

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

Pistacia lentiscus

**Ve *Pistacia terebinthus* Türlerinde Yeni Nesil Sekanslama
Yöntemi Kullanılarak Cinsiyet ile Bağlantılı DNA
Markörlerinin Geliştirilmesi ve Cinsiyet Kromozom
Mekanizmasının Ortaya Çıkarılması**

Ömer Faruk BİLGİN

Bahçe Bitkiler Anabilim Dalı

Nisan, 2024

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZ ONAYI

***Pistacia lentiscus ve Pistacia terebinthus Türlerinde Yeni Nesil
Sekanslama Yöntemi Kullanılarak Cinsiyet ile Bağlantılı Dna
Markörlerin Geliştirilmesi Ve Cinsiyet Kromozom
Mekanizmasının Ortaya Çıkarılması***

Ömer Faruk BİLGİN

Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

Bu Doktora Tezi 03/04/2024 Tarihinde Aşağıdaki Jüri Üyeleri Tarafından Değerlendirilmiş
ve Oy Birliği / Oy Çokluğu ile Kabul Edilmiştir.

Jüri	: Prof. Dr. Salih KAFKAS	(Danışman)	
	: Prof. Dr. Nesibe Ebru KAFKAS		
	: Prof. Doç. Dr. Hakan ÖZKAN		
	: Doç. Dr. Murat GÜNEY		
	: Doç. Dr. Hayat TOPÇU		

Bu Tez Fen Bilimleri Enstitüsü, Bahçe Bitkileri Anabilim Dalında Hazırlanmıştır.

Tez No:

Prof. Dr. Sadık DİNÇER
Enstitü Müdürü

Bu çalışma TÜBİTAK VE Çukurova BAP Birimi Tarafından Desteklenmiştir.
Proje No: 219O267 ve FDK-3033-15396

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

İÇİNDEKİLER

ÖZ	I
ABSTRACT	II
TEŞEKKÜR	III
ÇİZELGELER DİZİNİ	IV
ŞEKİLLER DİZİNİ	V
SİMGELER VE KISALTMALAR	VII
1. GİRİŞ	1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR	13
2.1. <i>Pistacia Türlerinde Cinsiyetle İlişkili Kromozom Çalışmaları</i>	13
2.2. <i>Pistacia Türlerinde Yapılan Cinsiyet Belirleme Çalışmaları</i>	14
2.3. <i>Tüm Genom Tekrar Sekanslama Çalışmaları</i>	17
2.2. <i>Diğer Bitki Türlerinde Cinsiyet Sistemi ile ilgili Çalışmalar</i>	19
3. MATERYAL VE METOT	23
3.1. <i>Materyal</i>	23
3.2. <i>Metot</i>	23
3.2.1. <i>DNA İzolasyonu ve Sekanslama (Resequencing)</i>	23
3.2.2. <i>SNP, InDel ve Yapısal Değişikliklerin Belirlenmesi</i>	24
3.2.3. <i>P. lentiscus ve P. terebinthus türlerinde Cinsiyet ile Bağlantılı Aday Lokusların Belirlenmesi</i>	26
3.2.4. <i>SNP, InDel ve Yapısal Değişikliklerin Genomdaki Anotasyonu ve Cinsiyet ile Bağlantılı Genlerin Fonksiyonel Anotasyonu</i>	26
3.2.5. <i>P. lentiscus ve P. terebinthus Türlerinde Cinsiyet Kromozom Sisteminin Ortaya Çıkarılması</i>	27
3.2.6 <i>P. lentiscus türünde Primer Dizaynı ve Validasyon</i>	27
3.2.7. <i>P. terebinthus Türünde Primer Dizaynı ve Validasyon</i>	28
4. BULGULAR VE TARTIŞMA	31
4.1. <i>P. lentiscus türüne ait Dizilerin Kalite Kontrolü</i>	31
4.2. <i>P. terebinthus Türünde Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizilerinin Kalite Kontrolü</i>	32
4.3. <i>P. lentiscus Dişi ve Erkek Genotiplerine Ait DNA Dizilerinin Referans Siirt Çeşidi Genomuna Hizalandığında Elde Edilen Analiz Sonuçları</i>	32
4.3.1. <i>Referans Siirt Genomuna Haritalama Sonuçları</i>	32
4.3.2. <i>SNP lokuslarının Belirlenmesi</i>	33
4.3.3. <i>Kısa InDel Lokusların Belirlenmesi</i>	33
4.3.4. <i>SV Lokusların Belirlenmesi</i>	33

4.3.5. Dişi ve Erkek Cinsiyetlere Spesifik Lokusların Belirlenmesi.....	33
4.4. <i>P. lentiscus</i> Türünde Dişi ve Erkek DNA Dizilerinin Bağyolu Genomuna Hizalanması ile Elde Edilen Analiz Sonuçları	34
4.4.1. Haritalama Sonuçları.....	34
4.4.2. SNP Lokuslarının Belirlenmesi.....	34
4.4.3. Kısa InDel Lokuslarının Belirlenmesi.....	34
4.4.4. SV Lokuslarının Belirlenmesi	34
4.4.5. Dişi ve Erkek Cinsiyetlere Spesifik Lokusların Belirlenmesi.....	35
4.5. <i>P. terebinthus</i> Türünde Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt Çeşidi Genomu Hizalandığında Elde Edilen Analiz Sonuçları.....	35
4.5.1. Haritalama sonuçları	35
4.6. <i>Pistacia terebinthus</i> Türüne Ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA dizileri Referans Bağyolu Çeşidi Genomu Hizalandığında Elde Edilen Analiz Sonuçları	36
4.6.1. Genotiplerin Haritalama Sonuçları.....	36
4.6.2 SNP lokuslarının Belirlenmesi	36
4.6.4 SV Lokuslarının Belirlenmesi.....	37
4.6.5. Dişi ve Erkek Cinsiyetlere Spesifik Lokusların Belirlenmesi.....	37
4.8. <i>P. lentiscus</i> Türüne ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt genomu Kullanıldığında Elde Edilen Varyasyonların Anotasyonları.....	37
4.10. <i>P. terebinthus</i> Türüne Ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt Genomu Kullanıldığında Elde Edilen Anotasyon Sonuçları.....	43
4.11. <i>P. lentiscus</i> Türüne Ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt genomu Hizalandığında Elde Edilen Anotasyon Sonuçları	45
4.12. <i>P. lentiscus</i> Türünde Ait Dişi ve Erkek Genotiplerde Tespit Edilen Cinsiyet ile Bağlantılı Lokusların Belirlenmesi ve Validasyonu.....	48
4.13. <i>P. terebinthus</i> Türünde Dişi ve Erkek Genotiplerde Tespit Edilen Cinsiyet ile Bağlantılı Lokusların Belirlenmesi ve Validasyonu.....	49
4.14. <i>P. lentiscus</i> Türünde Siirt Genomu Kullanıldığında Elde Edilen Cinsiyetle İlişkili Lokusların Fonksiyonel Anotasyonları	53
4.9. <i>P. terebinthus</i> Türünde Referans <i>P. atlantica</i> Genomu Kullanıldığında Elde Edilen Cinsiyetle İlişkili Varyasyonların Fonksiyonel Anotasyonları.....	56
4.15 <i>P. terebinthus</i> ve <i>P. lentiscus</i> türlerinde Cinsiyet Kromozom Sisteminin Ortaya Çıkarılması.....	60
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER	63
KAYNAKLAR	69
ÖZGEÇMİŞ	83
EKLER.....	85

***Pistacia lentiscus* ve *Pistacia terebinthus* Türlerinde Yeni
Nesil Sekanslama Yöntemi Kullanılarak Cinsiyet ile
Bağlantılı Dna Markörlerin Geliştirilmesi Ve Cinsiyet
Kromozom Mekanizmasının Ortaya Çıkarılması**

Ömer Faruk BİLGİN

Danışman: Prof. Dr. Salih KAFKAS

Bahçe Bitkileri Anabilim Dalı

ÖZ

Bu çalışmada, *Pistacia lentiscus* ve *Pistacia terebinthus* türlerinde 15 dişi ve 15 erkek genotipe ait tüm genom tekrar-sekanslama Dna verilerini kullanılması ile cinsiyete özgü bölge veya bölgelerin belirlenmesi, cinsiyetle ilişkili olduğu belirlenen bölgelerin anotasyonu ve dişi ve erkek bireyleri %100 doğrulukla ayırabilen, *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinin ıslahında kullanılabilecek markörlerin tasarlanması amaçlanmıştır. *P. lentiscus* türünde tüm dişi ve erkek bireylerde Siirt genomu kullanıldığında aynı pozisyonda bulunan ve cinsiyetle ilişkili olduğu bulunan 1310 adet SNP bulunmuştur. Bu bölgelerden dizayn edilen CAPS markörü ile agaroz jel yöntemiyle dişi ve erkek bireyleri baz farklılıklarına göre ayrılmıştır. Dişi bireylerde üç bant (≈ 550 bp, ≈ 410 bp ve ≈ 140 bp), erkek bireylerde ise tek bant (≈ 550 bp) tespit edilmiştir. *P. terebinthus*'a ait 15 dişi ve 15 erkek bireylerine ait Dna sekanları *P. atlantica* genomu hizalandığında *P. atlantica* genomunun 14.2 kromozomu üzerinde 65 dişi spesifik lokus tespit edilmiştir. Bu lokuslardan tasarlanan SCAR markörü sadece dişi genotiplerde 800 bp bant verirken, erkek genotiplerde ise bant vermemiştir. Bu çalışma ile *P. terebinthus* ve *P. lentiscus* türlerinde dişi genotiplere spesifik cinsiyetle ilişkili lokus olması, erkek bireylerde olmaması bu iki türün de dişi bireylerinde ZW, erkek bireylerin ise ZZ sistemine sahip olduğu tespit edilmiştir. Bu çalışma ile markör destekli ıslah çalışmalarında bu iki türde de dişi ve erkek bireyleri %100 ayırabilen bu markörler kullanılabilecektir.

Anahtar Kelimeler: *P. lentiscus*, *P. terebinthus*, Yeni nesil sekanslama, ZZ/ZW Sistemi

**Development of Sex-Related DNA Markers and
Revealing the Sex Chromosome Mechanism in *Pistacia
lentiscus* and *Pistacia Terebinthus* Species Using the New
Generation Sequencing**

Ömer Faruk BİLGİN

Advisor: Prof. Dr. Salih KAFKAS

Department of Horticulturae

ABSTRACT

In this study, by using whole genome re-sequencing DNA data of 15 female and 15 male genotypes of *Pistacia lentiscus* and *Pistacia terebinthus* species, the determination of gender-specific region or regions was determined, which can distinguish male and female individuals determined to be gender-related with 100% accuracy, *P. lentiscus*. It aims to design markers that can be used to breed *P. terebinthus* species. When the Siirt genome was aligned in whole genome resequencing data of all female and male individuals of *P. lentiscus* species, 1310 SNPs were found in the same position and thought to be related to gender. The CAPS marker designed from these regions separated male and female individuals according to base differences using the agarose gel method. Three bands (≈ 550 bp, ≈ 410 bp and ≈ 140 bp) were detected in female individuals, and a single band (≈ 550 bp) was detected in males. When whole genome re-sequencing DNA data of 15 female and 15 male individuals belonging to *P. terebinthus* was aligned with the *P. atlantica* genome, 65 female-specific loci were detected on chromosome 14.2 of the *P. atlantica* genome. The SCAR marker designed from these regions gave an 800 bp band only in female genotypes but did not give a band in male genotypes. This study determined that *P. terebinthus* and *P. lentiscus* species have a sex-related locus specific to female genotypes but not males. Female individuals of these two species have a ZW system, while males have a ZZ system. With this study, these markers can be used in marker-assisted breeding studies, which can distinguish 100% of male and female individuals in these two species.

Keywords: *P. lentiscus*, *P. terebinthus*, New Generation Sequencing, ZZ/ZW Syst

TEŞEKKÜR

Akademik hayatımda beni yetiştiren, beni yönlendiren, çalışma koşulları sağlayan, destekleyen ve tezimin bütün aşamalarında bilgi ve tecrübeleri esirgemeyen danışmanım Sayın Prof. Dr. Salih KAFKAS'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Tezim ve akademik hayatımın her aşamasında yönlendiren, imkân ve olanaklarını özellikle bilgi ve tecrübelerini esirgemeyen değerli hocam Prof. Dr. Ebru KAFKAS'a teşekkürlerimi sunarım.

Görüş ve önerileri ile çalışmamda bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım bana her konuda yardımcı olan Prof. Dr. Hatıra TAŞKIN'a, Doç. Dr. Hayat TOPÇU'ya, Doç. Dr. Harun KARCI'ya, Ar. Gör. Mesut ADA'ya, Ar. Gör. Şule Hilal ATTAR'a, laboratuvar çalışma arkadaşlarım Burak ÖZGÖREN'e, İbrahim YAVUKLU'ya, Elif KARAASLAN'a, Defne KARAASLAN'a, Esra EKŞİ'ye, Doğan ERGÜN'e, Murat KAZAN'a, Awara Muhammad HAMAKHAN'a, Şule POLAT'a ve adını burada sayamadığım bütün arkadaşlarıma en içten teşekkürlerimi sunuyorum.

Her zaman desteklerini esirgemeyen sevgili aileme en içten teşekkürlerimi sunarım.

Bu projeye maddi destek sağlayan TÜBİTAK'a ve Çukurova Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Birimi'ne teşekkür ederim.

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3. 2. PCR reaksiyonu İçeriği	27
Çizelge 3. 3. PCR sıcaklık ve döngü koşulları.....	28
Çizelge 3. 4. MseI enzim kesim protokolü	28
Çizelge 3. 5. PCR reaksiyonu İçeriği	29
Çizelge 3. 6. PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) sıcaklık ve döngü koşulları	29
Çizelge 4. 1 . <i>P. terebinthus</i> ' da Plant Reactome veritabanı anotasyonu.....	58



ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 1. 1. AFLP analizleri ile <i>Pistacia</i> türlerinin filogenetiği (Kafkas, 2006b)	3
Şekil 3. 2. Tez kapsamında izlenen yöntemin ana aşamaları	24
Şekil 3. 3. <i>P. atlantica</i> genomuna align edilmiş <i>P. terebinthus</i> kromozom 14.2' deki okuma derinlik oran($F/(F+M)$) grafiği (ortak okuma derinlik oranı)	29
Şekil 4. 1. <i>P. lentiscus</i> genotiplerinde okuma uzunluklarının ortalama kalite skorları ve her okumanın ortalama kalite skorları	31
Şekil 4. 2. <i>P. terebinthus</i> türüne ait genotiplerinin temiz datalarındaki okuma uzunluklarının ortalama kalite skorları ve okumanın kalite skorları.....	32
Şekil 4. 3. <i>P. lentiscus</i> türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait sekanslarla Siirt genomu kullanıldığında elde edilen ortalama SNP lokuslarının anotasyonu	38
Şekil 4. 4. <i>P. lentiscus</i> türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait sekanslarla Siirt genomu kullanıldığında elde edilen ortalama ekzon bölgelerindeki SNP lokuslarının anotasyonu (Ek-8)	38
Şekil 4.5. <i>P. lentiscus</i> türünde Siirt referans genomu kullanılarak InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları.....	39
Şekil 4.6. <i>P. lentiscus</i> türünde Siirt referans genomu kullanılarak ekzon bölgelerindeki InDel'lerin anotasyon sonuçları (Ek-)	40
Şekil 4. 7. <i>P. lentiscus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak SNP'lerin genomdaki anotasyonu (Ek-19).....	41
Şekil 4. 8. <i>P. lentiscus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyonu (Ek-20).....	41
Şekil 4. 9. <i>P. lentiscus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyonları	42
Şekil 4. 10. <i>P. lentiscus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin ekzon bölgerindeki anotasyonları (Ek-22).....	42
Şekil 4. 11. <i>P. terebinthus</i> türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyonu (Ek-23).....	43
Şekil 4. 12. <i>P. terebinthus</i> türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerideki anotasyonu (Ek-24).....	44
Şekil 4. 13. <i>P. terebinthus</i> türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak InDel'lerin genomdaki (Ek-25) anotasyonu.....	44
Şekil 4. 14. <i>P. terebinthus</i> türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin ekzon bölgerindeki anotasyonu (Ek-26).....	45
Şekil 4.15. <i>P. terebinthus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin genomda anotasyon sonuçları (Ek-27)	46

Şekil 4.16. <i>P. terebinthus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları (Ek-28)	46
Şekil 4. 17. <i>P. terebinthus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları (sağda, Ek-29)	47
Şekil 4. 18. <i>P. terebinthus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları (sağda, Ek-30)	47
Şekil 4. 19. <i>P. terebinthus</i> türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SV'lerin genomdaki anotasyon sonuçları (Ek-35).	48
Şekil 4. 20. <i>Pistacia lentiscus</i> türüne ait 20 dişi 20 erkek bireyde cinsiyet markörünün agaroz jel görüntüsü	49
Şekil 4. 21. <i>P. terebinthus</i> türüne ait 24 dişi ve 24 erkek bireye ait örneklerde cinsiyet markörünün agaroz jel görüntüsü	52
Şekil 4. 22. Cinsiyetle ilişkili genlerin en çok benzeşim gösteren türlerin gösterimi	53
Şekil 4. 23. Cinsiyetle ilişkili lokusların Go analizinde go kategorilerine göre ayrılması	54
Şekil 4. 24. GO level distribution for Biological process [P-BP, F-MF, C-CC], Molecular function and Cellular component.....	55
Şekil 4. 25. Cinsiyetle ilişkili genlerin dahil oldukları enzimlerin dağılımları	55
Şekil 4. 26 Enzyme code distribution for major classes.	56
Şekil 4. 27 <i>P. terebinthus</i> türünde Cinsiyetle ilişkili lokusların Go analizinde go kategorilerine göre ayrılması	58
Şekil 4. 28 GO level distribution for Biological process [P-BP, F-MF, C-CC], Molecular function and Cellular component.....	59
Şekil 4. 29. Cinsiyetle ilişkili genlerin InterProScan programıyla family, domain ve ID dağılımlarına göre fonksiyonel anotasyonları.....	59

SİMGELER VE KISALTMALAR

AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism

bp: baz pair (baz çifti)

CTAB: Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide

cM: Centimorgan (Santimorgan)

DArT: Diversity Arrays Technology

DNA: Deoksiribonükleik asit

EDTA: Etilen Diamin Tetra Asetik Asit

g: Gram

Gb: Gigabase (1 milyar baz çifti)

HCl: Hidroklorik Asit

ISSR: Inter- Simple Sequence Repeat

SSR: Simple Sequence Repeat

SNP: Single Nükleotit Polimorfizm

MAS: Marker Assisted Selection

MQ: Mapping Quality (Haritalama Skoru)

Myö: Milyon Yıl Önce

nM: Nanomolar

ml: Mililitre

mM: Milimolar

NaCl: Sodyum klorür

PCR: Polimeraz Zincir Reaksiyon

PVP: Polivinil Prolidon

rxn: Reaksiyon

QTL: Quantitative Trait Loci

RAPD: Random Amplified Polymorphic DNA

RFLP: Restriction fragment length polymorphism

μM: Mikromolar

GBS: Genotyping by sequencing

1. GİRİŞ

Pistacia türleri Anacardiaceae familyasına ait olup bu familyada kaju (*Anacardium occidentale* L.), mango (*Mangifera indica* L.), ambarella (*Spondias dulcis* Forst.), zehirli sarmaşık ve zehirli meşe (*Toxicodendron* spp.), biber ağacı (*Schinus* spp.) ve sumak (*Rhus* spp.) gibi cinslerin de dahil olduğu yaklaşık olarak 73 cins ve 600 türden meydana gelmektedir. *Pistacia* cinsi de kendi içinde on ikiden fazla türden oluşmaktadır. Bunlar türler *P. mexicana* H.B.K. *P. texana* Swingle, *P. lentiscus* L., *P. atlantica* Desf., *P. chinensis* Bunge, *P. terebinthus* L. (alt türlerle birlikte *P. palaestina* Bois), *P. khinjuk* Stocks (sin. *P. integerrima* Stewart), *P. formosana* Mats, (sin. *P. philippinensis*), *P. mutica* Fisher ve Meyer, *P. cabulica* Stocks, *P. vera* L., ve *P. oleosa* Lour Willd.'dir (Hormaza ve ark., 2007).

Antepfıstığının anavatanı, Orta Asya'nın kurak bölgeleridir. İran'da antepfıstığının 3000-4000 yıldır yetiştiriciliği yapılmaktadır. Çok eski dönemlerde Romalılar tarafından Akdeniz'den Avrupa'ya götürülmüştür. Antepfıstığı yetiştiriciliği batıya doğru İtalya, İspanya ve diğer Akdeniz bölgelerine Güney Avrupa, Kuzey Afrika ve Orta Doğu'nun yanı sıra Çin'e ve daha yakın zamanda Amerika Birleşik Devletleri'ne ve Avustralya'ya kadar yayılmıştır (Maggs, 1973). Günümüzde antepfıstığı genellikle 30-45 güney-kuzey paralellerinde ve çoğunlukla kuzey yarım kürede mikroklima olarak adlandırılan alanlarda yetiştiriciliği yapılmaktadır (Tunalıoğlu ve ark., 2003).

FAO verilerine 2021 yılı dünyada antepfıstığı toplam üretimine bakıldığında 915.718 ton olduğu, bu üretimin %39.76'lık kısmını ABD, %28.17'lik kısmı İran, %15.85'lik kısmı ise Türkiye oluşturmaktadır (FAO, 2021). 2023 yılı Türkiye antepfıstığı üretimi 176 ton'dur (TÜİK,2023). Bu üretimin büyük bölümünü Güneydoğu Anadolu bölgesinde Şanlıurfa, Gaziantep, Siirt ve Adıyaman illerinden yapılmaktadır. Üretimin yapıldığı bu iller antepfıstığı toplam üretiminin yaklaşık olarak %90-95'ini karşılamaktadır (TÜİK, 2023).

Antepfıstığı (*Pistacia. vera* L.) güney-orta Asya'dan güney Avrupa ülkelerine, Kuzey Afrika ve Orta Doğu, Amerika Birleşik Devletleri ve Avustralya gibi dünyanın birçok yerinde diğer meyve türleri için uygun olmayan topraklarda yetişebilmekte ve ayrıca ekstrem ekolojik koşullara dayanıklılık göstermektedir (Bellomo ve ark., 2007; Hojjati ve ark., 2013). Antepfıstığı (*P. vera* L.) çok çeşitli toprak tiplerine yetişebilmesine rağmen, nispeten derin, hafif veya kuru, kireç içeriği yüksek kumlu tınlı toprakları tercih etmektedir. Bunun yanı sıra antepfıstığı su ve topraktaki tuzluluğa toleranslıdır (Sepaskhah ve ark., 1985; Whitehouse, 1957).

Pistacia türleri içerisinde sadece *Pistacia vera* L. yenilebilir meyveleri önemli ölçüde ticari öneme sahipken diğer *Pistacia* türleri doğada yabani olarak yetişmekte ve tohumları *P. vera* L.'ya anaç olarak kullanılmaktadır. Ayrıca nadir de olsa sabun yapımında, yağları çıkartılarak ve çerezlik olarak da tüketilmektedir (Kafkas ve Perl-Treves, 2001; Zohary, 1972).

Pistacia cinsleri hakkında bugüne kadar morfolojik ve genetik birçok çalışma yapılmıştır. *Pistacia* cinsinin ilk taksonomik çalışma Engler (Zohary, 1952) tarafından 8 tür ve birkaç varyete

ile yapılmıştır. Daha sonra farklı araştırmacılar tarafından birkaç tür daha eklenmiştir. Şimdiye kadar en kapsamlı morfolojik çalışma Engler (Zohary, 1952) tarafından yaprak ve meyve özelliklerine göre İsrail’de 11 *Pistacia* cinsi arasında yapmış ve bu türleri dört alt bölüme ayırmıştır. Bunlar 1) Lenticella Zoh. —, *P. mexicana* HBK, *P. texana* Swingle; 2) Eu-Lentiscus Zoh.—*P. lentiscus* L., *P. erinmanniolia* Poison, *P. saportae* Burnat; 3) Butmella Zoh. — *P. atlantica* Desf, 4) Euterebinthus—*P. terebinthus* L., *P. palaestina* Bois., *P. khinjuk* Stocks, *P. vera* L., ve *P. chinensis* Bge. Yaltirik, (1967), daha sonra Türkiye’de *Pistacia* cinslerini sınıflandırmış, *P. atlantica* var. *Kurdica* Zoh.’yi farklı bir tür olarak tanımlamış ve *P. eurycarpa* olarak adlandırmıştır.

Parfitt ve ark (1997) yaptıkları çalışmada, *Pistacia* türlerini yaprak morfolojisi ve coğrafi dağılımına dayanarak sınıflandırmıştır. Araştırmacılar bu filogenetik ilişkiyi belirlemek amacıyla RLFP moleküler tekniğini ve 10 *Pistacia* türünü kullanmışlardır. *P. vera*’nın en eski tür olduğu belirlenmiştir. Bir Asya türü olan *P. weinmannifolia*, yeni Asya türleri olan *P. texana* ve *P. mexicana* ile en yakın tür olduğu belirlemişlerdir. *P. integerrima* ve *P. chinensis*’in farklı türler olduğu ve aynı grupta yer aldığı ve *P. vera*, *P. khinjuk* ve *P. mexicana* ve *P. texana* türleri arasında farklılık bulunamadığı ve aynı tür olabileceği belirtmişlerdir. Araştırmacılar yaprak boyutları büyükten küçüğe doğru ve az sayıda büyük yaprakçıklı yapraklardan çok sayıda küçük yaprakçıklı yapraklara doğru bir evrimsel eğilim olduğu bildirilmişlerdir.

Kafkas ve Perl-treves (2001) tarafından yapılan moleküler ve morfolojik çalışmada, *P. eurycarpa*’nın farklı bir tür olduğu ve *P. atlantica*’ya yakın bir tür olduğu belirlemişlerdir. Araştırmacılar ayrıca Siirt ilinde yerel halk tarafından buttum diye bilinen türün *P. eurycarpa* olduğunu tespit etmişlerdir. Aynı araştırmacılar RAPD moleküler markör tekniğiyle 9 farklı *Pistacia* türünün filogenetik ilişkisini belirlemişlerdir. Çalışma sonucunda *P. vera*, *P. khinjuk*, *P. eurycarpa*, *P. atlantica* ve *P. integerrima* aynı grupta kümelenirken, *P. terebinthus*, *P. palaestina*, *P. mexicana* ve *P. lentiscus* başka bir grupta kümelenmiştir. Bu çalışmada ayrıca *P. eurycarpa*’nın *P. atlantica*’dan farklı bir tür olduğu da tespit edilmiştir.

Benzer diğer bir çalışmada, farklı bölgelerden toplanan 31 yabani *Pistacia* türü (*P. eurycarpa*, *P. khinjuk*, *P. atlantica*, *P. mutica*, *P. integerrima*, *P. terebinthus*, *P. palaestia*, *P. mexicana*, *P. lentiscus*, *P. atlantica* x *P. integerrima* melezleri ve dört farklı *P. vera* L. çeşidinin filogenetik ilişkisi incelemişlerdir. Araştırmacılar *P. vera*, *P. khinjuk*, *P. eurycarpa*, *P. atlantica*, *P. mutica*, *P. integerrima* ve *P. atlantica* x *P. integerrima* hibritleri aynı grupta kümelenirken, *P. palaestina*, *P. terebinthus*, *P. mexicana* ve *P. lentiscus*’un farklı bir grupta kümelendiğini belirtmişlerdir (Kafkas, 2006). *P. atlantica*, *P. eurycarpa*, *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* gibi yabani *Pistacia* türleri Anadolu’nun hemen her yerine yayılım göstermiştir. Dünyada ise bilinen diğer *Pistacia* türleri *P. integerrima* Stewart ve *P. chinensis* Bunge’dir (Kafkas ve ark., 2006). Ülkemizde yayılım gösteren *Pistacia* türleri farklı bölgelerde sakız, buttum, melengiç, çıtlak, çitlenbik, çedene, gizvan ve teftere gibi birçok farklı isimle adlandırılmaktadır (Kaska ve ark., 1988).

anaçlar sulama yapılmayan koşullarda anaçlık özellikleri karşılaştırıldığında bu türler arasında farklılıklar bulunmamıştır.

Diğer yandan antepfıstığı yetiştiriciliğinde kullanılan anacın, mineral emilimi üzerindeki rolü ve meyve kalitesi üzerindeki etkisi (Tavallali ve ark., 2007), çeşidin büyüme gücünü (Shamshiri ve ark., 2014), mineral beslenmesini (Karimi ve ark., 2016b) ve bağıl su durumunu ve su kullanım verimliliği (Gijón ve ark., 2010; Karimi ve ark., 2016) etkilediği çalışmalar bulunmaktadır. Bu nedenle *Pistacia* anaçları antepfıstığı yetiştiriciliğinde önemi ön plana çıkmaktadır.

Pistacia türleri içinde önemli türlerden biri *P. terebinthus*'tur. *P. terebinthus* ve *P. palaestina* arasındaki yüksek morfolojik benzerlik nedeniyle bu iki tür *P. terebinthus* türleri altında *P. terebinthus* subsp. *terebinthus* ve *P. terebinthus* subsp. *palaestina* olarak sınıflandırılmıştır (Yaltirik, 1967). *P. terebinthus* Kaliforniya'da (Ayfer, 1990) ve Akdeniz bölgesinin bazı kısıtlı bölgelerinde (Perrino ve ark., 2013) büyük ağaçlar şeklinde olmasına rağmen, Türkiye'de çalımsı bir ağaç olarak bilinmekte ve ağaç formu, meyve ve yaprak gibi özellikleri nedeniyle geniş bir varyasyon göstermektedir. Türkiye'nin yaygın olarak batı ve güney bölgelerinde yetişmekte ve melengiç ağacı olarak da bilinmektedir. Ağaççık veya çalı formunda kışın yapraklarını dökmektedir. Genel olarak yavaş büyümekte ve fazla boylanmamaktadır (Baytop, 1968). *P. terebinthus* nematodlara dayanıklılığı ve toprak kökenli mantarlara karşı dayanıklılığı nedeniyle antepfıstığı (*P. vera* L.) yetiştiriciliğinde kullanılan önemli bir türdür (Yardımcı, 1973). *P. terebinthus* (melengiç) adaptasyon yeteneği yüksek olduğundan, hem nemli ve bol yağışlı Akdeniz ikliminde yetişebildiği gibi, az yağışlı karasal iklimde de yetişebilmektedir. Ayrıca kayalık, taşlı, kireçli ve kırıç gibi farklı toprak koşullarına uyum sağlamıştır. Kuraklık ve soğuğa dayanımı yüksektir (Ak, 2014). Melengiçlerde yaprakçık sayısında çok fazla varyasyon olmakla birlikte genelde 4-6 çifttir. Meyveler salkım halinde ve boyutları küre şeklinde olup yaklaşık 5-6 x 4-6 mm'dir. Melengiç tohumlarından elde edilen bitkilerin kök nematodlarına karşı daha dayanıklı olduğu bildirilmiştir (Joley, 1969). Fidanlık özelliği incelendiğinde yavaş büyüme göstermekte bu nedenle bahçe kurulumunda tercih edilmemektedir. Fakat diğer *Pistacia* türlerine göre kuvvetli kök sistemine sahiptir. Ayrıca zayıf ve bodur özelliği sayesinde aşılandığı takdirde üzerindeki çeşit bol ve kaliteli ürün vermektedir (Tekin ve ark., 2001). Bir diğer çalışmada *P. terebinthus* üzerine aşılanan çeşitte verime erken gelme ve verim yönünden *P. vera*, *P. khinjuk*, *P. atlantica* türlerine göre daha iyi sonuç vermiştir (Arpaci, 1999).

P. lentiscus türü, *Pistacia* türlerine en uzak türdür (Kafkas ve ark., 2006). Bu tür çalı ya da ağaççık formunda bir bitki olup kuraklık ve tuzluluğa dayanıklı yapısıyla maki vejetasyonunun önemli bir üyesi konumundadır (Boztok, 2007) ve tipik bir kıyı Akdeniz iklimi bitkisidir. Doğu Akdeniz'den Kanarya Adaları'na kadar tüm Akdeniz kıyılarında yayılış göstermektedir (AL-Saghir, 2010). Sakız ağaçlarında yapraklar, genellikle 2-4 adet çift yaprakçıktan oluşur ve terminal yaprakçık taşımaz yani paripinnat yapıdadır. Sakız ağaçları yaprakçık şekilleri açısından

incelendiğinde geniş bir varyasyon göstermektedir. Bununla birlikte yabancı genotipleri ile *P. lentiscus* chia varyetesini yaprak şekilleri açısından ayırmak mümkün değildir. Yapılan bir çalışmada, Ege Bölgesi'nde doğal yayılış gösteren *P. lentiscus* genotiplerinde morfolojik ve moleküler analizlerde tespit edilen yüksek polimorfizm, bu bölgenin *P. lentiscus* için önemli gen merkezlerinden biri olduğunu belirlenmiştir (Serttaş ve ark., 2018). Sakız ağacının ülkemizde 10'dan fazla klonu bulunmaktadır. Ülkemizde yaygınlaşan klon Sakız Adası'nda 'Maroulitis' olarak anılan klon ile benzeşmektedir. Yaprakları ucundan hafif girintili, obovat şeklinde ve geniş, iri yaprakçıklarıyla ayırt edilebilmektedir. Bu türün ayrıca bir botanik varyetesi olan *P. lentiscus* var. chia Duham., yüzyıllardan beridir sadece Sakız Adası'nın güneyinde, damla sakızı (mastik) üretimi amacıyla yetiştirilmektedir (Heikrujam ve ark., 2014). Reçine primer floem tabakasında bulunan reçine kanallarını çevreleyen bir dizi salgı hücresinde üretilir (İsfendiyaroğlu, 1999) ve temmuz-eylül arası dönemde gövde ve kalın dallarda yara yerlerinin açılması ile bu kanallardan reçine elde edilmektedir. Dioik bir bitki olan sakız ağacının sadece erkek bitkileri reçine üretiminde kullanılmaktadır. *P. lentiscus*'un yaprak, sürgün ve reçinesinin bileşiminde bulunan yüksek eterik yağ ve α -tocopherol gibi bileşenler nedeniyle kozmetik, eczacılık ve gıda endüstrilerinde yaygın şekilde kullanılan bir tıbbi aromatik bitkidir (Chadzopulu ve ark., 2011). Sakız bahçeleri genelde 5x2, 5x2,5 m sık dikim mesafelerinde kurulmaktadır (Kılıç ve ark., 2019) ve sadece erkek ağaçlar kullanılmaktadır. Ağaçlar genelde çalılışma eğiliminde olduğundan her yıl düzenli budama yapılması gerekmektedir. Bu tür doğal koşullarında yavaş büyümekte ve tam erişkinliğe ise yaklaşık 50-60 yıl sonra ulaşmaktadır (Perikos, 1993). Budamalar sonucunda ağaç şekli şemsiye veya yuvarlak bir form almaktadır. Sakız ağacı yetiştiriciliğinde dikimden en az 6-7 yıl sonra sakız hasadına başlanmaktadır. Ekonomik anlamda önemli olan *P. lentiscus* chia varyetesi sadece Yunanistan'ın Sakız Adası'nın güneyinde ve Türkiye'nin batısında yer alan Çeşme Yarımadası'nın belli yerlerinde kültüre alınmıştır (Baytop, 1968; İsfendiyaroğlu, 1999; Zohary, 1972). Çeşme bölgesi poyraza kapalı olmasına rağmen nemli bir iklime sahiptir. Bu bölgenin yüksekliği 500 m aşmamakla birlikte rüzgâra açık bir bölgedir. Işığın etkisiyle gövde ve kalın dallardaki sakız akışını kolaylaşmaktadır (Browicz, 1987; Koç, 2011). *P. lentiscus* türüne ait erkek ağaçlar normal koşullarda dişi ağaçlara göre daha yüksek fotosentetik kapasiteye sahipken, kuraklık stresi maruz bırakıldıklarında ise benzer oranda fotosentetik kapasite ve daha düşük su kullanım etkinliğine sahiptir (Nicotra ve ark., 2003). Günümüzde Yunanistan sakızın tek üreticisi konumunda olan ülke olup, sakız üretim miktarı uzun yıllardan beri 120-140 ton civarında sınırlandırmıştır. Üretimin önemli bir bölümü ise ihraç edilmektedir.

Meyve ağaçlarında anaç ıslahı programlarında gençlik kısırlığının uzun zaman alması nedeniyle ıslah programları uzun zaman almaktadır. *Pistacia* türleri incelendiğinde ise bu süre çok daha uzun bir süreyi kapsamaktadır (Kafkas, 2019). *Pistacia* türlerinden *P. terebinthus* ve *P. lentiscus* türlerinde ıslah çalışmalarında melez tohum çimlendikten sonra yapılabilecek seleksiyon, ıslah süresinin kısaltılmasını, maliyetin azalmasına, daha fazla materyalle çalışılabilmesine ve

sonuçta daha kısa sürede daha fazla alternatifli anaçlık tohum kaynaklarının geliştirilmesini sağlayacaktır. Bu nedenle, antepfıstığı için tür içi veya türler arası melezlemeler ile anaçlık özellikleri iyi olan yeni tohum kaynaklarını ortaya çıkarmak ve geliştirmek için marköre dayalı seleksiyon çalışmaları ıslah programlarının bir parçası olmalıdır. Ancak, yabancı *P. terebinthus* ve *P. lentiscus* anaç ıslahı çalışmalarında kullanmak için geliştirilmiş ve %100 çalışan bir cinsiyet markörü literatürde bulunmamaktadır. Bu amaçla bu türlerde ıslah süresini ve maliyetini azaltacak yeni bilimsel yöntemlere ihtiyaç duyulmaktadır. Ayrıca *Pistacia* türleri dioik yapıda olduğundan melezleme sonrası elde edilen bitkilerin %50'si dişi ve %50'si erkek olduğu düşünüldüğünde, tür içi veya türler arası melezleme sonrası cinsiyetin belirlenmesi oldukça önemli olmaktadır. Ayrıca bu türlerde gençlik kısırlığının çok uzun sürmesi nedeniyle bu konunun önemini arttırmaktadır.

Ayrıca *Pistacia* türlerinde yapılan son dönem çalışmalarda anaç cinsiyetinin çöğür gelişiminde etkilerini belirten çalışmalar yapılmıştır. Farklı araştırmacılar dişi ve erkek bitkilerde tuzluluk ve kuraklığa karşı farklı toleransa sahip olduğu bildirmiştir. Bir çalışmada (Correia ve ark., 2000), laboratuvar ve çiftlik koşullarında *P. lentiscus* türüne ait erkek ve dişi ağaçları arasındaki farklılıkları incelemişler ve çiftlik koşulları ile laboratuvar koşullarında CO₂ asimilasyon hızı ve stoma iletkenliğini eşit iken, çiftlik koşulları altındaki dişi bitkiler erkeklerden daha fazla strese etkilenmiş, bunun da dişi ve erkek bireylerin gelişiminde farklılıklara neden olduğu bildirilmiştir. Karimi ve ark (2016), *Pistacia vera* cv. 'Badami-Riz-e-Zarand'nin dişi ve erkek bitkilerini farklı dozlarda tuzluluk stresine (30 mM, 60 mM, 90 mM, 120 mM) maruz bırakmışlardır. Araştırmacılar, fidanların cinsiyetlerine göre tuzluluk koşullarına dayanımın farklılık gösterdiğini ve erkek antepfıstığı anaçları dişilere göre tuzluluğa daha iyi tolerans gösterdiğini belirlemişlerdir. Bununla birlikte bazı araştırmacılar da benzer şekilde dişi ve erkek bitkilerde tuzluluk ve kuraklığa tolerans düzeylerinin farklı olduğu bildirilmiştir (Böhlenius ve ark., 2006; Jiang ve ark., 2012; Zhang ve ark., 2012).

Antepfıstığında anaç cinsiyeti önemli olduğundan fidan aşamasında cinsiyetin bilinmesi önemli olacaktır. Bu ilk bakışta binlerce bitki için uygulanması zor ve maliyetli görünse de yeni nesil DNA analiz teknolojisi sayesinde bu daha uygun maliyetle ve yapılması mümkün olduğunu bize göstermektedir. Bununla birlikte, antepfıstığı bahçelerinin ömrünün çok uzun olması dikkate alındığında doğru bir anaç X kalem kombinasyonu ile bahçe kurulması hem üretici hem de ülkemiz antepfıstığı yetiştiriciliği ve üretimi açısından önemi daha iyi ortaya çıkmaktadır.

Geleneksel olarak belirli bir fenotipik özellik ile ilişkili markör geliştirme hem zaman alıcı hem de yoğun laboratuvar iş yükü gerektirmektedir. Günümüze kadar araştırmacılar, bitkilerdeki farklılıkları DNA düzeyinde tespit etmek ve izlemek için moleküler markörler geliştirmiş ve kullanmışlardır (Botstein ve ark., 1980). SSR, InDels ve SNP'ler şimdiye kadar keşfedilen üç ana allelik varyasyonu olmasına rağmen, bu üç varyasyon türünden kaynaklanan polimorfizmleri saptamak için çok sayıda moleküler markör geliştirilmiştir (Gupta ve ark., 1999). Tek nükleotid polimorfizmlerine (SNP'ler) dayalı markörler genomlardaki çok sayıda bulunmaları ve yüksek

kapasiteli sekanslama cihazlarına uyum sağlamaları nedeniyle son yıllarda moleküler genetikte önemli hale gelmiştir. SNP tekniği bir pürin bazının (A veya G) diğer pürin veya primidin bazıyla (C ve T) veya primidin bazının diğer bir primidin veya pürin bazıyla değişimlerini içermektedir (Sönmezoğlu ve ark., 2010). Tek nükleotit polimorfizmi canlılarda en yaygın DNA polimorfizm tipi olup aynı zamanda yüksek sıklıklı oluşmaktadır. Antepfistığında yapılan bir çalışmada, Siirt dişi çeşidi ile Bağyolu erkek çeşidi arasında her 449 baz çiftinde ortalama bir SNP belirlenirken (Kafkas ve ark., 2015) , buğday genomunda 370 -540 baz çiftinde ortalama bir ve mısırdada ise her 104 baz çiftinde ortalama bir SNP belirlenmiştir (Somers ve ark., 2005).

