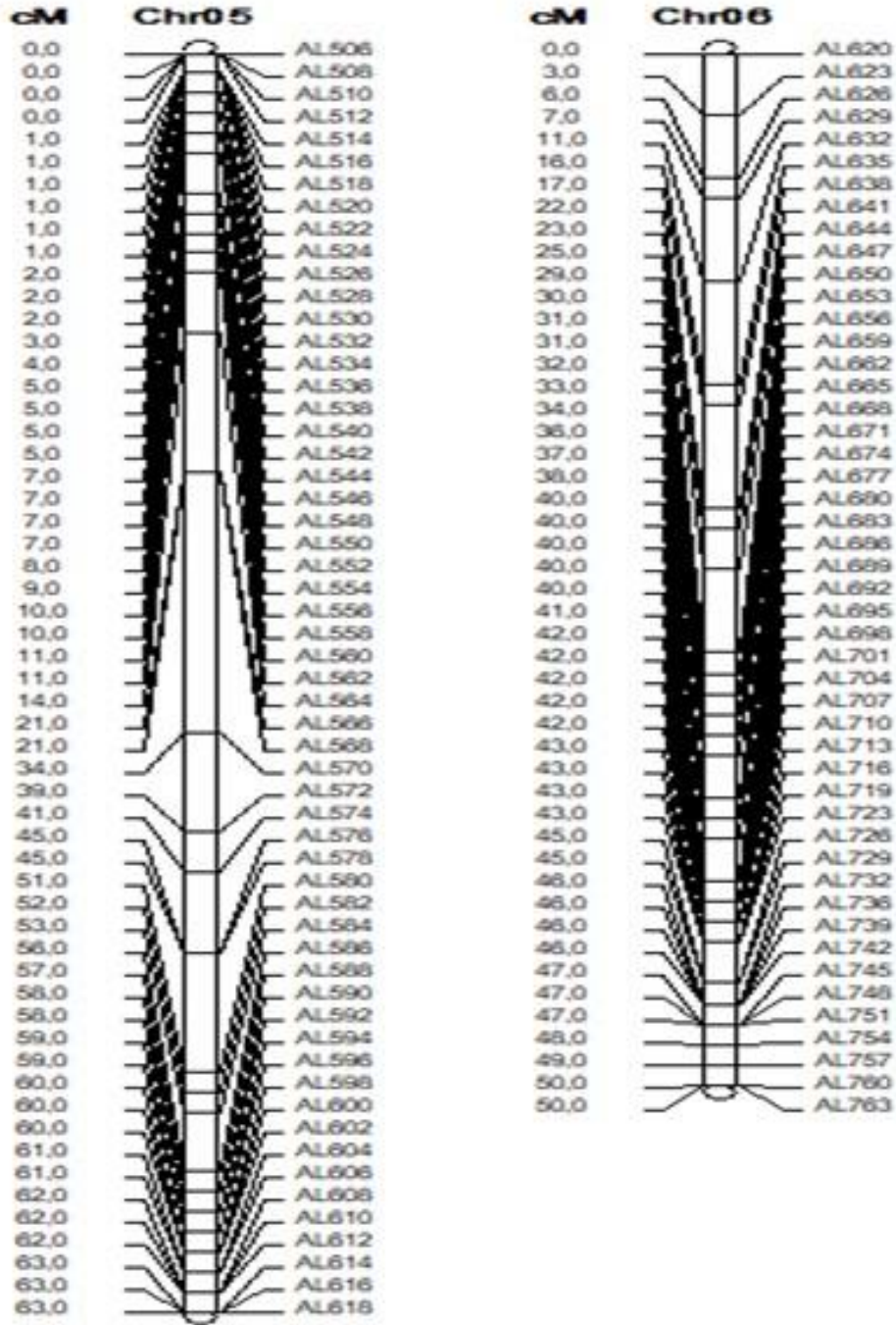


Şekil 4.11. QTL haritalama (Kromozom 1-2)

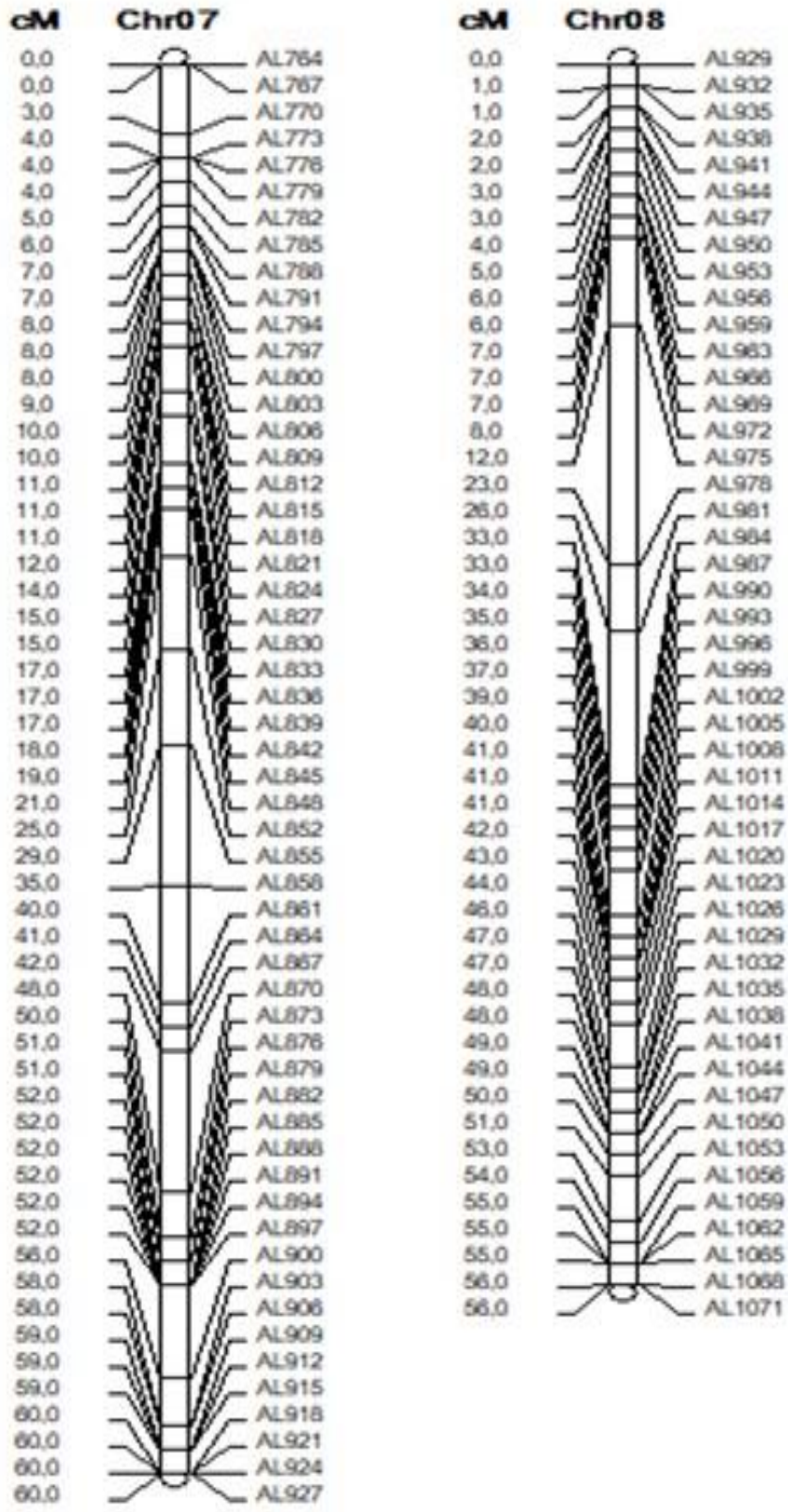


Şekil 4.12. QTL haritalama (Kromozom 3-4)

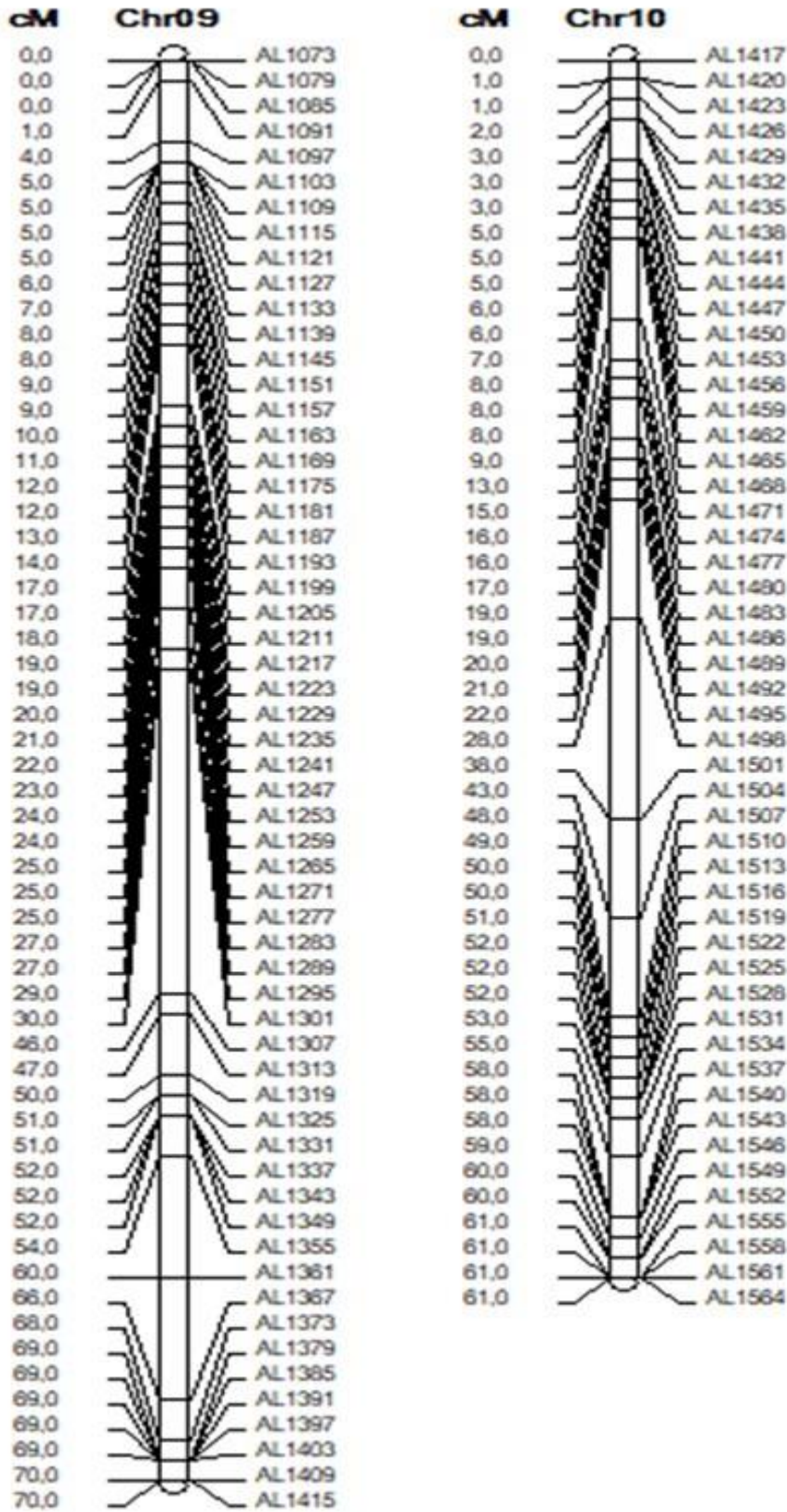




Şekil 4.13. QTL haritalama (Kromozom 5-6)

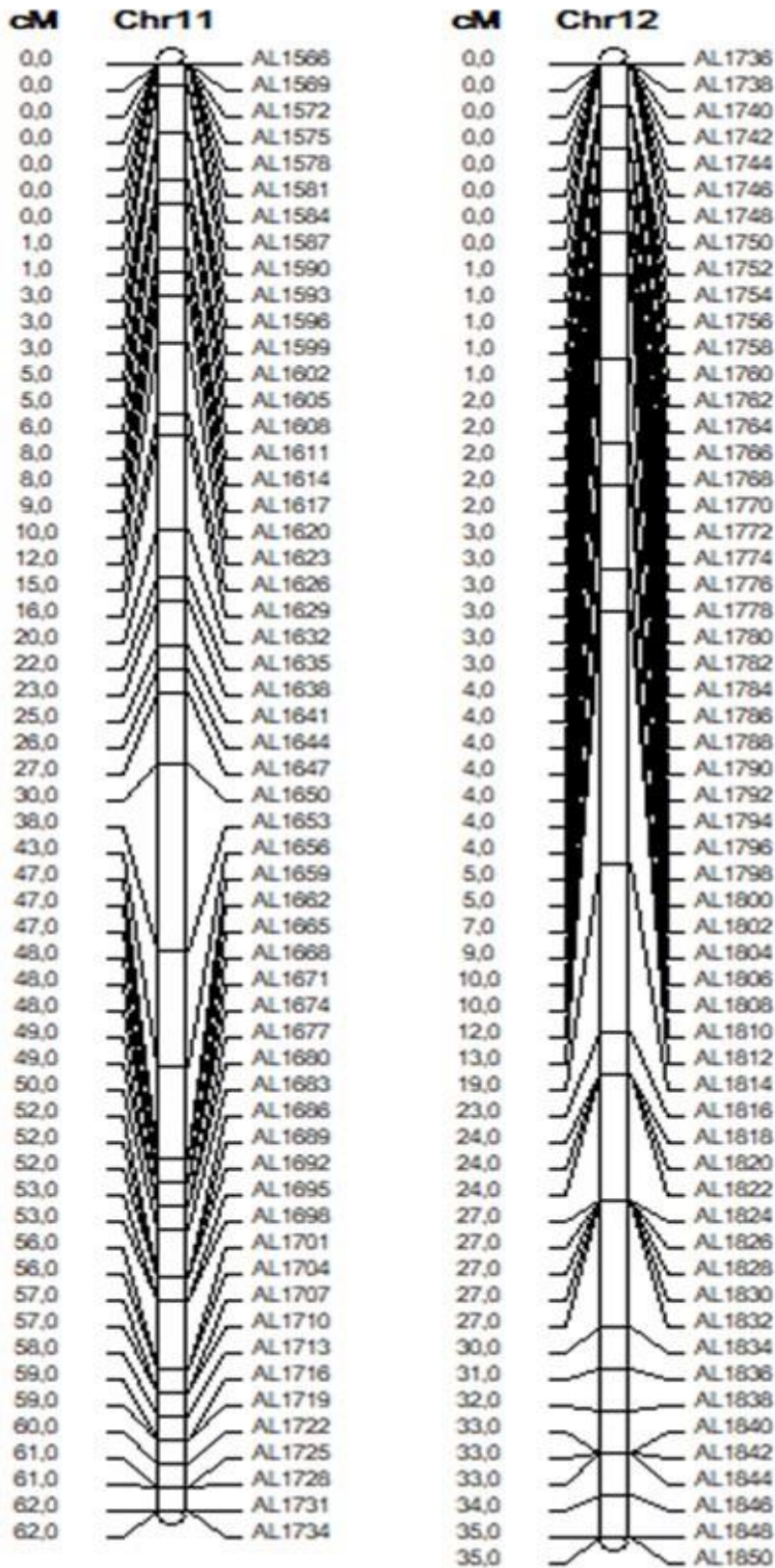


Şekil 4.14. QTL haritalama (Kromozom 7-8)

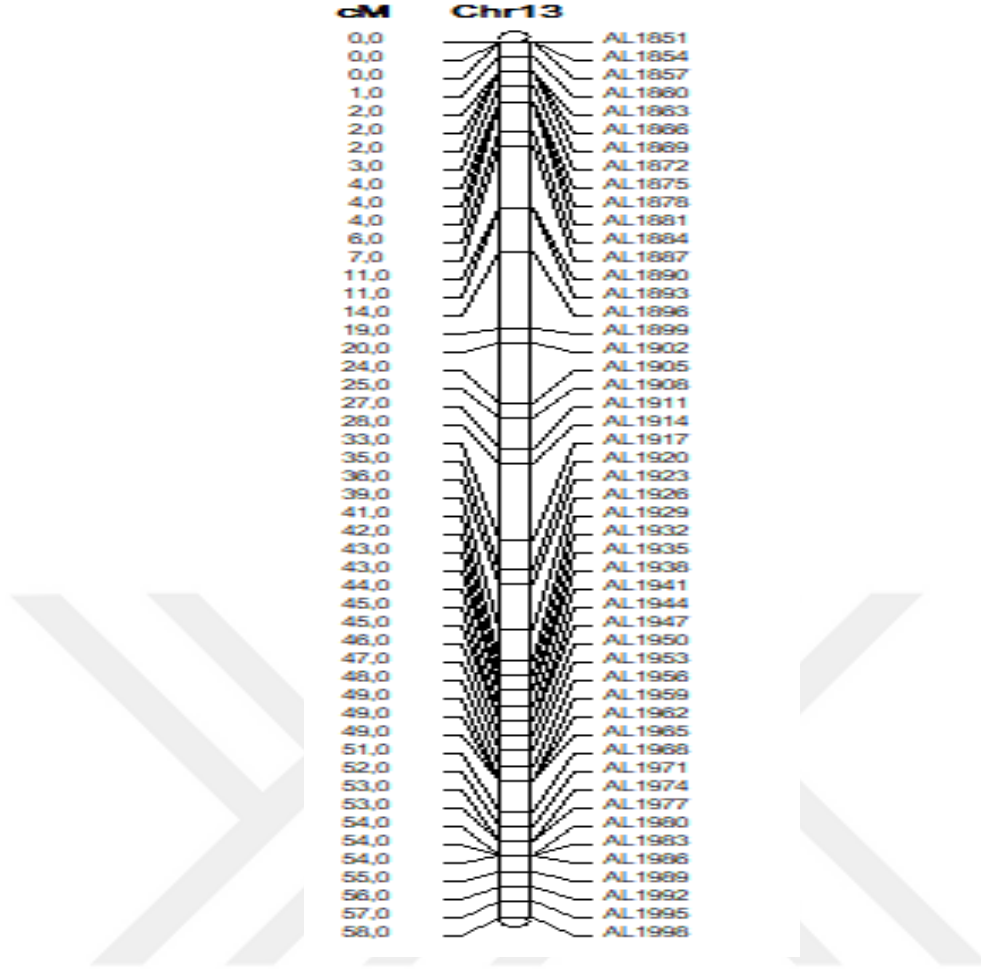


Şekil 4.15. QTL haritalama (Kromozom 9-10)





Şekil 4.16. QTL haritalama (Kromozom 11-12)



Şekil 4.17. QTL haritalama (Kromozom 13)

#### 4.2.1.1. Tek Markör Analizi ile solgunluk hastalığı ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

##### 4.2.1.1.1. Tek Markör Analizi ile yaprak dökme (Vd11 izolatu) patotipiyle ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Yapılan tek markör analizi sonucu pamuk genomunun 1., 5., 6., 7., 9., 10., 12., ve 13. kromozomlarında  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde yaprak dökme patotip ile ilişkili toplam 34 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.5 ve Çizelge 4.6). Bu markörlerden 11 adedi yaprak dökme patotip ile pozitif yönde ilişkili iken, diğer markörler negatif yönde ilişkili bulunmuştur. Buradaki pozitif ilişki aslında hastalığa duyarlılık artıça ortaya çıkmaktadır.

Yaprak dökme patotipe duyarlılık yönüyle ilişki saptanan markörler 1. kromozom (AL8, AL53, AL57), 6. kromozom (AL699), 7. kromozom (AL787), 9. kromozom

(AL1118), 10. kromozom (AL1428, AL1506, AL1516), ve 13. kromozomda (AL1851, AL1853) haritalanmıştır.

Negatif ilişki gösteren 23 adet markörün, yaprak dökmeven patotipe karşı dayanıklı/tolerantlıkla ilişki içerisinde olduğu söylenebilir. Yaprak dökmeven patotipe karşı dayanıklı/tolerantlıkla ilişkili markörler pamuk genomunun 1. kromozom (AL13, AL56, AL79, AL80), 5. kromozom (AL553AL612), 7. kromozom (AL788, AL789, AL790 AL793, AL794), 9. kromozom (AL1273, AL1311, AL1333, AL1364), 10. kromozom (AL1455, AL1456, AL1479, AL1480) ve 12. kromozomda (AL1826, AL1841, AL1842) haritalanmıştır.

Yaprak dökmeven patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişki bulunan AL1479 markörü  $p \leq 0.001$  önem düzeyinde, diğerleri ise  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde ilişkili bulunmuştur. Önemli ilişki saptanan bu markörler fenotipik varyansı ( $R^2$ ) % 1 ila % 10 arasında açıklamaktadır (Çizelge 4.5).

Çizelge 4.5. Tek markör analizinde yaprak dökmeven patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişki belirlenen markörler

Krm	Markör	b0	b1	-2ln(L0/L1)	F(1.n-2)	pr(F)	R <sup>2</sup>
1	AL56	0.75	-0.21	9.02	9.27	0.003044007 **	0.09
1	AL79	0.77	-0.21	8.18	8.37	0.004766971 **	0.06
1	AL80	0.76	-0.21	7.08	7.19	0.008682985 **	0.04
1	AL13	0.90	-0.16	7.33	7.46	0.007573216 **	0.08
5	AL612	0.00	-0.90	7.57	7.72	0.006626703 **	0.07
5	AL553	0.85	-0.16	7.16	7.29	0.008272516 **	0.08
7	AL794	0.74	-0.29	6.87	6.98	0.009702512 **	0.07
7	AL788	0.89	-0.19	9.74	10.05	0.002072462 **	0.10
7	AL790	0.88	-0.17	7.95	8.12	0.005395831 **	0.08
7	AL789	0.87	-0.17	8.00	8.17	0.005262479 **	0.08
7	AL793	0.88	-0.17	7.68	7.83	0.006252293 **	0.08
9	AL1364	0.73	-0.3	7.32	7.46	0.007581749 **	0.08
9	AL1273	0.84	-0.17	7.95	8.12	0.005411905 **	0.07
9	AL1333	0.85	-0.17	7.23	7.35	0.008002310 **	0.1
9	AL1311	0.88	-0.16	7.17	7.29	0.008258859 **	0.07
10	AL1489	0.67	-0.3	7.76	7.92	0.005983374 **	0.01
10	AL1479	0.81	-0.22	12.53	13.11	0.000479406 ***	0.07
10	AL1456	0.81	-0.21	8.51	8.72	0.004001923 **	0.09
10	AL1455	0.82	-0.19	7.74	7.9	0.006053907 **	0.04
10	AL1480	0.9	-0.16	6.82	6.92	0.009994107 **	0.08
12	AL1842	0.88	-0.17	8.15	8.33	0.004862378 **	0.08
12	AL1841	0.91	-0.17	6.93	7.03	0.009417238 **	0.06
12	AL1826	0.87	-0.16	7.26	7.39	0.007854620 **	0.07

Krm: Kromozom, b1 ve b0: Regresyon Katsayıları, -2ln(L0/L1): Likelihood Test Oranları, \*\*:  $p=0.01$ , \*\*\*:  $p=0.001$

Yaprak dökme yen patotipe karşı duyarlılık ile ilişki bulunan AL1118 markörü  $p \leq 0.001$  önem düzeyinde, diğerleri ise  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde ilişkili bulunmuştur. Önemli ilişki saptanan bu markörler fenotipik varyansı ( $R^2$ ) % 3 ila % 12 arasında açıklamaktadır (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6. Tek markör analizinde yaprak dökme yen patotipe karşı duyarlılık ile ilişki belirlenen markörler

Krm	Markör	b0	b1	-2ln(L0/L1)	F(1.n-2)	pr(F)	R <sup>2</sup>
1	AL8	0.90	0.16	7.35	7.48	0.007487871 **	0.08
1	AL53	0.78	0.19	7.66	7.81	0.006318588 **	0.06
1	AL57	0.57	0.39	7.88	8.04	0.005627222 **	0.08
6	AL699	0.74	0.30	7.83	7.99	0.005758753 **	0.08
7	AL787	1.07	0.37	10.34	10.69	0.001513627 **	0.10
9	AL1118	0.96	0.22	12.15	12.70	0.000582880 ***	0.12
10	AL1516	0.88	0.18	9.12	9.38	0.002880198 **	0.06
10	AL1428	1.00	0.22	8.61	8.82	0.003796882 **	0.03
10	AL1506	1.07	0.37	10.34	10.69	0.001513627 **	0.10
13	AL1853	0.86	0.17	7.84	8.00	0.005743041 **	0.08
13	AL1851	1.00	0.31	6.91	7.02	0.009481523 **	0.07

Krm: Kromozom, b1 ve b0: Regresyon Katsayıları, -2ln(L0/L1): Likelihood Test Oranları, \*\*:  $p=0.01$ , \*\*\*:  $p=0.001$

#### 4.2.1.1.2. Tek Markör Analizi ile yaprak dökme (PYDV6 izolatu ) patotip ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Yapılan tek markör analizi sonucu pamuk genomunun 2., 3., 4., 5., 7., 8., 9., 10., 11., 12., ve 13. kromozomlarında  $p \leq 0.01$  ve  $p \leq 0.001$  önem düzeylerinde yaprak dökme patotiple ilişkili 42 adet QTL belirlenmiştir (Çizelge 4.7 ve Çizelge 4.8). Bu markörlerden 28 adedi yaprak dökme patotipi ile pozitif yönde ilişkili iken, diğer markörler negatif yönde ilişkili bulunmuştur. Buradaki pozitif ilişki hastalığa karşı duyarlılıkla beraber aynı oranda ortaya çıkmaktadır.

Negatif ilişki gösteren 14 adet markörün, yaprak dökme patotipe karşı dayanıklı/tolerantlıkla ilişki içerisinde olduğu söylenebilir. Yaprak dökme patotipe karşı dayanıklı/tolerantlıkla ilişkili markörler pamuk genomunun 2. kromozom (AL210, AL212, AL213, AL227, AL228), 4. kromozom (AL470), 8. kromozom (AL984), 9. kromozom (AL1136), 10. kromozom (AL1451), 11. kromozom (AL1593, AL1607, AL1615), 12. kromozom (AL1775, AL1785, AL1790) ve 13. kromozomda (AL1974) haritalanmıştır (Çizelge 4.7).

Yaprak dökken patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişki bulunan AL213, AL210, AL212, AL227, AL1607 ve AL1775 markörleri  $p \leq 0.001$  önem düzeyinde, diğerleri ise  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde ilişkili bulunmuştur. Önemli ilişki saptanan bu markörler fenotipik varyansı ( $R^2$ ) % 2 ila % 14 arasında açıklamaktadır (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7. Tek markör analizinde yaprak dökken patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişki belirlenen markörler

Krm	Marker	b0	b1	-2ln(l0/l1)	F(1.n-2)	pr(F)	R <sup>2</sup>
2	AL213	2.19	-0.47	12.68	13.29	0.000442006 ***	0.13
2	AL228	2.26	-0.30	6.92	7.03	0.009444094 **	0.07
2	AL210	2.34	-0.28	11.98	12.50	0.000638490 ***	0.09
2	AL212	2.41	-0.24	12.43	13.00	0.000504799 ***	0.12
2	AL227	2.41	-0.23	11.48	11.95	0.000828120 ***	0.12
4	AL470	2.40	-0.19	7.76	7.92	0.005988579 **	0.08
8	AL984	2.66	-0.35	9.33	9.60	0.002584555 **	0.06
9	AL1136	2.77	-0.43	8.34	8.54	0.004376237 **	0.02
10	AL1451	2.37	-0.19	8.07	8.25	0.005057589 **	0.08
11	AL1607	2.64	-0.42	12.89	13.53	0.000395865 ***	0.13
11	AL1615	2.43	-0.22	10.65	11.03	0.001285051 **	0.10
11	AL1593	2.43	-0.20	8.66	8.88	0.003686129 **	0.09
12	AL1785	2.62	-0.38	7.95	8.12	0.005412362 **	0.08
12	AL1775	2.44	-0.28	14.04	14.82	0.000217902 ***	0.14
12	AL1790	2.41	-0.23	8.20	8.38	0.004732096 **	0.09
13	AL1974	2.13	-0.41	8.51	8.72	0.003995253 **	0.09

Krm: Kromozom, b1 ve b0: Regresyon Katsayıları, -2ln(L0/L1): Likelihood Test Oranları, \*\*:  $p=0.01$ , \*\*\*:  $p=0.001$

Yaprak dökken patotipeduyarlılık yönüyle ilişki saptanan markörler 2. kromozom (AL214, AL215, AL216), 3. kromozom (AL312, AL315), 4. kromozom (AL383), 5. kromozom (AL551, AL571), 7. kromozom (AL808, AL855, AL860), 8. kromozom (AL929,AL931), 9. kromozom (AL1136), 10. kromozom (AL1435, AL1451), 11. kromozom (AL1606, AL1608, AL1612, AL1613, AL1614), 12. kromozom (AL1773, AL1796, AL1799, AL1821, AL1822) ve 13. kromozomda (AL1973) haritalanmıştır.

Yaprak dökken patotipe karşı duyarlılık ile ilişki bulunan AL216, AL215, AL214 ve AL808 markörleri  $p \leq 0.001$  önem düzeyinde, diğerleri ise  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde ilişkili bulunmuştur. Önemli ilişki saptanan bu markörler fenotipik varyansı ( $R^2$ ) % 1 ila % 13 arasında açıklamaktadır (Çizelge 4.8).



Çizelge 4.8. Tek markör analizinde yaprak dökken patotipe karşı duyarlılık ile ilişki belirlenen markörler

Krm	Marker	b0	b1	-2ln(10/11)	F(1.n-2)	pr(F)	R <sup>2</sup>
2	AL216	2.41	0.24	12.73	13.35	0.000430577 ***	0.12
2	AL215	2.61	0.40	12.35	12.91	0.000526646 ***	0.10
2	AL214	2.62	0.41	11.96	12.49	0.000643445 ***	0.11
3	AL315	2.66	0.39	8.11	8.29	0.004960128 **	0.06
3	AL312	3.15	0.78	7.18	7.30	0.008193738 **	0.03
4	AL383	2.81	0.46	7.12	7.24	0.008478695 **	0.01
5	AL571	2.73	0.42	7.50	7.64	0.006890688 **	0.07
5	AL551	3.10	0.75	9.17	9.43	0.002804077 **	0.13
7	AL860	2.93	0.63	6.84	6.94	0.009869288 **	0.04
7	AL855	3.15	0.78	7.17	7.29	0.008234058 **	0.03
7	AL808	3.50	1.16	12.71	13.32	0.000435615 ***	0.11
8	AL929	2.38	0.18	7.30	7.43	0.007679479 **	0.07
8	AL931	2.54	0.37	9.60	9.89	0.002239887 **	0.09
10	AL1435	2.71	0.40	6.90	7.01	0.009535650 **	0.04
11	AL1606	2.47	0.20	7.56	7.71	0.006661411 **	0.09
11	AL1612	2.43	0.22	10.65	11.03	0.001285051 **	0.11
11	AL1613	2.44	0.22	10.97	11.39	0.001082216 **	0.10
11	AL1614	2.43	0.22	10.65	11.03	0.001285051 **	0.11
11	AL1608	2.48	0.23	9.62	9.91	0.002217878 **	0.10
12	AL1821	2.40	0.19	7.76	7.92	0.005988579 **	0.08
12	AL1799	2.44	0.22	9.82	10.13	0.001993170 **	0.10
12	AL1796	2.44	0.23	10.45	10.81	0.001428149 **	0.11
12	AL1822	2.55	0.26	9.00	9.25	0.003074056 **	0.01
12	AL1773	2.71	0.39	7.13	7.25	0.008438662 **	0.06
13	AL1973	2.53	0.41	8.51	8.72	0.003995253 **	0.09
13	AL1943	3.09	0.74	10.24	10.59	0.001592389 **	0.08

Krm: Kromozom, b1 ve b0: Regresyon Katsayıları, -2ln(L0/L1): Likelihood Test Oranları, \*\*: p=0.01, \*\*\*: p=0.001

*Verticillium solgunluk* hastalığına dayanıklılıkla ilişkili Wang ve ark., (2015) pamukta 8. kromozom üzerinde önemli 4 adet QTL (*qVWI-08-c22-1*, *qVWI-08-c4-1*, *qVWR-08-c4-1*, *qWVI-08-c2-1*) belirlerken LOD değeri 2.86 ile 4.19 arasında değiştiğini bildirmişlerdir. Ayrıca solgunluk hastalığına dayanıklılık ile ilişkili haritalama çalışmalarında Fang ve ark. (2014), 19 QTL, Bölek ve ark. (2005b), 33 QTL, Jiang ve ark. (2009), 41 adet QTL bulduklarını bildirmişlerdir. Fang ve ark. (2013), türler arası melez popülasyonunda AFLP yöntemi ile yaptıkları çalışmada önemli buldukları 3 adet QTL'in fenotipik varyasyonu yaklaşık % 12-18.6 oranında açıkladığını bildirmişlerdir. Çalışma sonucunda önemli bulunan markörlerin de benzer kromozomlarda haritalandığı ve fenotipik varyasyonun açıklaması anlamında da benzerlik gösterdiği görülmüştür.

#### 4.2.1.2. Komposit interval haritalama (CIM) Analizi ile solgunluk hastalığı ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

CIM ile analizi yapılan her bir özellik için belirlenen QTL'ler ve istatistiki verileri ayrı başlıklar altında verilmiştir. Her bir QTL için LOD değeri, additive etki, dominant etki ve  $R^2$  değerleri verilmiştir. QTL simgeleri ise Vd11 için *qVvd11* ve PYDV6 için ise *qVpydv6* olarak gösterilmiştir.

##### 4.2.1.2.1. Komposit interval haritalama yöntemine göre yaprak dökme (Vd11 izolatu) patotipi ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Yaprak dökme patotipi ile ilişkili 5. ve 10. kromozomlar üzerinde 3 adet QTL (*qVvd11-1*, *qVvd11-2*, *qVvd11-3*) belirlenmiştir (Çizelge 4.9 ve Şekil 4.18; Şekil 4.19). Pamuk genomunun 5. kromozomu üzerinde yer alan, *qVvd11-1* QTL'i yaprak dökme patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili bulunurken, *qVvd11-2* QTL'i yaprak dökme patotipe karşı duyarlılık ile ilişkili bulunmuştur (Şekil 4.18). Ayrıca pamuk genomunun 10. kromozomu üzerinde yer alan, *qVvd11-3* QTL'i yaprak dökme patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili bulunmuştur (Şekil 4.19).

Yaprak dökme patotipe karşı dayanıklılık/tolerantlık ilişkili bulunan *qVvd11-1* QTL'i fenotipik varyasyonu % 14 oranında, *qVvd11-3* QTL'i fenotipik varyasyonu % 8 oranında açıklarken, yaprak dökme patotipe karşı hassaslık ile ilişkili bulunan *qVvd11-2* QTL'i fenotipik varyasyonu % 9 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.9).

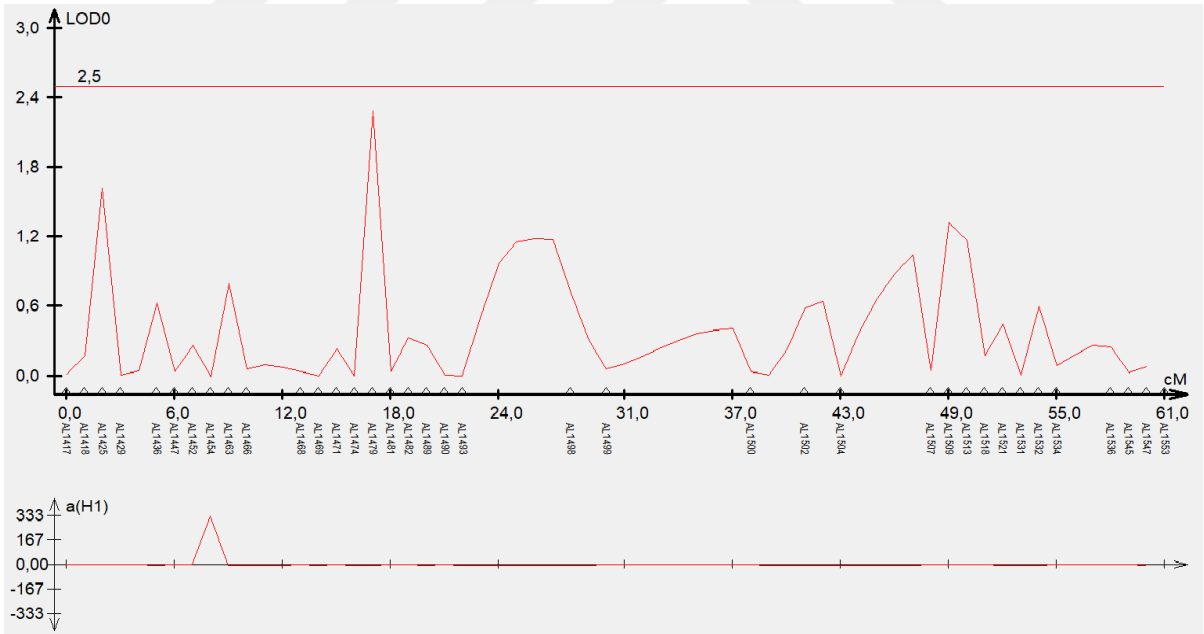
Çizelge 4.9. CIM yöntemine göre yaprak dökme patotip ile ilişkili QTL'ler

Kromozom	Markör	QTL	bp	mLOD	AE	DE	$R^2$
5	AL553	<i>qVvd11-1</i>	8.2	4.6	0.5	-0.22	0.14
5	AL563	<i>qVvd11-2</i>	14.2	3.1	0.45	0.18	0.09
10	AL1480	<i>qVvd11-3</i>	17.1	2.3	0.43	-0.16	0.08

bp: Bağlantı mesafesi (cM), mLOD: maksimum LOD skoru, AE: Aditif etki, DE: Dominant etki,  $R^2$ : Fenotipik varyans



Şekil 4.18. CIM metoduna göre yaprak dökmeyle patotipi ile ilişki gösteren QTL'lerin kromozom 5 üzerinde haritalanması



Şekil 4.19. CIM metoduna göre yaprak dökmeyle patotipi ile ilişki gösteren QTL'lerin kromozom 10 üzerinde haritalanması

*G. hirsutum* L. pamuklarında *Verticillium solgunluğuna* dayanıklılık ile ilişkili yaptıkları çalışmada Li ve ark. (2017), A genomu üzerinde 2., 3., 4., 9., 10., ve 13., kromozomlar üzerine önemli QTL'ler elde ettikleri ve A10 kromozomu üzerine elde edilen QTL'lerin daha önemli olduğunu bildirmişlerdir.

Çalışmamızda da yine 10. kromozom üzerine önemli bir QTL elde edilmiş ve araştırmacı paralellik göstermiştir. Gong ve ark. (2017), *G. arboreum* genomunda *Verticillium solgunluğu* ile ilişkili yaptıkları çalışmada bizim çalışmamıza paralel olarak 5. kromozom üzerine önemli QTL'ler bulmuşlardır.

#### 4.2.1.2.2. Komposit interval haritalama yöntemine göre yaprak dökken (PYDV6 izolatu) patotipi ile ilişkili QTL'lerin belirlenmesi

Yaprak dökken patotipi ile ilişkili 5., 6., 7., 11. ve 12. kromozomlar üzerinde 5 adet QTL (*qVpydv6-1*, *qVpydv6-2*, *qVpydv6-3*, *qVpydv6-4*, *qVpydv6-5*) belirlenmiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.20-Şekil 4.25). Belirlenen bütün QTL'ler yaprak dökken patotipe karşı hassaslık ile ilişkili bulunmuştur (Şekil 4. 20-25).

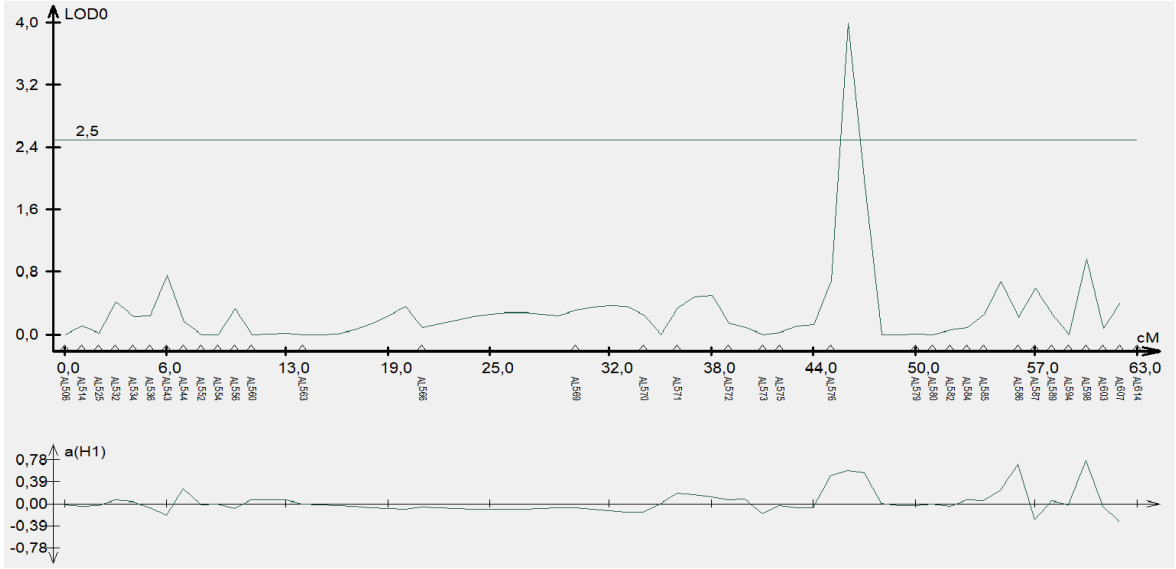
Yaprak dökken patotipi ile ilişkili olan QTL'lerin maksimum LOD değerleri 3.96, 3.5, 2.54, 2.92 ve 3.42 olurken, yaprak dökken patotipe karşı duyarlılık ile ilişkili bulunan QTL'lerin fenotipik varyasyon değeri % 10-36 oranında açıklamaktadır (Çizelge 4.10)

Çizelge 4.10. CIM yöntemine göre yaprak dökken ile ilişkili QTL'ler

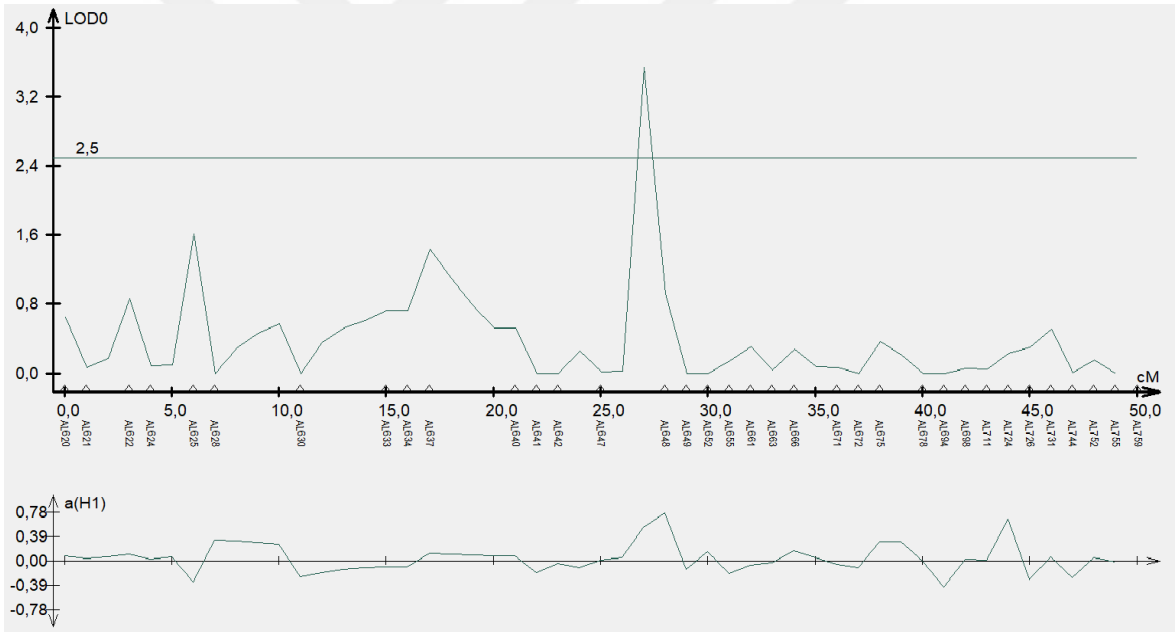
Kromozom	Markör	QTL	bp	mLOD	AE	DE	R <sup>2</sup>
5	AL576	<i>qVpydv6-1</i>	46	3.96	0.72	0.59	0.24
6	AL648	<i>qVpydv6-2</i>	27	3.5	0.84	0.54	0.36
7	AL855	<i>qVpydv6-3</i>	29	2.54	0.58	0.79	0.10
11	AL1715	<i>qVpydv6-4</i>	59	2.92	0.59	0.77	0.11
12	AL1798	<i>qVpydv6-5</i>	5	3.42	0.45	0.22	0.10

bp: Bağlantı mesafesi (cM), mLOD: maksimum LOD skoru, AE: Aditif etki, DE: Dominant etki, R<sup>2</sup>: Fenotipik varyans

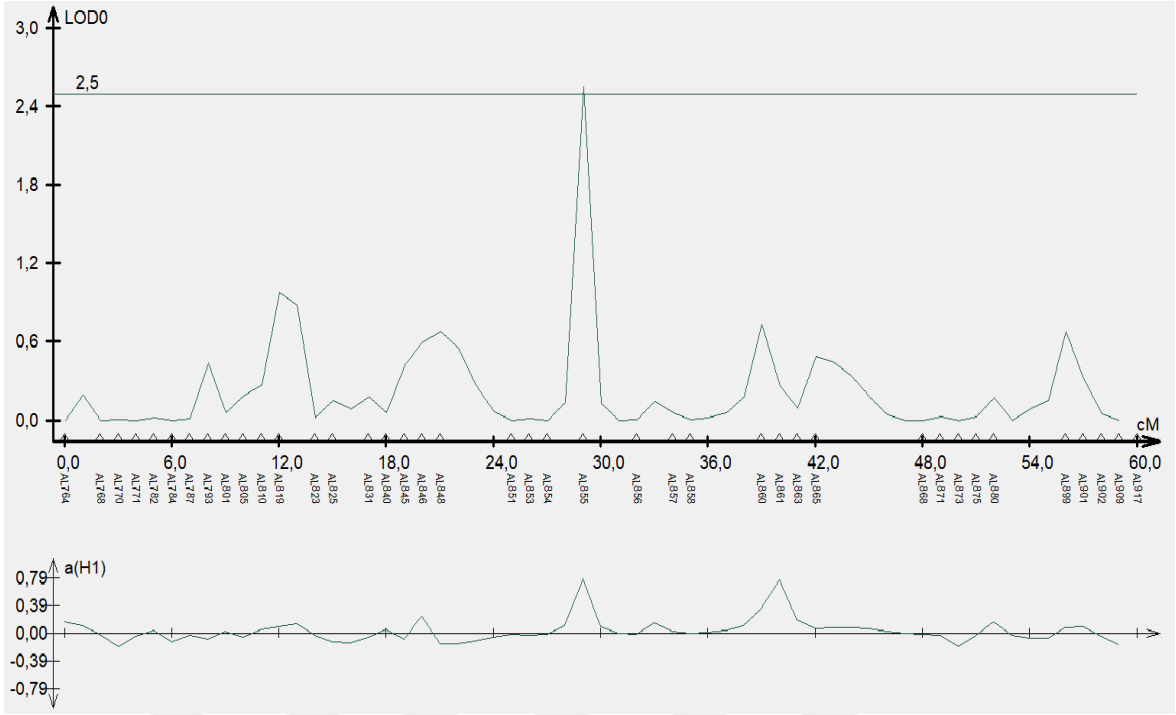
Gong ve ark. (2017), yaprak dökken patotiple yaptıkları ilişkilendirme analizi sonucu A2., A3., A5., A7., A11., A13., kromozomu üzerinde önemli QTL'ler elde etmişlerdir. Önemli çıkan QTL'ler özellikle A3., A5., A7., kromozomlar üzerinde olduğunu bildirmişlerdir. CIM metoduna göre yaptığımız analizde de yine benzer kromozomlar üzerinde önemli QTL'ler belirlenmiştir.



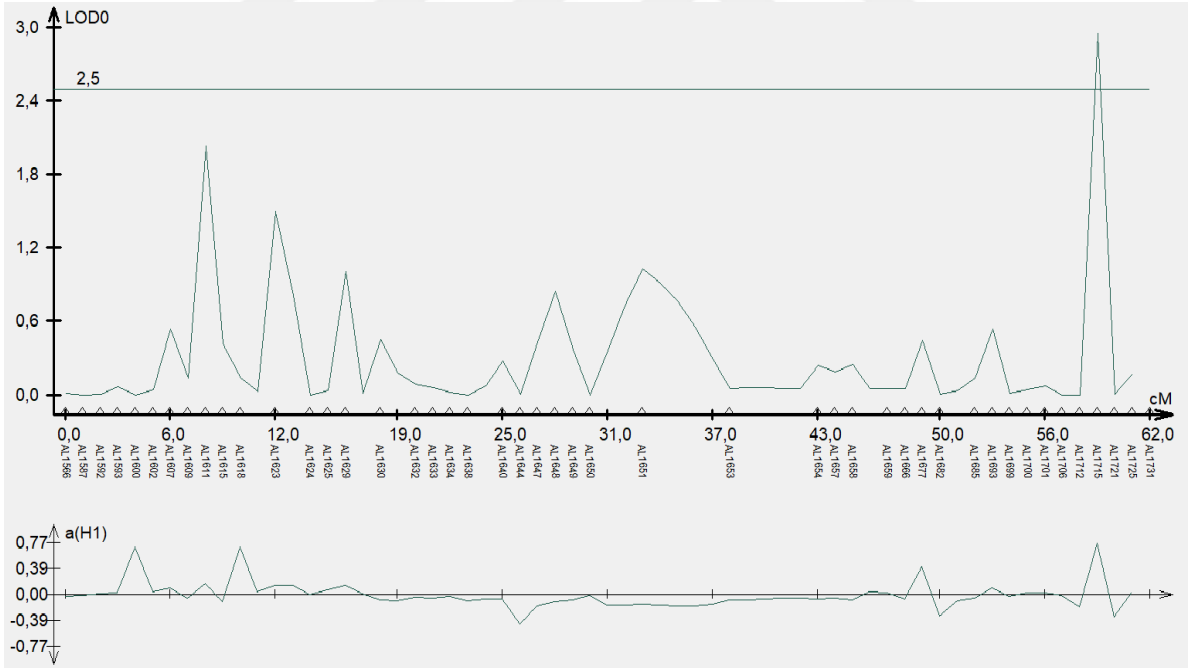
Şekil 4.20. CIM metoduna göre yaprak dökken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 5 üzerinde haritalanması



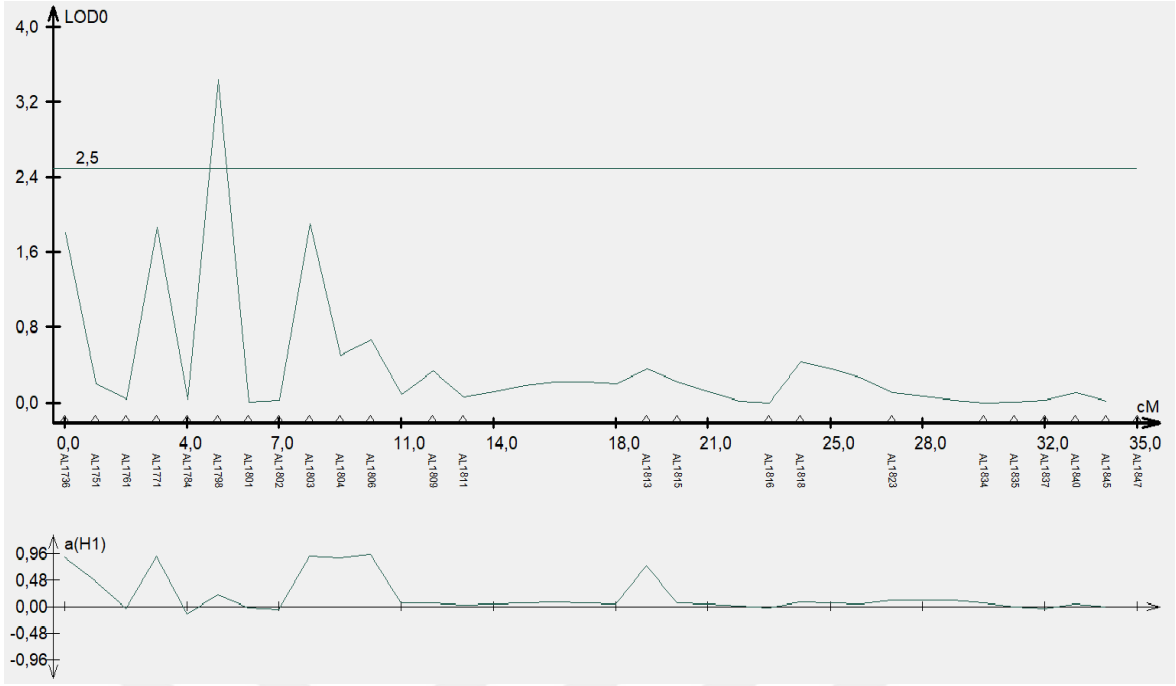
Şekil 4.21. CIM metoduna göre yaprak dökken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 6 üzerinde haritalanması



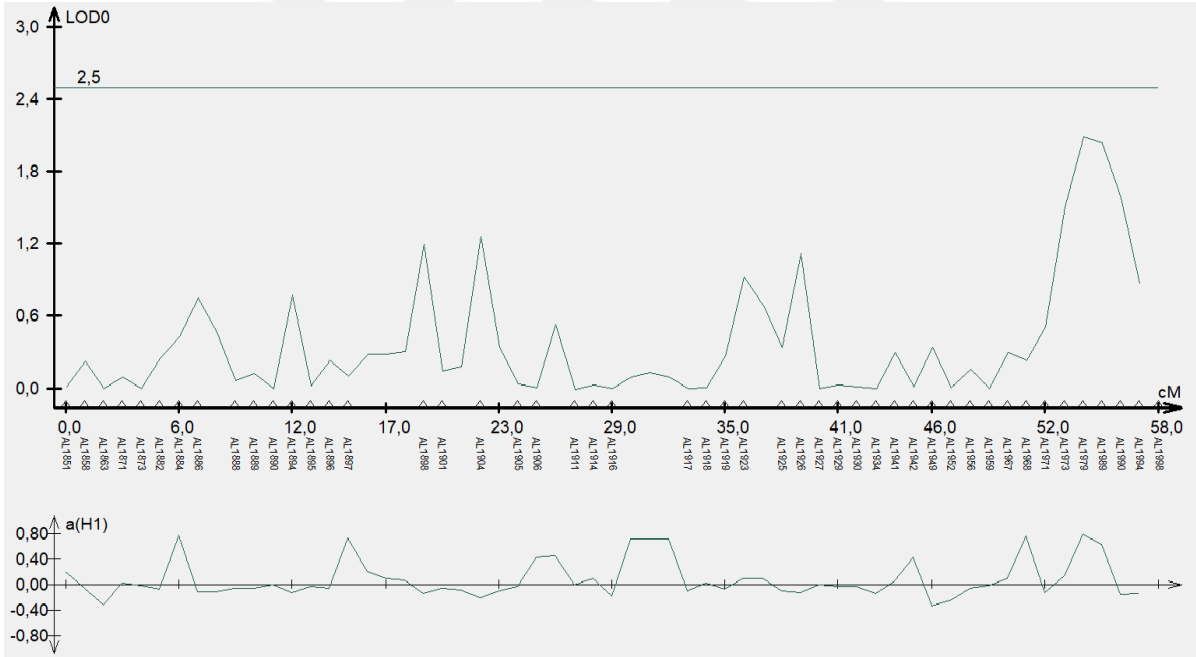
Şekil 4.22. CIM metoduna göre yaprak dökken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 7 üzerinde haritalanması



Şekil 4.23. CIM metoduna göre yaprak dökken patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 11 üzerinde haritalanması



Şekil 4.24. CIM metoduna göre yaprak dökme patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 12 üzerinde haritalanması



Şekil 4.25. CIM metoduna göre yaprak dökme patotip ile ilişkili QTL'lerin kromozom 13 üzerinde haritalanması

### **4.3. Verticillium Solgunluk Hastalığı ile İlişkili QTL'lerin İlişkilendirme Haritalamasının Belirlenmesi**

Verticillium solgunluk hastalığı ile ilişkili markörlerin belirlenmesi için TASSEL v. 5.2.2 (Maize genetics) paket programı kullanılarak GBS (Sekanslama Yoluyla Genotipleme) elde edilen 2734 adet SNP (Tek nükleotit polimorfizmi) markörleri kullanılmıştır. TASSEL programı yardımıyla en küçük allel frekansı ( $MAF < 0.05$ ) olacak şekilde filtreleme yapılarak analizlerde kullanılacak 1878 adet SNP markörü elde edilmiştir. Kindship metodunda ise pairwise IBS kullanılarak hesaplama yapılmıştır (Bradbury ve ark., 2007).

İlişkilendirme haritalamasında kullanılmak için Q Matrix datası Bayesian modelini baz alan STRUCTURE 2.3.4 programı kullanılarak hem kümeleme analizi hem de Q Matrix datası elde edilmiştir (Pritchard ve ark., 2010). Popülasyonu genetik yapısının belirlenmesi için program ayarları her K değeri için 1 ile 10 arasında, permütasyon modülü 10000-10000 olarak seçilmiş ve her bir K değeri için 5 tekrar yapılmıştır. Ayrıca parametrelerin ayarlama alanında 'Print Q-hat' alanı işaretlenerek Q Matrix verisinin hesaplanması da sağlanmıştır. Çıkan sonuçlar Zip dosyası formatına çevrilerek, web tabanlı çalışan 'Structre harvester' (Anonim, 2018d) programına yüklenerek hesaplama yapılmış ve uygun Delta K değerinin 2 olduğu belirlenmiştir. Delta K 2 deki matrix verileri ilişkilendirme haritalamasında kullanılmıştır.

Popülasyonlar içinde zamanla meydana gelen mutasyonlar, rekombinasyonlar ve sapmalar gibi olaylar allel frekanslarında oluşan farklılıktan meydana gelmektedir. Bu farklılık iki farklı popülasyonu birbirinden ayıran önemli özelliklerden birisidir. Gen-karakter arasında bulunan pozitif ilişki bu iki etmen arasındaki nedenselliği açıklayamamakta ve yanlışa yol açabilmektedir. İlişkilendirme haritalamasında popülasyon yapısı (Q Matrix) ve kinship analizlerinin kullanılması, bu yanlışa düşmemek için önem arz etmektedir (Yu ve Buchler, 2006).

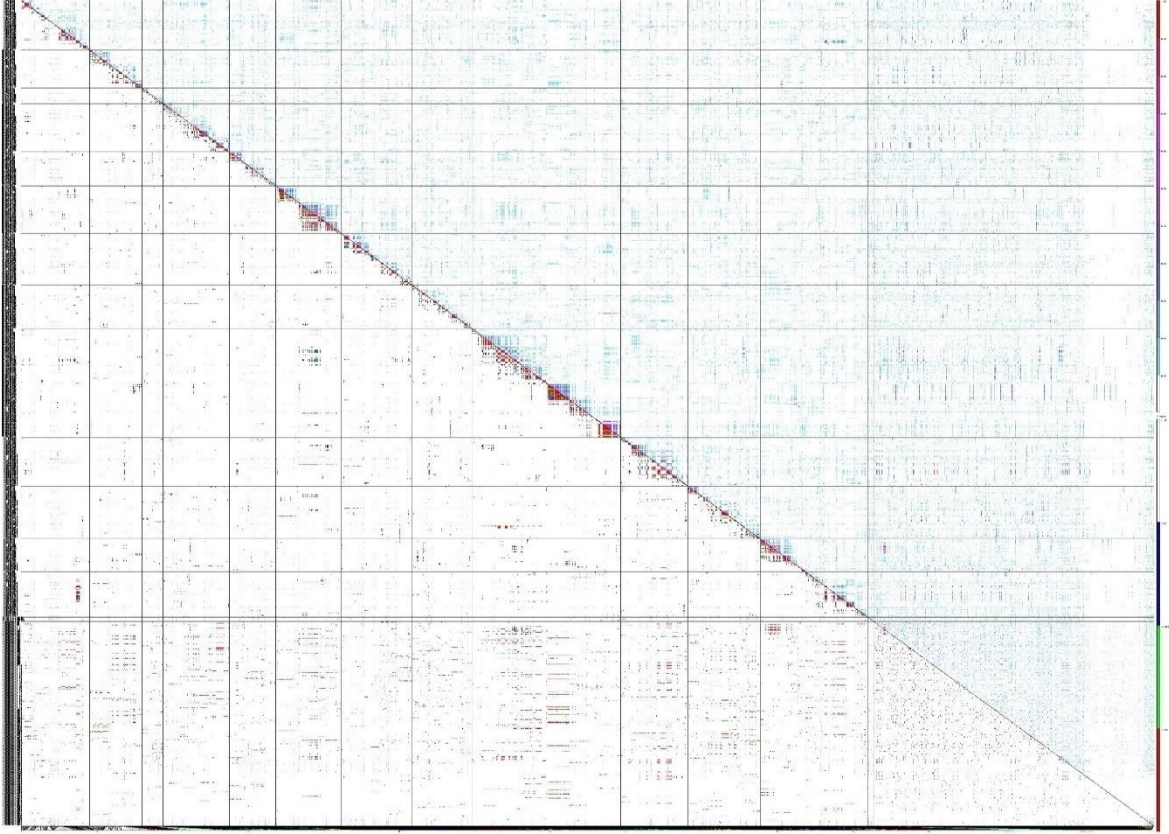
#### **4.3.1. Bağlantı eşitsizliği (LD)**

En küçük allel frekansı ( $MAF < 0.05$ ) filtrelenmesine tabi tutulan ve analizlerde kullanılacak 1878 adet SNP markörü ile bağlantı eşitsizliği analizinde Full Matriks ve 'ignore (inbred lines only)'a göre yapılan 1761564 karşılaştırma sonucu markörlerin % 0.64'ü  $p < 0.05$ , % 0.28'i  $p < 0.01$  ve % 0.17'si  $p < 0.001$  önem düzeyinde önemli

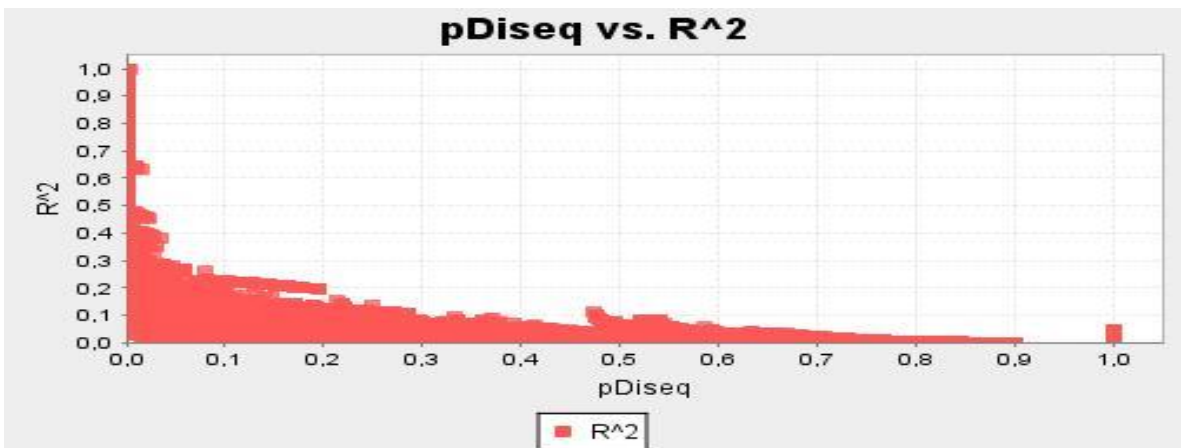


bulunmuştur (Şekil 4.26). Analiz edilen markörlerin % 0.95'i  $r^2 \geq 0.1$  ve % 0.41'i  $r^2 \geq 0.02$ 'den büyük bulunmuştur (Şekil 4.27).

Kullanılan markörlerin % 0.95'inin 8-10 cM'un altında olduğunu ve % 0.41'inin ise 6-8 cM'dan daha yakın olduğu söylenebilir (Adurakhmonov ve ark., 2008).



Şekil 4.26. TASSEL programında bağlantı eşitsizliği (LD) grafiği



Şekil 4.27. Bağlantı eşitsizliği (LD) yayılım diyagramı

Abdurakhmonov ve ark. (2008), bazı çeşitlerde bütün genom boyunca LD değerinin  $r^2 \geq 0.1$ 'de 10 cM'a sahip olduğunu ve diğer çeşitlerde ise bu değer 30 cM kadar olduğunu bildirmişlerdir. İlişkilendirme analizlerinde  $r^2 \geq 0.1$ 'de LD'nin 50 cM'lik genetik mesafeyi azalttığı ve  $r^2 \geq 0.2$  düzeyinde ise ilişkilendirme analizinin kabiliyetini 5-6 cM'a düşürdüğünü belirtmişlerdir. Flint-Garcia ve ark. (2003),  $r^2$  değerinin 1'e ve p değerinin 0.0001'e yaklaştıkça markörün önemli olduğunu ve aranan markörün QTL (kantitatif karakter lokusu) olma ihtimalini önemli derecede artırmaktadır.

LD analizinde bütün genomu kapsayan çalışmalarda her bir popülasyonun arasındaki modelleri her zaman yansıtmayabilir. Bundan dolayı, her bir popülasyon için farklı LD modelleri kullanılarak hesaplama yapılması gerekmektedir (Abdurakhmonov ve Abdurakarimov, 2008). Genetik stok ve popülasyonlarla yapılan haritalamalar da yüksek çözünürlüklü markörlerin elde edilmesi sekanslama yoluyla genotipleme platformu kullanılması sonucu mümkün olmaktadır. Markör yoğunluğu ile LD değerinin artmasından dolayı genom taramalarının zaman alıcı hale getirmektedir.

Ancak, LD değerinin hızla azalmasının aksine fiziksel uzaklık artsa da ilişkili genlerin belirlenmesinde avantaj sağlamaktadır (Thornsberry ve ark., 2001).

#### **4.3.2. İncelenen karakterlerle ilişkili SNP (Tek nükleotit farklılığı) markörlerinin belirlenmesi**

İlişkilendirme haritalaması çalışmaları TASSEL v5.2.2 programında genel linear model (GLM) ve karışık linear model (MLM) yöntemlerine göre yapılmıştır. GLM metodunda fenotipik, genotipik (filtrelenmiş) ve Q Matrix verileri kullanılmıştır. MLM metodunda ise fenotipik, genotipik (filtrelenmiş), Q Matrix ve kinship verileri kullanılarak analiz yapılmıştır. MLM yönteminde Q Matrix verilerinin kullanılması bu yöntemin güvenilirliğini ve etkinliğini arttırmıştır (Zhao ve ark., 2007; Raman ve ark., 2010). GLM yönteminde ise kullanılan markörlerin yanlış eşleşmelerinin düzenlenmesi amacıyla uygulandığı bilinmektedir (Pritchard ve ark., 2010).

##### **4.3.2.1. Yaprak dökme (Vd11 izolatu) patotipine dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörler**

Yaprak dökme patotipinin Genel Linear Model (GLM) yöntemiyle analizi sonucu  $p < 0.001$  ve  $p < 0.05$  önem düzeyi aralığında 28 adet markör belirlenmiş olup,  $r^2$  değerleri 0.1 ile 0.23 arasında olduğu bulunmuştur. Önemli çıkan markörlerin LOD değeri 2.50 ile 3.96 arasında değişmiştir.

Bu markörlerin haploid pamuk genomunun 1., 2., 4., 6., 7., 8., 9., 10., 11.,13. kromozomlar üzerinde olduğu bulunmuştur. Özellikle LOD değeri 3.09 olarak belirlenen AL620 markörünün fenotipik varyansı % 22 oranında açıkladığı görülmektedir. Ayrıca, istatistiksel olarak önemli olan ve LOD değeri 2.5'in üzerinde yüksek yedi adet markör de belirlenmiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.28).

Karışık linear model (MLM) yöntemiyle yaprak dökmeleyen patotipi ile ilişkili  $p < 0.001$  ve  $p < 0.05$  önem düzeyi aralığında 27 adet markör belirlenmiş olup,  $r^2$  değerleri 0.1 ile 0.24 arasında değiştiği belirlenmiştir. Önemli çıkan markörlerin LOD değerleri 2.56 ile 3.69 arasında değişmektedir. Bu markörleri haploid pamuk genomu üzerinde 1., 2., 3., 4., 6., 7., 8., 9., 11., 13. Kromozomlar üzerine olduğu ve LOD değeri yüksek yine dört adet markör belirlenmiştir (Çizelge 4.11 ve Şekil 4.29).

Li ve ark. (2017), Upland pamukta yaptıkları *Verticillium solgunluğuna* dayanıklılık/tolerantlık üzerine A genomunda yaptıkları haritalama da 2., 3., 4., 9., 10., ve 13. kromozomlar üzerinde önemli QTL'ler belirlemişlerdir. Özellikle A10 kromozomu solgunluk hastalığına dayanıklılık/tolerantlık ilgili kuvvetli QTL'ler elde etmişlerdir. Yine bizim çalışmalarımızla benzer kromozomlar üzerinde QTL'ler belirlenmiş olup çalışmamızı desteklemektedir. Wang ve ark. (2014), tarafından farklı izolatlarla yaptıkları çalışmada 42 adet QTL bulduklarını ve 18 kromozom üzerinde haritalandığını ve önemli bulunan QTL'lerin A1, A2, A3, A5, A7, A9, A13 genomu üzerinde olduğunu bazı QTL'lerin ise D1, D2, D3, D5, D7, D9, D12 olarak belirlemişlerdir. Bizim çalışmamızda da benzer kromozomlar üzerinde ve kısmen LOD değerlerinin benzer olduğu belirlenmiştir.

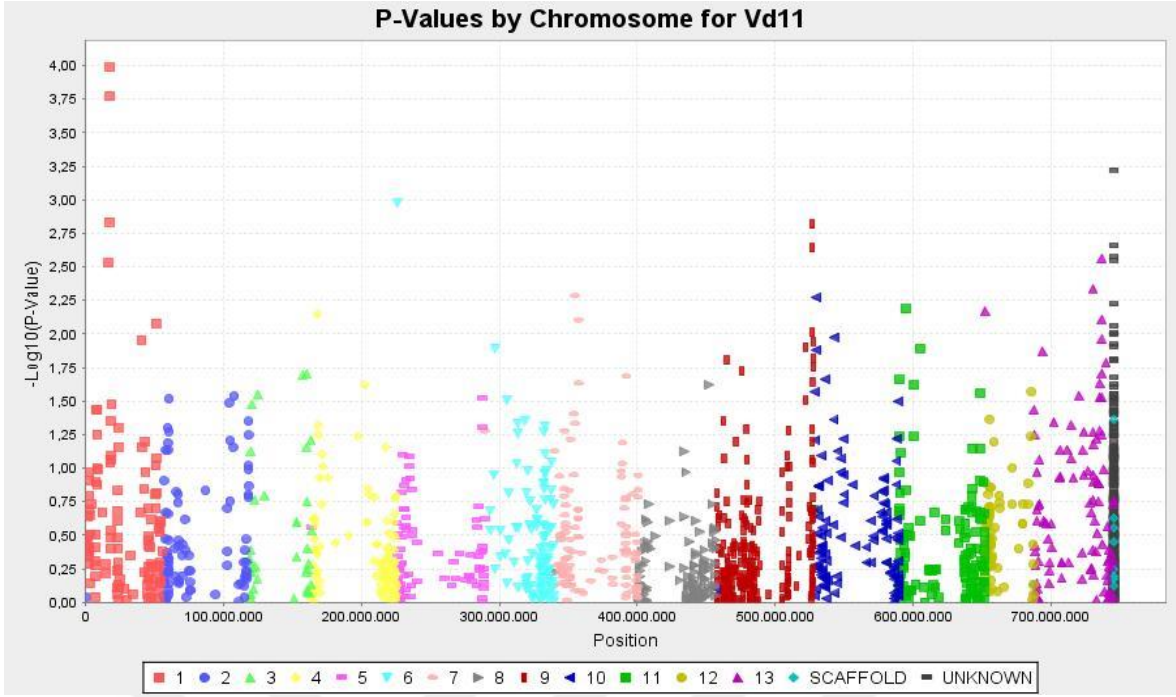
Çizelge 4.11. Yaprak dökmeleyen patotipi ile ilişkili GLM ve MLM yöntemleri ile belirlenen SNP markörleri

Markör	Kromozom	Genel Linear Model (GLM)			Karışık Linear Model (MLM)		
		p	$r^2$	LOD	p	$r^2$	LOD
AL53	1	0.003	0.101	2.50	0.004	0.102	
AL2165	-	0.012	0.103		0.010	0.102	
AL57	1				0.004	0.140	3.44
AL386	4	0.007	0.105		0.009	0.105	
AL825	7	0.005	0.112		0.009	0.104	
AL1937	13	0.005	0.114		0.007	0.114	
AL1966	13	0.003	0.128		0.006	0.118	
AL55	1	0.001	0.139	2.99	0.005	0.104	
AL2026	-	0.002	0.139		0.003	0.139	2.57
AL228	2	0.030	0.141		0.037	0.115	

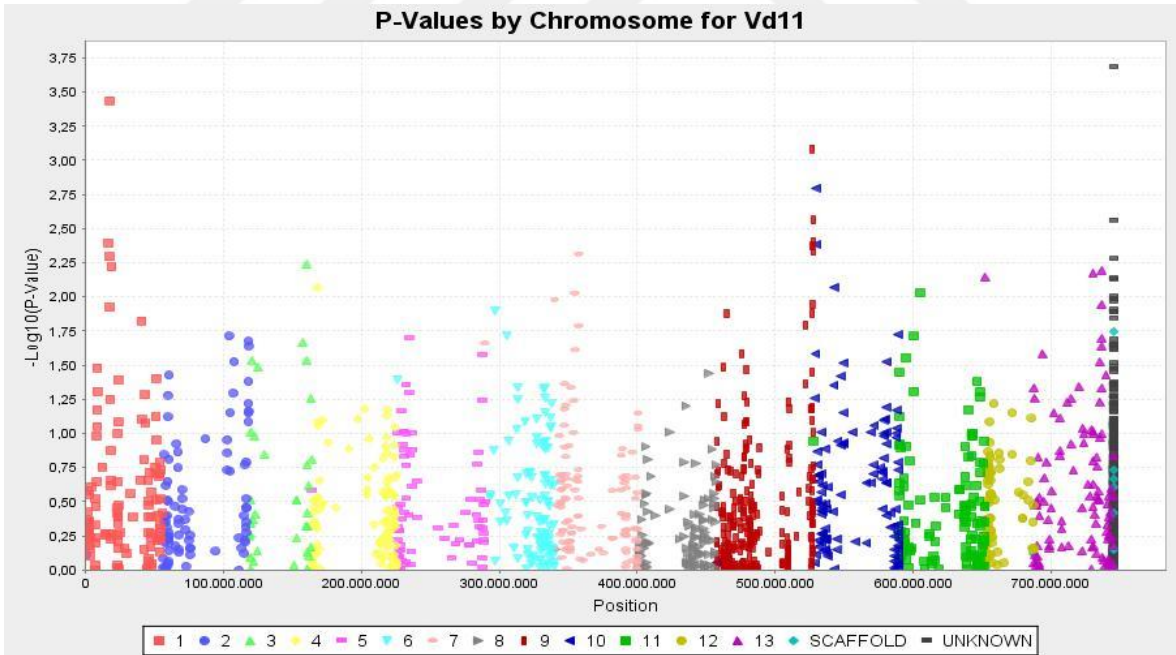
Çizelge 4.11. Devamı

Markör	Kromozom	Genel Linear Model (GLM)			Karışık Linear Model (MLM)		
		p	r <sup>2</sup>	LOD	p	r <sup>2</sup>	LOD
AL1972	13	0.016	0.150		0.037	0.169	
AL1715	11	0.028	0.168		0.049	0.190	
AL1050	8	0.024	0.169		0.036	0.148	
AL2472	-	0.009	0.189		0.007	0.233	
AL620	6	0.001	0.222	3.09	0.040	0.128	
AL2473	-	0.006	0.224		0.023	0.188	
AL2291	-	0.011	0.103				
AL1625	11	0.009	0.106				
AL1409	9	0.005	0.114				
AL2082	-	0.013	0.115				
AL65	1	0.006	0.117				
AL1423	10	0.004	0.122				
AL1410	9	0.004	0.126				
AL348	3	0.006	0.127				
AL2321	-	0.022	0.135				
AL1390	9	0.004	0.145	2.64			
AL766	7	0.010	0.150				
AL116	1	0.040	0.151				
AL134	1				0.011	0.100	
AL1419	10				0.027	0.101	
AL2193	-				0.010	0.105	
AL1454	10				0.022	0.108	
AL2230	-				0.021	0.110	
AL1393	9				0.010	0.111	
AL1602	11				0.007	0.115	
AL210	2				0.050	0.117	
AL165	1				0.008	0.120	
AL1394	9	0.002	0.14	2.79	0.002	0.143	3.09
AL1390	9				0.002	0.146	
AL889	7				0.021	0.168	
AL2333	-	0.003	0.18	2.78	0.003	0.183	
AL2257	-			3.38	0.040	0.14	3.69

Yaprak dökmeyen patotiple ilişkili hem MLM hem de GLM yönteminde ortak olarak 15 adet markör belirlenmiş olup, bu markörler pamuk genomu üzerinde 1., 2., 4., 6., 7., 8., ve 13. kromozomlar üzerinde olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.11).



Şekil 4.28. GLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökme yen patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Menhatton plot grafiği



Şekil 4.29. MLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökme yen patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Menhatton plot grafiği

#### 4.3.2.2. Yaprak dökken (PYDV6 izolatu) patotipine dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörler

Genel linear model yöntemine göre yaprak dökken patotip ile ilişkili  $p < 0.001$  ile  $p < 0.05$  önem düzeyi arasında 34 adet markör belirlenmiş olup,  $r^2$  değerleri 0.1 ile 0.25 arasında değiştiği belirlenmiştir. Markörler arasındaki LOD değeri ise 2.52 ile 3.88 arasında değişmektedir. Bu markörlerin pamuk genomu üzerinde 1., 2., 5., 7., 8., 9., 10., 12., ve 13. kromozomlar üzerinde olduğu belirlenmiş fakat istatistiksel olarak önemli çıkan bazı markörlerin hangi kromozom üzerinde olduğu belirlenememiştir (Çizelge 4.12 ve Şekil 4.30).

Karışık linear model yöntemiyle yaprak dökken patotipi ile ilişkili  $p < 0.001$  ve  $p < 0.05$  önem düzeyi aralığında 64 adet markör belirlenmiş olup,  $r^2$  değerleri 0.1 ile 0.36 arasında değiştiği belirlenmiştir. Önemli çıkan markörlerin LOD değerleri 2.53 ile 3.37 arasında değişmektedir. Bu markörleri haploid pamuk genomu üzerinde bütün kromozomlar üzerinde olduğu belirlenmiştir. İstatistiksel ve LOD değeri olarak önemli çıkan markörler ve bunların hangi kromozomlar üzerinde olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.10 ve Şekil 4.31).