Yeni yaklaşımlar ile halka açık veri tabanlarında sürekli artan sekans bilgisi nedeniyle SNP belirleme yöntemleri artmıştır. Bununla birlikte, karmaşık genomlar çeşitli özelliklerle ilişkili SNP markörleri belirlemede sorun oluşturduğu bilinmektedir. Birçok genotipleme platformu ve kullanılan kimyasallar SNP'lerin kullanımını daha popüler ve verimli hale getirmektedir (Mammadov ve ark., 2012).

SNP markörlerinin kullanımı bitki genetik analizinin hızında ve kesinliğinde büyük gelişim yaratmış ve bu da bitkilerde moleküler ıslahın uygulanmasını kolaylaştırmıştır. Farklı bitkilerde SNP array'lerin geliştirilmesi ile laboratuvarlarda yaygın kullanılan geleneksel markörlerin getirdiği iş yükünün azalmasını sağlamıştır. SNP array'lerin oluşturulması yüksek maliyet gerektirmektedir. Bununla beraber buğday, mısır gibi yaygın yetiştirilen tarla bitkilerinde ve elma gibi yaygın yetiştirilen meyve türlerinde geliştirilmesi daha ekonomik olmaktadır. Ayrıca antepfistığında SNP array bulunmamaktadır.

Sanger ve ark (1977) tarafından geliştirilen Dideoxy dizileme yöntemi son birkaç on yılda biyoloji bilimlerinin gelişimine önemli ölçüde katkıda bulunmuştur. Bununla birlikte, bu yöntemin yüksek maliyet ve düşük verim nedeniyle, daha fazla türün de novo dizilimi, tam genom yeniden dizilime (resequencing) ve derin dizilime (deep sequencing) dahil olmak üzere büyük ölçekli genom dizilimi projelerine kullanımını sınırlamıştır. Bu nedenle, yüksek hızı, yüksek verimi ve düşük maliyeti ile karakterize edilen ikinci nesil dizileme teknolojisi ortaya çıkmıştır (Metzker, 2010; Shendure ve ark., 2008).

2005 yılından beri, yeni nesil dizileme teknolojilerinin genomik çalışmalar üzerinde muazzam bir etkisi olmuştur. Kısa sürede, ucuz maliyetle çok sayıda SNP markörü geliştirmek amacıyla Sekanslama Yoluyla Genotiplendirme (GBS; Genotyping by Sequencing) yöntemi geliştirilmiştir (Elshire et al., 2011). Bu yöntemle çok sayıda SNP lokusu belirlenmekte ve bunlar haritalanmaktadır. Günümüzde bu amaçla farklı yaklaşımlar bulunmaktadır. Standart GBS tekniğine göre sekanslama ile 0.3x-2x yoğunluğunda iken (Pootakham ve ark., 2015) RAD (Restriction-site Associated DNA) sekanslama yönteminde ise 2x-3x yoğunluğunda sekanslama verisi elde edilmektedir (Kafkas ve ark., 2015). Bu yöntemde kesim enzimleri kullanıldığından genom küçültülerek sekanslama yapılmaktadır. GBS ve RAD gibi yöntemlerde tüm genomu kapsayacak şekilde çok yoğun markör elde edilemediğinden, bu yöntemlerle elde edilen sekanslarla

genomde yapısal deęişiklikler belirlenemediğinden, genotipleme aşamalarındaki çok sayıda eksik veri ve genotiplemedeki hatalar gibi dezavantajları bulunmaktadır (Andrews ve ark., 2016).

Yeni nesil dizileme (NGS) teknolojileri son zamanlarda tüm genom dizileme (Whole Genome Re-sequencing; WGRS), tür içi çeşitliliği keşfetmek, haplotip haritalar oluşturmak, genom boyunca ilişkilendirme çalışmaları (genome-wide association studies) için çok sayıda SNP bulmak amacıyla kullanılmaktadır (Metzker, 2010).

Tüm genomu kapsaması, çok daha sayıda SNP markörü elde edilmesi ve zamanla ucuzlamasından dolayı GBS/RAD yöntemlerine göre, tüm genom sekanslama günümüzde yaygın kullanılmaya başlanmıştır.

Genom yapısı, işlevi ve evrimi hakkındaki bilgilerimizin çoğu sekans verilerine bağlıdır. Farklı için türler için artan sayıda yüksek kaliteli referans genom dizilerinin mevcudiyeti (Kafkas ve ark., 2023; Palmer ve ark., 2023), genetik varyasyonu benzeri görülmemiş bir ölçekte incelemek için yeni bir fırsat sağlamaktadır.

Yeni nesil sekanslamanın dezavantajlarından olan yüksek fiyat ve zaman alıcı kütüphane hazırlığı günümüz fiyatlarının düşmesi ve kütüphane hazırlığının otomasyonu sayesinde ortadan kalkmıştır. Bu sayede günümüzde WGRS çalışmaları pirinçte (Huang ve ark., 2012; Wang ve ark., 2014), sorgumda (Mace ve ark., 2013), domates (Lin ve ark., 2014) gibi birçok bitkide bildirilmiştir.

Her bireyin sekans verileri uygun referansa göre haritalanmakta ve farklı bireyler arasındaki genetik varyasyonlar, yüksek güvenilirli sekans farklılıkları olarak tespit edilebilmektedir (Sachidanandam ve ark., 2001). WGRS ile mutasyon tespit etme çalışmalarında referans genom kullanıldığında elde edilen markör sayısı, referans kullanılmadığı duruma göre daha yüksek olmaktadır. Örneğin, referans genom kullanıldığında mısırdaki (Chia ve ark., 2012; Jiao ve ark., 2012) 55 milyondan fazla SNP, pirinçte 18.9 milyon SNP (3000 Rice Genomes Project, 2014), kirazda 1.88 milyon SNP (Xanthopoulou ve ark., 2020), kayısıda 177.599 adet SNP (Marette ve ark., 2016), tespit edilmiştir. NGS teknolojilerini kullanan araştırmalarda en önemli husus, doğru genotiplere sahip SNP bölgeleri elde etmektir. Bulunan SNP'ler yalnızca küçük bir kısmı yanlış genotiplenirse, bu kökten farklı sonuçlara yol açabilmektedir. Bir popülasyondaki her birey için doğru genotipler elde etmek amacıyla, her birey için daha yüksek sekanslama yoğunluğu olası bir çözümdür. Song ve ark (2016), yüksek doğrulukta yeterli sayıda SNP elde etmek için 15x'lik bir coverage değerini uygun olduğunu tespit etmişlerdir.

Bunların yanı sıra, WGRS ile kısa InDel bölgeleri; uzun ekleme, uzun delesyon/silme, inversiyon, duplikasyon ve translokasyon gibi genomdaki yapısal deęişiklikler (structural variation; SV) de belirlenmektedir. Böylelikle çalışılan özelliğin yansıran genom yapısı hakkında daha fazla bilgiye ulaşılabilmektedir (Alzaid ve ark., 2018).

Genomda yapısal deęişikliklerin belirlenmesinde ‘read depth’ (RD), ‘Read Pair’ (RP), ‘Split reads’ (SR) ve ‘Assembly-based’ (AS) algoritmalarından bir veya birkaçını kullanan yazılımlar kullanılmaktadır.

‘Read depth’ (RD), yaklaşımları, eşleme derinliğinde rastgele bir dağılım varsayar ve duplikasyonları ve delesyonları vurgulamak için bu dağılımdan sapmayı araştırmaktadır (Magi ve ark., 2012). Duplike/amplifiye bölgelerin dizilenmesi daha yüksek okuma derinliği gösterirken, silinmiş bölgeler normal (örn. diploid) bölgelere kıyasla daha düşük okuma derinliği gösterir.

Split-read (SR) yöntemleri, yapısal farklılıkların tek baz çifti çözünürlüğünde tespit edilmesini sağlar. Bir yapısal farklılığın kırılma noktasının varlığı, referansla hizalamayı bozan bölünmüş bir sekans-okuma dizisi temelinde araştırılır. Okumadaki bir boşluk, bir silme (delesyon) varlığına işaret iken referanstaki uzamalar eklemeleri (insersiyon) yansıtır.

‘Read Pair’ (RP) yöntemleri, çift uçlu okumaların yayılma ve yöneliminin değerlendirilmesine dayanır. Okuma çiftlerinin eşleşme açıklığı ve/veya yöneliminin beklenen ekleme boyutuyla tutarsız olduğu uyumsuz çiftler toplanır. Bu yaklaşımla çeşitli yapısal deęişiklik sınıfları araştırılabilir. Birbirinden çok uzakta eşlenen okuma çiftleri silme işlemleriyle ilişkilendirilirken, beklenenden daha yakın bulunanlar ekleme işlemlerinin göstergesidir. Ayrıca, oryantasyon tutarsızlıkları inversiyonları ve belirli bir rastgele duplikasyon sınıfını temsil edebilir.

Teorik olarak, tüm yapısal varyasyon biçimleri de novo assembly (AS) yöntemleri ile araştırılabilir. De novo assembly, kısa parçaların örneklendięi orijinal diziyi yeniden birleştirmek için kısa parçaların birleştirilmesi ve sıralanması anlamına gelir (Earl ve ark., 2011). NGS verilerinin (kısa) okuma uzunluğu gibi kendine özgü özellikleri, varyant araştırması için AS yaklaşımlarının kullanımını sınırlamaktadır. Yapısal deęişikliklerin ortaya çıkarılmasında özellikle farklı algoritmaların birlikte kullanılması önerilmektedir. Yeni yazılımlar ile farklı yaklaşımların ile genomlardaki mutasyonların tespitine yönelik çalışmaların devam edeceğini, bunun da ileride tüm genom sekanslama (WGRS) ile markör geliştirme çalışmalarında büyük avantaj sağlayacaktır. 200 familyaya ait 960 cins içerisindeki 14.000 tür dioik çiçek yapısına sahiptir (Renner, 2014). Bu sayı kapalı tohumlu bitkilerin %6’sına denk gelmektedir.

Cinsiyet kromozomlarının otozomlardan meydana geldięi ve bunların evrim süreci içerisindeki mutasyonlar sonucunda farklılaşarak XY veya ZW cinsiyet kromozom sistemlerinin ortaya çıktığı ve dioik bitkilerin orijininin hermafrodit (erselik) bitkiler olduğu hipotez edilmektedir (Bergero ve ark., 2009; B. Charlesworth, 1941; Muller, 1950).

Bitkilerde cinsiyetin belirlenmesinde temelde erkek bireylerin heterozigot ve dişi bireylerin homozigot olduğu XY sistemi ile dişilerin heterozigot ve erkek bireylerin homozigot olduğu ZW sistemi de bulunmaktadır.

Kivi (*Actinia chinensis*), kuşkonmaz (*Asparagus officinalis*), papaya (*Papaya carica*) ve hurma (*Phoenix dactylifera*) XY sistemine sahip iken, kavak (*Populus trichocarpa*) yabani çilek (*Fragaria virginiana*) ve *Ginkgo biloba* türleri ZW cinsiyet sistemine sahiptir. Bazı bitki türlerinde

cinsiyet kromozomları homomorfik (kivi ve kuşkonmaz) özellikte iken, bazı bitki türlerinde ise heteromorfik (*Silene latifolia* ve *Coccinia grandis*) özelliğe sahiptir (Charlesworth, 2016; Ming ve ark., 2011).

Bitkilerdeki cinsiyet kromozomlarının evriminde ilk aşama, bitkilerin çiçek organlarında kısırlığa neden olan mutasyonların meydana gelerek erkek ve dişi bitkilerin ortaya çıkmasıdır. Söz konusu mutasyonların evrim sürecinde sık ve tekrar ederek oluşmakta olduğu belirtilmiştir. Stamen ve karpelin büyüme ve gelişmesinde birçok genetik olay gerçekleşmekte ve farklı gelişme dönemlerinde veya bu dönemlerin birinde meydana gelen mutasyonlar dişide erkek veya erkekte dişi organın fonksiyonunun kaybedilmesine neden olmaktadır (Zhang ve ark., 2005).

Farklı araştırmacılara göre dioik bitkilerin ortaya çıkması için iki farklı mutasyonun oluşması gerekmektedir. Birinci mutasyonun erkek organ kısırlığına, diğer mutasyonun ise dişilerin kısırlığına neden olması beklenir. Mutasyonlara sebep olan genler aynı kromozom üzerinde ve birbirleri ile bağlantılı, baskın ve tamamlayıcı olduklarında dioik bitkiler ortaya çıkmaktadır. Cinsiyet kromozomlarının fonksiyonel olması için bu genlerin baskın ve tamamlayıcı genler olması gerekmektedir. Örneğin erkeklerin heterozigot olduğu XY sisteminde dişilik XX kromozomları tarafından kontrol edilir ve erkek organdaki bir mutasyon (örneğin resesif) erkek organın görevini yapamaz duruma getirir. Y kromozomu erkek organların fonksiyonel olmasını sağlayan bir allel (örneğin dominant) ile farklı bir lokusta dişi organ gelişmesini baskı altına alan diğer bir alleli içerir. Başka bir ifadeyle, Y kromozomu cinsiyeti belirleyen iki farklı genin fonksiyonel allellerini içerirken, X kromozomu her iki genin resesif allellerini içerir (Charlesworth, 2016; Ming ve ark., 2011).

Cinsiyet kromozomlarının evriminde önemli konulardan biri cinsiyeti belirleyen iki gen arasında kalan bölgenin rekombinasyon baskısında (recombination suppression) olmasıdır. Delesyonlar, translokasyonlar, duplikasyonlar, DNA metilasyonu gibi olaylar rekombinasyon baskısını teşvik eder. XX (veya ZZ) arasında normal olarak rekombinasyonlar meydana gelirken, XY (veya ZW) kromozomları arasında rekombinasyon baskısı meydana gelir. Yani, Y kromozomunda erkeğe özgü bölgede (MSY; male specific), W kromozomunda dişiye özgü bölgede (FSW; female specific) rekombinasyon baskısı oluşur. Buradaki rekombinasyon baskısı, W (veya Y) kromozomundaki dizinin Z (veya X) kromozomundaki karşılığının olmamasından kaynaklanmaktadır. Cinsiyeti belirleyen iki genin tam olarak rekombinasyon baskısı altına girmesi ile cinsiyet kromozomları oluşmaya başlar. Y kromozomunun (veya W) dejenerasyonu bu şekilde sürekli ve dereceli olarak Y kromozomu kayboluncaya kadar devam etmektedir (Deborah Charlesworth, 2016; Ming ve ark., 2011).

Pistacia türlerinden sadece *P. vera* türünde Kafkas ve ark (2015) ile Khodaeiaminjan ve ark (2017) çalışmalarında RAD sekanslama ile elde edilen cinsiyet lokuslarının dişi bireylerde heterozigot, erkek bireylerde ise homozigot olduğunda *P. vera* türünde ZZ/ZW sistemini ortaya koymuşlardır. Başka araştırmacılar tarafından *P. vera*'da yapılan moleküler sitogenetik çalışmayla

Kafkas ve ark (2015) ile Khodaeiaminjan ve ark (2017) ortaya koyduđu cinsiyet sistemini destekleyen bulgular elde etmişlerdir (Sola-Campoy ve ark., 2015).

Bu çalışma ile daha önce cinsiyet sistemi ortaya çıkarılmamış yeni nesil tüm genom re-sequencing sekanslama yöntemi ile *P. terebinthus* ve *P. lentiscus* türlerinde dişi ve erkek bireylerde cinsiyet spesifik markör geliştirme ve bu türlerde cinsiyet sistemi ortaya çıkarılması amaçlanmıştır.





2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

2.1. *Pistacia* Türlerinde Cinsiyetle İlişkili Kromozom Çalışmaları

Ghaffari ve ark (2002), İran'dan gelen *Pistacia* türlerinin ve alt türlerinin karyotip analizlerini yaptıkları çalışmada, *P. vera*'nın kromozom sayısı $2n = 30$ bulunmuştur. Bu kromozomlar dört metasentrik çift, sekiz submetasentrik çift ve üç akrosentrik çift olduğu tespit edilmiştir. Bir çift metasentrik kromozom heterokromatiktir. *P. khinjuk*'un ($2n=24$) karyotipi yedi submetasentrik çiftten ve bir çiftin heterokromatik olduğu beş metasentrik çiftten oluşmaktadır. *P. atlantica*'nın alt türlerinden cabulica, kurdica ve mutica türlerindeki somatik kromozom sayıları $2n=28$ olarak kromozom sayısı belirlenmiştir. Bunların üç metasentrik çift, dokuz submetasentrik çift ve iki akrosentrik çiftten oluşmaktadır. Üç alt türde, bir çift metasentrik kromozom heterokromatik olarak belirlenmiştir. Tüm türlerin ve alt türlerin karşılaştırılması sonucunda metasentrik kromozomlardan ikisinin bu türdeki cinsiyet kromozomu için aday olabileceğini göstermektedir.

Cinsiyet kromozomlarını belirlemek için *P. vera* L.'nin erkek ağaçlarının kromozom sayısı ve karyotip analizi için in vitro ortamda sürgünden elde edilen bitkilerin kökleri kullanılmıştır. Karyotip, karyogram ve idiogram analizleri için en iyi beş metafaz plate ölçümde kullanılmıştır. Kromozom çalışmalarından elde edilen sonuçlar göre, *P. vera* L.'nin metasentrik, submetasentrik, subtelosentrik ve telosentrik sentromerleri olan $2n = 30$ kromozom çiftine sahip olduğunu göstermiştir. Karyotip analizi ile *P. vera* L.'nin erkek ağaçlarının heteromorfik cinsiyet kromozomlarına (XY) sahip olduğunu ortaya çıkarılmıştır. Cinsiyet kromozomlarının en büyük kromozom çifti olduğu, diğer kromozom çiftlerinden farklı fiziksel özelliklere sahip olduğu tespit edilmiştir. (Tilkat ve ark., 2011).

Al-Saghir ve ark (2014) karyotipleme için floresan mikroskopu ile *P. atlantica*, *P. khinjuk*, *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinden alınan yapraklar kullanılmıştır. Analiz edilen tüm türler için kromozom sayısı $2n=30$ olarak bulunmuştur.

P. vera L., *P. terebinthus*, *P. atlantica* ve *P. eurycarpa* türlerinde kromozom çalışması yapan İla ve ark (2015) bu türlerin kök mitoz hücrelerini c-metafazında kullanmışlardır. Dört *Pistacia* türünün de kromozom sayıları $2n = 30$ olarak bulunmuştur

Sola-Campoy ve ark (2015) tarafından antepfistiğinde ilk moleküler sitogenetik karakterizasyon yapılmıştır. Karyotip in situ hibridizasyon (FISH) tekniği 5S ve 45S rDNAs, problemleri ve antepfistiğine özgü stellit DNA PIVE-40, PIVE-180 ve DAPI boyama ile antepfistiği karakterize edilmiştir. PIVE-180, 176-178 bp'lik bir monomerik yapıya sahip olduğu ve aile üyeleri arasında yüksek dizi homolojisi gösterdiği belirlenmiştir. PIVE-40, 43 bp'lik bir ortak monomerik birimine sahip olduğu bulunmuştur. Antepfistiği genomu epeyce heterokromatik ve çoğu kromozomda belirgin DAPI pozitif boyaları saptanmıştır. Kromozomları morfolojisine göre sınıflandırmanın zorluğuna rağmen, 15 çiftten 10'u ($2n = 30$), FISH problemlerinin bir kombinasyonu

kullanılarak ayırt edilebilmiştir. Belirgin bir şekilde HC1 olarak tasarlanan en büyük kromozom çifti farklı yoğunlaşma göstermektedir. Ayrıca bu kromozom birçok PIVE-40 tekrarlarından oluşmaktadır. Farklı PIVE-40 hibridizasyona sahip iki tip HC1 kromozomu (tip-I ve tip-II) vardır. Sadece heterozigotlar tip I/II ve homozigot bireylerde ise tip I bulunmaktadır. İki HC1 kromozomu arasındaki farklılaşmanın mayozda homolog rekombinasyonun baskılanmasından kaynaklandığını ve bunun sebebinin de PIVE-40 varlığı ve farklılığından kaynaklandığı belirtilmiştir. Bu antepfıstığında ZW cinsiyet belirleme sistemi ile uyumlu olduğu belirtilmiştir.

2.2. *Pistacia* Türlerinde Yapılan Cinsiyet Belirleme Çalışmaları

Pistacia türleri içinde *P. vera* L. türünün meyvesinin yoğun şekilde yetiştiriciliği ve ticareti yapıldığı için DNA markörü geliştirmek için genelde bu tür kullanılmıştır. Bu türde melezleme ıslahı çalışmalarında elde edilen F1 bireylerin yarısı dişi yarısı erkek olduğundan cinsiyet markörü geliştirme amacıyla birçok araştırmacı çalışmalar yapmıştır. Hormaza ve ark (1994), *P. vera*'da dişi spesifik RAPD markörü (OPO08₉₄₅) geliştirmiştir. Kamiab ve ark (2014b), bu RAPD primerini *P. vera* çeşitlerinde denemiş, %15 hatayla çalıştığı tespit etmişlerdir. Yakubov ve ark (2005a) , bu primerin *P. vera* türlerinin dişilerinde bant verdiği gibi bazı erkek bireylerde de benzer bant verdiğini tespit etmişlerdir. Araştırmacı aynı markörü SCAR markörüne dönüştürmüş ve taramıştır. Araştırmacılar SCAR markörünün dişi bireylere spesifik bant tespit etmiştir. Esfandiyari ve ark (2012a), RAPD ve SCAR primerlerini yabani *Pistacia* türlerinde dişi ve erkek bireylerde kullanmış ve dişi bireylerde bant verdiği bildirilmiştir.

Kafkas ve ark (2001), Türkiye'de *P. vera*'ya anaç olarak kullanılan başlıca yabani türler olan *P. atlantica*, *P. terebinthus* ve *P. eurycarpa* türlerinde cinsiyetle ilişkili RAPD markörleri ile taramışlardır. Toplam 472 primer taranmış ve BC₁₅₆ ve BC₃₆₀ primerleri tarafından çoğaltılan iki bandın *P. eurycarpa*'da cinsiyetle ilişkili olduğu bildirilmiştir. Bantlar 30 erkek ve 37 dişi bireyde taranmış, biri hariç tüm dişi bireylerde bant bulunurken ve erkek bireylerde bant tespit edilememiştir. *P. atlantica*'da bir primer (OPAK09) test edilen 46 dişi bireyin hepsinde bant verirken ve 38 erkek bireyde bant vermediği, dişi spesifik bir band (850 bp) olma olasılığı yüksek bulunmuştur.

Kafkas ve ark (2015b), bu RAPD ve SCAR markörlerini yabani *Pistacia* türlerinde denemiş, fakat cinsiyeti ayırmadığını tespit etmiştir. Aynı çalışmada araştırmacılar yeni nesil sekanslama yöntemi olan RAD sekanslama (Restriction-Site Associated Markers: Kesilen Bölge İlişkili DNA Sekanslama) yöntemini Siirt x Bağyolu F1 popülasyonunda kullanarak antepfıstığında cinsiyet spesifik SNP markörleri geliştirmişlerdir. Bu markörü F1 popülasyonunda ve genetik kaynaklarda SNaPShot minisekanslama yöntemi ile validasyonunu yapmışlardır. 8 adet SNP lokusunun cinsiyeti %100 ayırdığı belirlenmiştir. Ayrıca bu lokuslardan HRM (High Resolution Melting) analizi ile Real Time PCR ile test etmişler ve 4 lokusta aynı şekilde cinsiyeti %100 ayırdığı tespit edilmiştir.

Khodaeiaminjan ve ark (2017) daha önce primer tasarımı yapılamayan 17 kısa okuma dizisini Siirt çeşidinin yaklaşık 40x yoğunluğundaki (Motalebipour ve ark., 2016) DNA dizilerini kullanarak uzatmış ve bu bölgelerden SNaPshot ve HRM analizleri için primer tasarımı yapmışlardır. Araştırmacılar, Kafkas ve ark (2015), izlediği yöntemi kullanarak cinsiyet ile bağlantılı toplam 9 adet yeni SNP markörü geliştirmişlerdir. Araştırmacılar, validasyonu F1 bitkilerinde ve genetik kaynaklarda bulunan erkek ve dişi çeşit ve genotiplerinde yapmışlardır. Aynı zamanda, Siirt x Bağyolu F1 popülasyonunda cinsiyet ile bağlantılı SNP markörleri ile literatürde mevcut ve açılım gösteren SSR markörlerini haritalayarak antepfıstığının cinsiyet kromozomu ortaya çıkarmışlardır. Araştırmacılar bu kromozomun toplam uzunluğunu 65.19 cM olduğunu ve cinsiyet lokusu ile cinsiyetle ilişkili SNP lokusların kromozom merkezine uzaklığı 31.86 cM and 31.92 cM olarak belirtmişlerdir.

Bunlara ek olarak, Kafkas ve ark (2015) ile Khodaeiaminjan ve ark (2017) tarafından geliştirilen cinsiyet ile ilişkili markörler, Kafkas ve ark (2018) tarafından antepfıstığı çeşit ıslahı programında kullanarak antepfıstığında ilk defa marköre dayalı seleksiyon yöntemi ile çeşit ıslahı program başlatmışlar ve yaklaşık 30 da bir alanda çoğunluğun dişi melez bitkiler olduğu ve yeterli sayıda erkeğin tozlayıcı olarak bırakıldığı yaklaşık 9.000 bitki ile çeşit ıslah parseli kurmuşlardır.

Sun ve arkadaşları (2014), RAPD ve ISSR teknikleriyle *P. chinensis* türünde cinsiyet markörleri bulmayı amaçlamıştır. 21 RAPD primeri ve 20 ISSR primeri arasında, sırasıyla 473 ve 1242 bp'lik dişiye özgü fragmantleri amplifiye edebilen iki cinsiyete özgü primer (S1 ve S281) tanımlanmışlardır. Bununla birlikte, yalnızca bir primer (FS281) başarılı bir şekilde sekansla karakterize edilen amplifiye bölge SCAR markörüne dönüştürülmüştür. 636 bp bant tüm erkek bireylerde mevcut değilken, tüm dişilerde belirlenmiştir.

Kafkas ve ark (2015) tarafından RAD (Restriction Site-Associated DNA Sequencing) sekanslama yöntemini kullanılarak cinsiyetle ilgili markörleri tanımlamak ve cinsiyet sistemini sistemini belirlemek amacıyla kullanmışlardır. Siirtx Bağyolu (*P. vera* L.) F1 popülasyonundan elde edilen 8 dişi, 8 erkek ve iki ebeveyn Hi-Seq 2000 sekanslama cihazıyla RADseq yöntemiyle sekanslanmıştır. Yaklaşık 449 milyon okuma yaklaşık olarak 37,77 Gb sekans elde edilmiştir. Ebeveynler arasında 33,757 SNP (Single Nucleotide Polymorphisms) belirlenmiştir. 38 RADSeq okumasından, 28 tanesinin antepfıstığında cinsiyet ile ilişkili lokus olduğu tespit edilmiştir. Bunu doğrulamak amacıyla genetik kaynaklardan 42 adet F1 bireyi ve 124 genotip veya çeşitten SNaPshot analizleri ile test edilmiştir. Bu analiz sonucunda sekiz lokusun *P. vera* L. %100 doğrulukla cinsiyeti ayırt edebilmiştir. Islah programlarında markör kullanabilmek amacıyla, HRM (High melting temprature) analizi uygulamıştır. Dört markörün antepfıstığında cinsiyeti doğru şekilde ayırt ettiği tespit edilmiştir. Ancak bu markörlerin *P. atlantica*, *P. terebinthus*, *P. eurycarpa* ve *P. integerrima* türlerinde 10 dişi ve 10 erkek bireyde test edildiğinde bu türlerde cinsiyeti ayıramadığı belirlenmiştir. Ayrıca *P. vera* L. türünde cinsiyetle ilgili ilişkili SNP lokusları dişilerde

heterozigot, erkeklerde ise homozigot olduğundan araştırmacılar antepfıstığına cinsiyet sistemini ZZ/ZW olduğu öne sürmüşlerdir.

Khodaeiaminjan ve ark (2017) yaptıkların çalışmada cinsiyetle ilgili SNP (tek nükleotid polimorfizmi), EST-SSR markörü ile cinsiyet kromozomu bağlantı haritası çıkartılarak antepfıstığına cinsiyet lokuslarının pozisyonu belirlemeyi amaçlamışlardır. Kafkas ve ark (2015) daha önceki çalışmalarında, validasyonu yapılmayan 17 RADSeq okumasından elde edilen sekansı Siirt çeşidinin yaklaşık 40x yoğunluğundaki (Motalebipour ve ark., 2016) DNA dizilerini kullanarak uzatmışlar bu bölgelerde SNaPshot ve HRM analizleri için primer tasarlamışlardır. 25 SNP lokusunun SNaPshot analizi ile 9 adet yeni cinsiyetle ilişkili SNP markörü elde etmişlerdir. Bu dokuz markör antepfıstığına cinsiyeti ayırdığı fakat yabancı türlerde cinsiyeti ayırmadığı belirlenmiştir. Toplamda 105 açılım gösteren SSR markörü ve cinsiyetle ilişkili markörler Siirt x Bağyolu popülasyonundan 122 birey kullanılarak cinsiyet lokusunu ve cinsiyet kromozomu belirlemek amacıyla haritalanmıştır. Cinsiyet lokusu ve cinsiyetle ilişki SNP markörleri kromozomun merkezine sırasıyla 31.86 ve 31.92 cM mesafede yer almıştır. Ayrıca genetik haritalamada cinsiyet kromozomunun uzunluğu 65.19 cM olarak belirlenmiştir.

Nur ve ark (2022), yaptıkları çalışmada KASP markör sistemi kullanarak *P. atlantica*, *P. integerrima*, *P. khinjuk*, *P. mutica*, *P. terebinthus*, *P. vera* ve *P. lentiscus* türlerinden birer dişi ve birer erkek genotip kullanarak 7 türde dişi ve erkek bireyleri başarılı bir şekilde ayırmışlardır. Çalışmalarında de novo biyoinformatik yöntemi olarak kullanılan bir referans genomu bir araya getirmek için yüksek verimli bir DNA dizisi okuma arşivi (SRA) kullanmışlardır. SRA'dan dört genomik bölge ağırlıklı olarak Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü Toplama Bahçesinden toplanan bitki materyallerinden elde edilmiş ve Kafkas ve ark (2015)'nin çalışmalarından tek nükleotid polimorfizmi (SNP) pozisyonu (Kafkas ve ark., 2015) seçmiş ve dizilemiştir. Toplamda 12 SNP markörü KASP markörüne dönüştürülmüş ve bunlardan 5 tanesi (SNP-PIS-133396, SNP-PIS-167992, P-ATL-91951–565, P-INT-91951–256, P-KHI-91951–115), erkek ve dişi bitkiler arasında net şekilde allelik ayrımı gösterdiği belirlenmiştir.

Kafkas ve ark (2023), dişi birey olarak Siirt çeşidini ve erkek birey olarak ise Bağyolu erkekini tüm genom sekanslanmıştır. Yapılan çalışma ile antepfıstığının tahmini genom büyüklüğün yaklaşık 600 milyon baz olduğu ve antepfıstığının heterozigotluk oranının yüksek olduğu belirlenmiştir. Siirt çeşidinde ilk etapta farklı büyüklüklerle kütüphaneler oluşturularak Illumina cihazında 300x yoğunluğunda sekanslama yapılmış, fakat kısa okumaların birleştirilmesi (assembly) sonucu scaffold büyüklüğü (N50 = 209 kb) istenilen düzeyde olmamıştır. Daha sonra PacBio cihazında sekanslama yapılmış ve Illumina sekansları birleştirilerek N50 scaffold büyüklüğü = 1.51 Mb elde edilmiştir. Daha sonra tüm genomun kromozomlara ayrılmasını ve sekansların kromozomlara göre tasarımını sağlayan Hi-C teknoloji kullanılarak yaklaşık 11.222 SNP markörü içeren 3 farklı popülasyona ait 6 adet ebeveyn genetik haritalarını kullanarak kromozal düzeyde 614.1 Mb büyüklüğünde Siirt çeşidinin genom dizileri elde edilmiştir. Aynı çalışmada Bağyolu

erkek çeşidinin de 70x yoğunluğunda PacBio cihazında sekans verileri ve Hi-C teknolojisinin kullanılmasıyla beraber 28 adet scaffold'dan oluşan 623.4 Mb büyüklüğünde genom dizisi elde edilmiştir. Böylece erkek Bağyolu çeşidinde kromozal düzeyde iyi bir scaffold büyüklüğü ($N50 = 39.8$) elde edilmiştir. Buna ilave olarak, farklı dokularda farklı zamanda alınan örneklerden oluşan transkriptom dizileri de kullanılarak anotasyon yapılmış ve Siirt çeşidinde 29.695, Bağyolu çeşidinde ise 29.996 gen bölgesi belirlenmiştir. Aynı zamanda fonksiyonel anotasyon yapılarak bu genlerin fonksiyonları belirlenmiştir. Bu çalışma ile antepfıstığının dişi ve erkek referans genomları oluşturulmuştur.

Antepfıstığının kromozomal düzeyinde iki referans genom oluşturulmuştur. Z ve W kromozomları assembly yapılmıştır. Otozom kromozomlardan ilk inversiyon yaklaşık 8.18 Mya'da meydana gelmiş, ilk inversiyonu takiben meydana ZW kromozomları oluşmuştur. W kromozomundaki üç inversiyon olayı 12,7 Mb (W kromozomunun %22.8'i) rekombinasyon olmayan bölgenin oluşumuna neden olmuştur. Bu W kromozomuna özgü diziler, cinsiyet belirlemede çok önemli bir rol oynamış olabilecek ve bir ZW cinsiyet kromozomu sisteminin başlatılmasına ve evrimine neden olabilecek birkaç ilgili gen içermektedir. defA, defA like, DYT1, iki PTEN1 ve altı VPS13A paralogunun iki rastgele kopyası dahil olmak üzere W'ye özgü genler, cinsiyet belirleme veya farklılaştırma için güçlü genlerdir.

Palmer ve ark (2023), F1 hibritlerinin yaygın olarak kullanıldığı anaç geliştirmede, heterosis temelini anlamak için çalışma yapmışlardır. *P. atlantica*'nın (dişi) ve *P. integerrima*'nın (erkek) oldukça heterozigot yapıya sahip iki ebeveyn türünün melezlenmesi ile elde edilen UCB-1 fidan anaçları, ticari fıstık bahçelerinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu durumda geniş bir genetik varyasyon ortaya çıkmakta ve düşük verimli küçük fidanların kullanılmaması yüksek bir maliyete neden olmaktadır. Bu genetik varyasyonun genetik temelini anlamak amacıyla, UCB I anacının ebeveyn türlerinin (*P. atlantica* x *P. integerrima*) genomları kromozom düzeyinde sekanslanmıştır. Genom çapında markörle ilişkilendirme testleri, ağaç boyutu, şekli, cinsiyeti ve erken gelişimi ile ilişkili lokusları tanımlanmıştır. Bu özelliklerle ve ZZ/ZW cinsiyet kromozomları ilişkili güçlü aday lokuslar belirlenmiştir. Aynı kromozomlardaki benzer genleri incelemek için *P. atlantica* ve *P. integerrima* assemblilerini birbirine hizalamışlardır. Bütün kromozomlar boyunca iki genomun assemblileri 10 kb ölçeğinde yüksek derecede benzerlik göstermiştir. *P. integerrima* türünün kromozom 14 ile *P. atlantica* türüne ait kromozom 14.1 ve kromozom 14.2 olan iki kromozom parçası veya kromozomu ile benzerlikler (gen/genler) belirlenmiştir.

2.3.Tüm Genom Tekrar Sekanslama Çalışmaları

Yeni nesil sekanslama teknolojisindeki çok hızlı gelişmeler sadece major bitkilerde değil, aynı zamanda diğer çok sayıda bitkide de tüm genom sekanslama ve tüm genom re-sequencing çalışmalarını yapılmasına olanak tanımıştır.

Song ve ark (2016b), genotip kalitesini 20 olarak sabitlemiş ve 5x, 10x, 15x ve 20x'ten fazla okuma yoğunluklarının SNP genotiplemesi doğruluğunu üzerine etkilerini incelemişlerdir. Okuma yoğunluğu 5x olduğunda genotipleme için SNP doğruluğu %95 iken, 10x yoğunluğunda ise %97 SNP doğrulukta tespit edilmiştir. Ayrıca çok yüksek sayıda heterozigot bölgeye sahip bir organizmada yeterli sayıda doğru genotiplenmiş SNP elde etmek için 15x yoğunluğunda bir sekanslamanın uygun olduğu belirlenmiştir.

Xing ve ark (2016) yaptıkları çalışmada 'Nagafu No. 2' ve 'Qinguan' elma çeşitlerinde 31.7x ve 27.78x arasında sekanslama yoğunluğuna sahip DNA dizileri elde etmişlerdir. Sekans dizileri 'Golden Delicious' çeşidinin genomuna haritalanmışlardır. 'Nagafu No. 2' elma çeşidinde 2.771.129 tek nükleotit polimorfizmi (SNP'ler), 82.663 yapısal varyasyon (SV'ler) ve 1.572.803 ekleme/delesyon (INDEL'ler) ve 'Qinguan' elma çeşidinde 2.262.888 SNP, 63.764 SV ve 1.294.060 INDEL dahil olmak üzere birçok genomik varyasyon belirlemişlerdir. 'SNP', 'INDEL' ve 'SV' dağılımları, genomlar boyunca varyasyonunun fazla veya az bölgelerde rastlantısal dağılmamıştır. 'Nagafu No. 2' ve 'Qinguan' çeşitlerinde sırasıyla 23.111 ve 21.400 geni kapsayan 171.520 ve 147.090 non-synonymous SNP ve 3.431 ve 2.815 gende sırasıyla 3.963 ve 3.196 SV ve 1.681 ve 1.345 gende sırasıyla 1.834 ve 1.451 INDEL tespit edilmiştir.

Thudi ve ark (2016), yaptıkları çalışmada 35 nohut genotipi üzerinde sekanslama sonucunda oluşturulan toplam 192,19 Gb DNA sekansı, her genotip için ortalama ~10X sekanslama derinliği ile 973,13 milyon okuma elde edilmiştir. Her genotipten ortalama okumaların %92.18'si, genomun %82,17 kapsayacak şekilde nohut referans genomuna hizalanmıştır. Referans genomuna hizalama sonunda toplam 2.058.566 unique SNP ve 292.588 Indel tespit edilmiştir. Ek olarak, nohut ebeveyn genotiplerinde minimum PI 489777'de (1 gen delesyonu) ve JG 74'te (1,497) maksimum olan gen delesyonları ve duplikasyonlar tanımlanmıştır. En yüksek yüzdeye sahip toplam 164.856 genotipe özgü varyasyon (144,888 SNP ve 19,968 Indel), ICC 1496 (%21)'da ve ardından ICCV 97,105'te (%12) kodlama bölgelerinde tanımlanmıştır.

Sahu ve ark (2017), on iki yabancı domatese ait yirmi dokuz çeşit ve kültür domatesine ait kırk çeşitte SNP ve INDEL yapısı tüm genom tekrar sekanslama yöntemiyle analiz yapılmıştır. Bir tür içindeki genotipler arasındaki ortak SNP'lerin yüzdesi, türün verim özelliğine ilişkili bulunmuştur. Filogenetik olarak bir alt bölümdeki yabancı domates türlerinin SNP profilleri, coğrafi dağılımlarına göre değişmiştir. İlginç bir şekilde, genik SNP'lerin toplam SNP'lere oranı arttıkça, yabancı domates türlerinin kültür türlerinden filogenetik uzaklığı da birlikte artmıştır. Bu da gen kodlama bölgesindeki varyasyonların türleşmede önemli bir rol oynadığını göstermektedir.

Guo ve ark (2019), biberde (*Capsicum spp*) ekleme/delesyon polimorfizmlerini (InDels) genom çapında tanımlanmak için 5 farklı türden 63 birey tüm genom re-sequencing verileri referans genoma haritalanmıştır. Araştırmacılar toplamda CM334 ile PBC688 genotipleri arasında 1.664.770 InDels, CM334 ile G29 genotipleri arasında 533.523 ve PBC688 ile G29 genotipleri arasında 1.651.856 InDels belirlemiştir. Bu InDel'lerden, validasyonu için PBC688 ve G29

genotipleri arasındaki uzunluk farkı 3–49 bp olan 1.605 markör seçilmiştir. Bu markörlerde 1.262 (%78.6) polimorfizm göstermiş, 90'ı (%5.6) amplifike olmamış ve 298'i (%18.6) monomorfik olduğu tespit edilmiştir. Daha fazla validasyon için, beş türü temsil eden beş genotipte 288 markör taranmıştır. Test edilen bu markörlerden 194'ü (%67.4) polimorfik, 87'si (%30.2) monomorfik ve 7'si (%2.4) amplifike olmamıştır. Üç genle ilişkili ve beş tür arası spesifik amplifikasyon gösteren ve türler arası melezleri açıkça farklılaştıran üç tür arası InDels geliştirilmiştir.

Zeng ve ark (2019) tarafından antepfistiğinin genomu yayınlanmıştır. Araştırmacılar Illumina ve PacBio sekanslama teknolojilerini kullanarak 671 Mb büyüklüğünde ve yaklaşık 0.95 Mb N50 scaffold büyüklüğü elde etmişlerdir. Araştırmacılar Hi-C teknolojisi veya genetik harita kullanmadıkları için kromozomal düzeyde olmamıştır. Ayrıca araştırmacılar anotasyon sonucunda toplam 31.784 adet gen bölgesi tespit etmişlerdir.

Zhang ve ark (2023), yaptıkları çalışmalarında 339 kayısı çeşidinin popülasyon yapısını ve genetik çeşitliliğini tüm genom re-sekanslaması (WGRS) yapılarak ortaya çıkarılmıştır. Düşük kaliteli okumalar filtrelendikten sonra genotip başına ortalama 20.70X sekanslama yoğunluğu ile toplam 1,86 Tb temiz sekans verisi elde edilmiştir. Sekanslama verilerinin kalitesi Q30 > %92.6 ve GC içeriği %38.69 ile %41.06 arasında değişmiştir. Okumalar, genomik varyansları tanımlamak için "Yinxiangbai" genomuna haritalanmıştır. Sekansların genomun ~%82.87'sini kapsamıştır. Haritalama oranı ortalama 88.58 ile 98.49% arasında değişmiştir. Genomik varyantlar olarak 7,004,094 SNPs ve 1,643,354 küçük InDels ortalama 27.94 SNP/Kb ve 6.55 InDels/Kb yoğunluğu tespit edilmiştir. SNP'lerin yaklaşık %33.54'ü (2,355,512) genik bölgelerde ve %10.51'i (737.984) kodlama bölgelerinde belirlenmiştir.

2.2. Diğer Bitki Türlerinde Cinsiyet Sistemi ile ilgili Çalışmalar

Alstrom-Rapaport (1998) yaptıkları çalışmada, dioik bitki *Salix viminalis* L.'de cinsiyet belirleme lokusları ile bağlantılı moleküler markörleri belirlemeyi amaçlamışlardır. Bunu sağlamak amacıyla açılım gösteren ıslah programı oluşturulmuştur. Rastgele amplifiye edilmiş polimorfik DNA (RAPD) markörleri oluşturmak için bulk segregasyon analizinde 380 dekamer primeri taranmıştır. İncelenen 1080 RAPD bandından sadece tek bir 560 bp bandının cinsiyetle ilişkili olduğu belirlenmiştir. Aynı 560 bp bandı ileriki çalışmalarla da doğrulanmıştır. UBC354560 markörü iki ebeveyn ile kalıtılmakta ve belirli genetik arka planlarda dişi bireyle ilişkilidir. *S. viminalis* için önerilen iki lokuslu epistatik cinsiyet belirleme genetik modelinde A1 alleli ile bağlantılıdır. Southern blot yöntemi ile soy ve ebeveynler arasında markör homolojisi doğrulanmıştır.

Dioik bir tür olan ıspanak (*Spinacia oleracea* L.) XY kromozom sistemine sahiptir. Erkek ve dişi çiçekler morfolojik olarak farklılık göstermektedir. Fakat vejetatif dönemde bu farklılık belirlenmemektedir. Dioik bir tür olan ıspanak (*Spinacia oleracea* L.) XY kromozom sistemine sahiptir. Erkek ve dişi çiçekler morfolojik olarak farklılık göstermektedir. Fakat vejetatif dönemde

bu farklılık belirlenememektedir. Y kromozomu ilişkili markörleri PCR yapılarak ıspanakta cinsiyet belirlenebilmektedir. Fujita ve ark (2017), çalışmaları sonucunda, vejetatif dönemdeki ıspanakta cinsiyet tanımlaması için erkek spesifik bölgeden markör tasarlayıp kullanarak genotipe özgü döngü aracılı izotermal amplifikasyon (LAMP) tekniği geliştirmişlerdir. Ayrıca erkek ve dişi örnekler kendi içerisinde yaprak örnekleri homojenize edilerek besin bileşenleri karşılaştırılmıştır. Erkek bireylerdeki yaprak demir içeriği dişi bireylerden yüksek bulunmuştur.

Söğütler (*Salix* spp.) ve kavaklar (*Populus* spp.) ağırlıklı olarak dioiktir. Bütün çalışılan türlerin cinsiyet belirleme lokusu 19. kromozom üzerindedir. Ancak, pozisyonları türler arasında, erkek ve dişi heterogameti cinsiyet kromozomuna sahip olmasına göre değişmektedir. Kavaktaki durumun aksine, söğütlerde cinsiyet belirleme mekanizmaları hakkında bilgiler daha az bilinmektedir. Pucholt ve ark (2015) tarafından yapılan çalışmada, cinsiyet belirleme lokusunu ilk kez *S. viminalis*'te 15. kromozomu üzerinde QTL (quantitative trait locus) haritalamasını kullanarak konumlandırmışlardır. Tüm F1 dişiler anneden kalıtsal bir kromozom taşımakta, bu da bir dişi heterogameti veya ZW cinsiyet sistemi olduğunu göstermektedir. Karşılaştırmalı bir haritalama yaklaşımı ile *S. viminalis* bağlantı haritası ile *S. purpurea*, *S. Suchowensis* ve *P. trichocarpa*'nın fiziksel haritaları arasındaki markörlerin pozisyonları karşılaştırılmıştır. *S. viminalis* ve *P. trichocarpa* arasında 15 ve 19 kromozomları arasındaki kromozomal bir benzerliğe dair hiçbir kanıt bulunamadığından söğüt ve kavaktaki cinsiyet belirleme lokuslarının büyük olasılıkla ortak bir kökenden gelmediği ve ayrı ayrı evrimleştiği sonucuna varılmıştır.

Söğütler (*Salix*) ve kavaklar (*Populus*) *Salicaceae* familyasındaki dioik türlerdir. Poplar'ın cinsiyet kromozomlarının 19. kromozomla ilgili olduğunu önceki çalışmalarda belirtilmiştir. Kavakların aksine, söğütlerin cinsiyet kromozomunun 15. kromozomda olduğunu tespit edilmiştir. Ayrıca Kavakların bazı türlerinde hem ZZ/ZW hem de XX/XY cinsiyet belirleme sistemi olduğu ortaya konmuştur. Söğütlerin ZW sistemine sahip olduğu bulunmuştur. Aynı kromozomdaki genlerin karşılaştırılmasıyla, bu iki cins arasındaki otozomlar ve cinsiyet kromozomları arasında büyük oranda paralellik ortaya çıkmıştır. Bu çalışmanın dioik bitkilerin cinsiyet kromozomlarının evrimi ve genetiğini daha iyi anlamak için önemli bilgi sağlayacağı ifade edilmiştir (Hou ve ark., 2015)

Cinsiyet kromozomlar ökaryot filogenisi boyunca birçok kez otozom kromozomlardan evrimleşmiştir. Bu geçişi açıklamak için bazı modeller X ve Y (veya Z/W, U/V) kromozomları arasındaki baskılanmış rekombinasyon bölgesinde bağlantılı erkek ve dişi kısırılık mutasyonlarını içeren birkaç model önermişlerdir. Harkess ve ark (2017) yaptıkları çalışmada, bir çift haploid YY erkek kuşkonmazı (*Asparagus officinalis* L.) genomunu, referans bir genoma hizalanmış ve erkek ve dişi bireyler karşılaştırılmıştır. Cinsiyet sisteminden sorumlu genler içerdiği belirlenmiştir. Son zamanlarda kuşkonmaz içinde dioklik evrimleşmiş ve cinsiyet kromozomları, X kromozomunda eksik olan bir megabaz sekansı barındıran Y kromozomu ile sitogenetik olarak aynıdır. Bu bölgenin tamamının silinmesi (delesyonu), erkekten dişiye geçişe neden olurken, dişi gelişiminin

baskılanmasının ortadan kalkmasıyla erkekten hermafroditliğe geçiş meydana gelmektedir. Erkek steril *Arabidopsis*'te tek kopya anter-spesifik gen, Y kromozomuna spesifik bölgededir ve cinsiyet kromozomu evrimi için iki gen modelini desteklemektedir.

Wadlington ve ark (2018), yaptıkları çalışmayla ıspanakta cinsiyet kromozomu üzerinde rekombinasyonun gerçekleşmediği bölgeyi karakterize etmeyi amaçlamıştır. Taranan yaklaşık 400 ıspanak çeşidinden, androdiok XY bireylerden elde edilen F1 bireylerinde YY kromozomuna sahip bireyler belirlemişlerdir. PI 664497 genotipi ile Shami Ispanak çeşidine ait dişi ve erkek bireylerin genomları 12–17x yoğunluğunda sekanslanmıştır. X kromozomuna özgü diziler, erkek ve dişi genomları arasında dizi farklılıkları bir dişi genoma hizalanıp karşılaştırılarak belirlenmiştir. Bu analiz ile bulunan olası X kromozomuna ait 19 dizi belirlenmiştir. Bu dizilerden sadece bir tanesi (SpoX) PCR dayalı markör ile X kromozomuna özgü olduğu kanıtlanmıştır. Bu markör XX, XY kromozomuna sahip bireylerde bant verdiği YY kromozomuna ait bireylerde bant vermediği doğrulanmıştır. PI 217425 (Cornell #9) genotipine ait androdiok XY kromozomuna ait bireyleri kendi aralarında melezlemiş ve F7 hatlarında (7. generasyonda), tüm XY kromozomuna sahip bireyleri androdiok ve tüm YY kromozomuna sahip bireyler saf erkek olarak tespit edilmiştir. XY kromozomuna sahip mutant bireylerin hermafrodit bireylere dönüşmesi, ıspanaktaki cinsiyet kromozomlarının iki gen tarafından belirlendiğinin güçlü bir kanıtı olduğu gösterilmiştir.

Papaya'da cinsiyet mekanizması yakın zamanda gelişen bir XY kromozomu tarafından kontrol edilmektedir. Birbirinden farklı iki Y kromozomu çifti erkek bireylerin (Y) ve hermafrodit bireylerin (Yh) gelişimini kontrol etmektedir. Cinsiyet kromozomu evrimi incelemek amacıyla, hermafrodit bireylere özgü Y kromozomu bölgesi (HSY) ve X kromozomu sekanslanmıştır (Wang ve ark., 2012). HSY bölgesi 8.1 megabaz (Mb) ve X kromozomu 3.5 megabaz uzunluğunda olduğu tespit edilmiştir. HSY bölgesi iki büyük ölçüde transpozon insersiyonlarından dolayı X kromozomundan daha büyüktür. Bunlardan ilki büyük olasılıkla X ve Y^h kromozomları arasındaki rekombinasyon baskılanması, bunu çok sayıda ek kromozomal yeniden düzenleme meydana gelmiştir. X ve HSY bölgeleri dahil olmak üzere, 124 transkripsiyonun fonksiyonel anotasyonu yapılmış ve her iki kromozomda ortak 50 transkripsiyonun dizisi tespit edilmiştir. HSY bölgesine özgü 10 adet gen otozomal kromozomlarda homologlar belirlenmiştir. HSY bölgesinde bulunan, X kromozomu bölgesinde bulunmayan 70 transkript dizi farklılığı HSY bölgesindeki iki inversiyona neden olmuştur. İlk inversiyon 70 transkript dizi farklılığına neden olurken, gen içeriği değiştirmemiştir.

Bu çalışma ile *P. terebinthus* ve *P. lentiscus* türlerinde Yeni Nesil Sekanslama yöntemi ile cinsiyet sistemi ortaya çıkarılmıştır.



3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

Bu çalışma kapsamındaki *P. terebinthus* türü için Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü Araştırma ve Uygulama alanında bulunan *Pistacia* genetik kaynağı kullanılmıştır. Söz konusu genetik kaynakta 104 adet *P. terebinthus* genotipleri de bulunmakta ve bunların orijinleri Adana, Aydın, Mersin, ve Manisa illeridir. Ayrıca validasyon aşamasında Adana ve Mersin illerinden toplanan genotipler de kullanılmıştır.

P. lentiscus ile ilgili ise Adana'nın Kozan, Mersin'nin Tarsus, İzmir'in Çeşme ve Muğla'nın Datça ilçelerinden toplanan 100 dişi ve 100 erkek genotipe ait örnekler toplanmıştır.

3.2. Metot

P. lentiscus ve *P. terebinthus* türlerinin herbirinden 15 dişi ve 15 erkek olmak üzere bir türde toplamda 30 genotip yeni nesil tekrar sekanslama için kullanılmıştır.

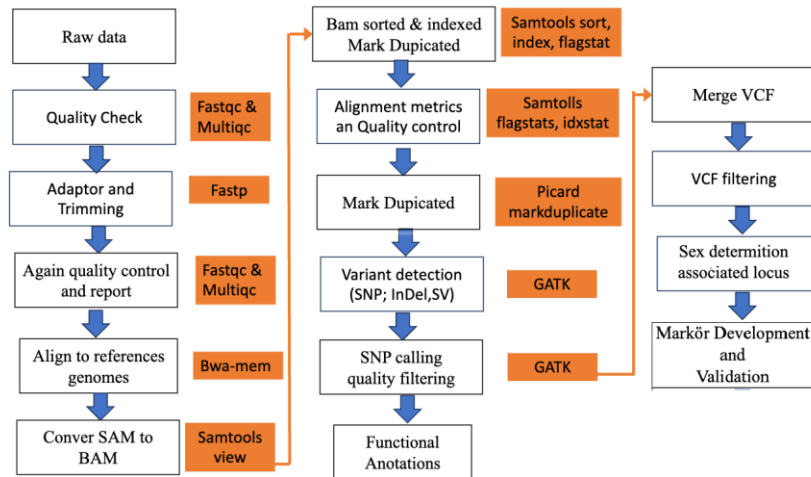
3.2.1. DNA İzolasyonu ve Sekanslama (Resequencing)

Farklı bölgelerden toplanan yaprak örnekleri arazide kuru buz içerisine, kuru buz sağlanamadığı koşullarda ise buz akülerine konularak laboratuvara ulaştırılmış ve laboratuvarında alevli folyo içerisine konularak DNA izolasyonuna kadar -80 °C'de muhafaza edilmiştir. Sekanslamada kullanılacak genotiplerden taze yaprak örnekleri 2021 yılında alınmıştır. Alınan yaprak örnekleri DNA izolasyonuna kadar laboratuvarımızda bulunan -80 °C dolabında üç tekerrürlü olacak şekilde muhafaza edilmiştir.

DNA ekstraksiyonu için Doyle ve ark (1987)'nin geliştirdiği ve Kafkas ve ark (2006) tarafından modifiye edilen CTAB yöntemi kullanılmıştır. Bu yöntemde önceden -80°C'de muhafaza edilen yaprak örnekleri havanda iyice ezildikten sonra yaklaşık 100-150 mg yaprak örneği 2 mL falcon tüpe konulmuştur. İyice ezilerek toz kıvamına gelen yaprak örneğinin tüpe 0.9 mL CTAB tampon çözeltisi (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %2 PVP, %0.1 Na₂S₂O₅) ilave edilerek sıcaklığı 65°C'de olan iki farklı su banyosunda birine dişi genotiplerin diğerine ise erkek genotiplerin yaprak örnekleri 1 saat bekletilmiştir. İçerisinde ezilmiş yaprak örnekleri bulunan 2 ml'lik tüpler her 5-10 dk'da bir hafifçe çalkalanarak tek faz haline getirilmiştir. Örnekler su banyosundan çıkarıldıktan sonra oda koşullarında 10-15 dakika bekletilmiştir. Örneklerin ısısının düşmesi sağlandıktan sonra, ekstraksiyon tampon çözeltisi ile eşit miktarda (0.9 ml) kloroform: izoamil alkol (24:1) ilave edilmiştir. Ependorf tüpler oda koşullarında çalkalayıcı yardımıyla 15 dakika süresince hafifçe çalkalanmıştır. İçerisinde de yaprak örneği ve CTAB, kloroform: izoamilalkol bulunan tüpler daha sonra, 5.500 rpm hızda 15 dakika süresince santrifüj edilmiştir. Santrifüj işleminden sonra örneklerin üst fazları alınarak yeni 1.5 ml'lik tüplere aktarılmış ve kloroform: izoamil alkol (24:1) aşaması tekrar edilmiştir. İkinci aşamadan sonra da üst

faz temiz bir 1.5 mL falkon tüpe aktarılmış ve üzerine soğuk (önceden -20°C 'de bekletilmiş) izopropanol veya saf etilalkol eklenmiştir. Bu aşamada tüpler çok hafifçe çalkalanarak DNA'nın çökmesi işlemi sağlanmıştır. Eğer gerekirse DNA'nın daha iyi dibe çökmesini sağlamak için 1 gece -20°C 'de bekletilmiştir. -20°C 'den ortamından çıkarılan tüpler 1.500 rpm'de 1-2 dakika santrifüj edilerek DNA'nın tüpün dibine çökmesi ve izopropanolün kolayca boşaltılması sağlanmıştır. İzopropanolü boşaltılan tüpün içerisine, içerisinde 10 mM amonyum asetat bulunan %76'lık etil alkolden 0.5 ml ilave edilerek 15 dakika hafifçe çalkalanmış ve DNA'nın yıkanması sağlanmıştır. Daha sonra 2.000 rpm'de 2 dakika santrifüj ettikten sonra üst faz tüpten uzaklaştırılıp, DNA'lar oda koşullarında 1 gece bekletilmiş veya vakumlu kurutma cihazı kullanılarak kurutulmuştur. Kurutulan DNA'lar TE (0.1 mM EDTA, 1 mM Tris) tampon çözeltisinde çözündürülüp RNase (RNase A/T mix) uygulanmıştır.

DNA'ların miktarı Qubit Fluorometre (Invitrogen) cihazı ve kiti kullanılarak saptanmıştır. Aynı zamanda miktarlar ve kalitelerine %1 agaroz jelde de konsantrasyonu belli olan DNA ile karşılaştırılarak bakılmıştır. Elde edilen kalitesi yüksek DNA'lar bir sekanslama firmasına gönderilmiş kütüphane oluşturma ve sekanslama hizmet alımı ile yapılmıştır (Beijing, China). Sekanslama çift yönlü olarak 150 bp uzunluğunda Novaseq 6000 cihazında yaptırılmıştır. Herbir genotipden yaklaşık 30x (18 Gb) ham (raw) sekans verisinin ve adaptörler ile düşük kalitedeki diziler temizlendikten sonra en az 25x (15 Gb) temiz (clean) DNA dizisinin elde edilmesi amaçlanmıştır.



Şekil 3. 1. Tez kapsamında izlenen yöntemin ana aşamaları

3.2.2. SNP, InDel ve Yapısal Değişikliklerin Belirlenmesi

Bu çalışma kapsamında hem daha fazla ve daha kaliteli genotipik veri elde etmek, hem de elde edilen dizilerin yaygın etkisini arttırmak için resequencing yaklaşımı ile *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinde tür içi ve türlerarası hem bir genomdaki varyasyon gösteren bölgelerin ve hem de bu bölgelerden cinsiyet ile bağlantılı lokusların belirlenmesi amaçlanmıştır.

Adaptörler ve düşük kalitedeki diziler (%5'ten fazla N içeren diziler; ortalama baz kalitesi 20'den az olanlar diziler, %60'dan fazla bazın kalite değerinin 6'ın altında olduğu diziler) temizlendikten sonra 60 bazdan az olan diziler de fastp (Chen ve ark., 2018) ile temizlenmiştir. Hem ham dizilerin hem de temiz dizilerin FastQC (Andrews ve ark., 2010) ile kalite kontrolleri yapılmıştır. Elde edilen ham dizilerin temizleme işleminden sonra en az 25x civarında bir temiz verinin bundan sonraki aşamadaki analizlerde kullanılmıştır. Bu aşamadan sonra DNA dizileri verileri elde edildikten Linux tabanlı yazılımlar kullanılarak yapılmıştır. Biyoinformatik analizlerde izlenecek Temel Aşamalar Şekil 3.2'de gösterilmiştir.

Linux tabanlı olarak, Burrows Wheeler Aligner-MEM (BWA)(Li, 2013; Li ve Durbin, 2009) programı ile her bir genotipten elde edilen okumalar (reads) Siirt genomu (Kafkas ve ark., 2023) ve *P. atlantica* (Palmer ve ark., 2023) genomlarına hizalanmıştır. Hizalama sonucu elde edilen SAM dosyaları SAM 0.1.19 (Sequence Alignment Map) (Li ve ark., 2009) paket programı kullanılarak BAM (Binary Alignment Map) dosya formatına dönüştürülmüş ve pozisyonlarına göre sıralanmıştır. Hizalanan okumalar kütüphane hazırlama sırasında PCR amplifikasyonundan gelen duplike okumalar PicardTools programı (<http://broadinstitute.github.io/picard/>) ile etiketlenmiştir. GATK programının (McKenna ve ark., 2010) HaplotypeCaller ve GenotypeGVCFs modülü kullanılarak SNP ve InDel farklılıkları belirlenmiştir. InDel'ler ise baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmıştır. Programın HaplotypeCaller modülü kullanılarak bazların kalite kalibrasyonları yapılmıştır. SNP'ler için BaseRecalibrator ve InDel'ler için IndelReAligner modülü kullanılmıştır (DePristo ve ark., 2011). SNP lokusları homozigot ve heterozigot olma durumlarına göre sınıflandırılmıştır. Kısa InDel'ler ise baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmıştır.

Her türe ait genotiplerinin tüm genom GVCf's'leri CombineGVCfs modülü ile birleştirilmiştir. Filtreleme (QD < 2.0; MQ < 30.0; FS > 60.0; MQRankSum < -12.5; ReadPosRankSum < -8.0; DP<4.0) ve INDel'ler (QD < 2.0; FS > 200.0; ReadPosRankSum < -20.0; MQ < 30.0; DP<4.0) kullanılmıştır.

Yapısal değişiklik analizleri için bir önceki aşamada duplikasyonlar çıkarıldıktan sonra tekrar haritalanmış (tekrar Re-aligned yapılmış) olan haritalama dosyaları kullanılmıştır. DELLY (Rausch ve ark., 2012) yazılımı ile inversiyon, translokasyon ve duplikasyon ile uzun eklenen (Insertion) ve uzun silinen (Deletion) gibi genomdaki yapısal değişiklikler (Structural Variation, SV) belirlenmiştir (Şekil 3.2). Her bir bölgenin okuma yoğunluğu hesaplanmış ve okuma yoğunluğu 4'ün altında olanlar elimine edilmiştir. Bunun dışında programın standard parametreleri kullanılmıştır. Yukarıda SNP ve kısa InDel'lerde açıklandığı gibi bir türde her bir genotipten elde edilen veriler birleştirilmiş ve filtreleme ile yapısal değişiklikler belirlenmiştir.

Linux tabanlı yapılacak analizlerde her bir *Pistacia* türüne ait 30 genotipin SNP, InDel ve yapısal değişiklik dosyaları ayrı ayrı oluşturulmuş ve tür içi varyasyon gösteren bölgeler belirlenmiştir. Bununla birlikte, iki türe ait toplamda 60 *Pistacia* genotipinde SNP, InDel ve yapısal değişiklik dosyaları da ayrı ayrı oluşturulmuş ve türler arası varyasyon gösteren lokuslar da

belirlenmiştir. Böylece hangi türün hangi kromozomunda hangi gen bölgelerinin varyasyon gösterdiği veya göstermediği ortaya çıkmıştır. Ayrıca her iki platformdan elde edilen vcf uzantılı varyasyon dosyaları karşılaştırılmış ortak ve farklı olan varyasyon bölgeleri de belirlenmiştir.

3.2.3. *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinde Cinsiyet ile Bağlantılı Aday Lokusların Belirlenmesi

İki *Pistacia* türünde 15 dişi ile 15 erkek arasında bir önceki aşamada tüm genomda belirlenen SNP, InDel ve yapısal değişiklikler Linux ortamında filtreleme ve karşılaştırma yapılmış ve böylece her bir tür için cinsiyet ile bağlantılı aday lokuslar belirlenmiştir.

Cinsiyet ile bağlantılı aday lokusların belirlenmesinde birinci koşul bir türde erkek ve dişiler arasında %100 farklı olması olmuştur. İkinci koşul ise cinsiyet ile bağlantılı bulunan aday bölgelerin okuma yoğunlukları olmuştur. İkinci koşula göre cinsiyet ile bağlantılı lokuslar sıraya dizilmiştir.

Siirt çeşidi genomu referans olarak kullanıldığında elde edilen cinsiyetle ilişkili lokuslar tür bazında dişi ve erkek bireyleri %100 ayırmadığı durumda ise aşağıdaki yöntem takip edilmiştir.

Bu durumda bir türdeki 15 dişi ve 15 erkek genotipe ait sekans dizileri *P. atlantica* genomuna (Palmer ve ark., 2023) hizalanmış ve genom boyunca okuma derinlik değerleri elde edilmiştir. Python (Rossum ve ark., 2009) programlama dili ile yazılan bir script ile okuma derinlik değerleri 2.000 bazlık aralıklarla her bir birey için toplanmış ve toplam okuma sayısına göre normalize edilmiştir. Normalize edilen değerler R (R Core Team, 2013) ortamında yazılmış diğer bir script ile görselleştirilmiştir. Dişi ve erkek okuma derinlik (2.000 bazlık aralıklarla toplanmış) değerleri her bir cinsiyete ait bireyler için toplanmış ve toplam okuma derinlik içinde oranlanmıştır. Bu oranlar içinde dişi ve erkek bireylere ait $0.9 (F/(F+M))$ üzerinde lokuslar belirlenmiştir.

3.2.4. SNP, InDel ve Yapısal Değişikliklerin Genomdaki Anotasyonu ve Cinsiyet ile Bağlantılı Genlerin Fonksiyonel Anotasyonu

ANNOVAR (Wang ve ark., 2010) yazılımı ile SNP, kısa InDel ve yapısal değişikliklerin olduğu belirlenen dizilerin Siirt ile Bağyolu çeşitlerine ait referans genom dizileri (fasta ve gff dosyaları) kullanılmış (Kafkas ve ark., 2023 her iki genomdaki anotasyonları yapılmıştır. Referans dosyalar kullanılarak genomdaki pozisyonları ile bulundukları bölgenin tanımlaması (CDS, mRNA, gene, UTR gibi) yapılmıştır. Kodlanan bölgede olan SNP'ler amino asit dizisini değiştirme durumuna göre nonsynonymous ve synonymous olarak, InDel'ler ise çerçeve kayması durumuna göre frameshift ve nonframeshift olarak sınıflandırılmıştır. SNP ve InDel'ler ayrıca stop kodon ekleme çıkarma durumuna göre (stop gain/stop loss) de değerlendirilmiştir.

Cinsiyet ile bağlantılı bulunan varyasyona ait dizilerin kodlanan bölgede olması durumunda her iki genomun mevcut fonksiyonel anotasyon dosyası ve *P. atlantica* (Palmer ve ark., 2023) genomu kullanılarak ilişkili genlerin GO ve KEGG yolları da belirlenmiştir. Her iki

genomun fonksiyonel anotasyonları emapper (<http://eggnogetdb.embl.de/#/app/emapper>) kullanılarak yapılmıştır. Veri tabanları sürekli güncellendiğinden cinsiyet ile ilişkili bulunan kodlanan dizilerin fonksiyonel anotasyonları tekrar hem emapper ile hem de laboratuvarımızda lisanslı olarak bulunan Blast2GO (Conesa ve ark., 2005) yazılımlarının son sürümleri ile GO, KEGG, InterPro ve Plant Reactome veritabanları kullanılarak da yapılmıştır.

3.2.5. *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* Türlerinde Cinsiyet Kromozom Sisteminin Ortaya

Çıkarılması

Cinsiyet ile bağlantılı olduğu belirlenen lokusların dişi ve erkek bireylerde homozigot veya heterozigot olma durumlarına göre bu çalışma kapsamındaki *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinin cinsiyet kromozom sistemi (ZW veya XY) sahip olduğu ortaya çıkarılmıştır.

3.2.6 *P. lentiscus* türünde Primer Dizaynı ve Validasyon

P. lentiscus türlerinde dişi genotiplerde heterozigot olan bölgelerden SNP pozisyonunun olduğu diziler CAPS markörlerine çevrilmiş ve sonrasında agaroz jelde (Sambrook ve Russel, 2006) elektroforez yapılmıştır. Kullanılan CAPS markörü TGCA bölgesine sahip olduğu için (Şekil 3.2), TTAA bölgelerini tanıyan Mse I restriksiyon enzimi kullanılarak 65°C’de dört saat boyunca PCR ürünü kesilmiştir. Kesim 20 µL’de yapılmıştır (Çizelge 3.4). *P. lentiscus* türünde dişi ve erkek bireyler arasındaki ayırım durumları kesim sonucuna göre belirlenmiştir. Elektroforez, alleller arasında ortaya çıkan baz farkına göre ve allel büyüklüğüne göre agaroz jel yöntemi kullanılarak yapılmıştır.

Çizelge 3. 1. PCR reaksiyonu İçeriği

Komponent	15 µL Reaksiyon	Son Konsantrasyon
Dream Taq Buffer (5x)	1.5 µL	1x
dNTP (2.5 mM)	1.2 µL	200 µM
İleri primer (5 µM)	0.9 µL	300 nM
Geri primer (5 µM)	0.9 µL	300 nM
Dream Taq (5 Unit/µL)	0.25 µL	1.25 U
DNA (5 ng/ µL)	2.4 µL	800 pg/µL
ddH ₂ O	7.85 µL	

Çizelge 3. 2. PCR sıcaklık ve döngü koşulları

Adım	Aşama	Sıcaklık (°C)	Süren (sn)	Döngü Sayısı
1	Ön Denatürasyon	95	180	1
2	Denatürasyon	95	10	35
	Primerin Bağlanması	60	30	
	Uzama Safhası	72	60	
3	Son Uzama Safhası	72	300	1

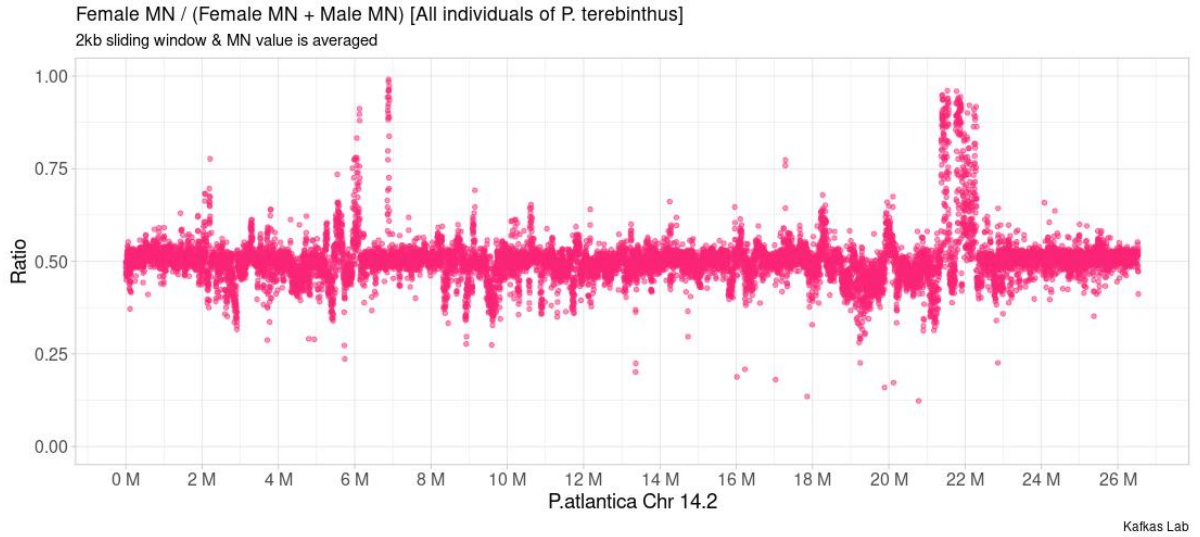
Çizelge 3. 3. MseI enzim kesim protokolü

Komponent	20 µL Reaksiyon	Son Konsantrasyon
PCR Ürünü	15 µL	
10X Buffer	2 µL	1x
MseI(10 Units/µL)	1 µL	10 U
ddH ₂ O	2 µL	

3.2.7. *P. terebinthus* Türünde Primer Dizaynı ve Validasyon

P. terebinthus türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait DNA dizileri Siirt çeşidi genomuna haritalandığında belirlenen dişi ve erkek spesifik SNP'ler dişi ve erkek bireyleri %100 başarıyla ayırmamıştır. Bu nedenle yeni yayınlanan *P. atlantica* genomu (Palmer ve ark., 2023) kullanılmıştır.

P. terebinthus'a ait 15 dişi ve 15 erkek bireyleri *P. atlantica* genomuna hizalanmış ve coverage hesaplamaları yapılmıştır. Dişi ve erkek coverage (2000 bazlık aralıklarla toplanmış) değerleri her bir cinsiyete ait genotipler için toplanmış ve toplam coverage içinde oranlanmıştır. Bu oranlar içinde dişilere ait 0.9 (F/(F+M)) üzerinde 65 lokus belirlenmiş ve bu lokusların hepsinin *P. atlantica* genomunda (Palmer ve ark., 2023) kromozom 14.2 üzerinde olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.3). *P. terebinthus* türüne ait dişi ve erkek spesifik aday lokuslar IGV (Robinson ve ark., 2011) programında kontrol edilmiş ve bu bölgelerden BatchPrimer 3 (You ve ark., 2008) programı kullanılarak cinsiyet bölgesine spesifik SCAR primerlerinin tasarımı yapılmıştır. Toplamda 20 SCAR primeri tasarlanmış ve ön taramada 4 dişi 4 erkek bireyde en iyi ve en doğru çalışan primer çifti tespit edilmiştir. Ayrıca en optimum PCR içeriğine (Çizelge 3.5) ve PCR programı (Çizelge 3.6) belirlenmiştir.



Şekil 3. 2. *P. terebinthus* türünde dişi ve erkek genotiplere ait DNA dizileri *P. atlantica* genomuna hizalanmış kromozom 14.2'deki okuma derinlik oran(F/(F+M)) grafiği (ortak okuma derinlik oranı)

Çizelge 3. 4. PCR reaksiyonu İçeriği

Komponent	15 µL Reaksiyon	Son Konsantrasyon
Phire Reaksiyon Buffer (5x)	1.5 µL	1x
dNTP (2.5 mM)	1.2 µL	200 µM
İleri Primer (5 µM)	0.9 µL	300 nM
Geri Primer (5 µM)	0.9 µL	300 nM
Actin-F (5 µM)	0.3 µL	100 nM
Actin-R (5 µM)	0.3 µL	100 nM
Phire Hot Start II DNA Polymerase	0.3 µL	1 rxn
DNA (5 ng/ µL)	2.4 µL	800 pg
ddH ₂ O	7.2 µL	

Çizelge 3. 5. PCR (Polimeraz Zincir Reaksiyonu) sıcaklık ve döngü koşulları

Adım	Aşama	Sıcaklık (°C)	Süre (sn)	Döngü Sayısı
1	Ön Denatürasyon	98	180	1
2	Denatürasyon	98	5	35
	Primerin Bağlanması	58	15	
	Uzama Safhası	72	10	
3	Son Uzama Safhası	72	60	1

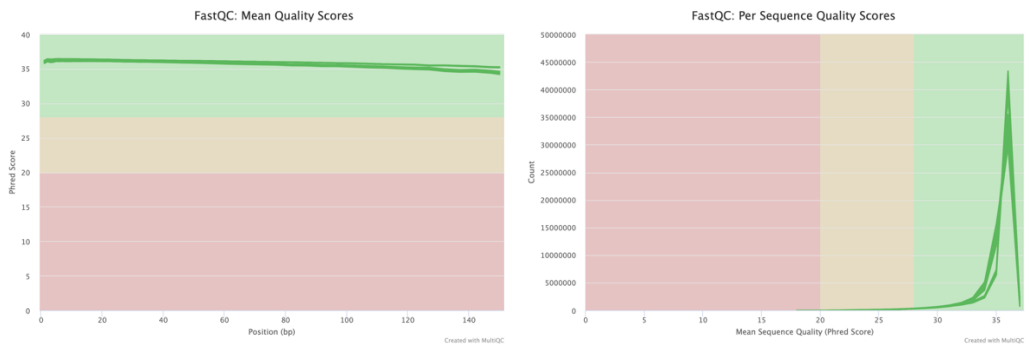


4. BULGULAR VE TARTIŞMA

4.1. *P. lentiscus* türüne ait Dizilerin Kalite Kontrolü

P. lentiscus türünde re-sequencing yöntemiyle elde edilen toplam okuma sayısı dişi ve erkek genotipler arasında 102.4 milyon ile 108.8 milyon arasında değişmiştir. Bu toplam okuma sayısı içinde duplicate okuma oranı %17.1 ile %38.2 arasında ve unique okuma oranı ise %61.8 ile %82.9 arasında değişmiştir (Şekil 4.1 ve Çizelge 4.1). Dişi ve erkek bireylere ait ham baz sayısı (Gb) 16.96 ile 18.68 Gb arasında değişmektedir (**Ek-1**). *P. lentiscus* dişi ve erkek toplam okumaların ortalama % 37 GC oranına sahiptir. Ayrıca bu türe ait dişi ve erkek genotiplerin genome coverage değerleri (Siirt çeşidi genome ~600 Mb hesaplandığında) 27.2x ile 29.6x arasında değişmektedir (**Ek-1**).

Bazlar, genellikle “base calling” olarak adlandırılan bir süreç olan ışık yoğunluğu sinyallerinden çıkarılmaktadır. Bu nedenle, bu yaklaşımlar kullanılarak elde edilen sekans verilerinin kalitesini anlamak ve iyileştirmek amacıyla kullanılmaktadır. “Base calling” doğrulama (Base calling accuracy), bir sekanslama platformunun sekanslama doğruluğunu belirlemek için kullanılan en yaygın ölçüm aracıdır. Sekanslama cihazının belirli bir bazı yanlış sekanslama olasılığını gösterir (Nakamura ve ark., 2011). Phred kalite skoru, DNA sekanslamada temel kalitenin ölçüsünü belirtmek için kullanılmaktadır. Sekanslamanın yüksek kalitesi, daha büyük Phred değerleri ile gösterilir. 20 Phred skoru 100 baz arasında 1 yanlış baz bulma olasılığını göstermektedir. Q skorları, base calling hatası (P)² olasılıklarıyla logaritmik olarak ilişkili bir özellik olarak sınıflandırılır ($Q = -10 \log_{10} P$) ((Ledergerber ve ark., 2011). Sekans okumalarının kalite Phred skoru 34.20 ile 36.45 arasında değişmiştir (Şekil 4.2). Ayrıca genotiplere ait her bir sekans kalite Phred skoru incelendiğinde sekansların %98’inden fazlasının 30 ve üzerinde olduğu tespit edilmiştir. Bu da elde edilen DNA dizilerinin yüksek kalitede olduğunu göstermektedir.

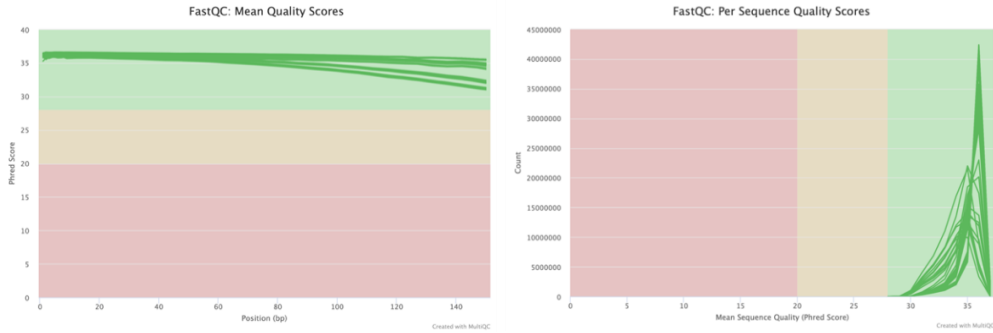


Şekil 4. 1. *P. lentiscus* genotiplerinde okuma uzunluklarının ortalama kalite skorları ve her okumanın ortalama kalite skorları

4.2. *P. terebinthus* Türünde Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizilerinin Kalite Kontrolü

P. terebinthus türüne ait 15 dişi ve 15 erkek bireye ait DNA dizileri verileri incelendiğinde, toplam sekans okuma sayısı dişi ve erkek genotipler arasında 117.67 milyon ile 121.33 arasında değişmiştir. Bu toplam okuma sayısı içinde duplicate okuma oranı %16.9 ile %37.5 arasında ve unique okuma oranı ise %83.1 ile %62.2 arasında değişmektedir (Şekil 4.4). *P. terebinthus* türüne ait dişi ve erkek toplam okumaların ortalama %37 GC oranına sahiptir. Ayrıca bu türe ait dişi ve erkek bireylerin sekanslama yoğunluğu (genome coverage) değerleri (Siirt çeşidi genome ~600 Mb hesaplandığında) 27x ile 29.7x arasında (Ek-2) ve okumalarının kalite Phred skoru 31 ile 36.43 arasında değişmiştir (Şekil 4.2). Ayrıca genotiplere ait her bir sekans kalite Phred skoru incelendiğinde sekansların %98'inden fazlasının 30 ve üzerinde olduğu tespit edilmiştir.

Song ve ark (2016b), çok yüksek sayıda heterozigot bölgeye sahip bir organizmada yeterli sayıda doğru genotiplenmiş SNP elde etmek için 15x yoğunluğunda bir sekanslamanın uygun olduğu belirlenmiştir. Bazı bitki türlerinde tüm genom re-sekanslaması (WGRS) çalışmalarında kayısıda genotip ortalaması 20.70X sekanslama yoğunluğunda (Zhang ve ark., 2023), nohutta genotip ortalaması ~10X, (Thudi ve ark.,2016), elmada ise 31.7x ve 27.78x arasında (Xing ve ark., 2016) elde edilmiştir. Sahu ve ark (2017), biberde yaptıkları WGRS çalışmasında minimum sekans yoğunluğunu 5x ve Phred skoru 30 olarak tespit etmiştir. Bu çalışmada elde edilen sekans kalitesi ve sekans yoğunluğu yukarıdaki yapılan çalışmalarla benzerlik gösterdiği ve bu çalışmada kullanılan sekansların yüksek kalitede olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4. 2.*P. terebinthus* türüne ait genotiplerinin temiz datalarındaki okuma uzunluklarının ortalama kalite skorları ve okumanın kalite skorları

4.3. *P. lentiscus* Dişi ve Erkek Genotiplerine Ait DNA Dizilerinin Referans Siirt Çeşidi Genomuna Hizalandığında Elde Edilen Analiz Sonuçları

4.3.1. Referans Siirt Genomuna Haritalama Sonuçları

Bu çalışma kapsamında *P. lentiscus* türüne ait 15 dişi ve 15 erkek genotipten elde edilen DNA dizileri Kafkas ve ark (2023) tarafından oluşturulmuş Siirt çeşidine ait referans genomu Burrows Wheeler Aligner-MEM BWA (Li, 2013; Li ve Durbin, 2009) programı ile haritalanmıştır. *P. lentiscus* türündeki dişi ve erkek genotiplere ait DNA dizleri Siirt genomuna haritalanma

sonuçları **Ek-3**'teki tabloda verilmiştir. Siirt genomuna haritalanan baz oranı %91.40 ile %92.74 arasında değişmiştir (**Ek-3**).