Genel linear model yöntemine göre yaprak dökken patotip ile ilişkili  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde 14 adet markör,  $p \leq 0.05$  önem düzeyinde 20 adet markör belirlenmiştir. Karışık linear model yöntemine göre yaprak dökken patotip ile ilişkili  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde 30 adet markör belirlenirken,  $p \leq 0.05$  önem düzeyinde 34 adet markör belirlenmiştir. Hem genel linear model hemde karışık linear model yöntemine göre yaprak dökken patotip ile ilişkili  $p \leq 0.01$  önem düzeyinde 7 adet markör belirlenirken,  $p \leq 0.05$  önem düzeyinde 7 adet markör belirlenmiştir. Yaprak dökken patotipi ile ilişkili markörlerin karışık linear model yönteminde fenotipik varyasyonu % 10 -36 oranında açıkladığı belirlenirken, Yaprak dökken patotipi ile ilişkili markörlerin genel linear model yönteminde fenotipik varyasyonu % 10-25 oranında açıkladığı belirlenmiştir (Çizelge 4.12).

Gong ve ark. (2017), *G. arboreum* genomunda yaprak dökken patotiple ilişkili 2., 3., 5., 7., 11., ve 13. kromozomlar üzerinde 23 adet önemli QTL'ler belirlemişlerdir. En güçlü çıkan QTL'lerin ise 3., 5., ve 7. kromozomlar üzerinde olduğunu bildirmişlerdir. Bizim çalışmalarımızda da aynı kromozomlar üzerinde ve LOD değeri yüksek çıkan QTL'ler belirlenmiş ve bulgularımızı desteklemektedir.

Li ve ark. (2017), Upland pamukta yaptıkları *Verticillium* solgunluğuna dayanıklılık/tolerantlık üzerine A genomunda yaptıkları haritalama da 2., 3., 4., 9., 10., ve 13. kromozomlar üzerinde önemli QTL'ler belirlemişlerdir. Özellikle A10 kromozomu üzerinde kuvvetli QTL'ler elde etmişlerdir. Yine bizim çalışmalarımızla benzer QTL'ler belirlenmiş olup, 10. kromozom üzerinde LOD değeri düşük de olsa önemli QTL olması bizim çalışmalarımızı destekler niteliktedir. Wang ve ark. (2014), tarafından farklı izolatlarla yaptıkları çalışmada A ve D genomlarına ait 42 adet QTL bulduklarını ve 18 kromozom üzerinde haritalandığını ve önemli bulunan QTL'lerin A1, A2, A3, A5, A7, A9, A13 genomu üzerinde olduğunu bazı QTL'lerin ise D1, D2, D3, D5, D7, D9, D12 olarak belirlemişlerdir.

Çizelge 4.12. Yaprak dökken patotipi ile ilişkili GLM ve MLM yöntemleri ile belirlenen SNP markörleri

Markör	Kromozom	Genel Linear Model (GLM)			Karışık Linear Model (MLM)		
		p	r <sup>2</sup>	LOD	p	r <sup>2</sup>	LOD
AL1461	10	0.009	0.100		0.001	0.153	2.83
AL1446	10	0.015	0.104		0.020	0.116	
AL1799	12	0.007	0.105		0.009	0.106	
AL1854	13	0.001	0.109	3.13	0.002	0.107	2.65
AL530	5	0.033	0.110		0.003	0.181	2.53
AL2348	-	0.011	0.112		0.020	0.112	
AL1308	9	0.017	0.114		0.027	0.107	
AL1450	10	0.004	0.117	2.53	0.005	0.126	
AL1999	Scaffold	0.012	0.119		0.013	0.123	
AL2008	Scaffold	0.047	0.122		0.017	0.205	
AL70	1	0.019	0.126		0.025	0.214	
AL2362	-	0.015	0.137		0.024	0.129	
AL2202	-	0.012	0.167	2.85	0.001	0.360	
AL2130	-	0.002	0.176	2.66	0.009	0.171	
AL665	6	0.007	0.112		0.001	0.174	2.91
AL2488	-	0.014	0.117		0.007	0.147	
AL1978	13	0.002	0.149	2.84	0.003	0.173	2.53
AL930	8	0.011	0.101				
AL1762	12	0.014	0.103				
AL2374	-	0.007	0.105				
AL2481	-	0.027	0.107				
AL1078	9	0.040	0.107				
AL90	1	0.018	0.110				
AL531	5	0.022	0.117				
AL929	8	0.002	0.124				
AL71	1	0.013	0.127				

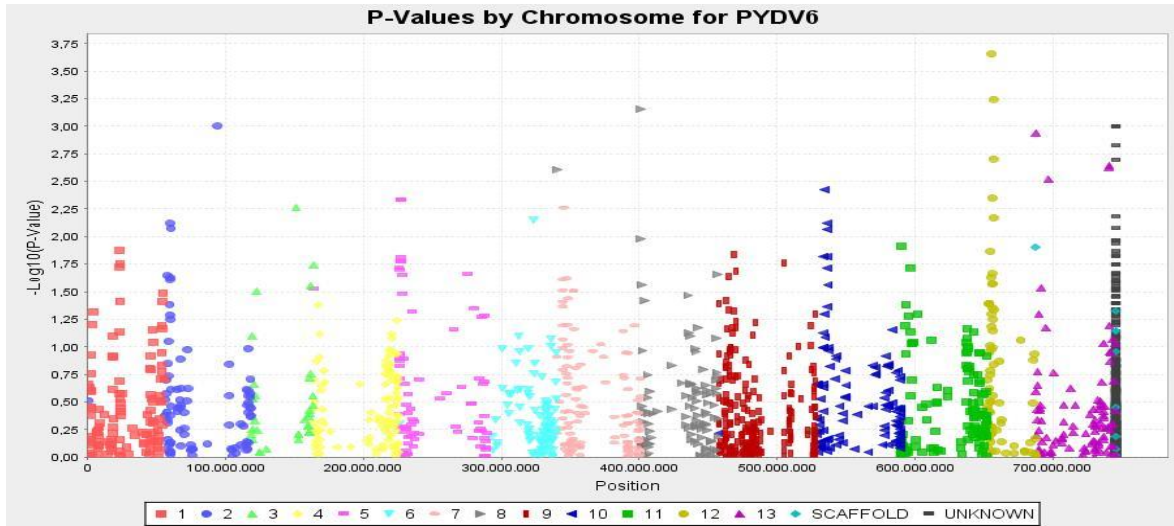
Çizelge 4.12. Devam

Markör	Kromozom	Genel Linear Model (GLM)			Karışık Linear Model (MLM)		
		p	r <sup>2</sup>	LOD	p	r <sup>2</sup>	LOD
AL2029	-	0.002	0.128	2.62			
AL210	2	0.041	0.129				
AL1796	12	0.002	0.13	2.83			
AL91	1	0.038	0.134				
AL2235	-	0.015	0.135				
AL1790	12	0.004	0.143				
AL782	7	0.005	0.202				
AL1888	13	0.003	0.25				
AL1615	11				0.012	0.1	
AL510	5				0.012	0.101	
AL1105	9				0.012	0.102	
AL1733	11				0.011	0.103	
AL1798	12				0.01	0.103	3.34
AL931	8				0.011	0.104	2.99
AL1469	10				0.017	0.104	
AL383	4				0.023	0.105	
AL776	7				0.025	0.106	
AL1996	13				0.008	0.107	
AL1623	11				0.011	0.108	
AL2287	-				0.009	0.109	
AL1145	9				0.029	0.11	
AL1142	9				0.01	0.11	
AL2325	-				0.007	0.111	
AL1141	9				0.007	0.111	
AL2323	-				0.006	0.113	
AL1612	11				0.009	0.117	
AL1614	11				0.009	0.117	
AL1457	10				0.006	0.118	
AL355	3				0.016	0.121	
AL1458	10				0.005	0.121	
AL737	6				0.008	0.123	
AL1132	9				0.007	0.123	
AL2012	Scaffold				0.022	0.125	
AL2328	-				0.011	0.129	
AL779	7				0.017	0.132	
AL1054	8				0.01	0.133	
AL1130	9				0.003	0.136	2.53
AL1652	11				0.038	0.137	
AL251	2				0.047	0.143	
AL2326	-				0.009	0.144	
AL1775	12				0.004	0.147	3.88
AL59	1				0.018	0.153	
AL1452	10				0.009	0.153	
AL506	5				0.003	0.154	2.58

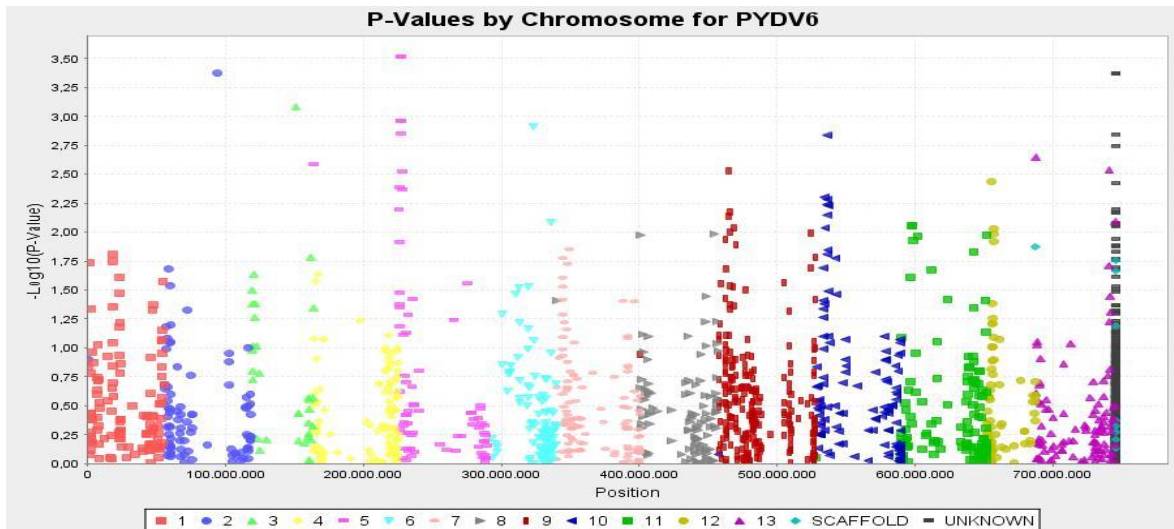


Çizelge 4.12. Devam

Markör	Kromozom	Genel Linear Model (GLM)			Karışık Linear Model (MLM)		
		p	r <sup>2</sup>	LOD	p	r <sup>2</sup>	LOD
AL2289	-				0.013	0.157	2.85
AL518	5				0.001	0.158	
AL1217	9				0.031	0.163	
AL519	5				0.001	0.164	
AL523	5				0.001	0.164	2.96
AL798	7				0.019	0.166	
AL640	6				0.034	0.174	
AL2066	-				0.013	0.218	
AL2310	-				0.008	0.264	
AL804	7				0.014	0.282	3.37



Şekil 4.30. GLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökme patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Manhattan plot grafiği



Şekil 4.31. MLM yöntemine göre elde edilen yaprak dökme patotipe dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili markörlere ait Manhattan plot grafiği

#### 4.3.2.3. Bağlantı Haritalaması ve İlişkilendirme Haritalaması ile Belirlenen Markörlerin Karşılaştırılması

Verticillium solgunluk hastalığına dayanıklılıkla/tolerantlıkla ilişkili yaprak dökme ve yaprak dökme patotipi ile linkage ve ilişkilendirme haritalaması işlemi iki farklı program üzerinden yapılmıştır. Bağlantı haritalaması ve ilişkilendirme haritalaması programları ile yapılmıştır. Her iki program ile farklı kromozomlar üzerinde önemli bulunan birçok markörler elde edilmiştir. Bu programlarla yapılan haritalama çalışması sonucu 6 farklı kromozomda (Kromozom 1., 2., 4., 8., 11., 12.), 5 adedi yaprak dökme, 9 adedi yaprak dökme patotip olmak üzere toplam 14 adet QTL (*qVvd11-AL53*, *qVvd11-AL56*, *qVvd11-AL210*, *qVvd11-AL228*, *qVpydv6-AL383*, *qVpydv6-AL929*, *qVpydv6-AL931*, *qVpydv6-AL1612*, *qVpydv6-AL1614*, *qVpydv6-AL1615*, *qVpydv6-AL1775*, *qVpydv6-AL1790*, *qVpydv6-AL1796*, *qVpydv6-AL1799*) belirlenmiştir (Çizelge 4.13).

Çizelge 4.13. WinQTLCart ve TASSEL programında ortak çıkan markörler

QTL	Kromozom	WinQTLCart		TASSEL			
		Tek Markör Analizi		GLM		MLM	
		p	r <sup>2</sup>	p	r <sup>2</sup>	p	r <sup>2</sup>
<i>qVvd11-AL53</i>	1	0.006	0.06	0.003	0.1	0.004	0.1
<i>qVvd11-AL56</i>	2	0.09	0	0.0001	0.16		
<i>qVvd11-AL210</i>	2	0.001	0.09	0.04	0.13		
<i>qVd11-AL210</i>	2	0.001	0.09	0.005	0.12		
<i>qVvd11-AL228</i>	2	0.009	0.07	0.03	0.14	0.04	0.11
<i>qVpydv6-AL383</i>	4	0.008	0.01			0.02	0.11
<i>qVpydv6-AL929</i>	8	0.008	0.07	0.02	0.12		
<i>qVpydv6-AL931</i>	8	0.002	0.09	0.01	0.1		
<i>qVpydv6-AL1612</i>	11	0.001	0.1	0.008	0.12		
<i>qVpydv6-AL1614</i>	11	0.001	0.1	0.008	0.12		
<i>qVpydv6-AL1615</i>	11	0.001	0.1	0.01	0.1		
<i>qVpydv6-AL1775</i>	12	0	0.14			0.004	0.15
<i>qVpydv6-AL1790</i>	12	0.005	0.09	0.04	0.14		
<i>qVpydv6-AL1796</i>	12	0.001	0.1	0.002	0.13		
<i>qVpydv6-AL1799</i>	12	0.001	0.09	0.007	0.11	0.009	0.11

Her iki program ve yöntemlerle yapılan analizler de *qVvd11-AL-53* (kromozom 1), *qVvd11-210* (kromozom 2) ve *qVpydv6-AL1799* (kromozom 12) ortak olarak belirlenmiştir. Ortak olarak belirlenen bu markörlerin Verticillium solgunluk hastalığı ile ilişkili kuvvetli markörler olduğu söylenebilirler.

Verticillium solgunluęu ile iliřkili bulunan bu QTL'lerin dayanıklılık/tolerantlık doęrulaması yapıldıktan sonra markör destekli seleksiyonda kullanılması ıslah aısından önemli bir adım olacaktır. Bu sayede ıslah materyalleri arasında dayanıklılık/tolerantlık ile iliřkili QTL'in olup olmaması ile genotipik seimle beraber ve fenotipik seim de yapılarak, ıslah aısından daha hızlı sonu alıp zaman ve maliyet aısından kazanım saęlayacaktır (Lande ve Thompson, 1990; Walsh, 2005; Cooper ve ark., 2007).



## 5. SONUÇ VE ÖNERİLER

Verticillium solgunluk hastalığı pamukta üretimi sınırlayan ve yıkıcı etkiye sahip olan en önemli faktörlerden birisidir. Günümüzde hastalığa karşı etkin ve ekonomik bir kimyasal mücadele bulunmamakla beraber şu ana kadar ki en etkili yöntem bu hastalığa karşı dayanıklı/tolerant çeşitlerin kullanılmasıdır. Hastalığa karşı geliştirilen çeşitlerin zamanla dayanıklılığının kırılması sebebiyle hastalığa dayanıklı çeşit geliştirme ıslah programlarının sürekli olarak devam etmesi önem arz etmektedir. Ülkemizde bu hastalığın yaprak dökme ve yaprak döken olmak üzere farklı bölgelerde etkili olan iki patotipi mevcuttur. Bu patotiplerden en tahripkâr ve virülensliği diğerine göre daha fazla olan yaprak döken patotipidir.

Çalışmada, İs8 x Orgosto 644 genotipleri melezleme de kullanılmış ve 112 adet saf hat (F<sub>6</sub>; RIL) elde edilmiş ve bu saf hatlar Verticillium solgunluğuna karşı reaksiyonları belirlenmiştir. Fenotipleme sonrası yapılan seçim ile 92 adet kendilenmiş saf hat ve iki ebeveyn de Sekanslama Yoluyla Genotipleme yöntemi kullanılarak 2734 SNP markörü elde edilmiştir. Bu SNP markörünü analiz etmeden önce en küçük allel frekansı (MAF) <0.5 olarak filtrelendikten sonra 1878 SNP markörü elde edilmiştir. Elde edilen markörler ile TASSEL programında genel linear model ve karışık linear model yöntemleri kullanılarak incelenen özellikler ile ilişkili markörleri belirleme çalışmaları yapılmıştır. WinQTLCart programı ile Tek Markör Analiz ve Composit Interval Haritalama yapılarak incelenen özelliklerle ilişkili QTL belirleme çalışması yapılmıştır.

Yaprak dökme patotipi ile iklim odası hastalık testlemede fenotipik analizler sonucunda; ebeveyn olarak kullanılan İs 8 (1.12) tolerant iken Orgosto 644 (2.57) orta derecede tolerant olarak belirlenmiştir. Saf hatların duyarlı olan kontrol çeşitlerinden daha tolerant olduğu belirlenirken; dayanıklı kontrol Giza 45 (0.89) çeşidine daha yakın olan M6-163, M6-164 hatlar tolerant olarak belirlenirken, tolerant kontrol Carmen (1.12) çeşidinden M6-136, M6-138, M6-155, M6-186, M6-188, M6-189, M6-199, M6-207 hatlarının daha tolerant olduğu bulunmuştur.

Yaprak döken patotip ile iklim odasında hastalık testlemede fenotipik analizler sonucunda İs 8 ebeveyni (2.72) hastalık şiddeti ile orta derecede tolerant olarak belirlenirken, Orgosto 644 ebeveyni (3.59) hastalık şiddeti ile duyarlı bulunmuştur. Saf hatların duyarlı kontrol çeşitleri Acala SJ2 ve Çukurova 1518'in, 18 adet hattın daha duyarlı olduğu belirlenmiştir.

M6-173 ve M6-180 hatları (4.38) hastalık şiddeti ile en duyarlı hatlar olarak belirlenmiştir. Dayanıklı kontrol Giza 45 (1.14) çeşidinden daha dayanıklı hat bulunmazken, tolerant kontrol Carmen (2.05) çeşidinden M6-156 ve M6-70 hatları daha tolerant olarak belirlenmiştir.

İklim odası hastalık testlemesi sonucu her iki patotipe karşı tolerant olan saf hatlar sırasıyla M6-21, M6-22, M6-39, M6-70, M6-148, M6-156, M6-195 ıslah açısından da önemli bulunan hatlardır.

Bağlantı haritalaması sonucu yaprak dökmeyen patotip ile ilişkili tek markör analizi sonucu 35 adet QTL belirlenmiştir. Elde edilen QTL'lerden 12 adedi yaprak dökmeyen patotipe karşı hassaslık ile ilişkili bulunurken diğerleri dayanıklılık/tolerantlık ile ilişkili bulunmuştur. Belirlenen bu QTL'ler 1., 5., 6., 7., 9., 10., 12., 13. kromozomlar üzerinde olduğu belirlenmiştir.

Bağlantı haritalaması sonucu yaprak dökken patotip ile ilişkili tek markör analizi sonucu 42 adet QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerden 24 adedi yaprak dökken patotipine karşı hassaslık ile ilişkili bulunurken, diğer QTL'ler dayanıklılık/tolerantlık ilişkili olarak belirlenmiştir. Önemli bulunan markörler pamuk genomunda 2., 3., 4., 5., 7., 8., 9., 10., 11., 12., 13. kromozom üzerinde olduğu belirlenmiştir.

Bağlantı haritalaması Composit Interval Haritalama analizine göre yaprak dökmeyen patotipi ile ilişkili 5. ve 10. kromozomlar üzerinde 3 adet önemli QTL belirlenmiştir. Bu QTL'lerin fenotipik varyansı % 14, % 9 ve % 8 açıkladığı ve LOD değerlerinin ise 4.6, 3.1 ve 2.2 olduğu saptanmıştır.

Bağlantı haritalaması Composit Interval Haritalama analizine göre yaprak dökken patotip ile ilişkili olarak 5., 6., 7., 11., ve 12. kromozomları üzerinde 5 adet QTL belirlenmiştir. Önemli olarak belirlenen bu QTL'lerin fenotipik varyansı % 24, % 36, % 10, % 11, % 10 olarak açıkladığı, LOD değerlerinin ise 3.96, 3.5, 2.54, 2.92 ve 3.42 olduğu belirlenmiştir.

İlişkilendirme haritalamasında kullanılmak üzere Q matris verileri STRUCTURE programından elde edilmiştir. Kullanılan genotipler arasında Delta K değeri 2 olarak bulunmuştur.

İlişkilendirme analizlerinde tüm markörler MAF <0.05 filtresinden geçirilerek 1878 adet SNP markörü elde edilmiş ve GLM ve MLM yöntemleri kullanılarak ilişkilendirme haritalaması yapılmıştır.

Markörler arası 1761154 karşılaştırma sonucu yapılan bağlantı eşitsizliğinde kullanılan markörlerin %0.64'ü  $p<0.05$ , % 0,28  $p<0.01$  ve % 0.17'si  $p<0.001$  önem düzeyinde önemli çıktığı belirlenmiştir. Analiz edilen markörlerin % 0.95'i  $r^2\geq 0.1$  ve % 0.41'i  $r^2\geq 0.02$ 'den büyük bulunmuştur. Bu sonuçlar doğrultusunda kullanılan markörlerin % 0.95'i 8-10 cM'un altında olduğu ve % 0.41'i 6-8 cM'luk mesafede olduğu belirlenmiştir.

İlşkilendirme analizi sonucu yaprak dökmeyen patotip ile ilişkili olarak  $p<0.001$  ve  $p<0.05$  aralığında Genel linear modelde 28 adet QTL, Karışık linear modelde 27 adet QTL belirlenmiş olup,  $r^2$  değerleri 0.1 ile 0.24 arasında değiştiği belirlenmiştir. Yaprak dökmeyen patotiple ilişkili hem GLM hemde MLM ile ilişkili 15 adet QTL ortak olarak belirlenmiştir. Bu QTL'ler pamuk genomunda 1., 2., 4., 6., 7., 8., 9., 10., 11., 13. kromozomlar üzerinde olduğu belirlenmiştir.

İlşkilendirme analizi sonucu yaprak döken patotip ile ilişkili  $p<0.001$  ve  $p<0.05$  aralığında genel linear modelde 34 adet QTL, karışık linear modelde 64 adet QTL belirlenmiş olup,  $r^2$  değerleri 0.1 ile 0.36 arasında değiştiği belirlenmiştir. Analiz sonucu hem GLM hemde MLM yöntemine göre yaprak döken patotiple ilişkili 17 adet QTL ortak bulunmuştur. Belirlenen bu QTL'ler pamuk genomu üzerinde 1., 2., 5., 7., 8., 9., 10., 12., ve 13. kromozomlar üzerinde olduğu belirlenmiştir.

Çalışmada ilişkilendirme analizlerinde kullanılan TASSEL programı ve bağlantı haritalamasında kullanılan WinQTLCart programı ile farklı yöntemlerle SNP markörleri analiz edilerek farklı kromozomlar üzerinde birçok QTL belirlenmiştir. Her iki program ile de önemli çıkan QTL'ler ortak olarak belirlenmiştir.

Yapılan çalışmaların sonucu olarak, fenotipik analizler sonucu hastalığın her iki patotipine karşı tolerant olan saf hatların ıslah programlarının devam ettirilmesi, Verticillium solgunluk hastalığı ile ilişkili bulunan QTL'lerin doğrulamasının yapılması ve daha sonra yapılacak olan markör destekli seleksiyon (MAS) ıslah çalışmalarında kullanılabileceği düşünülmektedir. Ayrıca, önemli bulunan hatların bölge verim denemelerine tabi tutularak tescil aşamasına getirilmesi düşünülmektedir.

## KAYNAKLAR

- Abbas, A., Iqbal, A., M., Rahman, M., Paterson, H., A. (2015). Estimating genetic diversity among selected cotton genotypes and the identification of DNA marker associated with resistance to cotton leaf curl virus. *Turkish Journal of Botany*, 39: 1033-1041.
- Abdel-Haleem, H., Ji, P., Boerma, H., R., Li, Z. (2013). An R package for SNP marker-based parent-offspring tests. *Plant Methods*, 9:44.
- Abdelraheem, A., Liu, F., Song, M., Zhang, J., F., 2017. A meta-analysis of quantitative trait loci for abiotic and biotic stress resistance in tetraploid cotton. *Mol. Genet. Genomics*, 29(2):1221-1235.
- Abdurakhmonov, I., Y., Kohel, R., J., Yu, J., Z., Pepper, A., E., Abdullaev, A., A.; Kushanov, F., N., Salakhutdinov, I., B., Buriev, Z., T., Saha, S., Scheffler, B., E., Jenkins, J., N., Abdulkarimov, A. (2008). Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *G. hirsutum* L. germplasm. *Genomics*, 92: 478-487.
- Abdurakhmonov, I., Y., Saha, S., Jenkins, J., N., buriev, Z., T., Shermatov, S., E., Scheffler, B., E., Pepper, A., E., Yu, J., Z., Kohel, R., J., Abdulkarimov, A. (2009). Linkage disequilibrium-based association mapping of fiber quality traits in *G. hirsutum* L. variety germplasm. *Genetica*, 136:401-407.
- Abdurakhmonov, I., Abdulkarimov, A. (2008). Application of association mapping to the understanding genetic diversity of plant germplasm resources. *International Journal Of Plant Genomics*, Vol1-18, 2008.
- Aguado, A., Santos, B., D., L., Blanco, C., Romero, F. (2008). Study of gene effects for cotton yield and verticillium wilt tolerance in cotton plant (*Gossypium hirsutum* L.). *Field Crops Research*, 107(1):78-86.
- Akköse, A. (2014). Molecular mapping of quantitative trait loci conferring resistance to verticillium wilt in cotton. Izmir Institute of Technology, Izmir.
- Akçar, H. (1986). *A research on the effect of different sowing shapes on yield and yield components of two cotton varieties (Gossypium sp.) in Cukurova conditions*. MSc Thesis, Çukurova University, Graduate School of Natural and Applied Sciences, Field Crops Department, Adana.
- Anonim, 2018a. Gümrük ve Ticaret Bakanlığı 2017 yılı Pamuk Raporu.
- Anonim, 2018b. Türkiye İstatistik Kurumu, Bitki üretim istatistikleri. <http://www.tuik.gov.tr>.
- Anonim, 2018c. Uluslararası pamuk istişare komitesi 2018.
- Anonim, 2018d. <http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/> (Erişim.15.03.2019).
- Anonim, 2019. Türkiyr İstatistik Kurumu, Bitki Üretim İstatisikleri, <http://www.tuik.gov.tr>.
- Aydın, M., H., Sağır, A. (2001). Bazı pamuk çeşitlerinin solgunluk hastalığı (*Verticillium dahliae* Kleb.)'na karşı reaksiyonlarının belirlenmesi. *Bitki Koruma Bülteni* 41(1-2):17-24.
- Azzaddisfani, F., Zangi, M., R. (2007). *Verticillium* wilt tolerance in some cotton genotypes. *Plant Pathology Journal*, 6(2): 206-209.

- Bardak, A. (2012). *Lif ve hav oluşumuyla ilgili DNA markörlerinin pamuk (Gossypium hirsutum L.) genomunda haritalanması ve QTL analizi*. Doktora tezi. Kahramanmaraş Sütçü İmam Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Tarla Bitkileri Anabilim Dalı, Kahramanmaraş, 141s.
- Baytar, A., A., Erdogan O., Frary A., Frary A., Doganlar, S. (2017). Molecular diversity and identification of alleles for verticillium wilt resistance in elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm. *Euphytica*, 213:31.
- Beckman, C., H. (1987). *The Nature of Wilt Disease Plants*. The American *Phytopathological Society*, St paul MN.
- Bejarano-Alcazar, J., Melero-Vara, J., M., Blanco-Lopez, M., A., Jimenez-Diaz, R., M. (1995). Influence of inoculum density of defoliating and non-defoliating pathotypes of *Verticillium dahliae* on epidemics of verticillium wilt of cotton in southern Spain. *Phytopathology* 85, 1474–1481.
- Bejarano-Alcazar, J., Melero-Vara, J., M., Blanco-Lopez, M., A., Jimenez-Diaz, R., M. (1996). Etiology, Importance, and distribution of verticillium wilt of cotton in Southern Spain. *Plant Dis* 80, 1233–1238.
- Bell, A., and Presley, J. (1969). Temperature effects upon resistance and phytoalexin synthesis in cotton inoculated with *Verticillium albo-atrum*. *Phytopathology* 59, 1141–1146.
- Bell, A.A. (1994). Mechanisms of disease resistance in *Gossypium* species and variation in *Verticillium dahliae*. In: Constable, G.A., Forrester, N.W. (Eds.), *Proceedings of the World Cotton Research Conference -1*. CSIRO, Melbourne, Australia, pp. 225–235.
- Bell, A., A. (1999). Disease of cotton. In: Smith, Cothorn JT (eds), *Cotton*. New York, John Wiles and Sons, Inc.; P:553-593.
- Bertini, M., H., C., Schuster, I., Sediya, T., Barros, G., E., Moreira, A., M. (2006). Characterization and genetic diversity analysis of cotton cultivar using microsatellites. *Genetics and Molecular Biology*, 29(2): 321-329.
- Bhatti, K., H. (2018). *Association analysis and mapping of fiber quality in cotton*. KSÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, 201s.
- Bowman, D.T. (1999). Public cotton breeders – do we need them? *J. Cotton Sci.* 3, 139–152.
- Bölek, Y., Bell, A., A., El-Zik, K., M., Thaxton, P., M., Magill, C., W. (2005a). Reaction of cotton cultivars and a F<sub>2</sub> population to stem inoculation with isolates *Verticillium dahliae*. *J. Phytopathology*, 153:269-273.
- Bölek, Y., El-zik, K., M., Pepper, A., E., Bell, A., A., Magil, C., W., Thaxton, P., M., Reddy, O., U., K. (2005b). Mapping of verticillium wilt resistance genes in cotton. *Plant Science*. 168:1581:1590.
- Bölek, Y., Tekerek, H., Hayat, K., Bardak, A. (2016). Screening of cotton genotypes for protein content, oil and fatty acid composition. *Journal of Agricultural Science*; Vol. 8, No. 5.
- Berg, G., Fritze, A., Roskot, N., Smalla, K. (2001). Evaluation of potential biocontrol Rhizobacteria from different host plants of *Verticillium dahliae* Kleb. *Journal of Applied Microbiology* 91, 963–971.



- Bradbury, P., J., Zhang, Z., Kroon, D., E., Casstevens, T., M., Ramdoss, Y., Buckler, E., S. (2007). TASSEL: Software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*, 23(19), 2633-2635.
- Chen H., Khan, M., K., R., Zhou, Z., Wang, X., Cai, X., Ilyas, M., K., Wang, C., Wang, Y., Li, Y., Liu, F., Wang, K. (2015). A high-density SSR genetic map constructed from a F2 population of *Gossypium hirsutum* and *Gossypium darwinii*. *Gene*, 574:273-286.
- Changsoo K., Hui G., Wenqian K., Rahul C., Lan-Shuan S., Andrew H., P. (2016). Application of genotyping by sequencing technology to a variety of crop breeding programs. *Plant Science* 242: 14–22.
- Clark, L., J., Hine, R., B., Carpenter E., V. (1987). Resistance to verticillium wilt by eight varieties of short staple cotton, Safford Agricultural Cotton, 179-180.
- Cooper, M., Podlich, D., W., Luo, L. (2007). Modeling QTL effects and MAS in plant breeding, 57-95. Book: *Genomic-Assisted Crop Breeding Improvement*, Ed: Varshney, R., K., ve Tuberosa, R., Springer.
- Çelik, Ş., Erdoğan, O., Bakoğlu, A. (2014). Pamukta verticillium solgunluğunun verime etkisinin regresyon modeliyle incelenmesi. *Türk Tarım ve Doğa Bilimleri Dergisi*, 1(3), 390-397.
- Çelik, S., Bardak, A., Erdoğan, O., Parlak, D., Uçar, R., Tekerek, H., Hayat, K., H. (2017). Determination of the response of some cotton varieties to cotton wilt disease caused by *Verticillium dahliae* Kleb. *Turkish Journal of Agriculture-Food Science and Technology*, 5(12),1488-1492.
- Çelik, S. (2018). *Pamukta (Gossypium hirsutum L.) ilişkilendirme haritalaması analiziyle solgunluk hastalığı (Verticillium dahliae Kleb.) ile ilişkili DNA markörlerinin belirlenmesi*. KSÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 117s.
- Çokkızgın, H. (2015). *Pamukta Verticillium Solgunluğuna Dayanıklılık İçin Germplasm taraması ve Moleküler Markör Geliştirme*. KSÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 243s.
- Dai, B., Guo, H., Huang, C., Zhang, X., Lin, Z. (2016). Genomic heterozygosity and hybrid breakdown in cotton (*Gossypium*): different traits, different effects. *BMC Genetics*, 17:58.
- Danıştı, İ. (2001). *Bazı pamuk çeşitlerinin solgunluk hastalığına tepkisi ile bu çeşitlerin teknolojik özelliklerinin solgunluk hastalığı ile ilişkisinin belirlenmesi*. Yüksek Lisans Tezi, KSÜ Fen Bilimleri Enstitüsü, Kahramanmaraş, 71s.
- Daayf, F., Nicole, M., Geiger, J. (1995). Differentiation of *Verticillium dahliae* populations on basis of vegetative compatibility and pathogenicity on cotton. *Eur. Journal of Plant Pathology*, 101: 69-79.
- Derviş, S., ve Biçici, M. (2005). Distribution of verticillium wilt in cotton areas of Southern Turkey. *Plant Pathology Journal*, 4(2); 126-129.
- Dervis, S., Yetisir, H., Yıldırım, H., Tok, F., M., Kurt, S., Karaca, F. (2009). Genetic and pathogenic characterization of *Verticillium dahliae* isolates from eggplant in Türkiye. *Phytoparasitica*, 37, 467–476.
- Devey, M., E., Roose, M., L. (1987). Genetic analysis of verticillium wilt tolerance in cotton using pedigree data from three crosses. *Theor. Appl Genetic*, 74(1):162-167.

- Du, W., S., Du, X., Ma., Ma, Z., Y. (2004). Studies on SSR Markers of Resistance Gene of Verticillium Wilt in Cotton. *J. Northwest Sci- Tech. Univ. Agric. For.* 32, 20–24.
- Erdoğan, O., Sezener, V., Ozbek, N., Bozbek, T., Yavaş, I., Unay, A. (2006). The effect of verticillium wilt (*Verticillium dahliae* Kleb.) on cotton yield and fiber quality. *Asian Journal of Plant Science* 5(5): 867-870.
- Erdoğan, O. (2007). Effects of fluorescent pseudomonads on the control of verticillium wilt (*Verticillium dahliae* Kleb.) and plant growth of cotton. P.h.D Thesis, University Of Adnan Menderes. Graduate School of Natural and Applied Sciences. Department Of Plant Protection Science. 121, Aydin- Turkey (Abstract).
- Erdoğan, O. (2009). Bazı pamuk çeşit adaylarının verticillium solgunluk hastalığı etmeni (*Verticillium dahlia kleb*) karşı duyarlılıklarının belirlenmesi. *ADÜ Ziraat Fakültesi Dergisi*; 6(2) :9-16.
- Erdoğan, O., Benlioğlu, K. (2010). Biological control of verticillium wilt on cotton by use of fluorescent pseudomonas spp. under field conditions. *Biological Control*, 53 (1): 39-45.
- Erdoğan, O., DüNDAR, H., GöRE, M., E. (2011). Determination of reaction of some cotton genotypes against verticillium wilt disease caused by *Verticillium dahliae* Kleb. *Plant Protection Bulletin*, 51(2):159-173.
- Erdoğan, O., ÖZBEK, N., AYDIN, U., GÖRE, M., E. (2013). The determination of relationship between verticillium wilt (*Verticillium dahliae* Kleb.) and early maturity in cotton (*Gossypium hirsutum* L.).*Turkish Journal of Field Crops*, 18(1):8-12.
- Erdoğan, O., Kurt, Ş., GöRE, M., E. (2014). Pamukta *Verticillium* solgunluk hastalığı etmeni *Verticillium dahliae* Kleb. ile farklı inokülasyon metotları üzerinde çalışmalar. *Türk Tarım ve Doğa Dergisi*, 1(2): 188-193.
- Erdoğan, O., Bolek, Y., DüNDAR, H., Bardak., A. (2015). Screening of cotton genotypes for resistance to *Verticillium dahliae* Kleb. under greenhouse and field conditions. *Romanian Agricultural Research*, No. 32.
- Elshire, R., J., Glaubitz, C., J., Sun, Q., Poland, A., J., Kawamoto, K., Buckler, S., E., Mitchell, S., E. (2011). A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. *Plos ONE* 6(5): e19379.
- El-Zik, K., M. (1985). Integrated control of verticillium wilt of cotton. *Plant Disease*, 1025-1032.
- Fang, H., Zhou, H., Sanogo, S., Flynn, R., Percy, R. G., Hughs, S., E., Ulloa, M., Jones, C., D., Zhang, J. (2013). Quantitative trait locus mapping for verticillium wilt resistance in a backcross inbred line population of cotton (*Gossypium hirsutum* × *Gossypium barbadense*) based on RGA-AFLP analysis. *Euphytica* 194, 79–91.
- Fang, H., Zhou, H., Sanogo, S., Lipka, A., E., Fang, D., D., Percy, R., G., Hughs, S., E., Jones, D., C., Gore, M., A., Zhang, J. (2014). Quantitative trait locus analysis of verticillium wilt resistance in an introgressed recombinant inbred populations of upland cotton. *Mol Breeding*, 33: 709-720.
- Fradin, E., F., ve Thomma, B., P. (2006). Physiology and molecular aspects of verticillium wilt diseases caused by *V. dahliae* and *V. albo-atrum*. *Molecular Plant Pathology*, 7(2), 71-86.

- Flint-Garcia, S., Thornsberry, J., Bukler, E. (2003). Structure of linkage disequilibrium in plants. *Annual Review Plant Biology*, Vol54, 357-374.
- Fu-Wrong, W., Liu, R., Z., Wang, L., M., Zhang, C., Y., Liu, G., D., Liu, Q., H., Zhang, J. (2007). Molecular markers of verticillium wilt resistance upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) cultivar and their effects on assisted phenotypic selection. *Cotton Sci*, 19(6):424-430.
- Gencer, O., Mert, M., Kurt, Ş. (2001). Reaction of some cotton breeding line and varieties to wilt disease and determination of their agricultural and technological properties. 4<sup>th</sup> Field Crop Congress of Turkey, Tekirdağ:193-197.
- Glaubitz, J., C., Casstevens, T., M., Lu, F., Harriman, J., Elshire, R., J., Sun, Q., Buckler, E., S. (2014). TASSEL-GBS: a high capacity genotyping by sequencing analysis pipeline. *Plos One*9. E90346.
- Göre, M., E. (2007). Vegetative compatibility and pathogenicity of *Verticillium dahliae* isolates from the Aegean Region of Turkey. *Phytoparasitica*, 35 (3), 222–231.
- Göre, M.E., Esen, H., Orak, A., Gozcu, D., Altın, N., Erdogan, O. (2007). Pathotype groups within *Verticillium dahliae* isolates from cotton in Turkey. *Anadolu Journal of AARI*, 17 (1), 16–42.
- Göre, M. E., Caner, K., Ö., Altın, N., Aydın, M. H., Erdoğan, E., Filizer, F., Büyükdöğerlioğlu, A. (2009). Evaluation of cotton cultivars for resistance to pathotypes of *Verticillium dahliae*. *Crop Protection*, 28:215-219.
- Göre, M. E., Erdoğan, O., Caner, Ö. K., Aydın, M. H., Berk, S. (2014). VCG diversity and virulence of *Verticillium dahliae* from commercially available cotton seed lots in Turkey. *Eur J., Plant Pathol*, 140:689-699.
- Göre, M. E., Altın, N., Erdoğan, O., Özkan, I., Sezener, V., Bölek, Y. (2017). Genetics of verticillium wilt resistance in cotton. *Romanian Agricultural Research*, 34:31-36.
- Göre, M. E., Erdoğan, O., Altın, N. (2017b). Searching for resistance to verticillium wilt of cotton in seedling from *Gossypium* spp. *Trop. Plant Pathol*, 42: 28-31.
- Gözcü, D., Özdemir, M., Günaçtı, H. E. (2012). Kahramanmaraş'ta bazı pamuk çeşitlerinin verticillium solgunluk hastalık etmeni (*Verticillium dahliae* Kleb.)'e duyarlılıklarının belirlenmesi. *Bitki Koruma Bülteni*, 52(2):135-152.
- Guo, X., Cai, C., Yuan, D., Zhang, R., Xi, J., Guo, W. (2016). Development and identification of verticillium wilt-resistant upland cotton accessions by priming QTL related to resistance. *Journal of Integrative agriculture* 15(3): 512-520.
- Hampton, R., E., Wuschleger, S., D., ve Oosterhuis, D., M. (1990). Impact of verticillium wilt on net photosynthesis, respiration and photorespiration in field grown cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 37:271-280.
- He, J., Zhao, X., Laroche, A., Lu, Z-X., Liu, H., Li, Z., 2014. Genotyping-by-sequencing (GBS), an ultimate marker-assisted selection (MAS) tool to accelerate plant breeding. *Frontier in Plant Science*, 5:1-8.
- Hinze, L., L., Fang, D., D., Gore, A., M., Scheffler, E., B., Yu, Z., J., Frelichowski, J., Percy, G., R. (2015). Molecular characterization of The *Gossypium* diversity reference set of the US national cotton germplasm collection. *Theor Appl Genet*, 128:313-327.

- Huang, X., Feng, Q., Qian, Q., Zhao, Q., Wang, L., Wang, A., Guan, J., Fan, D., Weng, Q., Huang T., Dong, G., Sang, T., Han, B. (2009). High-throughput genotyping by whole-genome resequencing. *Genome Res.* 19; 1068–1076.
- Hui-Fang., B., S. (2013). *Development Of molecular markers and mapping of quantitative trait loci for resistance to verticillium wilt disease using two inbred line populations in tetraploid cotton.* (Doctor of Philosophy), New Mexico State University Las Cruces, New Mexico.
- İyriboz, N. (1941). Cotton diseases. Turkish Ministry of Agriculture and Rural Affairs. Publ. No. 237. Marifet Press, Izmir, Turkey.
- Jia, X., Pang, C., Wei, H., Wang, H., Ma, Q., Yang, J., Cheng, S., Su, J., Fan, S., Song, M., Wusiman, N., Yu, S. (2016). High-density linkage map construction and QTL analysis for earliness-related traits in *Gossypium hirsutum* L. *BMC Genomics*, 17:909.
- Jian, G. L., Ma, C., Zheng, C. L., Zou, Y., F. (2003a). Advances in cotton breeding for resistance to *Fusarium* and *Verticillium* Wilt in the last fifty years in China. *Agric. Sci. China* 3, 280–288.
- Jian, G., L., Zou, Y., F., Wang, T., C., Ma, C. (2003b). Influence of different temperature on cotton verticillium wilt. *Cotton Science*, 15(2):83-86.
- Jiang, F., Zhao, J., Zhou, L., Guo, W., Zhang, T., Z. (2009). Molecular mapping of verticillium wilt resistance QTL clustered on chromosome D7 and D9 upland cotton. *Science China series: Life China*, 52(9):872-884.
- Kim, C., Guo, H., Kong, W., Chandnani, R., Shuang, L-S., Paterson, A. (2016). Application of genotyping by sequencing to a variety of crop breeding programs. *Plant Sciences*.242: 14-22.
- Karaca, I., Karcıhođlu, A., Ceylan, S. (1971). Wilt disease of cotton in the ege region of Turkey. *J Turk Phytopathol* 1, 4–11.
- Karademir, E., Karademir, C., Ekinci, R., Barab, B., Sađır, A. (2010). Assessment of tolerance level of some cotton (*Gossypium hirsutum* L.) varieties against verticillium wilt (*Verticillium dahliae* Kleb.) disease. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 38(1), 196.
- Khaskheli, M., I., Sun, J., L., He, S., P., Du, M., X. (2013). Screening of cotton germplasm for resistance to *Verticillium dahliae* kleb. under greenhouse and field conditions. *Eur J. Plant Pathol*, 137:159-272.
- Kheiri, A., Fatahi, M. (2010). Evaluation of verticillium wilt tolerance in different cotton cultivars. *Journal of Research in Agricultural Science*, 6: 57-61.
- Korkmaz, H. Y. (2005). *Pamuk Solgunluk Hastalığı Etmeni V. Dahliae Kleb. İzolatlarının Morfolojik ve Patolojik Özellikleri ve Bazı Pamuk Çeşitlerinin Hastalığı Tepkisi.* KSÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Yüksek Lisans Tezi, 40s.
- Korolev, N., Perez-Artes, E., Bejarano-Alcazar, J., Rodriguez,-Jurado, D., Katan, J., Katan, T., Jimenez-Diaz, R., M. (2001). Comparative study of genetic diversity and pathogenicity among populations of *Verticillium dahliae* from cotton in spin and israel. *European journal of plant pathology*, 107(4):443-456.
- Kumar, S., Banks, T., W., Cloutier, S. (2012). SNP discovery through next-generation sequencing and its applications. *Int. J. Plant Genomics*, 2012:831460.

- Kurt, S., Dervis S., Sahinler S. (2003). Sensitivity of *Verticillium dahliae* to prochloraz and prochloraz–manganese complex and control of verticillium wilt of cotton in the field. *Crop Protection* 22; 51–55.
- Land, C. J., Lawrence, K. S., Burmester, C. H., Meyer B. (2017). Cultivar irrigation and soil contribution to the enhancement of verticillium wilt disease in cotton. *Crop Protection*, 96; 1-6.
- Lande, R., Thompson, R. (1990). Efficiency of marker assisted selection in the crop improvement of quantitative traits. *Genetics*, 124:743-756.
- Li, F., Fan, G., Lu, C., Xiao, G., Zou, C., Kohel, R., Ma, Z., Shang, H., Ma, X., Wu, J., Liang, X., Huang, G., Percy, R., G., Liu, K., Yang, W., Chen, W., Du, X., Shi, C., Yuan, Y., Ye, W., Liu, X., Zhang, X., ve ark., (2015). Genome sequence of cultivated upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) provides insights into genome evolution. *Nature Biotechnology*, 33(5): 524-532.
- Li, C., Zhang, J., Hu, G., Fu, y., Wang, Q. (2016). Association mapping and favorable allele mining for node of first fruiting/sympodial branch and its height in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Euphytica*, 210: 57-68.
- Li, T., Ma, X., Li, N., Zhou, L., Liu, Z., Han, H., Gui, Y., Bao, Y., Chen, J., Dai, X. (2017). Genome-wide association study discovered candidate genes of Verticillium wilt resistance in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Plant Biotechnonology Journal*, 15:1520-1532.
- Liu, K., Muse, S., V. (2005). Powermarker: a integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics Applications Note*, 21(9): 2128-2129.
- Lüders, R., R., Galbieri, R., Fuzatto, M., G., Cia, E. (2008). Inheritance of resistance to *Verticillium* wilt in cotton. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 8:265-267.
- Meena, A., K., Ramesh, M., Nagaraju, C., H., Kumhar, B., L. (2017). A review of QTL mapping in cotton: molecular markers, mapping populations and statistical methods. *Int. J. Curr. Microbial. App. Sci*, 6(6): 3057-3080.
- Mert, M., Kurt, S., Gençer, O. (2001). Bazı pamuk hat ve çeşitlerinin solgunluk hastalığına (*V. dahliae* kleb.) tepkisi ile bunların tarımsal ve teknolojik özelliklerinin belirlenmesi. Türkiye IV. Tarla Bitkileri Kongresi, 193-197.
- Mert, M., Kurt, S., Gencer, O., Akiscan, Y., Boyacı, K., Tok, F. M. (2005). Inheritance of resistance to verticillium wilt (*Verticillium dahliae*) in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Plant Breed.* 124, 102–104.
- Nuriada, D., Abdurrajak, Y., Amin, M., Hastutik, S., U. (2017). Genetic variation analysis of superior cotton varieties of *Gossypium hirsutum* through microsatellite markers. *International Journal Of Botany*, 8: 6996.
- Palanga KK., Jamshed M., Rashid M.,H., Gong J., Li J., Iqbal MS, Liu A., Shang H., Shi Y., Chen T., Ge Q., Zhang Z., Dilnur T., Li W., Li P., Gong W., Yuan Y. (2017). Quantitative trait locus mapping for verticillium wilt resistance in an upland cotton recombinant inbred line using SNP-based high density genetic map. *Front. Plant Sci.* 8: 382.
- Parlak, D. (2018). Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) erkencilik karakterleriyle ilişkili DNA markörlerinin belirlenmesi. KSÜ, Fen Bilimleri Enstitüsü, Doktora Tezi, 128s.

- Pegg, G., F. (1984). The impact of verticillium diseases in agriculture. *Phytopathologia Mediterranea*, Vol 23 176-192.
- Pegg, G., F., 1989. Pathogenesis in vascular disease of plants. In E., C., Tjomas and C., Beckman (edi), *Vascular Wilt Diseases of Plant*. Berlin:Springer.
- Pegg, G., F., Brady, B., L. (2002). *Verticillium wilt*. Wallingford, UK; CABI Publishing.
- Pérez-Artés, E., García-Pedrajas, M., D., Bejarano-Alcázar, J., & Jiménez-Díaz, R. M. (2000). Differentiation of cotton-defoliating and nondefoliating pathotypes of *Verticillium dahliae* by RAPD and specific PCR analyses. *European Journal of Plant Pathology*, 106(6), 507-517.
- Pritcharda, J., Stephens, M., Rosenberg, N., Donnelly, P. (2010). Association mapping instructed populations. *The American Journal of Human Genetics*, Vol. 67, No. 1, 170-178.
- Poland J. A., Rife, W. T. (2012). Genotyping-by-sequencing for plant breeding and genetics. *The Plant Genome*. 5(3): 92-102.
- Pullman, G. C., DeVay, J., E. (1982). Epidemiology of verticillium wilt of cotton: effect of disease development on plant and lint yield. *Phytopathology*, 72: 554-559.
- Qi, H., Wang, N., Qiao, W., Xu, Q., Zhou, H., Shi, J., Huang, Q. (2017). Construction of a high-density genetic map using genotyping by sequencing (GBS) for quantitative trait loci (QTL) analysis of three plant morphological traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Euphytica*, 213(4), 83.
- Raman, H., Stodart, B., Ryan, P., Delhaize, E., Emberi, L., Raman, R., Coombes, N., Milgate, A. (2010). Genome wide association analysis of common wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm identifies multiple loci for aluminum resistance. *Genome*, 53(11):957-966.
- Ravichandran, M., Debashis, R., Subramanyan, K., Govindaraj, M. (2019). Genetic linkage map construction for fibre quality traits in intraspecific upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). *Eurasia J., Biosci*, 13(1): 127-134
- Reddy, U., K., Rong, J., nimmakayala, P., Vajja, G., Rahman, M., Yu, J., Soliman, K., M., Heller-Uszynska, K., Kilian, A., PatersonA., H. (2011). Use of diversity array technology markers for integration into a cotton reference map and anchoring to a recombinant inbred lines. *Genome*, 54: 349-359.
- Rowe, R., C., Powelson, M., L. (2002). Potato early dying: management challenges in a changing production environment. *Plant Disease*86:1184-11936.
- Sağır A., Tatlı, F., Gürkan, B. (1995). Studies on disease growing area in southern Anatolia region. Gap region symposium on plant protection problems and proposed solutions, Şanlıurfa, p:5-9.
- Said, J., I., L., Lin, Z., Zhang, X., Song, M., Zhang, J. (2013). A comprehensive meta QTL analysis for fiber quality, yield, yield related and morphological traits, drought tolerance, and disease resistance in tetraploid cotton. *BMC Genomics*, 14(1).
- Said, J., I., Song, M., Wang, H., Lin, Z., Zhang, X., Fang, D., D., Zhang, J. (2014). A comparative meta-analysis of QTL between intraspecific *Gossypium hirsutum* and interspecific *G. hirsutum* X *G. barbadense* populations. *Molecular and Genomics*, 290(3):1003-1025.

- Samer, E., M., I., Adawy, S., S., Abdel-Kader, Y., Gamal, El-D., Ebtissam, H., A., H. (2015). Linkage map construction and detection of QTLs associated with earliness, fiber quality and yield in an interspecific cross between *Gossypium hirsutum* L. and *Gossypium barbadense* L. *Int. J. of Adv. Res*, 3 (3).
- Schnathorst, W. C., Reeve, T. A., Fogle, D. (1975). *Verticillium dahliae* strains in cotton in the pahrump valley, Nevada. *Plant Disease Report*59:863-865.
- Schnathorst, W. C. (1981). Life cycle and epidemiology of verticillium. Fungal Wilt Diseases of Plants. Academic Press, NewYork, s: 81-111
- Sun, Z., Wang, X., Liu, Z., Gu, Q., Zhang, Y., Li, Z., Ke, H., Yang, J., Wu, J., Wu, L., Zhang, G., Zhang, C., Ma, Z. (2017). Genome-wide association study discovered genetic variation and candidate genes of fibre quality traits in *Gossypium hirsutum* L. *Plant Biotechnology Journal*, 1-15.
- Shi, Y., Zhang, B., Liu, A., Li, W., Li, J., Lu, Q., Zhang, Z., Li, S., Gong, W., Shang, H., Gong, J., Chen, T., Ge, Q., Wang, T., Zhu, H., Liu, Z., Yuan, Y. (2016). Quantitative trait loci analysis of verticillium wilt resistance in interspecific backcross population of *Gossypium hirsutum* x *Gossypium barbadense*. *BMC Genomics*, 17: 877.
- Sikhakhane, T., N., Figlan, S., Mwadzingeni, L., Ortiz, R., Tsilo, T., L. (2016). Integration next generation sequencing technologies with comparative genomics in cereals. In Agricultural and Biological Sciences ‘Plant Genomics’, Intech Open.
- Spindel, J., Wright, M., Chen, C., Cobb, J., Gage, J., Harrington, S. (2013). Bridging the genotyping gap: using genotyping by sequencing (GBS) to add high density SNP markers and new value to traditional bi-parental mapping and breeding populations. *Theor. Appl. Genet.* 126:2699-2716.
- Song, X., Wang, K., Guo, W., Zhang, J., Zhang, T. (2005). A comparison of genetic maps constructed from haploid and BC1 mapping populations from the same crossing between *Gossypium hirsutum* L. and *Gossypium barbadense* L. *Genome*; June 2005; 48:3 Proquest Central Pg. 378.
- TASSEL, (2016). User manual, trait analysis by association, evolution and linkage. [www.Maizegenetics.Net/Tassel](http://www.Maizegenetics.Net/Tassel). *Bioinformatics*, 23 (19), 2633–2635.
- Thornsberry, J., M.; Goodman, M., M., Doebley, J., Kresovich, S., Nielsen, D., Buckler, E., S. (2001). Dwarf & polymorphism associate with variation in flowering time. *Nat. Genet.*, 28, 286-289.
- Tsrar, L., Hazanovsky, S., Mordechi-Lebiush, S., Sivan, S. (2001). Aggressiveness of *Verticillium dahliae* isolates from different vegetative compotibility groups to potato and tomato. *Plant Pathology*, 50, 477-482.
- Xiao, C., L., and Subbarao, K., V. (2000). Effects of irrigation and *Verticillium dahliae* on cauliflower root and shoot growth dynamics. *Phytopathology*, 90; 995-1004.
- Xu, Z., Kohel, R., J., Song, G., Cho, J., Yu, J., Yu, S., Tomkins, J., Yu, J., Z. (2008). An integrated genetic and physical map of homoeologous chromosomes 12 and 26 in upland cotton (*G. hirsutum* L.). *BMC Genomics*, 174:290-298.
- Xu, J., Q., Zhao, P., Du, C., Xu, B., Wang, Q., Feng, Q., Liu, S., Tang, M., Gu, B., Han, G., Liang, G. (2010). Developing high throughput genotyped chromosome segment substi-tution lines based on population whole-genome re-sequencing in rice (*Oryzasativa* L.). *BMC Genomics* 11: 656.

- Walsh, B. (2005). The struggle to exploit non-additive variation. *Aus J., Agr, Res*, 56:873-881.
- Wang, X., F., Zhen, R., Ma, Z., Y., Zhang, G., Y., Zhang, Y., Wang, X. (2007). Verification and cloning of SSR marker linked with the gene of verticillium wilt resistance in *Gossypium barbadense* L. *J. Plant Genet. Res*, 8(2): 149-152.
- Wang, H., M., Lin, Z., X., Zhang, X., L., Chen, W., Guo, X., P., Nie, Y., C., Li, Y., H. (2008). Mapping and QTL analysis of verticillium wilt resistance genes in cotton. *J. Integ. Pl. Bio.* 50(2): 174-182.
- Wang, S., Basten, C., J., Zeng, Z., B. (2012). Windows QTL Cartographer 2.5. Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC.
- Wang, P., Ning, Z., Lin, L., Chen, H., Mei, H., Zhao, J., Zhang, T. (2014). Genetic dissection of tetraploid cotton resistant to verticillium wilt using interspecific chromosome segment introgression lines. *Crop J.* 2, 278–288.
- Wang, Y., Ning, Z., Hu, Y., Chen, J., Zhao, R., Chen, H., Ai, N., Guo, W., Zhang, T. (2015). Molecular mapping of restriction-site associated DNA markers in allotetraploid cotton. *Plos ONE*. 10(4):e0124781.
- Watkins, G., M. (1981). Compendium of cotton diseases. *The American Phytopathology Society*, 41-44.
- Wilhelm, S., Sagen, J. E., Tietz, H. (1972). Resistance to verticillium wilt transferred from *Gossypium barbadense* to upland cotton phenotype. *Phytopathology* 62, 798–799.
- Wilhelm, S., Sagen, J. E., and Tietz, H. (1974). Resistance to verticillium wilt in cotton: sources, techniques of identification, inheritance trends, and the resistance potential of multi line cultivars. *Phytopathology* 64, 924–931.
- Wu, F., Wu, F. A. (1997). Resistance response of the new upland cotton varieties to the defoliating strain of *V. Dahliae* Kleb. *China Cotton*, 64:924-931.
- Yang, C., Guo, W., Li, G., Gao, F., Lin, S., Zhang, T. (2008). QTLs mapping for verticillium wilt resistance at seedling and maturity stages in *Gossypium barbadense* L. *Plant Science*, 174(3): 290-298.
- Yu, J., Buckler, E. (2006). Genetic association mapping and genome organization of maize. *Current Opinions In Biotechnology*, 17(2), 155-160.
- Yu, J., W., Yu, S., X., Lu, C., R., Wang, W., Fan, S., L. (2007). High-density linkage map of cultivated allotetraploid cotton based on SSR, TRAP, SRAP and AFLP markers. *J., Integr Plat Biol.*, 49(5):716-724.
- Yu, J., Kohel, R., J., Smith, C., W. (2010). The Construction of a tetraploid cotton genome wide comprehensive reference map. *Genomics*. 95:230-240.
- Yuan, Y., Wang, X., Wang, L., Xing, H., Wang, Q., Saeed, M., Tao, J., Feng, Wei, Zhang, G., Song, X., Sun, X. (2019). Genome-Wide association study identifies candidate genes related to seed oil composition and protein content in *Gossypium hirsutum* L. *Frontiers in Plant Science*, 19:1359.
- Zhang, J., Steward, J., McD. (2000). Economical and rapid method for extraction cotton genomic DNA. *The Journal of Cotton Science*, 4: 193-201.
- Zhang, B., H., Liu, F., Yao, C., B., Wang, K., B. (2000). Recent progress in cotton biotechnology and genetic engineering in China. *Curr. Science*, 79; 37-44.



- Zhang, X., L., Wang, K., B., Song, G., L., Liu, F., Li, S., H., Wang, C., Y., Zhang, X., D., Wang, Y., H. (2008). Primary QTL mapping of upland cotton RIL CRI-G6 by SSR marker. *Cotton Sci*, 20:192-197.
- Zhang, Y., Wang, X., Yang, S., Chi, J., Zhang, G., Ma, Z. (2011). Cloning and characterization of a verticillium wilt resistance gene from *Gossypium barbadense* and functional analysis in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Rep*, 30(11):2085.
- Zhang, J., Sanogo, S., Flynn, R., Baral, B., J., Bajaj, S., Hughs, S., E., Percy, G. (2012). germplasm evaluation and transfer of verticillium wilt resistance from Pima (*Gossypium Barbadosense*) to upland cotton (*G. Hirsutum*). *Euphytica* 187:147-160.
- Zhang, J., Fang, H., Zhou, H., Sanogo, S., Ma, Z. (2014). Genetics, Breeding and Marker-Assisted-Selection for Verticillium Wilt Resistance in Cotton. *Crop Science*, 54:1-15.
- Zhang, W., Zhang, H., Liu, K., Jian, G., Qi, F., Si, N. (2017). Large scale identification of *Gossypium hirsutum* genes associated with *Verticillium dahliae* by comparative transcriptomic and reverse genetics analysis. *PLoS ONE* 12(8): e0181609.
- Zhang, X., Yuan, Y., Wei, Z., Guo, X., Guo, Y., Zhang, S., Zhao, J., Zhang, G., Song, X., Sun, X. (2014). Molecular mapping and validation of a major QTL conferring resistance to defoliating isolate of verticillium wilt in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) *Plos One* 9(4):e96226.
- Zhang, J., Yu, J., Pei, W., Li, X., Said, J., Song, M., Sanogo, S. (2015). Genetic analysis of *Verticillium* wilt resistance in a backcross inbred line population and a meta-analysis of quantitative trait loci for disease resistance in cotton. *BMC Genomics*, 16:577.
- Zhao, K., Aranzana, M., J., Kim, S., Lister, C., Shindo, C., Tang, C., Nordborg, M. (2007). An arabidopsis example of association mapping in structured samples. *Plos Genetics*, 3(1) e4.
- Zhao, Y., Wang, H., Chen, W., Li, Y. (2014). Genetic structure, linkage disequilibrium and association mapping of verticillium wilt resistance in elite cotton (*Gossypium hirsutum* L.) germplasm populations. *Plos One*, 9(1).
- Zhao, Y., Wang, H., Chen, W., Zhao, P., Gong, H., Sang, X., Cui, Y. (2017). Regional association analysis-based fine mapping of three clustered QTL for verticillium wilt resistance in cotton (*G. hirsutum* L.). *BMC Genomics*, 18(1), 661.
- Zhao, J., Liu, J., Xu, J., Zhao, L., Wu, Q., Xiao, S. (2018). Quantitative trait locus mapping and candidate gene analysis for verticillium wilt resistance using *Gossypium barbadense* chromosomal segment introgressed line. *Front Plant Sci*, 9:682.
- Zhou, H., Fang, H., Sanogo, S., Hughs, E., S., Jones, C., D., Zhang, J. (2014). Evaluation of verticillium wilt resistance in commercial cultivars and advanced breeding lines of cotton. *Euphytica*, 196:437-448.
- Zhu, Y., Li, S., Yuan, H., Guo, X., Zhu, B. (2009). Isolation and identification of the antagonistic strain dm-54 of bacillus amyloliquefaciens against *Verticillium dahliae*, and optimization of antifungal protein producing conditions. *Frontiers of Agriculture in China*, 3(1), 16-23.

**EKLER****Ek 1. Haritalama çalışmasında kullanılan SNP markörlerinin sekansları**

Markör	SNP	Krm	bp	Markör Sekansı
AL1	20:G>T	Krm1	125558	TGCAGGAATATTATGTAAAGGTTTTCCAGAAAGAACCATCTGTCAAGACAATGATAGGTGAAATTTACA
AL2	39:A>G	Krm1	784916	TGCAGCAGTTTTAGCCATGTAGCTAGTAAACAAAGGTGGATACCTTCTTCGTCGGATATATATATAAGA
AL3	67:C>G	Krm1	1348630	TGCAGAACCAGAAAAGTGAGACTCGAATAAAAATCAGTAAAAGAGTGATTATGATTTTTCTTTCAAGCA
AL4	23:A>G	Krm1	1482867	TGCAGCTGCATTAATGAAAGAAAATCGTCTGAGTGCTGTTATTGTTGGAGCAGATCGTGTAGCAGCAA
AL5	5:G>A	Krm1	1783949	TGCAGGTTTTGGATTATATCTATTCCTTTTATCAGGTAAGTATCGATGTTACAGATCGGAAGAG
AL6	55:A>T	Krm1	1822869	TGCAGGGGACCTGCTAACTTCGACCACCTTACTTACTAACCCTGCACGAAGGGAATTTTCAAAGTCAC
AL7	37:T>A	Krm1	2131816	TGCAGGATGAAGGACCAGCAGGCTGTGCCACTGCCACTGGCAGTGCCACCACCAAAGTCATCACTTTAT
AL8	39:G>T	Krm1	2165700	TGCAGCTCGATACGTTCAACTCGATAGAGAAAAGGTATAGTTTTGTGCCGGTGCTCAGAAATTTACAGA
AL9	56:A>G	Krm1	2165700	TGCAGCTCGATACGTTCAACTCGATAGAGAAAAGGTATATTTTTGTGCCGGTGCTCAGAAATTTACAGA
AL10	66:A>T	Krm1	2165700	TGCAGCTCGATACGTTCAACTCGATAGAGAAAAGGTATATTTTTGTGCCGGTGCTCAGAAATTTACAGA
AL11	49:G>T	Krm1	2165700	TGCAGCTCGATACGTTCAACTCGATAGAGAAAAGGTATATTTTTGTGCCGGTGCTCAGAAATTTACAGA
AL12	13:G>A	Krm1	2165700	TGCAGCTCGATACGTTCAACTCGATAGAGAAAAGGTATAGTTTTGTGCCGGTGCTCAGAAATTTACAGA
AL13	35:C>T	Krm1	2165946	TGCAGTTGAGCATGCGTCACTTTGAGCACAAAGAGCCACAACCTCTTCACATGCAACTCTTACTCATTG
AL14	67:C>A	Krm1	2167553	TGCAGGGTCAGGCCTGGTCCCAATTTGGTACCTAAAGCATCATGTGACATTTTATGTAAAAAAAAAACA
AL15	66:A>C	Krm1	2167553	TGCAGGGTCAGGCCTGGTCCCAATTTGGTACCTAAAGCATCATGTGACATTTTATGTAAAAAAAAAACA
AL16	66:A>T	Krm1	2573205	TGCAGAAAATTAGACAAGTCAATTTCTAATTGAAGAATTCAGGTAGAGGAAGTGCAACGGAAGGGAACA
AL17	31:C>G	Krm1	2577902	TGCAGATGTATAGTTCTTTGAGTACTCCCTTCAAACCTTGCTAGTTGCTATTTGTGGTGCATTACAGATC
AL18	65:G>A	Krm1	2577902	TGCAGATGTATAGTTCTTTGAGTACTCCCTTCAAACCTTGCTAGTTGCTATTTGTGGTGCATTACAGATC
AL19	68:C>T	Krm1	2577902	TGCAGATGTATAGTTCTTTGAGTACTCCCTTCAAACCTTGCTAGTTGCTATTTGTGGTGCATTACAGATC
AL20	67:T>A	Krm1	2577902	TGCAGATGTATAGTTCTTTGAGTACTCCCTTCAAACCTTGCTAGTTGCTATTTGTGGTGCATTACAGATC
AL21	63:C>G	Krm1	2593260	TGCAGCGCTGACATACACTCACAAAACTCTCAGGTTGGTGACTTTTACCATAGCAATCAAACGATAG
AL22	64:G>A	Krm1	2593260	TGCAGCGCTGACATACACTCACAAAACTCTCAGGTTGGTGACTTTTACCATAGCAATCAAAGGATAG
AL23	17:A>T	Krm1	2753608	TGCAGCATTTTTGAAGGAATAAAAATGTGAAGAGTCAAATTTGTCGTGTTGCCACGGAGCCGTTTACTTCT
AL24	67:A>G	Krm1	2765920	TGCAGGAGTAAAAGTGAAGGATCTGGAAGTATGTCCTTTTGGAGCTCTTTGCCTTTACAAAAGCCTAAAC
AL25	16:A>C	Krm1	2765920	TGCAGGAGTAAAAGTGAAGGATCTGGAAGTATGTCCTTTTGGAGCTCTTTGCCTTTACAAAAGCCTAAAC
AL26	23:T>A	Krm1	2903917	TGCAGTCAAATTTAAAGCAAGGTTGGGCTGTCCATGAACTATAAAATATAACTTATTGAGCAAAATGAAT
AL27	6:A>T	Krm1	4148082	TGCAGCAGCTGCTGCAACTGTGCGCAATTGTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACAGAGGAATGCCGAG
AL28	20:T>C	Krm1	4149330	TGCAGGTTTACTATCAATTTTGTACCTAGTCAGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACAGAGGAATG
AL29	34:G>A	Krm1	4149330	TGCAGGTTTACTATCAATTTTGTACCTAGTCAGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACAGAGGAATG
AL30	48:T>C	Krm1	5776252	TGCAGTAAAGTCTCTTTCAATATATTTACTAATTTTTCTCTTCAATGAACTACTAGTTTCTATTAATCT
AL31	67:G>C	Krm1	5776252	TGCAGTAAAGTCTCTTTCAATATATTTACTAATTTTTCTCTTCAATGAACTACTAGTTTCTATTAAGC
AL32	68:T>A	Krm1	6571764	TGCAGCTCAGGTAATGGTGCTTTGTCCCGGCATTTGACTATCTGTTCAAAAACCTTTTGTTTTACTTCT
AL33	26:T>C	Krm1	6571764	TGCAGCTCAGGTAATGGTGCTTTGTCTCCCGCATTTGACTGTCTGTTCAAAAACCTTTTGTTTTACTTCT

Ek 1. Devam

AL34	45:C>A	Krml	6726209	TGCAGTGATTTACGAGCCAAGAGCATGAGCATGACAATGGATTCTCTATATATATACGGCAGCTTCAAA
AL35	67:G>A	Krml	6941390	TGCAGCGGTGGTCAATATTCTTTCCCATCGTGATGTGACACAGCGTTCTTTCATCCAACATGAGTATGA
AL36	62:T>C	Krml	7034249	TGCAGTTCAAATTCGAAGCCATGCTCAAAAGTTCTTCTCTAAGGTTTCATTGCTTTGAGTTCATTATAAG
AL37	14:G>A	Krml	7034249	TGCAGTTCAAATTCGAAGCCATGCTCAAAAGTTCTTCTCTAAGGTTTCATTGCTTTGAGTTCATTATAAG
AL38	30:G>A	Krml	7034249	TGCAGTTCAAATTCGAAGCCATGCTCAAAAGTTCTTCTCTAAGGTTTCATTGCTTTGAGTTCATTATAAG
AL39	51:C>T	Krml	7034249	TGCAGTTCAAATTCGAAGCCATGCTCAAAAGTTCTTCTCTAAGGTTTCATTGCTTTGAGTTCATTATAAG
AL40	7:G>C	Krml	7243348	TGCAGTAGTCTTTGAAGAGATAGACGGAAGAATAACAAATATGCGGATATAAGAGCAGACGCTTCAAGGA
AL41	20:C>T	Krml	7243348	TGCAGTACTCTTTGAAGAGACAGACGGAAGAAGACAAATATGCGGATATAAGAGCAGACGCTTCAAGAA
AL42	61:T>C	Krml	7788735	TGCAGTGGTTGTGGAAGCATTGAGGATGAATCTTGGCAATTGTTTTGTTGTGGCTGATGGGTCATTTCC
AL43	60:T>C	Krml	8079724	TGCAGTTTGAAAAGCTGCTGTCTTATGCTGCCACTGGCAATCTCTCTGATCTATTGTGCTATGCAGTT
AL44	20:A>C	Krml	8263873	TGCAGATATAAAGAAGTAAAAACTTCTGTGCCAGGAAAATGAAGTGTGAAAATAAAGAAGACCAATACA
AL45	10:C>T	Krml	8359676	TGCAGACTTACTGATGTTCCATAGGTGAAACCAAAGCAGTCAGGCATTCAACTAGACACTAAGGTAAGG
AL46	62:C>G	Krml	8359676	TGCAGACTTACTGATGTTCCATAGGTGAAACCAAAGTAGTCAGGCATTCAACTAGACACTAACGTAAGG
AL47	36:G>A	Krml	8541282	TGCAGATTTGAATGCTATGTTTCTTGTGTTATACATGTATAGCTTCCCCTATTTTCTATCATTTTTGTC
AL48	16:T>C	Krml	11469500	TGCAGTTAATACTAGTCCCCCTCTCTCTTTTTCTCTTCTATTTTCTCCCCTCCTTGATAAAAATAT
AL49	10:G>T	Krml	12033180	TGCAGAGGCCGCTACTTATGAGGAGCAAAGAGAGCTGGTTGCTGACATGAATAATGACGCCATCTTTCT
AL50	29:G>A	Krml	13350525	TGCAGCATGAGCCAACACTTCCTTTTGAGGTGTCCATTTACGTCGCAACCTATTTCTCCTACACTCTC
AL51	38:A>T	Krml	14305899	TGCAGTTTGGTGCATTGGCTTTCAGAAAAATCAGGGTCAGGGAATAACAATTTTAGGAGGTATTTTCAT
AL52	15:T>C	Krml	14305899	TGCAGTTTGGTGCATTGGCTTTCAGAAAAATCAGGGTCAGGGAATAACAATTTTAGGAGGTATTTTCAT
AL53	43:G>A	Krml	16374738	TGCAGTTTCAAAGCCAAACCAATGCCTTATCTCTATCTCAAAAGCGCGACCTGGGTCCTGTGCAAGGAA
AL54	9:G>A	Krml	16820264	TGCAGGTGTGGAACGGATCACTCTAGTTAGGATCTACAAGGATATAGGAAGATAATATGCTTGTATATA
AL55	51:T>A	Krml	17289270	TGCAGGCCTATGGCCCAAAGTGCATGCACGAGCATGACAAAACATACCCTTCAACATCCAACACAGAA
AL56	41:T>A	Krml	17493951	TGCAGATTTATGAAAAGAATCCAGTATCAATGTAGTCTCTATGCTTGAGCCAATTATTAGGTAGAATTA
AL57	16:G>A	Krml	17493951	TGCAGATTTATGAAAAGAATCCAGTATCAATGTAGTCTCTAAGCTTGAGCCAATTATTAGGTAGAATTA
AL58	5:A>G	Krml	17768230	TGCAGAACGCTTGTTCATCTCTGATTCTATCTCTAATGATAATAAACTTATTAGATGTATGATTGAC
AL59	47:A>C	Krml	17857428	TGCAGAAGACACAAGTGGCAGGGATGAGCTAACAGTAGGAATTTCAACATTCTATATGTCCCTGAACA
AL60	65:A>G	Krml	18112372	TGCAGGTTGCTCTTCCCTGGTACTTTCGATTCACTTTTGCAGAGATTAGGAGCAGTAATGGTATGCAGCA
AL61	25:G>A	Krml	18112372	TGCAGGTTGCTCTTCCCTGGTACTTTCGATTCACTTTTGCAGAGATTAGGAGCAGTAATGGTATGCGGCA
AL62	31:G>T	Krml	18318740	TGCAGTTACATGTAAGACCACTGATAATATTGTTTCTTCTGCTCAAGAGAAGGAGTACCCTGTTGATCC
AL63	46:G>T	Krml	18463424	TGCAGCAATGGAGGTGACGACTAAGCAGAAAAATGGTGAGGGTTTTTGATGTTGTTGCTTCCATGGAATT
AL64	16:G>A	Krml	18463424	TGCAGCAATGGAGGTGGCGACTAAGCAGAAAAATGATGAGGGTTTTTGATGTTGTTGCTTCCATGGAATT
AL65	32:A>G	Krml	18780320	TGCAGGATCGCTTTTACTCTCGGTATCACGCTACTGTATATGAGTGGAATGAGTTGTCTCGTCTTTTTG
AL66	18:C>T	Krml	21616179	TGCAGGATCCAAAAGTACCGGAGATTCACATATGAGTCTGGTTGAAGCAACTGCCGTTAACTTACAGAT
AL67	28:G>A	Krml	23162796	TGCAGTTTAGTACTAACATGCCTGTGTGGTGAACACTAACTACATTGGGAAGCAACAAATATGCACCCCAA
AL68	64:C>T	Krml	23162796	TGCAGTTTAGTACTAACATGCCTGTGTGGTGAACACTAACTACATTGGGAAGCAACAAATATGCACCCCAA

Ek 1. Devam

AL69	52:T>C	Krm1	23163437	TGCAGTACTTTAACTCTCTTATAGTGTACTACATTACATGAAACGTAGTCCATGATTTCCCCTTCGCTC
AL70	65:A>G	Krm1	23177158	TGCAGAGGCGATTTTTTTTTCTAGGAAATGTGTTGTACCGTAGATCCTTCGACAGAACCAACCTTAGAT
AL71	21:T>C	Krm1	23177158	TGCAGAGGCGATTTTTTTTTCTAGGAAATGTGTTGTACCGTAGATCCTTCGACAGAACCAACCTTAGAT
AL72	44:T>C	Krm1	23177158	TGCAGAGGCGATTTTTGTTCTAGGAAATGTGTTGTACCGTAGATCCTTCGACAGAACCAACCTTACAG
AL73	11:T>C	Krm1	23177158	TGCAGAGGCGATTTTTGTTCTAGGAAATGTGTTGTACCGTAGATCCTTCGACAGAACCAACCTTACAG
AL74	22:T>C	Krm1	23178065	TGCAGAAAGCTTATGCCGGAGATCCAGGAACCAGAAGACTCCCTTCCCTTTTCCAGGATCTCTCACCCG
AL75	27:G>C	Krm1	23178065	TGCAGAAAGCTTATGCCGGAGATCCAGGAACCAGAAGACTCCCTTCCCTTTTCCAGGATCTCTCACCCG
AL76	27:A>G	Krm1	23255709	TGCAGCAGCAGTAGCTGTTGTTTCGCTTAAGTGCTACCGTCTGCTGACATCTACTATTACAGATCGGAA
AL77	55:A>G	Krm1	23255709	TGCAGCAGCAGTAGCTGTTGTTTCGCTTAAGTGCTACCGTCTGCTGACATCTACTATTACAGATCGGAA
AL78	44:T>C	Krm1	23255709	TGCAGCAGCAGTAGCTGTTGTTTCGCTCAAGTGCTACCGTCTGCTGACATCTACTATTACAGATCGGAA
AL79	10:G>T	Krm1	23262591	TGCAGCTCCTGTCCAAGTGAATAATATCGTGTCCAAGTCTTCCAGCTTGCATCCTTCTTCTGCCATTG
AL80	29:G>T	Krm1	23262591	TGCAGCTCCTGTCCAAGTGAATAATATCTGGTCCAAGTCTTCCAGCTTGCATCCTTCTTCTGCCATTG
AL81	30:C>T	Krm1	23277329	TGCAGGAGATGACCAACCTCTTCCACCGCCGAACCTTTTCTGTTGCTCAATCGTCCACTCTAGATGA
AL82	28:G>A	Krm1	23291535	TGCAGGCGGATGCTAGGGCGCCGTTACTGCTCTCGTACTCGTAGCCGCTCTTCTACATTGATAGACCT
AL83	21:C>T	Krm1	23291535	TGCAGGCGGATGCTAGGGCGCCGTTACTGCTCTCGTACTCGTAGCCGCTCTTCTACATTGATAGACCT
AL84	59:T>C	Krm1	23291535	TGCAGGCGGATGCTAGGGCGCCGTTACTGCTCTCGTACTCGTAGCCGCTCTTCTACATTGATAGACCT
AL85	37:C>G	Krm1	23291535	TGCAGGCGGATGCTAGGGCGCCGTTACTGCTCTCGTACTCGTAGCCGCTCTTCTACATTGATAGACCT
AL86	19:T>C	Krm1	23297508	TGCAGGCTTAGAGCTTTGCTACCAATGAATTCATTATCATACTCTAATTAGAATGGCTTACAGATCGGA
AL87	22:G>C	Krm1	23304595	TGCAGCAGAAAGAACGAAAAGCGAAAAGTCAAGGTGCATAGCGGTCTTTTCAAGAATAGGGGAGTACAG
AL88	65:C>T	Krm1	23342555	TGCAGATCTCAATCTAGCGACGGCACCTGGAACCACACTGCTGCCGCTGCCCTTCGGGCACACCTCCTA
AL89	33:C>T	Krm1	23439795	TGCAGAACCTTTCCAAGGCTCCACTTGACAAGGCCAGTCTATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAG
AL90	36:A>G	Krm1	23443462	TGCAGACGAATGCGCGACTCCTCCTTCAATTCAAAAAAAAGGCAGTTTTCTTCTTTCTTGACTTAAAG
AL91	12:T>G	Krm1	23463470	TGCAGGGTATGTTACACCCACAAGTTGAGTAGTGCTGAGCCAGGTCTCGTCGAGCCTGTTGAACGGTT
AL92	52:T>C	Krm1	23520037	TGCAGCTTTCACAGTCCCACTCCTCCTCAGACCAGACTGGGCTGCATTGCCGTACCTTCATACTTCGCC
AL93	44:C>G	Krm1	23520037	TGCAGCTTTCACAGTCCCACTCCTCCTCAGACCAGACTGGGCTGCATTGCCGTACCTTCATACTTCGCC
AL94	13:T>G	Krm1	23536188	TGCAGATAAAGCATAAGCAGGCTCAAGGCCAGGGAGGTATTGGCCATACCATACTAGATTGACTCTTAC
AL95	21:A>T	Krm1	23546722	TGCAGCTTTCCTTTGTATTGAACGCATGGCGTAGCTAGGTCCTTCAAATCATGTTTGAGCCTATGTTCA
AL96	59:C>T	Krm1	23652332	TGCAGATCAACGTGATTCAAAAAATGATGGTCTTCTTCAATCAGGTTCTCAAACCAATCCAATCAGGGA
AL97	62:T>C	Krm1	23652332	TGCAGATCAACATGATTCAAAAAATGATGGTCTTCTTCAATCAGGTTCTCAAACCAATCCAATCAGGGA
AL98	27:T>C	Krm1	23652332	TGCAGATCAACATGATTCAAAAAATGATGGTCTTCTTCAATCAGGTTCTCAAACCAATCCAATCAGGGA
AL99	9:A>G	Krm1	23652332	TGCAGATCAACATGATTCAAAAAATGATGGTCTTCTTCAATCAGGTTCTCAAACCAATCCAATCAGGGA
AL100	50:A>G	Krm1	23652332	TGCAGATCAACATGATTCAAAAAATGATGGTCTTCTTCAATCAGGTTCTCAAACCAATCCAATCAGGGA
AL101	11:A>G	Krm1	23652332	TGCAGATCAACATGATTCAAAAAATGATGGTCTTCTTCAATCAGGTTCTCAAACCAATCCAATCAGGGA
AL102	49:T>G	Krm1	23655104	TGCAGAGGGAACGGAACATCTGTAGAAGTCCAGTACCCGAAGCTATCCATGACCCAGAGGAGAAGGTTG
AL103	18:T>C	Krm1	23655104	TGCAGAGGGAACGGAACATCTGTAGAAGTCCAGTACCCGAAGCTATCCAGGAGCCAGAGGAGAAGGTTG

Ek 1. Devam

AL105	5:A>G	Krm1	23655104	TGCAGAGGGAACGGAACATCTGTAGAAGTCCAGTACCCGAAGCTATCCAGGAGCCAGAGGAGAAGGTTG
AL106	15:A>G	Krm1	23655104	TGCAGAGGGAACGGAACATCTGTAGAAGTCCAGTACCCGAAGCTATCCAGGAGCCAGAGGAGAAGGTTG
AL107	27:A>G	Krm1	23668484	TGCAGAGCTAAGCCCGGAAGTCACGGAACCTCTAATTGCGAAGTTCGTTCTCGATTAGTTATGTGCAGCA
AL108	18:A>G	Krm1	23668484	TGCAGAGCTAAGCCCGGAAGTCACGGAACCTCTAATTGCGAAGTTCGTTCTCGATTAGTTATGTGCAGCA
AL109	43:C>T	Krm1	23680883	TGCAGCCAACAGTCTTTCTTCGGAATTATACTGAACGGGTTCGACCTCCCCTCCCCTTTGTTTTAGAAA
AL110	21:G>A	Krm1	23680883	TGCAGCCAACATTCTTTCTTCGGAATTATACTGAACGGGTTCGATCCTCCCCTCCCCTTTGTTTTAGAAA
AL111	31:T>C	Krm1	23680883	TGCAGCCAACATTCTTTCTTCGGAATTATACTGAACGGGTTCGATCCTCCCCTCCCCTTTGTTTTAGAAA
AL112	5:C>T	Krm1	23680883	TGCAGCCAACAGTCTTTCTTCGGAATTATACTGAACGGGTTCGATCCTCCCCTCCCCTTTGTTTTAGAAA
AL113	51:T>C	Krm1	23680883	TGCAGTTAACAGTCTTTCTTCGGAATTATACTGAACGGGTTCGATCCTCCCCTCCCCTTTGTTTTAGAAA
AL114	66:A>G	Krm1	23680883	TGCAGTTAACAGTCTTTCTTCGGAATTATACTGAACGGGTTCGATCCTCCCCTCCCCTTTGTTTTAGAAA
AL115	60:T>C	Krm1	23680883	TGCAGTTAACAGTCTTTCTTCGGAATTATACTGAACGGGTTCGATCCTCCCCTCCCCTTTGTTTTAGAAA
AL116	21:T>G	Krm1	23680949	TGCAGATGGAGACATTTCTTTTGCCCCCTTCAAAGGAAATGCGGGCAGGGTTACAGATCGGAAGAGCG
AL117	39:A>G	Krm1	23680949	TGCAGATGGAGACATTTCTTTTGCCCCCTTCAAAGGAAATGCGGGCAGGGTTACAGATCGGAAGAGCG
AL118	17:T>C	Krm1	23742597	TGCAGGTAGCGAAAGTCTGATCAAGTCACTCGTAGTTGACGGGCAGAGACGAAAGGTGGGAAGTTCGG
AL119	25:T>C	Krm1	23742597	TGCAGGTAGCGAAAGTCTGATCAAGTCACTCGTAGTTGACGGGCAGAGACGAAAGGTGGGAAGTTCGG
AL120	35:A>G	Krm1	23808754	TGCAGCTAAGACTGCTTATTCCTTGTTACATTCAACTTCGTTACCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL121	52:A>T	Krm1	24608447	TGCAGTTATTGAGAATGCAGTAGAATGCATTTACTGAAACTGATATCAACACATAATAGTAGCTTTTCT
AL122	14:C>A	Krm1	24887878	TGCAGCTCTTTGGCCATTTGGCTTGCCCGCAATGCAGCAATCTTTGAGAAGAAATTTGTTCCATTGA
AL123	61:T>C	Krm1	25333290	TGCAGCATTAGTATTTTGTAGGATGTGCCATGTTGCCCTTGAAGACCAAAGGAATTACTTTTGCACAT
AL124	52:C>G	Krm1	28149020	TGCAGTCTTGGCTTGTTCTTGAACCAGCTGTTGTTGTTGCACCACCAAGGCTGGGTTTTGCTGCTGC
AL125	22:T>C	Krm1	29560398	TGCAGGACTGTGGAGGGAGGTCTGCTTACTGTTCAACAAGAAGGAATGAGCCCATCTCCCCTTTACAGA
AL126	23:G>A	Krm1	29560398	TGCAGGACTGTGGAGGGAGGTCCGCTTACTGTTCAACAAGAAGGAATGAGCCCATCTCCCCTTTACAGA
AL127	51:C>T	Krm1	29933765	TGCAGTTAGAAGTGAAGAAAAATTTTGATGAATAAATGCATAAGTTGCTGTGCGAAATCTGCCGATGAA
AL128	68:T>A	Krm1	32242425	TGCAGATGGGCAATGCTTGGTGCCTTGGTTGTGTCTTCCCTGAAATTCTTTCAAAGAATGGAGTTAAT
AL129	28:A>C	Krm1	33949275	TGCAGCATGAGCTTTACACAATTGTTGGAAAAAGAGTCCGTTTGTATCATCACATCACATGTATCCCCG
AL130	29:A>T	Krm1	35242180	TGCAGCATTGCCATTTGGAACCATTGTGGAGATTTTCTCATATGGGCTCTGGTCACATCTCCTTTATT
AL131	10:T>G	Krm1	36175693	TGCAGTCTTTTGCCAGGAGAAGATTTCAAGAAAAGTTTCACTGTTATTCTCGGTTGGATTTCATCAA
AL132	33:G>A	Krm1	39633363	TGCAG
AL133	54:T>C	Krm1	39633429	TGCAGAGAAATTAACCTTATGCTCAGACCTGCTTCTTGTGTCATATGTGGTGTGTTTTACAGATCGGAA
AL134	31:A>T	Krm1	40488267	TGCAGACTCTGGAAATATCTAGCACAGAACAATTTTGTCTTTCAGCCATTTACTTCTGGGCCAGTGTG
AL135	66:A>G	Krm1	40594137	TGCAGGTGCAACTGTTGAGTCAAGTCAAGATGGGAAAAGCTCAAGGGCAAGCTTTAGGCAACAAGT
AL136	28:A>G	Krm1	42259484	TGCAGCTTCAATGCAAGCTCAAGTCCATACACCACTTCGCTCATTGTTGGCCTTTTACAGATCGGAA
AL137	48:C>T	Krm1	42264449	TGCAGGAAAAGTGAATAAATAGAAACGATGCAAAATCATGCAATGACTCATCTTCCATAGATTATCATG
AL138	60:T>C	Krm1	43011928	TGCAGTGAGAAGAAACTTGTATATTTTTGCCTTTGTACTTTCGATTCGGACATGCACTCTCTGACATGTT
AL139	13:T>G	Krm1	43326248	TGCAGGGAATTTTCTATTCTATCATTGTTTGTATAGCTGAGCGGGTATGGATTACAGATCGGAAGAG

Ek 1. Devam

AL140	60:G>T	Krm1	44836494	TGCAGAAACTACAGAAAGAACCTGGCGATGTAGATACCTTCAAACAAATAAATTTGGCTTGTTTTTTTT
AL141	26:C>G	Krm1	44836494	TGCAGAAACTACAGAAAGAACCTGGCCATGTAGATACCTTCAAACAAATAAATTTGGTTTGGTTTTTTTT
AL142	21:A>G	Krm1	45051162	TGCAGTTTGCCAATACCTGCAATCAGTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL143	42:T>C	Krm1	45051193	TGCAGGAGAAAGGAAGGAGAGAATCCCATGAAGACCCCTCTTCCTTACATTATAATATTTGGAATGTC
AL144	26:T>C	Krm1	45560325	TGCAGCAAGCGCCATCTGATGTGCAATGAAGTTAGTTTGCATTTTTTGCACATAACAAAAAGTTCAAGC
AL145	66:C>T	Krm1	45561982	TGCAGGGATTGCCATGTAATAGCACTCGACAACCCACCAGGATGAACAATCTTTAGAGCTGAGGTCCC
AL146	5:T>C	Krm1	45573350	TGCAGTATTGCAGGTGTTACACCATCTTTACAATCGTTAGTCAGATAGTTGAATGTTTCGATTTGTTT
AL147	52:A>T	Krm1	45573350	TGCAGCATTGCAGGTGTTACACCATCTTTACAATCGTTAGTCAGATCGTTGAATGTTTCGATTTGTTT
AL148	30:T>A	Krm1	45573416	TGCAGCCATTTAATCCTTATATCGATGTCGTAACCTTCATTGCAACATTTGGGTATGTTCTAGTTGTAG
AL149	36:G>T	Krm1	45737041	TGCAGAGGTGAAATTTAGGTAATGTAGGAATCTTCAGCAGTTCCAATTTGATGGTGGGGATGGACCGGT
AL150	13:G>A	Krm1	45901300	TGCAGCTGCTGCCGACATTGACTGGCCTGTTGATGAAGATCTTATACAAGCTTTCTTTACAGATCGGAA
AL151	19:A>T	Krm1	46553784	TGCAGATTCAAAGGTTCTTATGTAGCGTGCAATCATGGCCTCAAGTGGAACAATATCCCCAACCTCAC
AL152	18:A>C	Krm1	46932180	TGCAGCTGAAACCCCTCGAAGTATAACCATGAAGACGCAAGAACTTTTGTAGTAGAAATCATTAACT
AL153	17:A>C	Krm1	46938690	TGCAGCACCAAATTTATACCTTCCCGTCCCGAATGACAGCAGTGATCTTGGAAATCTTTGTTACATTTGG
AL154	48:G>T	Krm1	46938690	TGCAGCACCAAATTTATACCTTCCCGTCTCGAATGACAGCAGTGATCTGGGAATCTTTGTTACATTTGG
AL155	67:T>C	Krm1	47486566	TGCAGTACTGTTGTGGTGCTTACCCAGAAGTTTGAAGGGTGCTTTGTTTTTACGTGTAAACTATGTTG
AL156	36:A>G	Krm1	47510566	TGCAGTGTTTTGGTGGTCAGGGAAGGAGTTTGAAGAATGCTTTGTTTTCTTACCGTATTTTTATTTTCAC
AL157	7:G>A	Krm1	47521340	TGCAGCAGCCATTGTCATTTGACATGGCTTTGTGTGAGTACCGTACCAATATAGTTTCAGATACTATCA
AL158	30:A>T	Krm1	47658241	TGCAGCCAAGTTCCCAAATGAGAAGCCTGGAACCTGTCTATCTGCTGATGATAGAGTGCCAACTGAAAG
AL159	9:C>T	Krm1	47804708	TGCAGTATCCGTTTGCAGAGAATTGAAATCAAAATGGTGCTATTATCTTCTTTATCCATGGCAGATTGC
AL160	56:C>T	Krm1	48092864	TGCAGCTCAGTAGATTCATGATTTTTCCAGGTATCGAACACACTGGTACAACAGCATTACCTTGTT
AL161	68:T>C	Krm1	48092864	TGCAGCTCAGTAGATTCATGATTTTTCCAGGTATCGAACACACTGGTACAACAGCATTACCTTGTT
AL162	38:C>A	Krm1	50692152	TGCAGGTAAGGATTCTCTGATAATATTTGCAGCTTGACCGGTAATCTACTGCTTTGAGCCATCCAGA
AL163	48:C>A	Krm1	50739107	TGCAGGCTTCAGCATCTATTCTGATAGCAGACACAAACAAATGGAGGGCAAAGATTACATAAGGTTTCT
AL164	67:T>C	Krm1	50739107	TGCAGGCTTCAGCATCTATTCTGATAGCAGACACAAACAAATGGAGGGAAAAGATTACATAAGGTTTTT
AL165	68:G>A	Krm1	50973883	TGCAGCATGATTTCCAACCTTGAGAGACAAATCTACCACACAAAAGGCATAATGCAGGTTCAACAAGCG
AL166	63:A>G	Krm1	51059554	TGCAGAGGCTCAACAAACCAAAGGAAACCGACCATTGATCAAGAATTCGAGCAGTACTTTTCAATGCT
AL167	30:T>G	Krm1	51059554	TGCAGAGGCTCAACAAACCAAAGGAAACCTACCATTGATCAAGAATTCGAGCAGTACTTTTCGATGCT
AL168	24:G>A	Krm1	52315770	TGCAGAGACAAGCCGTTTCGACATGGTATTTCTTTCTTACTTTGGTTGCCCTGTTGTTTCAGATTA
AL169	33:C>A	Krm1	52488674	TGCAGTTAGCTGGGTAAGCTTTTTATTTTAGTTGCAGAATTCATACTGAATGTGTGTTCCAAATCATACT
AL170	15:C>G	Krm1	52554186	TGCAGCTGTCCACACCTCTCTCTATCTTATGTGTCCACGCTCTGGTTGTTTCTTTTCGGTTTTGG
AL171	46:C>T	Krm1	52599030	TGCAGCAGCAATTATTAGTTTTATGTTATCTTTGATCTTGGTGTAGCAAGAATCTCTTGAAAAATATT
AL172	32:G>C	Krm1	52851269	TGCAGGCAAAACCAGGTTGAGTTCCCTGGTCTAGCCCAAAAAATAGACAAGGCAAGTGATATGCATTAGA
AL173	36:A>T	Krm1	53030506	TGCAGATTTTAGTTTATCAAGGGACAGATTAGGCATATTTTGTGACAAGTTGCTTGCAGATCCTTCCCG
AL174	13:A>G	Krm1	53554654	TGCAGAGAAAATAATGGCGATAAGCTTCATGGTGTGATGGTGTAGGCTTTGCTAGCAACTCAAGTGCG

Ek 1. Devam

AL175	42:T>G	Krm1	53554654	TGCAGAGAAAATAATGGCGATAAGCTTCATGGTGTGATGGTTATGGCTCTGCTAGCAACTCAAGTGCG
AL176	17:C>A	Krm1	53564382	TGCAGATTCAATACCTGCAAAAAATGTAGTATGGAAGAAGGATCAAAGTACCCAAAGCATTGAAATAAG
AL177	7:A>G	Krm1	53576262	TGCAGACATTGCGCGGGCGAAAAACCAACAACAATCAGCTGGGAATGGAAGAGGTAGAGGTGGTGGGG
AL178	51:G>T	Krm1	53666234	TGCAGCGGACGGATTTGTTGTCCAAACCGGAGATCCTGAAGGTCCAGCGGAGGGCTTTATTGATCCTAG
AL179	46:G>C	Krm1	53833786	TGCAGCAATTCAGTTCATCTATTGTGTGGAACAAAGCTAAAGTTTGTGGCTTGGAGTTGTGGCATGAG
AL180	8:A>T	Krm1	53833786	TGCAGCAAAACAGTTCATCTATTGTGTGGAACAAAGCTAAAGTTTCTGGCTTGGTGTGTGGCATGAG
AL181	5:T>C	Krm1	54076077	TGCAGTAGTTGCTATCTTTCCTATCTCAGATGGGCACCTGCAAAGTACAAAAAATATATATTACAGATC
AL182	64:A>C	Krm1	54076077	TGCAGCAGTTGCTATCTTTCCTATCTCAGATGGGCACCTGCAAAGTACAAAAAATATATATTACAGATC
AL183	66:A>T	Krm1	54076077	TGCAGCAGTTGCTATCTTTCCTATCTCAGATGGGCACCTGCAAAGTACAAAAAATATATATTACAGATC
AL184	36:G>T	Krm1	54513605	TGCAGGATTCCAGTGGCTTCTTGCATTCCTTTCCAAGGAAGGAAAGATAATCGGAAGTATAACATTACG
AL185	14:C>T	Krm1	55438163	TGCAGCCTACTGCCCGTCTTCCCATTTCCATAAAAATAATCCTGCTTGCACATGAGTCTTACTTCCCAA
AL186	51:A>G	Krm2	1359548	TGCAGCATCCATACAAACACTTTGAGTGCAAGCTGATGGGAGAGACAGAGCAGAAAAAACTAGTGTA
AL187	20:G>A	Krm2	499481	TGCAGGTGATAAACAAGGATGAAGTGAATTTACTTTAGTAACAATCATTTTGCTAAAGTTATACCGCC
AL188	67:C>A	Krm2	510342	TGCAGTTTTTGCTTTGATGATAGTCCTAATTTGCAGCAATGGATTGATTGTTTACGTGTTTTTTTACA
AL189	65:G>A	Krm2	510408	TGCAGAAAAATTAATCATAGTGGAACATTACAGCGAGTCGAGTACAATCAATAACTGCTACAAGGTTG
AL190	33:C>T	Krm2	659219	TGCAGATGTCTTTGTACTGCATATATCTGTTATCCAAAACTGAACCGTCTATTGTGTTATGCAGGGCT
AL191	8:T>C	Krm2	659219	TGCAGATGTCTTTGTACTGCATATATCTGTTATTCAAAACTGAACCGTCTATTGTGTTATGCAGGGCT
AL192	31:C>A	Krm2	1360181	TGCAGTCGCCTCCACTCTTTCCTGTAGTTTGCAGAACAAGTTGGGATGAAATGTTGCAAAATTATAATG
AL193	64:G>T	Krm2	1364141	TGCAGACATGGTCAGTGCCAACACGGACAGGATATCGGCCAAGTATTTCTGCAACAAGTGAAGGTA
AL194	22:A>G	Krm2	2073745	TGCAGCATTAGCATTGGACCATAGGAATTACTTTTGGCGCCTTATGATTTGGATTCTTTTCGTTTCATG
AL195	14:G>A	Krm2	2219228	TGCAGTAGAAGCTCGTAGCCATGGCGGAGCAACGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCC
AL196	21:C>T	Krm2	2221719	TGCAGGTCAGCTTACCTGATACCGGGGACGCAACTATTTCCACAATGAATCAAATGTACGCCATCATGG
AL197	30:T>G	Krm2	2469168	TGCAGAGGTAAGTCTCGGAATTTGTTTCGCCATTGTGCATTGGGCCCCGAAACAGAGAGTTTTTCATGCCTT
AL198	51:G>A	Krm2	2469168	TGCAGAGGTAAGTCTCGGAATTTGTTTCGCCAGTGTGCATTGGGCCCCGAAACAGAGAGTTTTTCATGCCTT
AL199	54:C>T	Krm2	2569584	TGCAGTTTGGCACTGCTTACACACTATAACAGCATCAAAATCCATCAAAGACTCTGATGTTGTATTAC
AL200	68:C>A	Krm2	2569584	TGCAGTTTGGCACTGCTTACACACTATAACAGCATCAAAATCCATCAAAGACTCTGATGTTGTATTAC
AL201	57:A>G	Krm2	3071716	TGCAGCCATAGAATGAAAACCCCAACCCACAAGGAAAAATAAAAAAGAAAAACAATCAGAGGAAAATGG
AL202	54:T>C	Krm2	3086072	TGCAGCTGTCTGAACCCCGCCTGTTCTTTCTTCTTACTTGTTCCTCGTAAAAATCGGCTTCTCAGCCT
AL203	60:T>C	Krm2	3554250	TGCAGCTTCTTGGGTGGAGGCTTCTGCATAAACACGAATGACATCCTCTGTACCTGATGGTCGTATGAA
AL204	46:T>A	Krm2	3554250	TGCAGCTTCTTGGGTGGAGGCTTCTGCATAAACACGAATGACATCCTCTGTACCTGATGGCCGTATGAA
AL205	17:T>C	Krm2	3557240	TGCAGTACTATCTTCTATAATAAGGTAATAATTGCAGGTCCGTGCTACTCCTGGTCATACAATGGGTTG
AL206	28:G>T	Krm2	3575622	TGCAGATCCACCATGACAAAAGATCTTTGGGGCGACGCCGCACGGGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL207	13:T>A	Krm2	3575622	TGCAGATCCACCATGACAAAAGATCTTTGGGGCGACGCCGCACGGGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL208	18:A>T	Krm2	3575622	TGCAGATCCACCATGACAAAAGATCTTTGGGGCGACGCCGCACGGGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL209	37:C>T	Krm2	3575622	TGCAGATCCACCATGACAAAAGATCTTTGGGGCGACGCCGCACGGGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT

Ek 1. Devam

AL210	19:A>G	Krm2	3961254	TGCAGATTATTTAACATTGACTGTGCATGCTAAAACCTGATCAGGTATCTATCCTCCCAACACTGTTACT
AL211	7:G>A	Krm2	3998643	TGCAGTTGATATTTTGGTTGATAACGTA AAAAACCAGAATAAAAAGGGTCACCAGATGAAAAAAGCTTGT
AL212	56:A>T	Krm2	4185922	TGCAGTCTTCTTCTTCAAACAATTCACAGGAACAATACCTGAATCATTCCGGCAAATTTGAAGAACTTA
AL213	17:G>A	Krm2	4185922	TGCAGTCTTCTTCTTCAAACAATTCACAGGAACAATACCTGAATCATTCCGGCAAATTTGAAGAACTTA
AL214	44:A>G	Krm2	4185922	TGCAGTCTTCTTCTTCAAACAATTCACAGGAACAATACCTGAATCATTCCGGCAAATTTGAAGAACTTA
AL215	50:C>A	Krm2	4185922	TGCAGTCTTCTTCTTCAAACAATTCACAGGAACAATACCTGAATCATTCCGGCAAATTTGAAGAACTTA
AL216	64:G>C	Krm2	4212316	TGCAGAGGCAATTGGTAGTGCTACAAATATTATAAGCTTTGTTCTCACCTTGGAAATTTCTAAGAGGTCT
AL217	44:A>C	Krm2	4293724	TGCAGAGGAAGATAAATGTCTCTCTATTGAATGCTTACCCGATATTACAGATCGGAAGAGCGGGTTCAG
AL218	10:G>A	Krm2	4594848	TGCAGGTTTTGGAAAATTTTTCTAGTTTCTTTCCAGGGAAAAAAAAGGGTGCTCTCTAATGCATATA
AL219	10:G>A	Krm2	4594848	TGCAGGTTTTGGAAAATTTTTCTAGTTTCTTTCCAGGGAAAAAAAAGGGTGCTCTCTAATGCATATAT
AL220	6:A>C	Krm2	4603446	TGCAGTATTAGACATAGTCCATCTGATTGAGGTTCTAAACAATTGTAGGCCGTAATAATTACAGATCG
AL221	7:C>T	Krm2	4603506	TGCAGCTCAAAGGGGGAGTTGAGGTTTTATCATGCATAAAACAAGGGTTTTTGCTTCTAAGCAAACCTG
AL222	16:T>C	Krm2	4603909	TGCAGAAATTAGATATTTATCAGTGCCTAAATTCCTAGAATCACATGCAGCGATAAAATTACCATAAC
AL223	42:T>G	Krm2	4604804	TGCAGATAAAAAGTCCGTGTGAGAAAAAAAATCACTGCCCTCTTAGTGTGAAGTTTCGATCCCATATTTAT
AL224	32:T>C	Krm2	4715745	TGCAGGAACAGGCTGCTTTGCTAACTTTGTTATTTGATTACCATTCTAAAGTAAGGTATTGTTTCAGTA
AL225	47:T>G	Krm2	4715745	TGCAGGAACAGGCTGCTTTGCTAACTTTGTTATTTGATTACCATTCTAAAGTAAGGTATTGTTTCAGTA
AL226	63:T>C	Krm2	4715745	TGCAGGAACAGGCTGCTTTGCTAACTTTGTTATTTGATTACCATTCTAAAGTAAGGTATTGTTTCAGTA
AL227	14:A>T	Krm2	4822313	TGCAGTAAGTCTCGAAATAACTTCGGAGTTTCATCGTTCTCTGTGAAAAGCCTCAGAAAGAAATTGAACT
AL228	47:A>G	Krm2	4822313	TGCAGTAAGTCTCGAAATAACTTCGGAGTTTCATCGTTCTCTGTGAAAAGCCTCAGAAAGAAATTGAACT
AL229	59:A>G	Krm2	4822313	TGCAGTAAGTCTCGTAATAACTTCGGAGTTTCATCGTTCTCTGTGAAAAGCCTCAGAAAGAAATTGAACT
AL230	11:T>C	Krm2	5536232	TGCAGTCTACATAGCTGCCATACTGGAATACCTGACCGCAGAAGTCCTAGAAGTGGCAGGTAATGCAAG
AL231	10:A>G	Krm2	6554356	TGCAGTAACCACACCAAGTGCTATTTTTACCCAAGGCATTGCCACTTCGAGTCTTTTACAGATCGGAAG
AL232	11:T>G	Krm2	9434059	TGCAGGCGCTGTTCAAGTTGCAGGAGTTGGTGGAGTTTGCTGGCGATTTGGAGGAGCAGAGGAAGAAAA
AL233	10:G>A	Krm2	9454265	TGCAGTGGACGTTGCTCATTCCACTTAGCTTCATTCTCACATCTTGCTTCAACAAATGTTTATAATT
AL234	57:C>T	Krm2	10301811	TGCAGCTGAGCTTTGTGGTTCATGAATCTCTTCAAAGGCTTGTAATTTCTTCTTGCTCAGGCTCCAAA
AL235	35:C>T	Krm2	11341562	TGCAGCAATGTTTGTATTGTCAAGCTTCTGCTCACATATAATCCAGAAGTCAATGGTACATCATTCC
AL236	18:C>T	Krm2	11341562	TGCAGCAATGTTTGTATTGTCAAGCTTCTGCTCACATATAATCCAGAAGTCAATGGTACATCATTCC
AL237	20:A>G	Krm2	11396104	TGCAGAAAAGGGTTAAAAACAAAACCCATAAATGCAATGAAGAATGCAATTTTTGGTCTGTCAAGTACAA
AL238	28:G>A	Krm2	11396104	TGCAGAAAAGGGTTAAAAACAAAACCCATGAATGCAATGAAGAATGCAATTTTTGGTCTGTCAAATACAA
AL239	15:A>C	Krm2	11841450	TGCAGAAGCTTCAAAAAGCCAAGCTTCCCCTCAGTTTCACTCTTGTGTTGTCAATCTTCCAATAAAGG
AL240	6:G>A	Krm2	11863516	TGCAGTGAAGAACCGCAAGTGATTTCTCTACAAGAGGATTTTCTGCCTCTGTTACTGCCATCAACTCT
AL241	37:G>A	Krm2	11863516	TGCAGTAAAGAACCGCAAGTGATTTCTCTACAAGAGGATTTTCTGCCTCTGTTACTGCCATCAACTCT
AL242	56:T>G	Krm2	11976035	TGCAGCGAAAAGACCTGGCAAAAGGAAATGAAAATTTTGGAGCCATTCAGCAGGAAGTTACAATAAAACT
AL243	6:T>C	Krm2	11983670	TGCAGTTATAAAAAGATAGTAAGGATGAGAAAAAGTGACCTGAACACAACCTGTTTTACAGATCGGAAG
AL244	7:A>G	Krm2	12003505	TGCAGAAATAACAAGTTCATAAATTTGCTTCAACCAATCACGTAGGAAATATCTTACTAGAAAAGTTTG



Ek 1. Devam

AL245	32:A>G	Krm2	13011469	TGCAGAACATGCACCAAGGGTATCCAACCTGAAACTTTAGTACGGTTTCTCAAAGCGAGAGATTGGAATG
AL246	5:A>C	Krm2	14469208	TGCAGATGGTCTTGAATGCTACTGGAATGCATTTGAGCTGCCTTATACTTTTCCTGCTTCTTACCTTGA
AL247	11:G>A	Krm2	14469274	TGCAGTAGCAAGCTGAGTCTCACTCTCAGCTTCAACTGTTTTCTTTCATTCATTCGCACATCAGTTTC
AL248	5:T>C	Krm2	14469274	TGCAGTAGCAAGCTGAGTCTCACTCTCAGCTTCAACTGTTTTCTTTCATTCATTCGCACATCAGTTTC
AL249	60:C>T	Krm2	16208280	TGCAGCTGACTTAACATCATATCCATGTTTCTTGCATCGTTCAGTCAGGGCCTTCATTAGCTCCTCAAG
AL250	5:G>C	Krm2	16635465	TGCAGGAGTGCCGGCTCCTGCTGCACTCTTCAGAGCAATCAAGGGGAGAGGTGGAAAAGAAATGGGAGC
AL251	24:C>T	Krm2	16783815	TGCAGTCACATTAATCCCCCTTCCATAAGATTTTTTCTCCATGAATCCAAGCAGAAAAATAACTGC
AL252	53:C>T	Krm2	17247639	TGCAGAAGTTGAAAAGCAAAAAGCAGTCAAATATAATGTTATAGAAAATTGACCAACGGTTTACCTTT
AL253	65:C>A	Krm2	17247639	TGCAGAAGTTGAAAAGCAAAAAGCAGTCAAATATAATGTTATAGAAAATTGATCAACGGTTTACCTTT
AL254	29:T>A	Krm2	19257076	TGCAGATATCTTTCAGTACTGATCCACCCTTTACTGAAGGGCTGAAACCAAAAAGAGTCAAAATCTATG
AL255	65:G>T	Krm2	19257076	TGCAGATATCTTTCAGTACTGATCCACCATTACTGAAGGGCTGAAACCAAAAAGAGTCAAAATCGATG
AL256	36:G>A	Krm2	20122552	TGCAGTAAGAGCCAAAATCTATTATACTATCGAGCAGGTAACCTTCATTCAGTAATCCAAGAAGAAGGTA
AL257	9:G>A	Krm2	20122552	TGCAGTAAGGACCAAAAATCTATTATACTATCGAGCAAGTAACCTTCATTCAGTAATCCAAGAAGAAGGTA
AL258	60:G>A	Krm2	20202102	TGCAGTAAATATAAGTATATGCCAAAAGAGGAAACTATGGAATTCATGCTTTTAGTGAAGGATCATTAC
AL259	20:T>G	Krm2	20202471	TGCAGGTTATTGATTTGTTTTCGGTAAGTCATTTTCTCCACTTGTTTGATTCTTCGTCTAGTGTTCTTT
AL260	55:A>G	Krm2	20202471	TGCAGGTTATTGATTTGTTTTCGGTAAGTCATTTTCTCCACTTGTTTGATTCTTCATCTTGTGTTCTTT
AL261	47:G>A	Krm2	20202471	TGCAGGTTATTGATTTGTTTTCGGTAAGTCATTTTCTCCACTTGTTTGATTCTTCGTCTAGTGTTCTTT
AL262	7:A>G	Krm2	25829850	TGCAGGGATTTATCCGTGATGAGCCTTTCGATCCCAAAGGTTGGATGGTTTCTGGTTATAATTGTGGAA
AL263	26:G>A	Krm2	27392725	TGCAGAGTAACTTGACAACCTTCGTTTCGAGGTGTTCCCGATCTCCAAAAATCACGAAATTACAGATCGGA
AL264	39:T>C	Krm2	27392725	TGCAGAGTAACTTGACAACCTTCGTTTCGAGGTGTTCCCGATCTCCAAAAATCACGAAATTACAGATCGGA
AL265	56:T>C	Krm2	28330956	TGCAGGCCATGGGTATTCATGTTTCTTCATTTTCTTCATCTTTGCAGCTACAATTATGTCCCTCCTTTT
AL266	22:G>A	Krm2	31385456	TGCAGATATTTGAGAGTGATTTGTGAAGGTTTTTGATGCAATCATTTGAGCCACTGATTCCAAAAGATC
AL267	23:G>C	Krm2	38521376	TGCAGCAGCATTGGGTTTTACAAGGTGAAAACCCACATTGCATAAAAATATCAAAGCTTCAGATCTATC
AL268	34:A>T	Krm2	47222684	TGCAGCAGTGATGTGAGATTGAAAAATCACTAAAAATAGTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGG
AL269	10:T>A	Krm2	47222687	TGCAGTGATGTGGATGTGAAAAATCACTAAAAATAGTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL270	17:G>A	Krm2	47222687	TGCAGTGATGTGGATGTGAAAAATCACTAAAAATAGTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL271	21:A>G	Krm2	47222687	TGCAGTGATGTGGATGTGAAAAATCACTAAAAATAGTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL272	22:T>C	Krm2	48542914	TGCAGTATTGCTCACCTTCTTTTTCTTCATTGCACCAACGGATTTTCGTTGGTTGTTTGAACCTTGATT
AL273	20:T>C	Krm2	49187215	TGCAGACTCCAACCTGGTATTAGAACAATATATCAATTCCTATCACTGGCAAATATTGAAAGAGGA
AL274	29:T>A	Krm2	49187215	TGCAGACTCCAACCTGGTATCAGAACAATTTATCAATTCCTATCACTGGCAAATATTGAGAGGGGA
AL275	29:C>T	Krm2	49750537	TGCAGCTCCTCTGCTTTCGTCTCCAATTCCTCATCTCCTCAATTTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL276	64:C>A	Krm2	51102664	TGCAGCACAACAAGGAAGCATGAAACAATTTGCTTGCTATTCAACTTGAAAACAATACACTTACAGAT
AL277	23:A>G	Krm2	51495659	TGCAGCCCTATTTTGGCAGTGGAAGGTCGGCATCGGAAAGTGTGTGGGGCCTGGGTTACTGGAATACC
AL278	27:C>A	Krm2	51595779	TGCAGTATCCTTGTCAGCAAGTAACATCGGGGAAGTCTGTAATATGTAAGATTATTTTCAGTCTTCAG
AL279	46:G>A	Krm2	51595779	TGCAGTATCCTTGTCAGCAAGTAACATAGGGGAAGTCTGTAATATGTAAGATTATTTTCAGTCTTCAG

Ek 1. Devam

AL280	27:G>T	Krm2	52180518	TGCAGTTGTAAGCATACGGAAGAAAAAGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACC
AL281	34:T>C	Krm2	53959042	TGCAGCCACATGATCAGTTTGTGATATTTGCATCTGATGGGCTGTGGGAGCACCTAAGCAATCAAGAAG
AL282	42:T>C	Krm2	55630894	TGCAGCATACGAGCTGAAGTAATTGAGAAGCTCTTGATTTCCCTATCCAATCCACTGATGAAATGATAC
AL283	27:G>A	Krm2	55649008	TGCAGTTTTTTCCACAAATGGTCAATTGTTCAACTAATACTAAATGTTGTCTACCTTGGAAAAGAAGGT
AL284	47:G>A	Krm2	57402063	TGCAGATGCCCAATGGGTTGCTTTGCAAGAATAGAGTGGGTGAGTGTGAAGGCAGAAAGGACACATTAA
AL285	64:C>A	Krm2	59077306	TGCAGAGCTTCGATTACATTTATAGGCGGCAGCCATTGGCATTGCTAAATTTCCCTATGCTTACAGAT
AL286	9:G>A	Krm2	59171861	TGCAGAGAAGAATGCAACATTTTGATAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL287	19:C>T	Krm2	59394914	TGCAGACTTCGAAGCGCAGCATTTTGCCTTGGAGAAAAAGGAAGCTGAGTTTCAGGTCTCCTAAAGTGA
AL288	48:G>A	Krm2	59394914	TGCAGACTTCGAAGCGCAGCATTTTGCCTTGGAGAAAAAGGAAGCTGAGTTTCAGGTCTCCTAAAGTGA
AL289	11:T>C	Krm2	59533368	TGCAGCTATAGTCCATCAACATCAAAGTTGTGGAAGGACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAA
AL290	63:C>T	Krm2	60007209	TGCAGTAAAATATTCTAGCTTCGTCTTTACCCCGTCATAATTTTATAGGTTAGAACTCAAACCTAAAT
AL291	27:G>A	Krm2	60362851	TGCAGTGGGTCCGAGTTTTGTTCCCAGGCCAATTATGGGAATGGTGGCAGTGGTGGCTTTGGTGGGAG
AL292	62:G>C	Krm2	60539409	TGCAGCCAATCCGAGGATTTGCAAGAGATTTTCGTTGCTAAAGATGGTTTACGAAGTAACGCGGCTTTT
AL293	22:A>G	Krm2	60787595	TGCAGAAAATTTGACTTTCTACCATGCTAACCAAAAACCCGTTGTTGGTGTCTTTTTTATGCAATAGCTTA
AL294	37:A>G	Krm2	60797037	TGCAGAATGGTTCATCGCCAAAGGAAGAGTATGAGAAAACAGGTATTGGAAGTGTGCCATTTTTTGGG
AL295	10:A>T	Krm2	60857492	TGCAGAAACTACCTTCTCCACACACCCTTGAGCCGCTCGCTTAGCCTTTCTACGAATCTTTTTCTTTTG
AL296	13:T>C	Krm2	60857492	TGCAGAAACTTCCTTCTCCGCACACCCTTGAGCCGCTCGCTTAGCCTTTCTACGAATCTTTTTCTTTTG
AL297	22:T>C	Krm2	60907897	TGCAGCACTATGAAGGTAATGTTGAGGATCTCTGTCTAGACTTCACAGTACTGAAGAATCTTTTGGTA
AL298	15:C>T	Krm2	60910785	TGCAGGTAACAACCCGTTGGTGGTAAGGTTGTCACTCCAATCCTCCTTGCTCCCAGTCCATACAGATT
AL299	65:G>T	Krm2	60910785	TGCAGGTAACAACCCGTTGGTGGTAAGGTTGTCACTCCAATCCTCCTTGCTCCCAGTCCATACAGATT
AL300	49:G>A	Krm2	61046667	TGCAGTTGCTTCGTTTTGACTTACTGGTTTACTGATCCATGGCTGCTCATATTTTCTTTTCTAGAATGTT
AL301	22:A>T	Krm2	61046667	TGCAGTTGCTTCGTTTTGACTTACTGGTTTACTGATCCATGGCTGCTCATATTTTCTTTTCTAGAATGTT
AL302	29:T>A	Krm2	61538999	TGCAGTAAACTTCATGTAAGTACTGACTGCTTTTGAATTCATCATCCACATTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL303	50:T>G	Krm2	62438078	TGCAGCCAAAGAAATGATCAGCCACTTACAATCAAGAGTGAAGCAAAACATTTCCCTCAACTCTCCTCA
AL304	14:G>T	Krm2	62438078	TGCAGCCAAAGAAAGGATCAGCCACTTACAATCAAGAGTGAAGCAAAACATTTCCCTCAACTCTGCTCA
AL305	10:G>T	Krm2	62557932	TGCAGTCACTGGCTCAGATCGCAGAGAATCTAGCAAGCCGCAATAGCCAGTCTAGTCACTGTATGTTT
AL306	53:C>T	Krm2	62578914	TGCAGGTACCATCACAATTTCAATACTAAAAATCAATTGTTTGGTGTATGTTTATTTATGAAGCTTA
AL307	50:G>T	Krm2	62578914	TGCAGGTACCATCACAATTTCAATACTAAAAATCAATTGTTTGGTGTATGTTTATTTATGAAGCTTA
AL308	46:C>G	Krm2	62652753	TGCAGGCTTTGATGGTCTATGAATGCTGCATTTTTGCTTTGCCTTCCCTCAACAAGGTTGATGTTCTGTA
AL309	8:C>T	Krm2	62664528	TGCAGTAACCTGGCATGGTGTCTTTTCCCAGGTGTATTTTTATACTTGCACTCACTTCTAATATTAC
AL310	50:C>T	Krm2	62664528	TGCAGTAATCTGGCATGGTGTCTTTTCCCAGGTGTATTTTTATACTTGCACTCACTTCTAATATTAC
AL311	28:G>A	Krm3	92220	TGCAGGCCTTCCAGAAACGTTTTCGTTCCGGTGGAAAGACCATTGCACACGATCATAGACGCCAGAAGCCA
AL312	7:C>T	Krm3	154645	TGCAGATCATAGTCAATGGTTCTATGAGAAAATAGGTCAGACATGAGACGTGGAACCCGCATTGCCATC
AL313	17:G>A	Krm3	290091	TGCAGCTTCTAATTGGCGTTTTCTATATGCAGGCTCCAATCTATGTAAGTAAACAAAATTGTCTTGGAAAG
AL314	27:T>C	Krm3	316210	TGCAGTTAAGACTTCTGAAACTGGGTATATACAGAGGCGACTTGTGAAGGCAATGGAGGATATCATGGT

Ek 1. Devam

AL315	24:A>G	Krm3	1087954	TGCAGTTTCAAGGACCTAACATGCAAATTTTCCATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC
AL316	62:A>G	Krm3	1093289	TGCAGTACTGAGATCGCTAAGATGTCCGTACAATATGTGGATCTTGATCCTCCTCTATCCAATCAAC
AL317	35:G>A	Krm3	1174092	TGCAGTAGGATCAACTAATTAGTTGATCAAAAACTGCACCCAGTTCTGTAATCGTCTACTTGCATATTT
AL318	22:T>C	Krm3	1174092	TGCAGTAGGATCAACTAATTAGTTGATCAAAAACTACACCCAATTTTGTAAATAGTCTACTTGCATATTA
AL319	14:C>A	Krm3	1174092	TGCAGTAGGATCAACTAATTAGTTGATCAAAAACTACACCCAATTTTGTAAATAGTCTACTTGCATATTA
AL320	51:C>A	Krm3	1421071	TGCAGAGATATAGTGTTGGTGGGAGACAATGAAAGTCCCTTGCAGGTGGAGCCAGTATCGGTAATTGAG
AL321	10:G>A	Krm3	1542127	TGCAGCAGTTGATGCAAAACTTGGAAATGACTAGGTGTTAGAATATACCATATCACATGTGCAAATTG
AL322	22:G>T	Krm3	1542127	TGCAGCAGTTGATGCAAAACTTGGAAATGACTAGGTGTTAGAATATACCATATCACATGTGCAAATTG
AL323	24:T>A	Krm3	1542193	TGCAGTTTTCTCATTGCTTTGCTTCTTTGGATTCTCTCCATTTATTTATTTGTTTTGACGTGAAGTTG
AL324	50:T>C	Krm3	1624233	TGCAGATTCTCCTCGGTTGCAATATCAGCTGTTGATGCTGCGCCCGTCAATGAGTCATCCTATTCAAAC
AL325	38:C>T	Krm3	2400806	TGCAGCAACACAAGTTATGTGTACGATAATTATAAATTCGAATCTAATTTATATGTATTGAGAGATGGT
AL326	42:A>C	Krm3	2975599	TGCAGCTTGTAGGCACCAACACACACGAGCCTTGGCTCGTGGAGTTACGAACTGGCCCCGGCTTGATTG
AL327	41:A>G	Krm3	3539463	TGCAGTTGAAACTAGCCAAAAGGAAAAGCAATCAGAAATTGACATTGCAATTTTTTTCCATTTTATAAC
AL328	47:C>T	Krm3	4347643	TGCAGCTAATAGAGATGAGGTTACTTGAGTACTTGGTGTAGAAGCACTATTGAACAAGAAAAGTATAT
AL329	27:T>C	Krm3	4739824	TGCAGCAAAAACAAGCTTTTAGCGGCATTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGAC
AL330	27:C>A	Krm3	5660108	TGCAGTCCATTCCCCTGCAAAAAAACCCTTTGAAATTCATTCTACTACATTTGCATATAGCTAA
AL331	15:A>T	Krm3	6327542	TGCAGTTTCTCAATAGCTCAAACACTACTATCATAACCATGCAGGATGTTCTTGGGTTGGACAGTTCTGC
AL332	61:C>T	Krm3	6732374	TGCAGAAGGCAGTGATACATGCTCCGACTCACCTCGTCCAGGCGCGTAGCATCGGATTTCTCTTCTTCG
AL333	40:A>T	Krm3	11485000	TGCAGTAACTTATAATACTCTCACAATGTAGGTAATAAATAATATTCTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL334	43:G>A	Krm3	17576237	TGCAGTCGTCTTACAGGAAAAAAGGGCAACTGAGTGAGTGCAGAAACGAAAAGTTGAAAATCCCCAAA
AL335	9:A>G	Krm3	17721428	TGCAGCGTTAAGCTAATGGTTATAGTTGAGGGAAGAAAAGATTACACCCTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL336	17:C>T	Krm3	19130268	TGCAGGGATCCACCTACCGATCATTAGATTTGAAATAAAGCTGTGATATCCTTCCATAATAAAAAAAA
AL337	33:T>C	Krm3	31858007	TGCAGCTACCCAAGTGGAACCAAGTGCAGCTGCTTTTACTTCTTACCTTCAAACCGCATGTACCACTG
AL338	37:T>C	Krm3	32682801	TGCAGGAATAGGGTAGTTTGGCTGCAGGCATTCGGGTTGGAATAGTATCTGGAATAGAGGATGTTTGG
AL339	64:T>A	Krm3	32972028	TGCAGCTTCAAATGATGGCTATAGTTTGGATGATGATTGGTGCATACAAAAATAATTGACTGCATATTC
AL340	23:A>T	Krm3	34723886	TGCAGAAAGAAATAGGAAGAAGTAGAAGTAGAGCGCTGAGGCCGAACGAACAAAAAGCGCTGAGGCTCC
AL341	13:G>A	Krm3	34723886	TGCAGAAAGAAATGGGAAGAAGAAGTAGAGCGCTGAGGCCGAACGAACAAAAAGCGCTGAGGCTCC
AL342	14:T>A	Krm3	34833652	TGCAGCTGCTAGTTTGGTAGTTCTGTTATGTAGTTAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL343	50:T>C	Krm3	37583920	TGCAGAAACAGTCCCAAATTTGGGGTCTATCAGCTCAATATGCTCTTCTTGAGTATGCGTCTGGTGCT
AL344	7:C>T	Krm3	39341548	TGCAGGACTTAGAGAAGGAGGATGTCCGAGATATTGCTGAAAACAAAGGCCATCTCCGAAGCAAACGATA
AL345	68:T>A	Krm3	41336187	TGCAGCTTTAGCACCTCCATGTCCATCAAAAATGCCAAAAATTGCCTGCAATTTATCATTTGAAAACCT
AL346	62:C>T	Krm3	41723911	TGCAGCAGCAGGCACAGCCTGAGCTTCTTTCCATTCCAACGGCTTGAGCGCCCTGAAATTCTCATGG
AL347	25:A>C	Krm3	41916816	TGCAGAAGAATGTTGGCTTACCTGGACCATATGCACAGAAAATAATAAAGAGCATAACAACCACCAAAA
AL348	27:C>G	Krm3	41932140	TGCAGCCTCCCTTCTTTCTCGATACACTAATATTTTTGTTGCATTACATGCCTACATACATATTCATT
AL349	35:G>A	Krm3	42268271	TGCAGTTTTGAAGTCGTCTTATTATATATAATGTTACTTTCATGTGCCATCCTTCTTTGATTCTA

Ek 1. Devam

AL350	5:A>G	Krm3	42485796	TGCAGAGGAGTAAAGTAGAACGCTTGCATTGTTGCCACCTCATCACTTCAATAAGAACATCACCATTCT
AL351	50:T>C	Krm3	42644002	TGCAGCAAGCCGAATAAAGAAAAGTTGCCTTTGTTTGGCTACAAATGCGGTTTCAGTGGATCAGTGGGC
AL352	27:C>T	Krm3	42644002	TGCAGCAAGCCGAATAAAGAAAAGTTGCCTTTGTTTGGCTACAAATGCGGTTTCAGTGGATCAGTGGGC
AL353	64:T>C	Krm3	42676108	TGCAGGCAGCATGACCAAAAAGTAACAGAATGATCCACTTATTATAATAATCACCTAATTAGTTCTTACA
AL354	39:A>G	Krm3	42676108	TGCAGGCAGCATGACCAAAAAGTAACAGAATGATCCACTTATTATAATAATCACCTAATTAGTTCTTACA
AL355	57:C>T	Krm3	43535330	TGCAGATCTGGCATTGAACACGAGATCTGATGAACCGACCACGACCACGAACAGACGCACGACCTCCAT
AL356	43:G>T	Krm3	43698281	TGCAGTAGCTTAGTTTCTCTGATATCAATGGCTCTCCTTTTCAGATTAGTTTTTGTCTTTCTGTTTTGT
AL357	52:T>G	Krm3	44234732	TGCAGTTCATTCTACAGATGCTAATGGTGTGCATTTTTTGTGCTGAATGCAGTCTGCTAAAGCATTAC
AL358	66:A>G	Krm3	45166970	TGCAGAATCGAATTCAATCAAAAACCTAATTTCCCTCAAATTTTCATCATATACTCCCGGTAAAGTATT
AL359	34:G>C	Krm3	45166970	TGCAGAATCGAATTCAATCAAAAACCTAATTTCCGTCAAATTTTCATCATATACTCCCGGTAAAGTATT
AL360	15:C>T	Krm3	45650895	TGCAGTTCAAATAAACATGGTATAATGTTTCAAGTGCATGCTTGCGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL361	41:C>T	Krm3	45747862	TGCAGGTTGAAGTGGATTATAGAGAGCAACTAAAGCAGGCCCAAGATCTTGTTTCGACCATGTCAGCAG
AL362	35:C>A	Krm4	24493	TGCAGAAAAGCATTATCAGCATAACCTATGTCAACCTAATTTCCCTGATAAGCAGAACCGTGTTTACAG
AL363	27:C>T	Krm4	159913	TGCAGTCAAATAACCGAAAACCGAGAACGTAACCAAATGAAGATATTGAATTGATAAAAAGTGGGAATAA
AL364	48:C>T	Krm4	317050	TGCAGAAAAAAGAAGAAGCAAATTACATCCCTTTGATTCCCTCTTCTTTTTTTTTGTTTACAGATCG
AL365	48:T>C	Krm4	317051	TGCAGAAAAAAGAAGAAGCAAATTACATCCCTTTGATTCCCTCTTCTTTTTTTTTGTTTACAGATCGG
AL366	19:C>T	Krm4	317110	TGCAGGGACCAAGACCTTGACCCGACGAATAAAGCAATTCATATGATAATTTTGGAACATTACAGATCG
AL367	66:T>G	Krm4	317110	TGCAGGGACCAAGACCTTGACCCGACGAATAAAGCAATTCATATGATAATTTTGGAACATTACAGATCG
AL368	67:C>A	Krm4	317110	TGCAGGGACCAAGACCTTGACCCGACGAATAAAGCAATTCATATGATAATTTTGGAACATTACAGATCG
AL369	25:A>G	Krm4	788884	TGCAGAGTCGAAAAGATGTCGAAGGATCTCTTTTTGTTGTCAAGAGGTAACCTTGAAAGCGATTTTTTT
AL370	61:T>C	Krm4	1272250	TGCAGCTAAGCTGATCCAATATCGAACCATTGACCAATAATCAGCTCTGATCACACAGCTACCATTCT
AL371	28:C>T	Krm4	1519566	TGCAGAGCTGAAATATGCTTTACAAGAGCCTGTTGACAGAATGAGTCCCTTTACAGGTGTCTGCAAATT
AL372	44:T>A	Krm4	1525950	TGCAGATTTTATTTTGCTTATTTGATCTGTA AAAAGATGTGGAATTTTGATTGCCGCTATAAATGTTTAG
AL373	40:G>A	Krm4	1525950	TGCAGATTTTATTTTGCTTATTTGATCTGTA AAAAGATGTGGAATTTTGATTGCCGCTATAAATGTTTAG
AL374	24:C>T	Krm4	1992395	TGCAGGAGGTGGCTTTGACAGGGCCGAGAAGACATTGTGATAGGATTTGTAGACTCAGGAATTTATCC
AL375	66:G>A	Krm4	2092275	TGCAGTCAAGACTGTTGAACTTGATGCTGCCCTTGAGGGCGTGCTGTTCAATATCGTGAAGTGCAGGG
AL376	56:A>T	Krm4	2210049	TGCAGCGTCTTTTTACAATTACAATAACCAATGTAATTCCTCTCAGCCTCTTATTAGCTCCATCATC
AL377	42:T>C	Krm4	2217693	TGCAGGACCTCCCCACATTTACCAAGAACAAAAA AACTTTCTTTTTTGGAATAAAAAAAGGATTTT
AL378	23:C>T	Krm4	2223095	TGCAGTTTTTGATGTTAGCTTACGAGACTTTATCATTGAATTTGAACCCCTTTTCTTCTGGCACTTCA
AL379	48:A>C	Krm4	2223095	TGCAGTATTTGATGTTGGCTTCATGAAATTTTATCATTGAATTTGAACACCTTTTCTTCTGGTACTTTA
AL380	61:G>A	Krm4	2223095	TGCAGTATTTGATGTTGGCTTCATGAAATTTTATCATTGAATTTGAACACCTTTTCTTCTGGTACTTTA
AL381	19:T>C	Krm4	2224199	TGCAGAAATAGCAAAGACATGTTTTCCCGTGAATATAGGACCTAAATATCAATCGTGATTCAAGCAAG
AL382	30:G>A	Krm4	2225859	TGCAGTAGTAACATCGGTTGTTGCGGTGTTGTTCTTCAATTTATGCTGTCGTAGAGGTTTCAGCATCTAA
AL383	23:T>C	Krm4	3214884	TGCAGTTTAAACAGCACGGCCAAAATAAATCAACCAAAGAAGCATAATGTTGATCACCTGGCTCAATTCCA
AL384	21:G>T	Krm4	3240073	TGCAGGCACTGAAAACCGAGGGAAGAAAAGTAGATGCCAAGGAGTTTGAGTCAATGCAACAGCTTTCAA

Ek 1.Devam

AL385	10:C>A	Krm4	3620208	TGCAGTCGGTCCAGATTATTCGGAAGCATGGTGCTAAATTGGGCAGTGGCTCATTCCAAGGTACGACCA
AL386	29:T>C	Krm4	4213718	TGCAGCCATCTGCAATCAGAACAACAAACTGCTTTAGGCATACATACATGACAGATCACATTAGCATTC
AL387	23:C>A	Krm4	4213718	TGCAGCCATCTGCAATCAGAACAACAAACTGCTTTAGGCATACATACATGACAGATCACATTGGCATTC
AL388	65:G>A	Krm4	4362310	TGCAGCTTATCTATTTTCAGCACTGCTGTTGGTATTCTGCCACACCATTTAGCACTGATCTCAGGCT
AL389	20:T>C	Krm4	4362310	TGCAGCTTATCTATTTTCAGTCTGCTGTTGGTATTCTGCCACACCATTTAGCACTGATCTCAAGCT
AL390	36:G>A	Krm4	4453425	TGCAGTCTATTCTTTAGTTGAAACATGTTGTGTCTTGATCAGTCCTTGGATTTCTCCCTAACAAAATG
AL391	26:C>T	Krm4	4654261	TGCAGTGGTTTCATCATCTTCCACCTCTTTACTTCATTGAGTGGGTTTCATAGATTTACAGATCGGAAG
AL392	53:A>T	Krm4	4727951	TGCAGCAGTTGCCAAGAAAGCACATAAAGAAGGCAGCTCTTTGAAGGTAAAACACATACTTGTGCTTAT
AL393	20:C>T	Krm4	4814665	TGCAGGTTTTTTTTGTCTTCGCTAGGGTTATTCTTCATTCAAAGAGAAGGAATAAGATGGTATGTTAA
AL394	8:A>T	Krm4	5356640	TGCAGTTCATAGGGATAAGTTGATACATAATGATTCCCTTTGTTCTTTAGTTTTCTATCTAGTTTTTA
AL395	14:G>T	Krm4	5838514	TGCAGGTGTGTCATGTTCTTCTGTATGAATGTTCAAATGGTCTTTTTACTCCCTGGCTGAGGGTGGTAT
AL396	56:T>C	Krm4	5838514	TGCAGGTGTGTCATTTTCTTCTGTATGAATGTTCAAATGGTCTTTTTACTCCCTGGTTGAGGGTGGTAT
AL397	59:G>A	Krm4	6160850	TGCAGTCACAACCCAACAGGGAACATAAATGGTATTTGATGCAATCGGTCTTGCATCGTGTCTTTGGA
AL398	17:G>C	Krm4	6337582	TGCAGGCATTATCTGGTGAAGTGTCCACTTATCAATCTTTGAATCGTAAACTTCAGTGGGGAGTGACCT
AL399	28:A>G	Krm4	7352449	TGCAGTTTATAAAAATGCGAACAAGGTCAGATATAGAGTCTATATTATAGCCAAGCAGAAAATAGCACA
AL400	64:C>A	Krm4	7684538	TGCAGGCTGTTCTCTTATGTGGGATTTGTCATCCAAAGAACCAAGTTCAGCCACAAACTGGTTACAGAT
AL401	68:T>A	Krm4	7684538	TGCAGGCTGTTCTCTTATGTGGGATTTGTCATCCAAAGAACCAAGTTCAGCCACAAACTGGTTACAGAT
AL402	32:C>T	Krm4	7687750	TGCAGAACGTAGAACCCTTGCTGCTCCAGCACCCCTGCATAAAGGCTAGCATGGTGCCTGATGTCGACC
AL403	15:T>G	Krm4	8025677	TGCAGATTTTCAGACCTGAAATCATGAATTATCATATATACAATTATAATGGCTCTTTGTAATAATTAG
AL404	32:G>A	Krm4	9765180	TGCAGCAATGATGTGAATTTGAAAAATCACTAGAAATAGTAAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCG
AL405	23:G>A	Krm4	11710318	TGCAGCCAAACTACCCTATTCTGCAACCAACCACTCTTATCCCTGCACCCAAGCACCACCCCTCAGCA
AL406	5:T>A	Krm4	12108969	TGCAGTAACCCCTTTCAAATCAATTTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL407	6:A>C	Krm4	17345388	TGCAGCAAAATCTGATTAGCTAAAAGCAATAAGGGATAAAAATAGAGCAACCATGACAATAGAGGATTAA
AL408	43:T>G	Krm4	19236496	TGCAGCAGTTCCAACCTTCCAACATATAAATATTCAATTATTGCATAGTAATCAATGCCTGGAAATTACAA
AL409	42:G>A	Krm4	27048333	TGCAGTGGGGTTACTCTGCAGCTTTGAGCATTGCGGAGCCAGCGCAGCTCCGAGTTTCATTTTTAC
AL410	38:T>C	Krm4	33120155	TGCAGAACCCAACATAATATCAAAAATTGAGTCAAAATTTTGATATATTTTGGCTGGGTTCTCTTCTGA
AL411	44:C>T	Krm4	33494210	TGCAGGGCATTAAATGAGGCCAAAATGAATTCTCAACTAGCTCTCACAAATCAGTTTCTTGTGCTTACA
AL412	7:T>C	Krm4	38557908	TGCAGTTTCTCATCTTCCAAACACCAAAGTCTTTTCAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGG
AL413	16:G>T	Krm4	38945529	TGCAGTAGTACTGCTGGCTAAATAATGGATTCAGTTCCCTTATTAGTGTGAAATTGCAGTGTCTCTTC
AL414	8:A>T	Krm4	39045146	TGCAGCGGAAGCAGACACTCTCCAGGTACCTGTTATTGATCAACTTTTCTACATATAACCTTTTTATT
AL415	51:T>A	Krm4	40282639	TGCAGCTCATGTTCTGGAGACGATGCATCTTCTTGGACATCCTTCAGGCTCCTGATCCCTCTATATT
AL416	67:C>T	Krm4	40282705	TGCAGTATCTCCCCATCCTCTCTCAAACCCATTCTTGTAACTGCATTCATAAAACAAGGAAAAACA
AL417	54:A>G	Krm4	40691242	TGCAGCAAAATCTACCTGATTGCGATACATAAGCATAGGCTGATGCTCACTTCTATTACAGATCGGAA
AL418	10:A>G	Krm4	41728800	TGCAGCTATCACAGAAACTGAGGTTCCGGTCCGACCGGGGAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAG
AL419	51:C>G	Krm4	45360136	TGCAGGAGACGAGGATACGGTGCCTGCGCTGCGGAGCAATGGTCTTTTGTACACGTGGCTCTTCCC

Ek 1.Devam

AL420	12:A>G	Krm4	45571960	TGCAGGTGCCAAAGGCTCATGTCAAGCAGCATCAACCTCAACACAACCTCATCGGATGTAACCTTCTCTTT
AL421	53:G>T	Krm4	45571960	TGCAGGTGCCAAAGGCTCATGTCAAGCAGCATCAACCTCAACACAACCTCATCGGATGTAACCTTCTCTTT
AL422	65:C>A	Krm4	45641996	TGCAGCATCTTAATGATAGCATTATTTAGCTCCCCAGTGCCCCACTTGACAGGCACCTTGAATTACAGA
AL423	39:T>C	Krm4	47016299	TGCAGATTGGGGTTGGTGGTGAAGGAAGAGGAGGGACTTTGAGGGAGAGTAAGGCAGGAAGGACAGAT
AL424	62:A>C	Krm4	47426403	TGCAGTGGAGCATTTCTACTATCTTCGGGTGGAGGATGCTTGTATATATCTTGGATTTTATAACATCCA
AL425	9:G>A	Krm4	47426403	TGCAGTGGAGAATTTCTACTATCTTCGGGTGGAGGATGCTTGTATATATCTTGGATTTTATAACATCCA
AL426	68:A>T	Krm4	47679583	TGCAGAGCCCTGAGATTGCTTATAGTCTAGTTACTTGTGATGAAAACTCATCTAATAGAACATACTTA
AL427	40:G>A	Krm4	47682484	TGCAGTTATGGCAATATGGCCCTTTTCTACCATGGCCTGAGCCAGACAGAGCTAGCACTACGACACATG
AL428	66:C>T	Krm4	48990514	TGCAGTCTGGAGAGACTAATGACTTGTGTAGTTTTTCTCTCAATATATTTAGCTTTCGTGTCAAGTCCG
AL429	35:G>A	Krm4	49553830	TGCAGGTAAACAACCTTTCACATCCTTCAGTGCCATGATGGTTTTTCTATCCATTTAGTTGCAAGGGTT
AL430	7:G>C	Krm4	50344624	TGCAGGTGTACCTGTTGTTCCCAGCCTTGAGCAACGGCCCAGCAGAAATGATGCTTGGAGTACACGTAT
AL431	30:G>A	Krm4	50344624	TGCAGGTGTACCTGTTGTTCCCAGCCTTGAGCAACGGCCCAGCAGAAATGATGCTTGGAGTACACGTAT
AL432	24:T>A	Krm4	50563809	TGCAGTTACAGATCCATTCAGATATATCATGTCTTTACTATGAACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL433	62:C>T	Krm4	50703600	TGCAGGCGGCTTTGCCATGCTTTCCTTGAATCATCACCATCACACTGCAATATTAGTGCATTCACATCT
AL434	65:C>A	Krm4	50705249	TGCAGAAGAACTATCACTAAAAGACTCACAGCTTTCCTCTCAATGGTGATAGAAGTACAAATTCAT
AL435	25:C>G	Krm4	51572170	TGCAGTTGTAGTGGACCTCAATTGTCATTTGCACAAGGGTCTGTCTTCTCAAGTAGACTTTATAAGAT
AL436	48:T>G	Krm4	51830020	TGCAGGTGAGCCTGTTGATAGGATATCGAAAAGGGAATTCCAACCTCCATATGGTGGAAGGGTGCAGCGA
AL437	35:C>G	Krm4	51835214	TGCAGCAAGCAGAAAAGGATAAAAAGGGACCAAAAAGCCCACAAAGCTTCAGAAAATTGCCAAAACATAAGG
AL438	10:A>G	Krm4	51835214	TGCAGCAAGCAGAAAAGGATAAAAAGGGACCAAAAAGCCCACAAAGCTTCAGAAAATTGCCAAAACATAAGG
AL439	10:A>G	Krm4	51863374	TGCAGTCATTAACAAGTGCTACAAGGAAAACATGGTTAGTCTCATAATTTTGGATAAGTTTACAGATCG
AL440	67:G>C	Krm4	51917560	TGCAGGGAGGTGCTGTGGGTGGAGCATGTCTAAGCTTCAATGGATGGGCAATGAAGAAGAGGGGACCGG
AL441	56:T>G	Krm4	51993030	TGCAGGAAGTTCAGTCACTCAATAGTGCTAATCAGGTTTCAATGCTGAGGCAATGGATTTACCGGGTTAC
AL442	31:A>C	Krm4	52330565	TGCAGTCGAGAGAAGCATCCGGTTTCCAATCAATGTGTGAAAAAGAAGGGAAAAAATCACCTGATGAT
AL443	53:G>A	Krm4	53244168	TGCAGTATGCTTTTCTGATATGTTTACTATGTCAAAATCCTTCAAAGATCTAATGCCATTTC
AL444	65:C>T	Krm4	53682898	TGCAGGACTATATTGCCAGCATTGATAATGCAGCACAAGGTGGATTGGATATAACGTAATTATACCAAC
AL445	17:A>C	Krm4	53682898	TGCAGGACTATATTGCCAGCATTGATAATGCAGCACAAGGTGGATTGGATATAACGTAATTATACCAAC
AL446	57:T>A	Krm4	54375919	TGCAGGGGCTCTATTTCCATCAACTGGATTTGTTTACCTCCATGGATTGCTGGAGCTGCCATGGCTGC
AL447	51:G>A	Krm4	54482534	TGCAGTTAAACCCTCCTAGAGTTGAAATTGTTAGTATATATGTTTCCACTCGCAGAAAACCAAAATCCT
AL448	64:A>C	Krm4	54574931	TGCAGCAAGTGCAGCTCCAATGAAGGTCCAACCCAGAACACCCACTGTAAAAACAAAACAAAAACAC
AL449	18:C>T	Krm4	54593151	TGCAGTTCTCTGGCCATTCTCATAATCAGAAGTCAATGGGCTAAGTAGACGGGAATCAGATGGATCATC
AL450	42:T>A	Krm4	54593151	TGCAGTTCTCTGGCCATTCTCATAATCAGAAGTCAATGGGCTAAGTAGACGGGAATCAGACGGATCATC
AL451	7:C>T	Krm4	54640369	TGCAGAGCCATCTGTGGATGATTCTTTCAGAAGACAAGTGTGTTGTAGGTCCTCGCTTCAAGCTGAAGT
AL452	61:T>C	Krm4	54654716	TGCAGAAGTGGAGGGTGGAGAAGCAGGTTTTGATAAAATCTAGGTGCTCGGTTTCAGCAGCCTCTACTGC
AL453	44:C>A	Krm4	54800237	TGCAGCTATCCTACGTCAAATGTGATTTGGAGGAAAATGGATTTTCTCATGTCCACGCGGGAAAGTAGCT
AL454	42:C>T	Krm4	54817701	TGCAGGGGATATAAACGGTTTTTTAGAAAGAACTTCTCTCGAGCAGTCAGACTACCTCAAAAACGATTGC

Ek 1.Devam

AL455	58:A>G	Krm4	54817701	TGCAGGGGATATAAACGGTTTTTTAGAAAGAACTCTTCTCGAGTAGTCAGACTACCTCAAAAACGATTGC
AL456	31:C>T	Krm4	54817701	TGCAGGGGATATAAACGGTTTTTTAGAAAGAACTCTTCTCGAGCAGTCAGACTACCTCAAAAACGATTGC
AL457	30:G>A	Krm4	55079542	TGCAGACTAAGCAGACCCCAACTTCAGGTTGCGAGCACTATCAATATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL458	27:C>A	Krm4	55129086	TGCAGATACAAGAAATCTGAATCCTATCGACCGAATAAGATATTATGATAGAAAAGTAAGATGCTAATC
AL459	31:C>T	Krm4	55129086	TGCAGATACAAGAAATCTGAATCCTATAGACCGAATAAGATATTATGATAGAAAAGTAAGATGCTAATC
AL460	37:C>T	Krm4	55150316	TGCAGATACGAGCTTCTAAACAACATGATTGTGTTTTCTTCCCCCTCAATTCCTTTTCAATGTAAGTA
AL461	55:G>A	Krm4	55416054	TGCAGGTTCCCATGTATGGGTTGAAGACCAAGAATTGGCTTGGGTTGATGGGGTTGTAAGTGTGTTAA
AL462	49:A>G	Krm4	55472120	TGCAGCCAAAATTTTGACATCTAGGGTTAGTTTAGCAATGCTAAGAAGTATTTTGAGATAAAAAACAC
AL463	19:C>T	Krm4	55672873	TGCAGTGGATTAACAGAGCTCGTCTTGATGGGAACCAATTTACAGGTAGCATTACGAATGCATTTGGA
AL464	56:A>C	Krm4	55675245	TGCAGATGAAGGATCTAAGTTGCTTGTACTTGAGCTGAAAAAAGATCAATGGAAACATGAGGAAATAGT
AL465	43:G>C	Krm4	56047673	TGCAGCTTGTGAACACAATAGTGCTGACAATCTTACTTTTTGATGGTGAAAATGAGTTGCCTGAAGG
AL466	14:C>A	Krm4	56047673	TGCAGCTTGTGAACCAATAGTGCTGACAATCTTACTTTTTGATGGTGAAAATGAGTTGCCTGAAGG
AL467	10:A>G	Krm4	56215908	TGCAGTGAGTATGATGTTGAAGGTGTTGAAGATGAGCCGAACCTCGATGTGCAAGAGCGCAAACCCAGG
AL468	59:G>C	Krm4	56263846	TGCAGAATAGCGCAACTGTATGTTGCGATGGTTGACAAAATAATCATAGACAGTAATCTGTAGATTCTC
AL469	48:A>G	Krm4	56263846	TGCAGAATAGCGCAACTGTATGTTGCGATGGTTGACAAAATAATCATAAACAGTAATCTCTAGATTCTC
AL470	58:A>G	Krm4	56544337	TGCAGTTTAGCTTTGTTCTCTGTTTGATGACTCAGGAAATGAAGAAAATGGCACTTGGAACTCTTTTCT
AL471	8:T>C	Krm4	56663591	TGCAGTTTAAAGGACCTGACGTGCAAATATAACCATTTTGAATTTTGAAGTGAATTGCTACTGTGCATG
AL472	48:A>T	Krm4	56924766	TGCAGAGTTTGCAGCACAAAAGTTGGAGAAGAACATCGTAGATGAAGTAGTTAGAAGAGGAGACAGGAG
AL473	36:A>T	Krm4	56944148	TGCAGCAGCATACTGTATTCTACCAAATTTTGAATTTTCACTCTTATCATTCTGACTTCTTATATG
AL474	17:A>G	Krm4	57721066	TGCAGCTGTCTTTGGGAAGAAATTTATTGCAGTGGACATAACATTTTCGAAACACAGCTGGGCCGAGCAA
AL475	19:G>C	Krm4	58238189	TGCAGTACTCAACCAAAATGTTTCAGTAGAAATGTTTACATTTCCAATAGAACAACACTATTACAGATCGGA
AL476	31:G>T	Krm4	58651811	TGCAGAAGAAGCAATGCAATAACATGAGAATTTTCATATTTTGCCAAAGCAGAATTCTAGGACATTTAC
AL477	52:A>G	Krm4	58651811	TGCAGAAGAAGCAATGCAATAACATGAGAATTTTCATATTTTGCCAAAGCAGAATTCTAGGACATTTAC
AL478	15:A>G	Krm4	58652093	TGCAGCGCTAACCAGATCAGGACTGAAATTACAAACAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACGAGGAA
AL479	32:G>A	Krm4	58652093	TGCAGCGCTAACCAGATCAGGACTGAAATTACGAACAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACGAGGAA
AL480	42:C>G	Krm4	59599945	TGCAGGTAAGAACATTAGGTGCAATTTTGATTCAATAGCACTCCGGAAATATCTTCGATCTCTTATGAC
AL481	48:A>T	Krm4	59648280	TGCAGGTTTGGTATCTTTATCAAAGAGCCTGCACTTAGACTGTGTTCTAGTGCTTTCATGGTAAACTTT
AL482	17:C>T	Krm4	59732250	TGCAGACCAAGCTTCTGCGGCACACTAGCCTTAGCCTTCTCTCTGCACTTAGAGGTTTACAGATCGGA
AL483	26:T>C	Krm4	59951770	TGCAGCAGAAGGACAAGCTATCCCATTGCTTGAGAATCAGTTGAGACCAATTGATCGATATGCAATCCG
AL484	34:A>G	Krm4	59972638	TGCAGTTAGTATCCAGCAAGAATAGAGCAGTTTCATTTTCATATGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACG
AL485	36:T>G	Krm4	60036226	TGCAGTTGATTTGCCACCGGAAGAATCAACTGCGCCTTACCATTCAATCACTTTGCCAGAGACTTTTGA
AL486	32:T>G	Krm4	60046965	TGCAGCTACTGCTAGTCTACTATTTCATGCATTTGAGGATAGTTTCATAGATGAGAGTTACAGATCGGAAG
AL487	43:C>T	Krm4	60046965	TGCAGCTACTGCTAGTCTACTATTTCATGCATTTGAGGATAGTTTCATAGATGAGAGTTACAGATCGGAAG
AL488	39:C>T	Krm4	60049981	TGCAGAGTCATCGGCTATTATGTTTGGTGCTTCAGATTGCGGAGATGTAGGAAGTAGTCCAGCTGGGGT
AL489	28:C>T	Krm4	60090425	TGCAGCACCTAATGGAAAAATCCCCTACACCTAGAACTATCTGATCAATAACTATTACAGATCGGAAG

Ek 1. Devam

AL490	13:C>T	Krm4	60129154	TGCAGCCATCCATCAGAACTACATGGTCCACTGACATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC
AL491	64:T>G	Krm4	60134469	TGCAGGGTCAAAGACAGTAACCTGCATATTGGACGACAGCCAACAATCCATTACAAAAATATTTTACAG
AL492	21:A>G	Krm4	60261692	TGCAGATTTCCCAGCCCCCTAAGCAATTTTTCAACAAAAAAAAAAGAGATGAAAGAAAAATAGTCAGGG
AL493	34:C>G	Krm4	60388677	TGCAGGTCGTTGCATAGAAGAGTAATACCATCAGCCAGTATCATATCTGTGTAAGGATCTGCATAAAAT
AL494	34:C>T	Krm4	60420350	TGCAGAAGCTAGGCAGGCAAATTTGAGCTGCCACGCATGCCGCCTTGGTTTGTATGTCGGGGGTCA
AL495	28:C>T	Krm4	60420350	TGCAGAAGCTAGGCAGGCAAATTTGAGCTGCCACGCATGCCGCCTTGGTTTGTATGTCGGGGGTCA
AL496	60:G>C	Krm4	60482295	TGCAGCCGTGTCTTGAATCTCCGGCGACGAAACGTAGGGAGAGTAAGGTGGCGTGGGATGAAATTGGT
AL497	21:C>A	Krm4	60864785	TGCAGAGCTATGTCTTGACCGCGCTGTGGTCTCGAATTGCTCCGTGAGCCACCCCCGGAGCTTCTAAT
AL498	45:C>T	Krm4	60864785	TGCAGAGCTATGTCTTGACCGAGCTGTGGTCTCGAATTGCTCCGCGAGCCACCCCCGGAGCTTCTAAT
AL499	56:C>A	Krm4	60864785	TGCAGAGCTATGTCTTGACCGAGCTGTGGTCTCGAATTGCTCCGTGAGCCACCCCCGGAGCTTCTAAT
AL500	34:A>C	Krm4	60999703	TGCAGGGCTATTTCCACCACCTTTCGCATAATATAATGTGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL501	24:A>C	Krm4	61343349	TGCAGCAAGATTTATCTGTATCTAAGAGTGAAGTAACAAGGGTAGAGTCAAATATGCTTGATGCTTTGG
AL502	18:A>G	Krm4	61344101	TGCAGAAGCTAGCTCCTCACGTAGGGCCTAGAAAAGAAGCATACTAATAGATTACCAGCTTATAATGAA
AL503	13:G>A	Krm4	61390317	TGCAGTTTCAATCGTTTTACAACACACAAATTAGATACACATTTACAATAAGATGAATGATTGATCCT
AL504	53:C>T	Krm4	61461315	TGCAGAGGTTGAAAAGGCCAAGGAGTATGCCAAAGGGAGAAATAAGAAAGGTACGATTGCAATATATAT
AL505	23:G>A	Krm4	61566923	TGCAGGAGGCGGGCGGTGGCTTCAGTGGCTGCGGAGCCGGAGACTCACTTCCATCGTACTTACAGATCGG
AL506	55:C>A	Krm5	223454	TGCAGCAAAGGAAACCAAAGAATGGCTTTCTGATCCACCAACAAAACCATCTCAACAAATGGGCCATCA
AL507	19:G>A	Krm5	247291	TGCAGACAACCAATTGAGTGGTGTGAGCATTGAAAACCTACAGCTTATGCAGTTGAGCAACAATGCAGA
AL508	6:A>G	Krm5	421588	TGCAGGATTAGCCGTTTTGAACGTAATCGAAAAAGAAAAGCTTCAAGACAATGCCTTCGTCGTAGGATC
AL509	15:A>G	Krm5	427434	TGCAGCAGAGCAATCAAAAACATATATAGAAGGTGTTTTAGCCAAGAATCAACATCGCTGATAGGCAA
AL510	36:T>C	Krm5	639520	TGCAGAGATGCTTTTGATTCTTGAGCCAGAGAAATCTGGTACCCATGTTCTTCTTGCTAACATATATGC
AL511	7:C>A	Krm5	870249	TGCAGGGCCTAATCGAATGCACCCGAAATATATCGATACCGTCGATCTGTATACACACAACACACAATC
AL512	31:T>C	Krm5	878369	TGCAGAAAAGGAAAATAAAAATAGAAGAAGCCTTCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCC
AL513	9:A>C	Krm5	984360	TGCAGAGGCAAAAAGAGAAGTACAACAGAAAAAATGTGAGCTTCAGTGTCTTCAGCAGTATTTCTCAG
AL514	14:G>C	Krm5	1047163	TGCAGAAGTAAATAGAATATCAAACATGTTTCATGCATTGTTACTATAAGTGAATAATTGACTAGGGATT
AL515	35:C>T	Krm5	1130442	TGCAGAACTTGGAAAATAGAAGCTGATATGGCCTGCATGACATGTTTCAATTTACAGATCGGAAGAGCG
AL516	15:A>G	Krm5	1151321	TGCAGCGAGCTTACCACAGCAAACTGCTTCATCTTCAAGGCCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL517	7:G>A	Krm5	1151321	TGCAGCGGGCTTACCACAGCAAACTGCTTCATCTTCAAGGCCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL518	14:T>C	Krm5	1521741	TGCAGTAAGTGTGGTGAGCCCTATTTAGATTTGGCTTTGGAATGTACTGGATGCAACTTCATTGTCCAT
AL519	39:C>T	Krm5	1533252	TGCAGAATGATAAACTATCCTGTGCAATCCCAAAGATAGCGGTTACATGTTTCGTTGCTTTACAGATCG
AL520	19:C>T	Krm5	1533252	TGCAGAATGATAAACTATCCTGTGCAATCCCAAAGATAGCGGTTACATGTTTCGTTGCTTTACAGATCG
AL521	45:A>G	Krm5	1533312	TGCAGATGAGTATGCATTTTATTGAGAAATAATCAATTTGAAAAACGTAATAGACAACCTTCATAAAAC
AL522	64:A>T	Krm5	1533312	TGCAGATGAGTATGCATTTTATTGAGAAATAATCAATTTGAAAAACGTTAAATAGACAACCTTCATAAAAC
AL523	50:T>C	Krm5	1550572	TGCAGCATATTGTAGTACATATAATGCCCTTATTCAGAGCCTTTCACCTGTGCGTAAGGTTACAGATCG
AL524	34:C>G	Krm5	1550572	TGCAGCATATTGTAGTACATATAATGCCCTTATTCAGAGCCTTTCACCTGTGCGTAAGGTTACAGATCG