4.3.2. SNP lokuslarının Belirlenmesi

Haritalanma işleminden sonra *P. lentiscus* ait tüm genotiplerinde elde edilen SNP sayısı 10,949,549 ile 11,585,434 arasında değişmiştir (**Ek-4**). Yaklaşık olarak her 1 kilobase (kb) 13.6 ile 14.4 SNP tespit edilmiştir. Diğer çalışmalar incelendiğinde, referans genom kullanıldığında mısırdada (Chia ve ark., 2012; Jiao ve ark., 2012) 55 milyondan fazla SNP, pirinçte 18.9 milyon SNP (3000 Rice Genomes Project, 2014), kirazda 1.88 milyon SNP (Xanthopoulou ve ark., 2020), kayısıda 177.599 adet SNP (Mariette ve ark., 2016) tespit edilmiştir. Diğer meyve türlerine göre *Pistacia* türlerinde heterozigot yapının fazla olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca SNP lokusları heterozigot ve homozigot olma durumlarına göre her bir genotip için hesaplanmıştır. Genotipler arasında SNP lokuslarının heterozigot ve homozigot oranı incelendiğinde %38.92 ile 44.45 oranında heterozigot olduğu, %57.12-61.08 oranında ise homozigot SNP olduğu belirlenmiştir (**Ek-5**).

4.3.3. Kısa InDel Lokusların Belirlenmesi

Siirt referans genomuna haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. lentiscus* genotipinde kısa InDel lokusları da tespit edilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar **Ek-83**'te verilmiştir. *P. lentiscus* genotiplerinden elde edilen kısa InDel sayıları 1,287,744 ile 1,470,141 arasında değişmiştir. Kısa InDel lokusları uzunluklarına göre 1 ile 10 ve uzunlukları 10'dan büyük olan InDel'lerin sınıflandırılması yapılmış ve en fazla InDel sayısı bir baz değişimi ile gerçekleşen mutasyonlar olmuştur (**Ek-6**). Genotipler arasında kısa InDel sayısı 1,392,988 ile 1,450,415 arasında değişmiştir. Bunun yanı sıra Siirt genomu kullanıldıktan sonra genotipler arasında yapısal farklılıklar belirlenmiştir (**Ek-4**).

4.3.4. SV Lokusların Belirlenmesi

P.lentiscus genotiplerinde, yapısal değişiklikler uzun silme, translokasyon, duplikasyon, inversiyon ve uzun ekleme olarak sınıflandırılmıştır. Yapısal değişiklikler incelendiğinde genotipler arasında uzun silinmeler toplam yapısal değişikliklerin %52-%55.28'ini, uzun eklemeler %9.86 ile %12.02'sini, translokasyonlar % 9.96 ile %12.9'unu ve inversiyonlar ise %3.35 ile %4.25'ini oluşturmaktadır (**Ek-4**).

4.3.5. Dişi ve Erkek Cinsiyetlere Spesifik Lokusların Belirlenmesi

P. lentiscus genotipleri referans Siirt genomuna haritalandıktan sonra SNP, InDel ve SV lokusları tespit edilmiştir. 15 dişi ve 15 erkek genotipinden elde edilen SNP, InDel ve SV lokuslarında dişi ve erkek genotiplerinde karşılaştırma yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, dişiye özgü SNP lokus sayısı toplam 670,790, InDel lokus sayısı 88,295 ve SV lokus sayısı ise

1,657 adet olarak belirlenmiştir. Erkek genotiplere spesifik SNP lokus sayısı toplam 537,372, InDel lokus sayısı 61,084 ve SV lokus sayısı ise 1,327 adet olarak belirlenmiştir. 15 dişi ve 15 erkek genotipin birbiriyle karşılaştırılması sonucunda ortak olarak tespit edilen SNP sayısı 3,569,133 adet, InDel sayısı 393,489 adet ve 2,940 adet ise SV belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar Ek-86’de verilmiştir.

4.4. *P. lentiscus* Türünde Dişi ve Erkek DNA Dizilerinin Bağyolu Genomuna Hizalanması ile Elde Edilen Analiz Sonuçları

4.4.1. Haritalama Sonuçları

P.lentiscus türüne ait 15 dişi ve 15 erkek genotipten elde edilen DNA dizileri Bağyolu genomuna (Burrows Wheeler Aligner-MEM BWA;(Li, 2013; Li ve Durbin, 2009) programı ile haritalanmıştır. Haritalan baz oranı %91.25 ile %92.56 arasında belirlenmiştir (**Ek-15**).

4.4.2. SNP Lokuslarının Belirlenmesi

Bağyolu genomu kullanıldığında dişi ve erkek genotiplerden elde edilen SNP sayısı 10,955,361 ile 11,696,151 arasında değişmektedir (**Ek-16**). En fazla SNP sayısı PLM904 genotipinde (11,596,725), en az ise PLM911 (10,955,361) genotipinde bulunmuştur (**Ek-16**). Dişi genotiplerde ortalama her 1 kilobase’de 19 SNP bulunurken, erkek genotiplerde ortalama 18.92 SNP tespit edilmiştir. Bu genotipler arasında SNP’lerin homozigot SNP oranı %58.82 ile %61.84 ile arasında, heterozigot SNP oranı ise %38.61 ile 41.92 arasında değişmektedir (**Ek-17**).

4.4.3. Kısa InDel Lokuslarının Belirlenmesi

P. lentiscus genotiplerine ait DNA dizileri Siirt genomuna haritalanması sonucunda elde edilen Indel lokuslarının uzunlukları 1’den 10’a kadar olan Indel’ler kısa InDel, 10 bazdan uzun olan InDels ise uzun InDel olarak sınıflandırılmıştır. Dişi ve erkek genotipler arasında kısa InDel sayıları (InDel <10 bp) toplamda 1,304,868 ile 1,500,532 arasında değişmektedir (**Ek-18**).

4.4.4. SV Lokuslarının Belirlenmesi

P. lentiscus genotiplerinde Bağyolu genomuna haritalanma sonucunda belirlenen yapısal değişiklikler uzun silme, translokasyon, duplikasyon, inversiyon ve uzun ekleme olarak sınıflandırılmıştır. *P. lentiscus* genotiplerinde tüm yapısal değişikliklerin sayısı 47,112 ile 61,017 arasında değişmiştir. Genotipler arasında yapısal farklılıklar incelendiğinde ortalama olarak en yüksek %52.79 uzun delesyonlar (long deletion), bunu %19.54 ile transkopsyonlar, %11.29 ile uzun eklemeler (long insertions), %10 ile duplikasyonlar ve %6.36 ile inversiyonlar takip etmektedir (**Ek-16**).

4.4.5. Dişi ve Erkek Cinsiyetlere Spesifik Lokusların Belirlenmesi

P. lentiscus türüne genotiplerin DNA dizileri Bağyolu referans genomuna yapılan haritalama sonucunda SNP, InDel ve SV lokusları tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipten elde edilen SNP, InDel ve SV lokuslarında dişi ve erkek genotiplerde karşılaştırma yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, dişiye özgü SNP lokus sayısı toplam 690,616 adet, InDel lokus sayısı 89,989 adet ve SV lokus sayısı ise 1,316 adet olarak tespit edilmiştir. Erkek spesifik SNP lokus sayısı toplam 556,120 adet, InDel lokus sayısı 63,511 adet ve SV lokus sayısı ise 1,011 adet olarak tespit edilmiştir. 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipin karşılaştırılması sonucunda ortak olarak tespit edilen SNP sayısı 3,361,543 adet, InDel sayısı 374,857 adet ve 2,282 adet ise SV belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-35**'de verilmiştir. Erkek spesifik SNP lokus sayısı toplam 556,120, InDel lokus sayısı 63,511 ve SV lokus sayısı ise 1,011 adet olarak tespit edilmiştir. 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipin birbiri ile karşılaştırılması sonucunda ortak olarak tespit edilen SNP sayısı 3,361,543 adet, InDel sayısı 374,857 adet ve 2,282 adet ise SV belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-96**'da verilmiştir.

4.5. *P. terebinthus* Türünde Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt Çeşidi Genomu Hizalandığında Elde Edilen Analiz Sonuçları

4.5.1. Haritalama sonuçları

P. terebinthus türünde 15 dişi ve 15 erkek bireye ait DNA dizileri Siirt genomuna (Kafkas ve ark., 2023) haritalanmıştır. Genotipler arasında haritalana baz oranı %94.04 ile %95.45 arasında değişmektedir (**Ek-11**).

4.5.2. SNP Lokuslarının Belirlenmesi

Haritalanma sonrası genotipler arasında elde edilen SNP sayısı 10,831,717 ile 13,105,667 arasında değişmiştir (**Ek-12**). Elde edilen SNP'lerin homozigot ve heterozigot durumları incelendiğinde homozigot SNP'ler %34.64 ile %58.47 arasında, heterozigot SNP'ler ise %41.59 ile %65.36 arasında değişmektedir (**Ek-31**).

4.5.3. Kısa InDel Lokuslarının Belirlenmesi

Ayrıca *P. terebinthus* genotiplerinden elde edilen kısa InDel sayıları 1,241,486 ile 1,431,875 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Kısa InDel lokusları uzunluklarına göre 1 ile 10 ve uzunlukları 10'dan büyük olan InDel'lerin sınıflandırılması yapılmış ve InDel sayısı en fazla bir baz değişimi ile gerçekleşen mutasyonlar olmuştur (**Ek-65**).

4.5.4. SV Lokuslarının Belirlenmesi

Dişi ve erkek genotipler arasında uzun silme, translokasyon, duplikasyon, inversiyon ve uzun ekleme gibi yapısal değişikliklerin toplam sayısı 52,926 ile 59,594 arasında belirlenmiştir (Ek-12).

4.5.5. Dişi ve Erkek Spesifik Lokusların Belirlenmesi

15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipinden elde edilen SNP, InDel ve SV lokuslarında birbiri ile karşılaştırılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, dişiye spesifik SNP lokus sayısı toplam 1,018,682 adet, InDel lokus sayısı 118,224 adet ve SV lokus sayısı ise 2,193 adet olarak belirlenmiştir. Erkeğe özgü SNP lokus sayısı 386,111 adet, InDel lokus sayısı 39,898 adet ve SV lokus sayısı ise 947 adet olarak tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipin karşılaştırılması sonucunda ortak olarak SNP sayısı 2,797,783 adet, InDel sayısı 265,366 adet ve 2,078 adet ise SV tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlar Ek-66'de verilmiştir.

4.6. *Pistacia terebinthus* Türüne Ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA dizileri Referans

Bağyolu Çeşidi Genomu Hizalandığında Elde Edilen Analiz Sonuçları

4.6.1. Genotiplerin Haritalama Sonuçları

Pistacia terebinthus türüne ait dişi ve erkek bireylerden elde edilen Dna dizileri Bağyolu genomuna haritalanmıştır. Haritalanan baz oranı (%) %93.76 ile %95.42 arasında değiştiği belirlenmiştir (Ek-13).

4.6.2 SNP lokuslarının Belirlenmesi

Genotipler arasında 10,818,607 ile 12,115,039 arasında SNP tespit edilmiştir (Ek-14). Elde edilen SNP'lerin homozigot ve heterozigot durumları incelendiğinde homozigot SNP'ler %34.3 ile %58.94 arasında, heterozigot SNP'ler ise %41.04 ile %65.7 arasında değişmektedir (Ek-33).

4.6.3 Kısa InDel Lokuslarının Belirlenmesi

P. terebinthus türünde 15 dişi ve 15 erkek bireye ait DNA dizileri Siirt genomuna dişi ve erkek genotipler arasında, InDel sayıları büyüklüklerine göre sınıflandırılmıştır (Ek-32). Genotipler arasında InDel'ler incelendiğinde tek bazlı InDel'ler 530,979 ile 630,039 arasında ve InDel > 10 bp InDel'ler ise 158,131 ile 167,118 arasında değişmiştir (Ek-32).

P. terebinthus türünde 15 dişi ve 15 erkek bireye ait re-sequencing sekansları Bağyolu genomuna hizalanmış, bir baz InDel sayıları toplam InDel'lerin %44.33 ile %47.27'sini oluştururken, 10 bp > InDel'ler ise %11.54 ile % 11.94'ünü oluşturmaktadır (Ek-34).

4.6.4 SV Lokuslarının Belirlenmesi

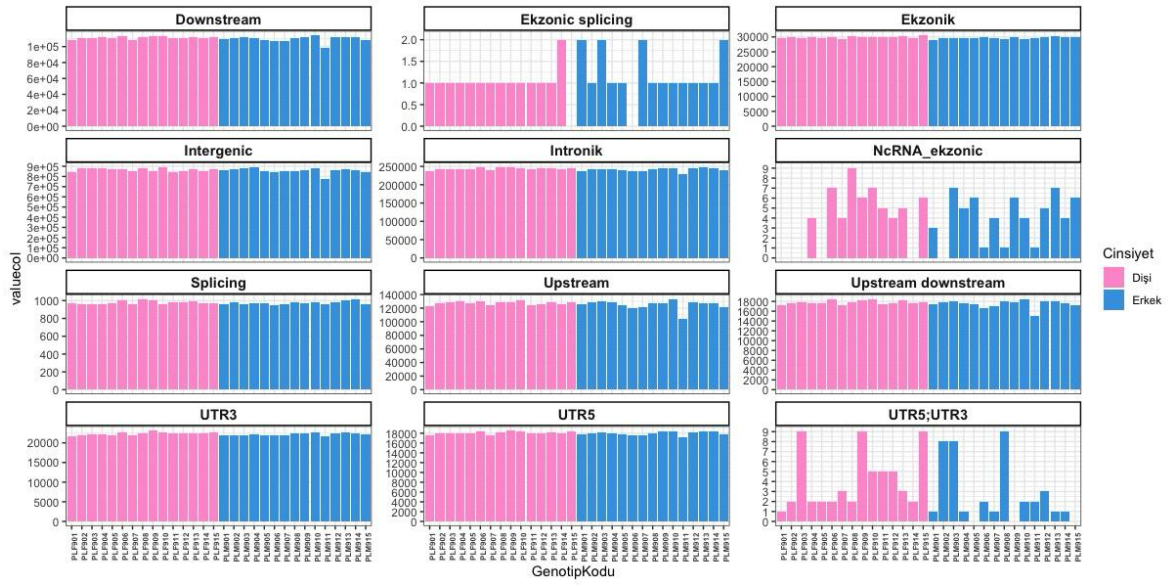
P. terebinthus dişi ve erkek genotipleri arasında 1,267,763 ile 1,396,113 arasında değişen sayıda InDel lokusu belirlenmiştir. Bütün yapısal farklılıklar bakımından en yüksek oran uzun silme (long deletion) (%52.71 ile %54.39 arasında), bunu translokasyonun (%12.23 ile 13.55), uzun ekleme (%11.99 ile 12.48), duplikasyon (%10.97 ile 11.60) ve inversiyon (% 9.84 ile 10.18) sırasıyla takip etmektedir (**Ek-14**).

4.6.5. Dişi ve Erkek Cinsiyetlere Spesifik Lokusların Belirlenmesi

P. terebinthus referans Bağyolu genomuna yapılan haritalama sonucunda SNP, InDel ve SV lokusları tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipten elde edilen SNP, InDel ve SV lokuslarında Dişi ve Erkek genotiplerinde karşılaştırma yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, dişiye özgü SNP lokus sayısı toplam 1,061,409 adet, InDel lokus sayısı 120,271 adet ve SV lokus sayısı ise 1,667 adet olarak belirlenmiştir. Erkeğe özgü SNP lokus sayısı toplam 382,059 adet, InDel lokus sayısı 41,023 adet ve SV lokus sayısı ise 750,785 adet olarak tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipin karşılaştırılması sonucunda ortak olarak tespit edilen SNP sayısı 2,542,723 adet, InDel sayısı 251,072 adet ve 1,489 adet ise SV belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-76**'da verilmiştir.

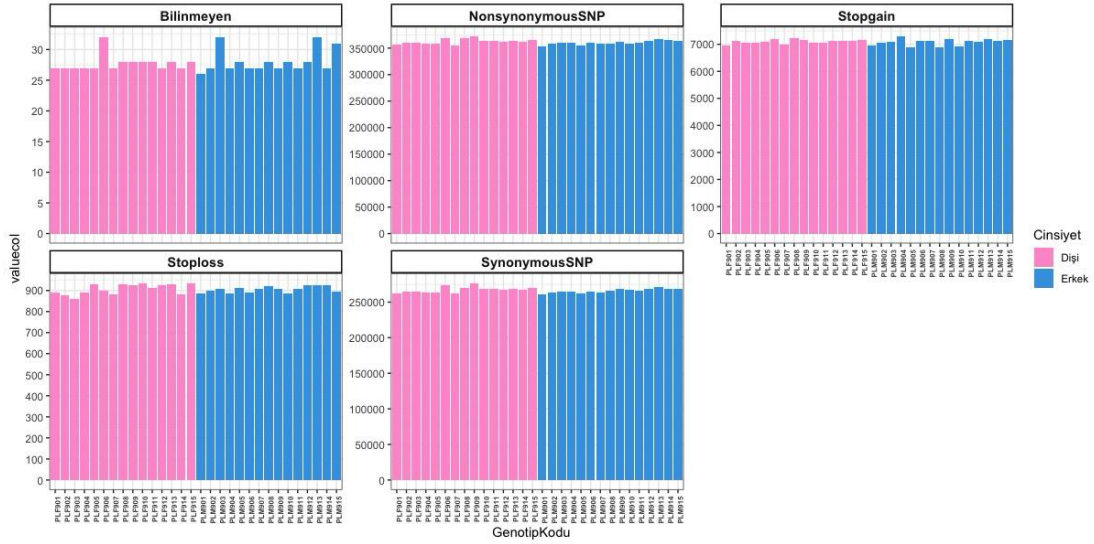
4.8. *P. lentiscus* Türüne ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt genomu Kullanıldığında Elde Edilen Varyasyonların Anotasyonları

P. lentiscus'a ait cinsiyetle ilişkili olan SNP'lerin pozisyonunda olan genler ve protein sekansları Kafkas ve ark (2023) tarafından yayınlanan *P. vera* genom anotasyonundan (BioProject: PRJNA625479) ilişkilendirilerek belirlenmiştir. Bu türe ait dişi ve erkek sekansları Siirt genomu kullanıldığında elde edilen genotiplerdeki SNP lokusları çoğunlukla intergenik bölgede bulunmuş ve sayıları genotipler arasında 7,715,219 ile 8,190,146 arasında değişmiştir (**Ek-7**). Geri kalan SNP lokusları incelendiğinde ise intronik bölgede 1,471,850 ile 2,377,230 arasında, ekzonik bölgelerde 625,983 ile 656,439 arasında, upstream bölgelerde 490,272 ile 576,086 arasında, downstream bölgelerde 477,265 ile 529,665 arasında , UTR3 bölgelerinde 99,626 ile 105,533 arasında, UTR5 bölgelerinde 70,822 ile 75,195 arasında, ncRNA exonic bölgelerde 176 ile 213 arasında ve ekzonik; UTR5;UTR3 bölgelerinde 13 ile 20 arasında, ekzonik;splicing bölgelerinde ise 13 ile 19 arasında olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.5, **Ek-7**).



Şekil 4. 3. *P. lentiscus* türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait sekanslarla Siirt genomu kullanıldığında elde edilen ortalama SNP lokuslarının anotasyonu

Exon bölgelerindeki SNP sayıları ise 622,285 ile 656,439 arasında değişmiştir (**Ek-7**). Dişi ve erkek genotiplerde en çok non-synonymous SNP bulunurken bunu synonymous SNP, stopgain, stoploss ve diğeri takip etmektedir (Şekil 4.6, **Ek-8**).



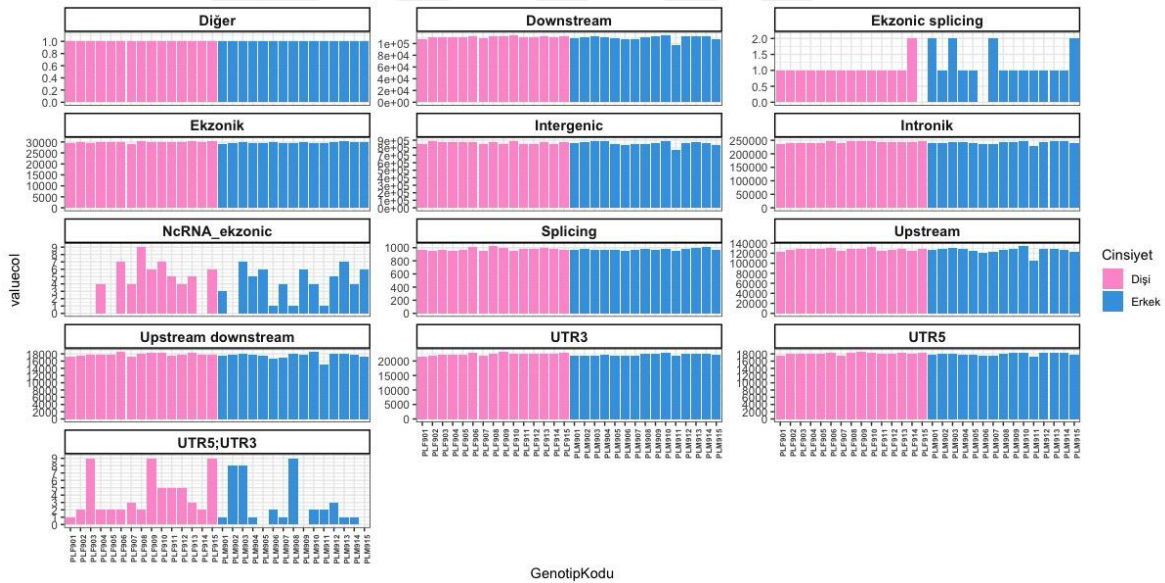
Şekil 4. 4. *P. lentiscus* türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait sekanslarla Siirt genomu kullanıldığında elde edilen ortalama ekzon bölgelerindeki SNP lokuslarının anotasyonu (**Ek-8**)

Nonsynonymous mutasyonlar, protein dizilerini değiştirmekte ve sıklıkla doğal seçilime tabi tutulmaktadır. Aynı şey, olgunlaşmamış (pre-matura) stop kodonlarını CDS'lere (kodlama dizileri) sokan anlamsız mutasyonlar için de geçerlidir. Bununla birlikte, Synonymous

mutasyonların sezgisel olarak işlevsel olarak sessiz ve evrimsel olarak nötr olduğu düşünülmektedir (Chu ve ark., 2019).

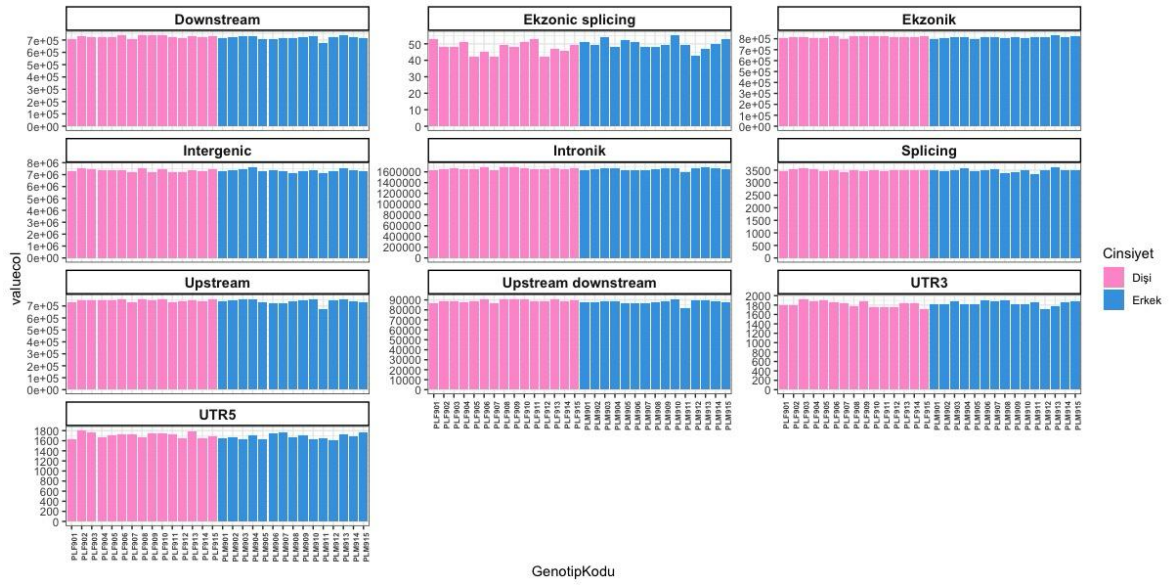
Siirt genomu kullanıldığında Non-synonymus Snp'ler en az PLM901 erkek genotipinde (353,422) bulunurken, en çok PLF909 dişi genotipinde belirlenmiştir. Synonymous SNP'ler en az PLF901 dişi genotipinde (262,2939) bulunurken, en çok PLM913 erkek genotipinde (270,698) tespit edilmiştir (**Ek-8**).

P. lentiscus türünde dişi ve erkek genotiplere ait DNA dizileri Siirt genomuna hizalandığında elde edilen InDel'ler en fazla intergenic bölgelerde belirlenmiştir (Şekil 4.7, **Ek-9**). Genotiplere göre sayıları 773,094 ile 891,271 arasında değişmiştir (Şekil 4.7, **Ek-9**). Bunu intron bölgelerinde 227,919 ile 247,096 arasında, upstream bölgelerinde 104,418 ile 131,574 arasında, downstream bölgelerinde 97,979 ile 114,046 arasında, UTR3 bölgelerinde 21,613 ile 23,111 arasında ve UTR5 bölgesinde 17,155 ile 18,528 arasında ve splicing bölgeleri 954 ile 1,019 arasında InDel sayısı tespit edilmiştir (Şekil 4.7, **Ek-9**). *P. lentiscus* türüne ait dişi ve erkek genotiplerindeki InDel dağılımlarının olduğu bölgelerde benzer sayıda dağılım gösterdiği belirlenmiştir (Şekil 4.7).



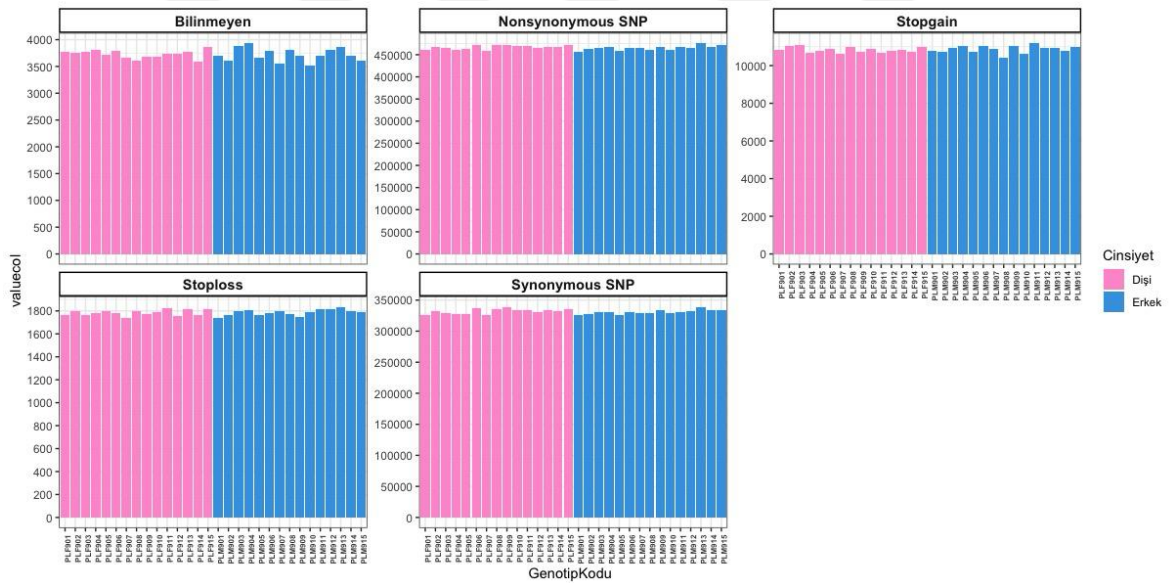
Şekil 4.5. *P. lentiscus* türünde Siirt referans genomu kullanılarak InDel'lerin genomundaki anotasyon sonuçları

Siirt genomu kullanıldığında ekzon bölgelerindeki InDel'lerin anotasyon sınıflandırılması çerçeve kayması silinmeler (frameshift deletion) 10,602 ile 11,028 arasında, çerçeve kayması eklemeler (frameshift insertion) 8,636 ile 8,882 arasında, çerçeve kayması olmayan silme (no-frameshift deletion) 5,142 ile 5,112 arasında, stop kodon (stopgain) 951 ile 1,022 arasında, stop durdurma (stoploss) 75 ile 94 arasında ve bilinmeyen 1 ile 2 arasındadır (Şekil 4.8, **Ek-10**).



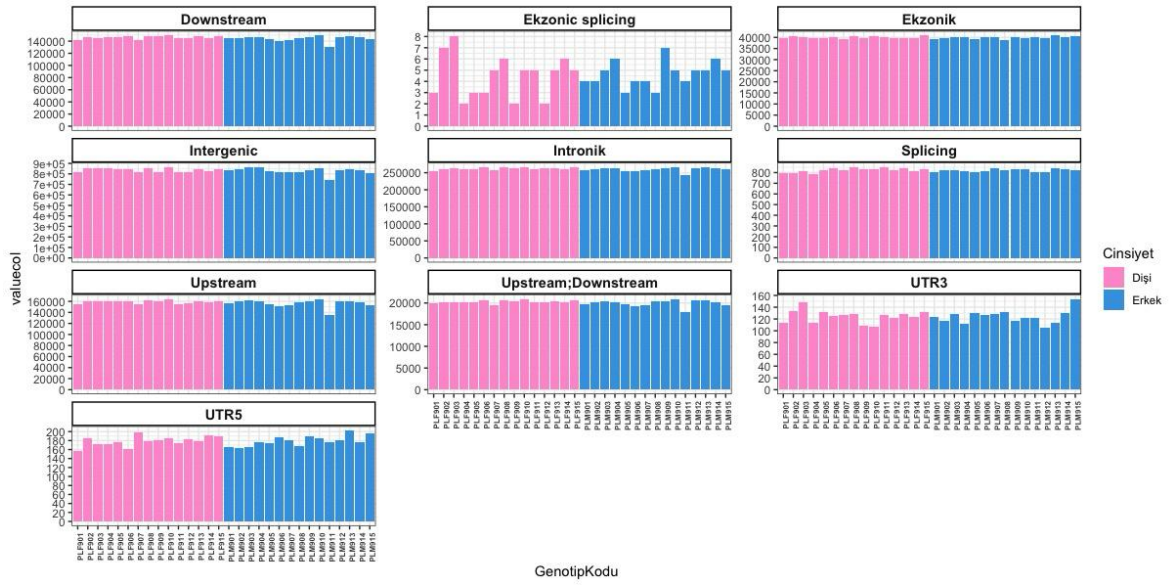
Şekil 4. 7. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak SNP'lerin genomdaki anotasyonu (Ek-19).

Ekzonik bölgelerdeki SNP anotasyonlarında non-synonymous %57, synonymous %41, stopgain %1.34'ü, stoploss %0.2'si ve bilinmeyenler ise %0.45'i oluşturmaktadır (Şekil 4.10, Ek-20)



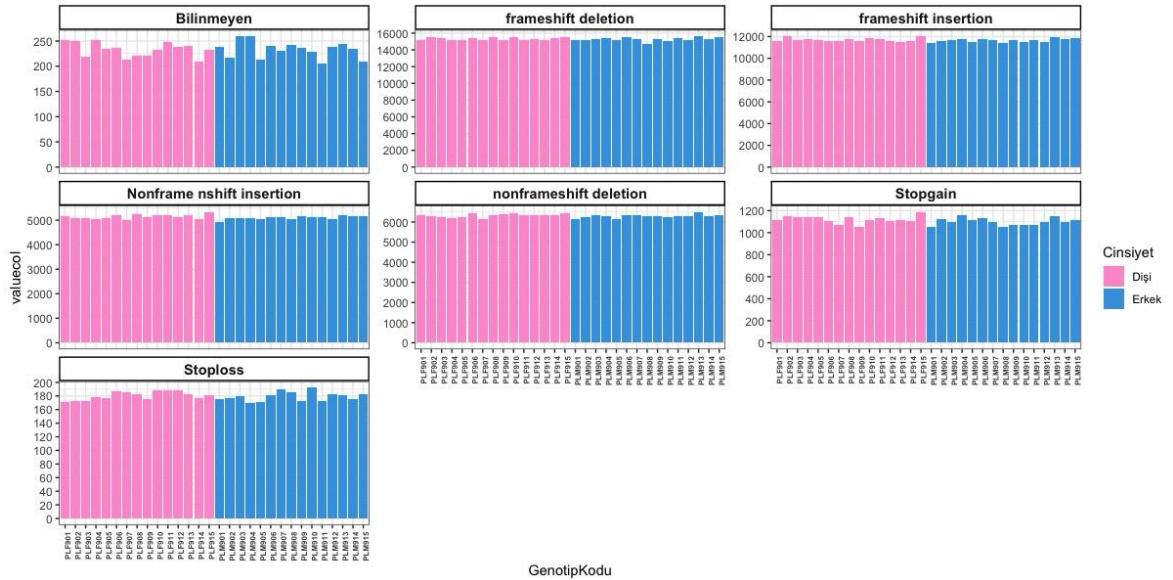
Şekil 4. 8. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyonu (Ek-20).

P. lentiscus türüne ait dişi ve erkek genotiplerin sekansları Bağyolu genomuna hizalandığında elde edilen genotiplerdeki InDels lokuslarının anotasyonları incelendiğinde, intergenik bölge %57'lık kısmı, intronik bölgeler %17.45'lik kısmı, upstream %10.87'lik kısmı, downstream %10'luk kısmı geri ufak bir kalan kısmı ise UTR5, UTR3, splicing ve exonik;splicing kısmı oluşturmaktadır (Şekil 4.11, Ek-21).



Şekil 4. 9. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel’lerin genomdaki anotasyonları

Ekzon bölgelerindeki InDel’lerin anotasyonları incelendiğinde ise çevre silinmeleri (frameshift deletion) 14,739 ile 15,609 arasında, çevre eklemeleri (frameshift insertion) 11,421 ile 12,013 arasında, çerçeve kayması olmayan silinmeler (non-frameshift deletion) 6,137 ile 6,493 arasında, çerçeve kayması olmayan eklemeler (non-frameshift insertion) 4,940 ile 5,189 arasında, stopgain 1,067 ile 1,153 arasında, stoploss 169-189 arasında ve bilinmeyenler ise 206 ile 251 arasında değişmektedir (Şekil 4.12, Ek-22).



Şekil 4. 10. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel’lerin ekzon bölgelerindeki anotasyonları (Ek-22)

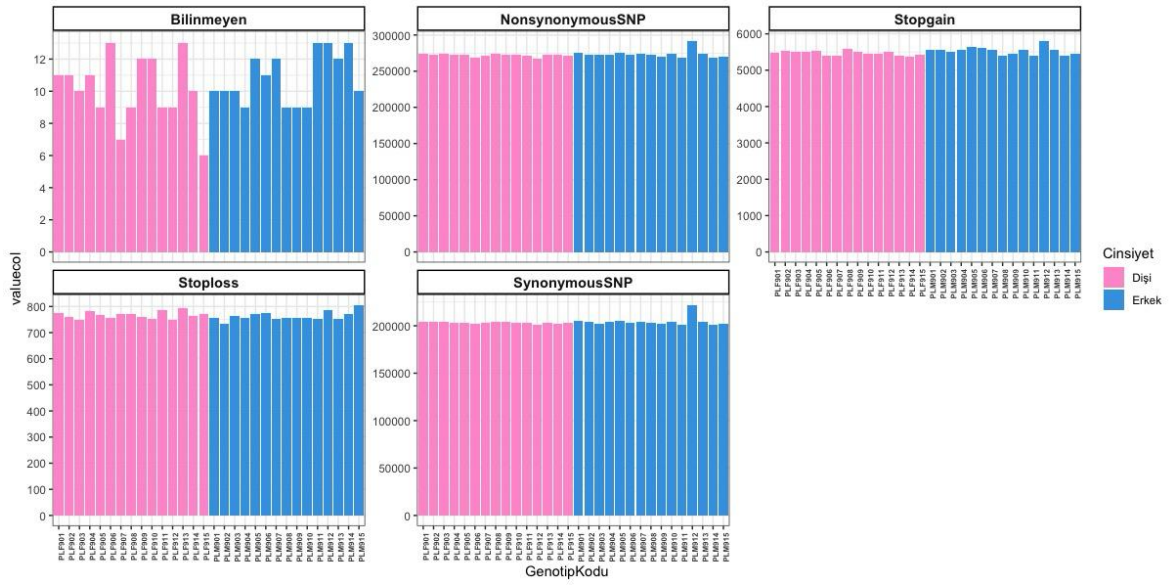
4.10. *P. terebinthus* Türüne Ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt Genomu Kullanıldığında Elde Edilen Anotasyon Sonuçları

P. terebinthus türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait Dna sekansları Siirt genotipine haritalandığında elde edilen SNP'ler en fazla intergenic bölgelerde (%74) belirlenmiştir. Genotipler arasında intergenic bölgelerde bulunan SNP sayıları ise 7,106,244 ile 7,828,086 arasında değişmiştir (Şekil 4.3, Ek-23). Diğer bölgeler incelendiğinde intron bölgesi %10.46, upstream %4.88, downstream %4.38, exon %4.35, UTR3 %0.5 ve UTR5 %0.51'lik kısmı oluşturmuştur. Intron bölgelerinde genotipe göre değişmek üzere 1,136,063 ile 1,298,148 arasında değişim göstermiştir. Exon bölgelerindeki SNP sayıları ise 475,088 ile 519,790 arasında değişmiştir (Şekil 4.3, Ek-23).



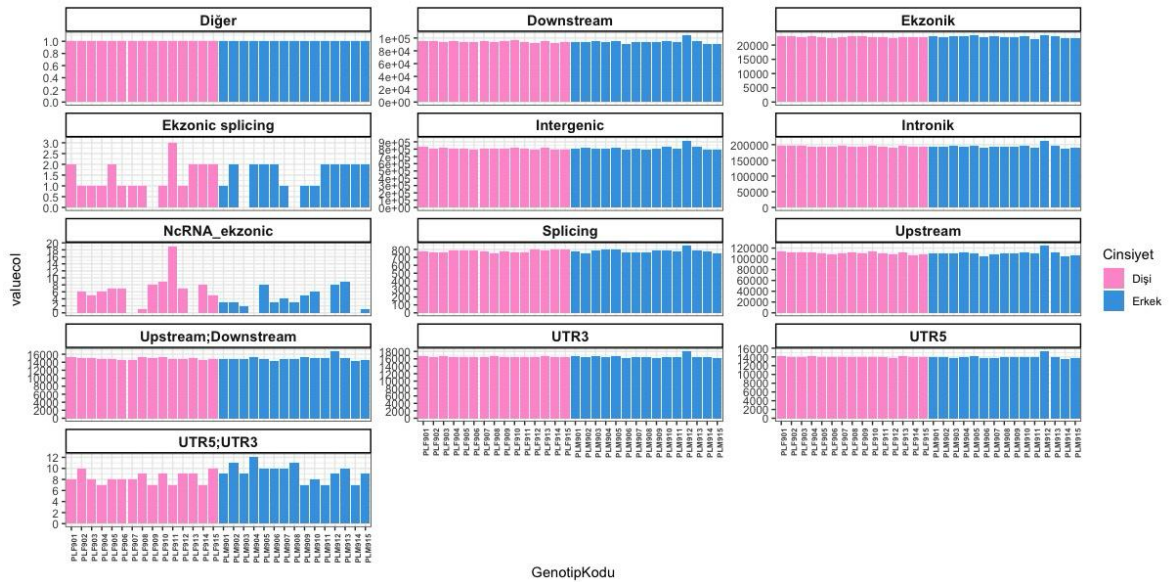
Şekil 4. 11. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyonu (Ek-23)

Exon bölgelerindeki SNP anotasyonu incelendiğinde, nonsynonymous SNP'ler %57'lik kısmı oluştururken, synonymous SNP'ler %42'i, stopgain (%1.14), stoploss %0.15 ve geri kalan küçük bir kısmı ise bilinmeyenler oluşturmaktadır. (Çizelge 4.14, Ek-24).



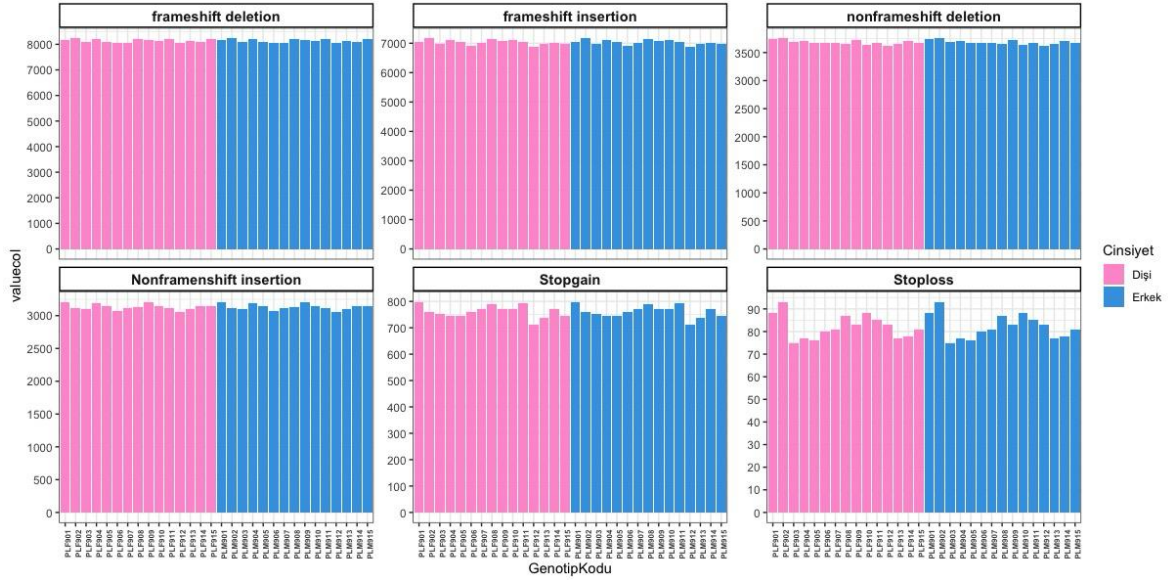
Şekil 4. 12. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyonu (Ek-24)

InDel'ler en fazla intergenic bölgelerde (%64) belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 771,874 ile 860,426 arasında değişmiştir (Şekil 4.15, Ek-25). Bunu intron (%15.24), upstream (%8.66) downstream (% 7.37), exonic (%2), UTR3 (%1.29), UTR5 (%1.09), upstream;downstream (%1.16) ve splicing (%0.06) sırasıyla izlemiştir. Intron bölgelerinde ise InDel sayısı 204,096 ile 218,992 arasında değişim göstermiştir. Exon bölgelerindeki InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 30,365 ile 31,983 arasında değişmiştir (Şekil 4.15, Ek-25).