Ek 1. Devam

AL525	35:C>T	Krm5	2802480	TGCAGAAGTGATGAAGAACACATAGCTTTTGTGGTCAAAAACCTGCTTTTGGCTTTTGCATTTAGAAGTG
AL526	13:A>G	Krm5	2802480	TGCAGAAGTGATGAAGAACACATAGCTTTTGTGGTCAAAAACCTGCTTTTGGCTTTTGCATTTAGAAGTG
AL527	16:T>C	Krm5	2884977	TGCAGCAGCATTGGGTTTTACAAGGTGAAAACCCACATTGCAAAAAAATATCAAAGTTTCAGATCTATC
AL528	12:G>T	Krm5	2884977	TGCAGCAGCATTGGGTTTTACAAGGTGAAAACCCACATTGCAAAAAAATATCAAAGTTTCAGATCTATC
AL529	31:T>C	Krm5	2891177	TGCAGAAGTGACGAAGAACACATAGCTTTTGTAGTCAAAAACCTACTGCTTTTGGCTTTTGCATTTCGA
AL530	9:G>A	Krm5	2908485	TGCAGCTGGGAGAACAACATGAAGCTCCAATTACCAGCTTGAGATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL531	29:A>G	Krm5	2918280	TGCAGTCACCATTA AAAAGTGATGCCAAGAAAGTTTAGGTTTGAATCTCGGCATCTGTCCTCAGACTAT
AL532	11:C>T	Krm5	3763880	TGCAGCAAGATCCC GTTTCCTGGGCGGCAGGCAATAATCTAGCAGGCTGTGCTGTGCCATTGACCGAAT
AL533	13:C>A	Krm5	3807623	TGCAGACATATATCGGGTCCAAACCAAAAAGCCGACCGACTTTGAATATCTGCCGCTGAATCTCCGCCG
AL534	40:T>C	Krm5	4137608	TGCAGTTGCATTCTTCAGGCTTTTCTAATGTTTGGCTACCTTTCTCTCCCCTTTCCCCTTCCTCTTCC
AL535	23:C>T	Krm5	4280642	TGCAGGCCTCTCTATTTTACCCCCAACATCTTCAGAGTAATCACCATGAACCTATAAATTACAGATCG
AL536	56:T>C	Krm5	5243012	TGCAGTTACCTGTAAAACAAGAAGGCCATCATCTGCTAACACTGATTACACAGCAACTGAAGAAGTCCCTC
AL537	13:G>A	Krm5	5383468	TGCAGGTGTATCAGACGTCGTATACATGGTAGTAACATCGATGGCCATGGCAATGGAAACGCTCCGGGA
AL538	9:T>C	Krm5	5780952	TGCAGTTAGTCTCATGCTCTTGTCTTCCCCACAGCCCTGTAAATGTAGCACAGGTTACTAATCACGTC
AL539	25:G>A	Krm5	5840630	TGCAGATCCCACAATCATCACAATGGAAGTGCCTTTTCTCAGTCTGCGTTACATATAACAAAGATCAAT
AL540	53:C>T	Krm5	5847550	TGCAGGTCCGTGACAGGTAACAGCATCATGGACCATTTGAACTATTATGGTGTGATTACAGATCGGA
AL541	20:C>T	Krm5	5847550	TGCAGGTCCGTGACAGGTAACAGCATCATGGACCATTTGAACTATTATGGTGTGATTACAGATCGGA
AL542	25:C>G	Krm5	5848124	TGCAGCCTGATTA AACGTAGAACATCATGGATAAGTTTGTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGAGGAA
AL543	21:C>T	Krm5	6658071	TGCAGTCTTATGTTTTGTGTACTTATCCTGGATTTCTGTTTTGCCTTTGTTTTACCACCTTGCCCATGT
AL544	35:G>A	Krm5	7036240	TGCAGGTCAGTTCATATCTCTCTGTCTCGTTTGGGCCCTAGAATTTTGTCTTACTTTTTGCTACTTCA
AL545	28:C>T	Krm5	7038900	TGCAGACTATGACTGAGAGTGGCATTGCCGATCAGATGCGGCTGACAGA ACTAATATTGAATGATGTAT
AL546	6:C>T	Krm5	7038900	TGCAGACTATGACTGAGAGTGGCATTGCCGATCAGATGCGGCTGACAGA ACTAATATTGAATGATGTAT
AL547	48:T>A	Krm5	7038900	TGCAGACTGTGACTGAGAGTGGCATTGCTGATCAGATGCGGCTGACAGTACTAATATTGAATGATGTAT
AL548	43:A>T	Krm5	7041437	TGCAGATGGTGCAGCAGCTTCAACTATTTAGGTAGGCTTTTCTACAAGTTAGACATCTGGTATTAGCAT
AL549	50:G>A	Krm5	7041437	TGCAGATGGTGCAGCAGCTTCAACTATTTAGGTAGGCTTTTCTACAAGTTGGACATCTGGTATTAGCAT
AL550	34:G>C	Krm5	7089436	TGCAGCCAAGAAAGAACTCAAGAGGGAGGTCCAGATATGGTTAGAAAACGTTTAAAGAATCAATGGCG
AL551	41:T>C	Krm5	7425920	TGCAGCAGCTGCGTCAAATAGAGGGAAAATTGAGGTAAGCGTATCCTTACC ACTGTTAGCAAAAAAAT
AL552	29:T>C	Krm5	8801020	TGCAGTAGGTTAACTTTGAAAAATCACCATAAATTGTGTAAATTGAATTAGAGGATGAATAAAATATGG
AL553	41:T>A	Krm5	8972769	TGCAGAGCTGTAATGATTTCCACGAACAACAAGCTACAAGCTTGCTGAACCAGATGATTCAATCATCTC
AL554	49:C>G	Krm5	9127714	TGCAGGGAGAGCTTGAGAGGACTCGCATCAATACAGCATGTTTCGTGGACTCACTCCC CATGGAATCTG
AL555	53:A>G	Krm5	9853291	TGCAGATATTGAACACCAAGACTATGAGTTGCAAACCTCATCAAAAAGACTTTACAGTAGGTATTCACA
AL556	37:A>C	Krm5	10278824	TGCAGATTGCAGATTGCAGATTATGAATCTGTTTCTAACAATCACTAGTTTCTTCAAATTTTACAGATC
AL557	31:G>A	Krm5	10615280	TGCAGCTATGCATTTGTTGCAGAGATCGATAGGTATACCTTCTCTGCTTCAGATCTTCGTGGTTTTGAG
AL558	24:A>G	Krm5	10615280	TGCAGCTATGCATTTGTTGCAGAGATCGATAGGTATACCTTCTCTGCTTCAGATCTTCGTGGTTTTGAG
AL559	12:G>A	Krm5	10736058	TGCAGCCTTGGCGTGAGTCCATGCTCATCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGAC

Ek 1. Devam

AL560	12:T>C	Krm5	11140137	TGCAGATTTGCCTAAGAATCCTTGACTGAAACAACCCACAGGGAAGCTTTTGGAAATATCTTCCATTTT
AL561	26:A>C	Krm5	11250152	TGCAGGTTTTAGAGTATTTGGCAGGCAGGGGAATTTCTTACACAGGAGCATATTACAGATCGGAAGAGCG
AL562	34:C>A	Krm5	11703916	TGCAGTATAGTATAAAACAAACTTCTATTGCCTGCCAAGGATGGAAGATGCTAACTCAAGCCTTACAACA
AL563	30:G>A	Krm5	14325497	TGCAGGTGAGGGACATTTGGATGTCCGTATGGGCTCAATTTGGAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL564	55:A>T	Krm5	14659151	TGCAGTTTCTATGTGAAAATGGAAGAGTTCATAAATTTGCAAATAGCTTTTGTTCACCTGCTTTCGTGT
AL565	16:T>G	Krm5	14762588	TGCAGCGCTGGGAGCTTGATGCTGATCTAGAAACCTTAGGGATTTCTGAAAACCTGCTTCGAGCTTCAAT
AL566	66:T>A	Krm5	21596315	TGCAGATTTCCATACTTATTCAATCCTTTGGAACCCCAACGTATAATGTGAGTATTCATTAATACTAG
AL567	33:C>T	Krm5	21596315	TGCAGATTTCCATACTTATTCAATCCTTTGGAACCCCAACGTATAATGTGAGTATTCATTAACAAATT
AL568	63:T>A	Krm5	21596315	TGCAGATTTCCATACTTATTCAATCCTTTGGAACCCCAACGTATAATGTGAGTATTCATTAATTACAA
AL569	35:G>A	Krm5	30039219	TGCAGCAACCCTCTCAAAGCCTCCCATGCCCTCCGACGGTTGGACTTCTCACCGCCGCACATCTGTCC
AL570	14:T>C	Krm5	34986257	TGCAGATGGTACTCTATATGTCTCAATAAAAAAATGGCACAAATGACATTTTGGAGTCAAACCTTCTTAA
AL571	29:G>A	Krm5	36329866	TGCAGAATGGATCCAAGGCCTCCCAATAGGCAATTGTAAGATGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL572	41:G>A	Krm5	39919579	TGCAGATCAACCATTTTGGAACTTCAACGAGACGAGAGTGATGGCTGTTCCCTCCCTGTCAGGATTAA
AL573	15:C>T	Krm5	41661520	TGCAGGCGTCCACATCGAGGATCAGTCATCGGTAACCAAAAAAATGTGGTCCATGGCTGGTAAAGTACT
AL574	37:T>G	Krm5	41664702	TGCAGGTTGCAACACATCAACTTGCTCGCTCAACTCCTACCTTGATCCTTTTAGATAACATTAGATAG
AL575	56:C>T	Krm5	42948418	TGCAGATGCAATGGCGCCTAAGAGCAGAAGCTACCAAATTTCTGCAACCCCTGTTACAGTATTTGGACA
AL576	30:C>T	Krm5	45719101	TGCAGAAAAGTCTACGGCCAGATGTACAGCACCTTTTATCCCACTTGAAACCTGACGTTACAGATCGGAA
AL577	13:C>T	Krm5	45719101	TGCAGAAAAGTCTACGGCCAGATGTACAGCATCTTTTATCCCACTTGAAACCTGACGTTACAGATCGGAA
AL578	40:C>T	Krm5	45719101	TGCAGAAAAGTCTACGGCCAGATGTACAGCATCTTTTATCCCACTTGAAACCTGACGTTACAGATCGGAA
AL579	65:G>A	Krm5	50182032	TGCAGGTAAGCTCAATTCTTGATTATTTCTTGAAAATTTTATGTTTTTGTGACTTTTACAAGTAGGCC
AL580	22:A>G	Krm5	51585321	TGCAGGAAGAGCTGTAGAGCAAAAGTCTTAGCTCAGGTATGTTTGCTAAGATGATACAGGTCTTTTAC
AL581	21:A>G	Krm5	51694464	TGCAGGCCAAGACAAAACCTTATTTTTCCAAGATCTTTCATCTCAAATTTTTCTTTACAGATCGGAAG
AL582	67:A>C	Krm5	52822460	TGCAGGTATTATGAATTTGTAAGGTGTTCTGAAAAGGGTATTTTACCAATAAAAAGCCCTTTTTTTTAC
AL583	47:A>G	Krm5	52822526	TGCAGGAACTAATCTGCCTAACGATCTCAAAGTCATCTTTTATGTAAGAAGCGGCCTCTGATATTACA
AL584	67:C>A	Krm5	53484235	TGCAGTTGTTAAAGGGCAATTGAAGTCCTAATGAGTAATGACATAAAAATTTGGAATGTTGAAGATTACA
AL585	66:A>G	Krm5	54745150	TGCAGTGACAGTCATAAGAGAACAGTCATCAGGAAAAAAAAAAGGAAAGGGCGTGCTATACAATGCACA
AL586	7:C>T	Krm5	56798376	TGCAGTACAAGGTGGAAGGTAGCGGGCATTTTTGGCAGAGAAGGGTTGGTGGGTCAAAAAAAGACACTT
AL587	43:T>G	Krm5	57930144	TGCAGCTGGAATTTCTAATGGAGAGAAGAATGAAGAGAAAGCTTTATGGCGTGAACCTATTACAGATCGG
AL588	45:A>T	Krm5	57930144	TGCAGCTGGAATTTCTAATGGAGAGAAGAATGAAGAGAAAGCTGTATGGCGTGAACCTATTACAGATCGG
AL589	65:C>A	Krm5	58221803	TGCAGTTCCTTAATATTTTTATGCAATCTTCATCACCCCAATCATGCAATACCCACTGCAAATTACAGA
AL590	22:T>A	Krm5	58565693	TGCAGCATCAAGGTTCCGGTCATTGATTTGTTAGTTTCGCAGCTTTATGAAGTTACAGATCGGAAGAGCG
AL591	15:C>T	Krm5	58565693	TGCAGCATCAAGGTTCCGGTCATAGATTTGTTAGTTTCGCAGCTTTATGAAGTTACAGATCGGAAGAGCG
AL592	16:G>A	Krm5	58942805	TGCAGAGCCCAGGGCTGTTGCAATATCTGATTGTTTCTCTGTGCTGACTCTAGTGACTGGTTTTCTGG
AL593	45:C>T	Krm5	58950178	TGCAGCATCATGCCGACACTTGTACGTACATGGATGATTCCGAACTCATCCCTCAACCTTCAAAACAA
AL594	8:T>C	Krm5	59689601	TGCAGCACTTAATTTGTACACATGAACAAATTGGCCTTGGTTCAGTGACATTATCAAGGTAGGAACTA

Ek 1. Devam

AL595	57:A>T	Krm5	59726778	TGCAGCTGTAGCGATCTAGATTCTAGACCCTTCTATGTAACATCATATGAGAAGAACAATAGATGCTTAC
AL596	68:C>A	Krm5	59726778	TGCAGCTGTAGCGATCTAGATTCTAGACCCTTCTATGTAACATCATATGAGAAGAACAATAGATGCTTAC
AL597	53:A>G	Krm5	59726778	TGCAGCTGTAGCGATCTAGATTCTAGACCCTTCTATGTAACATCATATGAGAAGAACAATAGATGCTTAC
AL598	7:C>T	Krm5	60346371	TGCAGATCATCTACTTCTCCAAGTTCTTTAGTAATCCATGTGAAAACTGTCAACTTTCTCAAGTTT
AL599	13:T>G	Krm5	60395520	TGCAGAAGAGGAGTCGGACCCACGGTTTATACCGACGAGGAAAAACATCGAGGATTCATTGAGATGGTT
AL600	62:G>A	Krm5	60395520	TGCAGAAGAGGAGGCGGACCCACGGTTTATACCGACGAGGAAAAACATCGAGGATTCATTGAGATGGTT
AL601	17:A>G	Krm5	60806980	TGCAGTCCATGATATGGACTGGTGACCGCTCTGTGCGATGCCTTTTCCTGACTGTTGATTGCGTCTTCA
AL602	49:A>G	Krm5	60806980	TGCAGTCCATGACATGGACTGGTGACCGATCTGTGCGATGCCTTTTCCTGACTGTTGATTGCGCCTTCA
AL603	68:A>G	Krm5	61525753	TGCAGGGAGTGCTAGGGATTGGAATGTGAGTGAGATCAGAAGATAGGGAAGGCAAGTGATCACAGTGCA
AL604	5:A>G	Krm5	61896303	TGCAGATTCTCCATTCTTACAACCTTTTATCATCCCCCTTCAACAAGGCGACAAACATGTATTTAA
AL605	27:G>A	Krm5	61900076	TGCAGGGTGGTGGGATGGGGATAGTTGGTTTAGGCTCACCCGCAAGCCAGATATCTTCTGATGTGGTTT
AL606	40:G>C	Krm5	61995952	TGCAGACTTCCATCAAGATGTGGACTATTGTCTTGCATTGACCCCTGGACGGTGATGGTGAAGAAATA
AL607	49:A>G	Krm5	62277050	TGCAGCATTCTTATATTTAGGCAAATCCTCTCGAGCGAGCAAGCCTCTGACATGGAAAAACAATATCA
AL608	57:G>C	Krm5	62422851	TGCAGTAATCTTGTAATCCATTTTGACGGCCATCGTCTTCTGAAGACAGAAGCTGGTCAAGCTCCCT
AL609	9:C>T	Krm5	62581036	TGCAGTTTCCGAAAATTGACTTCCCTCTTGACGGTCTATTTAGCAAGCAATTCTTCATGTCTCATCAA
AL610	42:G>A	Krm5	62581036	TGCAGTTTCTGAAAATTGACTTCCCTCTTGACGGTCTATTTAGCAAGCAATTCTTCATGTCTCATCAA
AL611	38:T>C	Krm5	62599975	TGCAGAAGCCATGATAGGTTGATTCAAGTAAGCCAAATTGAAAGGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL612	46:G>A	Krm5	62637686	TGCAGAGCTTTTTGTTGCCTTAGCTGTTGCTCCACGTAACGCAGACGAGTAATCCGTACTCCTTTACCG
AL613	8:A>G	Krm5	62992710	TGCAGCACATATGCTTGCTGTAACAGCAAGGTTGTTTAGTTACTTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTT
AL614	30:T>C	Krm5	63281780	TGCAGCAAAAATCGAATCATTGCAAGTAAATGAGGTATAAATACGGATGAATGGGAACCACTGTATGAT
AL615	31:G>A	Krm5	63281780	TGCAGCAAAAATCGAATCATTGCAAGTAAATGAGGTATAAATACGGATGAATGGGAACCACTGTATGAT
AL616	21:T>C	Krm5	63361469	TGCAGCTCTAGCTGCCGCTCCTAAGAAGTCCAATGTCCGATATGTGATTTATATCAAGGCTGGAATCTA
AL617	64:C>T	Krm5	63417082	TGCAGGGCAACCTACTTCCCTCATTGAAGCAATATCCCCATGCATATCGACCACCGGGTGCACCGCCCCA
AL618	64:C>G	Krm5	63533898	TGCAGAGCAATTAAGTTAGAAGATGATAATTGATCACATTGTCAGAAGCTAACAAACCAATATCAAGA
AL619	21:T>C	Krm5	63963756	TGCAGTTTGGGGAGGTGCCAATACCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL620	11:A>G	Krm6	718469	TGCAGTTCTCCATGCTTGTTGACTGCTTGCAGGGTCGATGTAGGAATGTCTTACTTTGATCATATTA
AL621	5:G>A	Krm6	1492765	TGCAGGTAATCCCGCAGATATGATGACCAAGGTGGTAACAGTAACCAAGTTTGAACATTGTTTGAAGTT
AL622	12:A>G	Krm6	3146080	TGCAGTTGTGAAAAAGGCTCTGCATCAAATTGCATCTCGCCTTCATGAGAACCATTACAGATCTCAGCA
AL623	44:A>T	Krm6	3908529	TGCAGGCATTATTGAAAGATTGAATTTAGTTGGTTTGAAGTTGAATTTTCAATATTTACATTCATTATT
AL624	45:T>A	Krm6	4182520	TGCAGGAAAAGGGCAGATAAATCTGTGCCAGCAGACAATTCATCGTAAGTAGCAGCATAATCATATTCT
AL625	54:T>G	Krm6	6024201	TGCAGCAGGAACCTTCATGCTGAATTCTCATTAGTTGCCGAGGAGGTGAATCTCTTTACTTGTGAATAAT
AL626	22:G>A	Krm6	6409059	TGCAGCAAAAAGGGTAGTGGATTGAGGGCTTAGATTCTTCTATTGGACTGTAACAACCTGTTGATTGTAC
AL627	47:T>C	Krm6	6441403	TGCAGTCAAAATTCAGCCCTCTATTGCGCTCTCCTCTTGCTCGCCTTTGCTGCTTCAGATCGGTGGTT
AL628	23:G>A	Krm6	7470384	TGCAGGTTGCTTTCACCTTTGTGGTTTACCCCTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCC
AL629	20:G>A	Krm6	7649094	TGCAGTGTTTATTACAAAGTGCACAGGTAGGTTTCATGAAGTGAATGATATGAAGTTCTCATGTGATCAA

Ek 1. Devam

AL630	17:A>T	Krm6	11456815	TGCAGTTTTGCCTTTTTATTTCAATTGCATGCTAATTTTTTTTTTCGTGAATATTACCTTCTTTCCCTG
AL631	30:A>C	Krm6	11467667	TGCAGATTTTCAGCTGATCTTCTTGATGTCATCTGAGAATGACGCCAAACCTATAAGAGTTCCTATTT
AL632	68:C>T	Krm6	11467667	TGCAGATTTTCAGCTGATCTTCTTGATGTCCTCTGAGAATGACGCCAAACCTATAAGAGTTCCTATTC
AL633	39:A>C	Krm6	15075451	TGCAGTTGAGGCTGCTGAGCTAGTACATGCGGACTTGATAAGCCACTAACAGGCAGGGTATGCATGGAA
AL634	44:A>C	Krm6	16133412	TGCAGTAAGAAAAACAAGATAATAATATCATGGTCTTCAAGAACACCTCCTGCGAAAAATAAGTACTTC
AL635	19:A>G	Krm6	16210792	TGCAGTTGCTCATGCTGGAATGGACGCTGTACAAGAGCTCTACAAGAACAAGTAGTTACAGATCGGAA
AL636	17:G>A	Krm6	16210792	TGCAGTTGCTCATGCTGGAATGGACGCTGTACAAGAGCTCTACAAGAACAAGTAGTTACAGATCGGAA
AL637	26:T>G	Krm6	17313967	TGCAGTGGTATGCCTATTGCTGTGGTTGTTGACCTTGCAACTAGTTCTCTTTCCGGCCTTTTACAGA
AL638	29:A>C	Krm6	17417011	TGCAGCTGGGACATTACAGCAAACATGTTATGATCTGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL639	7:A>T	Krm6	17487529	TGCAGGCAGGATACCTCCCGGAATGCCAAAGTATTTGGTAAGATACGCACCAAGTTTGCAGATGGCAA
AL640	24:T>C	Krm6	21256377	TGCAGTGGTGCAACTTTGGAAATTTACCATAAATTGTGGAAATTGAATTAGGGGCTGCATAAAATATGA
AL641	57:A>C	Krm6	22572476	TGCAGCCGATTGGGCCATTCAAATTCAAAGCCTCATTAGGCTTTGCAGACCAAGATACGCAATGGTGG
AL642	33:A>T	Krm6	23211617	TGCAGTTGAACCCATATGGAGCCTTTAGCAAGAAAAAATAAAAATAAAAATACAACAATAGGTCAGTCTT
AL643	23:C>A	Krm6	23930511	TGCAGGTGTCAGTCAAGTCATCGCAGTCACTACTTCCATGAACTTGTTTCATCTTCTGCATTCCATATAT
AL644	28:A>T	Krm6	23930511	TGCAGGTGTCAGTCAAGTCATCGCAGTCACTACTTCCATGAACTTGTTTCATCTTCTGCATTCCATATAT
AL645	41:T>C	Krm6	23938258	TGCAGATGGAAGTTTCTTCCAAGATGACATCCTATAGCTGCTTGAAGTTGAATCAACACTTTTGGCAGT
AL646	9:G>A	Krm6	23938258	TGCAGATGGGAGTTTCTTCCAAGATGACATCCTATAGCTGCTTGAAGTTGAATCAACACTTTTGGCAGT
AL647	62:T>A	Krm6	25350849	TGCAGTCATGGTAGCGTTGAAATGCACTGACAGCAACCCGGAGATTTCGACCTAGCATTTTGGTAGTAGT
AL648	7:C>T	Krm6	28296171	TGCAGATCGGGAACCCAATGAACTATGATAACTTAGAGGAAACCATAATGGATATACAAAATCTCGCA
AL649	13:T>C	Krm6	29323796	TGCAGCAACAACATCGTTCTTTCCACCAGCCTCAATAACCATATTACATAATGTCATCCGTTCTTCCAT
AL650	35:C>G	Krm6	29891034	TGCAGCAACCATCGGAACCTTTAGGAGCTCAGCAGCACCAATAAGTGATGAAATTAGATTTTAGATTTT
AL651	7:G>A	Krm6	29891034	TGCAGCAGCCATCGGAACCTTTAGGAGCTCAGTAGCACCAATAAGTGATGAAATTAGATTTTAGATTTT
AL652	67:T>A	Krm6	30166103	TGCAGCGTCACACCGACCTATCACTTGATGTGTGATAAATTATCACATTGTATATTGATAAGTCGCTTG
AL653	34:G>A	Krm6	30173215	TGCAGTTTTCTACAATTACTCTCGTATCGTATATAGGCAACCAATGTACTGGAAAAGAATTTCGCAACCA
AL654	28:A>G	Krm6	30173215	TGCAGTTTTCTACAATTACTCTCGTATCATATATAGGCAACCAATGTACCAGAAAAGTATTTCGCAACCA
AL655	51:C>T	Krm6	31153932	TGCAGGTGACCACCAGAGTAGGGCATTTCAGCCTTATTCTCTTTGACTGTACCTACATTGTGGTCAACA
AL656	56:A>C	Krm6	31153932	TGCAGGTGACCACCAGAGTAGGGCATTTCAGCCTTATTCTCTTTGACTGTATCTACATTGTGGTCAACA
AL657	22:C>T	Krm6	31191605	TGCAGAATCAAAGCAGACTAGACTACGAAAATCACTAACAATACCTGAGTTCATCTTATGATTCTTACA
AL658	67:C>A	Krm6	31191605	TGCAGAATCAAAGCAGACTAGACTACGAAAATCACTAACAATACCTGAGTTCATCTTATGATTCTTACA
AL659	25:C>T	Krm6	31191605	TGCAGAATCAAAGCAGACTAGACTACGAAAATCACTAACAATACCTGAGTTCATCTTATGATTCTTACA
AL660	26:G>A	Krm6	31191605	TGCAGAATCAAAGCAGACTAGACTACGAAAATCACTAACAATACCTGAGTTCATCTTATGATTCTTACA
AL661	64:T>C	Krm6	32107169	TGCAGCAAATACTGTTTCGAGCTTTGGCATCGTAGATGACGAACCCATAGCTACCTCAATGTGGTTGAG
AL662	24:C>T	Krm6	32984237	TGCAGTCTTGTGCAGCTTATTACCATAACATTTGGCTTTGAGAGCATTGTTCAGTTGGCATGATC
AL663	10:G>A	Krm6	33566368	TGCAGGTTGAGTTAAAACCTGAAATATGTAGTTACTTTTGAGCTAAAATAATCCAATGCATCATTTACAGA
AL664	9:G>A	Krm6	33628988	TGCAGCAATGTAGTCGAATAGTGCCTGAAATAAAAATCACCTGTTAGACATTAGAGATCTTATGGCTTG

Ek 1. Devam

AL665	37:A>C	Krm6	33918140	TGCAGAGCTGGTTACATGCTTTATTTGATTGAAAGGGAAAAAAAGTGCTTGGATTTTGCAGCAACCCTC
AL666	65:C>A	Krm6	34241595	TGCAGCTGAGATTGGATTTATTGTTGGCTGAAGAAAACGCACACATTATAAGAGAAGATTTAATTACAGA
AL667	11:G>A	Krm6	34243540	TGCAGCACATTGACTGGCAGATTTACCTGCACAAAGTGAGCAACTATCAGTAAAATAACCTAAGACAGA
AL668	67:C>T	Krm6	34929990	TGCAGAATGAAGATAACATATTGTTAGTGTAAACATGCAAGTCATCCCTACAAGTGGTTGGAATATGGCT
AL669	21:C>T	Krm6	34929990	TGCAGAATGAAGATAACATATCGGTAGTGTAAACATGCAAGTCATCCCTACAAGCGGTTGGAATATGGTT
AL670	68:T>C	Krm6	34929990	TGCAGAATGAAGATAACATATTGTTAGTGTAAACATGCAAGTCATCCCTACAAGTGGTTGGAATATGGCT
AL671	67:C>T	Krm6	36225407	TGCAGCTGCAAAATCAGCAGCTGCCTTTCTCTATGAAGCCGCCGTTTATGTCTCCTGGAGGCGATTACA
AL672	51:G>A	Krm6	37712016	TGCAGATGAGATGTTATCTGATGAATACTATGAACAGGATGGCGAAGAGCAGAGTGATACCATGCATTA
AL673	42:G>C	Krm6	37712016	TGCAGATGAGATGTTATCTGATGAATACTATGAACAGGATGGGGAAGAGCAAAGTGATACCATGCATTA
AL674	24:G>C	Krm6	37743372	TGCAGGGATGTGGGAATTTGCGGCGTATTGCAAGCTGAATTTTGAGCCATTCTTGATGGATTATTGTCA
AL675	12:A>G	Krm6	38191322	TGCAGCTTGTATATGTTTGAAAAGTGTCACTCGATCAATCAAGGTTTGTGATGTGATCATGTGATAACA
AL676	15:G>A	Krm6	38191388	TGCAGCACGTACACCGGCATTATAATCAGTTAGTGCATCAGCTAACAAATTC AACACCTATATCATGAG
AL677	9:T>C	Krm6	38921558	TGCAGGTGGTAAAGATCCTCATT CAGACAGGCATGATGTTATCTCTGCATCCATAACCATTATCAGA
AL678	65:C>A	Krm6	40112089	TGCAGGGTTGGTTTATCATCGCAGAAGATGAACTTATCGAGGCTTCCATGGGGCATGTATTTCGTACACA
AL679	49:G>A	Krm6	40112089	TGCAGGGTTGGTTTATCATCGCAGAAGATGAACTTATCGAGGCTTCCATGGGGCATGTATTTCGTAAACA
AL680	24:A>T	Krm6	40112089	TGCAGGGTTGGTTTATCATCGCAGAAGATGAACTTATCGAGGCTTCCATGGGGCATGTATTTCGTAAACA
AL681	39:C>A	Krm6	40176725	TGCAGCACAAAACCAACTAGTACATTGAGGTTCTCTTCGCATGCGTTTTAGTTCCTTCAGTTCCTTGAA
AL682	6:A>G	Krm6	40191868	TGCAGCAAAGAATCCTCCCACACAACGTCGAACAAGTACACTACGGAATGGTTCGAAGAGAGAGTCTGAC
AL683	40:G>C	Krm6	40191868	TGCAGCAAAGAATCCTCCCACACAACGTCGAACAAGTACAGTACGGAATGGTTCGAAGAGAGAGTCTGAC
AL684	41:T>C	Krm6	40191868	TGCAGCGAAGAATCCTCCCACACAACGTCGAACAAGTACACTACGGAATGGTTCGAAGAGAGAGTCTGAC
AL685	54:A>G	Krm6	40191868	TGCAGCAAAGAATCCTCCCACACAACGTCGAACAAGTACACTACGGAATGGTTCGAAGAGAGAGTCTGAC
AL686	8:A>G	Krm6	40273906	TGCAGAACAGTTCACACCTGTATATGGATCTAGAGAAAGCAACCTGCCTATAGAAAGCAACAAATTACA
AL687	38:T>G	Krm6	40273906	TGCAGAACGGTTCACACCTGTATATGGATCTAGAGAAATCAACCTGCCTATAGAAAGCAACAAATTACA
AL688	6:A>G	Krm6	40273906	TGCAGAACAGTTCACACCTGTATATGGATCTAGAGAAAGCAACCTGCCTATAGAAAGCAACAAATTACA
AL689	23:T>A	Krm6	40474023	TGCAGCTGAGTTGTGTTGGATTCTAAATCTACTTCAGAACTCTATATTTTCTACTCTTCTCGACCAGC
AL690	35:G>A	Krm6	40533187	TGCAGTTCAGTGATGTGACTTACAAGGTGATCACCGAAGGAATGCAACTTCTGAAGAGAGGGATATAT
AL691	6:G>A	Krm6	40843724	TGCAGAGTGTGGTAGATTTTTATGTGCCAATTGCAAGGTATGGGACTTGGATCCCACATAGGAAAGTAA
AL692	7:C>T	Krm6	40843724	TGCAGAGCGTGGTAGATTTTTATGTGCCAATTGCAAGGCGTGGGACTTGGATCCCACATAGGAAAGTAA
AL693	17:A>G	Krm6	40849030	TGCAGTCCAAGGGAAAAACCATTGAAATGGATCCCAAGGATTACATATTCCAAATCAAACCAGAAATCC
AL694	58:C>T	Krm6	41150969	TGCAGTATAAAAGAAATTTCAATGATCGAATTAGAGATTTGTAAGTCTAGAACCCTGCACAATAGACTTA
AL695	22:A>G	Krm6	41706027	TGCAGCCAAGTTGGTTTGATAAAAAACAAATAAAGGCCGAATTAGCATAGGGCAAAAAGGTTCCAAGGGA
AL696	63:A>G	Krm6	41832088	TGCAGGCTTCCAGCCACGTTACACTTGTAGAGGGCAGCCTTCTGAAAATAAGAACACCTGCAAAGAAAA
AL697	23:T>C	Krm6	41989245	TGCAGGATATGCATCATCAGTTGTTGGCTGCTGAAGATAAGTGTGAATATCTGAGAAGAGAAAAATACAA
AL698	5:G>C	Krm6	42423872	TGCAGGTGGCTTCTTTTCATTGCCAAATGATTTTTTCCCAACTATTTTGAAGGCAATCTAATCATGTGT
AL699	17:C>G	Krm6	42426097	TGCAGAAGTCGTAAACACTATGGAATTTTACATGCAGGAGCATTGAACTTATAGGGGAAAAAAAGGAAT

Ek 1. Devam

AL700	51:A>C	Krm6	42562036	TGCAGTGCTACCTACCCGTTGATGCAAAAAGCTGAGGCAAGTACTTGTGAGAACGCATTGACAAATGGT
AL701	43:T>C	Krm6	42562036	TGCAGTGCTACCTACCCGTTGATGCAAAAAGCTGAGGCAAGTACTTGTGAGAACGCATTGACAAATGGT
AL702	6:C>A	Krm6	42603416	TGCAGTCTTTTCCTGTTTCGTGGGATCTGCTCGGCTGCATTTGGACGTTATGGTTGATCTGGCTGCTTT
AL703	24:A>T	Krm6	42603416	TGCAGTCTTTTCCTGTTTCGTGGGAAATCTGCTCGGCTGCATTTGGACGTTATGGTTGATCTGACTGCTTT
AL704	30:G>C	Krm6	42791971	TGCAGATGCTTGGTTGTAAAGGGTAAAAGCGTGTCTTCCAATACCTGATGTATCAGATAGATTCCGGAC
AL705	50:T>C	Krm6	42817705	TGCAGGATAGCCTCCTCAATGAATGGTTTGGTATTCCCCTGACGGACTGATTCCCTCCACATCTCTATGC
AL706	49:A>G	Krm6	42821142	TGCAGTCAAAGGAACAAATCGAGGCAAGCTTACTTAGCAAGCACGAGGCAGCTATGAGAAGAGAAAAGGG
AL707	44:G>A	Krm6	42821142	TGCAGTCAAAGGAACAAATCGAGGCAAGCTTACTTAGCAAGCACGAGGCAGCTATGAGAAGAGAAAAGGG
AL708	24:T>A	Krm6	42822061	TGCAGGAAACATTGCAAAAACATCTTTGTGAAACTTTTCCTTGATAACCGCTTGAGGTTCTCATCAAAT
AL709	9:C>A	Krm6	42822061	TGCAGGAAACATTGCAAAAACATCTTTGTGAAACTTTTCCTTGATAACCGCTTGAGGTTCTCATCAAAT
AL710	9:T>G	Krm6	42999617	TGCAGTCACTACAGCTTACCAACAACACCTGGAGAAGCTTCCAGGTTCCCAAACCAACAGATGGCAT
AL711	65:T>C	Krm6	43027772	TGCAGTGGATGTAGTAGCGAATTTAGTGATTTGTTTGAAAACCAATATGTATGAACATTCAAGTTTCT
AL712	60:A>G	Krm6	43323235	TGCAGCAAGTCTGCATCGGAGTTGCAGAAAGGTTGAAGCAAAGAAGAAAATATAACATCAAACCACCGAG
AL713	11:C>T	Krm6	43323235	TGCAGCAAGTCCACATCGGAGTTGCAGAAAGGTTGAAGCAAAGAAGAAAATATAACATCAAACCACCTAG
AL714	68:A>T	Krm6	43499807	TGCAGTAGCATCCAATGGAGGAGGCAAATACTCTACACTTCTGAAATCACAAACCAAAAAAAAAAAAAATAA
AL715	66:A>T	Krm6	43499807	TGCAGTAGCATCCAATGGAGGAGGCAAATACTCTACACTTCTGAAATCACAAACCAAAAAAAAAAAAAATAA
AL716	31:G>T	Krm6	43529035	TGCAGCAAATTGCAGTGTTGATCAGATGTTAGCTAGATTGCTAGACTGTTATCGAAAAGAATTTTCAGG
AL717	42:A>C	Krm6	43687773	TGCAGTTAGACGTTGCCGAAAGTATGATTGGATAAAAAAGGGAAAAATCTTGCTATTAGTCCTTGCACT
AL718	29:G>C	Krm6	43812710	TGCAGATAAGTCTCTTCTTACGAGGTTGGTGACAATGAATCTAATATTCAAGGGAGCCGAAAGCTAGA
AL719	42:C>T	Krm6	43812710	TGCAGATAAGTCTCTTCTTACGAGGTTGCTGACAATGAATCCAATATTCAAGGGAGCCGAAAGCTAGA
AL720	61:A>G	Krm6	43845390	TGCAGAAGCATTGTTGGGAGACGAAGGCTTCCATGATCTGGTGAAGAAGAGGGCGTATCGACGATGTT
AL721	53:G>A	Krm6	43845390	TGCAGAAGCATTGTTGGGAGACGAAGGCTTCCATGATCTGGTGAAGAAGAGGGCGTATCGGCGATGTT
AL722	9:A>C	Krm6	43926058	TGCAGTAGCAAAGGACGATGAGGAGCAGCTCAACCAGCATATTCAGGAGCCCCAGTAGCCAAAGAAGA
AL723	41:T>A	Krm6	43961668	TGCAGCTATCAAAATAAAATGAAATCGTTGTTGTTCTTTATTTGCCAATTTACCTAATTATTATTCCAT
AL724	39:A>G	Krm6	44005016	TGCAGTGTTAATCAAGAATGAAATAACCACAGCTAATGAACAATAGGAAATATGTGAAAACATCAAAT
AL725	32:A>G	Krm6	44230185	TGCAGGAAACGATATTGTTGCTATATGCTATCAAGCAGACAGACCCAGCATGTTTTTGCTTCATCTAGT
AL726	9:A>T	Krm6	45421932	TGCAGCTTGAGTTGCTCTTCTTGTTCCTCTTCAACAGCCTGCAACTTGGGCTTTGGTAACACTCTGATG
AL727	12:G>T	Krm6	45975916	TGCAGTGAAACCGATTATTGTTAGAAATGGCACTGGCAAAGCTCAACCATCATGGAGTTGAACAATGCAT
AL728	64:T>C	Krm6	45975916	TGCAGTGAAACCTATTATTGTTAGAAATGGCACTGGCAAAGCTCAACCATCATGGAGTTGAACAATGCAT
AL729	30:T>A	Krm6	45975982	TGCAGTAACGTTTTCTAGCACCATTCCAAATTTCTCAAGCAAAAAACCTACACTCATTGATTTCATTAT
AL730	20:C>T	Krm6	45975982	TGCAGTAACGTTTTCTAGCACCATTCCAAATTTCTCAAGCAAAAAACCTACACTCATTGATTTCATTAT
AL731	38:T>A	Krm6	46014642	TGCAGGTAGGTTATCCATTTCCCACTGTAGGCAATTACTGTATAAAAATAAGTACCCAATGGGCTTTTC
AL732	40:A>G	Krm6	46119284	TGCAGGAGCTGAATAATTGCACTGAGATACGTATTATTGAAATACTGAGGTAGGCCACCCAATGTTACA
AL733	67:C>A	Krm6	46119284	TGCAGGAGCTGAATAATTGCACTGAGATACGTATTATTGAAATACTGAGGTAGGCCACCCAATGTTACA
AL734	22:G>T	Krm6	46201403	TGCAGGTGAAACAAGGGCTCGGACTATGCTGCAAACTCTGCAACAAATGAAGTAAGTTACAGATCGGA

Ek 1. Devam

AL735	40:C>T	Krm6	46557680	TGCAGTTTTCTCCAATGGCTTCAATTTCAATATCAGTTTGCCGCAGTGGTGAATGTAAATGAGGAGTCT
AL736	31:C>A	Krm6	46592595	TGCAGTGGTGGAGCAGACCAGAACCCTTTGCCCCATTGTCTCTTTCTTTTCAGTGAAATTACAGATCGGA
AL737	67:G>A	Krm6	46774927	TGCAGCGCATGCATGAACCTCAGGTAACGTGGAGAAATCATTGGCTTGCAATCTTTTGCTCACATCAGT
AL738	23:T>C	Krm6	46804809	TGCAGATGCAGTGTTTGCCGGACTGCGGCATCTCGATCTTCCTTCAGCTGCTGCAAGGTCTAATTCATG
AL739	35:A>G	Krm6	46804809	TGCAGATGCAGTGTTTGCCGGACTGCGGCATCTCGATCTTCCTTCAGCTGCTGCAAGGTCTAATTCATG
AL740	57:G>A	Krm6	46804809	TGCAGATGCAGTGTTTGCCGGACTGCGGCATCTCGATCTTCCTTCAGCTGCTGCAAGGTCTAATTCATG
AL741	34:A>C	Krm6	46819005	TGCAGACAAAGAAACGCTGAAATACTTGGGCATCAAACGAACAAACTAAGTTCATGTCAAGATATCCCT
AL742	6:T>C	Krm6	46819005	TGCAGATAAAGAAACGCTGAAATACTTGGGCATCAAACGAACAAACTAAGTTCATGTCAAGATATCCCT
AL743	19:T>C	Krm6	46967082	TGCAGTACTGCATAATATCTGATAGCCCCATTGCAATATTTATAATTATAAATTTACAATAAAGAAATA
AL744	12:T>A	Krm6	47118251	TGCAGTAAGATATATCTCAACATTCTTTCCTTTTATTTTTATTGAGTAGAATAATTCTTTCCTTATCTC
AL745	28:G>A	Krm6	47424600	TGCAGATGCATAAGCATTGAGGGGAGAGAGAAAGCCAAGAACAACCAAGCAGCTTCAGGTGTTAATT
AL746	16:C>T	Krm6	47659484	TGCAGCCCAGAAATCACTTTTGGTCCAATCTCCATCATCTCCAAGTATTTGCATAGGGTAAGAGCCCTC
AL747	6:A>T	Krm6	47885396	TGCAGTACCTTGATCGGTTGAGAAGGGGTTAGGATCATCCGAATACAGGATGAAGTATGCGATGTTGAT
AL748	9:C>T	Krm6	47936770	TGCAGTTTACTTCTGGATTAGTACACCGAGCTTCCTGTTACCTTTTATAGGGAAGCTTTTACGATGAG
AL749	31:T>C	Krm6	47936836	TGCAGCAACATTGAAAGGAACGAAGCAGATATTTGGGATATTGAGATGTGAAGCGAGGTTACAGATCGG
AL750	33:T>C	Krm6	47936836	TGCAGCAACATTGAAAGGAACGAAGCAGATATTTGGGATATTGAGATGTGAAGCGAGGTTACAGATCGG
AL751	17:C>A	Krm6	47994748	TGCAGAAAATAGTAATACAATATCACAAAAAAGCGATTTGGAACTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL752	48:G>C	Krm6	48104549	TGCAGGTTACGAAATTTCTCGAGACCATATAATTGATTGTTGGAGAGCGGAGCAGTTCCTTTCAAGCCA
AL753	42:A>C	Krm6	48327424	TGCAGTGGGGTAAAAACACTCTACGGCCAGGCTCAGACCTCCACGGACCCCAAGACGTGTGCAAGTGC
AL754	49:T>C	Krm6	48379939	TGCAGTATGAGCAAACACATGCATAAGAGGTATTTTATAAGCCTAGATAAGAGCCACAGAGCAGTTA
AL755	27:T>A	Krm6	49618372	TGCAGTACGAGTGAAAGATGATGATTTTGATTCAAAGCCGGGTTGAACTCTCTGAGTCATTGACATGCG
AL756	41:G>A	Krm6	49659810	TGCAGCTTAAAGTTTGCATAGCAAGTATCGCATAACCGGTGCGGTTTACCCGGTGTGGAGCCAATGC
AL757	7:T>C	Krm6	49687614	TGCAGACTGAATAAAAACTTTACATCTCAGTCTGGTTTATTTGCAATAAGGCATGGGCACTTACTTAGA
AL758	68:C>A	Krm6	49853058	TGCAGTTATTACTTGGAGTACAAGTAACTTATAATGATTGTTTGGTTGGAAGGAAAAAAATTAGTTAC
AL759	65:A>C	Krm6	50107961	TGCAGGTGCGGTCTTCTCAACGGGTCCCTGGATGGTCAAGAAACAGAGGTTTCAGTCGCTAAGAACAAC
AL760	8:T>C	Krm6	50107961	TGCAGGTGTGGTCTTCTCAACGGGTCCCTGGATGGTCAAGAAACAGAGGTTTCAGTCGCTAAGAACAAC
AL761	31:G>A	Krm6	50322106	TGCAGTTTTTTTCATTGGCTAGTGGCTCTGGTGCCCAACTTATCATTTCATATAACTAGTTTATCCTAT
AL762	22:G>A	Krm6	50350351	TGCAGCTCCACCAACAATAGTTGCAACCTTCACCATGTTCTGTCACTGGACTTGATCATTGAACCATCA
AL763	56:C>A	Krm6	50454049	TGCAGTTAATAATTAGTCAAGACTTTGCCAAATGTAGACCAGCAAGTCTTCAAGACAAATCCAGACAA
AL764	63:C>G	Krm7	26021	TGCAGAAAACCTTAGGGGATGCCTAAAAACAATAAAAGAAAAAGAAAAATATCATTCTTGTATCAAGCA
AL765	68:C>T	Krm7	202405	TGCAGAATGAAACATTTTTTGAATCTCTGAAAGAGCATCCAGTGTTTATAACATCATAATTACAGATC
AL766	37:A>G	Krm7	329612	TGCAGTTAAGATCTTTGAATATATTGACAAAAAAGTATCTATGGCATCTGAGATAGCTTTCATG
AL767	24:T>C	Krm7	410233	TGCAGTCTTTTGTGAATCTTCAGTGTAACAAGTCTGGTTGATCTCTTTCTTGCTTTACAGATCGGAAG
AL768	33:A>G	Krm7	2201745	TGCAGACCCTGGAATTTCTGATTCTCACCAAAATCTGTTTATAGATGACATAGACTTTGCCTCCAATCT
AL769	16:G>A	Krm7	2987122	TGCAGAGCTTAATTGAGATTCAGCATCTTTTTTGCAGCCACTAAAACGTGTGCATCAGGTGAAACTGT

Ek 1. Devam

AL770	24:C>T	Krm7	3688655	TGCAGAGAATGTATTCCCGAGTGCCTGGTATCAGAGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL771	47:C>A	Krm7	4731391	TGCAGCCCTTGGTGTGGACGGAGGAGGTAAGTTTGTGCATCCTTCATCAAAAAACAACCGAACTTTTAC
AL772	68:C>A	Krm7	4731391	TGCAGCCCTTGGTGTGGACGGAGGAGGTAAGTTTGTGCATCCTTCATCAAAAAACAACCGAACTTTTAC
AL773	65:T>A	Krm7	4731391	TGCAGCCCTTGGTGTGGACGGAGGAGGTAAGTTTGTGCATCCTTCATCAAAAAACAACCGAACTTTTAC
AL774	50:T>G	Krm7	4741431	TGCAGAGTTTATAATAAACTATGCGACATAAACTGTAACGTCCAAAGTAAAGGTATATGAGTAAAC
AL775	28:G>A	Krm7	4941048	TGCAGAGCAATTTGGTCAATTTGACTAAGGTCAAAGATAAAAAATCTAGAACTTGGAAATGTGGTTTAC
AL776	68:C>A	Krm7	4941048	TGCAGAGCAATTTGGTCAATTTGACTAAGGTCAAAGATAAAAAATCTAGAACTTGGAAATGTGGTTTAC
AL777	32:A>C	Krm7	4941048	TGCAGAGCAATTTGGTCAATTTGACTAAGGTCAAAGATAAAAAATCTAGAACTTGGAAATGTGGTTTAC
AL778	50:A>C	Krm7	4954050	TGCAGATCTGGGTTTTTCATCTGACAATGGATACATAAACTTTGCAGACATATTCATTTATCTCTACAA
AL779	23:C>T	Krm7	4958030	TGCAGAAGCATCCAATGCCTCCTCCTTCACTTCATGGAATCTTTGAATATTCTTATTTGATTATACTAA
AL780	59:C>G	Krm7	4972338	TGCAGATACATACTAATTATGCTGGACTTGAAAAATGCCTTCTATAAATTGTTTGTGTTCAAGTGTCTA
AL781	47:G>A	Krm7	4972338	TGCAGATACATACTAATTATGCTGGACTTGAAAAATGCCTTCTATAAATTGTTTGTGTTGAAGTGTCTA
AL782	9:A>C	Krm7	5535087	TGCAGAATTAATTGGAATACAGATCACAAGCCAATCATACAAACAAAAGTGGCAAACCTTACAGATCGGA
AL783	5:T>G	Krm7	5990436	TGCAGTTAAAATAAAAACCAAGATGCATGAGCAACTTTGTCCTCACAGTCCCGTCATCTCAAACATCAC
AL784	58:C>T	Krm7	6214955	TGCAGATAAGAGCCAGATGAAAATGGTGGCCCTGCACCCTCCATAAAAAATCTGCCGACAATGTAAGGA
AL785	35:A>G	Krm7	6216138	TGCAGGTTCACTACTGCTGCCGCCGAAGCCATCCCAATGAGTTACTGTACATGGCTCAAGAAGCTGTCC
AL786	23:T>C	Krm7	6216204	TGCAGTGGCATCCATGTCCACTTTTGAGAAAGCTTCCCCATCAGTGCCCCGAACTGTGGAGCCACAAGT
AL787	32:C>T	Krm7	7170256	TGCAGCAATCTAAGTTACACTAGAACTAATCCTATCCATAAAAGTAGCAACTTGCTGGGCCAAGTGCT
AL788	42:A>G	Krm7	7434124	TGCAGCTGTGATGGGCCTTGTGATTCTTGGGCAGCGTTGGCAACAAGAGAGGTGGCAGGCATTGCAACT
AL789	9:G>C	Krm7	7542963	TGCAGTTACGAAGAGATGGAAAGAGGAACAGACTATGTTTAGTTGACTTCACACTCAGTTTCTTCGTTT
AL790	50:T>G	Krm7	7767833	TGCAGGTAATGACATTAGATAGATCCACTAGTAAAACCTCAATTTGTGATCAATAAGGGGGAAAAAAT
AL791	67:C>A	Krm7	7881025	TGCAGTGCCTTGCCGCCTCTCCCTCCTCGCGTTTCGACCGCTTCCCTGTCTTTTTCTCTTCCGTTACA
AL792	53:A>G	Krm7	7881091	TGCAGCGGGTAGTTCCAACGGAGGCTGCCGGAAAACGAGGAATCAAACGGCGATGGCCACCATGGAGG
AL793	24:A>G	Krm7	8314584	TGCAGCAATACAAAAGGCCAGAGAGAGTTTCTCCTTGGGAAATAGAGCCGTTTGTAGCTTCTGCTTCTAC
AL794	48:A>G	Krm7	8314584	TGCAGCAATACAAAAGGCCAGAGAGAGTTTCTCCTTGGGAAATAGAGCCATTTGTAGATTCTGCTTCTGC
AL795	32:G>C	Krm7	8335724	TGCAGCATTGGAACCATTGTTTATAGGCAAAGAGTTGCGAGGCTTGTGTTGAAGAGAAGCTTGATGACA
AL796	13:C>A	Krm7	8346059	TGCAGTAGATGAACAACATCAGAGTCAACTAAAGTACATTCTTCTTTTGGAGGGGAGGGGGAAAAAT
AL797	35:T>G	Krm7	8489885	TGCAGTTTGAACAATGAAAACAAAGAGGAATTGTGTGGGTAATATATGAAAAATAAAATTGCGAAGAA
AL798	33:G>A	Krm7	8526341	TGCAGTTAATCATTAGAATAGATATTGGCACTCGGATGAAGGATCTATATTCAATTTACAGATCGGAA
AL799	45:T>C	Krm7	8859306	TGCAGGCTGCAACCGTAAGGCAGGCAAGCAAACCTTTACTTTTCATGTTGCCGTTTCAATGCATCTAAA
AL800	15:G>A	Krm7	8861404	TGCAGTTATTGCATCGGTATGCACGGGCTATTGCAGAAATAGCTCAAGGAAAGGTGATCTTTCATTGTT
AL801	42:A>T	Krm7	9129206	TGCAGTTATGCTTTATCAGCAGTGCAACAGAAAAGTGAAGAAAATTTTCTATAAAGGCATCATTTGAGC
AL802	20:C>T	Krm7	9129272	TGCAGCTTTTGCAATTTGTCTTTTTTTTTTCTTTAGACGGGTGCTTGGGAGTCATTGTTGCAGAGAA
AL803	19:T>C	Krm7	9286761	TGCAGGCTTTAATTTGGCATCATCTAACGTAATAATTGTTTCGAATTTGACTCATGCTCTACAAGTG
AL804	13:C>A	Krm7	9590493	TGCAGTAGGTTAACTTTGAAAAATCACCATAAATTGTGTAAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA



Ek 1. Devam

AL805	26:C>A	Krm7	10028406	TGCAGGTACAATTCAACTATATCATAACAGCCAGCGAATCAAATCCATATGTCGGAAACCTGCATCTCCA
AL806	42:T>C	Krm7	10028406	TGCAGGTACAATTCAACTATATCATAAAGCCAGCGAATCAAATCCATATGTCGGAAACCTGCATCTCCA
AL807	39:A>G	Krm7	10028406	TGCAGGTACAATTCAACTATATCATAACAGCCAGCGAATCAAATCCATATGTCGGAAACCTGCATCTCCA
AL808	51:A>G	Krm7	10038843	TGCAGGGGACAGGGCACAAATGGAGGTTAGGGTCGGTTTGTAGGGTACTCAATTCGGTGTCCGAGCTCC
AL809	47:A>C	Krm7	10722042	TGCAGTCAGTCGATATATCCAGGTTTCCTTCGACTGCGTGTTCGTTGCATTCCCTCCATGACTCACCTCC
AL810	44:A>C	Krm7	11191475	TGCAGTCCTTCAGAAGCTGCACACGCCCCATTATCGTACTGCACACATACACAACATCTTATAACTTCC
AL811	27:C>T	Krm7	11191475	TGCAGTCCTTCAGAAGCTGCACACGCCCCATTATCGTACTGCACCCATACACAACATCTTATAACTTCC
AL812	16:T>C	Krm7	11313871	TGCAGATCTTATGAGTTTGACGTTTTCCAGTCAACGCCTGGTTCAATCTTCCCTCGTCATGACACGGT
AL813	58:A>G	Krm7	11375651	TGCAGGGTCTCCAGCTGGTTCACCATCAGATTCTTCTGATGATACACCCGAGGGTGCCATTACACCATC
AL814	15:G>A	Krm7	11375947	TGCAGACCGTCGTTTCGATTATCACCTCAATGCCTTGTCTCCGTGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL815	12:C>A	Krm7	11520597	TGCAGCTCGATACCGGTAAGGATATACCCTGAGTGGATCTATTTGAGTGACCATCTCAAGATCTGCCTT
AL816	28:T>C	Krm7	11656823	TGCAGTACTGTAATAAAGGATGCAGATATTGCCAGCATTCCTTTAGGTCTAGCAGTGATATGTAGATG
AL817	33:T>C	Krm7	11668933	TGCAGCTGCTGTAATTTAGAGGCACATGGTTGGTCAAAGTGCTAGGGTGGAAATGGAATTTTGGGGAAAA
AL818	37:G>A	Krm7	11854142	TGCAGAGATGGTTGCTGCATTGCATGTATTCAATTTGTGCATTACTGATATCACATTTCCACTAGGTTGA
AL819	66:A>G	Krm7	12719183	TGCAGGTTCGAGTTGCAGAGTTTGATACCCCGGCACGTCTCTTAGAGGATAAATCATCAATGTTCTAAA
AL820	16:T>C	Krm7	12719795	TGCAGACAAAGAAAAGTTCCATGCACGTCATGCAACAAAACGTTTCAAGACTCAACGTAGCATGCTAAT
AL821	64:C>A	Krm7	12822635	TGCAGGTAAGTTAAATTTAGCTCCGTTTTCAATAATTTTATGTTTTTATGATTGTTACAATTACAGAT
AL822	17:T>C	Krm7	12970355	TGCAGGTCCAAAGACTCTCAAGTTTTAGCTTTGGAAATTTGTGCGAGATCAAAGCAATATGAAGCCAAT
AL823	39:A>C	Krm7	14082973	TGCAGGGAGGTATTATTTACTTATGCTCTAAAATGATGGATTGCTTACTTACTTAGAAATGCATCTAAA
AL824	44:C>T	Krm7	14185334	TGCAGGGTAGCAAAGAAGAAGATAATAGAAATGGAGGATAGCTTCATTTTTTTTATTTTTTATTTTTTA
AL825	6:T>A	Krm7	15064480	TGCAGGTGAATTGGCTCTAAAGCTGTTCAAGGGGCAGCAAACAAACTTCAATGTAATAATCTCATCACT
AL826	64:T>C	Krm7	15064480	TGCAGGTGAATTGGCTCTAAAGCTGTTCAAGGGGCAGCAAACAAACTTCAATGTAATAATCTCATCACT
AL827	65:C>T	Krm7	15064480	TGCAGGTGAATTGGCTCTAAAGCTGTTCAAGGGGCAGCAAACAAACTTCAATGTAATAATCTCATCACT
AL828	12:A>G	Krm7	15191561	TGCAGAATTCAGAAAAGAACTACAGGTCATAATATGCCAATGAGAAAATAAAAACAAATGCAACATGTCA
AL829	10:A>G	Krm7	15191561	TGCAGAATTCAGAAAAGAACTACAGGTCATAATATGCCAATGAGAAAATAAAAACAAATGCAACATGTCA
AL830	46:A>G	Krm7	15191561	TGCAGAATTCAGAAAAGAACTACAGGTCATAATATGCCAATGAGAAAATAAAAACAAATGCAACATGTCA
AL831	7:C>G	Krm7	17410641	TGCAGCACTCTAGAACCAATTTTCCAACCTCCTGACGTAATTTCCAGATTAGAAAAGGATTACAGATCGG
AL832	25:G>T	Krm7	17410700	TGCAGAAGTCTATGGAGGCATCTATGACGGGGAAGAAGACCAAAGCTTCGATGGCAGAATTTGAAGGAA
AL833	10:T>C	Krm7	17410700	TGCAGAAGTCTATGGAGGCATCTATGACGGGGAAGAAGACCAAAGCTTCGATGGCAGAATTTGAAGGAA
AL834	21:A>G	Krm7	17492825	TGCAGAATAAACTAATTTACTACTTCTGCCATATATTTTACTCGCAGAATCCAAAGCTAAATCGAAATC
AL835	23:A>T	Krm7	17492825	TGCAGAATAAACTAATTTACTACTCTGCCATATGTTTTACTTGCAGAATCCAAAGCTAAATCGAAATC
AL836	8:T>G	Krm7	17617383	TGCAGAAGTCTATGGGGGCATCTATTACGGGGAAGAAGACCAAAGCTTCGATGGCAGAATTTGAAGGAA
AL837	9:C>T	Krm7	17617383	TGCAGAAGTCTATGGGGGCATCTATTACGGGGAAGAAGACCAAAGCTTCGATGGCAGAATTTGAAGGAA
AL838	22:G>A	Krm7	17712902	TGCAGATATCGAAGCTCAAAAAGAGAAAGAAGTTGGTGAAGTGCATGTAGGATGGCAGGAACGAAGAA
AL839	33:T>A	Krm7	17712902	TGCAGATATCGAAGCTCAAAAAGAGAAAGAAGTTGGTGAAGTGCATGTAGGATGGCAGGAACGAAGAA

Ek 1. Devam

AL840	60:C>T	Krm7	18098045	TGCAGAAGGGAAGCATTTTCATGCCGGCCACACTTCTGCAATCACAACCTAGAGTCGCTTCACATAGATGA
AL841	42:C>T	Krm7	18635432	TGCAGTTAAGACTTCTGAGACTGGGTACATACAGAGGCGACTCGTGAAGGCTATGGAGGATATTATGGT
AL842	43:G>A	Krm7	18635432	TGCAGTTAAGACTTCTGAGACTGGGTACATACAGAGGCGACTCGTGAAGGCTATGGAGGATATTATGGT
AL843	19:G>A	Krm7	18930429	TGCAGCACGTATGCTTGCTGTAACAACAAGGTTGTTTAGTTACTTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL844	29:G>A	Krm7	18930429	TGCAGCACGTATGCTTGCTGTAACAACAAGGTTGTTTAGTTACTTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL845	12:T>A	Krm7	19576826	TGCAGCTTCTGTTTGTACTTTGGATTGAACTCTGGGATCCATACCCTAATCTAAAACCAAACTAATA
AL846	32:T>G	Krm7	20491139	TGCAGGGGAGCTTGAGACAAAATATCCTTACATATAGCATTATGTAGTTC AATTGTCCAAAAGCTTAGA
AL847	36:A>G	Krm7	20543246	TGCAGGAGCTCTTGTGAGGCAGAATACTAGGATTCCATGTGGAGAGGTTAGTGGCACTTCTTCATTGAC
AL848	47:A>G	Krm7	21134527	TGCAGTAATGATATGCCAAAAGAACCAAGCCAAAAGAAAACCAACGCAGCAAATATGAATCCCA
AL849	8:T>C	Krm7	21180645	TGCAGCGGTTGCCACTACCGCTACTGCCATTGCTACCTAAGCTGGCGCTACTACTACAACCTCCATTCA
AL850	65:A>G	Krm7	21618486	TGCAGCCACCCAAAGTAAAAGGTTTTTGAAACAACCTCAAACCTCTCAAGTCTTTGGCTTCACATTACAG
AL851	36:T>C	Krm7	25413933	TGCAGTTTAATGATAGAAGAAATGTGCTGTAAGTGGTTGTGTTTATATAAAAATAGGATCACATTTTACA
AL852	30:A>G	Krm7	25413933	TGCAGTTTAATGATAGAAGAAATGTGCTGTAAGTGGCTGTGTTTATATAAAAATAGGATCACATTTTACA
AL853	31:T>A	Krm7	26642605	TGCAGCCAATATATCTTTTCCATCAACAGCTTTGGACCATAGTTGTCGCTGAACTGCATACCACCATG
AL854	12:C>A	Krm7	27132015	TGCAGTTCAAACCCATCTCTTCCTATACAAAGGTACCTTTAGTTTCTTTCCCTTTTTTTTTTCTTTTTT
AL855	28:C>A	Krm7	29838933	TGCAGCATCCTACGGAACCTTTTATGAGACATGTGAGTTACAAGGAGCAAATAGTACACTTCTAACAAT
AL856	52:G>C	Krm7	32410848	TGCAGAGGGCTTGCTACCATGTAGTTCTACTGGTTCTGAGGCCAGGGTTCCAGTCGGTCAATTTTTTACA
AL857	9:A>G	Krm7	34284751	TGCAGCGTTACCAGACCCCTTCTATAAACCACCTCATAATCATAGCCTATCATCTTTGCAACCCCACT
AL858	40:T>C	Krm7	35105413	TGCAGTTATTTAGACCACAACTTTGGTTGAAGCTTTCCATCTAGCTAGACAGGTCAAGAGCATTTTGA
AL859	9:C>T	Krm7	35606862	TGCAGTAGCCGTTAATCAAGTCATTTGACTCAGAAAGGTCTTTGGCCAACCTTGAACAAAATACTGATGA
AL860	11:G>A	Krm7	39995389	TGCAGATCCCGCTAATAAGATTGCCACCTGTGTTTTTAGTGTGTCATTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL861	51:T>C	Krm7	40776724	TGCAGGGTTTGCTTCCAAAATATAACTGCCATCTGATACATGATCTTTGCCTTCTGCTTAGATTGCAA
AL862	24:G>A	Krm7	40776724	TGCAGGGTTTGCTTCCAAAATATAGCTGCCATCTGATACATGATCTTTGCCTTCTGCTTAGATTGCAA
AL863	14:T>C	Krm7	41321592	TGCAGTGATGCAACTTTGGAAATTCACCATAAAATTGTGGAAATTGAGTTAGGGGCTGAATAAAAATATGA
AL864	53:A>G	Krm7	41321592	TGCAGTGATGCAAAATTTGGAAATTCACCATAAAATTGTGGAAATTGAGTTAGGGACTGAATAAAAATATGA
AL865	12:A>C	Krm7	42124213	TGCAGTATTTTGATAAAAATAACATGTATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGAC
AL866	21:A>T	Krm7	42124213	TGCAGTATTTTGATAAAAATAACATGTATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGAC
AL867	40:T>A	Krm7	42711969	TGCAGGGAGCAGAACTCCACTGCTACCAGATTCAGCCAGTCTCCAATCATCATTACAACCCCTAGAAC
AL868	25:A>G	Krm7	48468677	TGCAGCCTCTACTTCCCTCGCTGCAACCTCTGCTTCTCTCGCTACCGCATCTGTTTTACAGATCGGAAG
AL869	67:T>C	Krm7	48637570	TGCAGAACTATATCTATTTTCTTGGAAGCATGTTTAGTATGGGAGTTTACTGTTTATATGTGCATGCTA
AL870	5:A>G	Krm7	48637570	TGCAGAACTATATCTATTTTCTTGGAAGCATGTTTAGTATGGGAGTTTACTGTTTATATGTGCATGCTA
AL871	61:C>G	Krm7	49455001	TGCAGCAATTTTCTCCAATTCAGTTTGGTGTCTTTTTGGATAGGGGATTGCCACACATCCCTATCTTA
AL872	29:A>G	Krm7	49492166	TGCAGGAATGGATGAGGACTAAGTCTTCTAATCTGCAACATGATATGCCATTCCCTTTCTTTTTTCTCA
AL873	8:C>T	Krm7	50659469	TGCAGCGACGGTGGCAAACTCCGGAAAGGTTGTTCTTGCCTAGGTGTAAAGACTGAAGAAAGCTTACA
AL874	33:A>G	Krm7	50697087	TGCAGTTTACAGTATTTGATCAGCTGAAACAACAACCTACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA

Ek 1. Devam

AL875	46:T>C	Krm7	51817623	TGCAGTATTCATACTCCCTCTCTGTTTTCTTTGTGTCGAGGAGATTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCT
AL876	5:G>T	Krm7	51817623	TGCAGGATTCATACTCCCTCTCTGTTTTCTTTGTGTCGAGGAGATTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCT
AL877	9:T>C	Krm7	51845775	TGCAGTTATTTTATACATCCCGTGAGGGTGGGTGGTAGGTTGAAACAACTCTGCACATTACAAAGAA
AL878	66:A>T	Krm7	51967391	TGCAGCTGTAAGTAATATAGAAAAAGAGAAATGTGGAAGGAAGGTCATATCAAACCTGACATAACTACT
AL879	28:C>A	Krm7	51998972	TGCAGTCTTTTTCTTATTTGCCATCACAATTCCAAACCTTCAAATCACATATAATTCCATTATTTATG
AL880	15:C>T	Krm7	52005375	TGCAGGCCGTAGAACTCATGAAACACAAGCAAAATTACAGCTCAAGCATGTTTACAAAACGGTAAGTC
AL881	17:G>A	Krm7	52047629	TGCAGGGGTGGGAAATGGAGTTCCTCTCCAAGATTTTCGGGCTCAGGAGGGTTCGAGGAAGGATGGTTAC
AL882	51:G>A	Krm7	52065365	TGCAGATAAGTCAGTGTGTGGTGTCTATGATCTTGTTTCTAATGTATTAGATGTATTACAGATCGGA
AL883	66:T>A	Krm7	52084078	TGCAGGACTACTGACTGCGATAAAAAATACGATAGGTGATGGTTTTGAGTGAGAAGCTAATAGATGTTCA
AL884	41:T>G	Krm7	52088898	TGCAGCAATGAAAGTTGAGAACTGAAATCTTCAATTGCAGGTGATTCTGATGGTGTGTGCAGAAAACA
AL885	37:G>C	Krm7	52088898	TGCAGCAATGAAAGTTGAGAACTGAAATCTTCAATTGGAGGTGATTCTGATGGTGTGTGCAGAAAACC
AL886	35:G>C	Krm7	52091594	TGCAGCTTGTCATCCTGCTTATGCTTGGATTGATGCCTTGCTGAGGGATATTCTCTTCGGAATGAGC
AL887	37:A>G	Krm7	52105130	TGCAGTTAATATTGGAGCAAAGGTAGCACATTTTGCTAATTATCAACAATTTTTGTTTCGAATTTACAG
AL888	6:A>G	Krm7	52239642	TGCAGAATCACTGAAAATGATTCTAGAACATAACCAGCACCAGACCCGAGCCTCCTTTGATGGTGTGTTG
AL889	39:C>T	Krm7	52239642	TGCAGAGTCACTGAAAATGATTCTAGAACATAACCAGCACCAGACCCGAGCCTCCTTTGATGGTGTGTTG
AL890	57:T>C	Krm7	52239642	TGCAGAGTCACTGAAAATGATTCTAGAACATAACCAGCACCAGACCCGAGCCTCCTTTGATGGTGTGTTG
AL891	6:A>C	Krm7	52343939	TGCAGAAACAGAAAAATATACATATGCGTTATTAGCGCAGGTACTCTATTATTTCTAAGTCTATTTCTG
AL892	28:C>T	Krm7	52343939	TGCAGAAACAGAAAAATATACATATGCGCTATTAGCGCAGGTACTCTATTATCTCTAAGTCTATTTCTG
AL893	7:A>G	Krm7	52423594	TGCAGGGATGGGAAATGAAGTTCCTCTCCAAGATTGTTCGGGCTCAGGAGTGTGCGAGGAAGGATGGTTAC
AL894	16:T>C	Krm7	52431128	TGCAGTCAGACACTTGTCTTCCAAGGGGTAAACACATGAATAAAAAAATGGACTTACACTGGAAAATTG
AL895	36:T>C	Krm7	52431128	TGCAGTCAGACACTTGTCTTCCAAGGGGTAAACACATGAATAAAAAAATGGACTTACACTGGAAAATTG
AL896	25:T>C	Krm7	52444407	TGCAGGGGTGGGAAATGAAGTTCCTTTCCAGGATTGTTCGGGCTCAGGAGCGTTCGAGGAAGGATGGTTAC
AL897	66:C>A	Krm7	52720632	TGCAGGAAGAACCGTCCCTTCGGCCATTGATGAGTTACGTCGTAAGGTCCCTCGAGTGCTTAATTACAG
AL898	5:A>C	Krm7	52794766	TGCAGATTAAGTAATTTTAGTTGTTTTGTTTCTAGCATATAATGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCT
AL899	40:A>G	Krm7	56837865	TGCAGTGCAAATCAATTATCAAAACATCATTTTTATTTCAAAGGATTAGACAGTAAAAGTATCACGGACT
AL900	50:T>G	Krm7	56920612	TGCAGCATGTCATCAAGCTGTATGCACTTCAACCAAAAAATGTAACAGTATCATGGTTGGCCAATTTCC
AL901	18:T>G	Krm7	57346876	TGCAGACAGATTACAGAATGACAATAACATTGAAAATATCAGAGTAGTGTCCGATTTACAGATCGGAAG
AL902	40:A>G	Krm7	58290728	TGCAGACAACAATCTCTCTGCTGCTGTAGTGGGATCCCAACGTTACCACTTCAGAAAAGATAACCAACC
AL903	53:G>A	Krm7	58642177	TGCAGAATTCATCAGCGCATTGATATGGGGTAAAGTTCCTGCTTTGTCAAACCTTGATAATTAGCTTCTT
AL904	11:A>G	Krm7	58786048	TGCAGAAGTTCAGTCTGCGGAGCGGAAATCAGGTATTTAGTTGCCTCGTCTTTCTCATTACAGATCGGA
AL905	31:G>T	Krm7	58786048	TGCAGAAGTTCAGTCTGCGGAGCGGAAATCAGGTATTTAGTTGCCTCGTCTTTCTCATTACAGATCGGA
AL906	6:A>G	Krm7	58786106	TGCAGAAGATAAGCTTTCATGTCCATAGCACCAGGTGGATTTCGAATGCCGGAACAATAAATTACTCTT
AL907	34:G>C	Krm7	58830095	TGCAGTTTATGCAGTTTTGGTGTGGTTAGCTCTCGTTGACAGAAGTTCATTCTAGGACACTGGCTC
AL908	33:G>A	Krm7	58944816	TGCAGATTTTCATGGTTCTCAAAGCTGAATGAATGTAGAAGGCTGGATAAATAACATATTTGGCTCCTCC
AL909	37:A>G	Krm7	59575569	TGCAGATCTTTGTTCAAATGCTATCTCTTTGAACAAAAACCAAGCATCATTATCAGACAAGCCTTTTCAG

Ek 1. Devam

AL910	27:G>A	Krm7	59608216	TGCAGCCTTATTTAGGTCAAGGATACCGTCTTCAGCATGCTTCATCAGATTGACAAACTTCTTCGTCAA
AL911	59:T>C	Krm7	59608216	TGCAGCCTTATTTAGGTCAAGGATACCATCTTCAGCATGCTTCATCAGATTGACAAACTTTTTCGCCAA
AL912	32:C>T	Krm7	59748541	TGCAGATAACTCCAGCTCCTTGCAGTTGCTTACTGAAAAGCCTTCAAGGAAAAGTGAGATGTTGGAACAC
AL913	48:G>A	Krm7	59748541	TGCAGATAACTCCAGCTCCTTGCAGTTGCTTACTGAAAAGCCTTCAAGGAAAAGTGAGATGTTGGAACAC
AL914	22:G>C	Krm7	59865639	TGCAGAAACAAATAATGCTACTGATAATTTATCCCCTAAGAACTTACCCACCATGAAAAGTTCTATTT
AL915	11:C>A	Krm7	59937741	TGCAGAAACAATAATGCTACTGATAATTTATCCCCTAAGAACTTACCCACCGTAAAAGTTCTATTT
AL916	9:G>A	Krm7	59947776	TGCAGAAACGAATAATGCTACTGATAATTTATCCCCTAAGAACTTACCCACCATGAAAAGTTCTATTT
AL917	10:G>C	Krm7	60026641	TGCAGCAGACGCCGCGGCTAGTGCCAACACCACCTGTCATTTATACAAAAAGAATGTTAATTACAGATC
AL918	10:G>C	Krm7	60026641	TGCAGCAGACGCCGCGGCTAGTGCCAACACCACCTGTCATTTATACAAAAAGAATGTTACAGATCGGAA
AL919	34:T>C	Krm7	60026641	TGCAGCAGACGCCGCGGCTAGTGCCAACACCACCTGTCATTTATACAAAAAGAATGTTACAGATCGGAA
AL920	40:G>C	Krm7	60308725	TGCAGCAAGCCAGCAACAGCAACACAACCATTTGCTCTTGGGAAGCTACATTTTTACGGTTCGATTTGGG
AL921	21:G>C	Krm7	60443004	TGCAGTATATTGCAGAATCATGGCTTTGATTAGTTTCATAACACAATATGAACATGCAAGTGCATAAAC
AL922	19:G>A	Krm7	60443004	TGCAGTATATTGCAGAATCGTGGCTTTGATTAGTTTCATAACACAATATGAACACGCAAGTGCATAAAC
AL923	43:A>C	Krm7	60668308	TGCAGTAAAAAGGTAAAAAGATTACAAGATGAATTGACAGGCATTACAGTATACCGTTACAGATCGGA
AL924	21:A>T	Krm7	60811681	TGCAGGATTTGCAACTTGATTATGTTGATCTCTATCTAGTATGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL925	14:C>T	Krm7	60811681	TGCAGGATTTGCAACTTGATTATGTTGATCTCTATCTAGTATGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL926	6:G>T	Krm7	60814006	TGCAGGGGTTACCCTTTATGGTGGACCAAGAGCAAGTTCCTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL927	54:G>T	Krm7	60836269	TGCAGGCTTCTCAGATTCTCGAATCATCATTCTATTTCTACTCAGCTTCTTGACCATAATTATCATT
AL928	43:G>A	Krm7	60837134	TGCAGTAATATCATAGAGTGTTAGAAGTCTAACAAGGCTTATGCCTTAACAATTGGGGGAAGAATTAC
AL929	56:T>G	Krm8	575753	TGCAGGTTACAGTGTTTCCCAAGAAGCCATTAGATGGAGCTCATGAGGTTCAAAGCTTTTGTCTTGGTC
AL930	32:C>T	Krm8	604652	TGCAGAAACTTTGATTCTTGAAATCCATTAGCGAGTCTAGGCCCTACCTTGAGAAAAGTAAGGTTGC
AL931	40:A>G	Krm8	604652	TGCAGAAACTTTGATTCTTGAAATCCATTAGTGAAGTCTAAGCCCTACCTTGAGAAAAGTAAGGTTGC
AL932	46:G>A	Krm8	1107756	TGCAGCTCAACATGGGTCCCTTGTGTCCTTTACTTGTATGTTTCAGGACAAGGATGGTGGTCAATTAGG
AL933	31:C>T	Krm8	1594643	TGCAGTGCTGTGAATAGCAAAGAACTCAAACAATATCATTATTTCCCATGAATATACTCCTGCATGA
AL934	32:G>A	Krm8	1690375	TGCAGCCATCAACTCTTCTATGGCGGGTGTGAGCACTCTCTTCAGAAAGCAAAGATTGAAAGTGAACA
AL935	21:C>G	Krm8	1690375	TGCAGCCATCAACTCTTCTATCGCGGGTGTGAGCACTCTCTTCAGAAAGCAAAGATTGAAAGTGAACA
AL936	12:A>G	Krm8	1728002	TGCAGCATTAAACAATGGACTGGCTATTCTATTGCTCTACTAATTAGAGGAATTTACTACAATTCTTAC
AL937	32:G>T	Krm8	1910148	TGCAGATTTGATATGTAATAGAAACTGCATTGTATGGACATCACTTTGTTTTGGGCATGCAGGTTAGT
AL938	41:A>G	Krm8	2005582	TGCAGCGATTTCTGTTCTGAGAAGACATATGGACCAAGTTATTGGGAACTTTCTCCGACAAGGCCTCG
AL939	65:C>A	Krm8	2270802	TGCAGTTGAAATGATTCTGAAAAATTGTGCACACGTGTAAGTACATGTGCGTTTATATACAAACACGAG
AL940	43:A>G	Krm8	2530273	TGCAGGGTATTTGCTTATTCTTCTTACGACCCGGAAGTCAGATGTCAAACCTTGCAGGGTATATTGAG
AL941	58:A>T	Krm8	2816764	TGCAGATAAGAGGAAAAGACGAGGAATTATAGACATTTCAGCCATGCAAGAACTGCTAAAGCGGGAGAA
AL942	23:C>T	Krm8	2846526	TGCAGTATGAAGATTACAGATAACAGATGCGTAACCAATCCTTTTGTCTCGTACCAATGGTCGAGCTT
AL943	30:G>A	Krm8	2846526	TGCAGTATGAAGATTACAGATAACAGATGCGTAACCAATCCTTTTGTCTCGTACCAATGGTCGAGCTT
AL944	10:A>G	Krm8	3071800	TGCAGGATTCAGTGAGTTACAACCTGGGAGTCCGTGCCCCAGCTTCCACATCCGAAGCAAAAAGTTGG

Ek 1. Devam

AL945	35:G>T	Krm8	3651562	TGCAGGCCGTTAATATTGAACATCTTTGTCTGAGTGATAACATCTTGAACCTGCTGCCCTGTTTTGAGC
AL946	17:C>T	Krm8	3652121	TGCAGGCAGTGGATGCACTCCGCCAAGCACTCATCTTAGATGAATTACTGCCTGCTAAACATGATGATC
AL947	13:T>C	Krm8	3771000	TGCAGCAGGTCAGTTTTGTACCTTACATTAGCTTGAATGTCCTCGGCAGAACAGATTCTGAGCTGATC
AL948	15:G>A	Krm8	4477679	TGCAGCAGATACCAAGTACTGGCACAATTACATCAAGGAGAGACGACGACTACAATTCACATTTTAGTG
AL949	48:A>G	Krm8	4477679	TGCAGCAGATACCAAATACTGGCACAATTACATCAAGGAGAGACGACGACTACAATTCACATTTTAGTG
AL950	8:C>T	Krm8	4834087	TGCAGTGACGTGAATGTGAAAAATCACTAAAAATAGTAGGAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL951	5:G>C	Krm8	5641793	TGCAGGGAAGAAGTTGAAGTCTTTGAAGCTTTGGGGTGTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL952	62:G>A	Krm8	5785749	TGCAGGCTATGTTTTCTTAGTTGATAATGTTATATATATATACCCAAGGAAATATCTTTTCTGAACTTC
AL953	6:C>T	Krm8	5785749	TGCAGGCTATGTTTTCTTAGTTGATAATGTTATATATATATACCCAAGGAAATATCTTTTCTGAACTTC
AL954	29:A>G	Krm8	6051515	TGCAGAAAAATGGCATTTCAGGTGTACCAAAGCTGAAGAGATCAACAGCCTGCCAAGATTCAGCAACC
AL955	68:A>G	Krm8	6112156	TGCAGGAAGATGAAAATATGAACATAGTACAGTGAAAATGGCAAAGGAGATAAATAGAAAATGGAAAAAA
AL956	5:C>T	Krm8	6355290	TGCAGCAAATGATAGAAGCTCTGGCAGAAGATTATAGAAAAGGCATATGCTTCTATTCCATGTAACATG
AL957	49:T>C	Krm8	6390260	TGCAGAATGGAAGAGCAGAAAACAAGGCAGCGTTTGCATCAACAGTGGGTCTACTTCTCAGTTATACAT
AL958	31:A>G	Krm8	6390260	TGCAGAATGGAAGAGCAGAAAACAAGGCAGCATTTGCATCAACAATGGGCCTACTTCTCAGTTATACAT
AL959	46:A>G	Krm8	6390260	TGCAGAATGGAAGAGCAGAAAACAAGGCAGCATTTGCATCAACAATAGGTCTACTTAGTTATACATTAC
AL960	9:G>A	Krm8	6390260	TGCAGAATGGAAGAGCAGAAAACAAGGCAGCGTTTGCATCAACAGTGGGTCTACTTCTCAGTTATACAT
AL961	28:T>C	Krm8	6525084	TGCAGAAACCTCCATATGCTAAATTTACTGACTACTAAAAAATCAGAACTGGAAAAAGACAGGCCTTT
AL962	59:A>G	Krm8	6996068	TGCAGATGTTGGTATGGCAATTGGGGCAGGGACAGATATTGCCATAGAAGCTGCAGACTATGTTTTACA
AL963	66:G>A	Krm8	7138137	TGCAGTAGCTGGAATTTTACCTGTTATAGCATTGAAGATATCTGATAAGAGGTTTCCTTGATTACAGAT
AL964	26:T>C	Krm8	7138137	TGCAGTAGCTGGAATTTTACCTGTTATAGCATTGAAGATATCTGATAAGAGGTTTCCTTGATTACAGAT
AL965	68:T>A	Krm8	7138137	TGCAGTAGCTGGAATTTTACCTGTTATAGCATTGAAGATATCTGATAAGAGGTTTCCTTGATTACAGAT
AL966	63:C>A	Krm8	7138479	TGCAGCTTCACATTGAACAAGGACCTGTACTAGAATTGGTTGGTTTTTCTTCTTGCTGTAGTTACAGATC
AL967	40:A>C	Krm8	7323392	TGCAGTTTCTGTGAGCCAAGGATGAGTTGTTGTTGGCTGATCAACTCTTCTTTTTTTGCCACCTCATT
AL968	35:A>C	Krm8	7368180	TGCAGTAGATTAATATTGGAAATCGAATTCCACAACCCAAATTATTCATCCAAATTTGAATTAGGAA
AL969	42:C>A	Krm8	7372373	TGCAGGATAGATAATAAGAGAAATGAAATATAACATGAACTTACAAATTTATGTCCATCATTACAGATCG
AL970	5:T>G	Krm8	7736909	TGCAGTAATTTCAATTTTTTCGAGCCTAGGGATGAAATTGTCATGTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL971	22:T>C	Krm8	7755487	TGCAGAATTTAAATGCAGCAACTGTATCAGCATCACACTCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL972	38:T>C	Krm8	8232843	TGCAGCTGCCATTAATGTCTTGGAGAAGAGAAAACCATATGCAACCTATCAACAGATGAAGCAGTTGC
AL973	7:G>A	Krm8	8958930	TGCAGAAGATGAAAAGAGACTGAGACAGTCAAGGAGTATTCTGAAAAGGCTCCTTACAGATCGGAAGAGCG
AL974	16:T>A	Krm8	9561787	TGCAGAACAAGATTCATACGGAAGCACACAATCAGAAAAGGCTGCATTAGTGAAGCGATATGGAGGACT
AL975	33:T>C	Krm8	12506940	TGCAGTTCAAATTCGAAGCCATGCTCAAAAAGTTTTTCTCTAAGTCTCATTGCTTTGAGTTCATTACAAG
AL976	42:C>T	Krm8	22990865	TGCAGGTTAGTGGCTTTTTATTTCTTCTTGTATATATGTAGACATATTTCTTTACTTTTAGTTCTTACA
AL977	21:T>A	Krm8	22990865	TGCAGGTTAGTGGCTTTTTATTTCTTCTTGTATATATGTAGACATATTTCTTTACTTTTAGTTCTTACA
AL978	8:C>T	Krm8	23349991	TGCAGTTTCAGTGGCAGCAATGAGAGACCATAAGCCTAGTAGTTGATTTGGGAATCACTAGAGGCATCT
AL979	32:T>C	Krm8	24212145	TGCAGCAAATACATTCATTAAGTTAAATGCGTTTTAGACACATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG

Ek 1. Devam

AL980	61:T>C	Krm8	24955928	TGCAGGGGCTGTTGGCTGCACTGTTTCATAATTAGTCATGTGTGGGATCGATCGAATGGAATTATCATG
AL981	47:C>G	Krm8	26158340	TGCAGCCTTGCCAGCTCCAAGCCCTCGAGTCTTGGTCGGAGTGTTGACGGAAACAAAGACTATATCAGC
AL982	25:T>C	Krm8	30181617	TGCAGATTCAATACTCAAATAAAGGTTGATGGGGCCACCAGGCTAAGTTTTGCGGAAGGAGCCGTTGCA
AL983	16:G>A	Krm8	30207637	TGCAGCTGCAATATACGGAACCAACACTACCAAAAACATATTCATGATGTGAAAATATTACAGATCGGA
AL984	15:G>A	Krm8	33260449	TGCAGCTCAAGATATGAATAATTTAGTGACTATGACGCAAATGGACAGTTTTGGATATACATATAAGTA
AL985	29:T>A	Krm8	33607030	TGCAGCAAGAAGCTGAACGTGGCTTGAGAGTGTGGAGGAAAGCTCGAGCATGGTGAGTGAAGATAGATCG
AL986	24:T>A	Krm8	33797417	TGCAGCATTCTGTATCAACTGCTTCTGAAAATGTTCAAAACAGATGTGAAGCATCAAACAAAGAAG
AL987	19:C>T	Krm8	33797483	TGCAGTAAATTCTAGGAAGCCAGAAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL988	22:T>C	Krm8	34398532	TGCAGTTATAGAGTCTAAGAATGCTATGTTAGTTCGATGAAGGATCACCTAACCAAGAAGGGAACATTC
AL989	13:C>A	Krm8	34928599	TGCAGAGAGTTTTCCCATAAGTCTTCCATGGATTCCACATTTGTTTTGGGGTGAAACCTTGAAGATAAAT
AL990	45:T>G	Krm8	34928599	TGCAGAGAGTTTTCCCATAAGTCTTCCATGGATTCCACATTTGTTTTGGGGTGAAACCTTGAAGATAAAT
AL991	63:C>G	Krm8	35753649	TGCAGTGGGTTAATCCAGCTAACAAAGCTTGGCCTAGTAAGGGGTGAGCAAAGGTATGCTTTTTCAAGCC
AL992	66:C>T	Krm8	35935741	TGCAGCATAAACAGGTTTTCATCTTAGCCTGTTCTCTCATCGACAAATTGGTTTAGGTTTTGCTATGCTA
AL993	22:A>G	Krm8	35997649	TGCAGTAAATTACCATTCAACATAGAGTAAGCAATTCCATAGATTTCAAATATATGGTAAAAGTACCACA
AL994	28:C>T	Krm8	36446920	TGCAGAAAACGATGATATTTTCAGGTCCTCACATTTAGCAAAAAAATCTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL995	28:C>T	Krm8	36446920	TGCAGAAAACGATGATATTTTCAGGTCCTCACATTTAGCAAAAAAATCTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL996	45:T>A	Krm8	36446920	TGCAGAAAACGATGATATTTTCAGGTCCTCACATTTAGCAAAAAAATATCTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL997	57:A>G	Krm8	37564406	TGCAGATGAGATAAAATTTTGGAGTGATTGATTTACTTTTCTGTTTTCTAGAAGGTGGAGGGATGGGAGA
AL998	52:T>G	Krm8	37564406	TGCAGATGAGATAAAATTTTGGAGTGATTGATTTACTTTTCTGTTTTCTAGAATGGGGAGGGATGGAAGA
AL999	36:A>G	Krm8	37910585	TGCAGAACAAATAAAACAATTCCTACTAGGCACGAAAGATGGCATCCAAACGAGAATCAAATGAGGTTTCAT
AL1000	5:T>A	Krm8	37910585	TGCAGTACAAATAAAACAATTCCTACTAGGCACGAAAGATGGCATCCAAACGAGAATCAAATGAGGTTTCAT
AL1001	21:A>G	Krm8	38103297	TGCAGTTAGTGTA AAAACAGCAGTGGCGGTGAGATTAGATACTGTAGCGATACTATAGCGTGAGACAAA
AL1002	48:G>A	Krm8	39743221	TGCAGTAAAGCAAACACATAGAAAACCATAATAGACAAGGCTCGAAAACGGGATACCAACAGGCAAAAACC
AL1003	58:A>G	Krm8	39789553	TGCAGGTATCTTTTGTCTAGTTCTTGAACATGATAATTTGGGTTCCATACATGTCCAAATATTTTGTT
AL1004	44:T>C	Krm8	39789553	TGCAGGTATCTTTTGTCTAGTTCTTGAACATGATAATTTGGGTTCCATACATGTCCAAATATTTTGTT
AL1005	39:G>A	Krm8	40025130	TGCAGCAGTCACATGAACCCAAAGATGTTGTATCATCAAGTCTTCAGTCATGTGAACCCAAAAATGTTA
AL1006	14:C>A	Krm8	40227422	TGCAGTGACTTCTCTTTGCTGCATTTCAATACATGATGTTAGCTACGCTTTCTTTACAGATCGGAAGA
AL1007	60:T>C	Krm8	40544448	TGCAGAATTGGGAACCTTACCTCTTATACCTGGAAGAGTATATGGGTAGCGAAAAGTCTTCCCAAAA
AL1008	31:A>T	Krm8	41362082	TGCAGCCATATACATCCTGAGAGTGCCACCAAAGAAAGTTCTTCCATTTCACTTTTCTCGTAAGCATAA
AL1009	17:A>T	Krm8	41362082	TGCAGCCATATACATCCAGAGAGTGCCACCATAGAAAAGTTCTTCCATTTCACTTTTCTCGTAGGCATAA
AL1010	29:A>G	Krm8	41366828	TGCAGTGGAGGATTGCTGAGGCTTGCCAAAGATTAGAACATGATTTTGAGGTTCTTGGTGTTACCGCAA
AL1011	21:T>C	Krm8	41366828	TGCAGTGGAGGATTGCTGAGGTTTGCCAAAGATTAGAACATGATTTTGAGGTTCTAGGTGTTACTGCAA
AL1012	30:C>T	Krm8	41427793	TGCAGCACCGGTCCCGGGCATTCAACCGCACCATGGCACCATGTACAAGGCAGACCCCGGCATTACCGT
AL1013	64:G>C	Krm8	41427793	TGCAGCACCGGTCCCGGGCATTCAACCGCACCATGGCACCATGTACAAGGCAGACCCCGGCATTGGCGT
AL1014	35:A>T	Krm8	41804297	TGCAGTTTTCTTACGCATATGGAGGCAAAGGCTTGAGTACAAAATGTAAAAACAAAAAGGAGTCAAAG

Ek 1. Devam

AL1015	8:T>G	Krm8	41981295	TGCAGATGTCATTGAATAACCGCTAAGTCAAGAGTTCAATGATCTTGTGCATACCAAGCCCTTGATGCTT
AL1016	64:A>T	Krm8	42327219	TGCAGTTCTAAATTTTGGTCACAAATTACATCGCAGAGTGTGCGAAAGTTATGTAAAGTTATAAATAA
AL1017	28:C>G	Krm8	42372339	TGCAGTCTATCTCCTTGAAAATGCAAAGCTTGCATTTCGCTTGTGTGTGAGGTTACTGTTCTTTCC
AL1018	26:G>A	Krm8	42383415	TGCAGTTCGTCACCTCCCTGTTTCGTCGGCTTGTGTTGTTACCATTCTTTAGCTCCACCTCCTAACTCGC
AL1019	36:T>G	Krm8	43908767	TGCAGATGAACCAGCAGGAGAATCGTGGCCGTGAATTCAGCATCGTCGACGTCACAGAGAAGAAGAGG
AL1020	48:G>C	Krm8	43919693	TGCAGACATAGCCCATCCAAGGGAAGATGCATCTACATCTTGGCCACCGAAAGGGTGTTCACTTGGTTT
AL1021	46:C>T	Krm8	43919693	TGCAGACATAGCCCATCCAAGGGAAGATGCATCTACATCTTGGCCACCGAAAGGGTGTTCACTTGGTTT
AL1022	17:G>C	Krm8	43981666	TGCAGTTAAATTA AAAAGGTCAGTATAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT CAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL1023	47:A>G	Krm8	44376361	TGCAGTGCAGTTACTCTACTAGCATCTGGCATGGCTGTTGCCCTTTATATTTCACTTGTAGAATAAAT
AL1024	68:G>C	Krm8	44879801	TGCAGTGGCTGGCCAATTCGCCTTCAATCGTGCTCCCCACTTACAAGCTACCCCTTTCTTCCAGCATG
AL1025	63:T>A	Krm8	44933209	TGCAGACGCTGATGACTCATGACCTACAGCAAATAAAAAATGAAACATAGAAGTACTGTAATGTTAAGGT
AL1026	29:C>A	Krm8	46129013	TGCAGATAGGTGCAATGGGGGTGAAAGGGCAAAGAGTCGTTTATGGTTTTGTGTTTGGAAATGAGTGAGC
AL1027	68:G>T	Krm8	46337712	TGCAGACCGAAGGCATGTCTTTTCCAATGAGCTTCAGAAGGTGGGGTCGGAAGGCGGGAAAGTGTTACG
AL1028	57:C>T	Krm8	47426767	TGCAGCAACCAAAGCAATCACAACAGACCCCAATTTCCAATCTGCTTTAGCGGCGGCCCTCACATCAAT
AL1029	46:C>G	Krm8	47554615	TGCAGTAACCATGGTATT CAGTACAGTTTTTATGGAAACTGATTTGCGTTACGATTGGAAGTATTTGGT
AL1030	38:C>T	Krm8	47554615	TGCAGTAACCATGGTATT CAGTACAGTTTTTATGGAAACTGATTTGCGTTACGATTGGAAGTATTTGGT
AL1031	29:T>C	Krm8	47611693	TGCAGTTGTA AAAACACCAAAGGGATCCGCTCAAAGCGCTTCAAATGTTCAATGCAGTAAAGAAAGAAGA
AL1032	44:C>T	Krm8	47982364	TGCAGTCTCACGGTCGGATTGTTGATGTAATAATAATTTCTGCCAGGATAGGCTTCCACTCGGAACTG
AL1033	56:G>T	Krm8	48015982	TGCAGCATCAAATTTGCTGAATACGAGCTTTTGCACAGTACCGGAGCTATCCTTCTGATGAATCTCAAC
AL1034	22:C>T	Krm8	48170183	TGCAGTACTTGATTATGCACCTCTCAACTATTTGCTCTGCATATTACTCCTAAGCAACCTTTGCTT
AL1035	37:C>T	Krm8	48176684	TGCAGTTTGTATTACTTTTTTTTCCCTAATGGCTAAGCATTCTTCTTATAGTTACAGATCGGAAGAGCG
AL1036	6:T>A	Krm8	48246969	TGCAGATCACTTGA ACTCTACTGGCTTTTCTGTTGGTTCTCTCAAATCTCGCGTGACGTCTAATTGA
AL1037	31:T>A	Krm8	48255379	TGCAGAAAGA ACTGCTCTTGGAGGAGCACAATGTAGTTGCTGCATAAGCTGTGTTGTCAAGATAAGCCT
AL1038	42:C>T	Krm8	48489391	TGCAGCGCCACACTAACCTGAAATGAGCTTGCTGCATTGGCCGGTCTTGAACCCATGAATTTACAGA
AL1039	6:C>G	Krm8	48524301	TGCAGACAAGACTTAATCCGCCATACCTAACAACTGTGTTTACATTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL1040	42:C>T	Krm8	49032949	TGCAGAGTCGCTTTACGTTGGATCAAAGGTTCCCCAGTCACCTTCAAGAGAATAAAGAACCCAAAAAG
AL1041	5:T>A	Krm8	49032949	TGCAGTGTGCTCTTTACGTTGGATCAAAGATTCCCCAGTCACCTTCAAGAGAATAAAGAACCCAAAGAAG
AL1042	58:T>A	Krm8	49063166	TGCAGTAGGAGTTCCTTGAAGAGGCCTTCAAAGTTATGTTTGAGATTTTCATGTTTTTTGTTTTGCTAG
AL1043	63:T>C	Krm8	49063166	TGCAGTAGGAGTTCCTTGAAGAGGCCTTCAAAGTTATGTTTGAGATTTTCATGTTTTTTGTTTTGCTAG
AL1044	29:G>A	Krm8	49313401	TGCAGATTGTCCACAAGAAA ACTGCTTCGGTCTGTGCTTGACCACAGTCAAGAACGAGGATAAGTTGG
AL1045	67:T>C	Krm8	49665166	TGCAGAAACAAATGAACTGAATATAATGGAGATTAGTAGATAGTCATAGGACTTAGATCTTACACCTTA
AL1046	8:C>T	Krm8	49665166	TGCAGAAACAAATGAACTGAATATAATGGAGATTAGTAGATAGTCATAGGACTTAGATCTTACACCTTA
AL1047	5:A>G	Krm8	50956446	TGCAGAGTCACTCTCAGAGTCCCAAAGGTCAGTTGCTAATACTGGCCCTCCAGTTATTGAACCAATCCC
AL1048	64:C>T	Krm8	51174795	TGCAGGAGGCGCTTTTCTTTTCGTGATTCGGCTTTTCTGAGGAAGCTGATGTCGAAATTGGCTTCCCCA
AL1049	34:A>C	Krm8	51472698	TGCAGTCAGATTGCTTTCTGTTGCTCTATGGGTATGATCCTCATCATCGTCCAATCTCGAGTCTTTAA

Ek 1. Devam

AL1050	31:G>A	Krm8	51472698	TGCAGTCAGATTGCTTTCCTGGTGTCTATGGGTATGATCCTCATCATCGTCCAATCTCGAGTCTTTAA
AL1051	13:A>G	Krm8	52698934	TGCAGATCTTGGTATTTGATTTCTGATATTTTCATGAATTGTGCTAATTGGTCTAAGCTTACTTTTCTT
AL1052	65:C>A	Krm8	53804677	TGCAGAAAAGCGGAAACGGAATTGCAGGCTTTGACGGCGGGCAGAGGAATGAAAATTCGTGCTTACAGA
AL1053	28:A>T	Krm8	53966448	TGCAGAGTTGCAACAGCACGGATGATATAGCAGACATACCTGTCATCACGAAATCAAATTACAGATCGG
AL1054	61:G>C	Krm8	54006028	TGCAGAGCATATATATGCTATACCTAATAAAAATCTTGCAAGCACAAAGATGCGCCATTTAGTTTATGT
AL1055	45:T>C	Krm8	54163745	TGCAGCTATTAATCTGCATTAGTCACAACCGGTATTGCCATTACTGAATCTTTTCATTGCTTTTCCTT
AL1056	30:C>T	Krm8	54393902	TGCAGGGACATCATAGCCGAGTCTCCAGCCTGCAAAAAAATTCGACAAGAAAAGAAAAAAGTTTATTG
AL1057	65:A>G	Krm8	54898727	TGCAGTTTAACCATCACTGCTGATTCAGCCGATACCGACATCTGCTACTACAAGTTCAAACAAACAAAC
AL1058	36:A>G	Krm8	55336304	TGCAGCTAAATAAATATTGGGAGAACCCTTGTGTAACATGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL1059	46:T>G	Krm8	55338364	TGCAGTTTATTCCATACTCATTTATAGAGAAAAGAAGCTAGCCATGTTGAGGGATTTAGTCTGAATTAG
AL1060	52:C>T	Krm8	55519618	TGCAGTTCATCGTAGGTATCACGATGGATAAATTAGACCGATTTCACTAAATCATTATTAGTAAGTTTA
AL1061	59:C>T	Krm8	55674790	TGCAGCTTGTGAACTGTGACACACCAGGGTTTTCAACAACCGCCATGACTGGTTTTTTTTTCTCTAAATT
AL1062	27:G>A	Krm8	55674790	TGCAGCTTGTGAACTGTGACACACCAGGGTTTTCAACAACCGCCATGACTGGTTTTTTTTTCTCTAAATT
AL1063	56:A>C	Krm8	55734165	TGCAGTAAAAGTCATAATTAGTCCAACCTTTTTCTGGTGTGCAGGATTTGCTTTCATATATATGGAAGAT
AL1064	36:A>T	Krm8	55740171	TGCAGCTGTCTGAATCATTACTTCAAGCTTCAATAAAAACAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL1065	6:C>A	Krm8	55914059	TGCAGACATTTTATAGATTCCGATTTTTGTCTCCAACCCAGAGGCGACAGCTTCACCCGCCGGTCCGTTT
AL1066	40:T>C	Krm8	55957343	TGCAGACATTAATGTGTCCTATGGTGGAAATCAAGCCAATTTTACCTATTTCATTCATGGAGACAATTC
AL1067	54:C>T	Krm8	56157101	TGCAGCTTTTCGCTTTTTGGAAGACACAGCTACATCAACAGGCTCTTGAGAACCCGATTTTTTGGAAATC
AL1068	11:G>A	Krm8	56157101	TGCAGCTTTTCGCTTTTTGGAAGACACAGCTACATCAACAGGCTCTTGAGAACCTGATTTTTTGGAAATC
AL1069	10:C>T	Krm8	56157101	TGCAGCTTTTCGCTTTTTGGAAGACACAGCTACATCAACAGGCTCTTGAGAACCTGATTTTTTGGAAATC
AL1070	67:C>A	Krm8	56741806	TGCAGCAAATTAAGCAAAGCTAGCTGTTGAGGAATATTGGGCCAGGGCAAGTACCCTCAATATTACA
AL1071	55:T>A	Krm8	56792099	TGCAGCTGTGCTGAACCTTTTCCCAATTCATTTCTGCCACTGTTTTCCCTGAATTTATTGTTTTTAC
AL1072	15:T>C	Krm8	56792099	TGCAGCTGTGCTGAACCTTTTCCCAATTCATTTCTGCCACTGTTTTCCCTGAATTTATTGTTTTTAC
AL1073	30:A>G	Krm9	66329	TGCAGTTATCTGTTTGGCCCCAAAAATTTGAAAGTCATTTGCTCAGTGTAATAATGTTTTTTTACAGA
AL1074	46:G>T	Krm9	66329	TGCAGTTATCTGTTTGGCCCCAAAAATTTGAAAGTCATTTGCTCAGTGTAATAATGTTTTTTTACAGA
AL1075	59:T>C	Krm9	66329	TGCAGTTATCTGTTTGGCCCCAAAAATTTGAAAGTCATTTGCTCAGTGTAATAATGTTTTTTTACAGA
AL1076	47:C>A	Krm9	143109	TGCAGCAGCAGCAGCAGTGGTAGTGGAGTTGGAGTTGCCTATCATATCCTTGAAAATTAGTAAAAGCGT
AL1077	19:T>C	Krm9	235668	TGCAGTTTCAAGGACTTGATATGCAAATTTACTATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC
AL1078	20:A>G	Krm9	235668	TGCAGTTTCAAGGACTTGATATGCAAATTTACTATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC
AL1079	65:G>A	Krm9	239911	TGCAGACAGAGTAGATGGCTGGTACTTAGGTTCTCTCATCACTATTATCTGCGTATATTTGGAGACT
AL1080	38:T>C	Krm9	487637	TGCAGACACAGAGAAGTTCTACACTGAAGTCCAGGAAATGATTCTTGCTAGATTCAATAAAAACCTTTGA
AL1081	39:C>G	Krm9	487637	TGCAGACACAGAGAAGTTCTACACTGAAGTCCAGGAAACGATTCTTGCTAGATTCAATAAAAACCTTTGA
AL1082	25:G>A	Krm9	487637	TGCAGACACAGAGAAGTTCTACACTGAAGTCCAGGAAACGATTCTTGCTAGATTCAATAAAAACCTTTGA
AL1083	65:G>A	Krm9	554927	TGCAGCTCACGCATCATTGATTCCAAAATATTGTTTCAGTAGATGAAACAGGGAAAGTTTCTGCAATGTAG
AL1084	38:T>A	Krm9	561100	TGCAGTGCTCATAGTTGTGGTTTCCTTCATGCACACCTTGACTATGAAGGATGTTACCATGAAAACCG



Ek 1. Devam

AL1085	53:G>T	Krm9	561166	TGCAGGGCTACTTTTTGCAGAAACCAGTCACCACATTTGGAGCACCACAACATGGGAAATGCTGTTCCCT
AL1086	30:A>G	Krm9	589953	TGCAGCTCTCATCATTACAGGTTTCTAAACTTGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAAT
AL1087	47:A>G	Krm9	1091849	TGCAGTCAGATATCTAATTTAGATCACCACAATGTCATCATATACTCAATATTATTGAGCACTAACGAA
AL1088	23:A>T	Krm9	1360837	TGCAGAACTGAACCCGTAGCAAAAAGGGTTTTACCATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL1089	17:T>C	Krm9	1425887	TGCAGCCTCAGCAATGTTGCCGCTCTTTCAGCATTAGCCCAGCAACACCAAGAAGATGACCCATCATCT
AL1090	60:G>A	Krm9	1744917	TGCAGGCACAAGCTCAAGTTCAGTGCAGTGCATATGTCTCAACAAGTCCAGAAAGCTCGAGCATCTC
AL1091	52:T>C	Krm9	1923288	TGCAGCTCACCCATTGTTGCGCATGCAACCAAATTCGAAGAAAGTAAAAGATTTACCCATGTACTTTA
AL1092	26:G>A	Krm9	2399991	TGCAGATAATTACATTTTAGTCCTTTGGCACCATTGGTGCCGCCACAGGTTTTCTTTTTGCAGGTTTT
AL1093	12:A>T	Krm9	2798587	TGCAGAAATTTAAAGTGGGGTCAAAGGCAGGTGCTTGTGATCATCACAGCCAGGACTTCTTTTTGTTT
AL1094	54:T>C	Krm9	2958536	TGCAGTGTATTATCTCAGCTTTTTGTTTCACAGCACAGGTTTCCCTGTTTCTTTTTCTTCTATCTCT
AL1095	48:T>G	Krm9	3585633	TGCAGTTTTATTAGGGAACATAATCTCTATTACAGCACAAAGGAAAATAAATAATTTTTTTGTTACAG
AL1096	30:A>G	Krm9	3823754	TGCAGACTGTAACAGAGTACCCGGCGTGGAATATTTTTATGGCCGCCAAATGGTCTTTAGGTCTTGC
AL1097	64:T>A	Krm9	4699377	TGCAGTCCCTTTTATTTACAGTGAGTGGCATAAGAACTATTACGTGTTCTCATTTTCAGGACATTTTAGG
AL1098	51:C>T	Krm9	4734708	TGCAGAAGTGCAGATGCTCTGCACTTTTATATATCAAAAAGAAAACTTTGGCTATTACCATCGATTAC
AL1099	50:A>G	Krm9	4766551	TGCAGTGTGGACCATGTTAGCTGAAGATTCCGAAAATAAGTATATGCATATCATTTTACAGATCGGAA
AL1100	10:G>T	Krm9	4942948	TGCAGTACTAGCGGCATTTGTTAGATTTTCAGAGCAGTTTCAGGTATCAAGAATGAAGACACTGTCACA
AL1101	48:G>A	Krm9	4947973	TGCAGCATATTCCTGCTCTTTTCAGTATCCAAATTTTGGAGTAGAGACCAATTACTACCAAACAAA
AL1102	26:C>T	Krm9	5008471	TGCAGGTATGGGACAAAATTTATGGACGAATATCAAGCTATAATTACGAAAAGCTTGGCCTCCAAAAG
AL1103	12:A>C	Krm9	5009842	TGCAGTTTGTCATAAATCTTTAGCAATGGTCTCATTTTAGTAGGTATCAAACAAATCAAGCGATAGAC
AL1104	22:T>A	Krm9	5009842	TGCAGTTTGTCATAAATCTTTTGAATGGTCTCATTTTAGTAGGTATCAAACAAATCAAGCGATAGAC
AL1105	58:G>A	Krm9	5215096	TGCAGTTGCATGTTCCCTTTTATCTGAGACAGAAAATTCAGGAACCAATCGAGCTTGGGGAGAGTTCAGT
AL1106	26:A>G	Krm9	5215096	TGCAGTTGCATGTTCCCTTTTATCTGAGACAGAAAATTCAGGAACCAATCGAGCTTGGGAAGAGTTCAGT
AL1107	11:A>G	Krm9	5271685	TGCAGGCTTCAAATCCAGATATAGTGGACAAACATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL1108	18:G>A	Krm9	5327960	TGCAGCCTGTAGAAGAAAGAAATAATTGCATTGATAACTGTGTTTTTATCTATGCCCCACCAAAGCATA
AL1109	54:G>A	Krm9	5371106	TGCAGTACATACCACTAGCATGAACATTGATGGGCAGTTGGATAGCAACAGAATGAGCAGCAGAATGAG
AL1110	35:A>T	Krm9	5371106	TGCAGTACATACCACTAGCATGAACATTGATGGGCAGTTGGATAGCAACAGAATAAGCAGCAGAATGAG
AL1111	61:C>T	Krm9	5387006	TGCAGACGAGATTGCTTGCTTCTATCATTATTTTATTTACATTTTGGACATAATTTACTACCGCAAAAA
AL1112	24:A>G	Krm9	5507533	TGCAGTAGCTCCATCATAGCCTCCATCATCAAGGACCTATGTATAGGAAGAGAGAAGATTGTTACAGAT
AL1113	65:A>T	Krm9	5507533	TGCAGTAGCTCCATCATAGCCTCCATCATCAAGGACCTATGTATAGGAAGAGAGAAGATTGTTACAGAT
AL1114	29:T>C	Krm9	5575862	TGCAGACTGACGCAGAATTCCTCAACTTTAGTTCCTGTTGCAGAAACAATATTATAAGTGAAGAAA
AL1115	28:G>A	Krm9	5579108	TGCAGATAAGCTTGAACCTCTCAGCCTGAGTATTATTGTTTCTAGGGGACACAACATCTGAACCATCATC
AL1116	9:A>G	Krm9	5590462	TGCAGACCGAGATGCTGTTTTAGCCAATGAAAACATTGCAGAAGAGTGATCCTGATTATAGAGTCATTAT
AL1117	22:C>G	Krm9	5599239	TGCAGAAAGTTCTTACAAAAGCTTATCATAAGCTTCAAAAAGTAGGAGCCTTTAGATTGAAAAAAAAG
AL1118	44:A>C	Krm9	5603629	TGCAGTCTATAATTTCCATTTTCATACCATTCAAATCAGCCAGACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL1119	46:A>C	Krm9	5739616	TGCAGGAAGTCCATTTTGAACCTGCAACTGCATGTATGCCATTGCTAACCCAGCCCCCTGGACTGGTC

Ek 1. Devam

AL1120	54:T>C	Krm9	5747477	TGCAGGTTCAAGAAGCCATCGATCAGTGACATCTGTGGAAGTATTACTTTCACTTTTCAGAAGCAAAAAT
AL1121	8:T>C	Krm9	5938836	TGCAGTTGTTCTTTGGTGACACTAAGTACATTGAAGTTTGCACAGAGGGCTAAATTTATTACAGATCGG
AL1122	68:G>A	Krm9	5938836	TGCAGTTGTTCTTTGGTGACACTAAGTACATTGAAGTTTGCACAGAGGGCTAAATTTATTACAGATCGG
AL1123	40:A>G	Krm9	6278934	TGCAGTAGAGCTACTGATTGGTAGTATCAATCCAGACTCGATAAAAAGAAGCTCATTGGATTACTCATTAA
AL1124	52:G>A	Krm9	6278934	TGCAGTAGAGCTACTGATTGGTAGTATCAATCCAGACTCGATAAAAAGAAGCTCGTTGGATTACTCATTAC
AL1125	7:C>G	Krm9	6307357	TGCAGATCCCATCATCATGGTAGGTAATGCGCGTCTTCCACACTTTGTATAAACCTTACAGATCGGAAG
AL1126	19:G>A	Krm9	6307357	TGCAGATGCCATCATCATGGTAGGTAATGCGCGTCTTCCACACTTTGTATAAACCTTACAGATCGGAAG
AL1127	43:T>C	Krm9	6332297	TGCAGCAAGAGCAGCCAACCTTAGAAAAATCCACTTCAGGGAGATCACTGCAAAATATGTAGCCCCATTAA
AL1128	31:C>G	Krm9	6338026	TGCAGAAGTACAAAAGGGTACTAACTTTTTCTTTTTTCGCATATTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL1129	51:T>C	Krm9	6370774	TGCAGTTGGCAAACAGATGCTCGAGTCACAGAACCTAGGCATCTCGGGTGGTATTGCACATCGTATCAA
AL1130	8:A>C	Krm9	7453727	TGCAGTCAACATCTGCTGTGAATTGTAGAGTTCCTGAAGCTCAGTAATTTGCTGCACAAAAGTAGAGAA
AL1131	36:A>G	Krm9	7464111	TGCAGTATAATACTAGTACTATTACTTATTGATAATAATCAGCAGTGAGTATTTTGCCATTTTCCAGT
AL1132	13:G>A	Krm9	7609069	TGCAGAAGCTTGAGCCAATCTCACATGGTGGAGGTTTCAAAGAGCTAAGCTTTGCTGTTACAGATCGGA
AL1133	33:C>T	Krm9	7804735	TGCAGCAAACGTCAGAGTGGATGTGATCTGCAACGCAAAAAACATATGATCAAGACAACAGAACTACA
AL1134	30:C>A	Krm9	7929489	TGCAGTTATTATTGTCTATTATTTTCTTACCAAAAATTCCTGGCTGAGTAATTCATTTCATTTGTCTTAC
AL1135	41:T>G	Krm9	7993554	TGCAGTTGCAAGTCGCTTCTCCTCCCATTTGGTTTTTTTTTTTTTTTAAACACTGAACTGTAATCACCAT
AL1136	7:C>T	Krm9	8002910	TGCAGAACCATATTCTCCAAACTCACTTTACTAGATTAGCATAATACAACATGACATGACTTTATAGAA
AL1137	36:G>A	Krm9	8074885	TGCAGCAGCATCAGCTGACGATTTATATGTTGCCTCGAGAGTACATATTGCAACAGCAGTATCCATGTT
AL1138	18:C>T	Krm9	8074885	TGCAGCAGCATCAGCTGACGATTTATATGTTGCCTCGAGAGTACATATTGCAACAGCAGTATCCATGTT
AL1139	15:T>A	Krm9	8214261	TGCAGGATTAATGGCTTGCTGCATACTATTTTATGTCATGGACCTCACTCTCTCTGATGCAGCCATT
AL1140	17:A>G	Krm9	8284602	TGCAGCCGTTTGCAGCAATTTTGTGGCTTAGCCACAAGAAAATAAAGCTTGGTAACAACCTTGTCACCT
AL1141	11:T>C	Krm9	8384053	TGCAGCTAGAGTCAAATTTACAAAAGCTGCGGACCTGGATGCGGATGTCTTTTTTCTTTTTTGTACGTT
AL1142	54:T>A	Krm9	8410716	TGCAGTCACTAGTTGGACTAGACAGCAAGTGAAACTGCGAAACCCTGAATAAATTTTAGTATAAGCAAA
AL1143	5:A>G	Krm9	8501048	TGCAGAGTACTAATTCTACTCTACTTTGTCCCTTCAGTTTGGACTTTCCATAATTATTTTATTTTA
AL1144	68:A>T	Krm9	8501048	TGCAGAGTACTAATTCTACTCTACTTTGTCCCTTCAGTTTGGACTTTCCATAATTATTTTATTTTA
AL1145	50:A>C	Krm9	8599229	TGCAGCATTGTCTACTACTCCCTCAGTTTGGCAGCATTATTCGCAAGTAGAAGTTTCGTAGCACCTGAAA
AL1146	13:T>C	Krm9	8599295	TGCAGACCATCCATTTTAGTAAACCAAATAATTTAGTACTTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCA
AL1147	48:T>C	Krm9	9015434	TGCAGTCAATATCCTGTTGGTATATATGGTACAAGAGAAAATTTGTTCAATTATTACAGATCGGAAGAGCG
AL1148	43:G>C	Krm9	9015434	TGCAGTCAATATCCTGTTGGTATATATGGTACAAGAGAAAATTTGTTCACTATTACAGATCGGAAGAGCG
AL1149	8:T>C	Krm9	9053695	TGCAGTTTACAGCATACCTGTATCTTATGTACCTGCTTATAGACATACAGGAAAATTGAATAAATTA
AL1150	7:T>A	Krm9	9186790	TGCAGGCTACTAAGTGCTAAATTTATGCACAAGCTAGCTTGTTCCTTGTGTACTCATCTTCAATCTC
AL1151	20:A>G	Krm9	9186790	TGCAGGCTACTAAGTGCTAAATTTATGCACAAGCTAGCTTGTTCCTTGTGTACTCATCTTCAATCTC
AL1152	39:A>T	Krm9	9192470	TGCAGCATGATTAACCTTTCCAAAACATGAAATTTAGTAGGCTTTTCAATACGTAATGTATACTTAG
AL1153	6:A>T	Krm9	9196891	TGCAGCATTAATTACGCAGTCTAGCATATTACTTCTCAAAAAGCATTTTTGAGGAATTTTCTGTTTGTG
AL1154	42:C>T	Krm9	9196957	TGCAGCCCTTCCATTTTGGCCGCTAACTGCCATTTCAAAAACCTGGCTCTCAAACAAAAGCAACCCCAA

Ek 1. Devam

AL1155	11:T>C	Krm9	9245731	TGCAGCTGTTTTAATGGAGTTTATTCTATTTCTTAGGGATGAGATGATGATGATGATGAATCATAT
AL1156	45:A>T	Krm9	9447463	TGCAGTAAAAATATGAAGAACCAGCTTGAAGAAACCCCTTCTATGGAGTTTTAGCTTATGAGAATGCAGA
AL1157	53:A>T	Krm9	9632608	TGCAGGGAAGTGGTTTTCCCTTTGAGACAGAAGGCCAAAAAAGGAAGACAGAGTGGTATTTTTAGTT
AL1158	37:G>A	Krm9	9632608	TGCAGGGAAGTGGTTTTCCCTTTGAGACAGAAGGCCAAAAAAGGAAGACAGAGTGGGATTTTTAGT
AL1159	9:G>T	Krm9	9669597	TGCAGAGTTGAACCAATTTTATGGTAAAAGAACTCCATCAATATAAACAGGTCAAGTAAGGATGCCATG
AL1160	12:T>C	Krm9	10163888	TGCAGGTAGATATTTATATCTCATTTACAAATATCCATCAGAAAAATGATGGGGTACAAAATTCAGCT
AL1161	40:C>T	Krm9	10175320	TGCAGTGTGAAAAGTTGAAGGCAGAGGCTGCCACGTTGCCCGAATCCGGACAGAGCTAGAAGCTTGA
AL1162	40:G>T	Krm9	10257429	TGCAGCTCTTCGGTTCAGCCGGGAAAGATACGGTATCCTTGGAGGAGGGAACTGGCATCTCCAAGTCAA
AL1163	30:C>T	Krm9	10257429	TGCAGCTCTTCGGTTCAGCCGGGAAAGATACGGTATCCTTGGAGGAGGGAACTGGCATCTCCAAGTCAA
AL1164	6:T>A	Krm9	10257429	TGCAGCTCTTCGGTTCAGCCGGGAAAGATACGGTATCCTTGGAGGAGGGAACTGGCATCTCCAAGTCAA
AL1165	14:T>C	Krm9	10399346	TGCAGAAGCGAAAATTCTGCCAACAGGTGACACTAGTCATTGAAGCTTTGTCCTTATAATATGCATTT
AL1166	16:C>T	Krm9	10714530	TGCAGAACATGTCAACCTTGGTACGAATCAAAAAGACAGGACTTCAAATCTTGTACTATTGTCATTGG
AL1167	36:A>T	Krm9	10830317	TGCAGGAACATCATGTAGCCCCATTTTCTGAAACCCAGGAGTGACTGTTGATTAGGTAACCTTGTAAG
AL1168	17:C>G	Krm9	11192620	TGCAGGTATTGGTGGGGCTGTAATTTGAAACCAAGAAGATGATGAGCAAAAACGAAACATCCTTCTCA
AL1169	14:T>G	Krm9	11192620	TGCAGGTATTGGTGGGGTGAATTTGAAACCAAGAAGATGATGAGCAAAAATGAAACATCCTTCTCA
AL1170	6:G>A	Krm9	11564423	TGCAGTGGTATGGGCCCTGATTTTCGAGTTTTGGTTCAGAAAAGTAGAAAAGCAGGCAGAACAGTATCAT
AL1171	57:A>G	Krm9	11564423	TGCAGTGGTATGGGCCCTGATTTTCGAGTTTTGGTTCGAAAAGTAGAAAAGCAGGCAGAACAGTATCAT
AL1172	44:C>T	Krm9	12042238	TGCAGAGAGCATGGATGCCATGCTACTGCAAAACACAAGCAATCTCACAAATCAGGAATTGGTGCATGGG
AL1173	63:G>C	Krm9	12080039	TGCAGAAGTCACCTACGAGCCTGATATCACCACAAACCAGCATAGTTCCCAAGTGATGAATGGCCCCC
AL1174	64:C>A	Krm9	12080039	TGCAGAAGTCACCTACGAGCCTGATATCACCACAAACCAGCATAGTTCCCAAGTGATGAATGGCCCCC
AL1175	44:T>C	Krm9	12096647	TGCAGTCTCTTATTTTTTCTTATCATTTGTCTATCACGACCTCTGCCCAATTTTCCATCAAGTT
AL1176	11:C>T	Krm9	12108217	TGCAGCAGCAGCAAGAACAAGAAAAAGACAGCAAGAAGGACAGATCACAGCATCTCAGGTTACAGACAC
AL1177	54:T>C	Krm9	12804756	TGCAGGGGCTGCAAGTTTTCTGAATTTCTATATCCTGTTACGGGGGAACTGGCTTCTCTACTATGGG
AL1178	10:C>T	Krm9	12896698	TGCAGGTTTTCGGAACACTAAAAGAAGATTTACAAATGAAAGTCATCCAACAACCTTATCTGTGCTATA
AL1179	23:C>T	Krm9	12900084	TGCAGTATTTCTCTGACCGGGTACGCTTCTTCTCATAACTTCAATATTCATTTCGATCACCCCTGTTCTG
AL1180	10:G>A	Krm9	12933692	TGCAGCTAAGGCATTCAGAAAATAAAAAATATTAGCAAAATTTGACTAGAAAAACGTAATAATAATAAT
AL1181	60:A>G	Krm9	12968641	TGCAGCTGCTGAGGTTATCGCCATGGATAAAAGTGATGAAAAAGTGTGAATAGGAAAGCGAGGGAGTCT
AL1182	27:C>T	Krm9	12975628	TGCAGCATGAGGCCAAGTTACTGGAAGCTTGCCCTTCTAGTGCCTTATTGGGGGTGTTTGAATTTATAAG
AL1183	35:C>T	Krm9	12975628	TGCAGCATGAGGCCAAGTTACTGGAAGCTTGCCCTTCTAGTGCCTTATTGGGGGTGTTTGAATTTATAAG
AL1184	11:C>G	Krm9	12976188	TGCAGTACTTCAAACATACTCAACTGAGGCTCCCAAACCTCATTTGTAGCCAGTTCTAGGTAATCTATAT
AL1185	45:A>G	Krm9	13392658	TGCAGGATTAATGCAACTGAAAATGCAGCAGTGATTTTCATCCACAGCATCATAAGCTCGGTACGTGCA
AL1186	39:G>C	Krm9	13721186	TGCAGATGTGCCTGATAGGGTCAAGTTCTTGAAGGGCGGCCCTGGAATTCGGAACATTATTGTTTTTT
AL1187	52:A>T	Krm9	13868534	TGCAGCCTTCTTGTGAGCCTGAGCTACACGGCGTGAATTTGATTGTCCAAGAAGCCAAAAGACTTCCCCT
AL1188	43:T>C	Krm9	13872395	TGCAGTCATCAATGTTTATATTCATCTTCTGCTAAGGCTTTCATATATTTGCCTTTGCTTTGGTGGGG
AL1189	12:T>C	Krm9	13872395	TGCAGTCATCAATGTTTATATTCATCTTCTGCTAAGGCTTTCACATATTTGCCTTTGCTTTGGTGGGG

Ek 1. Devam

AL1190	9:C>A	Krm9	13872395	TGCAGTCATCAATGTTTATATTCATCTTCTGCTAAGGCTTTCATATATTTGCCTTTGCTTTTGGTGGGG
AL1191	46:T>G	Krm9	14025841	TGCAGTTAACTTGGGTCCATTGCAACTGTTTGAGTCCCTTCAGTGATTGAAGAGCGATGGGTTTTACAG
AL1192	68:T>C	Krm9	14070390	TGCAGGTTCTGTTTCTCAATTCTCCTTCTCTTCACCTTGAGAGGTAGCTCAGTTCATAATTGGCAGTTAT
AL1193	60:A>C	Krm9	14208917	TGCAGTTGCCCGCGTCCAAACGAAGAAATATATAGTATATAGATAAATGGCAGTCATTTTCAGCTTTATG
AL1194	36:G>C	Krm9	14241087	TGCAGTTTAAAACAAAGTGCTGTCTCACGAGCCTCTGATGACTTCTACCCAAAAGAGCCTACAACATGG
AL1195	42:T>C	Krm9	16197564	TGCAGTGTCTAGAGTGGAATGTATGGTGCAGCAGGATCAAACCTCATTCCACAAAAGTGTAATATGTAT
AL1196	31:A>T	Krm9	16244242	TGCAGAAAACCCCAACAATGACAATGTGCAGTACTCATCATTCAATATCATATAAAAAAGAGATTAATG
AL1197	24:T>C	Krm9	16505799	TGCAGTTGGGACTTGTATAGAATTTGGAGTACTCTCCACATCAATGAACTCATCAATCCAATACATAC
AL1198	34:A>T	Krm9	16774155	TGCAGCAGCTTGTACATATGAAAAGTCCCTCTAAAGCATCTTGATACATTAGCTTCAATCATAATCTGG
AL1199	35:G>A	Krm9	17458926	TGCAGTCATTGCAGTTCATCTTATTACATAAAATTTGTCGAAAACCGCTTGATTTTACAGATCGGAAGAG
AL1200	5:G>A	Krm9	17557317	TGCAGGCGTCTTTGGACATTGAACGACCCACTTATACGAATCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL1201	38:G>C	Krm9	17557317	TGCAGACGTTCTTTGGACATTGAACGACCCACTTATACGAATCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL1202	15:G>A	Krm9	17649401	TGCAGCATGCCGATCGTCAGCAGAGAGCAACATAATTTGTTGCAAATTGCTCAATTTCTCCAGATATGTA
AL1203	34:T>A	Krm9	17650530	TGCAGCCAGTCCCTCAAGTCTTAGGTATAATAATTTTCTCATTGCTCCTTTGCATTGTAACTGTAAA
AL1204	49:T>C	Krm9	17650530	TGCAGCCAGTCCCTCAAGTCTTAGGTATAATAATTTTCTCATTGCTCCTTTGCTTTGTAACTATAAA
AL1205	65:A>C	Krm9	17764957	TGCAGCGGCAGACCAAAAAGCGAATCCTTCCCCTGCTCCACAACTTTCACCAACAATACAATCAAAAA
AL1206	55:G>A	Krm9	17769900	TGCAGGAGTCGGAATGAGGTAAACTGGTTGGTTTGCAGGGGGCTGCGGTGCGAGATGTGCAATAAGCAGC
AL1207	40:T>A	Krm9	18337737	TGCAGTTGATGCTCTTTCAATTTGGTTAGCTCCACTTACTTTGCTCACCTTTATTATTACAGATCGGAA
AL1208	23:A>G	Krm9	18415225	TGCAGTTTGGAAATCAGGGCAACCATCATTTCCTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL1209	12:A>G	Krm9	18445361	TGCAGGCAAGCCATAAAAAATCTTTTTGTATCCAAAGAAAACCTAAGTGATGCTATCCTCGCTGACATATA
AL1210	22:T>C	Krm9	18460395	TGCAGTTAAAGCTTGTCTTCTTGTTCAGATTGTTGTAGTCAAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL1211	36:C>T	Krm9	18768171	TGCAGGTTTGTATCGACAGATTTTCTCTGATTATGCAACTTCTCAAATAATTCTAACAATTTTATGA
AL1212	64:G>T	Krm9	18768171	TGCAGGTTTGTATCGACAGATTTTCTCTGATTATGTAACTTCTCAAATAATTCTAACAATTTTATGA
AL1213	11:C>T	Krm9	19402006	TGCAGGTGGTCCCTCTGCCAATTTCTAAACAATGCTTGCATCTGTTTGAATTACACAAACGATGACA
AL1214	12:C>T	Krm9	19485305	TGCAGCAAGAAGCAGCATTTTGTAGCTTATTGAAGAAAAGAAACATCTCATATTTAGATCCTATTACAGAT
AL1215	68:T>A	Krm9	19485305	TGCAGCAAGAAGTAGCATTTTGTAGCTTATTGAAGAAAAGAAACATCTCATATTTAGATCCTATTACAGAT
AL1216	56:G>A	Krm9	19560231	TGCAGAAAAGGGGAAGCTTTCAAAGCGTTGTTTCGTGTGAATGCGCACAAACCGACTGGAGGTTTGTGGAT
AL1217	36:A>G	Krm9	19632374	TGCAGATCAGTCTTACCATTGGCAACTAGCAGTTCGAGCACTCAACAACAGTTTTCAGTTATCAATTA
AL1218	18:C>G	Krm9	19726078	TGCAGAATCCGAAAAATACATTCATCTAAATAATCAAATCTACGGTAATGTAAACAACCTTACAGATCGG
AL1219	26:T>C	Krm9	19801667	TGCAGTTGAGGGACACCGGACTAAAATTTGGAGGAGTTGCAAAGGGAGCTCAGCATGGTAAATGAAGCAA
AL1220	41:G>T	Krm9	19869915	TGCAGTTGTAGGTAATAACTAAGTTATTATCACCTTGAATGATGGATTTGAAAAATATATATTACAGA
AL1221	65:C>A	Krm9	19869915	TGCAGTTGTAGGTAATAACTAAGTTATTATCACCTTGAATGATGGATTTGAAAAATATATATTACAGA
AL1222	67:G>A	Krm9	19869915	TGCAGTTGTAGGTAATAACTAAGTTATTATCACCTTGAATGATGGATTTGAAAAATATATATTACAGA
AL1223	15:T>C	Krm9	19873328	TGCAGAAGAGTACTTTAGGCAAACAGCAAATAGAGGACAAACCGCAAATATCTCTTTACAGATCGGAAG
AL1224	21:G>A	Krm9	19881214	TGCAGTCTCTAGCTTTGATGGTATCTCCCATGGAAGAAAGCTTGCCCTTGTATTATGTGCATCACTTGC

Ek 1. Devam

AL1225	41:A>T	Krm9	20057818	TGCAGTATGTTTCCTAGTGGTTCATGTTTATGTGTTGGGAGACAACCGTAATAACAGCTACGACTCGCATG
AL1226	46:A>T	Krm9	20421623	TGCAGTCTGTTTGAATAAAAAATATATGTCTTATATGATTTTATCACCTTTTGCTTCCTTGTTTCTTT
AL1227	31:G>T	Krm9	20421623	TGCAGTCTGTTTGAATAAAAAATATATGTCTTATATGATTTTATCTCCTTTTGCTTCCTTGTTTCTTT
AL1228	5:C>A	Krm9	20443620	TGCAGCTTGGGGAAGTTGTGTTCTAGAAATGAACGCCAAAAGTTGGTAAACTTAGGTACATTCGAGGAA
AL1229	61:G>C	Krm9	20478857	TGCAGGTGCGGTACAACCTAGTGTACCCTCCTCTGTTCACTGCTACCACATTGTGGATAGTCGCATTGTA
AL1230	66:G>T	Krm9	20907728	TGCAGTGATCTATATGTGTTCAATTTGTGTATATTTGTTGGTTACAGTATCGTAGTATTGTTGTTATGAA
AL1231	38:C>G	Krm9	20919156	TGCAGTTCATTGCCGACTGGTGAAGTTGATTCTGCAACTATTCGACCTTTGCCACCTCTGATCATGG
AL1232	56:C>A	Krm9	20980757	TGCAGTGGTGGTAATGTGGATGCAGAGTTTTATGACACCAATATGAGTGTACAGACACAATAATTCAA
AL1233	40:C>T	Krm9	20980823	TGCAGTCAGTAAGCTCAACTTTCAGTGCAGGATGTTGCCATCTCCTCCACGATATTATTTTCTTTACAG
AL1234	25:A>T	Krm9	20980823	TGCAGTCAGTAAGCTCAACTTTCAGAGCGGATGTTGCCATCTCCTCCACGATATTATTTTCTGTACAG
AL1235	45:A>G	Krm9	21338378	TGCAGCCGTTAAACTAGCAGTTTCGTAGCGTGCAACCTCTTCGTCACATACGCTTACAGATCGGAAGAG
AL1236	35:G>A	Krm9	21610289	TGCAGTTTTATCAGTATGTGATTCTTATGAGTCAAGTTTGATTTTATTGAAAGTGAGTCAAGTTTATT
AL1237	13:G>A	Krm9	21808701	TGCAGATTCTGTGGTCAATTACATTTTCCGGGATCTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL1238	64:A>G	Krm9	22189241	TGCAGCGAAGGTGGCTTTCGCACAAGCATCTCCTTATTTTCTGTTATGTAAGAGATTGATACTTACATA
AL1239	44:G>C	Krm9	22189307	TGCAGAAGTTCGATCAAAAGCTGGTAGTTACGTTGGATGATGCAGCACAGAGATATACACCTTATATCA
AL1240	11:A>G	Krm9	22189307	TGCAGAAGTTCATCAAAAGCTGGTAGTTACGTTGGATGATGCACCACAGAGATATACACCTTATATCA
AL1241	8:A>C	Krm9	22226803	TGCAGAGCACATCAGGTTACCTATTCGGTGCCTGACACGCTTCATATAAACAAGCAGACAACCAAGAT
AL1242	29:G>A	Krm9	22226869	TGCAGTGCACCTCTCTGGTTTTAGCTAAGAGTAATGATTTACTAACTAAAATCACGAACCCATAATCC
AL1243	9:C>T	Krm9	22321725	TGCAGCTTGCTGCAGGACTAATCATTACTTACATAGATGCCATGTTTCATGAGCAGAATTATCCCAATTA
AL1244	64:A>G	Krm9	22321735	TGCAGGACTAATCATTACTTACATAGATGCCATGTTTCATGAGCAGAATTATCCCAATTATATGAATTAA
AL1245	29:T>G	Krm9	23129140	TGCAGGTTGCTTTGTTTTGGCGTTTACAATTGATCCAAAGGGAAACAAGAAAGAGAACGATAACTATAG
AL1246	16:A>G	Krm9	23170283	TGCAGGAGGAGGAGGAACAACACTGCCTCCACCGCCAGCTACAATAGGTGCAGCTGTCATGACTGGGGT
AL1247	20:A>G	Krm9	23932793	TGCAGCTTTGTAAGAGCAAAATCCCTCATGTGTTTGCCATTGCAGGCAAGTAGTTTTAGGCTTTGATGC
AL1248	48:C>G	Krm9	24034787	TGCAGATGCCACTAATGTAGTGAAAACATAAAACCATGAGTGGTGCATACAGCTGGAAATAACATCAATC
AL1249	38:C>G	Krm9	24151014	TGCAGTCCCCATAGAAAGGAGCCCACTTCACTGCATTACTGTTCAAAAATTTCTATTTTACAGGAATAG
AL1250	25:T>A	Krm9	24152425	TGCAGAGGCATGCTTGGATGAACAATTGGCTTGTGATCTTCTGGTCTTAGCTGAAAAATACCAAGTGAA
AL1251	34:G>A	Krm9	24231847	TGCAGGGCACCTGTGATAGCCAGCAGGAAATCCCGTCACATCTTTTGACATGAACCAAGATAAGAGAAT
AL1252	66:T>G	Krm9	24279346	TGCAGCTGCCATTAGTTCACGCTGCAACCGGCGACTCTCTCCGGTGTGTCGTCGCTAAGTTCGCTGC
AL1253	29:A>T	Krm9	24347251	TGCAGCTGAAGATAAAGAAGTGCTGCGATAGCCGCTCTGGCGATTACATTGCGAACAAGAATGAGAA
AL1254	48:A>G	Krm9	24347251	TGCAGCTGAAGATAAAGAAGTGCTGCGATAGCCGCTCTGGCGATTACATTGCGAACAAGAATGAGAA
AL1255	28:T>G	Krm9	24415465	TGCAGAGTTCCCGGTCATTCTTCTTACGTTAGTGTACTGATAAAATGGTTCAGATGGCATTGAAGTTAG
AL1256	47:G>A	Krm9	24415465	TGCAGAGTTCCCGGTCATTCTTCTTACGTTAGTGTACTGATAAAATGGTTCAGATGGCATTGAAGTTAG
AL1257	64:A>T	Krm9	24543087	TGCAGAGGGCTACTGTGCAATGGAGACTTTACTAATTTGGACGAACAACAGTGATCTCAATTACAGATC
AL1258	8:C>G	Krm9	24543087	TGCAGAGGGCTACTGTGCAATGGAGACTTTACTAATTTGGACGAACAACAGTGATCTCAATTACAGATC
AL1259	58:G>T	Krm9	24619840	TGCAGATATCAAATCAGACAAAACCTGGTAAACAGTTTTCTCTAGTTGTTTATTTATATAGATTATATATA

Ek 1. Devam

AL1260	6:A>G	Krm9	24728839	TGCAGCATCTATAGTTGAAAATGTTGTTCAAGTTTTCAAATACAAGAATACATGCATATATTTGTAAAG
AL1261	13:A>G	Krm9	24891857	TGCAGGGAATGAAACAGCAGAAAATAAAGCAAATTTTTAGTCTTTATTGTGATTGCAATACGGCGCCGT
AL1262	54:G>C	Krm9	25037360	TGCAGAAAAGAACAAGAAGTTGAAATTTGAAGCTAATGATGCTGACATATAACTGGGATCCCAGATAAAG
AL1263	68:T>G	Krm9	25180177	TGCAGATATATCAGCTTCCCTGGTTTTTGTATCTACGCCTCAAACATCTGCTGCCTGTTTGTGGGGGGT
AL1264	63:G>A	Krm9	25180177	TGCAGATATATCAGCTTCCCTGGTTTTTGTATCTACGCCTCAAACATCTGCTGCCTGTTTGTGGGGGGT
AL1265	64:A>T	Krm9	25189434	TGCAGGTCCTTGAATGTATTGCTGACAAACCCAATATGGGTTCTTGTGACCCGTATGCAGGTCTAGTGT
AL1266	66:C>T	Krm9	25259402	TGCAGTTGCACTCCATTCCAGGGCCTTCCATTATTTCTTTTTCCATTTTTTCCTAATTTTTTTTTCTT
AL1267	67:T>C	Krm9	25259402	TGCAGTTGCACTCCATTCCAGGGCCTTCCATTATTTCTTTTTCCATTTTTTCCTAATTTTTTTTTCTT
AL1268	62:T>C	Krm9	25259402	TGCAGTTGCACTCCATTCCAGGGCCTTCCATTATTTCTTTTTCCATTTTTTCCTAATTTTTTTTTCTT
AL1269	5:A>G	Krm9	25347719	TGCAGACCAACTGGATTTTATTCACCAGCTAGATGCGAACTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL1270	61:A>G	Krm9	25464098	TGCAGTGTGGTCCCATAACCTTGGCTATATAAGTTACCATATCCACAAGCGCCTCTGAAATAGCAGC
AL1271	15:G>A	Krm9	25466726	TGCAGCCATAAGAGAGAGCTTGAAATAAGATCCACAAAAAAGAAAGTTCATGTGGATTTATATCCAAAT
AL1272	65:A>G	Krm9	25578219	TGCAGGTATTTTCGAGTTCAACATGGAAGGACGATTGAGAGCCTTCTTCTCGGTGGTAACAGATCAGTC
AL1273	5:T>C	Krm9	25627609	TGCAGTAGGACAATGACATCGAGTATTGGGGAATCGACTTGCAGCCTATAATCAAAGATGTTGACAAC
AL1274	13:G>A	Krm9	25661175	TGCAGGTTAACATGGCAAAGATTGAAGACAACCTCTTTGCATACCCATAAGACAGTAAATTTCTCCTTG
AL1275	25:T>A	Krm9	25661175	TGCAGGTTAACATAGCAAAGATTGATGACAACCTCTTTGCATACCCATAAGACAGTAAATTTCTCCTTG
AL1276	44:C>A	Krm9	25788828	TGCAGCTCCTTGTTGATATTGGGTGTGGCCATCATTGTTCATCTGCATGAGTTGACCCTGTATAATACAT
AL1277	27:G>A	Krm9	25917014	TGCAGAAAATAATTTGAGAAAACAAGAGTGATTTGATGGGTAAATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGC
AL1278	58:A>G	Krm9	26060280	TGCAGCAACTGCATATCGAATGCTTTCGGAATCTGGTTTCGGTTTCCAGGTTGCCCTCAACCGGCCTAC
AL1279	68:C>G	Krm9	26225194	TGCAGAAAATATTGAAAGGTAATTCTCAATACTCAACAGATAAAAGGAAACAACAACATAAGAGAACTC
AL1280	12:A>G	Krm9	26236842	TGCAGTATCGTCATCATCAATGCAGACACTACCAAAATCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL1281	12:G>A	Krm9	26239870	TGCAGCTGTTGGGACAGATGCTTGTCCGGCTTCAAAAATCTTTTGCGAATCAGCATTGCTCATGCAAC
AL1282	17:A>G	Krm9	26980947	TGCAGAACAGGTTTCACATATTGTAGAATATAACCATGACCCAAAGAAGACATTTTGGACAGTAAAATT
AL1283	20:T>A	Krm9	27039700	TGCAGTTTACACAGATTGCATCATTAGGAAGTTTAGATGACAGTGTCTATGTAGGATTTTCTATTTTG
AL1284	67:T>C	Krm9	27316219	TGCAGATTTAGTGCCTACATGCTCATTTATTGGCAGGCCCATCTCTTTACATAACTACAACAGTT
AL1285	36:A>T	Krm9	27368382	TGCAGGCAAATGAAAAATAAATATATCTTCTTACCAATCTCTTGTGCTTTTACTAGGTTACAGATCGG
AL1286	63:T>G	Krm9	27417861	TGCAGGTTAACCAAAAAAGATATTAGGACCAAGAAGAGAGGGGGTCCCAAATAAATAAATTTTACA
AL1287	67:C>A	Krm9	27417861	TGCAGGTTAACCAAAAAAGATATTAGGACCAAGAAGAGAGGGGGTCCCAAATAAATAAATTTTACA
AL1288	22:C>T	Krm9	27674571	TGCAGAAGCAGTGTCTCTATGCCTCTGGGCTCCCACTGCCAAGTACCGTACCATGAAAAAAATTGAAA
AL1289	47:T>C	Krm9	27674571	TGCAGAAGCAGTGTCTCTATGCCTCTGGGCTCCCACTGCCAAGTACTGTACCATGAAAAAAATTGAAA
AL1290	39:C>T	Krm9	27709513	TGCAGCAGTTGGTCTTTCTCCGCCCCAACATATCCAAACGGTTGCCAGCCGACGAGGTGCAAACGCGG
AL1291	8:T>A	Krm9	28413014	TGCAGTTCTGATTTTCTAGGAAGGAAAGAATGATCAAATCAGAATTCATACTAATCGCCAAGGAAGACA
AL1292	45:G>A	Krm9	29119738	TGCAGCTGCTTGCAATGTAACGTGATCACCCATTCCACATTCTGCTTCATCAATATAAATAACTATA
AL1293	10:A>C	Krm9	29298873	TGCAGATGGAAAATAGAAGAGAGAAGAGAATGAAACCTAGGGCTTCTCTGGCTCTGATCGGAGCCTCCA
AL1294	60:A>G	Krm9	29339461	TGCAGCATGAATAAGATCAACACTTGATAATCAGAAAATAATTTTCGAAACCGTAAAAAAAATTGCATTT

Ek 1. Devam

AL1295	23:A>G	Krm9	29407753	TGCAGTTTCTTTTGTGAGCGACAACAGTTTCTCTGGCAAAAATCCCCTTCCAATCAGGGGAGAATATGA
AL1296	32:T>C	Krm9	29407753	TGCAGTTTCTTTTGTGAGCGACGACAGTTTCTCTGGCAAAAATCCCCTTCCAATCAGGGGAGAATATGA
AL1297	19:C>T	Krm9	29407753	TGCAGTTTCTTTTGTGAGCGACAACAGTTTCTCTGGCAAAAATCCCCTTCCAATCAGGGGAGAATATGA
AL1298	50:T>C	Krm9	29474764	TGCAGGGGTTTAAAAATATTTTAGTTTTTTTTACTCAGGTTTCAAGTTTGGTTGGAATTTTATATGTTTT
AL1299	35:C>T	Krm9	29774768	TGCAGAATTTATTCGCCGCCAATGCAAAAAGAATATCGTAATGTCAGTTGAGGAGTTCACAAAATGAAAA
AL1300	7:A>G	Krm9	29931229	TGCAGTTACAGGCAATAACGGTTTTGCAATGGAGATGATGAACTTGAAGCCATCGTTTACCAGGAACT
AL1301	38:T>C	Krm9	30063616	TGCAGTCTCCTTATCCCAAACCAACTTCTTTGGTATCAAAGAAACAAAAATGGTAAAACATAAGAG
AL1302	61:T>A	Krm9	30209157	TGCAGACATTTGTTACCCTGTCAAAACACTCCACAAATGAATATCCAATAAAAATCGTATAGTTCTGGTT
AL1303	14:C>A	Krm9	30680002	TGCAGAAAATATAATCTTTGCCACCAAATAAACCAAGTCATTGTTTCTTTCACATGATTCCTCAATTGA
AL1304	67:G>T	Krm9	31171082	TGCAGGATTTTAGTAAAAAAATTATAAACTCCAATAAATGACTGATTGGTCTCTACCATTCCCAGCGT
AL1305	51:T>C	Krm9	31308346	TGCAGTGTCAAAATCTATTTTCAGCTTCTAATGCTCAATTGTGTCACTTTTTTTGTCATCCACGAATCTT
AL1306	34:G>A	Krm9	37777181	TGCAGGTACATTCATCTTTTGGACGGCAAGGTGCGTGGATAAAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACGC
AL1307	47:G>A	Krm9	46356075	TGCAGGGATACCAGTTTCTGAAATGAAGAGGCGTGCAGCTTCTTTTGGAAAGTCCACAAACCGCTGGAGT
AL1308	25:T>C	Krm9	47570201	TGCAGAACAAGTTTACCTCGTCTGTTGCAGAACGGAAGCCTGGTGTCCGGAGAAAAAACCGAAAAGGC
AL1309	46:C>T	Krm9	47570227	TGCAGAACGGAAGCCTGGTGTCCGGAGGAAAAAACCGAAAAGGCGCTCGAAATTGTTTCAGAAACTTGCT
AL1310	9:A>G	Krm9	47622072	TGCAGCAAGATAAATGGATAAAAAATAGAAATAAGGGTTTCTTGGATTGTTTGTCTGGAGCTAAAGTTTTTTT
AL1311	61:G>A	Krm9	47622138	TGCAGCTCTACCTGAAAAACCCCTAGTTGTCACTATCTACAAATACTGGAAGGCAAGGACATGCATATAC
AL1312	17:A>T	Krm9	47622138	TGCAGCTCTACCTGAAAAACCCCTAGTTGTCACTATCTACAAATACTGGAAGGCAAGGACATGCATATAC
AL1313	41:A>G	Krm9	47694755	TGCAGCGTGAGACTGAGGTTGCTGAAAGGCAGCTTTTACATATTGAAGATGATGTAGGGGATCTGCAAA
AL1314	43:C>A	Krm9	47695188	TGCAGAGAAAACACAAAAAGTGAATACTATGATAAACTTATACCGACAGCAGAATTGATATGATGCCAA
AL1315	7:T>C	Krm9	47716256	TGCAGATTGAGTGCCTACATGCCATTATTATTGGCAGGCCCCATTCTTTTATATAACTACAGCAGCT
AL1316	18:T>C	Krm9	49443391	TGCAGCATGCATACAAGTTGTATGCACTCAACAAAATCATCATAGCAACATGCACTTTACAGATCGGAA
AL1317	8:A>G	Krm9	49753235	TGCAGAAGAGTTCAATGATAAGCCTGTCAGCTCTGGTATGTTCAAAGACCTGGCCAGATCAACATTGA
AL1318	49:T>C	Krm9	50120326	TGCAGGTCAAATTCCTGAAGAAATCGGTAATCTTCTTGGTTTGGAAATGTTTATTATTCAAGCAATTAC
AL1319	54:T>C	Krm9	50636676	TGCAGCTCTGAGCTCACTCTAGCTTCTATCTTCTTCCCTTCCAGACCGTTCAAATCATTACAGATCGGAA
AL1320	12:C>A	Krm9	50973258	TGCAGCCTATTACAAATGTACAGACTTGATGATATACATATATTGCACCTTGGCAAAAATATTGGGTA
AL1321	13:T>C	Krm9	50977298	TGCAGGGGTTTATTCGTGATGAGCCTTTCGATCCCAAAGACTGGATGATTCTGGTTATAATTGTGGAA
AL1322	44:C>A	Krm9	51415564	TGCAGATACGGAGACAGCCAATTCACGAGCATGGTTGAGCTTATCAAAAATCCGGGCCCTTGATTAGCTC
AL1323	45:A>C	Krm9	51427047	TGCAGTGAATCAATATAAACAGCTCAATAAGCAGTAAATTTACACAACGTTTCCCTAGAAATCGCCATTG
AL1324	9:C>A	Krm9	51428815	TGCAGCTTCCATTGCAGGAGAAGGAGATATAAAATAATGGAGAGTGGTAATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1325	30:A>G	Krm9	51428815	TGCAGCTTCAATTGCAGGAGAAGGAGATATAAAATAATGGAGAGTGGTAATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1326	16:G>A	Krm9	51526123	TGCAGTGATATTGGTTCGAGTGAGACGCATAAAACAAGCATAGCTTCCAGAAATTACAGATCGGAAGAGC
AL1327	31:G>A	Krm9	51585396	TGCAGCTTCCATTGCAGGAGAAGGAGATATAGATAATGGAGAGTGGTACTGAAATGTTGAAATCAGAGT
AL1328	38:G>A	Krm9	51585396	TGCAGCTTCCATTGCAGGAGAAGGAGATATAGATAATGGAGAGTGGTACTGAAATGTTGAAATCAGAGT
AL1329	37:G>A	Krm9	51585396	TGCAGCTTCCATTGCAGGAGAAGGAGATATAAAATAATGGAGAGTGGTACTGAAATGTTGAAATCAGAGT

Ek 1. Devam

AL1330	9:C>A	Krm9	51585396	TGCAGCTTCCATTGCAGGAGAAGGAGATATAAATAATGGAGAGTGGTACTGAAATGTTGAAATCAGAGT
AL1331	46:T>A	Krm9	51641740	TGCAGGAAATTGTTTGTAGAAATTGAGTTTCTTGTATACATTTATCTAGTGTTTAGTGGACTATTCACG
AL1332	23:C>T	Krm9	52036125	TGCAGACATATTGAGGGTTTAGACAAAGGCAAAGGAATGTACCTTTTATTCAGTAACCCAGATTTTCGAC
AL1333	64:T>A	Krm9	52166090	TGCAGCAGCCTCTGCTACTCCTCTGCCCCACCACGACCAGCATGTGCAAGTAAGATATTCGCCTCCTG
AL1334	16:G>A	Krm9	52471956	TGCAGAACGACACTACGGTTTTCAACTCAGTAATTTATGGTCTAAACTGCAAAATAGCTTACAGATCGG
AL1335	7:C>A	Krm9	52471956	TGCAGAACGACACTACGGTTTTCAACTCAGTAATTTATGGTCTAAACTGCAAAATAGCTTACAGATCGG
AL1336	54:T>C	Krm9	52471956	TGCAGAACGACACTACAGTTTTCAACTCAGTAATTTATGGTCTAAACTGCAAAGTAGCTTACAGATCGG
AL1337	10:C>G	Krm9	52471956	TGCAGAACGACACTACAGTTTTCAACTCAGTAATTTATGGTCTAAACTGCAAAGTAGCTTACAGATCGG
AL1338	22:C>T	Krm9	52471956	TGCAGAACGACACTACAGTTTTCAACTCAGTAATTTATGGTCTAAACTGCAAAGTAGCTTACAGATCGG
AL1339	17:T>G	Krm9	52478172	TGCAGTAAAAATATGAATAACCAGCTTGAAGAAACCCCTTCTATGGTGTTTTAGCTGATGAGAATGCAGA
AL1340	6:G>A	Krm9	52478172	TGCAGTAAAAATATGAAGAACCAGCTTGAAGAAACCCCTTCTATGGTGTTTTAGCTGCTAAGAATGCAGA
AL1341	9:A>G	Krm9	52493033	TGCAGATTTAGTGCCTACATGCTCTGCATGAAAATAAGAGTAACCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL1342	55:T>G	Krm9	52574038	TGCAGACTGGTTTCGACTTTGATGAGTCTGACGTTGCAGAGTTGCAGCAGTTCCATGACATCATTGTTG
AL1343	9:A>G	Krm9	52587527	TGCAGTTGCAGAGTGCAACGCAGGAAAATGCTACACCCTGAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL1344	62:C>G	Krm9	52587572	TGCAGTGATTATAAGTCCGGTAATGACTTGATCAGTTTGATATATGGAGCTACCATTTGAAACTTGAAA
AL1345	21:A>G	Krm9	52587572	TGCAGTGATTATAAGTCCGGTAATGACTTGATCAGTTTGATATATGGAGCTACCATTTGAAAGTTGAAA
AL1346	48:T>C	Krm9	52587919	TGCAGCTAGTTCCGCACTTGCACTTGCCATCGTTCTCTGCCAGAGGGCTTGGCCACTACAGTGCTGATGT
AL1347	47:T>C	Krm9	52587919	TGCAGCTAGTTCCGCACTTGCACTTGCCATCGTTCTCTGCCAGAGGGCTCGACCAGTACAGTGCTGATGT
AL1348	60:C>A	Krm9	52714680	TGCAGGCAGCACCAGATGCAGTGTTTAGCACTGCTGTGACTTCTTTGAAACCAGAAGATGCTTTTGATC
AL1349	21:G>T	Krm9	52831364	TGCAGGTTTACCAGGAGGTGGGTCCCCATTGAGCAATTCGGTGAAACAGGAGGACCACAAAGTCCTCT
AL1350	53:G>A	Krm9	52831364	TGCAGGTTTGCCAGGAGATGGTTCACCATTGAGCAATTCGGTGAAACAGGAGGACAACAAAGTCCTCT
AL1351	9:G>A	Krm9	52922377	TGCAGGTTTGCCAGGAGGTGGTTCACCATTGAGCAATTTGGTGAAATAGGAGGACCACAAAGTCCTCT
AL1352	5:C>G	Krm9	52922377	TGCAGCTTTGCCAGGAGGTGGTTCACCATTGAGCAATTTGGTGAAATAGGAGGACCACAAAGTCCTCT
AL1353	63:A>C	Krm9	53122784	TGCAGGACATAAGACCAAGAGCATCAAAAAGTTCCAAACATGAAACAACATAATCTATATTAACACTTTG
AL1354	66:A>G	Krm9	53122784	TGCAGGACATAAGACCAAGAGCATCAAAAAGTTCCAAACATGAAACAACATAATCTATATTAATCTGAAA
AL1355	12:G>A	Krm9	54806488	TGCAGTAAGAGTGAGAAGCTCAACAACATGTTTACATACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCG
AL1356	26:A>T	Krm9	58163766	TGCAGTTGTGCATGCTGCAATATCTAATGCTGATGGATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAA
AL1357	17:C>T	Krm9	58163766	TGCAGTTGTGCATGCTGCAATATCTAATGCTGATGGATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAA
AL1358	28:A>G	Krm9	58300482	TGCAGAAACTCTAATTTCAAAGAAAAAAAAAAAAAAAAAACCACAAATCTATAAGATGTAGTAACATAACT
AL1359	24:A>G	Krm9	58952385	TGCAGATCAATTTGTTCCATCCAATCAACAGATTGCGGATGTTCTTACTAAACCAGTTCTCCTAAGC
AL1360	9:T>C	Krm9	59702098	TGCAGTAGTTTGACTTTGAAAATTCACCAAAAATTGTAGAAATTGAATTAGAGGTTACAGATCGGAAGA
AL1361	9:T>A	Krm9	60358204	TGCAGTCCCTGCTATTGTGTTCTTGTCTGGTGGGCAAAAGTGAGGAGGAGGCTACCCTTACAGATCGGAA
AL1362	6:T>C	Krm9	60358204	TGCAGTTCCCGCTATTGTGTTCTTGTCTGGTGGGCAAAAGTGAGGAGGAGGCTACCCTTACAGATCGGAA
AL1363	13:A>T	Krm9	64405400	TGCAGTGTATGTGATATACATAGGATAAAAAGGTTTATTGGATATGTTGTAATTGCAGCAGAAAGAAC
AL1364	14:T>C	Krm9	64585998	TGCAGTTCATGCTTTGAAGGAAATAAGTATCATAGTGCATGGTTATTCAATTTATTTAGAGCTCCAAA