Şekil 4. 13. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak InDel'lerin genomdaki (Ek-25) anotasyonu

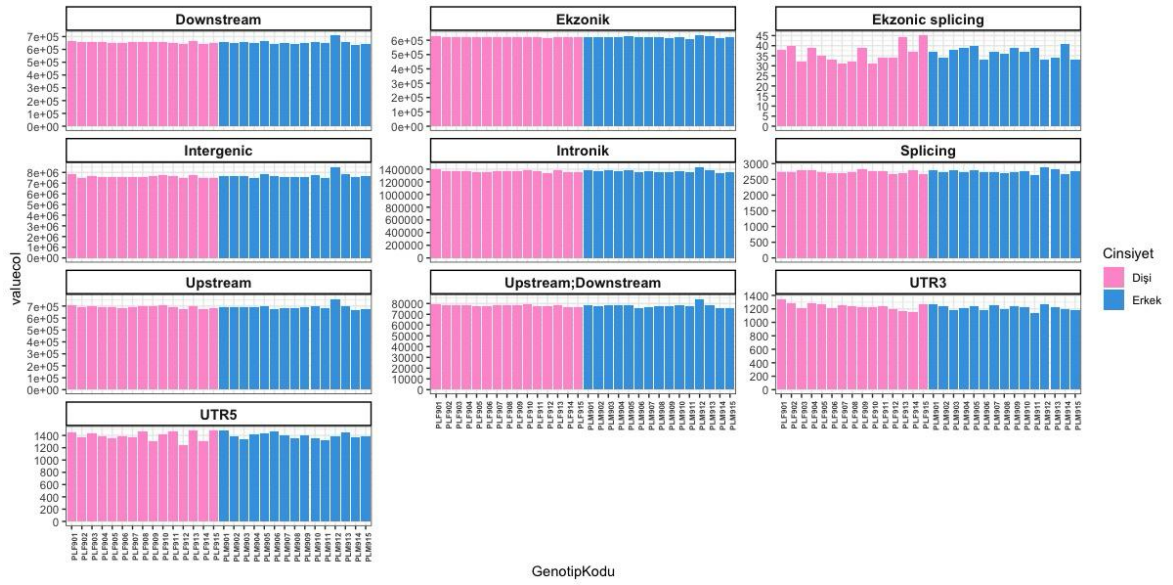
Exon bölgelerindeki InDel'lerin sınıflandırılmasında çerçeve silinmesi %36'luk kısmı, çerçeve eklenmesi %31'luk kısmı, çerçeve kayması olmayan eklemeler %16, çerçeve kayması olmayan silinme %14'lik, stopgain %3.2'lik ve stoploss %0.35'lik kısmı oluşturmaktadır (Şekil 4.16, Ek-26).



Şekil 4. 14. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyonu (Ek-26)

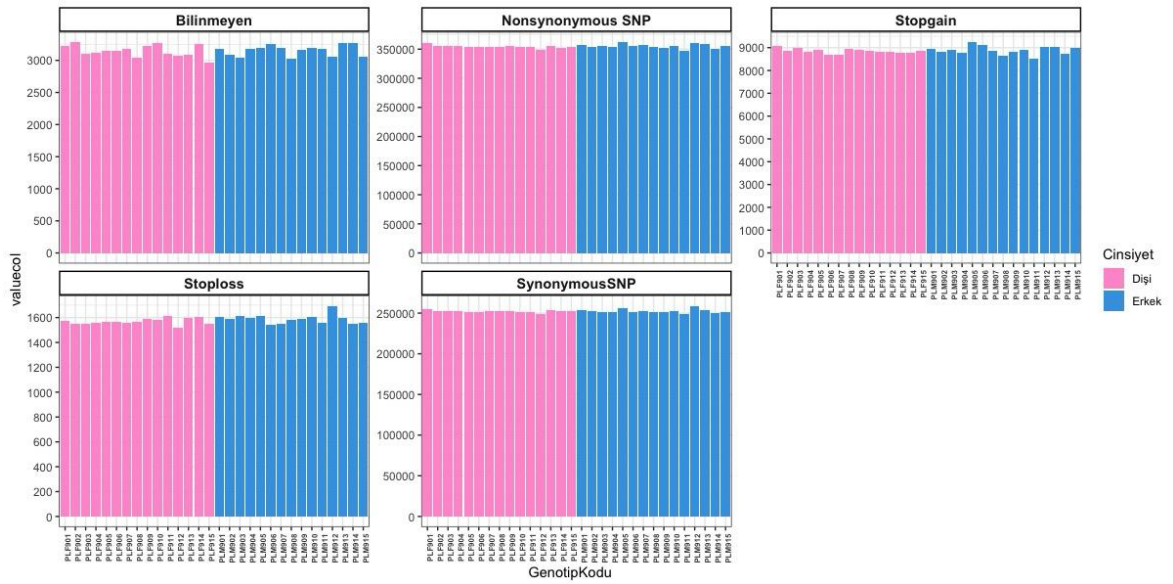
4.11. *P. lentiscus* Türüne Ait Dişi ve Erkek Genotiplere Ait DNA Dizileri Referans Siirt genomu Hizalandığında Elde Edilen Anotasyon Sonuçları

P. terebinthus türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait DNA sekansları referans Siirt genomuna hizalanadığında elde edilen SNP'ler en fazla intergenic bölgelerde (%69) belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 7,430,384 ile 8,491,435 arasında değişmiştir. Bunu intron (%12.5), upstream (%6.24), downstream (%5.91), exon (%5.60) ve geri kalan kısımları ise UTR5, UTR3, splicing ve upstream;downstream bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise 1,337,153 ile 1,431,412 arasında değişim göstermiştir. Exon bölgelerindeki SNP sayıları 609,688 ile 633,545 arasında değişmektedir (Şekil 4.17, Ek-27).



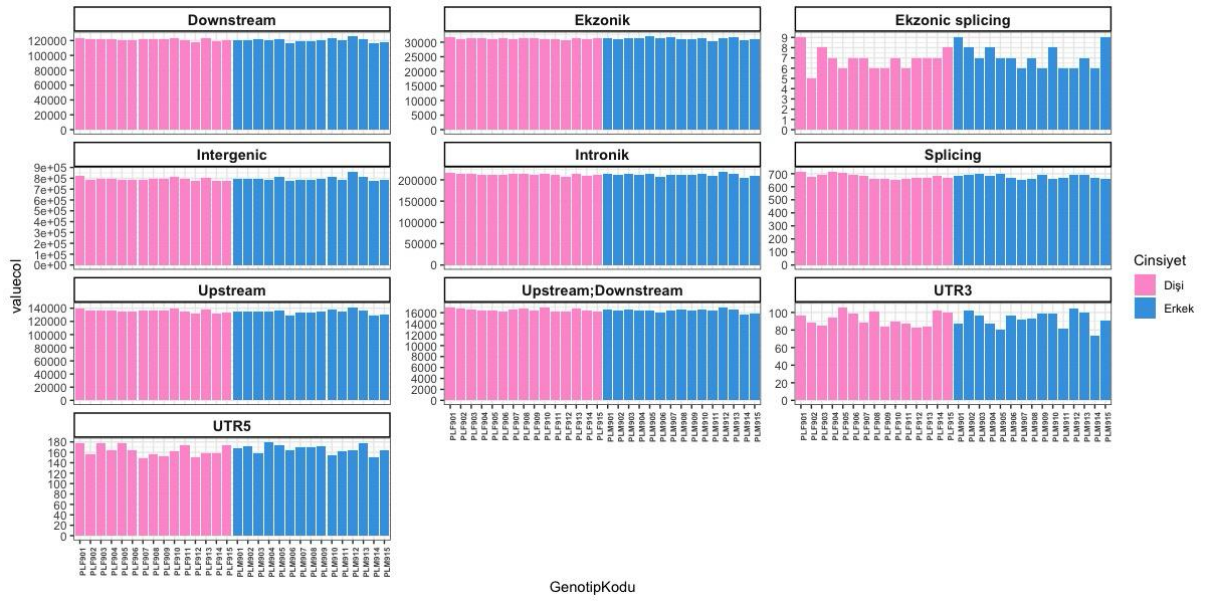
Şekil 4.15. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin genomda anotasyon sonuçları (Ek-27)

Exon bölgelerindeki nonsynonymous SNP'ler %57, synonymous SNP'ler %40.64, stopgain %1.42, stoploss %0.25 ve bilinmeyenler ise %0.5'lik kısmı oluşturmaktadır (Şekil 4. 18, Ek-28).



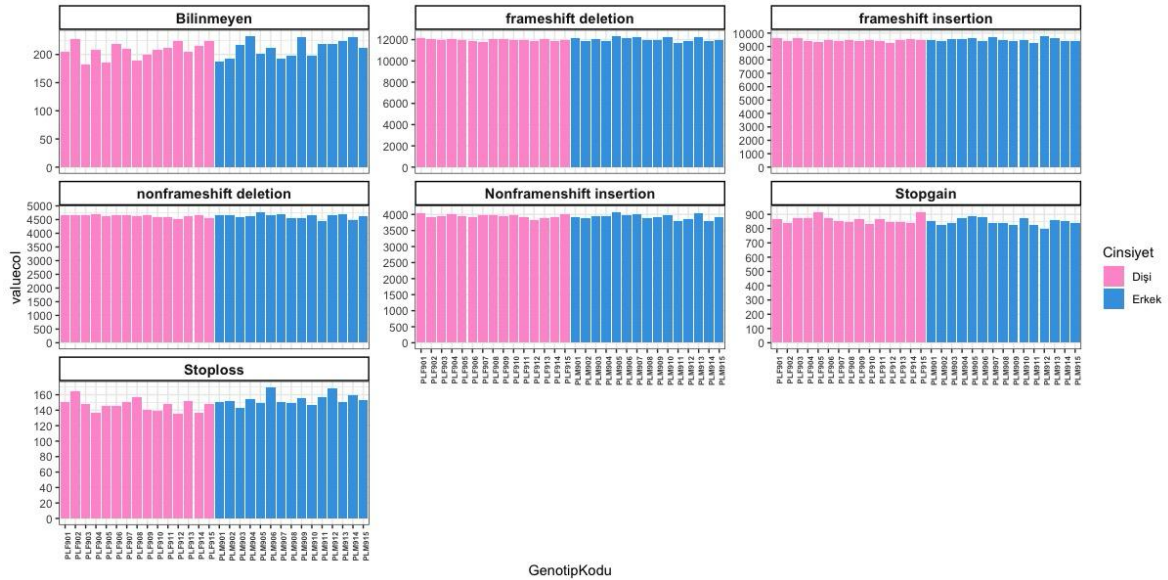
Şekil 4.16. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları (Ek-28)

InDel'ler en fazla intergenic bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 771,874 ile 860,426 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve exon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise 204,096 ile 218,992 arasında değişim göstermiştir. Exon bölgelerindeki InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 30,365 ile 31,983 arasında değişmiştir (Şekil 4.19, Ek-29).



Şekil 4. 17. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel’lerin genomdaki anotasyon sonuçları (sağda, **Ek-29**)

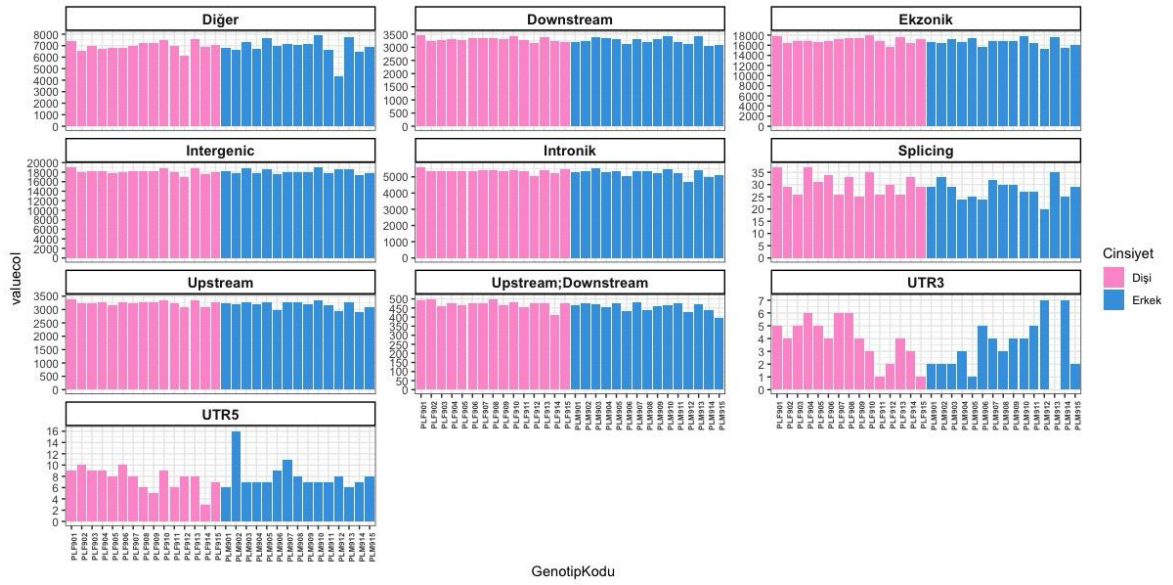
Exon bölgelerindeki toplam InDel’lerin sayısı içerisinde çerçeve kayması ekleme %38’lik kısmı, çerçeve kayması eklemeler (%30), çerçeve kayması olmayan silinmeler %15’i, çerçeve kayması olmayan eklemeler %13, stopgain %3, geri kalan kısımları ise stoploss ve bilinmeyenler oluşturmaktadır. (Çizelge 4.20, **Ek-30**).



Şekil 4. 18. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel’lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları (sağda, **Ek-30**)

Yapısal değişiklikler en fazla intergenic bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 17,059 ile 19,051 arasında değişmiştir. Bunu exon ve intron bölgeleri izlemiştir. Exon bölgelerindeki yapısal değişiklik sayısı genotipten genotipe değişmek üzere 15,201 ile 17,939 arasında değişmiştir. Intron bölgelerinde ise 4,700 ile 5,597 arasında değişim göstermiştir (Şekil

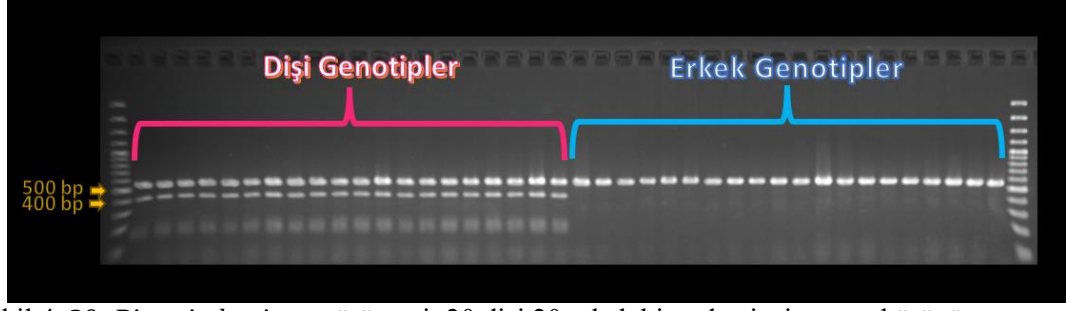
4.21, Ek-35).



Şekil 4. 19. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SV'lerin genomdaki anotasyon sonuçları (Ek-35).

4.12. *P. lentiscus* Türünde Ait Dişi ve Erkek Genotiplerde Tespit Edilen Cinsiyet ile Bağlantılı Lokusların Belirlenmesi ve Validasyonu

P. lentiscus türünde tüm dişi ve erkekler bireylerde aynı pozisyonda bulunan ve cinsiyete özgü baz değişimi bulunan ve cinsiyetle ilişkili olduğu düşünülen 1310 adet SNP bulunmuştur. Bu SNP bölgelerini tanıyıp kesim yapabileceği bölgelerden CAPS (Sequence Characterized Amplified Regions) markörleri dizaynı için cinsiyeti %100 ayıran SNP'lerden kesim enzimlerinin (MseI ve PstI) kesim yapabileceği SNP lokusları Python programında yazılan bir script ile belirlenerek CAPS markörleri dizayn edilmiştir. Her restriksiyon enzimine özgü 12 primer çifti olacak şekilde toplamda 24 CAPS primer çifti tasarlanmıştır. En iyi ve doğru çalışan primer çifti ile 100 dişi ve 100 erkek bireyde validasyon yapılmıştır. Fakat 20 dişi ve 20 erkek bireyde agaroz jel görüntüsü verilmiştir. Bu primer çifti (PL_F25/ PL_R24) kullanılarak yapılan en uygun PCR içeriği Tablo 4.1'de ve PCR koşulları Tablo 4.2'de tespit edilmiştir. PCR sonrası TTA b bölgelerini tanıyıp kesen MseI restriksiyon enzimi kullanılarak 65 °C'de 4 saat boyunca PCR ürünleri kesilmiştir (Tablo 4.3). PCR ürünleri agaroz jelde elektroforez edilmiştir. Yapılan reaksiyon sonucunda 20 işi dişi bireylerde üç bant (≈ 550 bp, ≈ 410 bp ve ≈ 140 bp), 20 erkek bireyde ise (≈ 550 bp) ise tek bant belirlenmiştir. Dişi ve erkek bireylerde görülen ≈ 550 bp uzunluğundaki bant ortak, iken sadece dişi bireylerde görülen ≈ 410 bp ve ≈ 140 bp'lık bant tespit edilmiştir (Şekil 4.22).



Şekil 4. 20. *Pistacia lentiscus* türüne ait 20 dişi 20 erkek bireyde cinsiyet markörünün agaroz jel görüntüsü

4.13. *P. terebinthus* Türünde Dişi ve Erkek Genotiplerde Tespit Edilen Cinsiyet ile Bağlantılı Lokusların Belirlenmesi ve Validasyonu

P. terebinthus Siirt ve Bağyolu genomu kullanıldığında elde edilen dişi spesifik SNPlerden primer dizaynı yapılmış ve primerlerin dişi ve erkek bireyleri %100 ayrılmadığı veya primerlerin çalışmadığı tespit edilmiştir. HRM analizlerinde başarılı olunmadığından, cinsiyetle ilişkili SNP markörleri CAPS markörlerine (Cleaved Amplified Polymorphic Sequence) dönüştürülmüş ve dişi ve erkek genotiplerde taranmıştır. Fakat *P. terebinthus* türüne ait dişi ve erkek bireylerde bu primerler %100 başarıyla ayrılmadığı tespit edilmiştir. Cinsiyet ile ilişkili lokusların validasyonu yapılamadığından bilgisi verilmemiştir.

Bu nedenle, *P. terebinthus*'a ait 15 dişi ve 15 erkek bireyler *P. atlantica* genomuna hizalanmış ve aynı yöntemle okuma derinlik hesaplamaları yapılmıştır. Dişi ve erkek okuma derinlik (2000 bazlık aralıklarla toplanmış) değerleri her bir cinsiyete ait bireyler için toplanmış ve toplam okuma derinlik içinde oranlanmıştır. Bu oranlar içinde dişilere ait 0.9 (F/(F+M)) değeri üzerinde 65 lokus belirlenmiş ve bu lokusların hepsinin *P. atlantica* genomunda kromozom 14.2 üzerinde olduğu tespit edilmiştir (Ek-4).

P. terebinthus'a ait 15 dişi ve 15 erkek bireylere ait Dna sekansları *P. atlantica* genomuna hizalanmış ve aynı yöntemle coverage hesaplamaları yapılmıştır. Dişi ve erkek coverage (2000 bazlık aralıklarla toplanmış) değerleri her bir cinsiyete ait bireyler için toplanmış ve toplam coverage içinde oranlanmıştır. Bu oranlar içinde dişilere ait 0.9 (F/(F+M)) üzerinde 65 lokus belirlenmiş ve bu lokusların hepsinin *P. atlantica* genomunda (Palmer ve ark., 2023) kromozom 14.2 üzerinde olduğu tespit edilmiştir. Bu bölgelerden BatchPrimer 3 (You ve ark., 2008) programı kullanılarak cinsiyet bölgesine spesifik SCAR primerlerinin tasarımı yapılmıştır. Toplamda 20 SCAR primeri tasarlanmış ve ön taramada 4 dişi 4 erkek bireyde en iyi ve en doğru çalışan primer çifti tespit edilmiştir. Bu koşullarda en iyi primer çifti kullanılarak 100 dişi ve 100 erkek bireyde validasyonunda kullanılmıştır. Primerler tasarlanırken dişi spesifik bölgelerin çoğaltılması hedeflendiği için reaksiyonun çalıştığının kontrol edilmesi amacıyla aktin genine ait bölgeyi çoğaltan primer de reaksiyona dahil edilmiştir. Pt_Z_2Pa_001-F (İleri) ve Pt_Z_2Pa_001-R (Geri) primer çifti kullanılarak 24 dişi 24 erkek bireyde yapılan polimeraz zincir reaksiyonu (PCR)

sonucunda agaroz jeldeki görüntüsü Şekil 4.23’da verilmiştir. Şekil 4.23’te görüldüğü gibi 800 bp uzunluğunda sadece dişi bireylere spesifik bant tespit edilmiştir.

Hormaza ve ark (1994) yaptıkları çalışmada 700 farklı RAPD primerini *Pistacia vera* türünde tarmışlar sadece bir RAPD primerinin (OPO08₉₄₅) dişi bireylerde bant verdiği erkek bireylerde vermediğini belirlemiştir. Yakubov ve ark (2005a), bu RAPD (OPO08₉₄₅) primerini çalışmalarında denemiş, bütün dişilerde bant tespit edilirken bazı erkek bireylerde de bant verdiğini belirlemiştir. Ayrıca araştırmacılar bu RAPD primerinden SCAR markörü geliştirmişlerdir. Bu markör dişi bireylerde 905 bp bant, erkek bireylerde 909 bp uzunluğunda bant vermiştir. Kamiab ve ark (2014), RAPD (OPO08₉₄₅) primerinin İran’daki dişi ve erkek antepfıstığı genotiplerinde taramışlar ve bu primerin %15’lik bir hata cinsiyeti belirlediği tespit edilmiştir. Esfandiyari ve ark (2010) hem RAPD (OPO08₉₄₅) primerini hem de SCAR primerinin yabancı *Pistacia* türlerinde (*Pistacia atlantica* Desf subsp. *mutica*, *P. khinjuk*, and *P. vera* subsp. *Sarakhs.*) dişi bireylerde bant verdiği, erkek bireylerde vermediği bildirilmiştir. Fakat, Kafkas ve ark (2015) tarafından yapılan çalışmada hem RAPD hem de SCAR primerinin bazı antepfıstığı genotiplerinde hatalı çalıştığı ve yabancı *Pistacia* türlerinde bu markörlerin çalışmadığı belirlenmiştir.

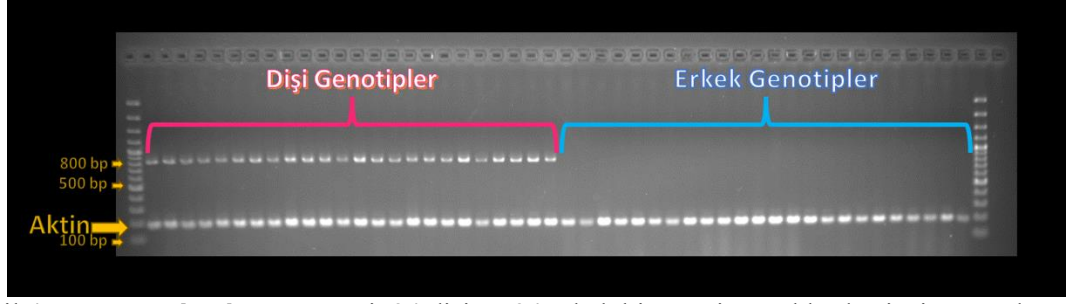
Sun ve ark (2014), RAPD ve ISSR teknikleriyle *P. chinensis* Bunge’de cinsiyet markörleri tespit etmeyi amaçlamıştır. 21 RAPD primeri ve 20 ISSR primeri arasında, sırasıyla 473 ve 1242 bp’lik dişiye özgü fragmentleri amplifiye edebilen iki cinsiyete özgü primer (S1 ve S281) tanımlanmışlardır. Bununla birlikte, yalnızca bir primer (FS281) başarılı bir şekilde sekansla karakterize edilen amplifiye bölge SCAR markörüne dönüştürülmüştür. 636 bp bant tüm erkek bireylerde mevcut değilken, tüm dişilerde belirlenmiştir.

Kafkas ve ark (2015) RAD sekanslama yöntemini (Restriction-Site Associated Markers: Kesilen Bölge İlişkili DNA Sekanslama) yöntemini Siirt x Bağyolu açılım gösteren F1 popülasyonunda kullanarak antepfıstığında cinsiyet ile ilişkili markör geliştirmeyi amaçlamıştır. Geliştirdikleri SNP markörlerini hem F1 popülasyonda hem de genetik kaynaklarda SNaPshot mini-sekanslama yöntemini kullanarak yapmışlardır. RAD sekanslama sonucunda toplamda 28 okuma dizisinden cinsiyetle ilişkili toplamda 38 adet SNP markörü tespit etmişlerdir. Bazı okuma dizilerinin kısa olmasından dolayı 11 okuma dizisinden 13 adet SNP primer dizayn edilmiş ve geri kalan dizilerdeki SNPlardan (17 okuma dizisi ve 25 SNP) primer dizaynı yapılamamıştır. Ayrıca analiz maliyetlerini düşürmek ve SNP analizlerini ıslah programlarında hızlı yapabilmek için cinsiyetle ilişki 8 lokusun HRM (High Resolution Melting) analizleri ile Real-Time PCR’da test etmişler ve cinsiyetle ilişkili dört lokusun HRM analizlerinde kullanılabileceğini bildirmişlerdir.

Khodaeiaminjan ve ark (2017) önceki çalışmada kısa olduğundan dolayı dizaynı yapılamayan 17 kısa okuma dizilerini Motalebipour ve ark (2016) çalışmasındaki yaklaşık olarak 40x yoğunluğundaki Siirt çeşidinin dizileri kullanılarak uzatılarak uzatmışlar ve bu bölgelerden Snapshot ve HRM analizleri için primer dizayn etmişlerdir. Cinsiyetle ilişki 9 adet yeni SNP

markörü dizayn etmişlerdir. Bu markörlerin validasyonu, 85 adet cinsiyeti belli F1 bitkisinde ve genetik kaynaklarda olan 224 adet erkek ve dişi genotipte yapmışlardır. Bu arada, Siirt ve Bağyolu F1 populasyonunda literatürde bulunan ve açılım gösteren SSR markörlerini ve cinsiyetle ilişkili bulunan SNP markörlerinin haritalayarak antepfıstığının cinsiyet kromozomu belirlenmiştir. Cinsiyet kromozomunun toplam uzunluğunun 65.2 cM olan bağlantı grubunda cinsiyet lokusunun 31.9 cM'da olduğu belirlenmiştir. Ayrıca Kafkas ve ark (2015) ve Motalebipour ve ark (2016) çalışmalarında geliştirdikleri SNP markörleri *P. eurycarpa*, *P. atlantica*, *P. integerrima*, *P. terebinthus* ve *P. lentiscus* türlerinde taranmış fakat *P. vera* L. türünden geliştirilen cinsiyetle ilişki SNP markörleri bu yabancı türlerde cinsiyeti ayırmadığını tespit etmişlerdir. Nur ve ark (2022) yaptıkları çalışmada, Kafkas ve ark (2015) tarafından geliştirilen SNP markörlerinden iki tanesi (133396 ve 167992 nolu) ve kendi dizayn ettikleri 3 SNP markörünü KASP markörüne dönüştürmüşlerdir. Bu KASP markörlerini (SNP-PIS-133396, SNP-PIS-167992, P-ATL-91951–565, P-INT-91951–256, P-KHI-91951–115) *P. atlantica*, *P. integerrima*, *P. khinjuk*, *P. mutica*, *P. terebinthus*, *P. vera* ve *P. lentiscus* türlerine ait bir dişi ve bir erkek genotipte tarayarak cinsiyeti ayırdığı belirlenmiştir. Ayrıca, Kafkas ve ark (2015) bu iki SNP markörünün (133396 ve 167992 nolu) *P. vera* türünde çalıştığı fakat yabancı *Pistacia* türlerinde çalışmadığı bildirilmiştir. Bütün *Pistacia* türlerinde yapılan cinsiyet çalışmalarındaki farklılıklar kullanılan genotip sayısının düşük olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir. Nur ve ark (2022) çalışmalarında, geliştirdikleri marköleri her *Pistacia* türü için bir dişi ve bir erkek birey kullanırken, Hormaza ve ark (1994) ise 7 dişi ve 7 erkek genotipte test etmişlerdir. Bu nedenle geliştirilen cinsiyetle ilişkili markörlerin geniş genetik kaynaklarda test edilmesi gerekir.

Ayrıca Kafkas ve ark (2023), dişi ebeveyn olarak Siirt çeşidinin ve erkek ebeveyn olarak Bağyolu genomlarını kromozom düzeyinde referans genomu oluşturulmuş ve Z ve W kromozomları ise birleştirilmiştir. ZW kromozomları, yaklaşık 8.18 Mya'da meydana gelen ilk inversiyonun ardından bir otozom kromozomdan kaynaklanarak meydana geldiği bildirilmiştir. W kromozomundaki üç inversiyon olayı, 12.7 Mb'lık (W kromozomunun %22.8'i) rekombinasyon yapmayan bölgenin oluşumuna yol açmıştır. Bunlar W kromozomuna özgü diziler, cinsiyet belirlemede çok önemli bir rol oynamış olabilecek ve antepfıstığında ZW cinsiyet kromozom sisteminin başlatılmasına ve evrimine katkıda bulunmuş olabilecek birkaç ilgi gen içermektedir. defA, defA like, DYT1, iki PTEN1 ve iki rastgele kopyası dahil olmak üzere W'ye özgü genler VPS13A paralogları cinsiyet belirleme veya farklılaştırma için güçlü adaylar olduğu belirlenmiştir. Bu nedenle çalışmamızda W kromozomu içermesinden dolayı Siirt genomuna daha fazla yoğunlaştırılmıştır.



Şekil 4. 21. *P. terebinthus* türüne ait 24 dişi ve 24 erkek bireye ait örneklerde cinsiyet markörünün agaroz jel görüntüsü

Palmer ve ark (2023), UCB-I anaçlarının cinsiyetle ilişkili kromozomlarını tanımlamak için, US Davis araştırma bahçesindeki 440 F1 bitkisinde çiçek morfolojisi ve GBS'ten gelen genotip datalarını kullanmışlardır. Araştırmacılar UCB-I F1 erkeklerin homogametik olduğu (2 Z taşıyan) ve dişiler (bir Z ve bir W kromozomu) ise heterogametik olduğunu belirlemişlerdir (Kafkas ve ark., 2015; Sola-Campoy ve ark., 2015). Bu nedenle erkek bireyler (ZZ) dişilere (ZW) kıyasla daha az polimorfizm sergileyebilmektedir. UCB-I bireylerine ait F1 okumaları referans genomlara (*P. integerrima* ve *P. atlantica*) hizalanmasıyla genotip verileri elde etmişlerdir. Araştırmacılar dişi *Pistacia atlantica* genomu kullanıldığında 2 kromozomal scaffold ve bir tane homolog kromozomal scaffold erkek *P.integerrima* genomunda cinsiyetle ilişkili bulunmuştur. *P. atlantica* genomu kullanıldığında 48 adet SNP cinsiyetle önemli derecede ilişkili bulunmuştur. Her iki scaffolds da bağlantı haritalarında çok az rekombinasyon göstermiştir. Bu scaffolds assembly kimerası veya Z ve W kromozomlarının büyük kısmını temsil eden dişi genomuna ait 14.1 ve 14.2 kromozomları ile benzerlik göstermiştir. Araştırmacılar benzer sonuçlar erkek *P. integerrima* referansı genomu kullanılarak 49 adet SNP markörü cinsiyetle önemli ölçüde ilişkili bulunmuştur. Bu 49 adet SNP'ten 41'i (%84) sadece kromozomal süper scaffold 14 ile ilişkili bulunmuştur. Önemli bölgeler kromozom 14 üzerinde geniş bir bölgeye (~20 ile ~38 Mb) yayılmıştır. Kromozom 14 üzerindeki bu bölge çok az rekombinasyon göstermekte ve cinsiyeti belirleyen lokus kromozomun geri kalan kısmıyla güçlü bir bağlantı gösterdiğini belirtmişlerdir.

Ayrıca cinsiyetle ilişkili markörler White campion (*S.latifolia* ; (Mulcahy ve ark., 1992)), asparagus (*Asparagus officinalis* L. ; (Jiang ve ark., 1997; Reamon-Büttner ve ark., 1998)), kiwi (*Actinidia chinensis*; (Harvey ve ark., 1997), hemp (*Cannabis sativa* L.; (Mandolino ve ark., 1999)), *Humulus lupulus* (Polley ve ark., 1997), *Atriplex garrwtti* (Ruas , 1998), üzümde (Dalbó ve ark., 2000)) and basket willow (Alström-Rapaport ve ark., 1997)) türlerinde tespit edilmiştir.

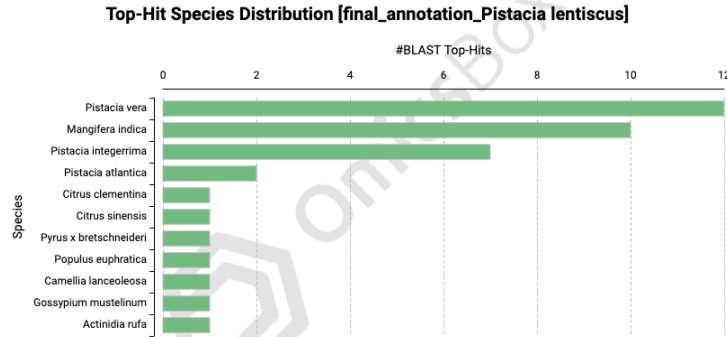
Bu çalışmada Yeni nesil sekanslama ile *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinde elde edilen büyük datanın biyoinformatik analizler ile çok sayıda genotipte validasyon çalışması ile %100 doğrulukta çalışan cinsiyet markörü veya markörleri elde edilmesi başarıyla gerçekleştirilmiştir.

4.14. *P. lentiscus* Türünde Siirt Genomu Kullanıldığında Elde Edilen Cinsiyetle İlişkili Lokusların Fonksiyonel Anotasyonları

P. lentiscus türünde yapılan anotasyon sonucunda dişi spesifik olarak 1,310 SNP lokusunun 40 gen bölgesinde olduğu tespit edilmiştir (**Ek-36**). Bu genlerin 1 tanesi Plant Reactome üzerinde belli yollar üzerinde tanımlanmış (**Ek-24**), GO anotasyonu sonucunda 29 tanesi hizalanmış, haritalanmış ve anote edilebilmiş, 2 tanesi hizalanmış, haritalanmış, 5 tanesi hizalanmış ve 4 tanesi tanımlanamamıştır (**Ek-37**).

InterPro anotasyonu sonucunda, 39 tanesi tanımlanmış ve 1 tanesi tanımlanamamıştır (**Ek-38**), EggNOG anotasyonu sonucunda, 8 tanesinin KEGG anotasyonları tanımlanmış, 32 tanesinin KEGG anotasyonu tanımlanamamış (**Ek-40**), anotasyonları yapılan proteinlerden 1 tanesinin EggNOG tanımlaması yapılabilmektedir.

Anotasyonları yapılan gen bölgelerinin çoğunun *Pistacia vera* türüyle (%30, 12 unique genes) eşleşmiş, bunu *Mangifera Indica* (%25, 10 uniquegenes), *Pistacia integerrima* (%17.5 , 7 unique genes), *Pistacia atlantica* (%5, 2 unique genes) , *Citrus clementina* (%2.5, 1 uniquegene), *Citrus sinensis* (%2.5, 1 uniquegene), *Pyrus x bretschneideri* (%2.5, 1 uniquegene), *Populus euphratica* (%2.5, 1 uniquegene), *Camellia lanceoleosa* (%2.5, 1 uniquegene), *Gossypium mustelinum* (%2.5, 1 uniquegene) ve *Actinidia rufa* (%2.5, 1 uniquegene) türleri takip etmektedir (Şekil 4.24).

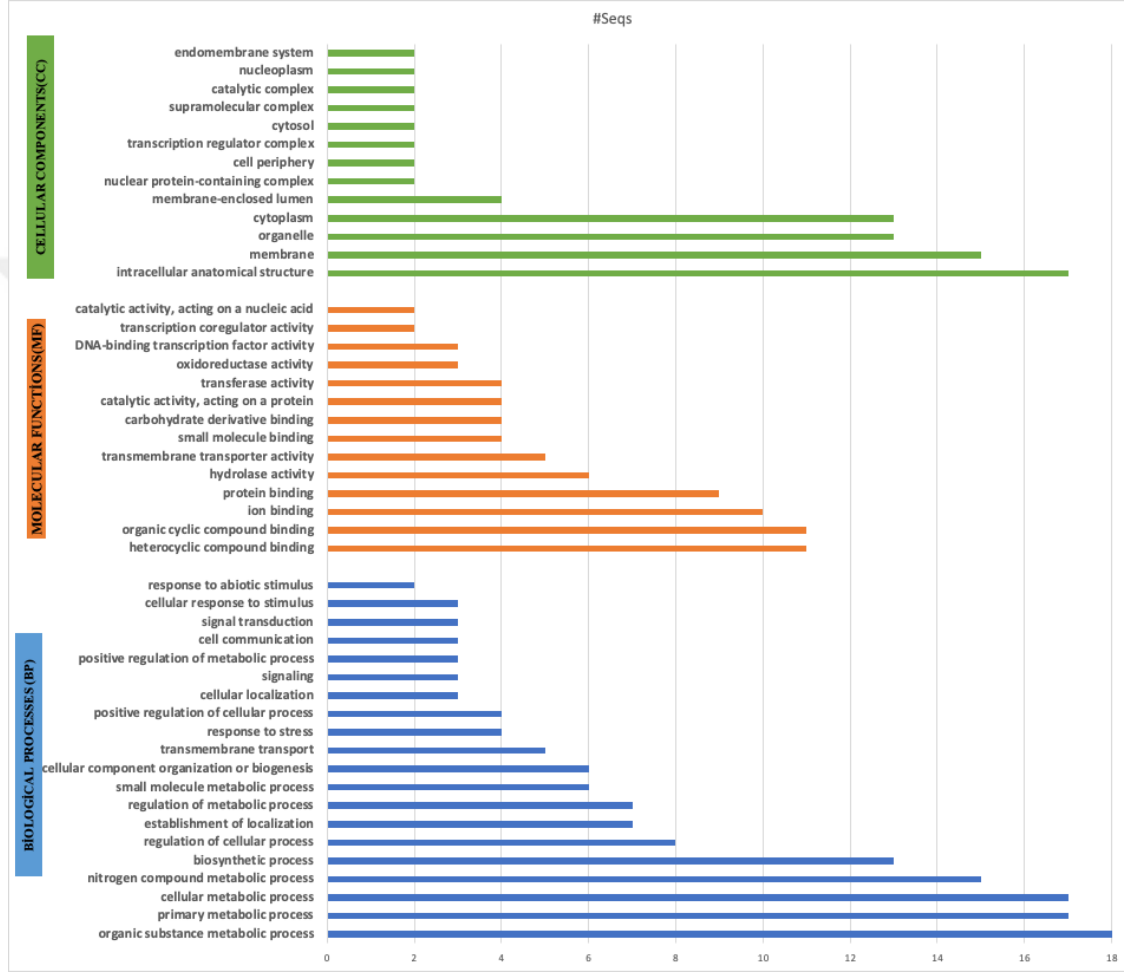


Şekil 4. 22. Cinsiyetle ilişkili genlerin en çok benzeşim gösteren türlerin gösterimi

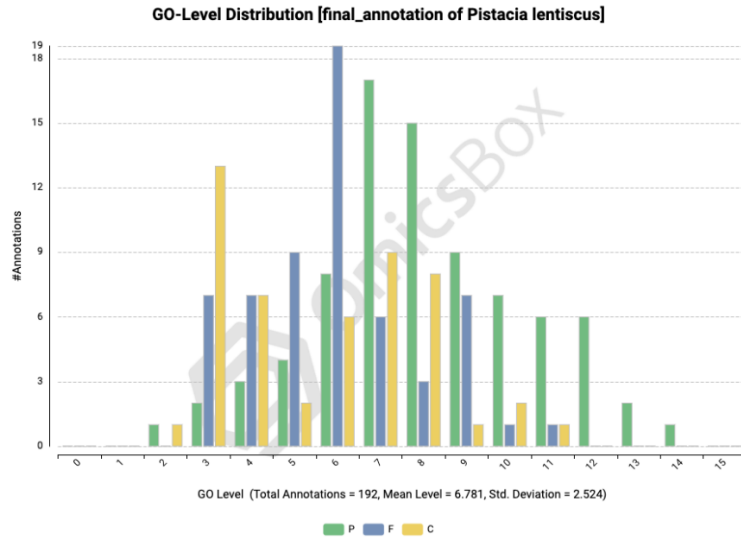
Go analizlerinde, cinsiyetle ilişkili genler biyolojik süreç (biological processes (BP), moleküler fonksiyon (molecular functions (MF)) ve hücresel bileşenler (cellular components (CC)) go kategorilerine ayrılmıştır. Bu genler toplamda 147 tanesi biyolojik süreçlere (BP), 84 tanesi moleküler ve 85 tanesi hücresel bileşenler kategorilerine dahil olmuştur. Bir genin bir veya birkaç biyolojik, moleküler ve hücresel süreç dahil olduğu belirlenmiştir.