Ek 1. Devam

AL1365	60:G>A	Krm9	64585998	TGCAGTTCATGCTTTGAAGGAAATAAGTATCATAGTGCATGGTTATTCAATTTATTTTAGGGCTCCAAA
AL1366	46:A>C	Krm9	66975130	TGCAGTCCACTGAGGGACTCGATTGATGGAATAAGTGTGGATTCAAGAGAAGAGTTACAAGAAGCAT
AL1367	59:T>C	Krm9	66976133	TGCAGCTCCATCACACCCCCGACGAGAGTGTAGATGTGAACAATCCCAGGGACGGGATTTTGCGAATGG
AL1368	63:T>C	Krm9	67784584	TGCAGCTTTTGTGTGGCATTTCCTTTCCATCGTAATAGTTATAGCAACGTTTATAAATGCTGCAAA
AL1369	43:T>A	Krm9	67784584	TGCAGCTTTTGTGTGGCATTTCCTTTCCATCGTAATAGTTTATAGCAACGTTTATAAATGCCGCAAA
AL1370	12:A>G	Krm9	68348116	TGCAGCGTATTTAGTTGATTTGATGTTTACCTGTGTTTATTCAATGTTTAGATTTTTGTTTTAGAATTT
AL1371	35:C>T	Krm9	68455579	TGCAGTTGCTTAAAGATGAGAGAAAGCTCAAGTCTCATGGTTTCCCACTTCCAAGGTAATTGCCTGAAA
AL1372	14:G>T	Krm9	68455579	TGCAGTTGCTTAAAGATGAGAGAAAGCTCAAGTCTTCTGGTTTCCCACTTCCAAGGTAATTGCCTGAAA
AL1373	58:A>T	Krm9	68890757	TGCAGTTGAGGACAACGCGAAACGGTAATGAAACGATGTCCAATAAATAAACCATAACCGTGATAGA
AL1374	68:T>C	Krm9	68972465	TGCAGCATTGTATTTTGTATTTGCTTAGTTTTGAGTTTTGATTCTAACGTAGAGCGAATATGACGAAAGT
AL1375	34:G>A	Krm9	69009944	TGCAGTTGAGGACAACGCGAAACGGTAATGAAACGATGTCCAATAAATAAACCATAACCGTGATAGA
AL1376	22:C>G	Krm9	69034188	TGCAGTTGAGGACAATGCCAAACGGAAATGAAACGATGTCCAATAAATAAACCATAACCGTGATAGA
AL1377	15:C>T	Krm9	69039668	TGCAGTTGAGGACAACGCCAGACGGAAATGAAATGATGTCCAATAAATAAACCATAACCGTGATAGA
AL1378	16:A>G	Krm9	69039668	TGCAGTTGAGGACAACACCCAACGGTAATGAAACGATGTCCAATAAATAAACCATAACCGTGATAGA
AL1379	37:G>A	Krm9	69077739	TGCAGGTTTATCTAACTAGGATGGCATATTGTAATCTGAGAACTTCAAAAATTCTCTTTGTTTATGTGGG
AL1380	6:G>A	Krm9	69118946	TGCAGCGATGATATCTGAAATAGTGACCGAGGTATTTGTTAGTGAAGATAAATTACACTGGGCAAGGAA
AL1381	22:T>C	Krm9	69120459	TGCAGTTGGTTTCATCAAAAAACTCTTGTTTGTATGTCATCCATGGCGTGTGTTTCATTA AAAACAAGTTC
AL1382	14:G>A	Krm9	69345010	TGCAGTATGGATAGGATATCGCCTTTTATTTGGTGTATGACAGTTTCTTTTCGTTATTTCCAACCATCTG
AL1383	50:C>T	Krm9	69345010	TGCAGTATGGATAGAATATCGCCTTTTATTTGGTGTATGACAGTTTCTTTTCGTTATTTCCAACCATCTA
AL1384	65:C>T	Krm9	69383344	TGCAGGTTATTCACACTGAAGCATATATTGGTCAGCCAAAAGTGAAGTCTGCTGCTGCTGCTTGCCGCT
AL1385	42:C>T	Krm9	69484409	TGCAGCACCAATGACAAGTGCTCTAACCAGTCCCACTTGACCACCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTCT
AL1386	5:G>A	Krm9	69539081	TGCAGGATTGTTCCACTCAAGTTATGTGGGACAAATCAAGAATTCGAAGAGAAGTGGCATTGCTTATT
AL1387	46:T>A	Krm9	69551933	TGCAGCTCAAGTCAAGGGCAATAACATGAGCATTTAGGTGGTCACATGTGACCCCATCCCATGAGCAGC
AL1388	28:C>A	Krm9	69551933	TGCAGCTCAAGTCAAGGGCAATAACATGCGCATTTAGGTGGTCACAAGTGACCCCATCCCATGAGCAGC
AL1389	46:T>G	Krm9	69551999	TGCAGTTGGCTATATGGCAACTTCCCTCCCAATACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAACAACCTC
AL1390	15:G>A	Krm9	69551999	TGCAGTTGGCTATATGGGAACTTCCCTCCCAATACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAACAACCTC
AL1391	19:A>C	Krm9	69551999	TGCAGTTGGCTATATGGGAACTTCCCTCCCAATACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAACAACCTC
AL1392	8:T>G	Krm9	69551999	TGCAGTTGCTATATGGCAACTTCCCTTCCAATACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAAAAATTT
AL1393	33:C>A	Krm9	69551999	TGCAGTTGGCTATATGGCAACTTCCCTTCCAATACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAAAAACCTC
AL1394	47:C>T	Krm9	69551999	TGCAGTTGGCTATATGGCAACTTCCCTTCCAATACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAAAAACCTC
AL1395	32:C>T	Krm9	69551999	TGCAGTTGGCTATATGGCAACTTCCCTTCCAACACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAAAAACCTC
AL1396	20:C>G	Krm9	69551999	TGCAGTTGGCTATATGGGAACTTCCCTCCCAATACCACTCTCTTCTTCTTCCCTCACCTTCAACAACCTC
AL1397	6:A>T	Krm9	69551999	TGCAGTAGGCTATATGGCAACTTCCCTTCCAATACCACTCTTCCATCTTCCCTCACCTTCAAAAACCTC
AL1398	68:G>C	Krm9	69616177	TGCAGCGTTTTTGAAGTGAAGAACCCCCACCTAATTTCAAAAATTGGAGAAAATCCCATGAGGCACTG
AL1399	33:T>G	Krm9	69740141	TGCAGTAAGAAGTGGTATGATTGAGGTAAGCACTTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAAT

Ek 1. Devam

AL1400	59:A>C	Krm9	69976046	TGCAGCTTCTAGACTACCCCTTCAAAAATGCCTCTTTTAGGCTCTCCTTTTTTACCACCTACTCCATCTT
AL1401	11:G>A	Krm9	69976046	TGCAGCTTCTAGACTACCCCTTCAAAAATGCCTCTTTTAGGCTCTCCTTTTTTACCACCTACTCCATCTT
AL1402	29:T>C	Krm9	69976046	TGCAGCTTCTAAACTACCCCTTCAAAAATGTCTCTTTTAGGCTCTCCTTTTTTACCACCTACTCCATCTT
AL1403	26:A>G	Krm9	69976112	TGCAGAGGCTTTGGCATAACAGCAGCTAATAATGAGAGGAGACAAACCAGAAACGTAAGTACGACGACGA
AL1404	30:A>G	Krm9	69976112	TGCAGAGGCTTTGGCATAACAGCAGCTGATAATGAGAGAAAACAAACCAGAAACGTAAGTACGACGACGA
AL1405	5:G>C	Krm9	70172992	TGCAGGTGATAATATACCTTGGCTTCTGAGGAAATCATAGAAGGCTCAATAAGATCTAAAATATTACAG
AL1406	31:A>T	Krm9	70172992	TGCAGCTGATAATATACCTTGGCTTCTGAGGAAATCATAGAAGGCTCAATAAGATCTAAAATATTACAG
AL1407	17:A>G	Krm9	70297111	TGCAGAGCATTACCGCAGTAGAACTGAGAAAGAACTGCTTGGCAAGAGATTTGATCCAGATATTGTC
AL1408	20:A>T	Krm9	70297111	TGCAGAGCATTACCGCAGTAGAACTGAGAAAGAACTGCTTGGCAAGAGATTTGATCCAGATATTGTC
AL1409	53:C>T	Krm9	70297177	TGCAGAAAATGAAGATTGCATTCACTGAGAAAGAACTGCTTGGCAAGAGATTTGATCCAGATATTGTC
AL1410	13:G>A	Krm9	70346462	TGCAGCAGTTGAGGATATGATAGAGGCTTCTTCTGGGGTGCATTTTTCTGGGTTCCACATGGATGGTTT
AL1411	12:A>G	Krm9	70346462	TGCAGCAGTTGAAGATATGATAGAGGCTTCTTCTGGGGTTCATTTTTCTGGGTTCCACATGGATGGTTT
AL1412	39:G>A	Krm9	70426812	TGCAGGGCTCCATTCTGGGGTGGAGACTCTTGAGAAGACCGACGATGCCAGAAACGTGCGGGCAGGACAT
AL1413	42:A>G	Krm9	70426812	TGCAGGGCTCCATTCTGGGGTGGAGACTCTTGAGAAGACCGACAATGCCAGAAACGTGCGGGCAGGACAT
AL1414	61:T>C	Krm9	70637153	TGCAGATGCATTAATCAAGAATAACAAAAGTATAAAAAGGCTTGCATAATCCATGTAAGTTTCAAGAT
AL1415	15:A>C	Krm9	70651421	TGCAGATGCATTAATAAAGAATAACAGAAGTATAAAAAGGCTTGTATAATCCATGTAAGTCTCAAGAT
AL1416	18:C>T	Krm9	70651487	TGCAGTTTTATGTGGTTTCTACTGGGGTCCATATATTTGACTTTGTAGAAAAAATGTAATTCAGTATT
AL1417	54:T>C	Krm10	45080	TGCAGTTAGAAGTTAGAACTAAAGCTACTATTTTCTCTCATCTCACATTTACTCTAAACAATGATTTTT
AL1418	11:T>C	Krm10	1077320	TGCAGAAGACATGACATCGATTACAATGACATGGGCTTTAGTTTTATTGCTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL1419	7:G>A	Krm10	1103431	TGCAGTTGGTTTTATGATCCAAATTGGTACATATAGTAAATAATTTATTTCGAACCAGTTTGAAGTATGA
AL1420	41:T>A	Krm10	1378211	TGCAGATCCATTGTGTCCGTCAAAGAGCTGCCAAAATATATTTTTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTT
AL1421	48:A>C	Krm10	1528884	TGCAGCCATATAAGAGGTTAGAGAGTCTACTTCTCTCCTTCTCCTTTGACTTCAATCTAGGCAAGTGCA
AL1422	34:C>G	Krm10	1528884	TGCAGCCATATAAGAGGTTAGAGAGTCTACTTCTCTCCTTCTCCTTTGACTTCAATCTAGGCAAGTGCA
AL1423	65:T>C	Krm10	1924262	TGCAGTTCACACTACACTTATCCATCCACATCAGTCCATAAATTCAACATATCATTTTGGTTGATTGG
AL1424	50:T>C	Krm10	1924262	TGCAGTTCACACTACACTTATCCATCCACATCAGTCCATAAATTCAACATATCATTTTGGTTGATTGG
AL1425	48:G>A	Krm10	2593547	TGCAGTTTAGAACCCATGGTGCTTTGGTCTTTGCTTGAACCTTTCTCTGTATGGGAGGATTTATATTC
AL1426	59:T>G	Krm10	2593547	TGCAGTTTAGAACCCATGGTGCTTTGGTCTTTGCTTGAACCTTTCTCTGTATGGGAGGATTTATATTC
AL1427	11:G>A	Krm10	2593613	TGCAGTTACAGGATAAACGAGGCCAGACCCTTACCGCTCCAACAAATCGATTTCTCGTTCCGGTTTCC
AL1428	62:C>A	Krm10	2637402	TGCAGCTACTTTAATGAAATCTGAAACCTAAAACAAGATTGTTTCTCACACAGTAAGCTTCCAGAATG
AL1429	11:C>A	Krm10	3401288	TGCAGCTCATCCGCAATGGTATTGCTAAAAGAGGTTGGATAAAGATGGTTTTGTCTGGTTAGTGTTCCTT
AL1430	19:T>C	Krm10	3401288	TGCAGCTCATCAGCAATGGTATTGCTAAAAGAGGTTGGATAAAGATGGTTTTGTCTGGTTAGTGTTCCTT
AL1431	18:A>G	Krm10	3431101	TGCAGGAACTCACAAGAAAGCACATTCATGGCAGGAAATTGCACGAGAGTAAATTCAGCAGCACCTA
AL1432	48:C>T	Krm10	3803948	TGCAGCAGAAGCATTGGCAATCCTCAAATGGAAAGCCAGCCTTCAAAGCCAAAACCATTTCTGTTTTGCT
AL1433	6:A>T	Krm10	3803948	TGCAGCAGAAGCATTGGCAATCCTCAAATGGAAAGCCAGCCTTCAAAGTCAAACCATTTCTGTTTTGCT
AL1434	8:C>A	Krm10	3857453	TGCAGCAGCAGCATTGGCAATCCTCAAATGGAAAGCCAGCCTTCAAAGCCAAAACCATTTCTGTTTTGCT

Ek 1. Devam

AL1435	9:C>T	Krm10	3871492	TGCAGACTGCAGATGTATATCTGAAAAACCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL1436	48:A>G	Krm10	5657096	TGCAGATAGAGGAGCACCACCAGATAACAAAAATCGAATGCGACCACCAAGAAGCTGCTCGGACCTTTTT
AL1437	43:C>A	Krm10	5657096	TGCAGATAGAGGAGCACCACCAGATAACAAAAATCGAATGCGACCACCAAGAAGCTGCTCGGACCTTTTT
AL1438	40:C>A	Krm10	5657096	TGCAGATAGAGGAGCACCACCAGATAACAAAAATCGAATGCGACCACCGAGAAGCTGCTCGGACCTTTTT
AL1439	67:T>A	Krm10	5657096	TGCAGATAGAGGAGCACCACCAGATAACAAAAATCGAATGCGACCACCGAGAAGCTGCTCGGACCTTTTT
AL1440	7:C>T	Krm10	5658876	TGCAGCTCTAAAGATCAAGAGAGAGGCCATCAGGAAAGCTTTCTCTGAAGACCTGGCTAAGTTATATAC
AL1441	43:A>C	Krm10	5908418	TGCAGGTAGATTCTTTCAAATGTGAATTGGAGCTATTTTATGGAAAAATCCATTGGAGTCAAAGACT
AL1442	33:G>T	Krm10	5908418	TGCAGGTAGATTCTTTCAAATGTGAATTGGAGCGATTTTATGGAAAAATCCATTGGAGTCAAAGACT
AL1443	23:T>A	Krm10	5929200	TGCAGAAGCACTGGCTGAAGATATTGTTTTGGCTTTGACAAGAGTGTCTCGGAGATGGAACCTCAGAAGG
AL1444	17:A>C	Krm10	5931601	TGCAGATTCATAGTTAGATTCATTCTTCATCTTCATCGGGATATTTTACTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL1445	37:C>T	Krm10	5931601	TGCAGATTCATAGTTAGATTCATTCTTCATCTTCATCGGGATATTTTACTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL1446	7:T>G	Krm10	5931601	TGCAGATTCATAGTTAGATTCATTCTTCATCTTCATTGGGATATTTTACTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL1447	12:A>T	Krm10	6188765	TGCAGCAGCTGCAAAAACAATGAATTCTAAAGTATATGGTGAAGATTTGGTTTTTGATGTTGTAAATAG
AL1448	5:T>A	Krm10	6390633	TGCAGTTCTCATATTCTGATCTATGATAAGCCTGGAACAAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL1449	23:T>A	Krm10	6390633	TGCAGATCTCATATTCTGATCTATGATAAGCCTGGAACAAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL1450	35:G>A	Krm10	6538627	TGCAGATAGAACCTAATCCATAATATTCAAATTCTGAAAAAACGAATTATATTATCCAACAGTGAGTAA
AL1451	31:T>C	Krm10	6538627	TGCAGATAGAACCTAATCCATAATATTCAAATTCTGAAAAAACGAATTATATTATCCAACAGTGAGTAA
AL1452	66:C>T	Krm10	7038239	TGCAGAAGACACGGCGGCTGGTCGGGTCCCTGGATACGGTGTCTATTACCAACATCATCAATGGTGGCAT
AL1453	5:T>C	Krm10	7512134	TGCAGTTTATTCTGTAATATTTCCCCTATTCTGCTGTCTAACAGTTTCGACCTTTCTGCACTAAAAATT
AL1454	67:T>C	Krm10	8355453	TGCAGTTTTTGTCTACTTGGAGTGGAATAACGTTTAGGGTGAGCAAAGGGTGAAGGTCTTTTTTTTTTC
AL1455	68:C>T	Krm10	8355453	TGCAGTTTTTGTCTACTTGGAGTGGAATAACGTTTAGGGTGAGCAAAGGGTGAAGGTCTTTTTTTTTTC
AL1456	64:T>C	Krm10	8355453	TGCAGTTTTTGTCTACTTGGAGTGGAATAACGTTTAGGGTGAGCAAAGGGTGAAGGTCTTTTTTTTTTC
AL1457	67:A>T	Krm10	8424297	TGCAGCAGTATCTTGAATCAGTTTCTAGCAATCTGCCCATTTTCAAGATTTTCTTCCAACCTCCAACAA
AL1458	65:G>A	Krm10	8487732	TGCAGTGTAACAAATATTATTCATATTTTCCTTCTTGTTTATTGTTTTATTTTTGACAGATATCGCGC
AL1459	26:T>C	Krm10	8562723	TGCAGTTCTCTCTAAGCATTCTAACTGTCCAATGTGCAACATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL1460	37:A>G	Krm10	8570403	TGCAGGCATAAATGCATTCAGCCAACATCTTCAACATAGTTTTTTCATATCAGACTTCTTTTCTATTTT
AL1461	53:A>C	Krm10	8570403	TGCAGGCATAAATGCATTCAGCCAACATCTTCAACATAGTTTTTTCATATCAGAAATTTCTTTTCTATTTT
AL1462	11:A>C	Krm10	8927074	TGCAGTGATGTAAGTCCAGATTGAAGGTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGAC
AL1463	48:C>T	Krm10	9095440	TGCAGCCACTAAAACCTCATTGTACAGTTTCTTTTCTTTGCTAAGAGTCGTAATAAATCTTGTCTATA
AL1464	25:T>A	Krm10	9097153	TGCAGCAACAGGTGAGACTAATAAATAAATCATGCTGATCACCAGAAGCCTGTGGAAGCAGGTGTTTACA
AL1465	67:C>A	Krm10	9097153	TGCAGCAACAGGTGAGACTAATAAATAAATCATGCTGATCACCAGAAGCCTGTGGAAGCAGGTGTTTACA
AL1466	64:G>A	Krm10	10388691	TGCAGCAATAACAGAAAGCATAAAAATCCAGAGTTTCCAAATACATATAACAAAAGTGGACTGTGCAAAA
AL1467	5:G>A	Krm10	10469986	TGCAGGCAAAAACAAGAAAAAGGAAAATACCTGGTTGAAATTAGCAGGGTAAGTTCCATGATGAAGAG
AL1468	43:T>C	Krm10	13877498	TGCAGAGCTTTTGGGTTTGCATGCAATTTTGGCCACGATACTCAAGCAAACCTTGAAATGAGTT
AL1469	14:C>T	Krm10	14666323	TGCAGAGATCCTTGCCGACTTCTTCGACAAATGTAAAAAAGACCCATCTCACTGGAACGACATCTCTGA

Ek 1. Devam

AL1470	36:A>G	Krm10	14949086	TGCAGGCAATGGAATATCTTGAGTGAAGTAGGAACCAAATGTACTGAGGCAGCGATAATCAGTGTGGG
AL1471	37:A>G	Krm10	15219686	TGCAGCAGAAAATATCATCATTTTCATGTTTATTGAGAAGCTGTTTCTTAGCATATGTTGCAAAACATTAA
AL1472	66:A>C	Krm10	15219897	TGCAGATTAATAATTTCTATGTTTATTTTACTTGGATTTTGATTGATCCACGATTGTGGAGATAATTAAGA
AL1473	30:A>G	Krm10	15636347	TGCAGTTTTTCGTCGAAAAAGATCCTTTTTTACCTCTAAATTTTGATTTTTTTCGGTTTACAGATCGGAAG
AL1474	61:G>A	Krm10	16125166	TGCAGGACATCACATTGCCATGGTAACCTCTCTCCCAGTCAGTCCTCTAGAATTCGATTAGTAATGTA
AL1475	17:G>T	Krm10	16859733	TGCAGATTCTTTTGCATGGAAATCATTGACAATAAATTTCCAAGCTTTGCAAGTGATCCTCGGAGTGT
AL1476	58:C>A	Krm10	16859733	TGCAGATTCTTTAGCATGGAAATCATTGACAATAAATTTCCAAGCTTTGCAAGTGATCCTCGGAGTGT
AL1477	53:G>C	Krm10	16859733	TGCAGATTCTTTAGCATGGAAATCATTGACAATAAATTTCCAAGCTTTGCAAGTGATCCTCGGAGTGT
AL1478	49:G>A	Krm10	16859733	TGCAGATTCTTTAGCATGGAAATCATTGACAATAAATTTCCAAGCTTTGCAAGTGATCCTCGGAGTGT
AL1479	48:C>T	Krm10	17448809	TGCAGTTTCATGTAGAATAATTAGTCTCTTTCTCATAAAAACATGCTTTCTTCGAACTGTTGCTTCTTAA
AL1480	24:T>C	Krm10	17702391	TGCAGAGGTTGGCCGAGTGGTCCTTGTTCCCTTCGAAGGAAGAGACCGGGAAACGAGACATCCAAGCC
AL1481	5:G>A	Krm10	18378002	TGCAGGTGAAGTTAATGATCTCGTGAACACACTTTGCTTCCTGTTTTGTTTTGGTTTACTAACCTTA
AL1482	29:G>T	Krm10	19412179	TGCAGGCAAAGACAAAATTTTGTTTTTCCGAGATCTTTCATCTCAAATCTTCTTTACAGATCGGAAG
AL1483	35:A>G	Krm10	19785430	TGCAGCTACAACCTGCAAAAAGGTCCCTTGCGGTTGTACCAAAATGACCAATTAGGGCCATTTCTTACAGA
AL1484	65:C>A	Krm10	19785430	TGCAGCTACAACCTGCAAAAAGGTCCCTTGCGGTTGTACCAAAATGACCAATTAGGGCCATTTCTTACAGA
AL1485	30:G>A	Krm10	19785430	TGCAGCTACAACCTGCAAAAAGGTCCCTTGCGGTTGTGCCAAAATGACCAATTAGGGCCATTTCTTACAGA
AL1486	68:A>G	Krm10	19785430	TGCAGCTACAACCTGCAAAAAGGTCCCTTGCGGTTGTACCAAAATGACCAATTAGGGCCATTTCTTACAGA
AL1487	22:C>A	Krm10	19785430	TGCAGCTACAACCTGCAAAAAGGTCCCTTGCGGTTGTACCAAAATGACCAATTAGGGCCATTTCTTACAGA
AL1488	10:A>T	Krm10	19785430	TGCAGCTACAACCTGCAAAAAGGTCCCTTGCGGTTGTGCCAAAATGACCAATTAGGGCCATTTCTTACAGA
AL1489	30:A>T	Krm10	20640336	TGCAGTGAGAAGATGTAAACGGACCTGTCCAATGGCATAATCCATCAACCAAGTAAATGAGTTAATTAC
AL1490	59:C>T	Krm10	21708388	TGCAGAACCTCCCATGTCTATCTTCATAACATCAATTGAGCAACCAGGTCCAGTCTTGACATTGTAGCC
AL1491	51:A>G	Krm10	21751730	TGCAGCTCCTGTTGAAAGTGGCTTTATGAACAATAAATAAAAAGTAATGAGAACATACTTTGTGACAAA
AL1492	38:C>A	Krm10	21751730	TGCAGCTCCTGTTGAAAGTGGCTTTATGAACAATAAATAAAAAGTAATGAGGACAAACTTTGTGACAAA
AL1493	55:G>A	Krm10	22123084	TGCAGTTGAGGGCACAACCTTCCCCAACGCAAAACAAGCTAGCATCGCCGAAACCAGGGCAGTTATGGATG
AL1494	65:G>A	Krm10	22123084	TGCAGTTGAGGGCACAACCTTCCCCAACGCAAAACAAGCTAGCATCGCCGAAACCAGGGCAGTTATGGATG
AL1495	63:C>T	Krm10	22123089	TGCAGTTGAGGGCACAACCTTCCCCAACGCAAAACAAGCTAGCATCGCCGAAACCAGGGCAGTTACAGATC
AL1496	59:G>T	Krm10	22123465	TGCAGATCCTTTTCGGTATCTGGGTGCTCTATGGTTTCAGACAAAAGCTTGCCTTCACTTGGAAAACCTGG
AL1497	16:C>T	Krm10	22247338	TGCAGCCTTATTTAAGCTGTCTTGTTCAGCCAAAATTTATGATGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL1498	5:G>T	Krm10	28046460	TGCAGGAAATGATGAAACAAAAAGGATTGAAGAAATGTAAGAAAATGGAGAGGAAGTGCTGGAAATCAG
AL1499	12:A>G	Krm10	30311391	TGCAGATTTTCATACCCTTGCCGTCCAGCCCAAATAAATTTTGGGTCTAATTGCCTTTTACAGATCGGAA
AL1500	56:C>T	Krm10	38288163	TGCAGATGCCAAGACCCGTGTAGAATCGTTGCAATTTGACTTTGATGCAGTAAGAGCTGCAACAGAAGA
AL1501	17:T>G	Krm10	38304859	TGCAGTTTAGTTATCAATATCACATCATTATTGTTGATCCCATTATTTGTCTTTCAAATATTTTCGTCC
AL1502	39:G>T	Krm10	41519753	TGCAGGAAATGGCACCTATACTTTTTATACCATACATAAGGTCTTACCAAGTTGTTTTCATGAGTCAAG
AL1503	44:T>A	Krm10	41519753	TGCAGGAAATGGCACCTATACTTTTTATACCATACATAAGGTCTTACCAAGTTGTTTTCATGAGTCAAG
AL1504	40:C>G	Krm10	43398856	TGCAGCTCGAAAACCTCACTGGAGTCTGCATTTTTTCTCACTTTTTGTTGCAAAAAGAAATGGGAATCAA

Ek 1. Devam

AL1505	24:A>G	Krm10	43578832	TGCAGTAATTCTTATTTCTGCATTATCAATCTCTTTTTGAATTCCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL1506	57:A>G	Krm10	43797564	TGCAGCAATCTAAGTTACACTAGAACTAATCCTATCCATAAAAAGTAGCAACTCCTAGGCCAAGTGCT
AL1507	26:T>G	Krm10	48619717	TGCAGACGCCTGGTAGAGGTTGGAACCTGGATGTTGCTGCGGCTGTTATTCCATTACATTAGTTGTGAT
AL1508	66:C>T	Krm10	48759718	TGCAGCCAGCAGCAGCTACATTTCCATTACCCAGGGGCAGAACTGGTTGTGATGAATAATTGGATCAA
AL1509	5:C>T	Krm10	49657918	TGCAGCAATTTGTCCTAAGGTAAGTCTAATACGGGCTGACATCCAGGATATACAGTATCATAGTAGCAG
AL1510	16:A>T	Krm10	49657918	TGCAGTAATTTGTCCTAAGGTAAGTCTAATACGGGCTGACATCCAGGATATACAGTATCATAGTAGCAG
AL1511	68:G>A	Krm10	49661169	TGCAGCATAGTATGTTGACTCCTGAAGCACCAGCAGCATCAATTATTGGTCCCAATTTCTCAAATATAG
AL1512	23:T>G	Krm10	49842454	TGCAGGAATACAACAACGTATTGTGCCTGAATATGCCGGTCTTTGGGCATTCTTCAAGCGCTAGCAGA
AL1513	47:A>G	Krm10	50271231	TGCAGGGTTTGGTCGCCCTTTCTTCTTGATTAGGAACATACTTGAGAGTTTGTGGTAACTGATTGA
AL1514	63:G>A	Krm10	50271231	TGCAGGGTTTGGTCGCCCTTTCTTCTTGATTAGGAACATACTTGAGAGTTTGTGGTAACTGATTGA
AL1515	58:A>C	Krm10	50732546	TGCAGCAACTTAGCAAAACAGAACAGCCAAGAGCATAAGCTCATAAAACAGCGAAGTAAAAACAAAGAA
AL1516	35:T>G	Krm10	50949823	TGCAGGTGGGTGTAAAAGTACAACAAACAGTAAATTAGAGGTTTGGTAAATGCTTGCTGAACTAAGTG
AL1517	48:A>G	Krm10	50951208	TGCAGCAAAAATGCCTAGTTTATAAATAAAGGAAATGCAACTTACCAAAAACAGCACATGGGAAATTAC
AL1518	32:C>G	Krm10	51023696	TGCAGTGTACCCAAAAGATAAAAACAAAGAAACAAGCCAAACACCCAATATCAAATAGCCCACTATCCT
AL1519	48:T>A	Krm10	51188094	TGCAGCTTCTGCTGAAGAGAAAAGCAGCTGATGTAGAGGGAAAACACTCAATTTTCTCAAAGCATAGA
AL1520	49:A>C	Krm10	51738056	TGCAGTGTAGGTGATTTCATGTGTAATCCATAATGGAGTTTGCATCGGTCAAGATGGTAAAGTCAGTTCT
AL1521	26:A>C	Krm10	52573201	TGCAGCATTGGGGTTTTCTGCATTTCAGTAGATGGCTTTCACCCGTGCTTGCCACTTGTTCTCACCGT
AL1522	50:T>C	Krm10	52573201	TGCAGCATTGGGGTTTTCTGCATTTCAGTAGATGGCTTTCACCCGTGCTTGCCACTTGTTCTCACCGT
AL1523	29:G>C	Krm10	52578064	TGCAGGTGGTGGAGCAAATCTCACATTTTCCGGCTGTGCTACCACTACATCCTCATCTGCAAACAGCGC
AL1524	45:T>A	Krm10	52578064	TGCAGGTGGTGGAGCAAATCTCACATTTTCCGGCCGTGCTACCACTACATCCTCATCTGCAAACAGCGC
AL1525	49:A>G	Krm10	52777444	TGCAGCAACTGATGATGAAACAACGACTGACAAAGGGATCTTCTATTGTACTGAAGGTGAAGATGGCTA
AL1526	9:C>T	Krm10	52861107	TGCAGATTACCGTCTTATGGTGGCGTCGCCCTATAACTCTCATCATCGATGGTGACGGTGAATAAACG
AL1527	25:A>G	Krm10	52861107	TGCAGATTATCGTCCTTATGGTGGCATCGCCTCATAACTCTCATCATCGATGGTGACGGTGAATAAACG
AL1528	53:T>C	Krm10	52861107	TGCAGATTATCGTCCTTATGGTGGCGTCGCCCTATAACTCTCATCATCGATGGTGACTGTGAATAAACG
AL1529	31:A>T	Krm10	52861173	TGCAGTGCCTGAAATAAGCTTGAATCGCCAATCGTAAGGCCCTTATGTTAGATCAAAAATGCCTCGTT
AL1530	41:T>C	Krm10	52951738	TGCAGAGAGTTGATGTAAGTTACGATAACTCGACAATCACTTCTGATCAGGTAAGCTGTAAACTGTTGT
AL1531	23:G>C	Krm10	53246925	TGCAGTCAATTCATCAACATTCCGAATAAATAACCTGAGATCCTTTTCGCCACTTGTCCTTGGTATTA
AL1532	12:G>A	Krm10	54919645	TGCAGTCACTAGGACTCAAAGCTTCCTTCCTCAGAGTTGAGTGATATTTTTGGAGGACAGTTACAGAT
AL1533	61:T>C	Krm10	54919645	TGCAGTCACTAGAACTCAAAGCTTCCTTCCTCAGAGTTGAGTGATATTTTTGGAGGACAGTTAACTT
AL1534	48:T>C	Krm10	55639367	TGCAGAGAAAAGTAAGCCAAACACCGTTTTGGCCCGATCATGATCCAATTTCTTCAGTATATAGCAGTA
AL1535	68:T>C	Krm10	55652528	TGCAGTCACTGAATATCAAGCACTGCTTGCGAATCACACCTGGGACCTTGTTCCACTACCTGAAGGGT
AL1536	33:C>G	Krm10	58097566	TGCAGATAGAAAAGAAAAAAGGGCCTCCCATTTTCATTTCTCTGTTAGGGTTTTACAGATCGGAAGAGC
AL1537	16:A>G	Krm10	58283981	TGCAGATATACTCAGAAATAATCATGGCAAAGAAAGGTTCCGGAGGACAAAAGCTCAACCTGTTGTAGAGA
AL1538	39:T>C	Krm10	58283981	TGCAGATATACTCAGAGATAATCATGGCAAAGAAAGGTTTGGAGGACAAAAGCTCAACCTGTTGTAGAGA
AL1539	26:G>A	Krm10	58516939	TGCAGTCTCCATTTTGTATTTTTATAGGCTCAGTAGCTGCCTTGGAGCCAAGATTGTGAATAGAAATCA

Ek 1. Devam

AL1540	66:T>C	Krm10	58834109	TGCAGAGGCAACGCGGAGAAGAAGGCGTTCTGTGAAAAAATGAAAAAGAATATAAAATAGGAGAGGTGG
AL1541	5:T>C	Krm10	58836995	TGCAGTATATATGCGAGCCAAATCTTCCCTGAAGAAGGAAATGCAAAATGTTGGTCCACTCCAGAAATT
AL1542	13:T>G	Krm10	58838329	TGCAGATGGCTGTTCCACTGGCAGCAGGCATCTGTTCTATCATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL1543	23:C>T	Krm10	58859363	TGCAGTGAACCTAAGCAGGACACTCGTAAAGAGAGAACCCTAATAAATGCAAAGATGAAGCATCTTTTAC
AL1544	8:C>A	Krm10	58967386	TGCAGTTGCCATGATTTATGAAAGTACTTGAAAGGAAGCTAAAAATTTTCTTGTCCTGAACGAGCAGT
AL1545	30:A>G	Krm10	59022982	TGCAGATTTAGAGAAAATGACTAGCGAGGAAAGTATCCACCAATCCCCACTGTACCATTACTGCCTAC
AL1546	33:C>T	Krm10	59720743	TGCAGAATCAATATGAGGTTGAAACCCAAACGCGCGACCCACGGAACATCATTACAGATCGGAAGAGC
AL1547	43:A>C	Krm10	60017710	TGCAGAATGCATTAGTTTGACGGAATAATTACAACGTTGAAAAACAATTTCTTAAAAAACTTACAGAT
AL1548	8:C>T	Krm10	60032662	TGCAGGACCTATTTTCAAAAAAAAAAATTATAAAAGGATGTAAGATGAGAATATATATTATTACCAATA
AL1549	23:T>C	Krm10	60112421	TGCAGCACGTATGCTTGCTGTAATAGCAAGGTTGTTTAGTTACTTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTT
AL1550	5:C>A	Krm10	60137866	TGCAGCATGTGTGACAGACATCTCATGGACACTTTCTGATCAAATTTGGATTCTAAAAATTCAGTGGAA
AL1551	29:C>A	Krm10	60137866	TGCAGCATGTGTGACAGACATCTCATGGACACTTTCTGATCAAATTTGGATTCTAAAAATTCAGTGGAA
AL1552	55:T>C	Krm10	60437490	TGCAGCAATTGTGCATGTTGCAGCAACATATTTTCTGTTTTAGTTGCAATGTAATTTAGTTTTGTTGAA
AL1553	47:C>T	Krm10	61086902	TGCAGCCTCACATGCTGGCCCAAGGTGGAATACTGGGGTCAATTTACGCGTGTTCGGATGGGAACATGAC
AL1554	34:A>G	Krm10	61086902	TGCAGCCTCACATGCTGGCCCAAGGTGGAATACTAGGGTCAATTTACGCGTGTTCGGATGGGAGCATGAC
AL1555	66:A>T	Krm10	61087975	TGCAGCAGTCGTGAAGCAAGATCAATTGCTTCGGGAGGCATCCTTTTATGGAAAACCTAAAAACATACA
AL1556	59:T>A	Krm10	61087975	TGCAGCAGTCGTGAAGCAAGATCAATTGCTTCGGGAGGCATCCTTTTATGGAAAACCTATAAACATACA
AL1557	67:C>A	Krm10	61087975	TGCAGCAGTCGTGAAGCAAGATCAATTGCTTCGGGAGGCATCCTTTTATGGAAAACCTAAAAACATTCA
AL1558	15:G>A	Krm10	61104380	TGCAGGGAAACTACCGCTACTTCTGGTAGTCGGGAGAGCAATGATCTGCTCAGTGAAGGCACAGCAGT
AL1559	65:G>T	Krm10	61325066	TGCAGAAGACATCAATCAAGTTGTAGGGAAAATAGAGATAAAAAGATCACCTATCGATAGCAGCAGCAT
AL1560	60:T>A	Krm10	61338576	TGCAGCAGGGATGAGGGAAGGTTTTTCTTTTTCTGTTTTGGGAATTTATGTTTTAGGGTTAGTAATT
AL1561	11:G>T	Krm10	61338576	TGCAGCAGGGAGGAGGGAAGGTTTTTCTTTTTCTGTTTTGGGAATTTATGTTTTAGGGTTAGTAATT
AL1562	35:T>C	Krm10	61593137	TGCAGATTATGTTATTACAATGGCTTCAAAGGGGATGATTTGATTGATAGAAATCTCATTACTTGTTAT
AL1563	56:C>T	Krm10	61593137	TGCAGATTATGTTATTACAATGGCTTCAAAGGGGACGATTTGATTGATAGAAATCTCATTACTTGTTAT
AL1564	8:C>A	Krm10	61593137	TGCAGATTCTGTTATTACAATGCCTTCAAAGGGGATGATTTGATTGATAGAAATCTCATTACTTGTTAT
AL1565	9:G>A	Krm10	61788060	TGCAGCCTCGTTTTTCAGCAGCTTCCCTTTTTTGTCTTCTAACACAGCAATCTACACGGTCAAGCAATC
AL1566	5:G>A	Krm11	94272	TGCAGGGGTATATTACTGGTAATTCGAAAAAACCCGTTGTAATGATTCCACTTATGATTAGTGGGACT
AL1567	6:C>T	Krm11	118099	TGCAGTCAATGGATCGTCATTTTCAAAGAAAAAATTGTGGTGAAAAATCTATTTCCAACACTTTGTGGA
AL1568	65:A>C	Krm11	198036	TGCAGATAGAAATGGCAAAAAAAAAAAAAAAAAACAGTTGTTGAAATCAAGTAATGGTCCCAAGTTAACAA
AL1569	8:T>C	Krm11	207684	TGCAGGGCTCCATACTATAATCGATGGGAAAGAAAGTTGTGAACTTTGCTTCTGCAAAATATCTTGGATT
AL1570	55:G>A	Krm11	354896	TGCAGAATGCAGCAGAGTGCAGAGCTGGCCCTTTGAATTTTTTCATTAGGCATTGGCTGTCTCTTTTCC
AL1571	7:T>C	Krm11	354896	TGCAGAATGCAGCAGAGTGCAGAGCTGGCCCTTTGAATTTTTTCATTAGGCATTGACTGTCTCTTTTCC
AL1572	48:A>T	Krm11	412627	TGCAGATGCTGCAAAGTATTGTGAGGAAAAACAAGGTGCAAAGGTTAGTAGAAAAATGGGTATCTACTTTA
AL1573	21:T>A	Krm11	412627	TGCAGATGCTGCAAAGTATTGTGAGGAAAAACAAGGTGCAAAGGTTAGTTGAAAAATGGGTATCTACTTTA
AL1574	50:A>G	Krm11	412627	TGCAGATGCTGCAAAGTATTGTGAGGAAAAACAAGGTGCAAAGGTTAGTTGAAAAATGGGTATCTACTTTA

Ek 1. Devam

AL1575	20:C>G	Krm11	443604	TGCAGAGCATCAACGGGCTCCAAATGTTTGGATTTCTCTCACCATCCATAATTCAGGTAATGATGCCTT
AL1576	44:T>C	Krm11	443604	TGCAGAGCATCAACGGGCTCCAAATGTTTGGATTTCTCTCACCATCCATAATTCAGGTAATGATGCCTT
AL1577	10:C>A	Krm11	443604	TGCAGAGCATCAACGGGCTCCAAATGTTTGGATTTCTCTCACCATCCATAATTCAGGTAATGATGCCTT
AL1578	57:C>A	Krm11	507447	TGCAGCAAAGTGTATAACAGCATCAAATGCATTCTCCGAAAATATTTGTCTACCTACGATACAATGTC
AL1579	33:G>T	Krm11	816316	TGCAGTGAAGAGCATTTTGGATTTTCTTAGAAGGAATTTGCCTGGTAAGTGGGATTTTCTTCAATTTAT
AL1580	21:T>C	Krm11	818446	TGCAGTGGATAGCGTATTTGATTTCCCTTAGGAAGAATTTGCCTGGCAATTCGGAATTTCTAAGGATTAA
AL1581	5:C>T	Krm11	818446	TGCAGCGGATAGCGTATTTGATTTCTTAGGAATAATTTGCCTGGCAATTCGGAATTTCTAAGGATTAC
AL1582	29:T>A	Krm11	829744	TGCAGTTACTGCCAGTGATGGCTGCCATTTCTGGCAAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL1583	38:A>G	Krm11	829744	TGCAGTTACTGCCAGTGATGGCTGCCATTTCTGGCAAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL1584	68:C>T	Krm11	830821	TGCAGTGATGATAACAAAATATTGTATATGGTTTAGAGGAGATTGTTCCCTAGGGCACTGCTTACAGATC
AL1585	10:T>C	Krm11	881170	TGCAGTTGCTTAATATTTCCCATGCCCTTCGTGTCCAAATTTGAAATCCACCCCATTGGTAGGATACGTT
AL1586	34:G>A	Krm11	890667	TGCAGATTCTCCTACTAGCCAAGTTCCTGAATACGGGATTCGGGTTGATTTCCGATATTCGGTAAGTAC
AL1587	26:T>G	Krm11	1355959	TGCAGTTGTTGAACAGCAATTATAAGTTATGATTATCATTATCAGTTCATATAATTTTGTGTCATTGA
AL1588	10:T>C	Krm11	1567009	TGCAGTAATATCCGAGATGCTGCCGATGCAGAATGGAGGTCGAAGCTAATGTAGTTTCATTTTAGGAGCT
AL1589	16:G>A	Krm11	1740561	TGCAGGTTTTGAGGGTGTATAATAAAGCTTTGATTGTCTATGAAGACATTTCAATCATGGAATGCACT
AL1590	66:T>C	Krm11	1796699	TGCAGTAATGAAGGGCGTTTCAGGGGGACAGGGAAGTGGAGCTGGGTGAGCGATGAAAGTAGGAATTTCA
AL1591	27:C>T	Krm11	1796699	TGCAGTAATGAAGGGCGTTTCAGGGGGACAGGGAAGTGGAGCTGGGTGAGCGATGAAAGTAGGAATTTCA
AL1592	47:T>C	Krm11	2520057	TGCAGTTAATGGTTAGCCAACCTTTTTCTTGCTACCTTTCAACTGCTTCTCCTTATCTTCGTGTTAGTT
AL1593	61:T>C	Krm11	3098392	TGCAGAAGAAAGGACACCTTGATAGAGATTATCTTCCAAAATATGATTGTATGCAATATGATGGCATT
AL1594	37:A>G	Krm11	3098392	TGCAGAAGAAAGGACACCTTGATAGAGATTATCTTCCAAAATATGATTGTATGCAATATGACGGCATT
AL1595	34:C>T	Krm11	3382350	TGCAGTTGCTTATGAAATTTTCTTGCCCTATAACTTTGTTTGTATGCTACTAAACTAGGCTCCTAATGT
AL1596	55:A>G	Krm11	3738965	TGCAGATTCTGCTGCCAAGTGCCTGTTGTGATCTTTTGCCTCCATTTTACCCTTTACTTTGTGTCATTGGT
AL1597	10:A>G	Krm11	3738965	TGCAGATTCTACTGCCAAGTGCCTGTTGTGATCTTTTGCCTCCATTTTACCCTTTACTTTGTGTCATTGGT
AL1598	57:G>T	Krm11	3749988	TGCAGAGACATTTGTCTGACATGAGCCACCCAGCATGACTCCAATTCATCTACTTTTGTAGCTGCCATAA
AL1599	15:C>T	Krm11	3749988	TGCAGAGACATTTGTCTGACATGAGCCACCCAGCATGACTCCAATTCATCTACTTTTGTAGCTGCCATAA
AL1600	50:C>A	Krm11	4829184	TGCAGATTTGTTGCAAGGCTTATTTCCPTTTATTCAATATTTGTAAGACACTTCTGCTATCATATCATC
AL1601	55:A>G	Krm11	4829184	TGCAGATTTGTTGCAAGGCTTATTTCCPTTTATTCAATATTTGTAAGACAACTTACTATCATATCATC
AL1602	38:T>C	Krm11	5085430	TGCAGAATTTACAAGAAAGAAAGAAAAAATTCCTTTTTTGAATCTTGAAAAGGTTTAGAAAAAG
AL1603	58:G>A	Krm11	5380413	TGCAGTATGAACCTGTAAGAGTTGTATGGCTTATAATGGGATCCTCCTTACCATGGGGGTACCCAGTAC
AL1604	27:A>T	Krm11	5490297	TGCAGTCCTCTTTTCAGGCCCTCCGAAGCAAGAACTAGCAACCCAAATGGACCGAGACTCCCTTTAAT
AL1605	29:T>C	Krm11	5490297	TGCAGTCCTCTTTTCAGGCCCTCCGAAGTAAGAACTAGCAACCCAAATGGACCGAGACTCCCTTTACA
AL1606	5:T>C	Krm11	5747823	TGCAGTATGATGACCAAAGATTTTAGCCCTTCAACTTGGTTGCAAATGAGATTTGAGCAAAGCAAGTG
AL1607	52:C>T	Krm11	6913208	TGCAGTGGGTGGTCAGTACATCTGGGCTCGTTTACAGTCATTCTCTGCTTTTCGCAGATGGGGTGATTC
AL1608	44:G>A	Krm11	6946303	TGCAGATTGTCCATGCCAAAAGGGTTCCATACACTGCAATTTTCGTCTTCCACTCGTGCTTCAGTAA
AL1609	11:G>A	Krm11	7425546	TGCAGCAGTATGAGGCATCCGCCGATGTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGAC

Ek 1. Devam

AL1610	36:A>T	Krm11	7987800	TGCAGTCAAATGCTCTACCACTGAGCTATGACCCCCACTTTGACAATTTTGGTAACTAGTTTTATATAT
AL1611	7:T>C	Krm11	8142358	TGCAGCTTCTTTATCCCAGGAAAAGAAGGGAGAATTGCAATAAGAGCATCACCATATCCGATAGAATCT
AL1612	32:A>G	Krm11	8407943	TGCAGCTCTAAACTTCTTCACCACAGTAACTCAATCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL1613	25:G>A	Krm11	8407943	TGCAGCTCTAAACTTCTTCACCACAGTAACTCAATCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL1614	45:T>A	Krm11	8601788	TGCAGTAAAATTCAATATGGGTCAAGTCAAACGGCAGCAGCAACTACAATAATAATAATTCTTTTTTA
AL1615	66:G>A	Krm11	9321649	TGCAGTGATAAGACTGGGACACTTACTCTCAACAAGCTTACTGTAGACAAGTCCTTAGTCGAGGTTGGT
AL1616	20:A>G	Krm11	9328007	TGCAGCTATGCCTTCAGGTAATCCCTCACTCTTTCTTTCTTTTTATAATGTGTCTCGGTTTTACAGAT
AL1617	67:C>A	Krm11	9328007	TGCAGGTATGGCTTCAGGTAATCCCTCACTCTTTCTTTCTTTTTATAATGTATCTGGGTTTTAATGCT
AL1618	37:T>C	Krm11	10073426	TGCAGGTAATTTAAGTTTCTTTGTTTGCCCCATAACTAATGGAAGAAAGTGTAGAACAATGGTTACAT
AL1619	39:A>G	Krm11	10073426	TGCAGGTAATTTAAGTTTCTTTGTTTGCCCCATAACTAATGGAAGAAAGTGTAGAACAATGGTTACAT
AL1620	5:A>G	Krm11	10394917	TGCAGATTAATGCAAAATTTATCAACAAAAACCATAGAATATCAGGATAAGTGAAGCCCATAAACATGT
AL1621	12:A>C	Krm11	10964352	TGCAGCATTTACAAGCTAAGTCACTGTCTCTCTTTGAGTCTTACACCTGTAGAAGGAAAAGTAAACACC
AL1622	33:C>T	Krm11	10964352	TGCAGCATTTACCAGCTAAGTCACTGTCTCTCTCTGAGTCTTACACCTGTAGAAGGAAAAGTAAACACC
AL1623	9:C>T	Krm11	12271951	TGCAGCTAACCCACGATGTTCCGGCTTCAGCTGTGGATCGAGACACGACTTGTTGCTTATTGGAACACCA
AL1624	5:C>T	Krm11	14475215	TGCAGCAACAAAGAACCTGTAATTCAGGACAAACAAACAATGAAGTTAGTTGTTGTATAATTCCA
AL1625	29:A>G	Krm11	15549703	TGCAGCGACAAGAGCAGCTATCTAAATCCATCCAAAAGCAAGAGGTAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1626	14:C>T	Krm11	15549703	TGCAGCGACAAGAGCAGCTATCTAAATCCATCCAAAAGCAAGAGGTAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1627	19:A>T	Krm11	15549703	TGCAGCGACAAAAGCAGCTATCTAAATCCATCCAAAAGCAAGATGTAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1628	30:T>G	Krm11	15685765	TGCAGAGAAAAGAAGTAAAAGTCGCCAACATTAATCGACAAGTGGCAGAATCAAGACTTAGAGATGCTGA
AL1629	10:A>G	Krm11	16982269	TGCAGAATAAATGAAAAAGTTTGAATCTTTTAGTTGGCATGGCTGACAATTTAATTACAGATCGGAAGA
AL1630	12:G>T	Krm11	18509921	TGCAGTATATCGGCAGTACTCTATATATTCAGTGTCCATAACCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAG
AL1631	62:C>A	Krm11	18899401	TGCAGAATTGGTGTGTTGCATGAGAAACATAGAAGCCATCACTGGGGATAAGGTCTCTAGTGACGTAGTA
AL1632	65:C>T	Krm11	20238152	TGCAGGCCCTCAAGAAGAACGCAAGGTTTATTTTGTGATTGACATTCAATGTTGATTGATGTTACAGA
AL1633	47:T>A	Krm11	21395952	TGCAGATCATGACCCATGAAAATCTTGAAGATAGCTTGGTGTCTCCCGCATGGATCGGTTCTTAA
AL1634	7:C>A	Krm11	22510779	TGCAGTGCCCCCTAAATGTCAAGTCCACCTCCAGAATGTAGAACAATAACTAAGCAAAATCCATAATA
AL1635	45:A>G	Krm11	22511458	TGCAGTGATTCTTGCCCAAATCCAAATAGACTCAAGCAGGTTCCCATGATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1636	13:G>C	Krm11	22511458	TGCAGTGATTCTTGCCCAAATCCAAATAGACTCAAGCAGGTTCCCGTGATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1637	50:G>A	Krm11	22816960	TGCAGAAATCCTTTGTAGAAATTGAGTTTTTGTATACATTGCTCAGTGCGCAGTGGACTATTCTCGTT
AL1638	27:T>C	Krm11	23945618	TGCAGCTAACATAATGAACATATGATTTTGTGGTGCTTCTCAAGAATATGGATTTGTCTGCACCAAC
AL1639	61:T>C	Krm11	23948046	TGCAGATTTAGTGCCTACATGCTCATTATTATTGGCAGGCCCATCTCTTTACATAACTATAGCAGCT
AL1640	36:T>C	Krm11	25130952	TGCAGCAGCAATAGGCGCAAAATTGCTTCATCTTCTTTTTCTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL1641	6:A>G	Krm11	25165005	TGCAGTACTGCAGGCTGCAACAAATAGCCCTCAGTCTGATAGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACGCA
AL1642	40:A>G	Krm11	25165005	TGCAGTACTGCAGGCTGCAACAAATAGCCCTCAGTCTGATAGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACGCA
AL1643	43:T>C	Krm11	25912145	TGCAGATTCCTTTTTTATGCTTTATCTTCTTAATGCAGAGTACTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1644	20:T>C	Krm11	26499619	TGCAGGTTCTTCTTGAGGACTCCGAAATTATAAAAGTAATATCTCTACAGTTACAGATCGGAAGAGCGG



Ek 1. Devam

AL1645	44:T>C	Krm11	26499619	TGCAGGTTCTTCTTGAGGACTCCGAAATTATAAAAGTAATATCTTTACATTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL1646	5:T>A	Krm11	26772010	TGCAGTTCAAATTCGAAGCCATGCTCAAAGTTTTTCTCTAAGTCTTATTGCTTTGAGTTCATTACAAA
AL1647	27:A>C	Krm11	27025219	TGCAGATAGTTGCAAAATCATGTTTATAAAGAATATGAGTGCTACAATAACAAATATAATCGAGTTGTA
AL1648	26:A>G	Krm11	28871505	TGCAGTTACACTTCCTTGATTTCCCTTAAACCAACTGACTGCATCAGAGACAATTTTGATTTGTCATTAC
AL1649	55:A>G	Krm11	29177654	TGCAGTCTTACAGTTTCGACCCCTTCTTCACTAAAAATTTATTATCTCCTCGTACAAAATTTTGATGATG
AL1650	35:G>A	Krm11	30047192	TGCAGGCAAGGCAAAGATAACATCCATATACAATGACCACAGTTTGTAGAATTATATCAGCAAACCAC
AL1651	12:G>A	Krm11	33990099	TGCAGCCATAGAGGTAACCCATGGTGAGGGCACCTTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL1652	17:C>T	Krm11	33990099	TGCAGCCATAGAGGTAACCCATGGTGAGGGCACCTTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL1653	29:T>A	Krm11	38579266	TGCAGCATGATAGTATTACCATATAAAAAATTTTGTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL1654	30:A>T	Krm11	43504930	TGCAGTCTTGAGCAATCTGAAGATCACATTTGGAGACAGTGCATCGATTCTTCAATTCGGCGCC
AL1655	59:G>A	Krm11	43678561	TGCAGAAAGCCGAAGTCAGTCCAAAGGGCAAGCTTCTCAAAGGCTTGTTGCTCTTTCGACATAAAATC
AL1656	20:A>C	Krm11	43773372	TGCAGGACAAGCTTACGAAGAAATGAACAATGCCGGATATCTTGATTCTGATATGATTGTTATTCTTAC
AL1657	8:C>T	Krm11	44462361	TGCAGGAGCGGAGGATTTGAAGAAAAAGTGACACCATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL1658	45:G>A	Krm11	45125260	TGCAGAAACACCGCCTTCAAATCTTTCTGAAAATGTCCCAAATGTTTTTGATCTTTTCATCCTTTAA
AL1659	15:T>G	Krm11	47273144	TGCAGATTTGGTGTCTAAATGCTCTGCATGAAAATAAGAGTAACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGC
AL1660	13:T>C	Krm11	47273144	TGCAGATTTGGTGTCTAAATGCTCTGCATGAAAATAAGAGTAACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGC
AL1661	6:C>T	Krm11	47273144	TGCAGACTTGGTGCCTACATGCTCTGCATGAAAATAAGAGTAACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGC
AL1662	27:C>T	Krm11	47608167	TGCAGGTGGAGGAAGTATTTGCAAGAGCTCAATGAAATCTACACTGTTGGCGATAATGTAATCACTGA
AL1663	31:C>A	Krm11	47708079	TGCAGAAAACGTAGTTGATTATAATAATAATCGTGTGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAAT
AL1664	32:G>A	Krm11	47708079	TGCAGAAAACGTAGTTGATTATAATAATAATCGTGTGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAAT
AL1665	19:T>C	Krm11	47923186	TGCAGGGTGCAAATAGAGATTGTTTTCCACTTCCACGCTGCTGATGTTTTCGCCTCCCGATATGATTAT
AL1666	46:A>T	Krm11	48133824	TGCAGATTGTCACCGAGAGTAGCCTTGCTGATCAGATGCAGCTGACAGAACTTATATTACAGATCGGAA
AL1667	54:G>A	Krm11	48140296	TGCAGTCTTGGAACTTTTGAAATATATCCGCAAGGTGCATGTTATTCAACCATGTATTGGGATATTAA
AL1668	66:A>T	Krm11	48140296	TGCAGTCTTGGAACTTTTGAAATATATCCGCAAGGTGCATGTTATTCAACCATGTATTGGGATATACT
AL1669	33:C>T	Krm11	48144065	TGCAGCCAGGTTAAATGGTTCCATTGTTGAAATCTGCACACGTTATTTGTTTACAGATCGGAAGAGCG
AL1670	40:G>A	Krm11	48232359	TGCAGTCATCATTTCCATTCAAGCTCTTTATTTTCTTAGCGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL1671	57:A>T	Krm11	48245497	TGCAGAAGGTATTATCATGTTGAAATGTCACAGACTATAATTGACCATGCTCTAGATAATTTACCAGAT
AL1672	32:T>C	Krm11	48494479	TGCAGGATCGATCTTGTGCGTGTTTGGGTGGCTCAACTGAGAGAAAATAAGGGTCTAAACTAAATAGTG
AL1673	27:G>T	Krm11	48494479	TGCAGGATCGATCTTGTGCGTGTTTGGGTGGCCCAATTGAGAGAAAATAAGGGTCTAAACTAAATAGTG
AL1674	38:T>G	Krm11	48678913	TGCAGAACGTTCCATCTCCTGTGATAAGCCAACAAAAATCACACGTATAACCGTCTATCAGTATCCCCAA
AL1675	43:C>T	Krm11	48678913	TGCAGAACGTTCCATCTCCTGTGATAAGCCAACAAAAAGCACACGTATAACCGTCTATCAGTATCCCCAA
AL1676	35:A>G	Krm11	48678913	TGCAGAACGTTCCATCTCCTGTGATAAGCCAACAAAAATCACACGTATAACCGTCTATCAGTATCCCCAA
AL1677	31:A>T	Krm11	49007760	TGCAGAAGCTTCTGCAACTTCGTGCTTTGAAAGAGCATCAAGTTGAAAATGCTCCAATTGAATCTTCAT
AL1678	10:G>A	Krm11	49083276	TGCAGTCATCGTGATTTGTGTAGGCCCGGATTGTTCGAGAGAGAAAACAATTTTGGCCATAAACATCCA
AL1679	11:T>C	Krm11	49083276	TGCAGTCATCATGATTTGTGTAGGCCCGGATTGTTCGAGAGAGAAAACAATTTTGGCCATAAACATCCA

Ek 1. Devam

AL1680	27:G>A	Krm11	49723110	TGCAGTAGCCGTACTCTGAGCAAGAATGGCCAGTGAGTCCCCAACCCACCTTCTTACCAAAACTGCATC
AL1681	32:A>G	Krm11	49723110	TGCAGTAGCCGTACTCTGAGCAAGAATAGCCAATGAGTCCCCAACCCACCTTCTTACCAAAACTGCATC
AL1682	37:A>C	Krm11	50632057	TGCAGCATTATGTTTTTCAGGCAAACCATGATTAGGTGATTTTAGCATTTCAGAGACTAGTTCACCTTCAT
AL1683	25:A>C	Krm11	50632057	TGCAGCATTATGTTTTTCAGGCAAACAATGATTAGGTGCTTTTAGCATTTCAGAGACTAGTTCACCTTCAT
AL1684	35:T>C	Krm11	50632057	TGCAGCATTATGTTTTTCAGGCAAACCATGATTAGGTGCTTTTAGCATTTCAGAGACTAGTTCACCTTCAT
AL1685	47:T>C	Krm11	52180774	TGCAGTCAATTTCTAATTCTTTACCCTCGTCTGTGATCTAGCAGCTGTTTACCTAGCCTTCCCCCACC
AL1686	14:G>A	Krm11	52180774	TGCAGTCAATTTCTGATTCTTTACCCTCGTCTGTGATCTAGCAGCTGCTTACCTAGCCTTCCCCCACC
AL1687	17:T>C	Krm11	52180774	TGCAGTCAATTTCTAATTCTTTACCCTCGTCTGTGATCTAGCAGCTGCTTACCTAGCCTTCCCCCACC
AL1688	66:A>C	Krm11	52180774	TGCAGTCAATTTCTAATTCTTTACCCTCGTCTGTGATCTAGCAGCTGCTTACCTAGCCTTCCCCCACC
AL1689	19:C>G	Krm11	52894748	TGCAGCCTACTTCTTTGGACATTGAAAATCATGTGTATGGCAGAGACAAAGACAAACAGACAATTCTTG
AL1690	11:C>T	Krm11	52971198	TGCAGGAAAAACAAATAAAATTGAAGTTTTTCATCAGAAAACAATATAGAGGAAAGAACATGAGTATAAGT
AL1691	60:A>G	Krm11	52971198	TGCAGGAAAAACAAATAAAATTGAAGTTTTTCATCAGAAAACAATATAGAGGAAAGAACATGAGTATAAGT
AL1692	53:G>T	Krm11	52971198	TGCAGGAAAAACAAATAAAATTGAAGTTTTTCATCAGAAAACAATATAGAGGAAAGAACATGAGTATAAGT
AL1693	23:A>C	Krm11	53041053	TGCAGCTTCAAGATTGCCATTTCATGCAAGCAAGCTGCAACATGGTGTTGTAGGTGCGTTTTTCGAGATT
AL1694	19:G>A	Krm11	53360731	TGCAGCAGTGCCACTAAATGCATGATGAAACACGGAAAAAGTAAAAACTGAAATTCTGATGTGTTTAGC
AL1695	28:G>T	Krm11	53494197	TGCAGATAGGTATTCTCTACACCTATTCGTACCCCTAATTTCTCCTTCATTCTTTTCTGTCTCTAT
AL1696	44:T>C	Krm11	53534596	TGCAGGGAGAAAAGATGAAGAATAAAGGCTGTACATGAGTTGGGTCATTTCGCACCTTGTGCTTTACAGA
AL1697	53:C>T	Krm11	53534662	TGCAGAAGAAAAATGCTAGTGTCTGCCATCATTACTGTTTGATGCATGATTCACGAACCCTGTTTCCTA
AL1698	23:G>A	Krm11	53615356	TGCAGCAGCTTCGTGCAAAAAACGCAATCATATAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCC
AL1699	11:C>T	Krm11	54681505	TGCAGCAAACCCAAAGGTAAGTACTGATGCTCAGCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGA
AL1700	14:C>T	Krm11	55828105	TGCAGTAATCTTTACAACGTTGTAATTTGGTGTGTTGGAGTTAATATCCTCCATTGTTTACAGATCGGAAG
AL1701	28:A>G	Krm11	56490111	TGCAGAAAATATCACAAAAAGCCACACCAGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL1702	6:G>T	Krm11	56542373	TGCAGAGATAGGTAAGACTGTTAGAAGTAGGATTCAACTTACATGGCGGGTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL1703	48:T>A	Krm11	56654641	TGCAGCGATGTAACCATATCATGCAATATGAAGGCAGCAGGCAGTCTTCGTGACTGGATACCTCAAAG
AL1704	40:G>A	Krm11	56654641	TGCAGCGATGTAACCATATCATGCAATATGAAGGCAGCAGGCAGTCTTCGTGACTGGATACCTCAAAG
AL1705	12:C>T	Krm11	56704101	TGCAGAAATGGTTCGTAGCAGTCCCTGCATTACCTGAACCAGTAGCTAAAAATCACCTTCCCCATTGACAT
AL1706	7:A>C	Krm11	57038124	TGCAGTCATTGCAGCTCCAAATAAAGCATGCAACCTCACACAATAATATTTTGCCATGAAGATCATCCT
AL1707	60:G>A	Krm11	57038124	TGCAGTCATTGCAGCTCCAAATAAAGCATGCAACCTCACACAATAATATTTTGCCATGAAGATCATCCT
AL1708	10:A>G	Krm11	57038124	TGCAGTCATTATAGCTCCAAATAAAGCAGGCAACCTCACACAATAATATTTTGCCATGAAGATCATCCT
AL1709	11:T>C	Krm11	57038124	TGCAGTCATTGTATCTCCAAATAAAGCATGCAACCTCACACAATAATATTTTGCCATGAAGATCATCCT
AL1710	55:G>A	Krm11	57038124	TGCAGTCATTGCAGCTCCAAATAAAGCATGCAACCTCACACAATAATATTTTGCCATGAAGATCATCCT
AL1711	30:G>A	Krm11	57181850	TGCAGATACTATTGGTTGGCTGAACCAGAGGAGTGAGTTCGGGAACTCGAGGTTGGAGAGAGAATTGAA
AL1712	13:C>T	Krm11	58671614	TGCAGTGATAAGACATATTGCACTCTCAAAGATAGATGTATGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL1713	37:T>C	Krm11	58850030	TGCAGAAAAGGATTTTTGCTAAGCCAAAGTCACCTATATGTCCAACCATTTCCCCATCAAGCAGAATGTT
AL1714	51:T>C	Krm11	58850030	TGCAGAAAAGGATTTTTGCTAAGCCAAAGTCACCTATATGTCCAACCATTTCTCCATCAAGCAGAATATT

Ek 1. Devam

AL1715	36:C>T	Krm11	59108023	TGCAGTCTAAATTTAACCCCTAAAACCCTAATTCCATCGAGAACTAATAACAACCAAATTCATTACAGA
AL1716	29:C>G	Krm11	59109010	TGCAGTGTTCATTCTGTTGATAATCATCCATCTAACAGACACATTTACTATGCCGAGGATAGGTTTGA
AL1717	22:C>T	Krm11	59121941	TGCAGAGAAAAGTGAAGTCACCCTCTCTCCCATGTCCCAAATAATTTTGGCCTAGTTCAAGGTCATACA
AL1718	35:G>T	Krm11	59147784	TGCAGATCAGCCACAGTAGCCTGCAAAAACAATTTTGAGAAAAGAAAATAACAATAAATTTTCGTTTCTT
AL1719	22:A>T	Krm11	59533513	TGCAGGCTGCTAAGGTTTTTGAAAGCCAAAATTTCTTGAGGGTTTCTAGTCCATATTTCTATCGACTCC
AL1720	68:C>A	Krm11	59816068	TGCAGCATCATCAAGATTCTCAAAAACATATTCATAAAGCGCTGATTGATCAATTCAATTCAAAAAAC
AL1721	9:T>A	Krm11	60348547	TGCAGTTTCTACAGTGTAGAGAGCCAGAATGGAACAAGGTAGTGTTCAGGCAGACTGGTAGCAGTGA
AL1722	16:T>A	Krm11	60623225	TGCAGTTTTCTATTATTTTACTTTTGACATATAATGCTGGTTAGTGTATTCTGATGAAGCTATTGTTTG
AL1723	52:G>A	Krm11	60628198	TGCAGGTACACGGGGCACGGGTAACCACCCTTCTCCTCCTGGCGTTGCAACGTTTGTCGGAACGAAGC
AL1724	23:A>G	Krm11	60657203	TGCAGGAAAAATTTGCAAGAGGAAGAGGATTTGATGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACGCAGGAATG
AL1725	42:G>T	Krm11	61466410	TGCAGAGTTAGTTGGAATAGATGATCAGAAACAGACGATTTTGACGCTAATTGAGCAGGAAGACAGTCG
AL1726	44:C>G	Krm11	61466410	TGCAGAGTTAGTTGGAATAGATGATCAGAAACAGACGATTTTGACGCTAATTGAGCAGGAAGACAGTCG
AL1727	37:T>A	Krm11	61588868	TGCAGCAAACATGACCCGAAGTAGATAAGTATATCATTTCATAGTTAGAAAAAAAATAATAGTGATCAC
AL1728	14:C>T	Krm11	61855021	TGCAGATAAATACTCCTGTTCTGTTGTCACCACAGCAGAGGATAAATCAAAGAGTCTGCAAGAAATGAAA
AL1729	17:T>C	Krm11	61855021	TGCAGATAAATACTCCTGTTCTGTTGTCACCACAGCAGAGGATAAATCAAAGAGTCTGCAAGAAATGAAA
AL1730	21:A>C	Krm11	61936150	TGCAGCAATCAAACCAGCAAAGGTAACCTCGTCAATTCACCGTATCATAGTTACCAAATCAGCCTCCT
AL1731	25:A>G	Krm11	62263659	TGCAGTTCTTTTAAACAGAATCAATCACCACTTTGGTAGCGGAAATATGATCGACGGCTTTCTCGCACGT
AL1732	51:G>T	Krm11	62426593	TGCAGAATTTGAACTATACTCTCCTAATTTTGTCTATCTCTATGAGTCTTGACCAACATCTCAATGG
AL1733	33:C>T	Krm11	62426659	TGCAGATTATGAGCACAAAACTAATTATATAGCTTTGTGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAG
AL1734	13:T>C	Krm11	62426659	TGCAGATTATGAGTACAAAACTAATTATATAGTTTTGTGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAG
AL1735	24:A>T	Krm11	62478718	TGCAGACAAATATAAATGTCATAAAAAGATAACATAACTCTTCCTTCTTACATACGAATACAAATCA
AL1736	5:T>C	Krm12	201529	TGCAGTCAGTCTTAGGATATAAAAAGGAAATCATATTATCATCTGGCGAACATTAGATGGACAATCCAAG
AL1737	66:G>A	Krm12	299602	TGCAGAACTTTTAGTTTCTAATTTTTAGGGATATTCCTCAGTCTTCTGAGGTTAGCTAATATTTTCGGT
AL1738	53:T>A	Krm12	299602	TGCAGAACTTTTAGTTTCTAATTTTTAGGGATATTCCTCAGTCTTCTGAGGTTTGTCTAATATTTTCAGT
AL1739	9:C>A	Krm12	302205	TGCAGCAACCTAGGTACATGAAAGGAAAGTGAAGTGCCAAATCTAGAGCAGATGAAGCATTTCAAACT
AL1740	13:G>T	Krm12	372786	TGCAGAGTATAGAGAAAAGAAAGAGACAGCATATAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATG
AL1741	18:A>G	Krm12	394435	TGCAGCCATTGCCATTGCAGTTGGGTGGAGATATCGGTTAGACAAAAAGGAGAAAAGAAAGTCAAGTCAA
AL1742	12:A>T	Krm12	416240	TGCAGCAGCAACATTGTCGACTCCATCTAATGTTGCAAAATCAACAGCATTTCATTACAACAAATTAT
AL1743	55:G>T	Krm12	626338	TGCAGTGTGGTGGAAGCATATTTTCATCACATTTCTTTTCTTTTCATTGTTAGTTGATTTTATTTTATT
AL1744	65:T>C	Krm12	629586	TGCAGTCAACAGCAAATTTACATTTCTCAAGTAGTCCATGTCAGAAAAAGCGAAAACACTAGCATTGGA
AL1745	59:A>G	Krm12	684483	TGCAGTCAGATGGCAACTAAGCAGAGAACTTGGAAGTGACGTTAACTTTGGGGTAAACGAGAATTGGAA
AL1746	20:G>T	Krm12	686815	TGCAGAGTGATCAAAATTATGTATAGTGTGGGTAACAATACACACACATTAGGAGCTTACAGATCG
AL1747	16:A>G	Krm12	734970	TGCAGCTCAGAGGGTTATAGTTGCTAAGATCTGTGAAGAAAGCAAGACTTTGCTTACAGATCGGAAGA
AL1748	29:A>T	Krm12	839594	TGCAGAAGCAACTGCTTTTAGTAAAACCTGAACATTTTATTATTATTTGCAGGTGAAAATTACTAACT
AL1749	31:C>A	Krm12	839594	TGCAGAAGCAACTGCTTTTAGTAAAACCTGTACATTTTATTATTATTTGCAGGTGAAAATTACTAACT

Ek 1. Devam

AL1750	65:C>A	Krm12	954833	TGCAGATCAATCTGCCCTCCCCTGTATGATCCACGTTTCTTCTTGGTCTTCTCGTGCCGGAAACCCCTG
AL1751	33:A>G	Krm12	1071272	TGCAGACTGAAGTCAACTATCTAGGGCAACTCAACCATTCAAATCTGTGAAGCTCATTGGATACTGTT
AL1752	28:C>T	Krm12	1300907	TGCAGATTTGCAATGTGGTGATATTTTTCACCTGTTTTCTTGTTTTTTCTGGTGAGCTTTCTGTTC
AL1753	50:A>G	Krm12	1402851	TGCAGCCTTTACTACCTAGATGCTCTTTTGATAAACTTTTAGAAACACCATGACACGTCAAATCTTCT
AL1754	13:G>A	Krm12	1501384	TGCAGATTGAATTGCAAAGCAAACAAACATATTCACCTCCGAATCTTCTATTAGCAGTCAATCTTACA
AL1755	9:A>C	Krm12	1501384	TGCAGATTGAATTGCAAAGCAAACAAACATATTCACCTCCGAATCTTCTATTAGCAGTCAATCTTACA
AL1756	19:G>C	Krm12	1501869	TGCAGTTGTGTCATGCTCGGGTCAATTTGGATCGGATGCTGATAAAATTTAGATTCCATTATTGGG
AL1757	18:A>T	Krm12	1512951	TGCAGCGCTACAGAAAGCATTAGAAGTTTGTTTGCGAGGGTGCCTAAACTAAAATTCTAACATGGCAAC
AL1758	22:G>A	Krm12	1665693	TGCAGTATTCAATGAAAGGGGGGAAAAACAATCTTTCAAAGATGCAAAGTTGCATGGTAACAAACAA
AL1759	12:T>C	Krm12	1822448	TGCAGACTATACTACCATTCTAATGAAAATGTTTCCTACTTTGGATAATTATTATATTATAGTTTAT
AL1760	62:G>A	Krm12	1822448	TGCAGACTATACTACCATTCTAATGAAAATGTTTCCTACTTTGGATAATTATTATATTATAGTTTAT
AL1761	53:A>C	Krm12	2025715	TGCAGTGATCTTATTTTCATCTCTTAGTCTAGTTTTTGTAAATTTTTGAAATGTAATGCTGTGGAAGTGG
AL1762	39:G>A	Krm12	2294760	TGCAGATGCAGCAAGAACAGAATATAAACTGAAACCTGGGTACAATAATGGTCTAAATGAAACATTTA
AL1763	23:T>C	Krm12	2304326	TGCAGAATCATCCATCTGTAATTTCAAGGAAGAGATTACTATTACTTTCTAAAAGCTTATGTGCTGAA
AL1764	52:A>C	Krm12	2362374	TGCAGACCTGTATCCAAAGAAGGTTATTATCAGATCAAAGCTGATTATGCTCAATATCGCAGAAGTAGA
AL1765	27:C>T	Krm12	2388041	TGCAGCTGTTTGATATATTTTCGGTTACAGATGCTAAGATATGATGCTTGAATATTGGGATGTAGATTA
AL1766	33:C>G	Krm12	2388041	TGCAGCTGTTTGATATATTTTCGGTTACAGATGCTAAGATATGATGCTTGAATATTGGGATGTAGATTA
AL1767	32:T>G	Krm12	2497206	TGCAGCTTAATCTGTTCCCCAGTTTGATTCAATTGAATGGTAAACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL1768	34:A>T	Krm12	2497206	TGCAGCTTAATCTGTTCCCCAGTTTGATTCAATTGAATGGTAAACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL1769	31:A>G	Krm12	2769663	TGCAGGAACCACCTTGTCAGGAAGAGCAACCATCATTGTTGAGCCATTTCCCTAGCCTTATCATGCTT
AL1770	10:A>G	Krm12	2769663	TGCAGGAACCACCTTGTCAGGAAGAGCAACCATCATTGTTGAGCCATTTCCCTAGCCTTATCATGCTT
AL1771	30:C>T	Krm12	3019884	TGCAGTTAGGAAGATTTGTTAGAAATCCCTCGATTTCAATTGTCTCAGAAGCAAACCTGACCAACATGATT
AL1772	35:C>T	Krm12	3030739	TGCAGGTGTTTGGCTCTGCTGGTGTATCGGCAATCCCATGGGATTTGCTAGGAGTCTAGGTGTAGGAA
AL1773	53:A>T	Krm12	3030739	TGCAGGTGTTTGGCTCTGCTGGTGTATCGGCAATCCCATGGGATTTGCTAGGAGTCTAGGTGTAGGAA
AL1774	9:G>A	Krm12	3111212	TGCAGTCGCGAAAAACAATTCAAAATGTGCAAGGATTTTGAAGTGAATAGGCAACATTCTCAAAAAGCAA
AL1775	59:T>C	Krm12	3381702	TGCAGCTTTGTCACCCAAAGAACCTCCAAGCATGTTCTTCTCATTCTCAAATTCATCCTTATAAGAATT
AL1776	33:A>C	Krm12	3393726	TGCAGGTATCCCAGCAAGCAATATGCATGGCCTACAAGGTTACAAGGTTGGTTTCCCTGTAAGTTCATCA
AL1777	48:G>T	Krm12	3393726	TGCAGGTATCCCAGCAAGCAATATGCATGGCCTACAAGGTTACAAGGTTGGTTTCCCTGTAAGTTCATCA
AL1778	15:A>C	Krm12	3393726	TGCAGGTATCCCAGCAAGCAATATGCATGGCCTACAAGGTTACAAGGTTGGTTTCCCTGTAAGTTCATCA
AL1779	31:C>G	Krm12	3742588	TGCAGGTAAACAACCTGTTGGTGGTAAGGTTTCTACTCCAATCCTCCTTGCTCCCAGTCCATACAGATT
AL1780	33:T>C	Krm12	3742588	TGCAGGTAAACAACCTGTTGGTGGTAAGGTTGTTACTCCAATCCTCCTTACTCCCAGTCCATACAGATT
AL1781	67:T>C	Krm12	3742588	TGCAGGTAAACAACCTGTTGGTGGTAAGGTTGTTACTCCAATCCTCCTTACTCCCAGTCCATACAGATT
AL1782	55:A>G	Krm12	3742588	TGCAGGTAAACAACCTGTTGGTGGTAAGGTTGTTACTCCAATCCTCCTTACTCCCAGTCCATACAGATT
AL1783	5:G>C	Krm12	3940162	TGCAGGATGTATAGGCTACCGCTCAAATATGGTAAAAGACATGGAAATATAACAACCACAGCCTTCATC
AL1784	56:T>C	Krm12	4028859	TGCAGCATGTATATGCTACCGCTCAAATATGGTAAAAGACATGGAAATATAACAACCACAGCCTTCATC