Hücresel bileşenler içerisinde en yüksek sayıda gen, hücreler arası anatomik yapıyla (intracellular anatomical structure) ilişkili (%5.37), daha sonra membran (membrane (%4.74)), sitoplazma (%4.11) ve organeller (%4.11) ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Moleküler fonksiyon go kategorisinde ise en yüksek genler karışık döngü bileşik bağlama (heterocyclic compound binding

(%3.48), organik döngü bileşik bağlama (organic cyclic compound binding (%3.48) ve bunu iyon bağlama (ion binding, %3.16) takip etmektedir. Biyolojik süreçler Go kategorisinde, genlerle en yüksek ilişkili organik madde metabolik süreç (organic substance metabolic process) %5.69, ardından temel metabolik süreç (primary metabolic process) %5.37, hücresel metabolik süreç (cellular metabolic process) %5.37 ve nitrojen içerik metabolik süreçlerle (nitrogen compound metabolic process) %4.74'lik kısmı ile ilişkili tespit edilmiştir (Şekil 4.25).

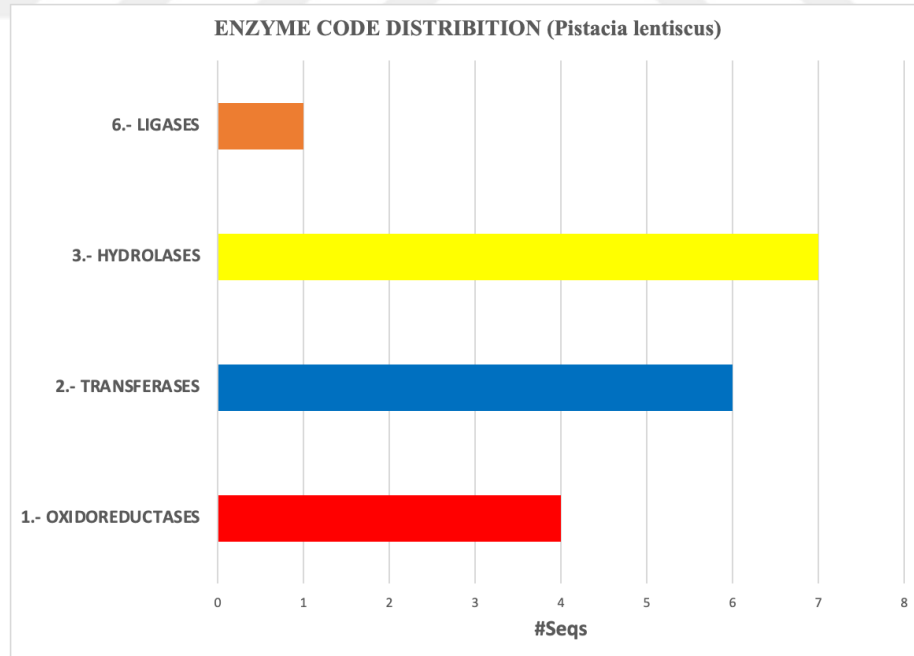


Şekil 4. 23. Cinsiyetle ilişkili lokusların Go analizinde go kategorilerine göre ayrılması



Şekil 4. 24. GO analizinde Biyolojik, Moleküler ve Hücresel seviyelerde dağılımları [P-BP, F-MF, C-CC]

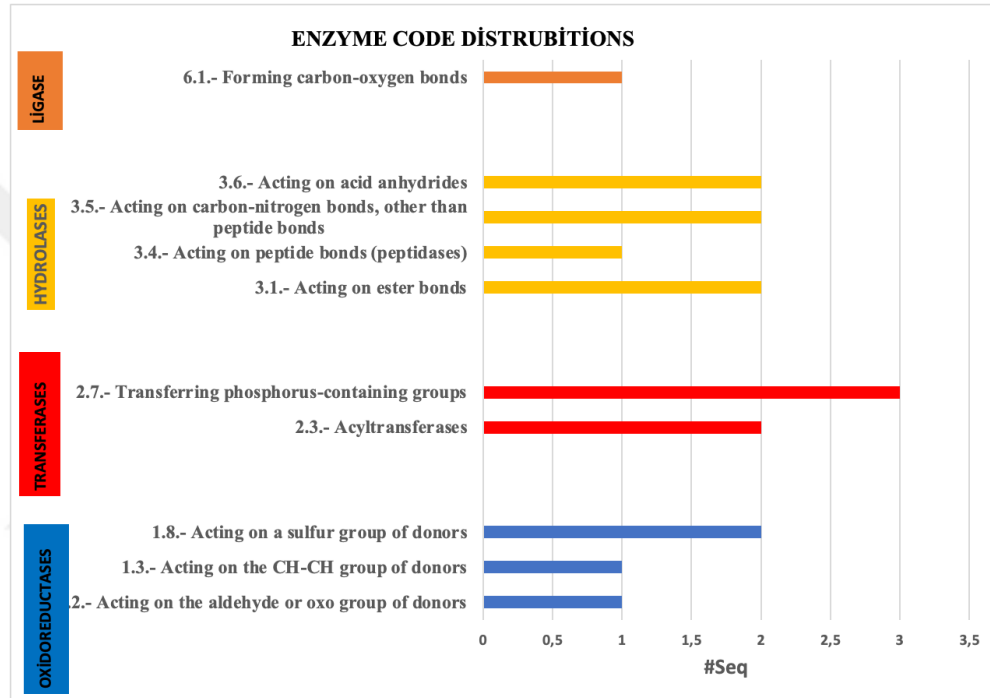
BLASTX sonuçlarına dayanılarak toplam 192 tane anotasyon yapılmıştır (Şekil 4.26). Cinsiyetle ilişki genler Go analizinde 4 farklı enzim kategorisine dahil olmaktadır. Bu enzimlerden hidrolases toplam anotasyon içinde %39'luk kısım ile en yüksek oranı oluştururken, transferaz (transferases) %33'lük, oksidoreduktazaz (oxidoreductases) %22'lik kısmı ve ligaz ise %5'lik kısmı oluşturmaktadır (Şekil 4.27).



Şekil 4. 25. Cinsiyetle ilişkili genlerin dahil oldukları enzimlerin dağılımları

KEGG database sisteminden yapılan gen fonksiyon analizinde 40 genin çeşitli biyokimyasal yolların belirlenmiştir. Bu genlerden 8 tanesi KEGG haritası ile ilişkili bulunmuş ve 4 enzim

kodu üretmektedir. Ligaz enzimi karbon-oksijen bağlarının oluşumunda (forming carbon-oxygen bonds) işlemlerine, hidroliz enzimi ester bağlarında (acting on ester bonds), peptid bağlarında (acting on peptide bonds), karbon-hidrojen bağlarında (acting on carbon-nitrogen bonds) ve asid anhidrin bağlarında (acting on acid anhydrides), tranferaz enzimi tranferring phoshorus cointaining groups ve acytransferases yapılarının ve oksidoreductaz enzimi ise kükürt dönör grubu (acting on a sulfur group of donors), CH-CH dönör gruplarının oluşumunda (acting on th CH-CH group of donors) ve aldehit gruplarının oluşumunda ve oxo dönör gruplarının oluşumunda (acting on the aldehyde or oxo group of donors) rol oynamaktadır (Şekil 4.24).



Şekil 4. 26. Enzyme code distribution for major classes.

4.9. *P. terebinthus* Türünde Referans *P. atlantica* Genomu Kullanıldığında Elde Edilen Cinsiyetle İlişkili Varyasyonların Fonksiyonel Anotasyonları

P. terebinthus türü için belirlenen dışı spesifik bölgelerde bulunan genler ve protein sekansları, Palmer ve ark (2023) tarafından yayınlanan *P. atlantica* genom (BioProject: PRJNA661055) anotasyon yapılmıştır.

Elde edilen cinsiyet ile bağlantılı olarak belirlenen protein sekanslarının anotasyonları, Blast2GO programının güncellenmiş versiyonu olan OmicsBox yazılımının son sürümünün (OmicsBox 3.0) içerisindeki araçlar ile GO (Gotz ve ark., 2008; Buchfink ve ark., 2021), KEGG, InterPro (Jones ve ark.,2014), EggNOG (Huerta-Cepas ve ark.,2019) ve Plant Reactome (Naithani ve ark., 2020) veritabanları üzerinde çalıştırılarak yapılmıştır. *P. terebinthus* türünde yapılan anotasyon sonucunda *P. terebinthus* türünde dışı spesifik olarak 65 lokusun 17 gen bölgesinde

olduğu tespit edilmiştir (Ek-39). Bu genlerin 12 tanesi Plant Reactome üzerinde belli yollar üzerinde tanımlanmıştır (Ek-39).

GO anotasyonu sonucunda 12 tanesi hizalanmış, haritalanmış ve anote edilebilmiş, 4 tanesi hizalanmış ve 1 tanesi tanımlanamamıştır (Ek-41).

InterPro anotasyonu sonucunda, 12 tanesi tanımlanmış ve 5 tanesi tanımlanamamıştır (Ek-42).

EggNOG anotasyonu sonucunda, 7 tanesinin KEGG anotasyonları tanımlanmış, 10 tanesinin KEGG anotasyonu tanımlanamamış (Ek-43), anotasyonları yapılan proteinlerden 3 tanesinin gen adı EggNOG tanımlaması yapılabilmektedir.

P. terebinthus türünde yapılan anotasyonlar incelendiğinde, *P. terebinthus*'ta da SPW1, AP3 ve TM6 genlerinin homoloğu homeotik bir gen/genler tarafından cinsiyet mekanizmasının olduğu düşünülmektedir.

Arabidopsis homeotik genleri APETALA3 (AP3) ve PISTILLATA(PI), MADS-box transkripsiyon faktörlerini kodlayan ve petal ve stamen yapılarını belirleyen B genleridir. Kapalı tohumlularda petallerin kökeni ve evrimi belirsizliğini korumaktadır (Hileman ve ark., 2009; Irish, 2009).

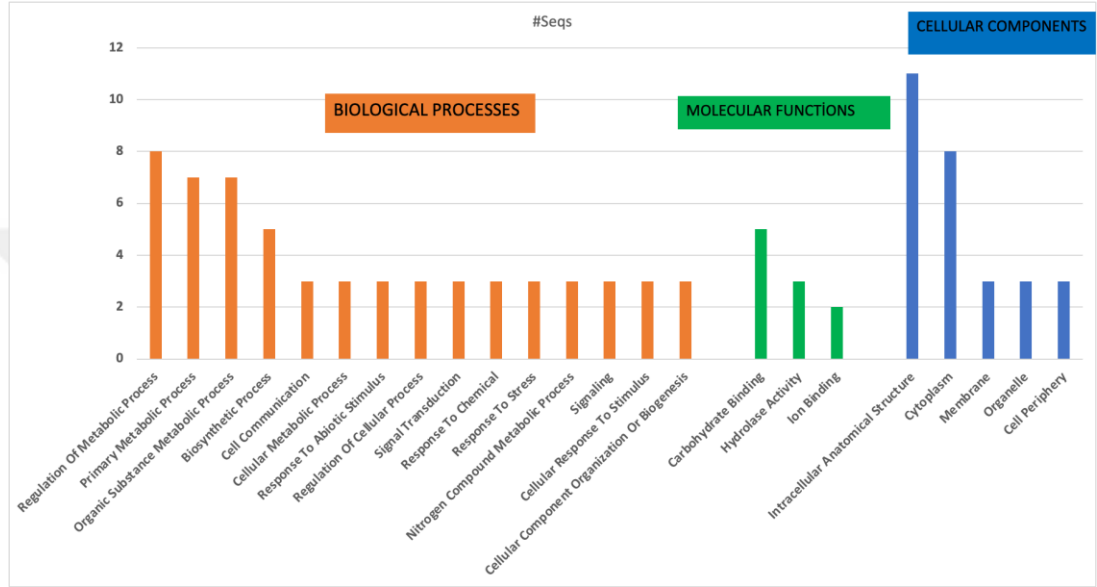
Çiçeklerin çoğu, dört eşmerkezli sarmal halinde düzenlenmiş dört tür çiçek organı içermektedir. Bunlar sepal, petal, stamen ve karpel'dir. Klasik ABC modeli, üç çiçek homeotik gen sınıfının, dört çiçek organını belirlemek için birbiriyle koordine olduğunu öne sürülmektedir. A sınıfı genler çanak yaprakları, A+B genleri birlikte taç yaprakları, B+C genleri birleşerek erkek organları (stamenleri) ve C genlerini tek başına carpel oluşumunda görev almaktadır (Enrico ve ark., 1991; Weigel ve ark., 1994). Her ikisi de MADS box transkripsiyon faktörleri olan APETALA3 (AP3) ve PISTILLATA (PI), Arabidopsis thaliana'da B sınıfı genlerdir ve petal, petal ve stamen oluşumunda rol oynamaktadır. Bu iki gendeki mutasyonlar, taç yaprakların çanak yapraklara ve erkek organların dişi organlara benzer homeotik dönüşümlere neden olmaktadır.

Her ne kadar B sınıfı MADS-box genleri, özellikle PI ve AP3 için, taç yaprakları ve stamenlerin oluşumunda oldukça korunmuş bir fonksiyon sergilemesine rağmen (de Martino ve ark., 2006; Tanaka ve ark., 2016; Yao ve ark., 2018), bu genlerdeki mutasyonların, partenokarpik meyve oluşumu ve erkek kısırlığı (Cao ve ark., 2019; de Martino ve ark., 2006; Tanaka ve ark., 2016)] olmak üzere farklı yeni fenotipik yapıların oluşumuna neden olduğu rapor edilmiştir. AP3 geninin ortologu olan TM6 geni, çilek (Martín-Pizarro ve ark., 2019) ve domateste (Cao ve ark., 2019) anter gelişiminde anahtar rol oynamaktadır.

P. terebinthus türünde cinsiyetle ilişki genlerin plant reaktome analizinde Oryza sativa türünde çiçek gelişimi ile, Vigna angularis türünde ise fotorespirasyon ile benzer gösterdiği belirlenmiştir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4. 1 . *P. terebinthus*' da Plant Reactome veritabanı anotasyonu

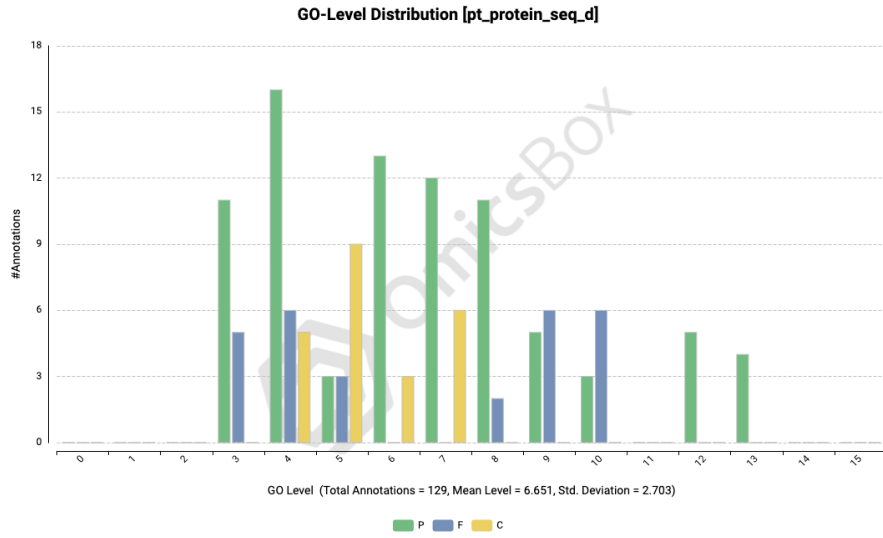
Pathway	ID	Tür	ekans
Flower development	R-OSA-9609102	<i>Oryza sativa</i>	
Photorespiration	R-VAN-1119312	<i>Vigna angularis</i>	



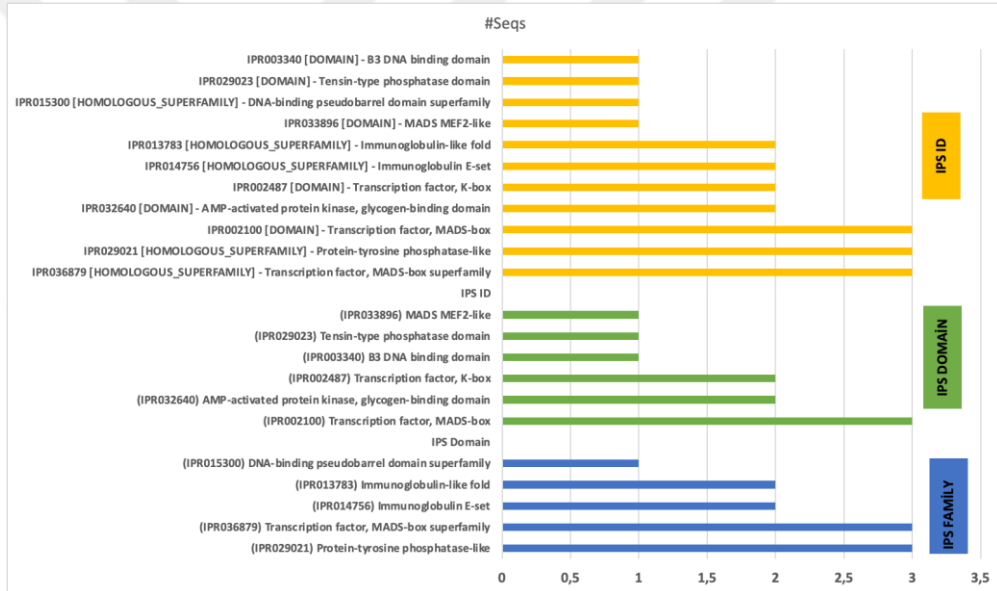
Şekil 4. 27 *P. terebinthus* türünde Cinsiyetle ilişkili lokusların Go analizinde go kategorilerine göre ayrılması

P. terebinthus türünde Go analizlerinde, cinsiyetle ilişkili lokuslar biyolojik süreç (biological processes (BP), moleküler fonksiyon (molecular functions (MF)) ve hücresel bileşenler (cellular components (CC)) go kategorilerine ayrılmıştır. Toplamda 129 proteinin anotasyonu yapılmıştır (Şekil 4.23). Bu proteinlerden 60 tanesi biyolojik süreçlere (BP), 10 tanesi moleküler süreçlere ve 28 tanesi ise hücresel bileşenlere kategorilerine dahil olmuştur (Şekil 4.29).

Biyolojik süreçler içerisinde en yüksek sayıda protein, metabolik süreçlerin düzenlenmesi (Regulation of metabolic Process) ilişkili (%8.16), daha sonra birincil metabolik süreçler (primary metabolic process (%7.14)), organik madde metabolik süreçler (%7.14) ve biyosentez süreçler (Biosynthetic Process, %5.10), hücresel iletişim (cell communication, (%3.06), hücresel metabolik süreçler (cellular metabolic process, (%3.06) yapılarına dahil olmaktadır (Şekil 4.29). Moleküler fonksiyon go katagorisinde ise proteinler en yüksek karbonhidrat bağlama (carbohydrate binding, (%5.10), bunu hidrolaz aktiviti (ion binding (%3.06) ve iyon bağlama (ion binding (%2.04) takip etmektedir (Şekil 4.29)



Şekil 4. 28 GO level distribution for Biological process [P-BP, F-MF, C-CC], Molecular function and Cellular component.



Şekil 4. 29. Cinsiyetle ilişkili genlerin InterProScan programıyla family, domain ve ID dağılımlarına göre fonksiyonel anotasyonları

P. terebinthus türünde cinsiyetle ilişkili proteinlerin InterProScan programıyla anotasyonu yapıldığında proteinleri family, domain ve id'lerine göre katagorilere ayırmıştır (Şekil 4.31). InterProScan programıyla ID kategorisini incelendiğinde Transkripsiyon factörü-MADS box superfamily, protein tyroin fosfat, transkripsiyon K-box, MADS MEF2-like yapılarına katıldığı belirlenmiştir. InterProScan ID domain kategorisinde ise benzer şekilde transkripsiyon faktör-MADS-box, AMP aktive kinazi glisin bağlama domaini, transkripsiyon faktör K-box, B3 DNA bağlama domaini, tensin-type fostat domaini ve MADS MEF2-like yapılarına kaptıldığı belirlenmiştir (Şekil 4.31). InterProScan programında family sınıflandırması incelendiğinde ise

protein -tyrosine phosphate, transkripsiyon faktörü, MADS-box süper family ve DNA bağlama pseudobarrel domain superfamily yapılarına katıldığı tespit edilmiştir.

4.15 *P. terebinthus* ve *P. lentiscus* türlerinde Cinsiyet Kromozom Sisteminin Ortaya Çıkarılması

P. vera türü haricinde diğer *Pistacia* türlerinde hangi kromozom sistemine sahip olduğuna dair literatür çalışması bulunmamaktadır. Bu çalışma ile *P. terebinthus* türünde dişilere bireylere spesifik 68 lokus belirlenmiştir. Cinsiyetle ilişkili bu lokusların validasyonu yapılmıştır. Bu türde dişi bireylere spesifik cinsiyetle ilişkili lokus olması, erkek bireylerde olmaması bu türün dişi bireylerin ZW, erkek bireylerin ise ZZ sistemine sahip olduğu tespit edilmiştir.

P. lentiscus türünde tüm dişi ve erkekler bireylerde aynı pozisyonda olan ve cinsiyete özgü baz değişimi bulunan ve cinsiyetle ilişkili olduğu düşünülen kromozom 14 üzerinde bulunan 1,310 adet SNP bulunmuştur. Bu SNP'ler incelendiğinde dişi bireylerde bu SNP'lerin heterozigot, erkek bireylerde ise homozigot olduğu tespit edilmiştir.

Yapılan literatür çalışmalarında, aynı cins içerisinde farklı cinsiyet kromozom sistemleri (ZW veya XY) rapor edilmiştir. *Silene latifolia* XY cinsiyet kromozomuna sahipken, *Silene otitis*'de ZW cinsiyet sistemine sahiptir (Slancarova ve ark., 2013). Buna benzer şekilde, *Populus deltoides* ve *Populus alba* türlerinde ZW cinsiyet sistemi bulunurken, *Populus nigra* ve *Populus trunoides* türlerinde ise XY cinsiyet kromozom sistemi vardır (Hou, 2009).

Kafkas ve ark (2015), 38 cinsiyet ile ilişkili SNP markörü dişi genotiplerde heterozigot ve erkek bireylerde ise homozigot olduğu ve ZW/ZZ cinsiyet sistemine sahip olduğu tespit edilmiştir.

Cherif ve ark (2013) üç adet SSR (Simple Sequence Repeat) markör sadece erkek genotiplerde heterozigot olduğu ve *Phoenix dactylifera* türünde XY kromozom sistemi olduğunu ve bu bölgenin rekombine olmadığını tespit etmişlerdir.

Carmichael ve ark (2013), salmon Louse (*Lepeophtheirus salmonis*) türünün üç farklı strainde 96 genotipte cinsiyetle ilişkili SNP'ler tespit edilmiştir. Bu SNP'lerin dişi bireyler heterozigot, erkek bireylerde ise homozigot olduğu belirlenmiş ve ZW/ZZ cinsiyet sistemine sahip olduğu belirlenmiştir.

Palaikostas ve ark (2013), RADseq yöntemi kullanarak on adet SNP cinsiyetle ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Bu markörün %97 doğrulukla dişi ve erkek bireyleri ayırdığı belirlenmiştir. Ayrıca araştırmacılar Atlantic halibut türünün XY/XX cinsiyet sistemine sahip olduğu tespit edilmiştir.

Palmer ve ark (2023), F1 UCB I genotiplerinde ait sekans okumalarının her referans genomuna göre ayrı ayrı haritalanması ile elde edilen genotip dataalarını incelediklerinde dişi genom olan *P. atlantica* ile 2 kromozomal scaffold ve erkek *P. integerrima* genomunda ise cinsiyetle güçlü bir şekilde ilişkili olan bir homolog kromozomal scaffold tanımlamışlardır. Araştırmacılar bu *Pistacia* türlerinin ZW cinsiyet sistemine sahip olabileceğini belirlemişlerdir.

Bu çalışma ile *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinde ilk defa cinsiyet kromozomu ortaya çıkarılmıştır.





5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Antepfıstığına anaç cinsiyeti önemli olduğundan fidan aşamasında cinsiyetin bilinmesi önemli olacaktır. Bu ilk bakışta uygulanması zor ve maliyetli görünse de yeni nesil DNA analiz teknolojisi sayesinde bu daha uygun maliyetle yapılması mümkün olduğunu bize göstermektedir. Ayrıca yeni nesil teknolojiler genom dizileme gibi standart dizileme uygulamalarında, tekrar sekanslama (re-sequencing) ve birçok yeni alanda kullanılmaktadır. Bu çalışmada, yeni nesil sekanslama yöntemi ile *P. lentiscus* ve *P. terebinthus* türlerinde yeni nesil sekanslama yöntemi kullanılarak cinsiyetle ilişkili markör geliştirilmesi ve cinsiyet mekanizmalarının ortaya çıkarılması amaçlanmıştır.

P. lentiscus türünde re-sequencing yöntemiyle elde edilen toplama okuma sayısı dişi ve erkek genotipler arasında 102,4 milyon ile 108,8 milyon arasında değişmiştir. Bu toplam okuma sayısı içinde duplicate okuma oranı %17.1 ile %38.2 arasında ve unique okuma oranı ise %82.9 ile %61,8 arasında değişmiştir. Dişi ve erkek bireylere ait ham baz sayısı (Gb) 16.96 ile 18.68 Gb arasında değişmektedir. Ayrıca bu türe ait dişi ve erkek bireylerin genome coverage değerleri (Siirt çeşidi genome ~600 Mb hesaplandığında) 27.2x ile 29.6x arasında değişmektedir. Sekans okumalarının kalite Phred skoru 34,20 ile 36,45 arasında değişmiştir.

Pistacia terebinthus türüne ait 15 dişi ve 15 erkek bireye ait re-sequencing verileri incelendiğinde, toplam sekans uzunluğu toplama okuma sayısı dişi ve erkek genotipler arasında 80.8 ile 140.8 milyon arasında değişmiştir. Bu toplam okuma sayısı içinde duplicate okuma oranı %16.9 ile %37.5 arasında ve unique okuma oranı ise %83.1 ile %62.2 arasında değişmiştir. Ayrıca bu türe ait dişi ve erkek bireylerin sekanslama yoğunluğu (genome coverage) değerleri (Siirt çeşidi genome ~600 Mb hesaplandığında) 27.2x ile 29.9x arasında değişmektedir. Bu türe ait sekans okumalarının kalite Phred skoru 31 ile 36.43 arasında değişmiştir.

P. lentiscus türüne ait dişi ve erkek bireylere ait Siirt genomuna haritalandıktan sonra *P. lentiscus* ait tüm genotiplerde elde edilen SNP sayısı 10,949,549 ile 11,585,434 arasında değişmiştir. Siirt genomuna haritalanan baz oranı %91.40 ile %92.74 arasında değişmiştir. Yaklaşık olarak her 1 kilobase (kb) 13,6 ile 14,4 SNP tespit edilmiştir. Bunun SNP lokuslarının heterozigot ve homozigot oranı incelendiğinde % 38.92 ile 44.45 oranında heterozigot olduğu, % 57.12-61.08 oranında ise homozigot SNP olduğu belirlenmiştir.

P. lentiscus türüne ait dişi ve erkek bireylere ait Bağyolu genomuna haritalandıktan sonra *P. lentiscus* ait tüm genotiplerinde elde edilen SNP sayısı 10,955,361 ile 11,696,151 arasında değişmiştir. Dişi genotiplerde ortalama her 1 kilobase ortalama 19 SNP bulunurken, erkek genotiplerde ortalama 18, 92 SNP tespit edilmiştir. Bu genotipler arasında SNP'lerin homozigot SNP oranı %61.84 ile %58.82 arasında, heterozigot SNP oranı ise %38.61 ile 41.92 arasında değişmektedir. Siirt genomu kullanıldığında dişi ve erkek genotipler arasında kısa InDel sayıları

(InDel<10 bp) 1,392,988 ile 1,457,362 arasında değişmiştir. Bağyolu genomu kullanıldığında ise 1,304,868 ile 1,500,532 ile arasında tespit edilmiştir.

P. lentiscus türüne ait sekanslar Siirt genomu hizalandığında elde edilen yapısal değişiklikler incelendiğinde genotipler arasında uzun silinmeler toplam yapısal değişikliklerin %52-%55.28'ini, uzun eklemeler %9.86 ile %12.02'sini, translokasyonlar % 9.96 ile %12.9'unu ve inversiyonlar ise %3.35 ile %4.25'ini oluşturmaktadır.

P. lentiscus genotiplerinde Bağyolu genomuna haritalanma sonucunda yapısal değişiklikler. *P. lentiscus* genotiplerinde tüm yapısal değişikliklerin sayısı 47,112 ile 61,017 arasında değişmiştir. Toplam yapısal farklılıklar incelendiğinde ortalama olarak en yüksek %52.79 uzun delesyonlar (long deletion), bunu %19.54 ile transkasyonlar, %11.29 ile uzun eklemeler (long insertions), %10 ile duplikasyonlar ve %6.36 ile inversiyonlar takip etmektedir.

P. lentiscus'a ait cinsiyetle ilişkili olan SNP'lerin pozisyonunda olan genler ve protein *P. vera* genom anotasyonundan (BioProject: PRJNA625479) ilişkilendirildiğinde bu türe ait dişi ve erkek sekansları Siirt genomu kullanıldığında elde edilen genotiplerdeki SNP lokusları çoğunlukla intergenik bölgede bulunmuş ve sayıları genotipler arasında 7,715,219 ile 8,190,146 arasında değişmiştir. Geri kalan SNP lokusları incelendiğinde ise intronik bölge 1,471,850 ile 2,377,230 arasında, ekzonik bölgeler 625,983 ile 656,439 arasında, upstream bölgeler 490,272 ile 576,086 arasında, downstream bölgeler 477,265 ile 529,665 arasında, UTR3 bölgelerinde 99,626 ile 105,533 arasında, UTR5 bölgelerinde 70,822 ile 75,195 arasında, ncRNA exonic bölgeleinde 176 ile 213 arasında ve ekzonik; UTR5;UTR3 bölgelerinde 13 ile 20 arasında, ekzonik;splicing bölgelerinde ise 13 ile 19 arasında olduğu tespit edilmiştir. Dişi ve erkek genotiplerde ekzon bölgelerindeki SNP'lerin anotasyonu en çok non-synonymous SNP bulunurken bunu synonymous SNP, stopgain, stoploss ve diğeri takip etmektedir.

P. lentiscus türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait sekanslar Siirt genomuna hizalandığında elde edilen InDel'ler en fazla intergenic bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 773,094 ile 891,271 arasında değişmiştir. Bunu intron bölgelerinde 227,919 ile 247,096 arasında, upstream bölgelerinde 104418 ile 131574 arasında, downstream bölgelerinde 97,979 ile 114,046 arasında, UTR3 bölgelerinde 21,613 ile 23,111 arasında ve UTR5 bölgesinde 17,155 ile 18,528 arasında ve splicing bölgeleri 954 ile 1019 arasında InDel sayısı tespit edilmiştir. *P. lentiscus* türüne ait dişi ve erkek genotiplerindeki InDel dağılımlarının olduğu bölgelerde benzer sayıda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Ekzon bölgelerindeki InDel'lerin anotasyon sınıflandırılması çerçeve kayması silinmeler (frameshift deletion) 10,602 ile 11,028 arasında, çerçeve kayması eklemeler (frameshift insertion) 8636 ile 8882 arasında, çerçeve kayması olmayan ekleme (no-frameshift insertion) 5,142 ile 5,112 arasında, stop kodon (stopgain) 951 ile 1,022 arasında, stop durdurma (stoploss) 75 ile 94 arasında ve bilinmeyen 1 ile 2 arasında belirlenmiştir.

P. terebinthus türünde 15 dişi ve 15 erkek bireye ait re-sequencing sekansları Siirt genomuna haritalandığında, haritalana baz oranı %94.04 ile %95.45 arasında değişmektedir. Buna

ek olarak genotipler arasında elde edilen SNP sayısı 10,831,717 ile 13,105,667 arasında, kısa InDel sayıları 1,241,486 ile 1,431,875 arasında değiştiği tespit edilmiştir. Uzun silinme, translokasyon, duplikasyon, inversiyon ve uzun ekleme gibi yapısal değişikliklerin toplam sayısı 52,926 ile 59,594 arasında belirlenmiştir.

P. terebinthus türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait Dna dizileri Bağyolu genomuna haritalandığında, haritalanan baz oranı (%) %93.76 ile %95.42 arasında değiştiği belirlenmiştir. Genotipler arasında 10,818,607 ile 12,115,039 arasında SNP tespit edilmiştir. Buna ek olarak, genotipler arasında 1,267,763 ile 1,396,113 arasında değişen sayıda InDel belirlenmiştir. Bütün yapısal farklılıklar bakımından en yüksek oran uzun silinme (long deletion) (%52.71 ile %54.39 arasında), bunu translokasyonun (%12.23 ile 13.55), uzun ekleme (%11.99 ile 12.48), duplikasyon (%10.97 ile 11.60) ve inversiyon (% 9.84 ile 10.18) sırasıyla takip etmektedir.

P. terebinthus türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait Dna dizileri Bağyolu genomu kullanıldığında elde edilen SNP'ler en fazla intergenic bölgelerde (%74) belirlenmiştir. Genotiplere göre intergenic bölgelerdeki SNP sayıları 7,976,113 ile 9,838,986 arasında değişmiştir. Bunu intron (%10.46), upstream (%4.88), downstream (%4.38), exon (%4.35), UTR3 (%0.5) ve UTR5 (%0.51) bölgeleri takip etmektedir. Intron bölgelerinde sayı genotipe göre değişmek üzere 1,136,063 ile 1,298,148 arasında değişim göstermiştir. Exon bölgelerindeki SNP sayıları ise 475,088 ile 519,790 arasında değişmiştir. Exon bölgelerindeki nonsynonymous SNP'ler %57'lik kısmı oluştururken, synonymous SNP'ler %42'i, stopgain (%1.14), stoploss %0.15 ve geri kalan küçük bir kısmı ise bilinmeyenler oluşturmaktadır.

Yapısal değişiklikler en fazla intergenic bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre toplam yapısal değişiklik sayıları 17,059 ile 19,051 arasında değişmiştir. Bunu exon ve intron bölgeleri izlemiştir. Exon bölgelerindeki yapısal değişiklik sayısı genotipten genotipe değişmek üzere 15,201 ile 17,939 arasında değişmiştir. Intron bölgelerinde ise 4,700 ile 5,597 arasında değişim göstermiştir.

P. terebinthus türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait DNA dizileri Bağyolu genomu kullandığında genotiplerden elde edilen SNP'ler en fazla intergenic bölgelerde (%69) belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 7,430,384 ile 8,491,435 arasında değişmiştir. Bunu intron (% 12.5), upstream (%6.24), downstream (%5.91), exon (%5.60) ve geri kalan kısımları ise UTR5, UTR3, splicing ve upstream; downstream bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise 1,337,153 ile 1,431,412 arasında değişim göstermiştir. Exon bölgelerindeki SNP sayıları 609,688 ile 633,545 arasında değişmektedir. Exon bölgelerindeki nonsynonymous SNP'ler %57, synonymous SNP'ler %40.64, stopgain %1.42, stoploss %0.25 ve bilinmeyenler ise %0.5'lik kısmı oluşturmaktadır. InDel'ler en fazla intergenic bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 771,874 ile 860,426 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve exon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise 204,096 ile 218,992 arasında değişim göstermiştir. Exon bölgelerindeki InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 30,365 ile 31,983 arasında değişmiştir. Exon

bölgelerindeki InDel'lerin sınıflandırıldığında ise çerçeve kayması ekleme %38'lik kısmı, çerçeve kayması eklemeler (%30), çerçeve kayması olmayan silinmeler %15'i, çerçeve kayması olmayan eklemeler %13, stopgain %3, geri kalan kısımları ise stoploss ve bilinmeyenler oluşturmaktadır. Yapısal değişiklikler en fazla intergenic bölgelerde (%33.5) belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 17,059 ile 19,051 arasında değişmiştir. Bunu exon (%31) ve diğer bölgeleri (%12.8) izlemiştir. Exon bölgelerindeki yapısal değişiklik sayısı genotipten genotipe değişmek üzere 15,201 ile 17,939 arasında değişmiştir. Intron bölgelerinde ise 4,700 ile 5,597 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki yapısal varyasyonların anotasyonu incelendiğinde çerçeve silinmeleri (frameshift deletion) %37.11'ini oluştururken, çerçeve kayması eklemeler (frameshift insertion) %29.31'unu, çerçeve kayması olmayan eklemeler (non-frameshift insertion) %15.51'ini , çerçeve kayması olmayan silinmeler (non-frameshift deletion) %14.29'unu, stopgain %2.64'ünü, bilinmeyen %0.64'ünü ve stoploss %0.46'lik kısmını oluşturmaktadır.

P. lentiscus türünde tüm dişi ve erkekler bireylerde aynı pozisyonda bulunan ve cinsiyetle ilişkili olduğu düşünülen 1310 adet SNP bulunmuştur. Bu bölgelerden elde edilen CAPS markörü ile agaroz jel yöntemiyle dişi ve erkek bireyleri baz farklılıklarına göre ayrılmıştır. Dişi bireylerde üç bant (≈ 550 bp, ≈ 410 bp ve ≈ 140 bp), erkek bireylerde ise tek bant (≈ 550 bp) tespit edilmiştir.

P. terebinthus'a ait 15 dişi ve 15 erkek bireyleri *Siirt ve Bağyolu* genomu kullanıldığında b-dişi ve erkek bireyler farklılıklar %100 olarak tespit edilememiştir. Bu nedenle *P. atlantica* genomu kullanıldığında *P. atlantica* genomunun 14.2 kromozomu üzerinde 65 dişi spesifik lokus tespit edilmiştir. Bu bölgelerden tasarlanan SCAR markörü sadece dişi genotiplerde 800 bp bant verirken, erkek genotiplerde bant vermemiştir.

P. lentiscus türünde yapılan anotasyon sonucunda dişi spesifik olarak 1,310 SNP lokusunun 40 gen bölgesinde olduğu tespit edilmiştir. Anotasyonları yapılan gen bölgelerinin çoğunun *Pistacia vera* türüyle (%30 , 12 unique genes) eşleşmiş, bunu *Mangifera Indica* (%25, 10 uniquegenes), *P. integerrima* (%17.5 , 7 unique genes), *P. atlantica* (%5, 2 unique genes) , *Citrus clementina* (%2.5, 1 uniquegene), *Citrus sinensis* (%2.5, 1 uniquegene), *Pyrus x bretschneideri* (%2.5, 1 uniquegene), *Populus euphratica* (%2.5, 1 uniquegene), *Camellia lanceoleosa* (%2.5, 1 uniquegene), *Gossypium mustelium* (%2.5, 1 uniquegene) ve *Actinidia rufa* (%2.5, 1 uniquegene) türleri takip etmektedir. Go analizlerinde, cinsiyetle ilişkili genler biyolojik süreç (biological processes (BP)), moleküler fonksiyon (molecular functions (MF)) ve hücresel bileşenler (cellular components (CC)) go kategorilerine ayrılmıştır. Bu genler toplamda 147 biyolojik süreçlere (BP), 84 moleküler ve 85 hücresel bileşenlere kategorilerine dahil olmuştur. Bir genin bir veya birkaç biyolojik, moleküler ve hücresel sürece dahil olduğu belirlenmiştir. Hücresel bileşenler içerisinde en yüksek sayıda gen, hücreler arası anatomik yapıyla (intracellular anatomical structure) ilişkili (%5.37), daha sonra membran (mebrane (%4.74)), sitoplazma (%4.11) ve organeller (%4.11) ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Moleküler fonksiyon go katagorisinde ise en yüksek genler karışık döngü bileşik bağlama (heterocyclic compound binding (%3.48), organik döngü bileşik bağlama (organic cyclic

compound binding (%3.48) ve bunu iyon bağlama (ion binding (%3.16) ve takip etmektedir. Biyolojik süreçler go kategorisinde, genlerle en yüksek ilişkili organik madde metabolik süreç (organic substance metabolic process (%5.69), ardından temel metabolik süreç (primary metabolic process (%5.37), hücresel metabolik süreç (cellular metabolic process (%5.37) ve nitrojen içerik metabolik süreçlerle (nitrogen compound metabolic process (%4.74) ilişkili tespit edilmiştir. BLASTX sonuçlarına dayanılarak toplam 192 anotasyon yapılmıştır (Şekil 4.19). Cinsiyetle ilişki genler Go analizinde 4 farklı enzim kategorisine dahil olmaktadır. Bunlar hidroliz (hydrolases) %39 ile en yüksek kısmı oluştururken, transferaz (transferases) %33'lük, oksidoreduktaz (oxidoreductases) %22'lik kısmı ve ligaz ise %5'lik kısmı oluşturmaktadır. Toplamda 18 sekans beş enzim kod sınıfları arasında sınıflandırılmış ve hydrolases % 39, transferaz %33, oksidoreduktases %22 ve ligaz %6'lık kısmı oluşturmaktadır. KEGG database sisteminden yapılan gen fonksiyon analizinde 40 genin çeşitli biyokimyasal yolların belirlenmiştir. Bu genlerden 8 tanesi KEGG haritası ile ilişkili bulunmuş ve 4 enzim kodu üretmektedir. Ligaz enzimi karbon-oksijen bağlarının oluşumunda (forming carbon-oxygen bonds) işlemlerine, hidroliz enzimi ester bağlarında (acting on ester bonds), peptid bağlarında (acting on peptide bonds), karbon-hidrojen bağlarında (acting on carbon-nitrogen bonds) ve asid anhidrin bağlarında (acting on acid anhydrides), transferaz enzimi transferring phosphorus containing groups ve acyltransferases yapılarının ve oksidoreduktaz enzimi ise kükürt donor grubu (acting on a sulfur group of donors), CH-CH donor gruplarının oluşumunda (acting on the CH-CH group of donors) ve aldehit gruplarının oluşumunda ve oxo donor gruplarının oluşumunda (acting on the aldehyde or oxo group of donors) rol oynamaktadır.