## Ek 1. Devam

AL1785	13:T>G	Krm12	4028859	TGCAGCATGTATATGCTACCGCTCAAATATGGTAAAAGACATGGAAATATAACAACCACAGCCTTCATC
AL1786	24:G>A	Krm12	4080088	TGCAGCTAAGGTCTAGGCACAATTGTAACCTACTTTATTTAGGTCTCAAATTTTTATTATATTTTACAG
AL1787	59:T>C	Krm12	4080088	TGCAGCTAAGGTCTAGGCACAATTATAACTTACTTTATTTAGGTCTCAAATTTTTATTATATTTTACAG
AL1788	66:C>A	Krm12	4080088	TGCAGCTAAGGTCTAGGCACAATTATAACTTACTTTATTTAGGTCTCAAATTTTTATTATATTTTACAG
AL1789	47:G>T	Krm12	4116596	TGCAGTATCAGGAGGCAATGAAAGACATATCCAAGAAAAGACATGAAGCTATCATGGACACAAGAAGAA
AL1790	67:G>T	Krm12	4156407	TGCAGGTATTGTGCATTGAAAACCTATTATATTATATTCTCCAATCCTCCATGATTTTGAATTCGC
AL1791	5:C>T	Krm12	4343073	TGCAGCCTTGTGGGATCATTGAATAAAATCCCTCTCTCTGTTGCCGGGATTGTTCTTTCAAAGTCCCT
AL1792	57:C>G	Krm12	4444766	TGCAGGGTAATCTTTGGGGTGTCTATTGATGGTTCTTTCAGCAGTTTCTCTTGCTCCCGCAGGTTGGA
AL1793	42:C>A	Krm12	4444766	TGCAGGGTAATCTTTGGGGTGTCTATTGATGGTTCTTTCAGCAGTTTCTCTTGCTCCCGCAGGTTGGA
AL1794	17:G>A	Krm12	4444766	TGCAGGGTAATCTTTGGGGTGTCTATTGATGGTTCTTTCAGCAGTTTCTCTTGCTCCCGCAGGTTGGA
AL1795	42:T>C	Krm12	4919064	TGCAGTTCGAGCTGTTTGTTTAGCAGTATCTGGGGTTAACCATCCTACAGACCAACAAAGAATATTACA
AL1796	63:T>A	Krm12	4991634	TGCAGCATGTAGATCCATGAAATACCAGTTATACAATAAGTCTCAAACGATCAACAATAGAAGTGTA
AL1797	20:A>C	Krm12	4991700	TGCAGCTCTCAACCTCAACCACAAAACAATGAACAACCCAAATTACAAGGTGGCTCAGCATTACCGAAC
AL1798	31:G>T	Krm12	5025722	TGCAGCATGGCCTCGAAGAGTTGCCGGAATGGGATGGTTATGCTTTCCTTCATATGTTGTGATCACCAC
AL1799	57:G>A	Krm12	5104499	TGCAGATGCTAGAAATGATAATTCACCTAAATTTTCACAACCAGAGCTTAGGAAACTGGATATTCCTGA
AL1800	15:T>C	Krm12	5104499	TGCAGATGCTAGAAATGATAATTCACCTAAATTTTCACAACCAGAGCTTAGGAAACTGGATATTCCTGA
AL1801	12:A>T	Krm12	6519965	TGCAGATTTCAAAGATTGATCAGATATCTGGAAATCAGTGAACAACCTGCTTCCAAAACGTTGATCTTG
AL1802	27:C>T	Krm12	7189823	TGCAGCCGCTGCCTCCCTCTCTGCTGCCTCCGCTCTAAGTTGTTGCTGGAGTTCTTCATATTTTCGTTG
AL1803	45:C>T	Krm12	8476508	TGCAGAGCAATGAATATAATGCAAAAAGTCCACCTTCCCCATTATCATCAGCTTTGAGCACAATAACA
AL1804	9:G>A	Krm12	9072644	TGCAGCACCGGTTTCCACATTTTGAATCTTGAGGTCAAGGATCTTTTGGCAGATGAGGTTACAGATCGG
AL1805	64:T>G	Krm12	9167669	TGCAGTAAATCATAACAGGTCTAATGGTAAATTAGATACTTTTCAATGAATAAATTCAAATTTATGCAT
AL1806	66:T>C	Krm12	10300562	TGCAGGTGTTGACATGCATAAAAATTTGCATCAATCCAAAAGGACCAGTAGGGAGGTTGATCCAAGTGT
AL1807	32:T>C	Krm12	10761013	TGCAGTGAAGTAGCCATTGGCTACCAAATTTGGTAGAGCAAAAAGGGAGAGAACTATGGCGTCAGCTCA
AL1808	39:G>A	Krm12	10761013	TGCAGTGAAGTAGCCATTGGCTACCAAATTTGGTTGAGCAGAAAAGGGAGAGAACTATGGCGTCAGCTCA
AL1809	24:T>G	Krm12	12367321	TGCAGCAGTGAATCAAGCCATTTGTCATAGGAAGTTGCTATGTGATTTGAATGAAGAACAGCTTGAGCC
AL1810	67:T>C	Krm12	12367321	TGCAGCAGTGAATCAAGCCATTTGGCTTAGGAAGTTGCTATGTGATTTGAATGAAGAACAGCTTAAATA
AL1811	31:G>A	Krm12	13860063	TGCAGCTGGGGAAGCTACATGGGGAACCTGTGAATCTTGAGGGGGTGGAGGTCATACAGCCGGATTTCGT
AL1812	8:G>A	Krm12	13860063	TGCAGCTGGGGAAGCTACATGGGGAACCTGTGAATCTTGAGGGGGTGGAGGTCATACAGCCGGATTTCGT
AL1813	16:A>G	Krm12	19753738	TGCAGCCAATGGTTCCAATCGACGAATGGCCTTCTTAGCATGGTCATTAGCAGGATCCAATTTCAATAT
AL1814	6:C>T	Krm12	19866586	TGCAGACATAAGTTCATAGTGGAACCTGGAAACTATTGTGTTGAGTTGGTTAGTATGGAACGTGTATAT
AL1815	25:A>G	Krm12	20434881	TGCAGAAGAGTGACTAGAGAGTGACAGAGAAACGGTCGCTTTCTGGCTGGGTAAAACCTTTCCGAAAA
AL1816	9:A>G	Krm12	23788594	TGCAGACTCAGGGATCGTCAGCAAAGATCATCACTCTATCTACTGTCTCTGTATTGAAATATTTACAGA
AL1817	13:A>G	Krm12	23788594	TGCAGACTCAGGGATCGTCAGCAAAGATCATCACTCTATCTACTGTCTCTGTATTGAAATATTTACAGA
AL1818	15:G>C	Krm12	24107325	TGCAGAAAAGAACAAGAGAAGTAAGATTTGTTGTGTTATTAGTTTTTGGACTAAAAATAGATTAATGTAT
AL1819	65:G>T	Krm12	24107325	TGCAGAAAAGAACAACAGAAGTAAGATTTGTTGTGTTATTAGTTTTTGGACTAAAAATAGAGTAGAGTTT

Ek 1. Devam

AL1820	66:T>A	Krm12	24107325	TGCAGAAAAGAACAACAGAAAGTAAGATTTGTTGTGTTATTAGTTTTTACTAAAAATAGAGTAGAGTTT
AL1821	9:C>T	Krm12	24461177	TGCAGTGCACCAAGTCATTGAACGACATAAAAATAAGTGTATTCAAAACACGAGCAAAGAGTATAATCTA
AL1822	27:A>T	Krm12	24500508	TGCAGAGATTGGGGAGTGGAAACAAGTAAAGGCCAAAAGCTAATTTGGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1823	48:A>G	Krm12	27343575	TGCAGGTGCTCAGTTCCTGGTAGATCATGTTATATCTGAGTATCAAAGAAGGGTCAATAGTTCTCATATC
AL1824	11:A>T	Krm12	27343575	TGCAGGTGCTCAGTTCCTGGTAGATCATGTTATATCTGAGTATCAAAGAGGGGTCAATAGTTCTCATATC
AL1825	5:A>T	Krm12	27421661	TGCAGATACCGATGATATCAACAAGTACGACATCACCTGTTATATATAATTTTTTTACAGATCGGAAGA
AL1826	32:G>C	Krm12	27561773	TGCAGCAGCTAGCTCCAACCTCAAATCAAACCCGAACCAGCTCAAATGTATCTACTGCATCTTTACAGAT
AL1827	45:T>C	Krm12	27561773	TGCAGCAGCTAGCTCCAACCTCAAATCAAACCCGAACCAGCTCAAATGTATCTACTGCATCTTTACAGAT
AL1828	65:A>T	Krm12	27561773	TGCAGCAGCTAGCTCCAACCTCAAATCAAACCCGAACCAGCTCAAATGTATCTACTGCATCTTTACAGAT
AL1829	47:T>C	Krm12	27561773	TGCAGCAGCTAGCTCCAACCTCAAATCAAACCCGAACCAGCTCAAATGTATCTACTGCATCTTTACAGAT
AL1830	67:A>T	Krm12	27561773	TGCAGCAGCTAGCTCCAACCTCAAATCAAACCCGAACCAGCTCAAATGTATCTACTGCATCTTTACAGAT
AL1831	68:T>G	Krm12	27561773	TGCAGCAGCTAGCTCCAACCTCAAATCAAACCCGAACCAGCTCAAATGTATCTACTGCATCTTTACAGAT
AL1832	64:C>A	Krm12	27561773	TGCAGCAGCTAGCTCCAACCTCAAATCAAACCCGAACCAGCTCAAATGTATCTACTGCATCTTTACAGAT
AL1833	24:G>A	Krm12	27714198	TGCAGCTATGGCTTTCATGTTGTGGTTTCTATCCTTTGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGA
AL1834	32:C>A	Krm12	30886410	TGCAGGAAGAAAGAACCGAATTCACCAAAAGTCGAAATTACTATAGCCTGTAATCCATCTCCAAAAGGT
AL1835	6:T>G	Krm12	31308051	TGCAGGTACAGGGAAGCTGTACTGTAAATGCGGGACGGGTTGTACGTGTGCCACTTGTGCTTCTTGAGC
AL1836	57:A>T	Krm12	31459687	TGCAGTTGACTAATTATTGGATACATAATAAAATAAATTATATTTTATTATAAAAAAATTTTACAGATC
AL1837	10:C>A	Krm12	32083912	TGCAGGTTACCGGTGTTGTATTGGACGGTGGGGATATCATTTTCCTCATCGGTTGATTGGTGAGTTAATT
AL1838	11:C>T	Krm12	32666005	TGCAGAGGCATCAAATGATGTTCAAATGGTGTCTGTTTCACAACCATCTGAAAGGAGGGAACCTCCACA
AL1839	49:A>G	Krm12	32907644	TGCAGAGGCTCCATTATTGTCTCCTGTTCTGAAAGTAAGTCTGTAAAGTAATCCCGTTGTAAGTACGGG
AL1840	33:A>G	Krm12	33217889	TGCAGATAAGAAAAGTCCTAATGGGAAGCTACGATAAAGTATTGTTTCAAAGCTTCATTTTTTACAGA
AL1841	44:T>A	Krm12	33231332	TGCAGTTAACTATGCAAACCTAAATTATGTTCTCATTTTCATTTTTGTCACCAAAAAAAAAATATATTTTT
AL1842	34:T>C	Krm12	33807360	TGCAGAAAAGCTCACCATGGCAGTTCAAGCCACAATGATGTTCTCTAAAAAACTTACATATACCGACATC
AL1843	46:G>A	Krm12	33876251	TGCAGCCTTGAGATACTAACATTCTCCTCCTAATTCAAATGCTGCAGACACCAAATTTATTCTTAATGT
AL1844	35:C>A	Krm12	33876251	TGCAGCCTTGAGATACTAACATTCTCCTCCTAATTCAAATGCTGCAGACACCAAATTTATTCTTAATGT
AL1845	45:T>C	Krm12	34525270	TGCAGTTATTTTTAATTGATCTAAGATTTACAACATAAAAGTGTAATTGAGCCAAGTTGAACCCAGAATT
AL1846	66:T>A	Krm12	34980367	TGCAGCAATTGCTTATCGTCTCATTGGTTGCTTGGTAGTTTATTATATGTTGATCTTGTAGAGTTTAC
AL1847	25:G>A	Krm12	35029318	TGCAGAAAAAACGGTACATAAAATCCGCAACGGACAATCACCATTCACAACAGAGTAACTAAATATCAGT
AL1848	37:T>A	Krm12	35032823	TGCAGGGGTTCTTCAGCTTTTGGCCCATCTGCATAATTATCAGGTGATGCCTAAAACCGGTTGACATG
AL1849	18:G>A	Krm12	35192933	TGCAGAGAGAAGGATAGAGAGAGAGTTTCGTCACTCACATAGCCAAGCACTGCTGAGGTAACCAAGAACA
AL1850	43:A>G	Krm12	35192933	TGCAGAGAGAAGGATAGAGAGAGAGTTTCGTCACTCACATAGCCAAGCACTGCTGAGGTAACCAAGAACA
AL1851	49:T>C	Krm13	64144	TGCAGAACGTGGCAGTAAAGATAACATCACAGTCATTGTTGTGTTCTTTGTCCAGTATCCACAGCAGA
AL1852	6:C>T	Krm13	185356	TGCAGGCATTTTGATAATTGTATCCATTGGTTGGAGGTAAATCTACTAGGCATTACAGATCGGAAGAGC
AL1853	27:T>A	Krm13	328816	TGCAGGAAAAGGCAGCATCATAAGTAATACATGCATGAATAAATAACTGAGTACACAGTCATGCGATG
AL1854	9:G>C	Krm13	462218	TGCAGTTTCGGTCTATATCTTGCATTTTTTTGGGCACGGTTGCTAATCATAAGGGTTATAAGTGTCTTG

Ek 1. Devam

AL1855	68:A>C	Krm13	469232	TGCAGACATGGCAGTAGCTCCGGCAAACGCGAAAGTAAGCCCATAATCAAATAATCCATCTTTGTTTAA
AL1856	18:C>T	Krm13	780138	TGCAGTTTCCGTTCAACTCACCAAGGATAAGAAAGAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAAT
AL1857	5:C>T	Krm13	891043	TGCAGCACAAGCAGCAGCCCAGGTCGTTTCGTCTGGCTAATGCCTCTAACCCTCAGTAATTTACAAC
AL1858	63:A>T	Krm13	1428740	TGCAGCTTCAGGAGCTGTTGGTCAGCTTGTGGACAACCTGCCAAGTTACATGGCTGCTATGCAGTTGG
AL1859	44:A>C	Krm13	1433850	TGCAGATATACCATAGCCAAGATGTGGTATGAGTAAGAAGAGTAAACTCAAATGTTATGAGATTGCTAG
AL1860	33:T>C	Krm13	1665553	TGCAGTCAAATGCTCTACCACTGAGCTATAGACTCTGATGAATTTTTCATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1861	14:C>T	Krm13	1665553	TGCAGTCAAATGCTCTACCACTGAGCTATAGACCCTGATGAATTTTTCATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1862	37:T>A	Krm13	1667294	TGCAGTCAAATGCTCTACCACTGAGCTATGGACCCCTTTGAGATGTGATTTTACTTTGGTTTCTACATG
AL1863	22:G>T	Krm13	2043915	TGCAGAGTATCTCCATATGACCGATGAATATGGAAAAGGGAATCTCATATCGCAAACAGAGTCTTTCCT
AL1864	18:C>G	Krm13	2372551	TGCAGATTGACCAGCAAACACTCACTCACTCTCAAAGCAAAGCACAACAAGGCAAAGACCAAATACATT
AL1865	19:G>A	Krm13	2453640	TGCAGATATAGCTGGATCAGTTTTCTCACATCTATGTATTTATTAGATAAAGCGCTTGCCTTTGTTAGA
AL1866	27:C>G	Krm13	2628123	TGCAGTGCCTGTTGCCGAAGATGCTAACCCTGCAATAGAGTTGAAGAATGGTTCTTCAGTTGGAGGTCGG
AL1867	35:T>A	Krm13	2628123	TGCAGTGCCTGTTGCCGAAGATGCTAACCCTGCAATTGAGTTGAAGAATGGTTCTTCAGTTGGAGGTCGG
AL1868	35:T>C	Krm13	2636269	TGCAGCTTTATTGGTGAAAGTTGCCTATTTGCTGTTTCCATCTTCAAGAGTAGTTCTGAAGGTAATTCC
AL1869	27:A>G	Krm13	2697495	TGCAGATGGTAAAGTAGAGGCCTGTTTAGCGAAGTTTTATCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCA
AL1870	8:A>G	Krm13	2697495	TGCAGATGATAAAGTAGAGGCCTGTTTAGCGAAGTTTTATCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCA
AL1871	34:G>A	Krm13	3464514	TGCAGGAGCAAAGCTATCACTTGAATCACAAAAGGTCAAGGGGAAATAAATTACAGATCGGAAGAGCG
AL1872	27:T>G	Krm13	3636320	TGCAGTTTCTGGTTTACCATGAGGGCCTGAGATTGAATTGAAATGGATATAAGTTGAAAAGAGATTAGA
AL1873	11:C>T	Krm13	4247348	TGCAGATTACTCTGTTCTACCACCTTTACTTCCTCAGGTTCTTCACTATAGCTGTTACTTGGCCCATCA
AL1874	19:G>A	Krm13	4290744	TGCAGAGACAAGCAGGCAAGGTCATAGTCATAATTCCCATGTAGCAACATTGAAGTGCTATCCACATCT
AL1875	60:T>G	Krm13	4290744	TGCAGAGACAAGCAGGCAAGGTCATAGTCATAATTCCCATGTAGCAACATTGAAGTACTATCCACATCT
AL1876	42:T>G	Krm13	4421230	TGCAGTTACATAAGCCTAGCTTTATGCTTCAGGGCCTGCATTTGTCCATCTCATGCATACAACGCATA
AL1877	9:T>G	Krm13	4421943	TGCAGATAATCCCCCTGTTCTGTAGCAAATCTACAATGAATAAAGAAAAAAAAAATTTACAGATCGGA
AL1878	22:G>T	Krm13	4665918	TGCAGAACTTTAAGCATAGCCAGCCTAATTGTCTTGTGCTCAGCTCATCTTATATCACTTTATCGTATCAT
AL1879	18:C>G	Krm13	4665918	TGCAGAACTTTAAGCATACCGATCCTAATTGTCTGGTCAGCTCATCTTATATCACTTTATCGTATCAT
AL1880	48:T>A	Krm13	4686059	TGCAGCAGCCATGGGCGTCCCTATGGATTCTGTCTGTAAGAGTATGGATAAACTCAGCATCAGCGACGG
AL1881	21:A>G	Krm13	4714384	TGCAGTTTCTCTTCCGAACAGCATGCGAATAATTCCCTGTTTCCAGGTATAATCTTCCCTAGTTACAG
AL1882	16:G>C	Krm13	5009717	TGCAGTGGACTATTGGGGGTTTGAATTCTAGTCCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGC
AL1883	63:A>G	Krm13	5763465	TGCAGAAGGTGACGAGCTGCTAACCCAAACATCAGTGTGCAAATGACAAAGCCATCACGAATACTAAA
AL1884	21:A>C	Krm13	6101891	TGCAGAAGGTGACGAGCTGCTAACCCAAACATCAATGCTTGCAACTGACAAAGCCATCAAGAATGCTAAA
AL1885	18:G>T	Krm13	6610402	TGCAGTTCAATACATACGGTACCCATTTCACTGTGCGAGTTCAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL1886	46:C>G	Krm13	7695221	TGCAGCGAGAGAAGCAGAGGTTCAAAGAAATATGAAGAACTCCAGCTACGACTTACAGATCGGAAGAG
AL1887	38:C>A	Krm13	7770022	TGCAGTTCCAAAATTACTTCAGTTTTCACATACATACCTGCATATATATATAAATTAGACTTTTAGA
AL1888	25:A>G	Krm13	9570931	TGCAGCAATGGTGAAGTTCTCGACTAGTTCGGATGAAAGTTGTCTTTGTGTTTCTTCCGTACAATCAG
AL1889	49:A>G	Krm13	10651262	TGCAGTAGTGACCCAAAACCTAGGGGTGAGCAAACCTCGATTGACTCAAAAAAAAAATTTACAGATCGG

Ek 1. Devam

AL1890	5:T>A	Krm13	11357618	TGCAGTAGACCTAATGGTCATCATTCAATAATGCCAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATG
AL1891	30:A>G	Krm13	11357618	TGCAGAAGACCTAATGGTCATCATTCAATAATGCCCGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATG
AL1892	66:A>C	Krm13	11519149	TGCAGGACAGACAATAGGCTCACCAAGAGAAGCATGTTCTGAGGAAAATTTACAGATCTGCCTCAAGAAT
AL1893	25:G>A	Krm13	11713720	TGCAGCTTGTCGGATGGCTGTCAATGACTGTTGGTGTCTTGACATACCCAGCTTCACATCCGAGCTGT
AL1894	17:G>A	Krm13	12879754	TGCAGTAATACTTTATAGAATAATCCAATAATATTAGAAAATGAAGGAAGGAAAGAAAGAATATTAGAA
AL1895	17:C>A	Krm13	13368490	TGCAGTGCAAATATGTTCTTTAGACTTTAGGTTAGGGATGAAGGGAGAAGGGATTAGATGACTCGAAGG
AL1896	45:A>C	Krm13	14709275	TGCAGCAGGAAGACCTGAGGAGCCTCTACCATAGAGCCAAGGCCAGAAACAGAGCAGACAAAAGCAGA
AL1897	8:G>A	Krm13	15275568	TGCAGCTTGGCCTCCCATGAACTGGAGACCATTCCCGCACCCGCACAACAACCCAGCTAAAAGTGCCCA
AL1898	31:T>G	Krm13	19089813	TGCAGTGTGATCTGATGACACAGATAAAGAATAAAAAGAAGAAGAAGCCATAAGAAGTTGTCTCTGGGT
AL1899	10:A>T	Krm13	19259415	TGCAGTCGGCACATGATATATATAGTGGGTAAAATTCAGCATATCTCAAGGAGTTGGACAATTTGGAC
AL1900	14:C>T	Krm13	19384953	TGCAGCAACAGCAACTGGTCAGTTTTGACTACAATTTCTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCA
AL1901	29:C>A	Krm13	20584647	TGCAGCCTAGAAATCATTTTTGGTCCAATCTCCATCATCTCCAAGTATTTGCATAGGGCAAGAGCCCTC
AL1902	7:T>C	Krm13	20584647	TGCAGCCTAGAAATCATTTTTGGTCCAATCTCCATCATCTCCAAGTATTTGCATAGGGCAAGAGCCCTC
AL1903	35:C>T	Krm13	20584647	TGCAGCCTAGAAATCATTTTTGGTCCAATCTCCATCATCTCCAAGTATTTGCATAGGGCAAGAGCCCTC
AL1904	31:T>C	Krm13	22456025	TGCAGTACGTGTACCTCTGAAGTGTCCCCATTCCGAGTTGAGTGACAATGGTATAAAAATCTTATGTAC
AL1905	56:G>A	Krm13	24694568	TGCAGGGAAGAAAAAAGGAAGCCTCTTTCTCCATGAAAGAAAACATATTTTTATGTGTTCAAACCTCAA
AL1906	16:A>G	Krm13	25505893	TGCAGAATTTCTTTGAGGTTTTCTCCAAGAATTCTCTCTTGAGCTTTCTTTAGGAATTGTTTTACAGA
AL1907	29:G>A	Krm13	25636945	TGCAGATACATCATCCATGAACGTTTTTGGAGCATGAAAGGTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCA
AL1908	8:C>T	Krm13	25636989	TGCAGCAACATTCATCAAATAATTCAAATTCATGTTTAGAAAACATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL1909	13:A>G	Krm13	25649671	TGCAGCAACATTCATCAAATAATTCAAATTCATGTTTAGACAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL1910	11:C>T	Krm13	25649671	TGCAGCAACATCCATCAAATAATTCAAATTCATGTTTAGACACATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL1911	40:G>A	Krm13	27027258	TGCAGATAATCCCGCAGATATGATGACCAAGGTGGTAACAGCAACCAAGTTCGAACATTGTTTGAACCTT
AL1912	13:C>T	Krm13	27392101	TGCAGATTCAATTCGAAACTACAGGACCAGAAATATGGGAGGACACTTTGGGTAATGTTGACATATTTG
AL1913	23:C>T	Krm13	27392167	TGCAGTTCATGCATGAGTATCTTCATATCACCATCTCTGAATAATATATCAAGAATATTACAGATCGGA
AL1914	40:T>C	Krm13	28918096	TGCAGCAACAGAAGTGTTAGTTGAGTGGGTCAAATCTTTTTTACAGAGGATGCAACGTGGGAACCACTTCC
AL1915	14:A>G	Krm13	28977276	TGCAGGAACAATTAATTGCAGAAACCAGCTTGAACTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGC
AL1916	66:G>A	Krm13	29447988	TGCAGATTACATCAACTTGGTCTATTGAGAATTATTGCTCATAACAGTTCCTGAACCAGATGATTTTGAG
AL1917	21:T>G	Krm13	33129523	TGCAGCAACATGGAAGATGAATGAAACAAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGA
AL1918	28:T>C	Krm13	34640060	TGCAGCTGTAATTCAGTGTCTTGTGATCCAGGCATGCATGCTCTGTTAGCGGCTTGACTTGCAG
AL1919	66:A>G	Krm13	35290643	TGCAGGTAACCTATTTGTTTGACAAGATGGAAGAATGGTTGGGGATTATTTTGCTTGAAGCGATGCAGA
AL1920	47:G>A	Krm13	35290643	TGCAGGTAACCTATTTGTTTGACAAGATGGAAGAATGGTTGGGGATTGTTTTGCTTGAAGTGTGTAGA
AL1921	19:T>C	Krm13	35290643	TGCAGGTAACCTATTTGTTTGACAAGATGGAAGAATGGTTGGGGATTATTTTGCTTGAAGCGATGCAGA
AL1922	30:C>T	Krm13	35750014	TGCAGAAGTGCATTAGTTTACCCATTGCTCGCAGATGTTCAATTAGATCCAAGGCTGCATGAAAAGAGA
AL1923	42:T>G	Krm13	36608161	TGCAGGGGTGAAACTTTGTCTTCCATTTCAAAGGTGTATGAATTGTCCGTTCAATTCAGCAGCT
AL1924	33:G>A	Krm13	36608161	TGCAGGGGTGAAACTTTGTCTTCCATTTCAAAGGTGTATGAAGTGTCCGTTCAATTCAGCAGCT



Ek 1. Devam

AL1925	6:T>G	Krm13	38936303	TGCAGATAAAAAATATTTTGAGGACGAGATGCTTTTCAAATGCATAATTGGATTGACTACAATTCTCAA
AL1926	40:T>G	Krm13	39733008	TGCAGATTGTTTTGACTCATGAACATGCTGATTCATGGTGTTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL1927	65:C>A	Krm13	40489531	TGCAGTGTAGTTAACTGAAAGTCTAAATTATGGCCTTCTTTGTTATTATGTTGTGTTGGAATTTACAGA
AL1928	32:G>A	Krm13	40962814	TGCAGATTCATCATGTAGCTGAAATTCATGCGGCAGTTATGGTGGTGTTCATAGAGGTGTAAATTC
AL1929	24:A>G	Krm13	41829843	TGCAGCTTGTTCCTAAACAATGTGAGATTCCTTCCTCTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL1930	32:T>C	Krm13	42034427	TGCAGAAGAAATGACCACAGTTGAAACTTGACTGAGTTGCAGGTGCATGACGGCGCCATATTTTCGTAGC
AL1931	53:C>G	Krm13	42034427	TGCAGAAGAAATGACCACAGTTGAAACTTGACTGAGTTGCAGGTGCATGACGGCGCCATATTTTCGTAGC
AL1932	21:A>G	Krm13	42639101	TGCAGGCAATAAGAAAACCTTTAGACCTTGAGGATGTTCTCAGCTGGATAGCAGGGACAGTGTCTGTTGG
AL1933	25:T>G	Krm13	42921199	TGCAGTGCACAGGGAAGCTCCATTCTGATAGCTTCCCCTCTTTTACGTGGTCTGTTTATGTATTTCTCTC
AL1934	20:A>C	Krm13	43276180	TGCAGCTTACAGGTTCTTTCATGTTGCACAGATGTGGTAATGTTGTGCAATTCCTCGAGCTGGATGAAA
AL1935	28:T>C	Krm13	43276180	TGCAGCTTACAGGTTCTTTCATGTTGCATAGATGTGGTAATGTTGTGCAATTCCTCGAGCTGGATGAAA
AL1936	31:A>G	Krm13	43286630	TGCAGAAATTCATAGGAACAATCTTACTGGTAGCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCC
AL1937	68:T>G	Krm13	43291319	TGCAGTAAAGTGCCACAAGTGGTTTCTCCTAGAAGAGGGTTTTGTGCATCCATTACTGCCATTTACTCT
AL1938	18:C>T	Krm13	43333740	TGCAGATCCAACAGGCGTGGCTCTCTTGTGCTCTTGAAACTGGCGCTGCTGGGCTAGAAGCTATTCT
AL1939	7:G>A	Krm13	43402338	TGCAGTGGTTGGATGAAAAAACATCTAGTAGGACACATTTTAGATGAGGCGGTAGCAAGAACGCTAAAA
AL1940	15:C>T	Krm13	43445019	TGCAGAAGATGGGAAGTGTGGTTTAGAAAAACATTTTCCAAGTCTCTTTTCGCCATTGTTATTGGTA
AL1941	5:T>C	Krm13	44587333	TGCAGTGGGAAGTTGACAGCCAGAGCCTCCCCAGGCTGAGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL1942	38:T>G	Krm13	45445680	TGCAGTGGCAGGAGAAGCAATCCAAGGATGGATACCACTGCGTGCAGACTCATTTGAGAAGCTAGATAA
AL1943	16:A>G	Krm13	45523369	TGCAGCGACAAGAGCAACTATCTAAATCCATCCAAAAGCAATAGGTAATTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1944	56:C>G	Krm13	45569151	TGCAGCATAAAGAAGTTCATTCAAATTCAACTTGAGCCCACTGGCAAGGTTTCTTCTTTCCAGGTTTG
AL1945	47:C>A	Krm13	45709260	TGCAGCAGAATCTCCTCCGCGTGGAGACCTTCGCACCGCCTTGCCCCTGCGCATCCATCAAGAACCTA
AL1946	5:T>C	Krm13	45810340	TGCAGTTTCTGCAATCTAATTACAATAAACAAACAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC
AL1947	31:T>C	Krm13	45928091	TGCAGCAACCCAAAAATGAGCCAGGGGAGGTTGAGAGCACACGCAAGCTATCCGCCTCAGAAGCTCCAC
AL1948	19:G>A	Krm13	45928091	TGCAGCAACCCAAAAATGAGCCAGGGGAGGTCGAGAGCACACGCAAGCTATCCGCCTCAGAAGCTCCAC
AL1949	12:A>G	Krm13	46088045	TGCAGTAGTGTGAGATAACTCTGGTTAAAACCTATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCC
AL1950	6:C>T	Krm13	46201966	TGCAGCCATACTGATGCAGAACCTTAGCAGGATATCTATGGTATTCTTGTACAGATCGGAAGAGCG
AL1951	31:A>G	Krm13	46201966	TGCAGCTATACTGATGCAGAACCTTAGCAGGATATCTATGGTATTCTTGTACAGATCGGAAGAGCG
AL1952	28:G>A	Krm13	47174127	TGCAGCATAGCACAAATCAGTGACTATTCGATCGGAAAAATAAATGTCTCCCTTCCAAGTGTGCTGCTAAA
AL1953	58:G>A	Krm13	47174127	TGCAGCATAGCACAAATCAGTGACTATTCGATCGGAAAAATAAATGTCTCCCTTCCAAGTGTGCTGCTAAA
AL1954	58:C>T	Krm13	47187096	TGCAGATAACAGTAGAGGAGGCAGCAGCACTGACCATTTACATACCCTTCATCAACGTCTCAAACATGC
AL1955	68:A>G	Krm13	47187162	TGCAGCTCTCCGTTTTGATGATCCATTAGTTTTGATGATTTCAATTTTCCAAAAAGAAATTTCTAGGA
AL1956	68:A>T	Krm13	48127423	TGCAGCTCTTGCAGCCAACTCAGCTTGCCCTGTCTCCTTCTTACTTCTTCATAAATTCAAAGGCCTACAA
AL1957	36:T>C	Krm13	48127423	TGCAGCTCTTGCAGCCAACTCAGCTTGCCCTGTCTCCTTCTTACTTCTTCATAAATTCAAAGGCCTACAA
AL1958	54:G>A	Krm13	48309059	TGCAGATGGTTGAATGAACAGATATTTGGGATTTCTGGAACCCCGATCGGAGAGAAGGCCTGGAAGTG
AL1959	44:G>A	Krm13	49375612	TGCAGCACCATGGTACCTACTCTTTCAGCCCATCTCTAAGATGCTCCATTAGATATGTGGTACCCGA

Ek 1. Devam

AL1960	7:C>T	Krm13	49375612	TGCAGCACCATGGTACCTACTCTTTCAGCCCATTCTCTAAGATACTCCATTAGATATGTGGCACCCGA
AL1961	34:G>A	Krm13	49415584	TGCAGACAATCAATGACAGAAAAGAATTACTCCGGATAACACTGCTGCGAAATCCGATCAAACATACA
AL1962	51:A>G	Krm13	49418634	TGCAGAAAACGTGGTGGTGCATTTCTCGTGTAGCGCCCAAATCATAAGTCCGATATTCTCTTTCAGTCAA
AL1963	52:C>G	Krm13	49481889	TGCAGATGATTCTTAGCCTCCATGAAAGGTATGGAATGTATGCATGAGAGACACAATAGTATAAAGGA
AL1964	23:T>C	Krm13	49481889	TGCAGATGATTCTTAGCCTCCATGAAAGGTATGGAATGTATGCATGAGAGAGATATTAGTATAAAGGA
AL1965	20:C>T	Krm13	49521940	TGCAGGAAGATTAGTAAGCTCTGATCCATCCAAAAGTAGGCATATGATACTTGTGCAAGTATAGTAGCA
AL1966	17:A>G	Krm13	49522006	TGCAGGCTACGAGCATCAGGACAGCCTTTCCTAGCATATCATCCGGGTTTAGTAAGAGACACCTTGGCG
AL1967	46:A>G	Krm13	50083982	TGCAGAAAATCCTTTGTAGAAATTGAGTTTTTGTATACATTACTCAATGCATAGTGGACTATTCTCGTC
AL1968	20:A>G	Krm13	51061777	TGCAGCCGATCATGATACCTAAATGGAAATGGGACAGAGTTACGATGGATTTTGTATCCGGTTTACCGT
AL1969	38:G>A	Krm13	51061777	TGCAGCCGATCATGATACCTGAATGGAAATGGGACAGAGTTACGATGGATTTTGTATCCGGTTTACCGT
AL1970	26:A>G	Krm13	51476219	TGCAGATGTAATAAATTTGGTTTGCATAGAAAACACTCCATTGTAACCAGAGAACTGTTGGAACACCAT
AL1971	35:T>G	Krm13	52704077	TGCAGCAACATTCATCAAATCAATCAAATACATGTTTAGACACATTAGATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL1972	26:A>C	Krm13	52706655	TGCAGGGTGGCGGGGACTTCGCCTGCATTATATCGGGTGAAGAGAAGGGGTGGTAGGCTTAGTAGGGCT
AL1973	51:A>G	Krm13	53452112	TGCAGGGACAGACAATGGAAAGGGAGTTGTTAGTGTAGTTGAAAAAAGACCATTTGCTGCCAGTTCAAGA
AL1974	57:G>A	Krm13	53452112	TGCAGGGACAGACAATGGAAAGGGAGTTGTTAGTGTAGTTGAAAAAAGACCGTTGCTGCCAGTTCAAGA
AL1975	14:G>A	Krm13	53552437	TGCAGACATGAGGAGAGATGTGCAGGAGATTTCAAGATGACCCCTCATGATAAGCAAGTTATGATGTT
AL1976	21:G>A	Krm13	53552437	TGCAGACATGAGGAAAGATGTGCAGGAGATTTCAAGATGACCCCTCATGATAAGCAAGTTATGATGTT
AL1977	32:T>C	Krm13	53552437	TGCAGACATGAGGAAAGATGTGCAGGAGATTTCAAGATGACCCCTCATGATAAGCAAGTTATGATGTT
AL1978	12:G>A	Krm13	53593108	TGCAGCAACTCCGAGATAAGATCCCATCTTCAATTCCTGCATTGCTCTTCGGTCAAGATGTTTGCAGA
AL1979	5:A>C	Krm13	54127910	TGCAGAAAATTATATCAGCTCAAAGAAGCATTCCAAATTTCTTTTTTCAATTTACTTGATTTCTCATC
AL1980	19:T>C	Krm13	54204235	TGCAGGCATGCTTCTTTGTTAGGAAAAAAACACTGATCCTTTTCTCTTTTCCAGTGTCAAAGAAGGA
AL1981	34:G>A	Krm13	54204432	TGCAGCATGCCTTAGTTTCTTTATAAATCAGACTGTTCATCCCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAG
AL1982	32:C>T	Krm13	54205739	TGCAGAACCCTGTATTGGTGTGCAAGTTTGTACCCATTCTCTCATAAAAAACCATTACAGATCGGAA
AL1983	16:T>C	Krm13	54407349	TGCAGCCAAGATTGCGTAACTGCCTAAAAAATTTGAAAAACAATCAGAGTTTGGCTTACAGATCGGAA
AL1984	50:G>A	Krm13	54409457	TGCAGTAAAGCCATTTGCTGATCAGAGAGTCGACCACCGTCATGATACCTGGTGCACCAAGCAGAAACA
AL1985	12:G>A	Krm13	54631129	TGCAGTTTCTACGCACTGCCATCATCAATACTCGGCAACCAAACCTATTTCGATTTTGAAGCTGCCTAC
AL1986	52:C>T	Krm13	54815906	TGCAGGATTCTGCTTGGCAACAAAATCAAATAGCAAATTCAAACAATGAGTTACAAAATTACAGATCGGA
AL1987	33:C>A	Krm13	54815906	TGCAGGATTCTGCTTGGCAACAAAATCAAATAGCAAATTCAAACAATGAGTTACAAAATTACAGATCGGA
AL1988	50:T>C	Krm13	54815906	TGCAGGATTCTGCTTGGCAACAAAATCAAATAGCAAATTCAAACAATGAGTTACAAAATTACAGATCGGA
AL1989	45:T>C	Krm13	55413592	TGCAGACTTGATGATGTCAACTACTTACTCCAGTAAGTCAACCTTCCTTAGCCCACTTGATTTGATCA
AL1990	33:G>A	Krm13	56054439	TGCAGCAAATAGGTCTGTTCTTCCATGGATTTGGTAGAGGTATCTCAATGCCTAATTATTGACTTTTGT
AL1991	6:A>C	Krm13	56171437	TGCAGCAATGGTGTGTTGCCAGATCCTTGATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGAGGAATGCCGAGA
AL1992	61:A>G	Krm13	56523873	TGCAGTACAATAATAGAGAAAATTTGACATTTATCTATTGGTTACTCATCTCAAACCTGATATGCAG
AL1993	40:G>C	Krm13	56918937	TGCAGAGATTAGGTGCGGTAATGGTAAGGAAATCTTCCCGTTTTTCAACTTTTACAGATCGGAAGAGC
AL1994	41:G>A	Krm13	57513454	TGCAGTCTAAGCGGCTTTTTCAAACTAGAGCTGCCAACGAGTCGAAAAACAAAAACGTACAGGGGA

Ek 1. Devam

AL1995	33:G>T	Krm13	57513454	TGCAGTCTAAGCGGCTTTTTCAAACACTAGAGCGGTCCAAAGAGTCGAAAAACAAAAATGTACAGGGGA
AL1996	37:G>T	Krm13	57972584	TGCAGGGATTGAGGAAAAAAGTCTAGTTACTGTTTTAGTCCCTAATACTATATTGAAATTCGAGATCTG
AL1997	46:A>G	Krm13	57972584	TGCAGGGATTGAGGAAAAAAGTCTAGTTACTGTTTTAGTCCCTAATACTATATTGAAATTCGAGATCTG
AL1998	54:C>T	Krm13	58312874	TGCAGAAGGCATGAAGCTTTACATTTACAGACAACAAAGTGATATTGACTGAGGGCTTTGATGGGGTGGT
AL1999	10:T>G	scaffold_629	129	TGCAGGTTTCATGACGGATTGGTGCATGTATGGGAGTGTGCATGCACAATTGAGGTTCAATGGATGGCA
AL2000	24:C>G	scaffold_575	811	TGCAGGTACATGCAATGGATGGACATGCATGTTTGGAGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL2001	11:A>G	scaffold_553	2172	TGCAGGATTTCGATTTCTTGGACCAAGATTTCCAAGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL2002	9:T>C	scaffold_877	2852	TGCAGAATTTTCTTTGGGGTTTTCTCCAAGAATTCCTCTTTGAGTTTTCTTTAGAAGTTGTTTTACAGA
AL2003	19:T>C	scaffold_877	2852	TGCAGAATTTTCTTTGGGGTTTTCTCCAAGAATTCCTCTTTGAGTTTTCTTTAGAAGTTGTTTTACAGA
AL2004	32:T>C	scaffold_877	2852	TGCAGAATTTTCTTTGGGGTTTTCTCCAAGAATTCCTCTTTGAGTTTTCTTTAGAAGTTGTTTTACAGA
AL2005	51:T>C	scaffold_877	2852	TGCAGAATTTTCTTTGGGGTTTTCTCCAAGAATTCCTCTTTGAGTTTTCTTTAGAAGTTGTTTTACAGA
AL2006	61:T>G	scaffold_877	2852	TGCAGAATTTTCTTTGGGGTTTTCTCCAAGAATTCCTCTTTGAGTTTTCTTTAGAAGTTGTTTTACAGA
AL2007	30:G>A	scaffold_177	4116	TGCAGAAAGCATTATCAGCATAACCCTATTGTCAAACGAATTCCTTGATAAGCAGAACCATGTTTAACC
AL2008	38:A>G	scaffold_177	4116	TGCAGAAAGCATTATCAGCATAACCCTATTGTCAAACGAATTCCTTGATAAGCAGAACCATGTTTAACC
AL2009	56:A>C	scaffold_711	4237	TGCAGTTGAGCATCGGTAGCTTCGGGTTTGGGCACACAAAACTTTTAGCATTGGCAGCTGGTGGTGAT
AL2010	6:C>T	scaffold_252	4310	TGCAGACTTTGAAGAGAAGAGAGGTGTTGGATACTCCTTGGCAATGAGGTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2011	35:C>T	scaffold_461	5764	TGCAGACTCGGGGATCGTTAGCGAAGATCATCTCTACTATCTCGGTATTACAGATCGGAAGAG
AL2012	68:T>A	scaffold_42	8070	TGCAGGAATAAGCTATTGTA AAAAAGCCTAATTGCCTAAAAGCAACATTCTTTTCGGTGCCAGAGAATT
AL2013	18:T>C	scaffold_241	8609	TGCAGCTAATTAGAGCAATTACAGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2014	6:G>T	scaffold_52	46319	TGCAGAGAGAGTTATAAAAAGCACTAAAAGGATATCAAATGGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGC
AL2015	27:T>C	scaffold_15	196125	TGCAGTAGGCCGATTGGCGCTAGTGTTTGGTACTTGTTCGTTGACAAGTCAGGCAATTCTGGACATAA
AL2016	28:G>A	scaffold_15	196125	TGCAGTAGGCCGATTGGCGCTAGTGTTTGGTACTTGTTCGTTGACAAGTCAGGCAATTCTGGACATAA
AL2017	24:G>T			TGCAGATGGGAAGAGACGTCACCTGTATGAGAGTAATAGTTCTAAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2018	47:G>A			TGCAGCCAAGGTGTAACACCCCCGTACCCGAGTCCGTCGCCGAGTCGGACACGAGGGGTTTCAGACTT
AL2019	8:G>A			TGCAGAAAGCACAAAGTPTTACAACATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2020	36:G>A			TGCAGCCAAGGTTTATCGCATAAATTTATCCTCCGGTATCTCCGCAACCACGGCCCCATTCTCGACTT
AL2021	46:G>A			TGCAGCTAGAAGATAAGCTTTACATATCCTTCTAAGCTAATAATATGAATAGAAAAGCCAAGTAGGAC
AL2022	43:C>T			TGCAGAATCAGAACCATCCTCAAGTCGCACATATACATCAATACTCAAATAGACCCAATTTTCATTAC
AL2023	8:A>T			TGCAGAGCAATAGTGATTTATGCCTTCTAGAATTCTATGACAGATATTCCAACATTGACAATGCTAAAC
AL2024	56:C>T			TGCAGGTTTTGGGGATTCTAAGGCTGGAATAGGACTGTTTGGCTGCAGAGATATGGCATTCTGGACTGA
AL2025	7:C>T			TGCAGTGCTAGCTGTAACCTTTAGGTTTCGAGATTGAACGCTTCTATAATCTTACGACTGCTGATACACCA
AL2026	58:C>T			TGCAGCCATCGCCTAGCAAACCGTCAGCGTCGTATCATTGAAATTTGGACCCACCTGCTCCTTCGCTCCT
AL2027	33:A>T			TGCAGACTCTTAAATGGGTTCTCTTTGTTTATTACTGAAATTTATTAGATAAATCTGATTACAGATCGGA
AL2028	57:C>T			TGCAGAGGGAGTAAAGTAGTGAGTGAGGGGGGCTCTGACTGAGTTTAGTAGCAACTGGCCAACCTCGTTGG
AL2029	22:G>T			TGCAGTTTATCATGTTTCAGATGTAGATCCTAGTCTTCTATTTCAAACAAATTACAGATCGGAAGAGCGG

Ek 1. Devam

AL2030	5:C>A		TGCAGCTTTTTGAGCTTTCAAACCTCAATATTTGATGATAATTTTCGATGAAGAAAGAAGATAGAGATGA
AL2031	20:C>G		TGCAGCAAATGCCTATTCTCCTAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCT
AL2032	25:C>T		TGCAGTATAGTTTCAATCGTCCTCTCGGGTGGGTGAACAACCTTTCTTTTCTTTACAGATCGGAAGAGC
AL2033	17:A>C		TGCAGATGTTGTTTTCTATCCTCCTAAAGATCTCGAATCATCCACCCAATGAAAGTTTCCGCGTCGGGT
AL2034	52:C>T		TGCAGGTTTATTTGACAAAAATTAGAACAATTACATTGACTTACACTTATGACTATATAAGTATAGATA
AL2035	55:A>T		TGCAGAAGAAGATAGAAGGCGGCAACGATTGAAGAGATTTTGAAGAAGAAGAAGAAGATGATGATGATG
AL2036	21:G>A		TGCAGTTGAGAAGAAATAGGCGTAAAGCACATGTATGTCTAGGTGTGTGTCGATGTATTCATATAAAGA
AL2037	32:G>T		TGCAGAATGAGGGAGTATACTGGAAAAGAATCGAAGAGATAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2038	13:A>C		TGCAGAGTGCTGAAATGAGAGCTCAGGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2039	24:G>A		TGCAGCAGCCCATTCCATTCTCTGGGAAATTGTAAGATCACGTGGCCTGCACGCTAACGGTTTTCGTACA
AL2040	62:G>A		TGCAGCAGGTTATGACTGTTATAATTCATCAGGACGTAGTTCCATCAAATTAGAGGGATCCGTCTTGC
AL2041	57:G>C		TGCAGCATTGCCGCAACATCACTACTAGTAATTGCATGTTAGGAGGAAATAATTATTGTGACTCTTCAA
AL2042	49:G>A		TGCAGCATTACCTTCTTACTACAATGTCTTAGTAGGTCAATACAAATTGTTTTCTTTTCTTATAAT
AL2043	23:C>A		TGCAGGTTTTGGGGATTCTAACGCTGGAATAGGACTGTTTGGCTGCAAAGATATAACATTCTGGGCTGG
AL2044	8:T>C		TGCAGCTATATATATTGGACGTGCAGATATATATACCCAGTTTTTATAGGATATATCATATACGTAC
AL2045	23:A>G		TGCAGCACAACATATAGTTAGGTGAAGCATTAGCATACTATGGTGAGCAACTAGCATCTTATATAGGCTT
AL2046	24:G>T		TGCAGTTTGTGTTGATATTTGAAGGTTTACGTTTTGTAGTGTAGCTTTTTTTAGCTATTTTCAATGG
AL2047	56:A>T		TGCAGTGACCATGACTAACCTGCATATCCAGATCTCAGAACAATTAGTAGTTATCTAGTTTACAGATCG
AL2048	5:A>C		TGCAGAGCAGACTCGATTGCAAAAACGCGAAAGTTTTAGGAGAAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL2049	20:G>A		TGCAGATTGAACATGTTGGAGTTACTACTACATGTGCTTATGTTACTCTTAGACATAGATTTGTTCTTT
AL2050	19:T>A		TGCAGAGGCAACGCGGAGATGAAGGCGTTCTGTGAAAAAATGAAAAAGAATATAAAAATAGGAGAGGCGG
AL2051	34:T>C		TGCAGTTTCAGTGGCAGCAATGAGAGACCATAAGTCTAGTAGTTGATTTGGGAATCACTAGAGGCATCT
AL2052	51:C>T		TGCAGTTAACAGGGTTTCAGAACTTGTGAGACAAGTCGAAAGTGTTTATAACTACTTGCTTACAGATCG
AL2053	20:T>A		TGCAGGCAAATGAAAAATAATTATATCTTCTTACCAATCTCTTGTGTTTTACTAGGTTACAGATCGG
AL2054	22:A>C		TGCAGGATTCTCAGACGCTAATAAAAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2055	5:C>T		TGCAGCTGTGTTTTTCCAACACCGTCGCAATGCTCTCTGCTCCCTCCCGTCAATCTCCTCTAATTGGT
AL2056	6:G>A		TGCAGAGAAATGAACGTAATAAATACATGTAGTAACAAGAATCAATGGCTAATTACAGATCGGAAGAGC
AL2057	7:A>G		TGCAGTTAGAGTGTCAAAAATAAACGTTCCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2058	34:T>C		TGCAGAATCGCCGACCCATTTGTGGAAGAACTGTTTTGGACACTCCCACAATTACAGATCGGAAGAGC
AL2059	6:C>T		TGCAGGCGGTGGCATGTAAGTTCAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGA
AL2060	20:G>A		TGCAGATTACCCAAAAATCAGATCAACCAGCAGAAGAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL2061	12:C>A		TGCAGTTTCGCACTATGATTTTCAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATC
AL2062	58:A>G		TGCAGGATAGAATCATAACTCTGAAATTGGTTATTTAGCATTGATTATAACAAAAAAAAGAAAAAAA
AL2063	6:A>G		TGCAGCATATGTAACACCCCGAACCCGAAACCGACACCGGAGTCGGACACGAGGTGTTACAGATCGGAA
AL2064	48:G>A		TGCAGCACTCCACGATTCCTAATTCTCTGCCATAATTCATTTATTTGTTTCTTCAATTGCTACCAAC

Ek 1. Devam

AL2065	60:C>A		TGCAGAAACCCCTTCTCAATGGCCTTCTGAACAGCACAAGCTAAAGCGACAGCCTCAGCTACAGGAGTGC
AL2066	12:A>T		TGCAGAAACGCTAAAGAGAAATGCTATAATGCAAAAAAAGAGCCGTGATAAGGTAATTATCAATCTTTT
AL2067	13:T>C		TGCAGAGATATGGTATTCTGGACCGAAATAGAAGTGTGGTAGCATGGATAGGGTTGTTTTGGTGCAC
AL2068	15:G>A		TGCAGAAAAGAATGAGAAAGACCTTTACCTTTGTTCTTTTTTTGTTTCAAACAGAGTGAAACTAGAAAA
AL2069	22:C>T		TGCAGCTGTAACGCCCGTACCCGAGACCGTTGCCGGAGTCGAACACGAGGTATTTACGGACTTATTTT
AL2070	61:A>G		TGCAGCCAAGGTAAGTGCAGCCAAGGTGTAACACCCCGTACCCGAGTCCGTCGCCGGAGTCGAACTCGAG
AL2071	20:C>T		TGCAGCAAGTTAACTATAAACAGAAACATAATGATCAAGCTTTCCTGAATGACTTTCCAACCTCAAAGA
AL2072	9:T>G		TGCAGAAAATTCAAAACCATTTTTTCAGTGCAACTCTTTTTTTCTGATGTGGAAAATTACAGATCGGAAG
AL2073	43:G>A		TGCAGCATGCAATTCGTAATTCCTTTGAACTCTGAAAATTCTGAAAAAAAATTACAGATCGGAAGAG
AL2074	61:C>T		TGCAGCCTCTTGAAGAAAATGTCTTGTCCACGATGCAAATTCACCTACCATATCATGTGTGCGAGAGTT
AL2075	19:T>A		TGCAGAGATGTCAATGGCCTTCAGGCCCAATTCGTCGCATAGATAGTGGTCCGTTGTTTTTCTAGGT
AL2076	14:T>A		TGCAGTTAGTATCCTGCAAGAATAGAGCAGTTTCGTTTCATATGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL2077	53:G>T		TGCAGTGAGAAGCCACCCAGTAATTTCTCAACTGAAAATAGACATTCATCATGGATAGATAAGAAAAT
AL2078	19:T>C		TGCAGGCAGGCAGGCAGGATTGACTTTGGTGAAACCAAAGCAGTAAAAATTTACATGTTCTGGGGGGTG
AL2079	43:C>T		TGCAGAATTGAATCTCGATAGTTGTTTTTGAGAATTATATGCTGTTGTCTAATTCAATTCAACTTTG
AL2080	7:A>G		TGCAGAGATGAATCCAAAGCGCTTGCAGTGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAG
AL2081	37:T>G		TGCAGTTCCTGGGGGCTTACAATAGGAAGACCATAATGAGATCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL2082	60:T>C		TGCAGCCTTGCAGTATTGTGGGAGAGCTCACAGGGTGAGTGTGGAAACGAACTGGGGTATGTTTAC
AL2083	24:C>T		TGCAGGGCTTCCTTTGATTGAATCCGATTACAGCTGGTCTCCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL2084	55:G>C		TGCAGTGTCCATTTTATTTTGGTATTCTACATGTCCGTTTTACGATTCATGTTTGAGGTTTGGGGTTG
AL2085	45:G>A		TGCAGATTTTTGAGCTTTCAAAACCTCAATATTTGATGATAATTTCCGGTGAAGAAAGAAGATGGAGAAGA
AL2086	51:T>G		TGCAGGGTAGAGCAACAGGTCACAATGAAGGTTCTAAGTTGGAACATTCGTTGTTTGGGGAGACCAAGG
AL2087	28:G>A		TGCAGCTATTTCGAAATGAGGACTTGATGGTTTCAACTTGTATAAATGACGAGTACCCATAAATCATG
AL2088	44:A>C		TGCAGTCCTTAGCTAACAACCTTTCTATAATTTACAGAACTAGAAGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2089	58:T>C		TGCAGCAGGAGCGACTGGTTCGCGCCTCTGGGTCTGGCTCGACCCGGTTTTGACCCGACTGAATTTTACA
AL2090	14:C>T		TGCAGCAAAATAAGCGTATTCTTGAGGACAGCTGGAACACCAACAAGAAAAATTACGGAAATGAGCATA
AL2091	27:G>A		TGCAGTATTATTTCAAAAAAAGGAAGTACCCAATTGAATTCAAATTACAGATCGGAAGAGCGG
AL2092	6:T>C		TGCAGATCCCCTGGCAGAGATAGCTTATGAGGACTTCCAAGTATGGCGAGGGGAATCATCAGGAGAAT
AL2093	37:T>C		TGCAGTTAAAAAATTTGATATAATAATAAATTTAGTTTTCAATTTTTATATATTATATTACAGATCGGA
AL2094	53:G>A		TGCAGTTTTCAATGTAACCTTCTGGATGATAATGAATAGCAGCACATGATACTGCCAATAAAGAACAAG
AL2095	25:T>G		TGCAGGTTTGGCAATTGGAACCTTATTTTTCAAAGGTTTTCTTGCAGTTGTTTTCTGTGTAGTTTTGA
AL2096	66:C>A		TGCAGATACATGGTTCTGTTGAATCAATGAGAACTAGGCTTACAAGAATTGGGAAGCCTGTACGTCAT
AL2097	23:T>C		TGCAGAAGATAAGCTTTCATGTCTATAGCACCAGGTGGATTCCAATGCCAGAACAATAAATTACTCTT
AL2098	35:G>A		TGCAGGCAATAGAAGCGTACAGCATATTGGGGGATGATGTGGAGTCCATGGTGTGTATCTCCTAGAAA
AL2099	13:A>G		TGCAGGAACCATGAGTAACCAGGCAGTGTGCTAAGCGGAAGGTGAAACAAAAGAGTAAGGATCGATGTC

Ek 1. Devam

AL2100	37:A>G			TGCAGGCTTTTTCTTGTCTGAAGGCTTTGGGGAAAAAACAAACAGAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2101	34:G>T			TGCAGGCTTTAAGGGTTTTTTTTTTGTTTTTTGGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATG
AL2102	5:G>A			TGCAGGAGGAATTGTGTGAGACCATGTTGGGAATTAGATTTGTGACTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2103	27:A>T			TGCAGCACCGGTAAAAAAGAATGGAAAAAATAAAAAGAAAAGAAATTAGATTCTTCCCAATATCTTTC
AL2104	25:C>G			TGCAGTATCCTATAAAGCCACCCTACTCCGAAAATTAGAAACAAGAGCCCTATACTTACAGATCGGAAG
AL2105	61:C>T			TGCAGTTGTAGGCTTCTTCCCTTCACTTTGTCTAGCAATTGCAGAAGGGTTTTGAGGTGTCCCTGAAGT
AL2106	5:T>C			TGCAGTGGTAGGAGATGAGCATGGTAATTAGATGTGGGGAATAAAAAGAAGTATTGAGAGATGTAGTGC
AL2107	57:T>A			TGCAGGATTAGGATAGTCATAAAGCAGGGATAGCTTATTCCTGGTTGGAATAGGGGTTGGATAAGGGCT
AL2108	20:A>T			TGCAGAACCACCTTCAATTCAAATTGATCCATCTGTGTAAGAAAATAAATGATATAATAAAAAATAAAAA
AL2109	41:T>G			TGCAGCTGGTATTGTAATAAATGGTACCCCTGAATATGTCTCGCCTCGAACAAGGCTAGCCTGAAGCG
AL2110	23:G>A			TGCAGCTCCTTTATCCCAGGAAAGGAAGAGAGGATTGCAATAAGATCATCACCATATCCGATAGAATCT
AL2111	11:T>C			TGCAGTTCGCGTGCGCAAGGTTTGAAATTTTGTCTGCTCACGTGGGGAAGAGTCAGAGTTTGACCGGAAC
AL2112	44:T>G			TGCAGCAGATACGATATTGAAACGCTGAAGTCTAGAGAACAAGATTGGGATAATCAGAGGCAGGTATAG
AL2113	18:C>G			TGCAGAATATTTTTATTACAGACCTCTTCAGTGGAACTGTAATTAGCTGGACCGCAACAACACCCTTTA
AL2114	7:G>C			TGCAGTTGCTAGTCAAAAAGCCTCGCTGAAACATGCTTGAGTTTGTCTGCCGTCTCAAACATGACTTTA
AL2115	7:C>G			TGCAGTTCTAAGCATAACGGAAGAAAAATGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2116	44:G>C			TGCAGCTCGTTAGTGGTTGGAAGTGCAGGAAATTATCTGGTACTCGTCCGGCTTACAACTTTTACAGATCG
AL2117	17:T>A			TGCAGTAATGAGGAAATTTTTGCTACTAATATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGA
AL2118	11:A>T			TGCAGAATTTGATTTCCAGGTCTAAAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGA
AL2119	26:C>A			TGCAGCGAAGAAGTTGAAGTCTTTGACGCTTTGGGGTGTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGA
AL2120	17:G>A			TGCAGCTTCCAAGAAATGGGCAATCGTTTTGTTGGGAGATATTGATACAAAACGCACCCGCTGATTGGT
AL2121	10:A>G			TGCAGAAGCTAAAAATTGAAAAAGGAAACCTAATTTACTATTCCCAGTCACAGCCTGGCCTGCATTAC
AL2122	58:T>C			TGCAGATAACTGAATCCCATTGACAACACCAATCCCCTGCTCAGAACTTGCTCTTTGAACCTCCA
AL2123	27:G>A			TGCAGAAGTGAATTCAGAATTGTTGATGAGCTAATTCTACCTAAGAATTTATTACTTTGATGCATTA
AL2124	11:A>G			TGCAGATACATAGTTCTATCGAATCAATCAGAACTACGCTTACAAGAATTGGGAAGCCTGTACGTCAT
AL2125	7:A>G			TGCAGGCATGTAGTCATTTTCATGACCCTCCTAGTGACTTGTCTATCTCAAATTGGAGAGGGATGGAATTT
AL2126	29:C>T			TGCAGTAATGGCAATAGCACGATATTCTGCTTCAATTATTGAGCCACTATTGATTGTTTTCTTAGAGAAC
AL2127	16:C>T			TGCAGACAACCCTTCGCCTTATATCATTACAGATGATTGCTTAGTGTTTAGACCTGTTTATGGATCACAC
AL2128	7:G>A			TGCAGTGGAAACAAATGCAAATTTATGGACTGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAG
AL2129	45:T>C			TGCAGCAACTGGAACAATGGGACCGATCATAGGGTATGTTGACATTGGTGTATTAGAGGATTCGTTACTA
AL2130	34:A>G			TGCAGACAGTCTCAAAATTGGAGGAATCGAAGACAGCTCAAAGGATCGGACGTAGAAAAGGGGCCGTAC
AL2131	61:C>T			TGCAGAAACATTGCCCGCAATATTATGTTGTGAGGCTCTGTAGTTGGTATGACCGGAGACTCGTGAAAT
AL2132	40:A>C			TGCAGACAGGGTCTTCTTTGTCTAGTGGAAAGATGACACGGAAGTGTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL2133	49:G>T			TGCAGAATCAACTGTGAAGACTTCTTTTTTATCTTGGGCTATATGCCTGTTCTGTTTTTACAGATCGG
AL2134	23:G>A			TGCAGCACATATTGTCTGTTGCTGGTGATATTTGTCAAAGGAAGAAAAGAGATTACAGATCGGAAGAGCG

Ek 1. Devam

AL2135	14:A>G			TGCAGTTTTAAAATACAATTCACGCAGCAAAGGCTCAAAAAATCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL2136	5:T>C			TGCAGTGGATAGGGGCAGTGTAAACACCCCGAACCCGAAACCGACACCGGAGTCAACACGAGGTGTTAC
AL2137	43:A>G			TGCAGCATGCAATTCGTACTTCCTTTGAACTCTGAAAATTCTGAAAAAAAAAATTACAGATCGGAAGAGC
AL2138	26:G>T			TGCAGCAGGTGGAGGCAAGAGAGACAGGAATCCTTGGCTTGCACCCACTATGGGTTTTCCGCCTATGCC
AL2139	13:A>C			TGCAGGGGAGTTCGAGCCTCTGCAGCAGGAGCGACTGGTCGCGCCTCTGGGTCTGGCTCGACCCGGTTTT
AL2140	31:C>G			TGCAGGGAGCAGATATGGCGGTTTCGTAGATTCATTGTCAGCCACCGTTTTTGGTATACTCATTACAGAT
AL2141	8:G>C			TGCAGACAGTTACAGATATACGGGTAAGTCATGATGCCTTATTGGTAATATATTACAGATCGGAAGAGC
AL2142	37:C>A			TGCAGAACATATTACAAAAAGAAAAAAAAAATCCCCCAAAAAAGTTCCCCCTTTTAGGATTAGACTT
AL2143	39:C>G			TGCAGAATAGGGAAGTGTAAAAAGCTTAGAACTTGTATCGTAATGGGGCATCCAACAAGGAACGCCCT
AL2144	53:A>G			TGCAGAAATGTAAAGTAGTATTGGAGGATGTGCAACTGCTAGAGAACCAAATACCACCGCATTGAATA
AL2145	39:C>G			TGCAGAATTCTTTGAGCGACATCCCATTGGAAGGTAGTCTAATTGTTTCTATTTTCCACGTCTTGGTT
AL2146	14:T>C			TGCAGAACTAAAGATAAGACTTATCCCACATCGTTTTTTTTTATGAATCGCCCAAATAAGAGGTTTTAC
AL2147	21:A>G			TGCAGAAAACCACCGACGTTTCAGCTAATCATCGAGTTATTCGAGTCAACTCGAATTTATTTTCAAATTT
AL2148	68:T>A			TGCAGGTTACAGCCATATATATACGTTTGTGCAAAAAACAAAAGCTATATATATACGTTCATTTTTTT
AL2149	29:T>A			TGCAGCGCCAAGCGAATGGGGCTAGGGTTTGGGTTCCCAAGAAGTTTCAAAGGATTAGGCCTATCGGGC
AL2150	55:G>A			TGCAGTCCGGTAGATAAGAAAGGAGAAGGAATATCAAGTGTGACTGTGAATCCGACAATCAACAAT
AL2151	48:G>A			TGCAGAACCATGTTTCAGAAATAAATCCACTGTATATTTATAGTACAAGTAAATGATTTATGCCAGCC
AL2152	65:T>G			TGCAGAAAACAAGGGAATAGTGTAGTAGAAGAAAAAGAGTCTTCAAAAATAAAAAGAAGAAAAATAAA
AL2153	16:T>G			TGCAGTTTGGGGAGGTTCCAACACCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2154	13:G>A			TGCAGAAATTGGTGAGCAGTACTTATGAATGAGGATCCTGAAGCTGCATTGAAAGGCCTAATTGACTT
AL2155	31:T>C			TGCAGTCATAAACCAACTATGACTCTTGTGCATCACTTCCCATTTTATTTCATTTTGTTTTTTCTCCTAAA
AL2156	53:T>C			TGCAGATTATTTACATACCCTTGTTCGCCTTGTAGTGAACCAAGGAAGAACAGTAACAAGATCGGAAGA
AL2157	28:G>A			TGCAGGTACACCCTGTTTCGTCTATATGTTCCCTATCACGTTGACATACTTTTTGATGGTTACCTCAA
AL2158	22:C>A			TGCAGTTTTCCAAAGATATGATCCTTCTAGGATGGTCCAATTGGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL2159	66:T>C			TGCAGAATTTATTGTCCAATTGATTGCAAATGATAGAATGACATTATTATGGAATCGTTGATTGAGTCT
AL2160	48:C>T			TGCAGAAAACCAAAAAGTTATGGAACAAACATGAATCGTTAGACATGGCTATTTTCGCTTTACAGATCG
AL2161	21:A>G			TGCAGAATTCCTAGAAAAGCCACTGTTTCACTTTTCTACCGTTGACAAAACCAAGCATTCTCGAATCTAC
AL2162	10:T>C			TGCAGTGTCTTCTAGGACTTCCATCTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2163	50:T>G			TGCAGAAGGTCTGTATGCCGCGAGGGCTCCGGTCAAAGGATTGATCATCTCCCGCCGTAGGTGCCGCC
AL2164	26:G>A			TGCAGTATTATTTCAAAAAAAAAAAGGAAGTACCCAATTGAATTCAAATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2165	31:T>A			TGCAGGGCAGGGCAACCAGAAGCAATAAAAATCTTATGCTGGAATGTTCCGGGAATGGGGAATCCCTAG
AL2166	32:T>G			TGCAGTAAAGGAAAATGAAAATGGCAGAGCAGTACGGAAGTATGCGACTACACATCAGAAATTTTCTCT
AL2167	67:G>A			TGCAGTTGGTTAATTTATCAGGCCAGGCTATTAGGTGCTCCTCCTAGCCAAGGGCTAGGAAAATTTTGT
AL2168	43:G>A			TGCAGAACGGTGTGTTTATAAGGCCTGGGATAATCTCCCGATGATCCCCACTACTTGTTCGCATTC
AL2169	7:C>T			TGCAGGCCTGGCTTGCATCACCTAAGTATAGGCCTGACAATGGCCTTGCATTGGCCGACTTCAGTTTGT

Ek 1. Devam

AL2170	28:G>A		TGCAGTATTATTTCAAAAAAAAAAAAAAGGAAGTACCCAATTGAATTCAAATTACAGATCGGAAGAGCG
AL2171	51:A>C		TGCAGGGAGAAGATTCGAATCGATTGTGCGATTTTGATCTTTTTTTCCCTCATCCCTTACAGATCGGAA
AL2172	26:C>A		TGCAGTCTTGCATGTGCTGCTACAGTCTAACTAGTTACAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL2173	19:T>C		TGCAGAAGGCGAGAATGGTTGCGCCTCCGGGTTTGGCACGACCCGGTTTTGACCCGATTGGATTTTACA
AL2174	52:C>T		TGCAGAGAGAGAAATGTATTAGTGGAAAGAAAATGAAAAGCATTTCCTCCTCTTTTTTTTTCTCCCT
AL2175	38:T>C		TGCAGTAGTTGAAAATTTCTCTTTCATTTAGATGCTGGTTGGTTGTTATTTTTTACAGATCGGAAGAGC
AL2176	52:T>A		TGCAGATCAGCGGTTAGGTGTTTGAATGAAATTCAACTTTGAAATTGGAGATTGGAATTTACAGATCG
AL2177	16:C>T		TGCAGTATCTAAATAGCGAGCAAAGCTATTATATTTCCCTCAAATTGATTCTACAATGTAATTTATTTTA
AL2178	45:T>A		TGCAGTATGTGCTTTGTTTGGTAAGAAAGCTTCAATTTTTTTATATTTTTTTTACCAAGTAAAATTTTA
AL2179	47:G>T		TGCAGAGGCTCTACTTATTAGGAGCAAAGAGAGCTGGTTGCTGACAGGAATAATGACGCCATCTTTCT
AL2180	21:T>G		TGCAGCACAAGAAATCAGCCATAAACTTTTCTTACTAACTTCTATTTTTCGCATTGTAACACAAAGCAA
AL2181	7:A>G		TGCAGCCACCAACTAAACATGTTCTGTTCTTTTTGAGATTTTTTCACATTTTGTAGGCTCTGCCTCAGCCG
AL2182	61:A>G		TGCAGCCTGCTGGAGAAAACAGCAATGGAAGTACAGAGAGAACTGTACAGATACGTGTCAATGATCA
AL2183	34:A>G		TGCAGATTTTTGAGCTTTCAAACCTCAATATTTGATGATAATTTTGGTGAAGAAAGAAGATGGAGAATA
AL2184	20:A>T		TGCAGGTAATAATGGCATAACAACGGTCTGGTGCAGTGAAGGCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL2185	9:T>A		TGCAGCTAATAACAAGAGTCTGTTACATCATGTATCATAAAAAATATTAGTATTTAGTGGATTTAGAGCCA
AL2186	32:G>T		TGCAGTTTAACTAAGGGGAAAAGTTTTTTTTTTGGGGGGGTTATTTATGAAATGCAGAATAATAACAAGA
AL2187	38:A>G		TGCAGAAAACACACAAGGAAATGATCAAAAAGTCAAGACAAATGGGAGAGCCGCAGGTTTCAATTTACATA
AL2188	16:A>G		TGCAGGGAATGAAGCAACAGAAAATAAAGCAAATTTTTAGTCTTTATTGTGATTGCAATACAGCGCCGT
AL2189	26:T>G		TGCAGGTAAGTGATCTTGTTTCGCCATTTCCCTCAAATCTCTTCTCGCGTTCAATTTTGAAAAGGTTTTG
AL2190	6:T>C		TGCAGATGTACACACCAAGGAAAAACCTCGATCCTTAGATAAAAAAAGAAAGGAGAAAGAGAAATAATT
AL2191	11:C>T		TGCAGCATAAGCCAAGAATCTAAACATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2192	32:G>A		TGCAGTATCTTTCAACAAGAAGGAATCAGCTGGAGGGATTTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL2193	68:C>T		TGCAGGATGGATATGTTTCATTAGCTTTCGTGGACTTCTCTTCTTAAGATTTTCTTCTTTATCTTTC
AL2194	11:G>A		TGCAGAGTTCAGTTTTTCGTATAATAGTTAGCGCATCTTCTTCAACACAAACATCCTGAAAACCCAGCTC
AL2195	30:C>T		TGCAGCTAATAATAAAAAGGAAACCGAAAGCCTGACCTAAAAAATAAACCAAAACAAAAATGAAACCCA
AL2196	8:C>T		TGCAGAACCTTAGGCATAGCCAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCT
AL2197	44:C>T		TGCAGTTCATTCTTTTGTTCCTTACAGCCTGTGAGGCCGTTTACGAATCCCATAGGATATCCTGGTAC
AL2198	53:G>T		TGCAGATTCCTATTGTGAGCACGGATTGTGATGACATGAAAGTATGGAAAGGGGAACGTGCCGAGAAAT
AL2199	43:A>G		TGCAGAGTCTGCAACAGGATTAGACACGGATATTTGGAGGGTTATTGCCACAAGGACAGCTCGATGTTT
AL2200	40:G>A		TGCAGGGTGTGGTGCCTTGCATCAGGCACCACATGTGGCGCCTACGGGTCACGGGAGACCCGTTTTTA
AL2201	59:A>T		TGCAGGATGCGGAGTTCTTTTTATGTAAGATTTAGTGCAAGTTTGGATGGGCAATGTATATACTTACGG
AL2202	13:C>T		TGCAGAGGAAAAACCTAAGTCTTTCCTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2203	61:C>G		TGCAGGTGTGAGAGCGTGGAAGGCTGGTGGTTGGCTCGAGGGGAGGCCAAGGGTTCCGGCACCCGCGT
AL2204	18:G>A		TGCAGTCTCATACAATTGTTTTTATGTAAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC



Ek 1. Devam

AL2205	21:G>A		TGCAGGAAAAATAACAATCAAGTGTGAACAAGGGGCAAAATTAGCAAAAGGGTAAAAAATTACAGATCG
AL2206	32:G>T		TGCAGCCATGATTGCATTAGCAGTATACTTACGATTATCGTCTAACTTTTTTGTCTATATGAACATA
AL2207	29:G>A		TGCAGAGGCAACATCTGAATTCTCCATTCGTCTGCACAAGTTTGACAACCACAACACTACACGTGAGCAT
AL2208	5:G>A		TGCAGGTGGAAATCTCAGACTTGGTGAAAAGACCAAGTGTAGAAAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2209	6:C>T		TGCAGCCGGATGTTTCTGTTTGTATGTTTCTCATGTAATCATCATTTTATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2210	36:T>C		TGCAGCAGTAACATGACTTTGGAAAATCACCATAAATTGTGGGAGATGAATTAGAAGCTGAATAAATTA
AL2211	24:C>A		TGCAGATTTAATCAATAAAATATTCCAAGGCTGCTCAATATATAATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL2212	9:C>T		TGCAGTAAGCTCGTGTTGAATATTAGCATCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACAGCAGGAATGCCGAGA
AL2213	18:A>G		TGCAGAAAGCGGCACCAGATAGACCAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2214	28:T>A		TGCAGGGGAACCAACGGGGGAAAGCAGTAGGAACATCCCTCTGGGCGCATCGTATGTATGTGTCTTTG
AL2215	24:A>G		TGCAGAACCTTGATCGGAGACTACCAACAAAAATTACGGAAAAAGAATCTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2216	38:C>A		TGCAGGTTCAACCGGTTTGTGGGGGGTGAGGCGCAGACAAGTGGACCAATAAATTTTACAGCTGGTGG
AL2217	43:G>T		TGCAGAGTCGTTTTATGAAAGAGGCTTGATCTAGATTATCTTGGAGAGGTAGTGAAGGTTACTTAGAA
AL2218	11:T>C		TGCAGGGAAGTTGCGCCCTGTAGCAGGCGCAATGGTCACGCCTCCTGGTCTGGCTCAACCCGGTTTT
AL2219	39:G>T		TGCAGCACTTAAGTCTGGAGGAGAATGCTAGTGTCTCAAGAGCTGTAAAAGTTTGTATTACAGATCGG
AL2220	35:T>G		TGCAGGCTGCTTACCATCAATTCATACTTCTTTATGTCCACAGCCCATAAAAGATTTACAGATCGGAA
AL2221	12:A>G		TGCAGTTGAAATAAATTCTGAAAAATTGTGCACACGTGTAAGAACATGTGCGTTTATATACAAACACGAG
AL2222	21:C>T		TGCAGTCATTTTCGGTCTAACCTTCGGTCTGTAGATAGGCATTGCACTGCAAGATAAGCAGCTTTTAC
AL2223	62:C>T		TGCAGATGAACTTGGTGCTGGCCTATCTCCACTTTCTGAAATGATTTATGGTAAAACATCACACTCCT
AL2224	40:C>G		TGCAGCCATTCTGTTTCACTGAACTACGGACAATCTATACCTGTATGTCCTTCGACAAGTTCAGCATCA
AL2225	24:T>C		TGCAGACTCCTCTGCTATATTTACTATGGAAGGATAAAAAGTTTCCCAGTTCAAAGATAGAGCTGACCT
AL2226	33:C>A		TGCAGAGATTGGGGAGTGGAAACAAGTAAAGGCCCAAAGCTAATTTGGCTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2227	57:T>C		TGCAGCAGGCAATCCCCATATTTCCCGCAGGCACGGTGAAGTGAGATGGGCATATGGTTTACAGATCGG
AL2228	31:A>G		TGCAGAAATTTAGAATTGTGTTTTGGACTCTAGACTGGTAATTTTTATATTTGGGCTTTTTGTTGGGC
AL2229	54:G>C		TGCAGGATGGATATGTTTCATTAGCTTTCGTGGACTTCTCTTCTCTAAGATTTGCTTCTTTATCTTTT
AL2230	5:G>A		TGCAGGAAATCTCCAACCAAGTGGGCTTGAGTTGTGAGGGATTTCGGAGTGCCACATTGTAACACCC
AL2231	22:G>C		TGCAGTTGACTAATGTCAAAGTGCATGGGTCGCGGGTTATGGGTCAAATCTGTGATCAATGCACACG
AL2232	19:T>C		TGCAGGGCTATTTCCACCATCTTTCGCATAATATCATGTGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACGAGG
AL2233	66:T>A		TGCAGATAGGGGTGTAGCCTGAGTGAGAGTGGTAAGGGATTTCGGTACTTCTAAAATAATTTTTTTTAT
AL2234	30:G>A		TGCAGCAAGAAAACCTTATCAAGGACCTGCGGTTTTTTCGGTAAAAGATCCTTATACTATGAGTTAGATT
AL2235	33:T>G		TGCAGGCTTTAAGGGTTTTTTTTTGTTTTTTGTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACGAGGAATGC
AL2236	38:G>T		TGCAGCCTTAGGAGGTGCTGCCTTTCGCTAAGGTATACGTTTACAGTGGAAAGGTAGGAAGCGTGAAAA
AL2237	17:G>C		TGCAGGGGATCCAATAGGAATTCAAAAAATGGTACTTTTCACTATCTACATGCAAGACAAGCTATCTAT
AL2238	18:C>T		TGCAGGTTTGACTATCAACTTTGTACCTAGTCAGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTACGAGGAATG
AL2239	11:T>C		TGCAGCTACTATGTAGATGAAGTCATAGGATTGTCTTCAAAAAGAAAAAAAATTACAGATCGGAAGAGCG