P. terebinthus türünde yapılan anotasyon sonucunda *P. terebinthus* türünde dişi spesifik olarak 65 lokusun 17 gen bölgesinde olduğu tespit edilmiştir. *P. terebinthus* türünde yapılan anotasyonlar incelendiğinde, *P. terebinthus*'ta da SPW1, AP3 ve TM6 genlerinin homoloğu homeotik bir gen/genler tarafından cinsiyet mekanizmasının olduğu düşünülmektedir. *P. terebinthus* türünde cinsiyetle ilişki genlerin plant reaktome analizinde *Oryza sativa* türünde çiçek gelişimi ile, *Vigna angularis* türünde ise fotorespirasyon ile benzer gösterdiği belirlenmiştir. *Pistacia terebinthus* türünde Go analizlerinde, cinsiyetle ilişkili lokuslar biyolojik süreç (biological processes (BP), moleküler fonksiyon (molecular functions (MF)) ve hücresel bileşenler (cellular components (CC) go kategorilerine ayrılmıştır. Toplamda 129 proteinin anotasyonu yapılmıştır. Bu proteinlerden 60 tanesi biyolojik süreçlere (BP), 10 tanesi moleküler süreçlere ve 28 tanesi ise hücresel bileşenlere kategorilerine dahil olmuştur. Biyolojik süreçler içerisinde en yüksek sayıda protein, metabolik süreçlerin düzenlenmesi (Regulation of metabolic Process) ilişkili (%8.16), daha sonra birincil metabolik süreçler (primary metabolic process (%7.14)), organik madde metabolik süreçler (%7.14) ve biyosentez süreçler (Biosynthetic Process, %5.10), hücresel iletişim (cell communication, (%3.06), hücresel metabolik süreçler (cellular metabolic process, (%3.06) yapılarına dahil olmaktadır. Moleküler fonksiyon go kategorisinde ise proteinler en yüksek

karbonhidrat bağlama (carbonhydrate binding, (%5.10), bunu hidrolaz aktiviti (ion binding (%3.06) ve iyon bağlama (ion binding (%2.04) takip etmektedir. *P. terebinthus* türünde cinsiyetle ilişkili proteinlerin InterProScan programıyla anotasyonu yapıldığında genlerin Transkripsiyon faktörü-MADS box superfamily, protein tyroin fosfat, transkripsiyon K-box, MADS MEF2-like yapılarına katıldığı belirlenmiştir. InterProScan ID domain kategorisinde ise benzer şekilde transkripsiyon faktör- MADS-box, AMP aktive kinazi glisin bağlama domaini, transkripsiyon faktör K-box, B3 DNA bağlama domaini, tensin-type fostat domaini ve MADS MEF2-like yapılarına katıldığı belirlenmiştir. InterProScan programında family sınıflandırması incelendiğinde ise protein - tyrosine phosphate, transkripsiyon faktörü, MADS-box süper family ve DNA bağlama pseudobarrel domain superfamily yapılarına katıldığı tespit edilmiştir.

P. vera L.türü haricinde diğer *Pistacia* türlerinde hangi kromozom sistemine sahip olduğuna dair literatür çalışması bulunmamaktadır. Bu çalışma ile *P. terebinthus* türünde dişilere bireylere spesifik 68 lokus belirlenmiştir. Cinsiyetle ilişkili bu lokusların validasyonu yapılmıştır. Bu türde dişi bireylere spesifik cinsiyetle ilişkili lokus olması, erkek bireylerde olmaması bu türün dişi bireylerin ZW, erkek bireylerin ise ZZ sistemine sahip olduğu tespit edilmiştir.

P. lentiscus türünde tüm dişi ve erkekler bireylerde aynı pozisyonda olan ve cinsiyete özgü baz değişimi bulunan ve cinsiyetle ilişkili olduğu düşünülen kromozom 14 üzerinde bulunan 1,310 adet SNP bulunmuştur. Bu SNP'ler incelendiğinde dişi bireylerde bu SNP'lerin heterozigot, erkek bireylerde ise homozigot olduğu tespit edilmiştir.

Bu çalışmada elde edilen sonuçlar değerlendirildiğinde, *P. vera*'da cinsiyet kromozomu olarak iyi bir Z ve W kromozom dizilerinin elde edilmesinin gerekliliği ortaya çıkmıştır. Bunun için *P. vera*'da veya diğer *Pistacia* türlerinde dişi bitkilerden haploid bitki elde edilmesi ve sonrasında ise haploid bitkinin tüm genom dizilemesi ile W kromozomun dizisinin elde edilmesini sağlayacaktır. Bu durumda aynı zamanda cinsiyetin belirlenmesinden sorumlu gen veya genlerin belirlenmesini de sağlayabilecektir. Bununla birlikte, bundan sonra antepfıstığı türünde yapılacak genetik haritalama çalışmalarında Z ve W kromozomlar üzerinde yerleşen markörlerin ayrı ayrı haritalanması ve 15 yerine 16 bağlantı grubuna sahip genetik haritaların elde edilmesi yararlı olacaktır.

KAYNAKLAR

- 3000 Rice Genomes Project., (2014). The 3,000 rice genomes project. *GigaScience*, 3(1): 7. doi: 10.1186/2047-217X-3-7
- Ak, B. E., (2014). Antepfıstığı üretiminden tüketimine kadar yaşanan sorunlar ve çözüm yolları paneli. Harran Üniversitesi: 8–29.
- Al-Saghir, M., Baker, S. A., ve Pusok, R., (2014). Effective Method to Resolve the Chromosome Numbers in *Pistacia* Species (Anacardiaceae). *American Journal of Plant Sciences*, 05(20): 2913–2916. doi: 10.4236/ajps.2014.520306
- AL-Saghir, M. G., (2010). Phylogenetic analysis of the genus *Pistacia* L.(Anacardiaceae) based on morphological data. *Asian Journal of Plant Sciences*, 9(1): 28.
- Alström-Rapaport, C., Lascoux, M., ve Gullberg, U., (1997). Identification of a RAPD marker linked to sex determination in the basket willow, *Salix viminalis* L. *Theor Appl Genet* , 94: 493–497.
- Alstrom-Rapaport, C., Lascoux, M., Wang, Y. C., Roberts, G., ve Tuskan, G. A., (1998). Identification of a RAPD marker linked to sex determination in the basket willow (*Salix viminalis* L.). *Journal of Heredity*, 89(1):44–49. doi: 10.1093/jhered/89.1.44
- Alzaid, E. A., Allali, A. El, ve Aboalsamh, H., (2018). A Classification Approach for Genome Structural Variations Detection. *Journal of Proteomics ve Bioinformatics*, 11(12). doi: 10.4172/0974-276X.1000488
- Andrews, K. R., Good, J. M., Miller, M. R., Luikart, G., ve Hohenlohe, P. A., (2016). Harnessing the power of RADseq for ecological and evolutionary genomics. *Nature Reviews Genetics*, 17(2): 81–92. doi: 10.1038/nrg.2015.28
- Andrews, S., Krueger, F., Segonds-Pichon, A., Biggins, L., Krueger, C., ve Wingett, S., (2010). FastQC.
- Arpaci, S., (1999). Sulu kosullarda degisik pistacia turlerinin govde gelismisi ve meyveye yatma uzerine etkilerinin belirlenmesi. *Turkish National Horticultural Congress, Ankara (Turkey)*: 14-17, Sep 1999.
- Ayfer, M., Okay, Y., ve Erdoğan V., (1990). Pistachio rootstocks and their propagation. *Türkiye I Antepfistigi Sempozyumu Bildirileri, Turkey*: 11-12
- Baytop, T., (1968). Les possibilites de production du mastic en Turquie. *J. Fac. Pharmof İstanbul Üniv*, 4(1): 31–35.
- Bellomo, M. G., ve Fallico, B., (2007). Anthocyanins, chlorophylls and xanthophylls in pistachio nuts (*Pistacia vera*) of different geographic origin. *Journal of Food Composition and Analysis*, 20(3–4): 352–359. doi: 10.1016/j.jfca.2006.04.002

- Bergero, R., ve Charlesworth, D., (2009). The evolution of restricted recombination in sex chromosomes. *Trends in Ecology & Evolution*, 24(2): 94–102. doi: 10.1016/j.tree.2008.09.010
- Böhlenius, Henrik., Huang, Tao., Charbonnel-Campaa, Laurence., Brunner, A. M., Jansson, S., Strauss, S. H., ve Nilsson, Ove., (2006). Regulatory Module Controls Timing of Flowering and Seasonal Growth. Cessation in Trees. *Science*, 312(5776): 1040–1043. doi: 10.1126/science.1126038
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., ve Davis, R. W., (1980). Construction of a Genetic Linkage Map in Man Using Restriction Fragment Length Polymorphisms. In *Am J Hum Genet* (Vol. 32).
- Boztok, Ş., (2007). Doğal Sakız Bitkilerinin (*Pistacia lentiscus* L.) Ekonomiye Kazandırılması. Ege Üniversitesi Tarımsal Uygulama ve Araştırma Merkezi, 89.
- Browicz, K., (1987). *Pistacia lentiscus* cv. Chia (Anacardiaceae) on Chios island. *Springer*, 155: 189–195. Retrieved from <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00936298>
- Cao, X., Liu, X., Wang, X., Yang, M., van Giang, T., Wang, J., Liu, X., Sun, S., Wei, K., Wang, X., Gao, J., Du, Y., Qin, Y., Guo, Y., ve Huang, Z., (2019). B-class MADS-box TM6 is a candidate gene for tomato male sterile-1526. *Theoretical and Applied Genetics*, 132(7):2125–2135. doi: 10.1007/s00122-019-03342-z
- Carmichael, S. N., Bekaert, M., Taggart, J. B., Christie, Hrl. R. L., ve Bassett, D. I., (2013). Identification of a Sex-Linked SNP Marker in the Salmon Louse (*Lepeophtheirus salmonis*) Using RAD Sequencing. *Plos One*, 8(10), 77832. doi: 10.1371/journal.pone.0077832
- Chadzopulu, A., Koukouliata, A., Theodosopoulou, E., ve Adraniotis, J., (2011). Unique mastic resin from Chios. *Prog Health Sci*, 1(1): 131–135.
- Charlesworth, B., (1941). Evolution of sex chromosomes. *Nature*, 147(3739), 809. doi: 10.1016/s0140-6736(67)91349-9
- Charlesworth, D., (2016). Plant sex chromosomes. *Annual Review of Plant Biology*, 67: 397–420.
- Charlesworth, Deborah., (2016). Plant Sex Chromosomes. *Annual Review of Plant Biology*, 67(November): 397–420. doi: 10.1146/annurev-arplant-043015-111911
- Chen, S., Zhou, Y., Chen, Y., ve Gu, Y. (2018). fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor. *Bioinformatics*, 34(17):884-890. Retrieved from <https://academic.oup.com/bioinformatics/article-abstract/34/17/i884/5093234>
- Cherif, E., Zehdi, S., Castillo, K., Chabrilange, N., Abdoukader, S., Pintaud, J., Santoni, S., Salhi-Hannachi, A., Glémin, S., ve Aberlenc-Bertossi, F., (2013). Male-specific DNA markers provide genetic evidence of an XY chromosome system, a recombination arrest and allow the tracing of paternal lineages in date palm. *New Phytologist*, 197(2): 409–415. doi: 10.1111/nph.12069

- Chia, J.-M., Song, C., Bradbury, P. J., Costich, D., de Leon, N., Doebley, J., Elshire, R. J., Gaut, B., Geller, L., Glaubitz, J. C., Gore, M., Guill, K. E., Holland, J., Hufford, M. B., Lai, J., Li, M., Liu, X., Lu, Y., McCombie, R., ve Ware, D., (2012). Maize HapMap2 identifies extant variation from a genome in flux. *Nature Genetics*, 44(7):803–807. doi: 10.1038/ng.2313
- Chu, D., & Wei, L. (2019). Nonsynonymous, synonymous and nonsense mutations in human cancer-related genes undergo stronger purifying selections than expectation. *BMC Cancer*, 19(1):359. doi: 10.1186/s12885-019-5572-x
- Conesa, A., Götze, S., García-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., ve Robles, M., (2005). Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 21(18): 3674–3676.
- Correia, O., ve Diaz Barradas, M., (2000). Ecophysiological differences between male and female plants of *Pistacia lentiscus* L. *Plant Ecology* , 149(2): 131–142. doi: 10.1023/A:1026588326204
- Dalbó, M., Ye, G., Weeden, N., Steinkellner, H., Sefc, K., ve Reisch, B., (2000). A gene controlling sex in grapevines placed on a molecular-based genetic map. *Genome* , 43: 333–340.
- De Martino, G., Pan, I., Emmanuel, E., Levy, A., ve Irish, V. F., (2006). Functional Analyses of Two Tomato APETALA3 Genes Demonstrate Diversification in Their Roles in Regulating Floral Development. *The Plant Cell*, 18(8):1833–1845. doi: 10.1105/tpc.106.042978
- DePristo, M. A., Banks, E., Poplin, R., Garimella, K. V., Maguire, J. R., Hartl, C., Philippakis, A. A., del Angel, G., Rivas, M. A., Hanna, M., McKenna, A., Fennell, T. J., Kernysky, A. M., Sivachenko, A. Y., Cibulskis, K., Gabriel, S. B., Altshuler, D., ve Daly, M. J. (2011). A framework for variation discovery and genotyping using next-generation DNA sequencing data. *Nature Genetics*, 43(5): 491–498. doi: 10.1038/ng.806
- Doyle, J. J., ve Doyle, J. L., (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue.
- Elshire, R. J., Glaubitz, J. C., Sun, Q., Poland, J. A., Kawamoto, K., Buckler, E. S., ve Mitchell, S. E. (2011). A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species. *PLos one*, 6(5), e19379. doi: 10.1371/journal.pone.0019379
- Enrico, S. C., ve Elliot, M. M., (1991). The war of the whorls: genetic interactions controlling flower development. *Natura*, 353:31–37.
- Ercisli, S., ve Orhan E., (2007). Chemical composition of white (*Morus alba*), red (*Morus rubra*) and black (*Morus nigra*) mulberry fruits. *Fruit Chemistry*:243–251. doi: 10.1007/978-3-540-34533-6_12
- Esfandiyari, B., Davary Nejad, G. H., Shahriyari, F. A., ve Kiani, M., (2010). Sex determination in *Pistacia* species using molecular markers. *Journal of Applied Horticulture*, 12(2):122–124. doi: 10.37855/jah.2010.v12i02.25

- Esfandiyari, B., Davarynejad, G. H., Shahriari, F., Kiani, M., ve Mathe, A., (2012). Data to the sex determination in Pistacia species using molecular markers. *Euphytica*, 185(2): 227–231. doi: 10.1007/s10681-011-0527-6
- FAO., (2020). *Statistical database: agricultural production of primary crop*. Accessed 15 Jan 2022. Retrieved from <http://www.fao.org/faostat/en/#home>,
- Ferguson, L., Beede, R. H., Reyes, H., Sanden, B. L., Grattan, S. R., ve Epstein, L., (2005). Pistachio rootstocks. Pistachio Production Manual.
- Fujita, N., Ayukawa, Y., Fuke, M., Teraoka, T., Watanabe, K., Arie, T., ve Komatsu, K., (2017). Rapid sex identification method of spinach (*Spinacia oleracea* L.) in the vegetative stage using loop-mediated isothermal amplification. *Planta*, 245(1):221–226. doi: 10.1007/s00425-016-2618-z
- Germana, C., (1997). The Response Of Pistachio Trees To Water Stress As Affected By Two Different Rootstocks. *Acta Horticulturae*, 449:513–520. doi: 10.17660/ActaHortic.1997.449.71
- Ghaffari, S. M., ve Fasihi-Harandi, O., (2002). Chromosome counts and assessment of two heterochromatic chromosomes in some species of Pistacia L. from Iran. *Acta Horticulturae*, 591:389–393. doi: 10.17660/ActaHortic.2002.591.59
- Gijón, M. del C., Gimenez, C., Perez-López, D., Guerrero, J., Couceiro, J. F., ve Moriana, A., (2010). Rootstock influences the response of pistachio (*Pistacia vera* L. cv. Kerman) to water stress and rehydration. *Scientia Horticulturae*, 125(4): 666–671. doi: 10.1016/j.scienta.2010.05.026
- Gillman, J. D., Kim, W.-S., Song, B., Oehrle, N. W., Tawari, N. R., Liu, S., ve Krishnan, H. B. (2017). Whole-Genome Resequencing Identifies the Molecular Genetic Cause for the Absence of a Gy5 Glycinin Protein in Soybean PI 603408. *G3 Genes|Genomes|Genetics*, 7(7):2345–2352. doi: 10.1534/g3.117.039347
- Guo, G., Zhang, G., Pan, B., Diao, W., Liu, J., Ge, W., Gao, C., Zhang, Y., Jiang, C., ve Wang, S. (2019). Development and Application of InDel Markers for Capsicum spp. Based on Whole-Genome Re-Sequencing. *Scientific Reports*, 9(1), 3691. doi: 10.1038/s41598-019-40244-y
- Gupta, P. K., Varshney, R. K., Sharma, P. C., ve Ramesh, B., (1999). Review Molecular markers and their applications in wheat breeding. *Plant Breeding*, 118(5): 369–390. doi: 10.1046/j.1439-0523.1999.00401.x
- Harkess, A., Zhou, J., Xu, C., Bowers, J. E., Van Der Hulst, R., Ayyampalayam, S., Mercati, F., Riccardi, P., McKain, M. R., Kakrana, A., Tang, H., Ray, J., Groenendijk, J., Arikiti, S., Mathioni, S. M., Nakano, M., Shan, H., Telgmann-Rauber, A., Kanno, A., ve Chen, G., (2017). The asparagus genome sheds light on the origin and evolution of a young y chromosome. *Nature Communications*, 8(1). doi: 10.1038/s41467-017-01064-8

- Harvey, C. F., Gill, G. P., Fraser, L. G., ve McNeilage, M., (1997). Sex determination in Actinidia. 1. Sex-linked markers and progeny sex ratio in diploid *A. chinensis*. Sexual Plant Reproduction, 10: 149–154.
- Heikrujam, M., Sharma, K., Prasad, M., ve Agrawal, V., (2014). Review on different mechanisms of sex determination and sex-linked molecular markers in dioecious crops: a current update. Euphytica, 201(2): 161–194. doi: 10.1007/s10681-014-1293-z
- Hileman, L. C., ve Irish, V. F., (2009). More is better: the uses of developmental genetic data to reconstruct perianth evolution. American Journal of Botany, 96(1), 83–95. doi: 10.3732/ajb.0800066
- Hojjati, M., Calín-Sánchez, Á., Razavi, S. H., & Carbonell-Barrachina, Á. A. (2013). Effect of roasting on colour and volatile composition of pistachios (*Pistacia vera* L.). International Journal of Food Science and Technology, 48(2): 437–443. doi: 10.1111/j.1365-2621.2012.03206.x
- Hormaza, J. I., Dollo, L., ve Polito, V. S., (1994). Identification of a RAPD marker linked to sex determination in *Pistacia vera* using bulked segregant analysis. Theoretical and Applied Genetics, 89(1): 9–13. doi: 10.1007/BF00226975
- Hou, J., Ye, N., Zhang, D., Chen, Y., Fang, L., Dai, X., ve Yin, T., (2015). Different autosomes evolved into sex chromosomes in the sister genera of *Salix* and *Populus*. Scientific Reports, 5: 1–6. doi: 10.1038/srep09076
- Hou, L. H., (2009). Monoecious “energy” tree in the wild. Forestry Chapter of Anyang Yearbook. Zhongzhou Ancient Books Publishing House, Anyang, China, 155.
- Huang, X., Kurata, N., Wei, X., Wang, Z.-X., Wang, A., Zhao, Q., Zhao, Y., Liu, K., Lu, H., Li, W., Guo, Y., Lu, Y., Zhou, C., Fan, D., Weng, Q., Zhu, C., Huang, T., Zhang, L., Wang, Y., ve Han, B., (2012). A map of rice genome variation reveals the origin of cultivated rice. Nature, 490(7421): 497–501. doi: 10.1038/nature11532
- Ila, H. B., Kafkas, S., ve Topaktas, M., (2015). Chromosome numbers of four *Pistacia* (*Anacardiaceae*) species. Journal of Horticultural Science and Biotechnology, 78: 35–38. doi: 10.1080/14620316.2003.11511583
- Irish, V. F., (2009). Evolution of petal identity. Journal of Experimental Botany, 60(9):2517–2527. doi: 10.1093/jxb/erp159
- İsfendiyaroğlu, M., (1999). Sakız Ağacının (*Pistacia lentiscus* var. *chia* Duham.) Çelikle Çoğaltılması ve Kök Oluşumunun Anatomik-Fizyolojik İncelenmesi Üzerine Araştırmalar. Ege Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Doktora Tezi. İzmir.
- Jiang, C., ve Sink, K. C., (1997). RAPD and SCAR Markers Linked to The Sex Expression Locus M in Asparagus. Euphytica, 94: 329–333.
- Jiang, Hao., Peng, Shuming., Zhang, Sheng., Li, Xinguo., Korpelainen, Helena., ve Li, Chunyang. (2012). Transcriptional profiling analysis in *Populus yunnanensis* provides insights into

- molecular mechanisms of sexual differences in salinity tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 63(10): 3709–3726. doi: 10.1093/jxb/ers064
- Jiao, Y., Zhao, H., Ren, L., Song, W., Zeng, B., Guo, J., Wang, B., Liu, Z., Chen, J., Li, W., Zhang, M., Xie, S., ve Lai, J., (2012). Genome-wide genetic changes during modern breeding of maize. *Nature GeNetics*, 44. doi: 10.1038/ng.2312
- Joley, L. E., (1969). Pistachio. *Handbook of North American Nut Trees*. Northern Nut Growers Assoc. Knowville: 361–384.
- Kafkas, S., (2006). Phylogenetic analysis of the genus *Pistacia* by AFLP markers. *Plant Systematics and Evolution*, 262(1–2):113–124. doi: 10.1007/s00606-006-0460-7
- Kafkas, S., Çetiner, S., ve Perl-Treves, R., (2001). Development of sex-associated RAPD markers in wild *Pistacia* species. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 76(2): 242–246. doi: 10.1080/14620316.2001.11511358
- Kafkas, S., Khodaeiaminjan, M., Güney, M., ve Kafkas, E. (2015). Identification of sex-linked SNP markers using RAD sequencing suggests ZW/ZZ sex determination in *Pistacia vera* L. *BMC Genomics*, 16(1): 1–11. doi: 10.1186/s12864-015-1326-6
- Kafkas, S., ve Perl-Treves, R., (2001). Morphological and molecular phylogeny of *Pistacia* species in Turkey. *Theoretical and Applied Genetics*, 102(6–7):908–915. doi: 10.1007/S001220000526
- Kafkas, S., Khodaeiaminjan, M., Güney, M., ve Kafkas, E. (2015). Identification of sex-linked SNP markers using RAD sequencing suggests ZW/ZZ sex determination in *Pistacia vera* L. *BMC Genomics*, 16(1): 1–11.
- Kafkas, S., Ma, X., Zhang, X., Topçu, H., Navajas-Pérez, R., Wai, C. M., Tang, H., Xu, X., Khodaeiaminjan, M., Güney, M., Paizila, A., Karcı, H., Zhang, X., Lin, J., Lin, H., Herrán, R. de la, Rejón, C. R., García-Zea, J. A., Robles, F., ve Ming, R., (2022). Pistachio genomes provide insights into nut tree domestication and ZW sex chromosome evolution. *Plant Communications*, 100497. doi: 10.1016/j.xplc.2022.100497
- Kafkas, S., Ozkan, H., Ak, B. E., Acar, I., Atli, H. S., ve Koyuncu, S. (2006). Detecting DNA polymorphism and genetic diversity in a wide pistachio germplasm: Comparison of AFLP, ISSR, and RAPD markers. *Journals.Ashs.Org*, 131(4): 522–529. Retrieved from <https://journals.ashs.org/jashs/view/journals/jashs/131/4/article-p522.xml>
- Kafkas, S., ve Perl-treves, R., (2001). Molecular variation between and within wild *Pistacia* species in Turkey. *Molecular variation between and within wild Pistacia species in Turkey. Options Méditerranéennes*, 56: 243-250.
- Kamiab, F., Ebadi, A., Panahi, B., ve Tajabadi, A. (2014). RAPD Analysis for Sex Determination in *Pistacia vera* L. *SID Journal of Nuts*, 5(1): 51–55. Retrieved from https://www.sid.ir/en/VEWSSID/J_pdf/1003620140106.pdf

- Karimi, H. R., ve Nasrolahpour-Moghadam, S., (2016a). Male pistachio seedlings exhibit more efficient protective mechanisms than females under salinity stress. *Scientia Horticulturae*, 211:118–125. doi: 10.1016/j.scienta.2016.08.014
- Karimi, H. R., ve Nasrolahpour-Moghadam, S., (2016b). Study of sex-related differences in growth indices and eco-physiological parameters of pistachio seedlings (*Pistacia vera* cv. Badami-Riz-e-Zarand) under salinity stress. *Scientia Horticulturae*, 202: 165–172. doi: 10.1016/j.scienta.2016.03.003
- Kaska, N., ve Bilgen, A. M., (1988). Top-working of wild pistachios in Turkey. *Programme de Recherche Agrimed. Rapport EUR*, 11557:317–325.
- Khodaeiaminjan, M., Kafkas, E., Güney, M., ve Kafkas, S., (2017). Development and linkage mapping of novel sex-linked markers for marker-assisted cultivar breeding in pistachio (*Pistacia vera* L.). *Molecular Breeding*, 37(8):1-9. doi: 10.1007/s11032-017-0705-x
- Kılıç, M. U., ve H. Uysal., (2019). Sakız Ağacı (*Pistacia lentiscus* L. var. chia) ve İn Vitro Rejenerasyonu. *International Young Researchers Student Congress*:28-38
- Koç, İ. (2011). Sakız Ağacının (*Pistacia lentiscus* L.) İn Vitro Koşullarda Mikroçoğaltımı ve Saklanması. *Doktora Tezi. Yüksek Lisans Tezi. Gebze Yüksek Teknoloji Enstitüsü, Kocaeli*. 107 s.
- Ledergerber, C., & Dessimoz, C. (2011). Base-calling for next-generation sequencing platforms. *Briefings in Bioinformatics*, 12(5): 489–497. doi: 10.1093/bib/bbq077
- Li, H., (2013). Aligning sequence reads, clone sequences and assembly contigs with BWA-MEM. *ArXiv Preprint ArXiv*. Retrieved from <http://arxiv.org/abs/1303.3997>
- Li, H., ve Durbin, R., (2009). Fast and accurate short read alignment with Burrows–Wheeler transform. *Bioinformatics*, 25(14):1754–1760.
- Li, H., Handsaker, B., Wysoker, A., Fennell, T., Ruan, J., Homer, N., Marth, G., Abecasis, G., ve Durbin, R., (2009). The sequence alignment/map format and SAMtools. *Bioinformatics*, 25(16): 2078–2079.
- Lin, T., Zhu, G., Zhang, J., Xu, X., Yu, Q., Zheng, Z., Zhang, Z., Lun, Y., Li, S., Wang, X., Huang, Z., Li, J., Zhang, C., Wang, T., Zhang, Y., Wang, A., Zhang, Y., Lin, K., Li, C., ve Huang, S., (2014). Genomic analyses provide insights into the history of tomato breeding. *Nature Genetics*, 46(11):1220–1226. doi: 10.1038/ng.3117
- Mace, E. S., Tai, S., Gilding, E. K., Li, Y., Prentis, P. J., Bian, L., Campbell, B. C., Hu, W., Innes, D. J., Han, X., Cruickshank, A., Dai, C., Frère, C., Zhang, H., Hunt, C. H., Wang, X., Shatte, T., Wang, M., Su, Z., ve Wang, J., (2013). Whole-genome sequencing reveals untapped genetic potential in Africa's indigenous cereal crop sorghum. *Nature Communications*, 4(1), 2320. doi: 10.1038/ncomms3320
- Maggs, D. H., (1973). The pistachio as an Australian crop.

- Mammadov, J., Aggarwal, R., Buyyarapu, R., ve Kumpatla, S., (2012). SNP Markers and Their Impact on Plant Breeding. *International Journal of Plant Genomics*, 2012, 11. doi: 10.1155/2012/728398
- Mandolino, G., Carboni, A., Forapani, S., Faeti, V., ve Ranalli, P., (1999). Identification of DNA markers linked to the male sex in dioecious hemp (*Cannabis sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 98: 86–92.
- Mariette, S., Wong Jun Tai, F., Roch, G., Barre, A., Chague, A., Decroocq, S., Groppi, A., Laizet, Y., Lambert, P., Tricon, D., Nikolski, M., Audergon, J., Abbott, A. G., ve Decroocq, V., (2016). Genome-wide association links candidate genes to resistance to *Plum Pox Virus* in apricot (*Prunus armeniaca*). *New Phytologist*, 209(2): 773–784. doi: 10.1111/nph.13627
- Martín-Pizarro, C., Triviño, J. C., ve Posé, D., (2019). Functional Analysis Of the TM6 MADS-box Gene In The Octoploid Strawberry by CRISPR/Cas9-directed Mutagenesis. *Journal of Experimental Botany*, 70(3): 885–895. doi: 10.1093/jxb/ery400
- McKenna, A., Hanna, M., Banks, E., Sivachenko, A., Cibulskis, K., Kernytsky, A., Garimella, K., Altshuler, D., Gabriel, S., ve Daly, M., (2010). The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce Framework for Analyzing Next-generation DNA Sequencing Data. *Genome Research*, 20(9): 1297–1303.
- Metzker, M. L., (2010). Sequencing Technologies — The Next Generation. *Nature Reviews Genetics*, 11(1): 31–46. doi: 10.1038/nrg2626
- Ming, R., Bendahmane, A., ve Renner, S. S., (2011). Sex Chromosomes in Land Plants. *Annual Review of Plant Biology*, 62(1): 485–514. doi: 10.1146/annurev-arplant-042110-103914
- Motalebipour, E. Z., Kafkas, S., Khodaeiaminjan, M., Çoban, N., ve Gözel, H., (2016). Genome survey of pistachio (*Pistacia vera* L.) by Next Generation Sequencing : Development of Novel SSR Markers and Genetic Diversity in *Pistacia* species. *BMC Genomics*: 1–14. doi: 10.1186/s12864-016-3359-x
- Mulcahy, D. L., Weeden, N. F., ve Kesseli, R. S. B., (1992). DNA Probes for The Y-chromosome of *Silene latifolia*, a dioecious angiosperm. *Sexual Plant Reproduction*, 5: 86–88.
- Muller, H. J., (1950). Evidence of the precision of genetic adaptation. *Harvey Lect*, 43: 165–229.
- Nakamura, K., Oshima, T., Morimoto, T., Ikeda, S., Yoshikawa, H., Shiwa, Y., Ishikawa, S., Linak, M. C., Hirai, A., Takahashi, H., Altaf-Ul-Amin, Md., Ogasawara, N., ve Kanaya, S., (2011). Sequence-Specific Error Profile of Illumina Sequencers. *Nucleic Acids Research*, 39(13):90–90. doi: 10.1093/nar/gkr344
- Nicotra, A. B., Chazdon, R. L., ve Montgomery, R. A., (2003). Sexes show contrasting patterns of leaf and crown carbon gain in a dioecious rainforest shrub. *American Journal of Botany*, 90(3): 347–355. doi: 10.3732/AJB.90.3.347

- Nur, Z., Ezgi, Ş., Sahin, C., Aydin, Y., ve Altinkut, A., (2022). Molecular sexual determinants in *Pistacia* genus by KASP assay. *Molecular Biology Reports*, 49(6): 5473–5482. doi: 10.1007/s11033-022-07285-5
- Palaiokostas, C., Bekaert, M., Davie, A., Cowan, M. E., Oral, M., Taggart, J. B., Gharbi, K., McAndrew, B. J., Penman, D. J., ve Migaud, H., (2013). Mapping the sex determination locus in the Atlantic halibut (*Hippoglossus hippoglossus*) using RAD sequencing. *BMC Genomics*, 14(1), 566. doi: 10.1186/1471-2164-14-566
- Palmer, W., Jacygrad, E., Sagayaradj, S., Cavanaugh, K., Han, R., Bertier, L., Beede, B., Kafkas, S., Golino, D., Preece, J., ve Micheltore, R., (2023). Genome assembly and association tests identify interacting loci associated with vigor, precocity, and sex in interspecific pistachio rootstocks. *G3 Genes|Genomes|Genetics*. doi: 10.1093/g3journal/jkac317
- Parfitt, D. E., ve Badenes, M. L., (1997). Phylogeny of the genus *Pistacia* as determined from analysis of the chloroplast genome. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 94(15): 7987–7992. doi: 10.1073/PNAS.94.15.7987
- Perikos, G. (1993). *Chios gum mastic*.
- Perrino, E. V., Tomaselli, V., Costa, R., ve Pavone, P., (2013). Conservation status of habitats (Directive 92/43 EEC) of coastal and low hill belts in a Mediterranean biodiversity hot spot (Gargano - Italy). *Plant Biosystems*, 147(4):1006–1028. doi: 10.1080/11263504.2013.860052
- Polley, A., Seigner, E., ve Ganai, M., (1997). Identification of sex in hop (*Humulus lupulus*) using molecular markers. *Genome*, 20: 357–361.
- Pootakham, W., Jomchai, N., Ruang-areerate, P., Shearman, J. R., Sonthirod, C., Sangsrakru, D., Tragoonrung, S., ve Tangphatsornruang, S., (2015). Genome-wide SNP discovery and identification of QTL associated with agronomic traits in oil palm using genotyping-by-sequencing (GBS). *Genomics*, 105(5–6): 288–295. doi: 10.1016/j.ygeno.2015.02.002
- Pucholt, P., ve Berlin, S., (2015). Single locus sex determination and female heterogamety in the basket willow (*Salix viminalis* L.). *Heredity*, 114(6):575-583. doi: 10.1038/hdy.2014.125
- R Core Team, R. (2013). *R: A language and environment for statistical computing*.
- Reamon-Büttner, S. M., Schondelmaier, J., ve Jung, C., (1998). AFLP markers tightly linked to the sex locus in *Asparagus officinalis* L. *Molecular Breeding*, 4: 91–98.
- Renner, S. S., (2014). The relative and absolute frequencies of angiosperm sexual systems: Dioecy, monoecy, gynodioecy, and an updated online database. *American Journal of Botany*, 101(10): 1588–1596. doi: 10.3732/ajb.1400196
- Rossum, G. Van, ve Drake, F., (2009). Python 2.6 reference manual. Retrieved from <https://dl.acm.org/doi/abs/10.5555/1610526>
- Ruas, C., Fairbanks, D., Evans, R., Stutz, H., Andersen, W., ve Ruas, P., (1998). Male-specific DNA in the dioecious species *Atriplex garrettii* (Chenopodiaceae). *Am J Bot*, 85:162–167.

- Sachidanandam, R., Weissman, D., Schmidt, S. C., Kakol, J. M., Stein, L. D., Marth, G., Sherry, S., Mullikin, J. C., Mortimore, B. J., Willey, D. L., Hunt, S. E., Cole, C. G., Coggill, P. C., Rice, C. M., Ning, Z., Rogers, J., Bentley, D. R., Kwok, P.-Y., Mardis, E. R., ve Altshuler, D., (2001). A map of human genome sequence variation containing 1.42 million single nucleotide polymorphisms. *Nature*, 409(6822):928–933. doi: 10.1038/35057149
- Sahu, K. K., ve Chattopadhyay, D., (2017). Genome-wide sequence variations between wild and cultivated tomato species revisited by whole genome sequence mapping. *BMC Genomics*, 18(1), 430. doi: 10.1186/s12864-017-3822-3
- Sanger, F., Nicklen, S., ve Coulson, A. R., (1977). DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 74(12):5463–5467. doi: 10.1073/PNAS.74.12.5463
- Sepaskhah, A. R., Maftoun, M., ve Karimian, N., (1985). Growth and chemical composition of pistachio as affected by salinity and applied iron. *Journal of Horticultural Science*, 60(1): 115–121.
- Serttaş, P.T, ve Özcan, T., (2018). Intraspecific variations studied by ISSR and IRAP markers in mastic tree (*Pistacia lentiscus* L.) from Turkey. *Trakya University Journal of Natural Sciences*, 19(2):147–157.
- Shamshiri, M. H., ve Fattahi, M. (2014). Evaluation of two biochemical markers for salt stress in three pistachio rootstocks inoculated with arbuscular mycorrhiza (*Glomus mosseae*). *Journal of Stress Physiology & Biochemistry*, 10(1), 335–346.
- Shendure, J., & Ji, H. (2008). Next-generation DNA sequencing. *Nature Biotechnology*, 26(10), 1135–1145. doi: 10.1038/nbt1486
- Slancarova, V., Zdanska, J., Janousek, B., Talianova, M., Zschach, C., Zluvova, J., Siroky, J., Kovacova, V., Blavet, H., Danihelka, J., Oxelman, B., Widmer, A., & Vyskot, B. (2013). Evolution Of Sex Determination Systems With Heterogametic Males And Females In Silene. *Evolution*, 67(12):3669–3677. doi: 10.1111/evo.12223
- Sola-Campoy, P. J., Robles, F., Schwarzacher, T., Rejón, C. R., De La Herrán, R., ve Navajas-Pérez, R., (2015). The molecular cytogenetic characterization of pistachio (*Pistacia vera* L.) suggests the arrest of recombination in the largest heteropycnotic pair HC1. *Plos One*, 10(12): 1–15. doi: 10.1371/journal.pone.0143861
- Somers, D. J., Thomas, J., DePauw, R., Fox, S., Humphreys, G., ve Fedak, G., (2005). Assembling complex genotypes to resist *Fusarium* in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 111(8): 1623–1631. doi: 10.1007/s00122-005-0094-0
- Song, K., Li, L., ve Zhang, G., (2016a). Coverage Recommendation For Genotyping Analysis Of Highly Heterologous Species Using Next-Generation Sequencing Technology. *Scientific Reports*, 6(1), 35736. doi: 10.1038/srep35736

- Song, K., Li, L., ve Zhang, G., (2016b). Coverage Recommendation For Genotyping Analysis Of Highly Heterologous Species Using Next-Generation Sequencing Technology. Scientific Reports, 6(1), 35736. doi: 10.1038/srep35736
- Sözmezoğlu, Ö. A., Yıldırım, A., ve Güleç, T. E., (2010). Tek Nükleotid Farklılıkları (SNP) Ve Buğdayda Kullanımı. Türk Bilimsel Derlemeler Dergisi, 2: 55–56.
- Tanaka, N., Tanaka-Moriya, Y., Mimida, N., Honda, C., Iwanami, H., Komori, S., ve Wada, M. (2016). The Analysis Of Transgenic Apples With Down-Regulated Expression Of *pistillata*. Plant Biotechnology, 33(5): 395–401. doi: 10.5511/plantbiotechnology.16.1109a
- Tavallali, V., ve Rahemi, M. (2007). Effects Of Rootstock On Nutrient Acquisition By Leaf, Kernel And Quality Of Pistachio (*Pistacia vera* L.). American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Science, 2(3): 240–246.
- Tekin, H., Arpacı, S., Atlı, S. A., Açar, İ., Karadağ, S., Yükçeken, Y., ve Yaman, A., (2001). Antepfıstığı Yetiştiriciliği. Antepfıstığı Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü , 13, 132.
- Thudi, M., Khan, A. W., Kumar, V., Gaur, P. M., Katta, K., Garg, V., Roorkiwal, M., Samineni, S., ve Varshney, R.K., (2016). Whole Genome Re-Sequencing Reveals Genome-Wide Variations Among Parental Lines Of 16 Mapping Populations İn Chickpea (*Cicer arietinum* L.). BMC Plant Biology, 16(S1), 10. doi: 10.1186/s12870-015-0690-3
- Tilkat, E. A., Namli, S., ve Işıkalın, Ç., (2011). Determination And Assesment Of The Sex Chromosomes Of Male Trees Of Pistachio (*Pistacia vera* L.) Using İn Vitro Culture. Australian Journal of Crop Science, 5(3): 291–295.
- Tunalıoğlu, R., ve Taşkaya, B., (2003). Antepfıstığı. Teae Bakış, Tarımsal Ekonomi Araştırma Enstitüsü Dergisi, 2.
- TÜİK. 2023. Bitkisel Üretim İstatistikleri, <https://data.tuik.gov.tr/Kategori/GetKategori?p=tarim-111&dil=1>, (Erişim tarihi: 25.01.2023)
- Villaseñor, J.G., López, M.C.G., Elvira, A.M., Rincón, A.R., ve López, J.F.C., (2008). El pistachero en Castilla La Mancha. Primeros resultados. Fruticultura Profesional, 173: 36–45.
- Wadlington, W.H., Ming, R., (2018). Development of an X-Specific Marker and Identification Of YY Individuals in Spinach. Theoretical and Applied Genetics, 131(9): 1987–1994. doi: 10.1007/s00122-018-3127-1
- Wang, J., Na, J. K., Yu, Q., Gschwend, A. R., Han, J., Zeng, F., Aryal, R., VanBuren, R., Murray, J. E., Zhang, W., Navajas-Pérez, R., Feltus, F. A., Lemke, C., Tong, E. J., Chen, C., Wai, C. M., Singh, R., Wang, M. L., Min, X. J., ve Ming, R., (2012). Sequencing papaya X and Y h Chromosomes Reveals Molecular Basis of İncipient Sex Chromosome Evolution. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 109(34):13710–13715. doi: 10.1073/pnas.1207833109

- Wang, K., Li, M., ve Hakonarson, H., (2010). ANNOVAR: Functional Annotation Of Genetic Variants From High-Throughput Sequencing Data. *Nucleic Acids Research*, 38(16):164–e164.
- Wang, M., Yu, Y., Haberer, G., Marri, P. R., Fan, C., Goicoechea, J. L., Zuccolo, A., Song, X., Kudrna, D., Ammiraju, J. S. S., Cossu, R. M., Maldonado, C., Chen, J., Lee, S., Sisneros, N., de Baynast, K., Golser, W., Wissotski, M., Kim, W., ve Wing, R. A., (2014). The Genome Sequence Of African Rice (*Oryza glaberrima*) And Evidence For Independent Domestication. *Nature Genetics*, 46(9): 982–988. doi: 10.1038/ng.3044
- Weigel, D., ve Meyerowitz, E.M., (1994). The ABCs of Floral Homeotic Genes. *Cell*, 78(2): 203–209.
- Whitehouse, W.E., (1957). The Pistachio Nut—A New Crop For The Western United States. *Economic Botany*, 11(4): 281–321.
- Xanthopoulou, A., Manioudaki, M., Bazakos, C., Kissoudis, C., Farsakoglou, A.-M., Karagiannis, E., Michailidis, M., Polychroniadou, C., Zambounis, A., Kazantzis, K., Tsaftaris, A., Madesis, P., Aravanopoulos, F., Molassiotis, A., ve Ganopoulos, I., (2020). Whole Genome Re-Sequencing Of Sweet Cherry (*Prunus avium* L.) Yields Insights Into Genomic Diversity Of A Fruit Species. *Horticulture Research*, 7(1), 60. doi: 10.1038/s41438-020-0281-9
- Xing, L., Zhang, D., Song, X., Weng, K., Shen, Y., Li, Y., Zhao, C., Ma, J., An, N., ve Han, M. (2016). Genome-Wide Sequence Variation Identification and Floral-Associated Trait Comparisons Based on the Re-sequencing of the ‘Nagafu No. 2’ and ‘Qinguan’ Varieties of Apple (*Malus domestica* Borkh.). *Frontiers in Plant Science*, 7. doi: 10.3389/fpls.2016.00908
- Yakubov, B., Barazani, O., ve Golan-Goldhirsh, A., (2005). Combination of SCAR primers and Touchdown-PCR for Sex Identification in *Pistacia vera* L. *Scientia Horticulturae*, 103(4):473–478. doi: 10.1016/j.scienta.2004.06.008
- Yaltirik, F. (1967). *Anacardiaceae* In *Flora of Turkey*. Davis, P.H., Ed.; Edinburgh University Press: Edinburgh, UK, 2: 544–548.
- Yao, J., Xu, J., Tomes, S., Cui, W., Luo, Z., Deng, C., Ireland, H. S., Schaffer, R. J., & Gleave, A. P. (2018). Ectopic Expression Of the Pistillata Homologous MdPI Inhibits Fruit Tissue Growth and Changes Fruit Shape In Apple. *Plant Direct*, 2(4). doi: 10.1002/pld3.51
- Yardımcı, B., (1973). Sert Kabuklu Fıstık. Tarım Bakanlığı Ziraat İşleri Genel Müdürlüğü Yayınları, 154.
- You, F. M., Huo, N., Gu, Y. Q., Luo, M., Ma, Y., Hane, D., Lazo, G. R., Dvorak, J., ve Anderson, O. D., (2008). BatchPrimer3: A High Throughput Web Application For PCR And Sequencing Primer Design. *BMC Bioinformatics*, 9(1): 1–13.
- Zeng, L., Tu, X.-L., Dai, H., Han, F.-M., Lu, B.-S., Wang, M.-S., Nanaei, H. A., Tajabadipour, A., Mansouri, M., Li, X.-L., Ji, L.-L., Irwin, D. M., Zhou, H., Liu, M., Zheng, H.-K., Esmailzadeh, A., ve Wu, D.D., (2019). Whole Genomes And Transcriptomes Reveal

- Adaptation And Domestication Of Pistachio. *Genome Biology*, 20(1), 79. doi: 10.1186/s13059-019-1686-3
- Zhang, Q., Zhang, Y., Liu, W., Liu, N., Ma, X., Lü, C., Xu, M., Liu, S., ve Zhang, Y., (2023). Re-Sequencing And Morphological Data Revealed The Genetics Of Stone Shell And Kernel Traits In Apricot. *Frontiers in Plant Science*, 14. doi: 10.3389/fpls.2023.1196754
- Zhang, S., Chen, L., Duan, B., Korpelainen, H., ve Li, C., (2012). *Populus cathayana* Males Exhibit More Efficient Protective Mechanisms Than Females Under Drought Stress. *Forest Ecology and Management*, 275: 68–78. doi: 10.1016/j.foreco.2012.03.014
- Zohary, M. (1972). *Pistacia* L. *Flora Palestine*. Israel Acad Scie Humanit, Jerus, 2: 187–228.
- Zohary, Michael., (1952). A Monographical Study Of The Genus *Pistacia*. *Palestine Journal of Botany (Jerusalem Series)*, 5(4):187–228.