Ek 1. Devam

AL2240	23:A>G		TGCAGAAAGTGATCGAAGCACTGACAACATAACACGAAATAACTTTGTGACATAAGATTTACATAAGAT
AL2241	65:C>G		TGCAGTTAGATGAGCCTTTACACAAAATTTGATGATCATATGTGTTTCGTAAGTTATTCGAGTTTACAGA
AL2242	63:A>T		TGCAGCTGCATCCAAGAGCCTTGTTCCTTTCTACTAAAAAAATTACATATTAGTAAAATTGCAATTTG
AL2243	15:A>C		TGCAGTTGTTAAACTAAAATACTATATTGTATTTTCTATAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL2244	31:A>C		TGCAGTTTTTGTCTACTTGGAGTGAATAAAAGTTTAGGGTGAGCAAAGGGTGAAGGTCTTTTTTTTTC
AL2245	14:G>A		TGCAGAATATATTGGAAGGTTACAGGATTTGCTACATGAGATATAATAGTATGGTATTTGAGATTTTG
AL2246	44:T>A		TGCAGCACATTTTAACCTCTAGTATTTGTCTCTCCGTTTGTGTTCCCAAAAATGCAACACTTCAACAT
AL2247	35:T>G		TGCAGAGCTTATTGTAGATGAAGTCGTATTTGTTTGTTCATCTAGCCGTTCTTTCTATTATGTTATGT
AL2248	20:C>T		TGCAGTTCAGTCCGGCACATCTCCGATAGCTTCCAGCCTGCCCGATGGTATGGTTGATAGCAGATTTCT
AL2249	32:C>T		TGCAGTAAAAATATGATTTTGGACTAAAAAGACTGGCTTGAAGAAAAACATCCTAATGCTCTAGTTTCT
AL2250	17:G>A		TGCAGAAGTACAAAGAAGAAGATACTAGAAATGAGAGATCTCTTCATTCTTTTCTTCTGTTGATTTTCT
AL2251	50:T>C		TGCAGCATGGAGAAGAAAATGAGTTGATTTTAGCTTGAAATTTCCCTTTTTATTAGTTTATTACAAA
AL2252	25:A>G		TGCAGTATGTTTCTGAAAAAAAAAAGAAAAAAAAATAATTAGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL2253	31:T>C		TGCAGATCCACCATGACAAGGATCTTTGGGGTGTGACGCACGGGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2254	50:C>T		TGCAGTGCCTTGCCGCTCTCCCTCCTCGCGTTTCGACCGCTTCCCTGTCTTTTCTTCTCCGTTACA
AL2255	40:A>C		TGCAGCATTTGGGCTCCACCCCACTTGCATCCTCTCCAAAACCCACTTTGTTTACAATTGACTTTTCAT
AL2256	25:C>G		TGCAGGTTGTTTGAAGTGTGATTGCCCTGGTCCAAAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL2257	36:A>G		TGCAGAGGTGCCCAAGCCGGGAGCCTGGAAGAAGTAAAGAATCTGTTGAAAGGAGCAGGGCAAGAGCAA
AL2258	58:G>C		TGCAGCTAAAAGGAAAATATAAAAAACTCTTACAAAACAAACCCAAAATTTACCTGTGAACCTCTTCC
AL2259	7:G>A		TGCAGACGCTTTTTTACATGGTTTTGGTAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2260	31:C>T		TGCAGTCCTGGAGATCTGTGAATGCCATAGCCTTTCTGCTCCACCCAGAGTATAAGTGGGTTACAGA
AL2261	25:T>A		TGCAGCGTTTTTCATAGTTTGAATAATTCATAAACATAGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2262	25:G>T		TGCAGCAGTTTTCTGGTGTCAACCCGGATTTTGATTTCTCTGTTGATGAGTACCTTTTGGATTATGAGT
AL2263	12:C>G		TGCAGTTGAAGGCGTAGGGACAGGGGTTGTCCAGAGATTGAACCCGAGACGGGTATAAGCTCAAAACAT
AL2264	15:T>A		TGCAGTTGAACCCATTTGGAGCCTTTAGCAAGATAAAAATAAAAATAAAAATACAACAATAGGTCAATTTT
AL2265	19:C>T		TGCAGCACAAGATGCCGACCGAAGACAATAATAACAAGACAGGTTTAGTCTCTGATACTGAAAAGTTTA
AL2266	19:G>A		TGCAGATCCACCATGACAAGGATCTTTGGGGTGTGACGCACGGGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2267	67:T>C		TGCAGTTTGATCCTTATTGAGCGACGTAGTTTTAGAGGGTAGGGATTATTTCTTTTCCGTTCCCTCTT
AL2268	16:A>T		TGCAGTTGAAATGCACAGTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2269	5:T>A		TGCAGTGGTCAACGGTTGTGGAAGTGCAGGTACCTTTTATATAATGAAAATCTGGGGATATATGTCCAA
AL2270	25:C>A		TGCAGTGAAGCAAATGTTTGGTTGGCATGAATCTCATTCCTCCCTTATTACATGCAAGGCTGTAATAGC
AL2271	11:T>C		TGCAGAATCATTGAAGCATTAGAAAATTTCAAAACCTTTTTTTCAATATATCTTCTTACAGATCGGAAG
AL2272	56:C>A		TGCAGCCACAGTCAGTAGACGTTTTCAAGTGGGATATCTCTTACGAGCCCAATCACGAAGAAACCAAT
AL2273	47:A>T		TGCAGCTGTAAACCAAATCATTGGTTGAGAAAATTTGTTGTATGACTAGAACTTGAGTCTAGGGGAAGC
AL2274	67:A>T		TGCAGTGCACCCGTCTATATATGGATAATTTTTTTTCTCAATGTGTGATTACACAATGCCATTTTTTAG

Ek 1. Devam

AL2275	37:G>T		TGCAGATGCACGCTGTTTCTTCCAAGACGTTAGCAGGGAGCTAAACATTGTCTAGTAGTTAGCTCTGCT
AL2276	52:G>A		TGCAGCCCTGCATGACTAATAGCCAGTTCTTCATTGCTTTTGTCTTTTCAGAAGTGCTTTTGAGAAATTT
AL2277	32:T>C		TGCAGTGAGGGGATAATTGCACGATGGGTCTTTCCCTTTCACACGAGCATTCAATTGCGCCTCGCTTAT
AL2278	54:A>T		TGCAGTTTTTTTATTTGCTGGTGAAC TGGGGCATCTGGGAAGGGATTTTTCGAAAATTTTTACGAGGTT
AL2279	33:C>A		TGCAGTTTAAATGGCCCAGATCCGCACCTTTTTCCCGTAATGGTCTTTTTTCGTAACCAGTCCCTTTC
AL2280	39:G>A		TGCAGTTTAGTCTCCACAATGTCCCCAAGAATCTCGTCCGTAGGAACTTCTTCATTACAGATCGGAAGA
AL2281	18:T>G		TGCAGCATAGGTTGACTTTGAGCTCTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2282	27:G>A		TGCAGATCCACCATGACAAGGATCTTTGGGGTGTGACGCACGGGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2283	15:G>C		TGCAGCCACGCTTTAGCCATTGATTCCGTCTGAATTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL2284	24:T>A		TGCAGTTGTGTTCTTACTTCTAAATTTTTCTGCATTTTGAGTTTTTGTCTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL2285	55:G>T		TGCAGAGAAAACAAAGGAAAAGGCTTAGTTTTTTTAGAAAACCAACAGTAAAAAATGATTTCAAAGACAA
AL2286	45:C>A		TGCAGTAGGAAGTCTATCCCGATAAATAAAAACGATCAAAACATACTACGATGAATGTA AAAAATCAA
AL2287	22:C>A		TGCAGCATGAAGCATGCATAACCGAAATTGCCATTGGTTTATACGTATGGAGTCTCCAATAAGCATTAT
AL2288	16:A>C		TGCAGATTTGGTATGCAATTGACCGAACTCTTCAATTTCTAACATGATTGTACTTTACAGATCGGAAGA
AL2289	57:C>T		TGCAGCAGGCGGAATGGTTCGCGCCTTCGGGTTTGGCTCGACCCGGTTTTGACCCGACTGAATTTTACA
AL2290	44:G>A		TGCAGGCAAGGCTGACGTGGGAGCCGTGGGTGCGAGGGAGTCGGGGGCTCGAGGCGTGTGGACGTGAG
AL2291	50:T>C		TGCAGTTGTTGGTTCGGAAATTTGCACGTGCCTCAGCAATTGCAGCAACAGTAGCATCTTTTAGCCCTG
AL2292	10:C>T		TGCAGATCCCCTTGGCAGAGATAATCTACGAGGACTTCCAAAGTATGGAGAGGAGAACCCTCAGGCGAG
AL2293	19:A>G		TGCAGTATAGTAGTAGTAGACTTGTTCTGTTTTTGGGGGCGAGTGTGAGATGCACACATTTGATTCAAC
AL2294	68:G>A		TGCAGAAAATCAATGACATATGGGAAAGCTTGGTAACACTATCACATGGAAGGGAAGAATATATATATG
AL2295	12:C>A		TGCAGGTGAAAACGTTGGTGTGGGTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2296	21:C>T		TGCAGGTGCGGAGTAAACAAGCATGGCGGTGATAAATGTGAACATGATCGCAGGGTTGGTTTCAAAGG
AL2297	47:A>T		TGCAGATTTACAGTTCCTTTTTTATTTTTCTTTTTGGATTTCATATTTTTTATAACATATATATAT
AL2298	31:C>G		TGCAGCAACCGCGACCTACCGTTTACTGTCTACCGTTACCATTGAAAAGCTTCGGTTCGAGCTCCAT
AL2299	47:A>C		TGCAGCTTTGTAAGAGCAAAGTCCCTCATGTGTTTGCATTGCCGGCAAGTAGCTTTAGGCTTTGATGC
AL2300	8:A>G		TGCAGTCTAATAGTTCAGCCCTTCTTCACTAAAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC
AL2301	58:G>C		TGCAGCGAGTAAAGA AACTGTTTTTACACATTATGGAAGTTATATAATCCGTTTTCGTTTTCTAAGG
AL2302	44:A>G		TGCAGACAAATTGTAGAAGGTGGAATTGAGAAATTTTTTAGGGATCAA AATTACAGATCGGAAGAGCG
AL2303	30:G>A		TGCAGGTTTTTGGTAGTCATCGACAGGAATGCGCTGTTCTTGATTGGAATAGAGATAGGATTACAGATC
AL2304	14:G>A		TGCAGAAATCTTTGGAAAAAAAATTGAGAGAAAATACGAAAAGGGAAAGCATCCACAACTAGCAAAA
AL2305	5:G>C		TGCAGGTGCGGAGTAAACAAGCATGGCGGTGATAAATGTGAACATGATCGCAGGGTTGGTTTCAAAGG
AL2306	22:T>G		TGCAGCATTGCCGCAACATCACTACTAGTAATTGCATGTTAGGAGGAAATAATTATTGTGACTCTTCAA
AL2307	34:C>T		TGCAGAAAACAAATTTTCAATTAGACATGAGTACATTTTTAGAAGATAAAAAGGATATTGCACAGACA
AL2308	14:C>T		TGCAGCAATCTTTACTTGTATTCTTTTAGAGAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL2309	22:T>A		TGCAGCTCCACGAAATTTCTCATTATATTTCCCCCATTTGAAGGAAGCTGCTATTATATCCATGCATGTCA

Ek 1. Devam

AL2310	16:G>C			TGCAGTAATATTAACAGTGTCAATTTATATATAATATATCTAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCA
AL2311	43:A>G			TGCAGCATGCAATTCGTAATTCCTTTGAACTCTGAAAATTCTGAAAAAAAAAATTACAGATCGGAAGA
AL2312	62:C>T			TGCAGCATTGCTGGGTGGTTGATTTTGTACAGTAGTTTGCAGCAAGAGGCCTTGCAGAAGGTACGGACTC
AL2313	20:G>A			TGCAGCAACTTAAAGCACTCGTAAGTAAGTGATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCG
AL2314	32:A>T			TGCAGTAAAAATTCAGCTAAGTTATTGGAATAATCAAATGACATTTATGTCTCATTGTTTGGTTATTTT
AL2315	47:G>A			TGCAGCAATGACATGAAATTGAAAAAATCACTAAAAATAGTATAAATGGAACATAAATAATGAGTAAGTT
AL2316	24:G>A			TGCAGATGTGACAAGTGCTTAGATGTGTACAAGCAGAAACATATCCGTTATCTACTTGACAAGGAAGAT
AL2317	8:T>C			TGCAGTAATTTACCTAAAAAATTGTCATTTCTAAATCATTTTCATCAGGTTTGTAAAGAAAAATTTATG
AL2318	17:C>T			TGCAGATTTTTTGGCAACGTAGCATTGAGCTTCTTCTTCTTGATGCCATTTTATTTTCATCTTATGG
AL2319	16:T>C			TGCAGCAGTAACGTGATTTTGGAAAATCACCATAAATTGTGGGAGATGAATTAGAAGCTGAATAAATTA
AL2320	26:T>A			TGCAGCCATCCCTTCTATAAAACATTTTTCTATTTTTTTTATATATTATTTACGGATCAATGTATAAT
AL2321	15:G>A			TGCAGATATATGACTGTGAAATGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCT
AL2322	11:T>G			TGCAGCGTTTTTCATAGTTTGAAAATTTCAATAAACATAGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAG
AL2323	23:T>A			TGCAGTGAGGCCCCCTCCATCATTTTTGAAATTATTAGTAAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCA
AL2324	32:G>A			TGCAGTTTGCACCAACAAAAATATCATCACATGTTTTTCTATTATGAAAAAAGTATTTTTGAATTGATA
AL2325	27:T>C			TGCAGATTGGAGTTGCTGGTGTCCAGTAGATAAGGATGTAAAGCAAACAGCAACCATAGAAGATGAAT
AL2326	13:C>T			TGCAGTGGAAAAACACTTCTGCCGTGTA AAAACACTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATG
AL2327	22:T>G			TGCAGACATGGTGGAGAAAAAATTGAGATAGGCTTTCCTGTCTGAAAACACTGATCTTATTGGTCTTATTT
AL2328	22:A>G			TGCAGTAACCCAAAACACTGCCAAAGCCATATTTATTCATTCACCACTATTATTCACTAAATCCATACAAA
AL2329	51:C>A			TGCAGAGGCGAATATAAGGGGGGTTGGCAATGGAAAATTTCTATTTAGGCTCTTGAATTTTTTTTTTACA
AL2330	20:T>A			TGCAGTTCGTGCACGCAAGGTTTGGATTTTTGCTGCATGCGTGGGGAGGAATTGGGGTCTGACCAGGAC
AL2331	67:C>A			TGCAGGTATGGGACAAAATTTATGGATGAATATCAAGCTATAATTACCCAAAAGCTTGGCCTCCAAACG
AL2332	6:T>A			TGCAGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGCCGTCTTCTGC
AL2333	23:T>C			TGCAGCACAACCAAGTTATACACTGTCTCATTCTTCAGTTACACGGTTCTCTTGAAACGACAATGTCTCC
AL2334	18:C>T			TGCAGCTCCAACCCACAGACCTCCGTCGCCCTTGCGCCACACCTGTGCTACTGGCCACTGTACCATGCT
AL2335	32:T>C			TGCAGTCCCGACCTGTTTTGGTTTTCCATAGTTTCTTCTTCAATCAAGACGAAGAGATATGGGCA
AL2336	43:G>T			TGCAGATTTTTGAGCTTTCAAACCTCAATATTTGATGATAATTGCGGTGAAGAAAGAAGATGGAGAAGA
AL2337	11:A>T			TGCAGGATACTAAAAAGAATCATCTGGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2338	13:C>T			TGCAGTTCGTGCACGCAAGGTTTGGATTTTTGCTGCATGCGTGGGGAGGAATTGGGGTCTGACCAGGAC
AL2339	25:A>T			TGCAGTATTATTTTATTTATTTATTTTCTCATATCACACATATATACAATTTTTTTTTTACAGATCG
AL2340	10:G>C			TGCAGTAACTGTGTTTATCCTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2341	36:A>G			TGCAGAGTGC GCGATTCTGTGCATTTCCGATATTTTTAGGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGA
AL2342	8:C>T			TGCAGTTTCAATGACTTGATATGCAATTTACCATTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATG
AL2343	16:C>A			TGCAGAAAATCAATGACATATGGGAAAAGCTTGGTAACACTATCATATGGAAAGGAAGAATATATATATG
AL2344	26:A>C			TGCAGGGGATTAGCACGCCAAGGGAAATGGATGGAAAGTTGACAACCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA

Ek 1. Devam

AL2345	8:G>C		TGCAGGCCGCTAATAAGAAGGGTTTGGGTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2346	10:C>T		TGCAGATCCCCTGGTTTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATG
AL2347	20:G>T		TGCAGTGAGAGCTAATTTTAGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2348	14:T>A		TGCAGGCTGAAAATAAGAATGGAAATAAGAAAAGTAACAAAATAAGAAACCTGCAAAGGAAAAAAG
AL2349	5:C>A		TGCAGCCAATTTTTTCAGGAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2350	44:A>G		TGCAGCTGAATCCTCCAGCCTGTTTTACAGATATCAGTGTGGCTAAAATAAGTTTTCACTGCACTGTGC
AL2351	18:G>C		TGCAGAGTCGTTATACTGGAGTTTGAAGCTGTCTACTGATCAGAAGATTCACCACTAAGTCCCAAATCT
AL2352	68:C>A		TGCAGTGGATAGGGGCAAGTGAACACCCCGAACCCGAAACCGACACCGGAGTCAACACGAGGTGTTAC
AL2353	5:T>C		TGCAGTTACGGAACCTCAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTA
AL2354	42:A>T		TGCAGCAACACTGATGCGAGTTTGAATAATTTACTAAAAATCAAAGAAATTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2355	17:A>G		TGCAGGTTGAATGTGCCAAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2356	64:T>A		TGCAGAACAAATGATGCTGAAAAAAGAAAACGAAACAGAAATTATTGAAAATGTAAAAAATGATA
AL2357	5:T>C		TGCAGTAGCAGGACGCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGC
AL2358	6:C>T		TGCAGTCTAAAGCTCATCTTTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2359	11:G>T		TGCAGATTTTTGAGCTTTCAAACCTCAATATTTGGTGATAATTTTGGTGAAGAAAGAAGATGGAGAATA
AL2360	27:A>C		TGCAGAGGCAGAGTTACTGTTACCTTATTTTTGTAAACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL2361	19:G>A		TGCAGAGATATGGTATTCTGGACCGAAATAGAAGTGTGGTGGTAGCATGGATAGGGTTGTTTTGGTGCAC
AL2362	6:T>C		TGCAGGTTTTATGCGAGAATATTATCACTGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2363	8:G>A		TGCAGCACGCCTTACCATAGAGTGTTGAACAATCTTCTTCGTATCCAATTCTGCTTTGATTGGAACAA
AL2364	45:A>G		TGCAGATCCAATCTAGGGTTAGCTAGATTTATAGTGGGGAAGTGCAGACTTTTTTCAGATTTGCGGATTT
AL2365	15:G>A		TGCAGACAATTTTTTCGGGAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2366	7:G>C		TGCAGCGGCAAGCGAATGGGGCTAGGGTTAGGGTTTCCAAGAACTTTCAAAGGATTGGGCCTATCGGGC
AL2367	15:G>A		TGCAGTGCCTCTCCGATTGTATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2368	65:T>A		TGCAGGAAATCTATTCTTTTGGTATGCTAATTTCTTTTGTATAGAAATAATAATAATAAATTACA
AL2369	28:T>C		TGCAGCTTTTTGAGCTTTCAAACCTCAATATTTGATGATAATTTTCGATGAAGAAAGAAGATAGAGATGA
AL2370	9:C>T		TGCAGGTTGCCATTCCCAATTTGGAGTATCTGACTTTGTCTCCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL2371	26:A>C		TGCAGACAAAAGTGGCCGCCAGTTATTGTCTCTGTGATTTTGTCCATCTATATATTTGGATAAAAT
AL2372	30:G>A		TGCAGTTGTTTGTGACAAAAAATCAATGAAACAAAATATTTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL2373	15:A>G		TGCAGTCTTTCTGTTATAACATTGCTCTTTAGTTTGTCCATTTTATTATTTTGTGTTACAGATCGGA
AL2374	32:C>A		TGCAGTGACGTGGATGTGAAAAATCACTAAAACACTAGTAGGAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2375	32:G>A		TGCAGCTCCTTTATCCCAGGAAAGGAAGAGAGGATTGCAATAAGATCATCACCATATCCGATAGAATCT
AL2376	17:G>C		TGCAGTTAGTAAAAACAGTAAATGTCTGGGGTTGTCTGGCAGGTTGCATCCGTAGAATAGGGTGAGGTTCC
AL2377	10:T>C		TGCAGGTAAGTGATCTTGTTCGCCATTTCTCTCAAATCTCTCTCGCGTTCAATTTTTGAAAAGGTTTTG
AL2378	41:C>G		TGCAGCCATTTTTTCAAAGATAATGTGTCATGATCAGTTGCCTGCTGATGCTGTGGGCAGTCTTGCAT
AL2379	29:T>C		TGCAGTACCAACAAAAACAGTGGAAACAGTTGCATAAGATGTCTAGACCATTACAGATCGGAAGAGCGG

Ek 1. Devam

AL2380	6:T>A		TGCAGGTCGAGTACCGTGGATCGTTCGACGGATAAAATCGTTGGAACCTCTGGTTACAGATCGGAAGAGCG
AL2381	37:A>C		TGCAGTTGCACTCCATTCCAGGGCCTTTCCATTATTTATTTTCCATTTTTTTCCTAATTTTTTTTCTT
AL2382	20:T>G		TGCAGAGAGGTGTTTTGGACTAGCGGCGCCTTGAACATGAATGATCAATGCTTCAAAAACATTGTATGG
AL2383	27:T>C		TGCAGAAAATATCACAAAAAGCCACACTAGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL2384	6:A>G		TGCAGCATCTAGTTGTAAGTACTGAGTTTCAATAAAAACACTTGCAGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL2385	16:A>G		TGCAGTTGCTGTAGCAAGTAATCCAGTCTACATTCAAAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL2386	30:T>G		TGCAGCAGGCAATCCCCATATTTCCCGCAGTACGGTGAAGTGAGATGGGCATATGGTTTACAGATCGG
AL2387	18:C>T		TGCAGCCATGGGCAAAGGCAAGTCATAAAGAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGA
AL2388	27:C>G		TGCAGTATCCATTGTGAAACTAGCAGCCCAATAGAGAAAGGGATAAAGATGAACACCCAAAACACTAGTTT
AL2389	22:T>C		TGCAGGCTGTGAAAAGAACAATGTGAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2390	5:C>T		TGCAGCAATCTTTACTTGTATTCTTTTAGAGAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL2391	19:A>T		TGCAGCAATCTTTACTTGTATTCTTTTAGAGAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL2392	16:T>C		TGCAGTTTTAGTCTCATCATATCAGATGCATATTGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL2393	11:A>G		TGCAGATCAGCAGTTAGGAGTTTGAATGAAATTCAACTTTGAATTTGGCCAGGAATTAGGGAGCTAAG
AL2394	13:A>G		TGCAGGTGCCAAGAGCTCATGTCAAGCAGCATGAACCTCAACACAACCTGATCGGATGTAACCTTCTCTTT
AL2395	5:A>C		TGCAGAGTACCCTTTGTTAGACATCGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2396	27:A>G		TGCAGAGTATAGAGAAAAGAAAGAGACAACATATAATATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL2397	19:T>C		TGCAGTATTCAAACTGAAGTCAAACAACGCTTCAACTTTCAAACATATAAAAAAACCAGAATAAATACA
AL2398	23:T>C		TGCAGAGAAAATGAATAAATAAATAAATAAAGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL2399	39:T>C		TGCAGAAGTGGCCCCATTGAGAGTAGGACAAACAGTAATAACGTCAAGTCCAGACCTTTTTGCAAACCT
AL2400	42:T>G		TGCAGTGATGTAGATTTGGAAAATCACTAAAAATAGTAGGAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2401	15:C>A		TGCAGTTGGAGTGTCAAAATAAAATGTTCCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2402	43:C>T		TGCAGTCTTTCTGTTATAACATTCCCTCTTATGTTTATGCTTTTCTATTATTTTGTATGTTACAGATCGGA
AL2403	24:T>C		TGCAGCAAAGGAGCTGGAGGTGAATCCTATGAGTATGCAGGCTGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCA
AL2404	9:T>A		TGCAGTGAATCAAATGCAAATTTATGGACTGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL2405	13:A>C		TGCAGATTTTTTGAATGAGAAATCAATTCAGGTATGTAGTATTTGTTATTATCAAATCATGTATCTCTT
AL2406	9:A>G		TGCAGTTGCAGCCATTTTGAAGAAGTGAGTATATTTTTCATGCATGGTTATGTAGAATGGGAATTCTTC
AL2407	22:A>C		TGCAGTTTGGAAATCAGGGCAACAATCATTTCCTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL2408	14:C>T		TGCAGACTAAAATGCAAACACACACGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2409	12:C>T		TGCAGACTAAAACGTA AACACACACGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2410	20:T>C		TGCAGTGTCTTCTAGGACTTTCATCTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2411	8:A>C		TGCAGTGGACTCGCATATTCCTGTGGACTATGGGCACCAAGAAGCTGCTGCCAAGTTTGGAAAAGACC
AL2412	5:T>A		TGCAGTCAACACTATGAAATGTTTCATGAAGAAAAAATCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2413	7:C>T		TGCAGAACCAAAAAACCATTTGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2414	38:A>G		TGCAGTGACGTGGATGTGAAAAATCACTAAAAATAGTAAGAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC

Ek 1. Devam

AL2415	8:A>T		TGCAGATTAGGTGTTGTAGGGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2416	7:A>T		TGCAGAAAACCTGGGTTTAGGGTCTAATTTTTTCTCTATTTGATCTATGTTGGAGGAATATTCTCTTTA
AL2417	46:C>T		TGCAGTTTCGGTCTATATCTTGCATTTTTTTGGGCACGGTTGCTAACCATAAGGGTTATAAGTGTCTTG
AL2418	17:T>A		TGCAGCCTGTTGAAAAGTCACACCGTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGA
AL2419	9:A>G		TGCAGCACAACCCAGCAGAATTATCAAACCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2420	15:C>T		TGCAGCAGCATTGGGCTTTACAAGGTGAAAACCCACATTGCACAAAAATATCAAAGTTTCAGATCTATC
AL2421	11:A>G		TGCAGAAAACCCATTGCAATCCGCATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2422	54:G>T		TGCAGATTTTTTGTGTTTTATTTTCTTCTCTGCTCTGGATTCTTTCTTTTTTTGAAGATTTTGAGGGT
AL2423	54:C>T		TGCAGCAATTAGATCAGAATACAGAAGTTACAGTAAAAACCAATCAACAAACGATCAAAAACCTAT
AL2424	12:T>G		TGCAGGTAATAATTGCATACATCAATGGTCTGGTGCAGTGAAGGCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL2425	25:T>C		TGCAGTTCCAAGGATGAAGCATAACTAGCTTCTACCATTGGATCGTGCCATTTTACTCTCCTTTCCA
AL2426	55:G>C		TGCAGCTTTTTACTATACTAGTTCATATATGTAGCAAGTGTAGTTAGCTGGATGTGTTCAATTTTTAGT
AL2427	40:C>T		TGCAGCTTTTTACTATACTAGTTCATATATGTAGCAAGTGCAGTTAGCAGGATGTCTTCAATTTTTAGT
AL2428	21:C>G		TGCAGTATCAAATTTTGGATCCAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATC
AL2429	51:C>T		TGCAGAACAGAGAGCGGTTTCATTGAACAAGGGGATGCAATAACAGTTGAATCAGAAGTTAGTCTAAAAT
AL2430	12:C>T		TGCAGAAAACCTGTCGGTTGCATTTCTCGTGTGCGCCCAAATCATAAGTCCGATATCTCTTTTCAGTCAA
AL2431	25:G>T		TGCAGAAAACAAGGGAATAGTGTAGGAGAAGAAAAAGAGTTCTTCAAAAATAAAAAGAAGAAAAAAGAAA
AL2432	27:T>G		TGCAGGCTGCTCTGGCCTTGAAGGAGGTTAGGGGTAGCACTGCTGAAAGAATAGTGAGGGAGAGGGGTG
AL2433	6:T>A		TGCAGGTGTGCCGGCTCCTGCTGCACCCTTACAGAGCAATCAAGGGGAGAGGTGTAAGAATAATGGGAGC
AL2434	18:A>T		TGCAGATTTGGTATGCCAATGACCAAACTCTTCAATTTCTAACATGATTATACTTTACAGATCGGAAGA
AL2435	8:T>C		TGCAGACCTGTCCGCAGTTTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2436	10:G>A		TGCAGCAACAGGAAGTGCATTCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2437	24:T>C		TGCAGCTCCGTTGCCAACCTTTTTGAGCACATTGCCGGTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL2438	24:G>A		TGCAGTTCGCGCACGCAAGGTTTGGACTTTTGTGTCACGTGGGGAAGGTATTTGAACTGGACCGAAACA
AL2439	22:T>G		TGCAGCTGGATGTTTCTGTTTGTATGTTTCTCATGTAATCATCATTTTATTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2440	63:A>G		TGCAGCAGTAAGGTGATTTTGGAAAATCGCCATAATTTGTAGGAGTTGAATTAGAAGCTGAGTAAATTA
AL2441	24:C>T		TGCAGAAAACCTTTCCAAATCAATCTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2442	42:A>C		TGCAGCATTGGGGCTCCACCCCACTTGCATCCTCTCCAAACCACACTTTGTTTTCAATCGATTTTTCAT
AL2443	20:C>T		TGCAGAAATAATTTAGAAAACCTACTGTATACAATACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL2444	37:T>C		TGCAGCAACAATTTACAAGTCAGAAACCAAAACAGAGTAACTGAAAGAACAAAAATCGATTTACAATA
AL2445	35:G>A		TGCAGTGATGTAGATTTGGAAAATCACTAAAAATAGTAGGAAGGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2446	8:G>A		TGCAGACCGAAAACCTTGCATTTTTTTTTGGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2447	24:A>T		TGCAGATTTCTGAGATCATACAATATCAATTTTTTTTATTCGTGACGGAGTCCCAACGTCTCCCTTACAA
AL2448	6:T>C		TGCAGCTTTTTGGGTAAGAAAGCACTAATGTAGTGAGTAAATGTTGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2449	20:G>C		TGCAGTGATTATATTTTGGAGTTAGAGTTTTACATACGGTGACAGGATATAATTTTCTTACAGATCGG

Ek 1. Devam

AL2450	27:A>G		TGCAGGCTGCAAAATAAGAATGGAAATAAGAAAAGTAACAAAATAAGAAACCTGCAAAAGGAAAAAAG
AL2451	40:G>A		TGCAGCAAAACAGCAGTGAGCTAGGGACTTGCTTAGAAAATGGGAATAAAGGGAGGAAGGAAGCAGCAGG
AL2452	8:T>G		TGCAGATGTAGAACCCTAATCGTTTTTGAATGCTGTCTACGTCCATCAACCAACCGAAAATGTCTACT
AL2453	16:G>T		TGCAGGAGAAAAAATGGTAGATTAGAACCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2454	5:T>C		TGCAGTAACAATTTACAAGTCAGAAACCAAAACAGAGTAAACTGAAAGAATAAATATCGATTTACAATA
AL2455	5:C>G		TGCAGCAAAGGAGTTGGCACCAAAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2456	13:T>C		TGCAGGAAGTCAATTCCAGCCTAAAGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2457	16:A>T		TGCAGCAAATGAAATCAGCAAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2458	6:G>A		TGCAGTGTGAGTAAATACAAAAAATATGACCCATGAATTCCTAAATTTGTGTCATCACATTACAGATCG
AL2459	45:C>A		TGCAGATGTGACAAGTGCTTAGATGTGTACAAGCAGAAACATATCCGTTATCTACTTGACAAGGAAGAT
AL2460	7:C>T		TGCAGGTCAGCATGTCTTTTGTGTTTTGACGTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL2461	14:T>C		TGCAGTTCACCGTCTTCATCTCCTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATC
AL2462	37:C>A		TGCAGTTTATTTTGTGTTCTTTTTGTGCTTTTAGTCCATGTAACCTATTTTAGTTTCAATTTGAACTAT
AL2463	58:C>T		TGCAGATGGACTGGAGGGCCAAGACATGAAGGCCACAGAAAACCAATTCGCAAGGATCAATGGCAGTC
AL2464	6:T>C		TGCAGATTTGAGGCAGTGAGCAATTACAGCTTTGTTTTCTAAGTTAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2465	9:C>A		TGCAGTATTCTGTTTATGGCAAATTTTCATCCCTTTATGAGTTTTTGCACCTAAGTATCTTACAGATCG
AL2466	68:C>A		TGCAGAAAATACAAAGAAATAAGAAAAGAAAAATACTAAGCTAGGGTTCGACCTTGTCTTCTTGATTAC
AL2467	68:A>G		TGCAGTGCCTTGCCGCTCTCCCTCCTCGCGTTTCGACCGCTTCTTGTCTTTTCTCTTCCGTTACA
AL2468	43:C>A		TGCAGGTTTGAATGAGAAATCCAATGTCCTATTAGGTAGTTACTGACATGATAAGTAAAAAAAAGGT
AL2469	30:G>A		TGCAGCAAAACAAAGTGGATCCAAACTCCAGAAATTCAGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2470	38:C>G		TGCAGAAGAATATTCCTTTTATTTGGGATGATCAGTGTGAGAAAAGTTTTGAAACATTGAAGCGAATGT
AL2471	14:C>T		TGCAGTTTGAGGATCGTCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTAT
AL2472	7:C>T		TGCAGTCCGTATTATTTATATGAGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2473	55:A>T		TGCAGATTTACAGTTCCTTTTTTATTTTTCTCTTTTTGGATTTCATATTTTTTTATAACATATATATT
AL2474	64:A>G		TGCAGATTTTTTGTTPATTTTTCTTCTCTGCTCTGGATTCTTTCTTTTTTTGAGATTTGAGGGT
AL2475	24:A>C		TGCAGTGATGTGAATTTGAAAAATACTAAAAATAGTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2476	26:G>A		TGCAGCCTCGCTTCCAACCGCATCTCGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2477	19:A>G		TGCAGGAGGGGGACTGTGCAGGCAGCCCATTTCGTGCCTACCTGTCAGGCTCGATTACAGATCGGAAGAG
AL2478	39:G>A		TGCAGTGGTGAACCTTTGGAAATTCACCATAAATTTTTGGAATTGAATTAGGGGCTGAATAAAATATGA
AL2479	34:A>T		TGCAGTTGTCTGTTCTACCCGACAATGTGTTAGTAGCTGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL2480	45:T>C		TGCAGTATCCTGTTTATGGCAAATTTTCATCCTTTTGTGATGAGTTTTATACACTAAGTATCTTATTACA
AL2481	12:G>T		TGCAGAAGAATGGTCTTTTATTTGGGATGATTAGTGTGAGAAAAGTTTTGAAACATTGAAGCAAATGT
AL2482	23:T>C		TGCAGTCTGGTGGTAACTCTAGTTGATAAGCCAGTGGTCCAACCCACTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2483	5:A>C		TGCAGAAGTGATGTGGATGTGAAAAATCACTAAAAATATTAGGAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGG
AL2484	8:C>A		TGCAGCAACACTGACGCGAGTTTAAAAATTTACTAAAAATCATAGCAATTGAATTTGGTGATGGATTAC



Ek 1. Devam

AL2485	68:C>A		TGCAGGATTGTAAGTTTTGATAATATCTATAATAAGTCTTCAATCTTCAGAATATGCTTCAAAGTTTAC
AL2486	5:T>G		TGCAGTAAAAATATGATTTTGGACTAAAAAGATTGGCTTGAAGAAAAACATCCTAATGCTCTAGTTTCT
AL2487	16:T>C		TGCAGTACGTGCAAATTTGTGCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2488	29:A>G		TGCAGATTGAACATGTTGGAGTTACTACTACATGTGCTTATGTTACTCTTAGACATAGATTTGTTCTTT
AL2489	21:A>C		TGCAGGTCCCCTTTTTCTCCACATGCACTAATAGGTCCTCATGCATTGACCTATCACATTTTACAGAT
AL2490	17:G>A		TGCAGAAGGGGAAAAGGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTAT
AL2491	6:T>C		TGCAGATAAGACAAAGCATGTATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2492	51:T>C		TGCAGATTTTTTGGCAATGTAGCATTGAGCTTCTTCTTCTTGATGCCATTTTTATTTTCATCTTATGG
AL2493	7:C>A		TGCAGTTCCTGGAACAATGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTA
AL2494	9:A>T		TGCAGTTTAATACTTTAGATTACCAAATATACAAACCCAACCTATCTTACGAGCATTTCGCACACTCGCAA
AL2495	11:G>C		TGCAGCCTTGGGGTGAGTGCATGTTTCATCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGAC
AL2496	29:A>G		TGCAGTGATGTGAATTTGAAAAATAACTAAAAATAGTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2497	46:A>G		TGCAGTTGAAGAGAAGACAAAATTC AATGCTTGCTGGGTCTGAGACACTGAAATATTTTTGACTTACAG
AL2498	55:C>T		TGCAGCTTATCCCCCTCTCTTCCCCCAAAAAAAAAAAGGAGAGAGATGTCCCGCCCCTTCTTTATGC
AL2499	36:G>A		TGCAGTTGACTAATGTCAAAGTGTTCATGGTTCGCGGTTATGGGTCAAATCTGTGATCAATGCACACG
AL2500	44:A>G		TGCAGCAATGAAATGAATTTGAAAAATCACTAAAAATAGTATAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGG
AL2501	26:C>T		TGCAGGCTGTCTTCTGAGCAATAGTCAGTAAATCATTTATAACTGGATCTAAGAAACTCCAAATCAAG
AL2502	67:G>T		TGCAGTATGCTATCCTCGCAGTGAATGCCCTTAGAACCTACAAAAACATGGGAAGGCATAGTTACAGA
AL2503	24:T>C		TGCAGATCTAACAATAATTCATGGTACATTCATATTTTCAATTTTCGTTTACGAAACTCAAACATAAGGCA
AL2504	14:G>A		TGCAGGAGGAGTCGGCTGAGTGGTGGACTGCTGCTCAGCAGTGGAGAGCTTGAATTACAGATCGGAAGA
AL2505	22:A>G		TGCAGTGCTCGTGAGGTGATCCAAGATGGGATGGTGTGGCGGGTGGGGATGGTGCCTGCATTACAGAT
AL2506	15:G>A		TGCAGTCTTGCATGTGCTGCTACAGTATAACTAGTTACAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL2507	43:T>C		TGCAGTAGTGTAACTTTTGAAATTCACCATAAATTTGTGGAAATTGATTTACGGGCTGAGTAAAATATGA
AL2508	46:G>T		TGCAGTAGTGATATTTTTAAAATTCACTATAAATTTGTGGAAATTTGAGTTAAGGGCTGAATAAAATATGA
AL2509	26:T>C		TGCAGCAACACAAGTTATGTGTACGATAATTATAAATTTGAATCTAATTTATATGTATTGAGAGATGGT
AL2510	68:A>C		TGCAGCCTCTGCTCTCTCCATAGCTCTCTTTCCTTTCTTCATTTCTTTGATCTCCAAAAAAAAAAAAATAA
AL2511	22:T>C		TGCAGATCAGCGGTTAGGTGTTTGAATGAAATTCAACTTTGAAATTTGGAGATTGGAATTTACAGATCG
AL2512	7:A>G		TGCAGTGACCATGACTAACCTGCATATCCAGATCTCAGAACAATTAGTAGTTATCTTGGTTACAGATCG
AL2513	50:T>C		TGCAGTGACCATGACTAACCTGCATATCCAGATCTCAGAACAATTAGTAGTTATCTTGGTTACAGATCG
AL2514	14:T>A		TGCAGTTAGCCAGCTTGTCTAGAAATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGA
AL2515	9:T>C		TGCAGCTAGTGTGGGAAATACGAGATTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2516	13:G>A		TGCAGCTAGTGTGGGAAATACGAGATTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2517	24:C>A		TGCAGTCAACTAGATGTTTGAATCAACAACAGCATGTAGGGATAGATAGATTACGACAGAATTACAGA
AL2518	64:C>A		TGCAGTAGCTCCATCATAGCCTCCGTCATCAAGGACCTATGTATAGGAAGAGAGAAGATTGTTACAGAT
AL2519	51:T>G		TGCAGGCATTGCTAGAGGGAGTGAAGGTAGAGGGCACTACAGATTTTGGTTGTTATTGAACTAGTTAC

Ek 1. Devam

AL2520	32:T>A		TGCAGAAGCATCTTTCATAGACTTTTTTTTTTTTACATTCACAAGTCAATAATTACAGATCGGAAGAGCG
AL2521	20:T>C		TGCAGCAACACTGAAGGGAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2522	35:C>T		TGCAGAAGCAGCTTGCACCTTTCTTTCTTTCTTTTGTGTTTTGTTTTTACAGATCGGAAGAGC
AL2523	36:G>A		TGCAGAATTACCTCTTTTGACCATCCTTCTGTCTAAGATGCGAACTGGCTCTTTTGGTAAGGCACCTTG
AL2524	38:A>T		TGCAGATTTTTGTGTTTTATTTCTTCTTCTGCTCTGGATTCTTTCTTTTTTTGAGATTTTGAGGGT
AL2525	6:A>C		TGCAGAATGCTCTTTCATTTTACTTTTTGTTCCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCC
AL2526	25:C>T		TGCAGCTAAATGAAGTTCTATATTTCTGCTATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL2527	63:G>A		TGCAGGCTATTGAGTTTGTCTAGCTACGGGTATGGCTCTTATGTTTCATGAAATCCGTGTATTCAATTA
AL2528	27:G>A		TGCAGGCTATTGAGTTTGTCTAGCTACGGGTATGGCACTTATGTGCATGAAATCCGTGTATTCAAATCA
AL2529	26:T>C		TGCAGGCTATTGAGTTTGTCTAGCTGTGGGTATGGCACTAATGTGCATGAAATCCGTGTATTCAATCA
AL2530	36:T>C		TGCAGTTGCTATTAGACTGCAAACCTCTCATCAATACTCTCAAACCTATCTAGTGCCGAATACGTTTG
AL2531	67:T>A		TGCAGTTTATGCCATTTGTAATTTTATATGGGTAATACTACTCATGTCACTTTTGTTTATCTTAGGTT
AL2532	9:A>G		TGCAGCAACACTGATGCGAGTTTGAAAAATTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL2533	6:A>T		TGCAGCAGAAGCTTATTCAGATCCTTCAATAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL2534	18:T>A		TGCAGGATTTTTGCATGTTTGAGACTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGAT
AL2535	46:C>G		TGCAGTCAAAATCAATGGATATCATCATTGGAATATATAATAAAACCGACAAAATCAATGGATCATCCA
AL2536	10:A>T		TGCAGTTATGACCATCTGTTTTGAGAACATGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGA
AL2537	47:T>A		TGCAGAAATACCGAAATCTTAGCTGCATCAAGAGCCCAAGGCAGCATCAAATCGTACGCAACGCAACA
AL2538	24:G>C		TGCAGCAGTAAGTTTCCACGTACAGTTTTCTTTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGC
AL2539	22:C>G		TGCAGATACTCAATATCAAAGTCTTACTTGAATCCTAGCATTAGCCGTCCGGTCTTTACAGATCGGAA
AL2540	63:C>A		TGCAGTAGTGTAACTTTTGAAATTCACCATAAATTGTGGAAATGAGTTACGGGCTGAGTAAACTATGA
AL2541	35:G>A		TGCAGACTTACAAAGAGTGATTTCCAAACTGCTCGATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL2542	38:T>G		TGCAGCAGTGATGTGAGATTGAAAAATCACTAAAAATATTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGG
AL2543	13:A>C		TGCAGCAAGCACCCTAATGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTA
AL2544	33:C>T		TGCAGTAGTGTAACTTTTGAAATTCACCATAAACTGTGGAAATGATTTACGGGCTGAGTAAATATGA
AL2545	13:A>T		TGCAGTGATGTGAATTTGAAAAATACTAAAAATAGTAGAAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTC
AL2546	7:G>A		TGCAGTAGCCCAAAATGTCAAGGCTAATTTACTCATTACAAATTATTGTTTACCAAATTACAGATCGG
AL2547	12:G>A		TGCAGATACTTCGACCAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTAT
AL2548	37:T>A		TGCAGTGAAATTATGATTATGTGGTAAACATTGACAATAATTTGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGC
AL2549	28:C>A		TGCAGGTTGTTTGGAAAGTGTGATTGGCCCTGGTCCAAAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL2550	35:C>A		TGCAGATTTAGAATAACATATAAATATTAGATTTACCTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAA
AL2551	18:T>C		TGCAGAAAGCGTTATCAGTATAACCTTATTGTCAAACGAATTCAGATAAGCAGAACCATGTTTACAG
AL2552	26:A>G		TGCAGCGGTAGGAGATGAGCATGGTAATTAGATGTGGGGAATAAAAAGAAGTATTGAGAGATGTAGTGC
AL2553	6:A>G		TGCAGCAACACTGATGTGAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2554	54:G>A		TGCAGGCTGTCTTCTGAGCAATAGTCACTAAATCATTTATAACTGGAGCTACGGAACTCCAAATGAAG

Ek 1. Devam

AL2555	10:C>G		TGCAGAAAACCCCGCCAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTAT
AL2556	65:G>T		TGCAGATGATTAGCTTATGATGACAGTTGATGTTCTATCATTACACAAAGGAATGTGAGATTAAGATC
AL2557	14:G>A		TGCAGTCATTTTCGGTCTAACTTTTCGGTCTGTAGATAGGCATTGCACTGCAAGATAAGCAGCTTTTAC
AL2558	24:T>A		TGCAGTGCCTCATTGTATATTATTTTTATCTATTATTATACATTATAGACTAATTATTTTACTTACAG
AL2559	66:A>G		TGCAGATGTACACACCAAGGGAAAAACCTCGATCCTTAGATAAAAAAAGAAAGGAGAAGAGAAATAATT
AL2560	55:A>C		TGCAGCTCATATGGTCGTTTCGTTTCTCTATATGAAAATAGACTCATCGAGCTTAGATTACATAATTT
AL2561	9:A>G		TGCAGGGAGAAGATTCCAATCGATTGTCGATTTTGATCTTTTTTTTCCCTCATCCCTTACAGATCGGAA
AL2562	32:G>C		TGCAGCAGACCAGCATTCAAGCGGGACCAGAAGCAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL2563	23:T>A		TGCAGTAGTGAACTTTTGAAATTCACCATAAATTGTGGAAATGATTTACGGGCTGAGTAAAATATGA
AL2564	65:C>T		TGCAGACAACAGGTATTCTAGTCGAATTACATTTTTGTCTTTGTTCTTTATGTACAGAACCTTACAGA
AL2565	8:T>C		TGCAGCAGTTGCTGCATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGC
AL2566	9:A>T		TGCAGACCCATCATTTTCACAACATGCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2567	59:G>A		TGCAGCAACACAAGTTATGTGTACGATAATTATAAATTTGAATCTAATTTATATGTATTGAGAGATGGT
AL2568	14:C>T		TGCAGCTTCGCTTCCAACCGCATCTGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2569	9:C>T		TGCAGATTACGTCTTTTTGTTGGCATTTCAGTATTGGGTTCACTACACAAGAAATAAATCAAATACAA
AL2570	68:C>A		TGCAGAAGATCTTTGAGGCAAAATTGCATTGCCTTCATCTTTTTCTTTCCCTTTGGCACTAGACCTTAC
AL2571	28:G>A		TGCAGCTCGTTAGTGGTTGGAAGTGCAGGAAATTATCTGGTACTCGTCGGCTTACAACCTTTACAGATCG
AL2572	10:A>G		TGCAGCTATCAAAATAAAATGAAATCGTTGTTGTTCTTTATATGCCAATTTACCTAATTATTATTCCAT
AL2573	12:T>C		TGCAGCTCCGGTAACAAAGCATTGGACTCAATGCAGTTGTGGCATATGAAGTTGGGACATGCCAGCGA
AL2574	27:C>T		TGCAGGTACATCATACTTGGACATCCTCGGTGCATGAAGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2575	37:A>T		TGCAGATGCATTAATCAAGAATAACAGAAGTACAAAAAGTCTTGCATAATCCATGTAAATCTCAAGAT
AL2576	11:G>A		TGCAGTATTCTGTTTATGGCAAATTTTCATCATTTTTATGAGTTTTTTATGCACTAAATATCTTACAGAT
AL2577	8:A>G		TGCAGATCATTGTAAGCTTATAAGAAATTAATAAGCAACTCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2578	14:C>A		TGCAGTTGTTGCTGCTGCTGTTGCTGTTGATGCTGATGCTGATGTTGAGGCTGTTGAGGTTGCTGCTGT
AL2579	43:G>A		TGCAGAATAAGACAAAAAGAAAGCAAACTAAGACAGAGGCAGACGGTAGGAAGCAATGGCAAGAAAT
AL2580	11:T>C		TGCAGTATGTTTCTGAAAAAAAAAAGAAAAAAAAATAATTAGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL2581	20:A>G		TGCAGCCTGCTGGAGAAAACAGCAATGGAAGTACAGAGAGAACTGTACAGATACGTGTGCATGATCA
AL2582	67:A>T		TGCAGTAGCTCCATCATAGCCTCCGTCATCAAGGACCTATGTATAGGAAGAGAGAAGATTGTTACAGAT
AL2583	30:A>G		TGCAGTATTCAATGAAAGGGGGAAAAAACAATCTTTTCAAAGATGCAAAGTTGCATGGTAACAAACAA
AL2584	17:A>T		TGCAGCAAAGGATCTGGAGGTGAACCCTATGACTATGCAGGCTGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL2585	14:G>A		TGCAGAAGAAGATAGAAGGCGGCAACGATTGAAGAGATTTGAAGAAGAAGAAGATGATGATGATGAAG
AL2586	21:A>G		TGCAGTTTCATCAGCAAAAAACCATGGAAGAGTTCCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAAT
AL2587	66:T>C		TGCAGTTCATTCTTTGTTTCTTACAGCCTGTGAGGCCGTTTACGAATCCCATAGGATATCCTGGTAC
AL2588	14:G>A		TGCAGTTCCTGGGGGCTTACAATAGGAAGACCATAAGGAGATCATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL2589	20:G>A		TGCAGGGAGCAGATATGGCGGTTTCGTAGATTCATTGTCAGCCACCGTTTTTGGTATACTCATTACAGAT

Ek 1. Devam

AL2590	67:A>C		TGCAGGGAGCAGATATGGCGGTTTCGTAGATTCATTGTCAGCCACCGTTTTTGGTATACTCATTACAGAT
AL2591	25:C>T		TGCAGAACTAAAGACAAGACTTATCCACATCGTTTTTTTTTATGAATCGCCCAAATAAGAGGTTTTAC
AL2592	13:G>A		TGCAGAAAACGGAGGCAAAACGACGGTTGAAGGATGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAAT
AL2593	54:C>T		TGCAGAATATTTTTATTACAGACCTCTTCAGTGGAACTGTAATTAGCTGGACCGCAACAACACCCTTTA
AL2594	51:C>T		TGCAGAATATTTTTATTAGAGACCTCTTCAGTGGAACTGTAATTAGCTGGACCGCAACAACACCCTTTA
AL2595	52:G>A		TGCAGGGTAGAGCAACAGGTCACAATGAAGGTTCTAAGTTGGAACATTCGTTGTTTGGGGAGACCAAGG
AL2596	64:C>A		TGCAGGGAGCAGATATGGCGGTTTCGTAGATTCATTGTCAGCCACCGTTTTTGGTATACTCATTACAGAT
AL2597	20:C>T		TGCAGAAAACCACCGACGTTTCGGCTAATCATCGAGTTATTCGAGTCAACTCGAATTTATTTTCAAATTT
AL2598	27:G>T		TGCAGCTGCTACTTAGAAGTTCAAAAAGACTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2599	21:T>A		TGCAGATTCGGCTCAATAGCCTCACATAGAGTATGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATG
AL2600	57:A>G		TGCAGCAATGACATGAAATTGAAAAAATCACTAAAAATAGTATAAATGGAACATAAATAACGAGTAAGTT
AL2601	37:T>C		TGCAGTAAGTGTGGCGAGCCCTATTTAGATTTGGCTTTGGAATGTAAGTGAATGCAACTTCATTGTCCAT
AL2602	66:A>C		TGCAGTGTAGTTTAAAGCATCGTGATGCAGTGACTCGAGTGTACTTGAATCCATGTTGTGGTTTAAAC
AL2603	18:C>T		TGCAGCAATATTCTGTTTCGTGGCCAATTTTACCTTTCCAAGGATTTTCATGGTTTAGTTACAGATCGG
AL2604	17:C>T		TGCAGTATAGTTTCAATCGTCCTCTCGGGTGGGTGAACAACCTTTCTTTTCTTACAGATCGGAAGAGC
AL2605	39:T>A		TGCAGTTACAGATCCATTACAGATAAATCATGTCTTTACTATGAACCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTCA
AL2606	31:G>T		TGCAGGTAATAATGGCATAACAACCGGTCTGGTGCAGTGAAGGCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAG
AL2607	13:A>G		TGCAGTCCATGCAAGAACAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2608	40:T>C		TGCAGGGAGAAGATTGCAATCGATTGTGCTGATTTTGGATCTTTTTTCCCTCCTCCCTTACAGATCGGAA
AL2609	42:G>A		TGCAGCAGTAACATGACTTTGGAAAATCACCATAACTGTGGGAGATGAATTAGAAGCTGAATAAATTA
AL2610	17:A>T		TGCAGAAAATGTCTTTGACTCATGTCTCCACACTTTTACAGAAAAGCACGTACAGTTCTATTTTTTTTTA
AL2611	67:T>A		TGCAGTAACTCAAATCTGTCAAGGCTAAATTAATCATATTTTCGATATATCCGTTGAACTATTTG
AL2612	67:C>A		TGCAGGCTTAAGAAAATAACTAATGTTTTCTTATAAGTTATATCAATCAATAAAAAGTTGCATCATTACA
AL2613	15:A>G		TGCAGAAAATTCAAAAACCATTTTTTCAGTGCAACTCTTTTTTTCTGATGTGGAAAATTACAGATCGGAAG
AL2614	27:T>G		TGCAGAAAATTCAAAAACCATTTTTTCAGTGCAACTCTTTTTTTCTGATGTGGAAAATTACAGATCGGAAG
AL2615	46:G>A		TGCAGAAAACCAAAAAGTTATGGAACAAACATGAATCGTTAGACATGGTTATTTTCGCTTTACAGATCG
AL2616	52:T>A		TGCAGAACGGTGTGTTTATAAGGCTGGGATAATCTTCCCGATGATCCCCACTACTTGTGCGCATTCC
AL2617	18:T>C		TGCAGTAAGAAGAGACCCTACGATGGTACCCAAATAGAAAGTCATCCACCACAAAAGAAGAGAACATTAC
AL2618	11:A>G		TGCAGTTAAAAAATTGCAAAATTTGGCATTAGTTCCTATTTCTTTTTTATTTGTTTTTCAGTTACAG
AL2619	26:C>T		TGCAGTTCGCGCACGCAAGGTTTGGACTTTTGTGTCACGTGGGGAAGGTATTTGAACTGGACCGAAAACA
AL2620	8:C>T		TGCAGAGGCTGAGTATCGGAGTGTGGCCTATGCCATTGCTGATGCCCTTATGGCTTGAATCTTTGCTTGG
AL2621	30:T>G		TGCAGCAACACTGACACGAGTTTGGAAAATTTACTAAAAATCATAGAAATTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2622	7:G>A		TGCAGATGGAAATCTCAGACTTGGTGGAAAAGACCAAGTGTAGAAAAGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTT
AL2623	11:T>A		TGCAGATGAACTTGGTGTGGCCTATCTCCACTTTCTGAAATGATTTATGGTAAAACTATCATGCTTCT
AL2624	54:A>G		TGCAGATGAACTTGGTGTGGCCTATCTCCACTTTCTGAAATGATTTATGGTAAAACTATCATGCTTCT

Ek 1. Devam

AL2625	5:T>C		TGCAGTTGAAATGCACAGTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2626	65:C>A		TGCAGTAGAAGTAAACACCCATCCAAAGGGCCCTAAGAATCTACTAGAGTGTATCCAAATATTACAGA
AL2627	5:A>T		TGCAGATGTATCATCACCATCAAAGAAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2628	27:G>C		TGCAGATGTATCATCACCATCAAAGAAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACC
AL2629	25:A>G		TGCAGGCTATTGAGTTTGTCTAGCTACGGGTATGGCACTTATGTGCATGAAATCCGTGTATTCAAATCA
AL2630	26:C>T		TGCAGTGGTGCACCTTTGGAAATTCATAAAATTTGGAAATGAATTAGGGGCTGAATAAAATATTA
AL2631	56:A>T		TGCAGTTCAGTCCGGCACATTTCCGATAGCTTCCAGCCTGCCCGATGGTATGGTTGATAGCAGATTTCT
AL2632	38:G>A		TGCAGTCCTTGGAGATCTGTGAATGCCATAGTCTTTCTGCTCCACCCAGAGTATAAGTGGGTTACAGA
AL2633	65:C>A		TGCAGTCCTTGGAGATCTGTGAATGCCATAGTCTTTCTGCTCCACCCAGAGTATAAGTGGGTTACAGA
AL2634	67:G>A		TGCAGTCCTTGGAGATCTGTGAATGCCATAGTCTTTCTGCTCCACCCAGAGTATAAGTGGGTTACAGA
AL2635	34:A>G		TGCAGCAATATTCTGTTTTTTTATCCATATGAAAAAATTACGTGCGATGGATCTGATGACATGAATAT
AL2636	17:A>G		TGCAGTTTTAATTTATGATAGCTTATCAATCCCAGCCCCAAATAAAGAGTAGATTACAGATCGGAAGAG
AL2637	10:T>A		TGCAGTAGACTAAAGATTTGTTGGAGATTGGATACATGACAATATGTTGACAATGCATGTACATGATGA
AL2638	48:T>A		TGCAGTCATTTTCGGTCTAACCTTCGGTCTGTAGATAGGCATTGCACTGCAAGATAAGCAGCTTTTAC
AL2639	65:G>A		TGCAGTTTATGCCATTTGTAATTTTATATGGGTAATACTACACTCATGTCACTTTTGTTTATCTTAGGTT
AL2640	40:T>G		TGCAGTTTAGTCTCCACAATGTCCCCAAGAATCTCGTCCGTAGGAACCTTCTTACATTACAGATCGGAAGA
AL2641	7:G>A		TGCAGATGCTGCAAGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATG
AL2642	64:T>G		TGCAGAGCTATAACCTGTTTGTATTGTTTTGCAGGGAGAACGTGAGTGGCCGTTGACTTAATTACAG
AL2643	18:T>A		TGCAGCAACACTGACCGTGTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2644	6:A>G		TGCAGGAGCGCCACACCCGCAATCTTACCATGCACTGTCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGG
AL2645	6:A>T		TGCAGAATAAACCAATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGC
AL2646	16:T>C		TGCAGCTTCCTCTATATCCTTCTTGGTGTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2647	10:T>C		TGCAGCTCAATTAAGCCTTTTGAAGTTGAGATGTATGGCTCGTTCCTTATGCACTTTATATTGAATTC
AL2648	30:C>T		TGCAGCAGTAACGTGATTTTAGAAAATCACCATAAATTTGTTGGTGTGGAATTATAGGCTGATTAGAATA
AL2649	27:T>C		TGCAGGTACATCATCCATGAATGTTTTTGGAGCATGTAAGGTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCA
AL2650	10:C>G		TGCAGTAACTCAAATCTGTCAAGGCTAAATTAATCATTATATTTTCGATATATCCGTTGAACTATTTG
AL2651	7:T>A		TGCAGGCTGTCTTCTGAGCAATAGTCACTAAATTTTATAACTGGAGCTACGAACTCCAAATCAAG
AL2652	8:G>A		TGCAGGCTGTCTTCTGAGCAATAGTCACTAAATTTTATAACTGGAGCTACGAACTCCAAATCAAG
AL2653	16:G>A		TGCAGGCTGTCTTCTGAGCAATAGTCACTAAATTTTATAACTGGAGCTACGAACTCCAAATCAAG
AL2654	8:T>C		TGCAGAAGTATTCTGAGATTTAGGACCCACATCTGCTTCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL2655	68:G>A		TGCAGTTAACATCATAAACATCTTACATTACAACCTCAAAAAGTACTAAATGTGGAATGTTTCAGTTACAG
AL2656	10:C>T		TGCAGTTATTCATCATATAATCATGTTACATGATTTTTACTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2657	29:C>T		TGCAGTCTGTGTGCTATTACAATTTGCCCTTTTGCAGCGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGC
AL2658	15:C>T		TGCAGCAGAATGTACCAAGAACAGCCATGGTTAGGGTTTGGCCAAGCTTCCAAGCTTACAGATCGGAAG
AL2659	26:G>A		TGCAGATTTTTGAGCTTCAAACCTCGATATTTGATGATAATTTCCGGTGAAGAAAAGAAGATGGAGAATA

Ek 1. Devam

AL2660	21:A>G		TGCAGCTTCGCTTCCAACCGCATCTGATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCG
AL2661	36:C>T		TGCAGTGGTGCAACTTTGGAAATTCACCATAAATTGCAGAAATTGAATTAGGGGCTGAATAAAATATGA
AL2662	24:G>A		TGCAGCAGCAATAGACGCAAAGTTGCTTCATCTTCCTTTTTTTCTTTTTTGTTTTACAGATCGGAAGAG
AL2663	28:T>G		TGCAGTTATAAATGATTTAGTGACTGTTTCTCAGGAAGACAGCTTGCAGTGAAATTATGATTATGTGGT
AL2664	21:T>C		TGCAGTTTGTGTAATGAATTTTGGTTTTTGATGCTTATGCTGAAATCGTTTGGCATTCCCCCCCCCTC
AL2665	24:A>G		TGCAGCTTCCGGCAACAAAGAATTAGACTCAATACAGTTGTAGCATATGAAGTTGGGACATGCCAGCGA
AL2666	9:T>G		TGCAGATCATAGTAAGCTTATAAGAAATCAATAAGCGACTCATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG
AL2667	39:T>A		TGCAGTTCAGCAGTTGCAAATAGATCCTTTTGGCTCTGCTTCTGTTCTGTAAGTACTAGAAGGTATGCCCTT
AL2668	21:A>C		TGCAGCTTCCGGTAACAAAGAATTGGACTCAATGCAGTTGTGGCATATGAAGTTTGGACATGCCAGCGA
AL2669	11:T>A		TGCAGCAATCTTTATTTTTATTCTTTTAGAGAAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCG
AL2670	34:G>A		TGCAGAAATTTGAAGGGTCAGATCTTCTGCAAGAGAAGAAAGACTGGATAAAAAGTCATCAGTGTCTGTC
AL2671	24:A>C		TGCAGCAGCAGTGACGTGAGATTGAAAAATCACTAAAAATAGTAGGAGAGGAATTACAGATCGGAAGAG
AL2672	16:G>A		TGCAGCTGAGCTTTCAGTTCCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2673	21:G>A		TGCAGCCCCACATAAATTGACGTTTGGTTCAATGGAATAGCTTATTACGGGGCTATTCCATTCTGGGCT
AL2674	10:A>T		TGCAGAATTTAAGCATTGCAGAAATAAGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2675	20:G>A		TGCAGAATTTAAGCATTGCAGAAATAAGAATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGA
AL2676	11:T>C		TGCAGAGTGCCTGATTCTGTGCATTTTCGATATTTTTGGGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL2677	17:C>T		TGCAGAGTGCCTGATTCCGTCATTTTCGATGTTTTTGGGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGA
AL2678	28:T>C		TGCAGCAATACTGATGCGAGTTTGAGATTTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL2679	57:G>A		TGCAGCATCTACTGCTCTCTTAGGACTTTCGACAAAGCACTCTTGGCGACTTTTAGGGTTTTTACAGA
AL2680	9:A>G		TGCAGTTAAAAAAATTTGGGCAATGCAATCAATCAAAAACACATAGTTTTTGTCTTACAGATCGGAAGA
AL2681	8:A>T		TGCAGCCTATAGCATAAAGCAGATACACAAAGCGCTAACAAGAAACTCGAACAATACCTTTGCTTTAG
AL2682	50:T>C		TGCAGCAATATTCTATTTTTATAGCAAATTTTACTTTGCTATAGATTTTCATGAACTAAATAACATTTTA
AL2683	51:T>G		TGCAGCAGCACATATTCAAGATATTGTTTCATATCAACATATGGTTTTTCCATCAAATCAATCATATAGG
AL2684	20:A>G		TGCAGTGGTGTGTTGCTTTGAAGATTTGGCGACATTATTTGTATGGTGAAAAGTGCCGAGTATATACCGA
AL2685	27:C>T		TGCAGCGACAAGAGCAGCTTCTAAATCCATCCAAAAGCAAGAGGTAATTTACAGATCGGAAGAGCGGT
AL2686	65:A>G		TGCAGTTTCGTGATTGTGATGAAGATTATTATCATCACCATCTCGGCGGACCAGTATGCCCCCTGACAT
AL2687	19:T>G		TGCAGCAACACTGATGCGATTTTGAAAATTTATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAG
AL2688	68:C>A		TGCAGCGCAAAACAAGTATGGCAATCATAATTATCAACAATAAGAGTTTGATTCAACAACATATCCATTAC
AL2689	65:C>A		TGCAGTGTCTCGTGAGGTGATCCAAGATGGGATGGTGTGGCAGGTGGGGATGGTGCCTGCATTAACAAA
AL2690	25:T>C		TGCAGACTTTACAAACAGAGTGTPTTCTACCTGCTCTATGAAAAGAAAGTTTACAGATCGGAAGAGCGG
AL2691	21:A>G		TGCAGGTATTTCTTTTACTCATTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATC
AL2692	35:G>A		TGCAGTAGTTAAGTTGTAAGTTATTGAGTTAGATGGTTTCAGGTTGTTATTTCATCTTCTTTGTTACAATT
AL2693	13:C>A		TGCAGTTTGCAGTCGCTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGC
AL2694	14:T>C		TGCAGCTATCAACATTTGCAGAAAATATATAGACATCGATAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAG

Ek 1. Devam

AL2695	18:A>G		TGCAGCTCATTAGCTAATAGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTA
AL2696	61:C>A		TGCAGTAGCCCAAACCTGTCCAAGCTAATTTACTCTTCCACATTTATTGTTACCAAATTACAGATCGG
AL2697	13:G>A		TGCAGTTCCTTAAGCTTGTTCGAAGCTTTTGTGGTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCC
AL2698	6:T>C		TGCAGATACCATAGCATACAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2699	25:T>A		TGCAGATATTTTAAATATGATTATATGAGAAATATTATGTAAATTGTTGTGATAAAAATAAATTTTACAG
AL2700	24:T>C		TGCAGTGGTGTGGATTTGAAAAATTAATAAAATTTGTAGGAATGGAATTACAGATCGGAAGAGCGGTTT
AL2701	5:T>A		TGCAGTAATATCTTTGCCAGCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGT
AL2702	10:A>C		TGCAGCTGATACTACAGCCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTAT
AL2703	11:C>T		TGCAGGGGCTTGCTGTTGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGC
AL2704	9:G>A		TGCAGCTGAGCTTTCAACTCTTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCG
AL2705	12:T>C		TGCAGATTAATTTATTGATTATTTATTTATTTATTTGGCATCTGATTCTGTAATGTGACTTTACAGATC
AL2706	20:A>T		TGCAGGGGGCTTCAATACTGATGCCGTTTGTCTATGAAAAGTAGACTCAGAGAGGAATGTGTACATA
AL2707	14:A>G		TGCAGATTAAGTAAAATGGGTTGTTATTAGATGATTAGATAGTCAAATTGGAACCTTCTGCAAGTTT
AL2708	65:C>A		TGCAGAAACTAGACTCAAAGGGGAATCAATAAATATATGGAATGACTCCTAATTATCTCTGGTTACAGA
AL2709	18:G>A		TGCAGATACTCAATATCAGAGTCTTACTTGAATCCTAGCATTTAGCCGTCCGGTCTTTACAGATCGGAA
AL2710	15:T>A		TGCAGTGGTGTGTTGCTTTGAAGATTTGGCGACATTATTTGTATGGTGAAGAGTCCGAGTATATACCGA
AL2711	42:A>G		TGCAGAATGCATGTAACACCCCGTACCCGAGTCCGTCGCCGGAGTCGGACACGAGGGGTTTGCAGACTT
AL2712	19:C>T		TGCAGCAACATTCATCAAAACAATTCAAATTCATGTTTAGACACATTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGC
AL2713	25:T>C		TGCAGAATTCCTTTCATGCTATAAAGTATCCAAATTACCTTCGAAAAACTTTTGGCTTACTTTGTAATGT
AL2714	15:T>C		TGCAGGAATTCATTGTGAAGAAGGGCTATAATTAGAAACATAACAAGTTCACTAGTATGAGCTTGAGCT
AL2715	13:C>A		TGCAGTGGTGCAACTTTAGAAATTCATAAAATTTGTGAAAATTTGAATTAGGGGCTGAATAAAATATGA
AL2716	6:C>T		TGCAGGCCCCAGATGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGCC
AL2717	66:T>A		TGCAGCATCATCAGGATTCTCAATCATAAAAAGGCTGATTGATCAAATCAATCAAAAAAGAACCCTTAC
AL2718	11:T>G		TGCAGATTTTTTAGCTTTCAAACCTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCT
AL2719	65:G>T		TGCAGATGCTTACTGGCTTTTGTACGTGTGCATGGATTGTTCACTTCTGGTGTGAACATCTTTCGTAT
AL2720	21:A>T		TGCAGAAAGAAATATGTATGGAGTATAAAGAAGAAAAAGAAAAAGACAAAGAAAACCTTCTTCAACTT
AL2721	7:A>T		TGCAGCCATGCAGCATGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTCGTATGC
AL2722	23:G>C		TGCAGTTTCAAGGACCTGACGTGGAAATTTACCATTTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAATGC
AL2723	46:T>C		TGCAGTCTTTCAGTAACCTCACTTCTCTCTTTTCTCTTCTCTGATATTTGTTACTTACAGATC
AL2724	32:A>T		TGCAGGCATAACCGCATAAGAGGGAAAGATTGAGTGCTTCCCTTAACAAATGTATTCTAATGAAAAGAG
AL2725	19:C>T		TGCAGTCAAGGTTCTTTTCTCTCTTTTTTTTTTGGTTACAGATCGGAAGAGCGGTTACAGCAGGAAT
AL2726	26:C>T		TGCAGGACGGCTTACAGCATATGAGATCGAAAGACATGATTCCCTCCCCCCTCCCGATAGAAGCAAAAAG
AL2727	43:A>G		TGCAGTAGTATGGGCCCTAATTTTCCAGTTTTGGTTCCGAAAAATAGAAAGCAGGCAGAACAGTATCAT
AL2728	61:C>T		TGCAGAATAGAAAATATAAAGAATGGATCTCGACACCATCTGCATGTTCTTTCAATCCCATCACCA
AL2729	63:C>A		TGCAGATGATTAGCTTATGATGACAGTTGATGTTCTATCATTACACAAAAGGAATGTGAGATTACAGATC

Ek 1. Devam

AL2730	18:G>A			TGCAGTAGTGTAACTTTTCAAATTCACCACAAATTGTGGAAATTGAGTTACGGGCTGAGTAAAATATGA
AL2731	63:C>A			TGCAGGCAGGATCTGTAAGTTTCAGGTGGTTGAAATGGGACTGGCAAGCACAACAGTACTTACAGATC
AL2732	5:T>C			TGCAGTTATAGAGTTCTAAGAACGCTATGTTAGTCGATGAAGGATCACCTAACCAAGAAGGGAACATTC
AL2733	13:C>T			TGCAGAACATGTCCGAGCCCCATTTACAGATCGGAAGAGCGGTTTCAGCAGGAATGCCGAGACCGATCTC
AL2734	13:T>C			TGCAGTAGTGTAAATTTTCAAATTCACCATAAATTGTGGAAATTGAGTTACGGGCTGAGTAAAATATGA



## ÖZGEÇMİŞ

### Kişisel Bilgiler

Adı, Soyadı : Halil TEKEREK  
Uyruğu : T.C.  
Doğum yeri ve tarihi : 1985 Osmaniye  
Medeni halil : Evli  
e-posta : [halil.bio@gmail.com](mailto:halil.bio@gmail.com)

### Eğitim

<u>Derece</u>	<u>Eğitim Birimi</u>	<u>Mezuniyet Tarihi</u>
Yüksel Lisans	KSÜ/ Biyomühendislik ve Bilimleri	2013
Lisans	KSÜ/ Biyoloji Bölümü	2010
Lise	M. Akif Ersoy YDA Lisesi	2003

### Yabancı Dil

İngilizce (Orta derece)

### Yayınlar

#### Uluslararası ve Ulusal hakemli dergilerde yayınlanan yayınlar

1. Bardak, A., Hayat, K., **Tekerek, H.**, Parlak, D., Çelik, S., Khan, R., S., A., Sever, A., Uçar, R., Güvercin, R., S., Ekinci, R., 2019. Analysis of Genetic Variability and Heritability for Seedcotton Yield in a Single Seed Decent Population. *Fresenius Environmental Bulletin*. Vol 28:5 p:4093-4100.
2. Bölek Y., **Tekerek H.**, Hayat K., Bardak, A., 2012. Screening of Cotton Genotypes for Protein Content, Oil and Fatty Acid Composition. *Journal of Agricultural Science*, 2016. 8(5):107-121.
3. Çelik. S., Bardak, A., Erdoğan, O., Parlak, D., Uçar,R., **Tekerek. H.**, Sever, A., K., H., Bhatti, 2017. Determination Of The Response Of Some Cotton Varieties To Cotton Wilt Disease Caused By Verticillium Dahliae Kleb. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, 2017, 2148-127X, 5, 12, 1488-1492.
4. Ali Tekin, Erdem Aslan, Sevgi Herek, Tevrican Dokuyucu, Hasan Gezginç, **Halil Tekerek**, Ziya Dumlupinar, Aydın Akkaya. Türkiye Orijinli Yulaf Genotiplerinin Basit Dizi Tekrarları (SSR) Markörleriyle Karakterizasyonu. *Ksu Doğa Bilimleri Dergisi*. 20(4), 378-384,2017.

5. Bardak, A., Fidan, M.S., Dağgeçen, E., **Tekerek H.**, Çelik, S., Parlak, D., Hayat, K. Pamukta İlişkilendirme Haritalaması Yöntemiyle Gossypol İle İlişkili Markörlerin Belirlenmesi, *Ksu Doğa Bilimleri Dergisi*, 2017, 1309-1743, 20, 4, 236-240.

#### **Yayınlanmış kitap bölümü**

Bardak, A., Erdoğan,O., Mahmood, Z.,Bhattı,K., H., **Tekerek,H.** Genetic Mapping In Cotton, Y. ZAFAR [Editörler], Past, Present And Future Trends In Cotton Breeding(93 - 123), ISBN: 978-1-78923-077-2, İNGİLTERE: Intechopen, 02 Mayıs 2018.

#### **Sözlü ve Poster Bildirileri**

1. Bardak, A., Bolek, Y., **H. Tekerek**, Korhan, H., “QTLs for Fuzzless Trait in Cotton”

*International Plant & Animal Genome XXIII*, Genome Mapping, Tagging and

Characterization: Cotton, Poster No: P0957, San Diego, CA, USA, January 10-14,2015

2. Korkunc, Tasdemir, M., S., **Tekerek,H.**, Bolek,Y.,Sevgin, N., “The Effect of DifferentHormone Concentrations on Induction of Callus Formation in Cotton Anthers” ed. Shawn Boyd and Michelle Huffman, *Proceedings of the Beltwide Cotton Conferences*, Cotton Improvement Conference, p.716, National Cotton Council ofAmerica, San Antonio, TX, January 5-7, 2015.

3. Dağgeçen, E., **H. Tekerek**, U. Çınar, Y. Bölek, “Characterizing Cotton Germplasm with SSR Markers” *3rd International Molecular Biology and Biotechnology Congress*, p.67, June 02-06, 2014, International University of Sarajevo, Bosnia and Herzegovina.

4. S. Çelik, A. Bardak, O. Erdoğan, D. Parlak, R. Uçar, **H. Tekerek**, A. C. Sever & K. H. Bhatti. Determination Of The Response Of Some Cotton Varieties To Verticillium Wilt Disease Caused By Verticillium Dahliae Kleb., Sözlü Sunum, International Conference On Agriculture, Forest, Food Sciences And Technologies, 15-17 Mayıs 2017.

5.K. H. Bhatti, A. Bardak, **H. Tekerek**, D. Parlak, S. Çelik, A. C. Sever & R. Ekinci. Genetic Mapping And Quantitative Trait Locus Analysis Of Fiber Quality Traits Using A multi-parent Composite Population In Upland Cotton (gossypiumhirsutum L.), Sözlü Sunum, International Conference On Agriculture, Forest, Food Sciences And Technologies, 15-17 Mayıs 2017.

6. **H., Tekerek**, A., Bardak, K., H., Bhattı, D., Parlak, A., Sever, S., Çelik, O., Erdoğan, Quantitative Trait Analysis For Verticillium Wilt Resistance In Recombinant Inbred Line

Of Cotton, Sözlü Sunum, International Conference On Agriculture, Forest, Food Sciences And Technologies, 15-17 Mayıs 2017.

7.D. Parlak, A. Bardak, R. Ş. Güvercin, S. Çelik, **H. Tekerek**, A. C. Sever, K. H. Bhattı & E. Dağgeçen. The Assessment Of Earliness Related Morphological Characters In Cotton Germplasm, Sözlü Sunum, International Conference On Agriculture, Forest, Food Sciences And Technologies, 15 17 Mayıs 2017.

8.K. Hayat, R. Güvercin, R. Ekinci, O. Erdoğan, S. Çelik, Z. Dumlupınar, İ. Akyol, **H. Tekerek**, A. Bardak. Genome-Wide Association Mapping for Fiber Length in Aglobal Germplasm Collection of Upland Cotton. Sözlü sunum. I. International Agricultural Science Congress. 09-12 May 2018, Van.

9.S. Çelik, R. Güvercin, R. Ekinci, **H. Tekerek**, K. Hayat, D. Parlak, Z. Dumlupınar, A. Bardak, İ. Akyol, S. Adalı, O. Erdoğan. Identification the Reactions of Some Cotton Varieties Against *Verticillium* Wilt Disease Caused by *Verticillium dahliae* Kleb. Sözlü sunum I. International Agricultural Science Congress. 09-12 May 2018, Van.

10. K. Hayat, R. Ekinci, R. Güvercin, S. Çelik, Z. Dumlupınar, O. Erdoğan, **H. Tekerek**, İ. Akyol, A. Bardak. A SNP-Based Genome-Wide Analysis for Lint Percentage in Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Germplasm from Major Cotton Growing Countries. I. International Agricultural Science Congress. 09-12 May 2018, Van.

11.Çelik, R. Ekinci, R. Güvercin, **H. Tekerek**, K. Hayat, D. Parlak, Z. Dumlupınar, A. Bardak, İ. Akyol, S., Adalı, O., Erdoğan. Determination of the Response of Some Cotton Varieties Against *Verticillium* Wilt Disease Caused by *Verticillium dahliae* Kleb. I. International Agricultural Science Congress. 09-12 May 2018, Van.

12.Bardak, A., Fidan, M., S., Dağgeçen, E., **Tekerek H.**, Çelik, S., Parlak, D., Hayat, K. Pamukta İlişkilendirme Haritalaması Yöntemiyle Gossypol İle İlişkili Markörlerin Belirlenmesi. 12. Tarla Bitkileri Kongresi, Kahramanmaraş. Sözlü Sunum. Bildiri Kitabı, Sayfa 456.

13. Osman Gedik, Yüksel Bölek, Adem Bardak, Ali Can Sever, **Halil Tekerek**, Rıdvan Uçar, Mikail İnce, Şeyma Alğaç, Döne Parlak, Sümeyye Adalı, Ebru Çardaklı, Sadettin Çelik, Ali Rahmi Kaya. Karyological Investigation on *Gossypium hirsutum* (Stoneville 453) and *Gossypium barbadense* (Askabat 100), *International Conference on Natural Science and Engineering (ICNASE'16)* p.117-118, March 19-20, 2016, Kilis