ÖZGEÇMİŞ

Ömer Faruk BİLGİN, ilköğretimi Yavuz Sultan Selim ilkokulunda, orta öğretimi Mehmet Akif Ersoy ortaokulunda ve lise öğretimini ise Fevzi Çakmak Lisesinde tamamlamıştır. 2013 yılında Ege Üniversitesi Bahçe Bitkileri bölümünü bitirmiştir. 2014-2016 yılları arasında Tarım İşletmeleri Genel Müdürlüğü, Şanlıurfa ilinde iki yıl boyunca mühendis olarak çalışmıştır. 2016 yılından beri Siirt Üniversitesi Bahçe Bitkileri Bölümünde araştırma görevlisi olarak görev yapmaktadır. 2016-2019 yılları arasında ise Selçuk Üniversitesi Bahçe Bitkilerinde yüksek lisans eğitimini tamamlamıştır.







EKLER



Ek-1 Pistacia lentiscus genotipinin tüm genom tekrar sekanslama (Resequencing) değerleri

No	Genotip Kodu	Ham Okuma Sayısı($\times 10^6$)	Ham Baz Sayısı(Gb)	Temiz Okuma Sayısı (10^7)	Temiz Baz Sayısı (Gb)	Temiz Okuma Oranı (%)	Genome sekanslama Yoğunluğu (X)
1	PLF901	118.50	17.77	116.34	17.45	98.18	29.1
2	PLF902	118.87	17.71	116.31	17.45	98.50	29.1
3	PLF903	121.56	18.23	119.65	17.95	98.43	29.9
4	PLF904	120.45	18.68	118.33	17.75	98.24	29.6
5	PLF905	118.69	17.80	116.75	17.51	98.37	29.2
6	PLF906	113.53	17.29	111.91	16.79	98.57	28.0
7	PLF907	111.81	16.77	110.00	16.50	98.38	27.5
8	PLF908	113.26	16.99	111.74	16.66	98.07	27.8
9	PLF909	115.83	17.37	113.74	17.60	98.19	29.3
10	PLF910	121.34	18.20	119.26	17.89	98.29	29.8
11	PLF911	116.24	17.44	114.73	17.21	98.70	28.7
12	PLF912	112.97	16.95	110.66	16.60	97.96	27.7
13	PLF913	122.49	18.37	119.62	17.94	97.66	29.9
14	PLF914	112.35	16.85	110.32	16.55	98.19	27.6
15	PLF915	120.58	18.87	118.64	17.80	98.39	29.7
16	PLM901	116.69	17.50	114.55	17.18	98.16	28.6
17	PLM902	112.76	16.91	111.70	16.65	98.44	27.8
18	PLM903	121.28	18.19	119.55	17.93	98.57	29.9
19	PLM904	122.56	18.38	119.98	18.00	97.90	30.0
20	PLM905	117.22	17.58	114.68	17.20	97.83	28.7
21	PLM906	117.63	17.56	114.71	17.21	97.99	28.7
22	PLM907	114.99	17.25	112.35	16.85	97.70	28.1
23	PLM908	112.69	16.90	110.53	16.58	98.09	27.6

24	PLM909	121.87	18.16	118.82	17.82	98.13	29.7
25	PLM910	113.43	17.15	112.10	16.80	98.74	28.0
26	PLM911	120.18	18.26	116.76	17.51	97.16	29.2
27	PLM912	116.24	17.44	114.20	17.13	98.25	28.6
28	PLM913	122.39	18.36	119.31	17.90	97.48	29.8
29	PLM914	111.14	16.67	108.75	16.31	97.86	27.2
30	PLM915	119.13	17.87	115.60	17.34	97.03	28.9

Ek-2 *Pistacia terebinthus* genotipinin tüm genom tekrar sekanslama (Resequencing) değerleri

No	Genotip Kodu	Ham Okuma Sayısı($\times 10^7$)	Ham Baz Sayısı(Gb)	Temiz Okuma Sayısı (10^7)	Temiz Baz Sayısı(Gb)	Temiz Okuma Oranı (%)	Genome sekanslama oranı (X)
1	PTF801	120.22	18.32	118.46	17.71	98.19	29.5
2	PTF802	108.91	16.34	106.80	16.19	98.06	27.0
3	PTF803	120.81	18.12	118.18	17.73	97.82	29.6
4	PTF804	118.85	17.83	115.82	17.37	97.45	29.0
5	PTF805	116.20	17.43	114.24	17.14	98.31	28.6
6	PTF806	114.94	17.24	113.43	16.96	98.35	28.3
7	PTF807	114.61	17.19	112.65	16.90	98.29	28.2
8	PTF808	117.43	17.61	115.60	17.34	98.45	28.9
9	PTF809	113.96	17.93	111.95	16.79	98.24	28.0
10	PTF810	119.43	17.91	117.22	17.58	98.15	29.3
11	PTF811	114.43	17.16	112.16	16.82	98.02	28.0
12	PTF812	115.38	17.31	112.21	16.83	97.25	28.1
13	PTF813	120.24	18.36	118.39	17.76	98.46	29.6
14	PTF814	113.95	17.93	112.14	16.82	98.41	28.0

15	PTF815	114.49	17.17	112.70	16.90	98.43	28.2
16	PTM816	118.73	17.81	115.94	17.39	97.65	29.0
17	PTM817	117.98	17.70	115.88	17.38	98.22	29.0
18	PTM818	117.34	17.56	115.21	17.28	98.44	28.8
19	PTM819	118.15	17.72	115.96	17.39	98.15	29.0
20	PTM820	121.33	18.20	118.90	17.83	97.99	29.7
21	PTM821	117.67	17.65	115.24	17.25	97.75	28.8
22	PTM822	120.27	18.39	118.19	17.73	98.27	29.6
23	PTM823	118.69	17.80	115.69	17.35	97.47	28.9
24	PTM824	118.11	17.72	116.13	17.42	98.32	29.0
25	PTM825	118.87	17.83	116.83	17.52	98.29	29.2
26	PTM826	109.59	16.44	107.61	16.14	98.19	26.9
27	PTM827	117.80	17.67	114.75	17.21	97.41	28.7
28	PTM828	119.87	17.98	117.35	17.60	97.89	29.3
29	PTM829	118.64	17.80	115.38	17.31	97.25	28.9
30	PTM830	118.22	17.73	115.55	17.33	97.75	28.9

Ek-3. *P. lentiscus* genotiplerinin Siirt referans genom haritalama değerleri

No	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
1	PLF901	17,450,921,100	16,184,021,668	92.74
2	PLF902	17,446,767,600	16,118,752,761	92.39
3	PLF903	17,947,666,500	16,383,796,722	91.29
4	PLF904	17,749,674,900	16,385,797,922	92.32
5	PLF905	17,512,536,300	16,158,711,927	92.27
6	PLF906	16,786,563,900	15,468,868,134	92.15

7	PLF907	16,499,764,500	15,097,203,799	91.50
8	PLF908	16,661,167,800	15,400,707,674	92.43
9	PLF909	17,060,736,300	15,783,653,495	92.51
10	PLF910	17,889,319,200	16,488,976,961	92.17
11	PLF911	17,208,845,100	15,916,490,749	92.49
12	PLF912	16,599,659,700	15,352,996,126	92.49
13	PLF913	17,943,030,600	16,569,742,571	92.35
14	PLF914	16,548,032,100	15,272,823,456	92.29
15	PLF915	17,796,359,400	16,441,905,788	92.39
16	PLM901	17,182,037,400	15,866,686,470	92.34
17	PLM902	16,651,125,000	15,347,162,071	92.17
18	PLM903	17,931,983,100	16,576,416,224	92.44
19	PLM904	17,997,149,700	16,623,853,629	92.37
20	PLM905	17,201,778,600	15,923,755,471	92.57
21	PLM906	17,207,014,500	15,881,654,375	92.30
22	PLM907	16,852,601,700	15,590,520,132	92.51
23	PLM908	16,580,123,400	15,315,059,314	92.37
24	PLM909	17,823,430,200	16,475,021,853	92.43
25	PLM910	16,801,503,900	15,506,424,253	92.29
26	PLM911	17,514,272,100	16,200,795,417	92.50
27	PLM912	17,130,580,200	15,657,139,223	91.40
28	PLM913	17,896,042,800	16,543,954,256	92.44
29	PLM914	16,312,948,800	15,072,595,487	92.40
30	PLM915	17,339,699,400	16,070,329,553	92.68

Ek-4 Siiirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* genotiplerine ait yapısal değişiklikler

No	Genotip Kodu	SNP sayısı	Kısa InDel Sayısı	SV Sayısı			
				Uzun silme	Translokasyon	Duplikasyon	İnversiyon
							Toplam

1	PLF901	11,128,578	1,400,101	31,659	11,883	5,974	3,720	6,810	60,046
2	PLF902	11,488,639	1,451,342	33,198	12,997	6,370	4,014	7,116	63,695
3	PLF903	11,404,739	1,448,547	32,728	12,369	6,212	4,111	7,023	62,443
4	PLF904	11,320,364	1,449,145	33,027	12,227	6,248	3,952	7,218	62,672
5	PLF905	11,267,156	1,436,769	32,984	12,382	6,226	3,895	7,108	62,595
6	PLF906	11,400,297	1,452,055	32,872	11,758	6,288	3,971	7,088	61,977
7	PLF907	11,096,049	1,405,056	31,215	10,900	5,825	3,740	6,642	58,322
8	PLF908	11,499,936	1,457,362	32,329	11,641	6,156	3,849	6,929	60,904
9	PLF909	11,301,931	1,434,762	31,575	10,324	5,895	3,731	6,747	58,272
10	PLF910	11,480,657	1,470,141	32,827	12,057	6,201	3,900	7,005	61,990
11	PLF911	11,147,609	1,408,628	32,201	12,766	6,226	3,899	6,782	61,874
12	PLF912	11,200,269	1,421,031	31,274	10,895	5,828	3,701	6,678	58,376
13	PLF913	11,377,194	1,447,054	32,023	11,431	6,003	3,878	6,927	60,262
14	PLF914	11,220,866	1,419,951	31,635	11,111	5,916	3,828	6,716	59,206
15	PLF915	11,416,448	1,451,399	32,685	11,945	6,126	4,097	6,817	61,670
16	PLM901	11,180,227	1,421,256	32,002	12,046	6,003	4,021	6,771	60,843
17	PLM902	11,278,042	1,440,158	32,446	12,046	6,211	3,891	6,912	61,506
18	PLM903	11,402,040	1,459,426	33,960	13,850	6,568	4,153	7,241	65,772
19	PLM904	11,585,434	1,461,755	32,868	13,302	6,453	3,933	7,021	63,577
20	PLM905	11,170,042	1,409,712	31,225	11,318	5,872	3,711	6,745	58,871
21	PLM906	11,237,706	1,392,988	31,228	12,320	5,982	3,856	6,761	60,147
22	PLM907	11,220,179	1,401,732	31,663	12,536	6,079	3,773	6,735	60,786
23	PLM908	11,096,043	1,417,217	31,343	11,005	5,938	3,686	6,561	58,533
24	PLM909	11,317,643	1,439,641	32,178	11,828	6,099	3,746	6,953	60,804
25	PLM910	11,337,634	1,465,694	32,766	11,932	6,093	3,986	6,963	61,740
26	PLM911	10,949,549	1,287,744	27,356	9,968	5,117	3,359	5,924	51,724
27	PLM912	11,275,741	1,436,470	31,387	11,228	5,944	3,826	6,746	59,131
28	PLM913	11,496,057	1,450,415	32,506	12,596	6,263	4,024	6,927	62,316
29	PLM914	11,318,344	1,437,844	32,177	12,388	6,197	3,890	6,825	61,477

30	PLM915	11,266,005	1,399,449	31,455	11,575	5,904	3,780	6,859	59,573
----	--------	------------	-----------	--------	--------	-------	-------	-------	--------

Ek-5 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

No	Genotip Kodu	Homozigot SNP sayısı	Homozigot SNP %	Heterozigot SNP sayısı	Heterozigot SNP %
1	PLF901	6,797,624	61.08	4,330,954	38.92
2	PLF902	6,903,113	60.09	4,585,526	39.91
3	PLF903	6,834,232	59.92	4,570,507	40.08
4	PLF904	6,862,474	60.62	4,457,890	39.38
5	PLF905	6,859,282	60.88	4,407,874	39.12
6	PLF906	6,511,375	57.12	4,888,922	42.88
7	PLF907	6,722,080	60.58	4,373,969	39.42
8	PLF908	6,678,563	58.07	4,821,373	41.93
9	PLF909	6,278,150	55.55	5,023,781	44.45
10	PLF910	6,703,403	58.39	4,777,254	41.61
11	PLF911	6,600,202	59.21	4,547,407	40.79
12	PLF912	6,557,088	58.54	4,643,181	41.46
13	PLF913	6,664,348	58.58	4,712,846	41.42
14	PLF914	6,627,020	59.06	4,593,846	40.94
15	PLF915	6,675,863	58.48	4,740,585	41.52
16	PLM901	6,816,938	60.97	4,363,289	39.03
17	PLM902	6,801,926	60.31	4,476,116	39.69
18	PLM903	6,893,251	60.46	4,508,789	39.54
19	PLM904	6,916,450	59.70	4,668,984	40.30
20	PLM905	6,765,298	60.57	4,404,744	39.43
21	PLM906	6,756,321	60.12	4,481,385	39.88
22	PLM907	6,762,688	60.27	4,457,491	39.73
23	PLM908	6,582,595	59.32	4,513,448	40.68
24	PLM909	6,629,266	58.57	4,688,377	41.43

25	PLM910	6,664,644	58.78	4,672,990	41.22
26	PLM911	6,369,806	58.17	4,579,743	41.83
27	PLM912	6,596,727	58.50	4,679,014	41.50
28	PLM913	6,644,180	57.80	4,851,877	42.20
29	PLM914	6,644,823	58.71	4,673,521	41.29
30	PLM915	6,616,045	58.73	4,649,960	41.27

Ek-6 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>
1	PLF901	564,875	238,093	115,065	85,670	50,543	45,013	39,299	34,757	26,965	22,917	176,904
2	PLF902	584,925	246,893	119,672	88,712	52,729	46,812	40,622	35,903	27,956	23,534	183,584
3	PLF903	582,860	246,305	119,209	88,961	52,960	46,695	40,508	35,912	28,024	23,625	183,488
4	PLF904	582,693	246,195	119,277	88,627	52,857	46,852	40,856	36,338	27,974	23,640	183,836
5	PLF905	578,340	243,693	118,143	87,782	52,434	46,492	40,354	35,942	27,930	23,453	182,206
6	PLF906	584,493	246,319	119,562	88,446	52,873	47,032	40,856	36,208	28,242	23,954	184,070
7	PLF907	566,738	238,325	115,358	85,680	51,228	45,344	39,468	35,064	27,058	22,883	177,910
8	PLF908	586,601	247,615	119,962	89,222	52,919	47,055	40,901	36,279	28,068	23,892	184,848
9	PLF909	578,452	242,351	117,658	87,207	52,232	46,697	40,646	36,176	27,998	23,676	181,669
10	PLF910	590,675	249,208	121,431	89,610	53,788	47,655	41,441	36,861	28,518	24,117	186,837
11	PLF911	566,553	238,727	115,766	86,024	51,104	45,265	39,729	35,254	27,504	23,111	179,591
12	PLF912	572,367	240,162	116,938	86,424	51,658	46,111	40,085	35,671	27,768	23,499	180,348
13	PLF913	582,546	245,327	119,383	87,882	52,658	46,533	40,680	36,173	28,112	23,747	184,013
14	PLF914	571,592	241,108	117,144	86,364	51,609	46,071	39,840	35,466	27,582	23,267	179,908
15	PLF915	583,325	246,374	120,075	88,432	52,578	46,979	40,764	36,238	28,310	23,857	184,467
16	PLM901	572,299	241,760	117,032	86,786	51,651	45,810	39,881	35,372	27,654	23,196	179,815
17	PLM902	579,592	244,309	118,278	87,858	52,346	46,700	40,738	35,815	27,859	23,538	183,125
18	PLM903	585,748	247,559	120,412	89,201	53,275	47,192	41,130	36,319	28,340	24,025	186,225

19	PLM904	588,558	249,234	120,293	89,649	52,904	47,009	40,983	36,349	28,036	23,811	184,929
20	PLM905	567,568	240,125	116,049	86,061	51,152	45,335	39,592	35,114	27,341	22,954	178,421
21	PLM906	563,027	237,748	114,577	84,973	50,267	44,551	38,784	34,335	26,760	22,674	175,292
22	PLM907	565,564	238,780	116,007	85,576	50,310	45,000	39,048	34,638	27,150	22,733	176,926
23	PLM908	569,710	239,875	116,498	86,500	51,542	46,083	40,111	35,548	27,575	23,310	180,465
24	PLM909	579,710	243,655	118,192	87,862	52,339	46,580	40,733	36,032	28,055	23,709	182,774
25	PLM910	587,946	246,921	120,498	89,543	53,897	47,782	41,710	36,965	28,791	24,327	187,314
26	PLM911	524,590	221,869	106,082	77,995	45,516	40,828	35,441	31,156	24,369	20,460	159,438
27	PLM912	576,819	243,351	118,583	87,637	52,232	46,667	40,627	35,851	27,980	23,626	183,097
28	PLM913	583,773	246,425	119,486	88,658	52,607	46,719	40,693	36,024	27,904	23,717	184,409
29	PLM914	577,771	243,498	118,493	87,802	52,280	46,633	40,683	35,873	27,956	23,834	183,021
30	PLM915	565,511	238,016	115,171	85,039	50,460	44,885	39,044	34,751	26,740	22,850	176,982

Ek-7 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* türünde dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik SNP, InDel ve SV sayısı

Genomu	Siirt	<i>P.lentiscus</i>			
		Dişi Spesifik Lokus sayısı	Erkek Spesifik Lokus sayısı	Ortak Lokus sayısı	
	GAT				
	SNP	670,790	537,372	3,569,133	
	InDel	88,295	61,084	393,489	
	SV	1,657	1,327	2,940	

Ek-8 *P. lentiscus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5; UTR3	Ekzonik	Splicing	ekzonik; splicing	upstream	downstream	upstream; downstream	intronik	İntergenic	ncRNA_ek zonic
1	PLF901	71,665	99,520	25	625,983	4,466	14	547,886	507,713	67,552	1,399,156	7,804,416	182

2	PLF902	72,768	100,943	30	633,209	4,519	17	564,201	521,742	69,264	1,417,671	8,104,093	182
3	PLF903	72,448	100,393	25	632,110	4,531	13	566,288	518,507	69,654	1,417,264	8,023,322	184
4	PLF904	71,758	100,648	33	629,500	4,477	13	566,111	518,301	69,275	1,411,513	7,948,545	190
5	PLF905	72,436	100,749	27	629,751	4,572	16	562,506	517,888	69,151	1,410,762	7,899,115	183
6	PLF906	74,854	104,840	33	650,893	4,617	16	574,162	528,682	71,711	1,456,166	7,934,111	212
7	PLF907	71,561	100,486	31	625,790	4,464	15	550,518	509,387	68,184	1,400,948	7,764,477	188
8	PLF908	73,894	102,140	32	646,529	4,632	14	570,198	524,359	69,859	1,441,574	8,066,516	189
9	PLF909	75,195	105,533	28	656,439	4,508	15	572,842	529,665	71,815	1,471,850	7,813,846	195
10	PLF910	74,138	102,903	41	639,974	4,556	15	576,086	527,345	71,694	1,436,434	8,047,278	193
11	PLF911	73,096	102,424	27	640,974	4,599	17	553,412	516,020	69,080	1,431,306	7,756,457	197
12	PLF912	73,117	102,138	38	638,421	4,573	14	558,917	516,191	69,071	1,426,905	7,810,686	198
13	PLF913	73,569	102,717	34	641,018	4,560	18	568,803	523,137	70,743	1,433,454	7,958,950	191
14	PLF914	73,134	102,017	36	638,286	4,587	15	559,309	518,765	69,540	1,424,745	7,830,247	185
15	PLF915	73,539	102,746	29	643,529	4,542	17	567,708	524,399	69,623	1,436,807	7,993,319	190
16	PLM901	71,694	99,626	28	622,285	4,434	15	556,906	511,895	68,354	1,399,448	7,845,356	186
17	PLM902	72,329	100,653	24	630,106	4,582	15	563,833	515,953	69,699	1,414,080	7,906,589	179
18	PLM903	72,915	101,030	24	633,169	4,519	14	568,950	521,764	69,461	1,422,247	8,007,734	213
19	PLM904	72,557	100,964	26	633,418	4,575	13	567,457	520,525	69,873	1,425,687	8,190,146	193
20	PLM905	71,754	99,969	24	626,163	4,508	14	550,891	509,026	68,577	1,403,061	7,835,865	190
21	PLM906	71,681	100,538	27	632,453	4,479	14	542,645	506,857	66,641	1,405,583	7,906,612	176
22	PLM907	71,661	100,308	27	630,816	4,499	13	544,458	506,970	68,039	1,405,838	7,887,353	197
23	PLM908	72,995	101,334	28	633,614	4,451	14	559,677	516,740	69,794	1,421,998	7,715,219	179
24	PLM909	73,467	101,601	31	638,824	4,534	15	563,058	521,212	70,167	1,429,584	7,914,952	198
25	PLM910	73,264	102,113	35	632,776	4,447	17	579,543	526,041	71,347	1,435,771	7,912,088	192

26	PLM911	70,822	99,953	34	633,500	4,451	18	490,272	477,265	62,104	1,377,230	7,733,714	186
27	PLM912	73,535	102,168	27	639,828	4,600	16	566,229	520,160	70,588	1,429,819	7,868,579	192
28	PLM913	74,269	103,480	29	645,032	4,658	20	565,587	524,501	69,983	1,445,460	8,062,825	213
29	PLM914	73,644	102,494	31	641,650	4,578	19	561,532	522,376	69,814	1,436,509	7,905,503	194
30	PLM915	72,816	102,270	25	639,673	4,509	14	545,840	510,410	68,281	1,420,420	7,901,538	209

Ek-9 P. lentiscus türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

o	Genotip Kodu	nonsynonymous SNP	synonymous SNP	stopgai n	stoplo ss	Bilinmeyen
	PLF901	355,823	262,293	6,949	891	27
	PLF902	360,398	264,774	7,131	879	27
	PLF903	359,667	264,497	7,058	861	27
	PLF904	358,109	263,411	7,061	892	27
	PLF905	358,279	263,435	7,082	928	27
	PLF906	369,230	273,542	7,191	898	32
	PLF907	355,350	262,556	6,974	883	27
	PLF908	367,940	270,418	7,214	929	28
	PLF909	371,576	276,766	7,143	926	28
0	PLF910	363,336	268,623	7,053	934	28
1	PLF911	364,108	268,856	7,070	912	28
2	PLF912	362,668	267,680	7,121	925	27
3	PLF913	364,189	268,754	7,116	931	28
4	PLF914	362,616	267,644	7,116	883	27

5	PLF915	366,063	269,328	7,175	935	28
6	PLM901	353,422	260,993	6,959	885	26
7	PLM902	358,107	264,013	7,059	900	27
8	PLM903	360,105	265,022	7,103	907	32
9	PLM904	360,212	265,011	7,282	886	27
0	PLM905	355,676	262,660	6,886	913	28
1	PLM906	359,431	264,995	7,108	892	27
2	PLM907	358,668	264,093	7,119	909	27
3	PLM908	359,199	266,566	6,899	922	28
4	PLM909	362,580	268,125	7,184	908	27
5	PLM910	358,234	266,706	6,920	888	28
6	PLM911	359,757	265,681	7,126	909	27
7	PLM912	363,058	268,731	7,088	923	28
8	PLM913	366,172	270,698	7,204	926	32
9	PLM914	364,531	269,028	7,138	926	27
0	PLM915	363,466	268,120	7,162	894	31

Ek-10 P. lentiscus türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5; UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik; splicing	upstream	Down stream	upstream; downstream	intronic	intergenic	ncRNA ekzonik	diğer
1	PLF901	17,594	21,613	1	29,481	969	1	122,971	107,600	17,143	236,785	845,902	0	1
2	PLF902	18,008	21,911	2	29,952	955	1	127,120	110,698	17,605	241,495	883,554	0	1
3	PLF903	17,951	22,050	9	29,638	961	1	128,611	110,779	17,862	241,245	879,409	0	1
4	PLF904	17,961	22,147	2	29,824	956	1	129,357	111,262	17,711	241,406	878,473	4	1
5	PLF905	17,959	22,008	2	29,730	967	1	127,858	110,802	17,660	241,023	868,718	0	1
6	PLF906	18,420	22,733	2	29,997	1,006	1	129,919	113,057	18,433	247,096	871,343	7	1
7	PLF907	17,586	21,930	3	29,229	954	1	123,884	108,610	17,179	238,382	847,253	4	1
8	PLF908	18,214	22,405	2	30,383	1,019	1	128,935	112,405	17,891	246,712	879,345	9	1
9	PLF909	18,528	23,111	9	30,060	1,002	1	129,148	112,761	18,287	247,962	853,856	6	1
10	PLF910	18,408	22,603	5	29,978	954	1	131,574	113,637	18,362	246,297	888,274	7	1
11	PLF911	17,978	22,461	5	29,911	986	1	124,041	110,279	17,463	242,959	842,498	5	1
12	PLF912	18,031	22,496	5	29,800	978	1	125,999	110,207	17,630	243,652	852,187	4	1
13	PLF913	18,221	22,495	3	30,231	991	1	129,271	112,070	18,185	244,726	870,814	5	1
14	PLF914	17,999	22,412	2	29,717	974	2	125,557	110,836	17,644	242,150	852,617	0	1
15	PLF915	18,340	22,703	9	30,508	967	0	128,459	112,127	17,869	245,971	874,409	6	1
16	PLM901	17,679	21,835	1	29,067	961	2	126,253	109,058	17,445	238,219	860,692	3	1
17	PLM902	17,992	21,958	8	29,462	976	1	128,656	110,465	17,808	241,235	871,566	0	1
18	PLM903	18,092	21,978	8	29,722	961	2	129,854	112,470	18,028	243,029	885,244	7	1
19	PLM904	17,895	22,091	1	29,558	973	1	128,545	110,787	17,690	242,897	891,271	5	1
20	PLM905	17,834	21,868	0	29,467	968	1	124,126	108,616	17,438	238,319	851,028	6	1
21	PLM906	17,606	21,822	2	29,960	949	0	120,093	106,940	16,704	237,390	841,480	1	1
22	PLM907	17,625	21,864	1	29,619	959	2	121,964	107,147	17,041	237,768	847,697	4	1
23	PLM908	18,015	22,379	9	29,428	978	1	127,383	110,645	17,981	242,274	848,092	1	1
24	PLM909	18,292	22,469	0	29,952	969	1	127,798	112,184	17,824	244,367	865,738	6	1
25	PLM910	18,387	22,724	2	29,320	986	1	133,607	114,046	18,508	246,266	881,802	4	1
26	PLM911	17,155	21,731	2	29,435	957	1	104,418	97,979	15,011	227,919	773,094	1	1
27	PLM912	18,189	22,522	3	30,020	984	1	128,703	111,750	18,103	244,011	862,138	5	1

28	PLM913	18,391	22,553	1	30,279	998	1	127,782	111,784	17,935	246,714	873,929	7	1
29	PLM914	18,364	22,526	1	30,067	1,009	1	127,436	112,284	17,687	245,404	863,020	4	1
30	PLM915	17,855	22,282	0	29,932	963	2	121,804	107,751	17,279	240,655	840,879	6	1

Ek-11 *P. lentiscus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PLF901	10,688	8,711	4,979	4,046	978	78	1
2	PLF902	10,890	8,862	5,069	4,067	969	94	1
3	PLF903	10,793	8,739	4,966	4,061	999	79	1
4	PLF904	10,743	8,849	5,007	4,124	1,013	87	1
5	PLF905	10,826	8,770	5,011	4,040	998	84	1
6	PLF906	10,908	8,756	5,112	4,161	977	82	1
7	PLF907	10,564	8,708	4,892	4,032	954	78	1
8	PLF908	11,038	8,922	5,193	4,132	1,012	84	2
9	PLF909	10,877	8,754	5,195	4,192	951	90	1
10	PLF910	10,932	8,764	5,058	4,171	968	84	1
11	PLF911	10,819	8,841	5,024	4,173	973	80	1
12	PLF912	10,817	8,729	5,049	4,130	992	82	1
13	PLF913	11,006	8,882	5,098	4,157	1,009	78	1
14	PLF914	10,912	8,660	4,988	4,092	979	85	1
15	PLF915	11,025	8,981	5,142	4,248	1,022	89	1
16	PLM901	10,510	8,606	4,895	3,974	997	84	1
17	PLM902	10,684	8,719	4,917	4,089	965	87	1
18	PLM903	10,768	8,780	5,011	4,062	1,015	85	1
19	PLM904	10,763	8,710	4,990	4,042	969	83	1
20	PLM905	10,793	8,679	4,920	4,018	977	78	2
21	PLM906	10,911	8,912	5,003	4,079	973	81	1
22	PLM907	10,775	8,703	4,974	4,089	989	88	1

23	PLM908	10,680	8,636	4,972	4,118	942	79	1
24	PLM909	10,909	8,845	5,015	4,102	1,004	76	1
25	PLM910	10,602	8,621	4,936	4,120	957	83	1
26	PLM911	10,681	8,701	4,893	4,121	960	78	1
27	PLM912	10,926	8,736	5,091	4,171	1,009	86	1
28	PLM913	11,028	8,902	5,085	4,166	1,022	75	1
29	PLM914	10,965	8,785	5,075	4,198	967	76	1
30	PLM915	10,910	8,863	4,952	4,128	991	87	1

Ek-12 *P. terebinthus* genotiplerinin Siirt referans genomu Linux ortamında haritalama değerleri

No	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
1	PtF801	17,706,921,900	16,741,200,907	94.55
2	PtF802	16,019,738,400	15,097,137,626	94.24
3	PtF803	17,726,549,100	16,732,810,943	94.39
4	PtF804	17,372,798,100	16,436,997,926	94.61
5	PtF805	17,135,762,700	16,198,186,005	94.53
6	PtF806	16,956,562,500	16,050,097,942	94.65
7	PtF807	16,897,950,600	15,966,866,169	94.49
8	PtF808	17,340,215,400	16,372,377,000	94.42
9	PtF809	16,792,814,100	15,877,440,369	94.55
10	PtF810	17,582,552,700	16,598,448,868	94.40
11	PtF811	16,824,666,000	15,857,236,831	94.25
12	PtF812	16,831,544,700	15,919,335,287	94.58
13	PtF813	17,759,239,200	16,829,507,176	94.76
14	PtF814	16,820,976,600	15,911,216,876	94.59

15	PtF815	16,904,592,600	15,971,377,594	94.48
16	PtM816	17,391,173,400	16,435,476,208	94.50
17	PtM817	17,382,397,800	16,462,694,035	94.71
18	PtM818	17,281,354,200	16,282,503,783	94.22
19	PtM819	17,394,685,500	16,464,184,649	94.65
20	PtM820	17,834,695,200	16,814,925,228	94.28
21	PtM821	17,253,616,500	16,225,127,833	94.04
22	PtM822	17,728,552,200	16,771,514,961	94.60
23	PtM823	17,353,658,700	16,401,580,040	94.51
24	PtM824	17,419,011,000	16,464,686,423	94.52
25	PtM825	17,524,985,700	16,529,698,534	94.32
26	PtM826	16,141,696,500	15,293,877,011	94.75
27	PtM827	17,211,835,800	16,428,524,956	95.45
28	PtM828	17,602,161,000	16,633,366,371	94.50
29	PtM829	17,306,860,200	16,402,195,679	94.77
30	PtM830	17,332,964,400	16,349,235,709	94.32

Ek-13. Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. terebinthus* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>
1	PtF801	554,612	210,400	101,495	76,208	46,497	42,379	35,785	31,576	24,563	21,156	167,188
2	PtF802	539,340	204,093	98,429	73,549	44,624	40,765	34,930	30,777	24,022	20,418	162,005
3	PtF803	543,402	206,316	99,033	74,268	45,185	40,847	34,902	30,916	24,287	20,711	162,770
4	PtF804	539,734	205,214	98,983	73,852	44,837	41,066	34,972	30,888	24,046	20,587	163,216

5	PtF805	535,995	203,679	97,877	73,287	44,300	40,591	34,596	30,747	23,862	20,371	161,162
6	PtF806	533,456	201,954	97,759	72,778	44,251	40,486	34,646	30,357	23,666	20,441	160,672
7	PtF807	537,950	204,026	98,522	73,376	44,672	40,680	34,504	30,778	23,751	20,431	161,812
8	PtF808	539,889	205,538	98,972	74,335	44,989	40,875	34,916	31,105	24,063	20,783	162,891
9	PtF809	541,890	205,435	99,049	74,174	44,738	40,867	34,791	31,003	24,113	20,511	163,336
10	PtF810	548,049	209,297	100,603	75,749	45,992	41,609	35,552	31,404	24,419	20,976	165,511
11	PtF811	542,016	205,231	99,127	73,799	44,257	41,108	34,825	30,958	24,043	20,631	161,353
12	PtF812	530,331	201,077	96,494	71,823	43,664	39,711	34,060	30,205	23,319	20,121	158,131
13	PtF813	545,800	206,989	100,264	74,891	45,310	41,257	35,125	31,146	24,118	21,014	164,578
	PtF814	530,979	200,329	96,484	72,816	43,998	40,157	34,188	30,328	23,577	20,269	159,370
	PtF815	531,472	200,266	96,736	72,296	44,339	40,411	34,434	30,345	23,790	20,206	160,676
	PtM816	540,039	204,843	98,774	73,588	44,510	40,685	34,789	31,048	23,741	20,693	162,264
	PtM817	542,608	206,448	99,492	74,160	44,858	41,066	34,982	30,849	23,962	20,668	162,728
	PtM818	541,775	205,351	98,450	74,185	44,995	41,071	34,839	30,814	24,008	20,534	163,455
	PtM819	537,527	204,199	98,521	73,680	44,662	40,758	34,873	30,839	23,969	20,535	161,755
	PtM820	547,452	208,433	100,205	74,758	45,307	41,353	35,156	31,062	24,058	20,923	164,690
	PtM821	531,289	200,435	96,007	71,826	43,783	39,723	33,740	29,900	23,253	20,005	157,291
	PtM822	534,958	203,456	97,760	73,157	44,265	40,677	34,261	30,499	23,517	20,428	161,268
	PtM823	534,559	202,219	97,719	72,913	44,214	40,703	34,848	30,444	23,881	20,563	161,225
	PtM824	538,628	204,935	98,595	74,018	44,666	40,657	34,643	30,694	23,956	20,553	161,557
	PtM825	549,569	209,261	100,303	75,450	45,463	41,376	35,493	31,473	24,348	21,033	165,423
	PtM826	536,152	202,320	97,694	73,233	44,358	40,413	34,710	30,656	23,552	20,556	160,973
	PtM827	630,039	218,207	105,810	78,835	48,810	45,977	38,706	34,205	26,412	22,953	181,921
	PtM828	550,354	210,166	100,886	75,101	45,453	41,569	35,139	31,164	24,416	21,000	165,017
	PtM829	528,889	199,809	95,979	71,652	43,191	39,516	33,635	29,615	22,973	19,904	156,323
	PtM830	533,190	201,504	96,571	72,436	43,618	40,228	34,034	30,025	23,630	20,295	158,734

11	PtF811	11,048,181	1,277,348	32,506	8,441	5,250	3,407	6,832	56,436
12	PtF812	10,869,718	1,248,936	30,857	7,481	4,896	3,376	6,464	53,074
13	PtF813	11,108,371	1,290,492	33,176	9,306	5,429	3,750	6,947	58,608
14	PtF814	10,914,369	1,252,495	31,683	8,223	5,114	3,308	6,625	54,953
15	PtF815	10,831,717	1,254,971	32,440	8,441	5,327	3,492	6,846	56,546
16	PtM816	11,061,754	1,274,974	32,017	8,172	5,221	3,777	6,720	55,907
17	PtM817	11,113,561	1,281,821	31,974	8,003	5,081	3,379	6,741	55,178
18	PtM818	11,053,169	1,279,477	33,195	8,665	5,432	3,451	7,044	57,787
19	PtM819	10,936,529	1,271,318	32,015	8,141	5,143	3,543	6,719	55,561
20	PtM820	11,267,758	1,293,397	33,007	9,165	5,321	3,650	6,863	58,006
21	PtM821	11,014,516	1,247,252	31,194	8,210	4,866	3,522	6,431	54,223
22	PtM822	10,986,060	1,264,246	32,218	8,647	5,248	3,611	6,817	56,541
23	PtM823	10,921,253	1,263,288	32,105	8,519	5,244	3,634	6,668	56,170
24	PtM824	11,000,686	1,272,902	32,109	8,635	5,193	3,596	6,782	56,315
25	PtM825	11,179,244	1,299,192	33,716	9,590	5,534	3,705	7,049	59,594
26	PtM826	10,853,953	1,264,617	31,961	8,146	5,140	3,565	6,677	55,489
27	PtM827	13,105,667	1,431,875	33,524	5,160	4,562	3,220	6,460	52,926
28	PtM828	11,264,013	1,300,265	33,248	9,326	5,438	3,669	6,914	58,595
29	PtM829	10,970,302	1,241,486	30,773	7,839	4,921	3,577	6,325	53,435
30	PtM830	11,033,305	1,254,265	31,551	8,360	5,095	3,266	6,532	54,804

EK-16 *P. terebinthus* genotiplerinin Bağıyolu referans genomuna Linux ortamında haritalama değerleri

o	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
	PtF801	17,706,921,900	16,692,999,934	94.27
	PtF802	16,019,738,400	15,065,419,794	94.04
	PtF803	17,726,549,100	16,690,615,640	94.16
	PtF804	17,372,798,100	16,393,855,386	94.37
	PtF805	17,135,762,700	16,158,237,027	94.30
	PtF806	16,956,562,500	16,009,403,689	94.41
	PtF807	16,897,950,600	15,926,749,545	94.25
	PtF808	17,340,215,400	16,336,277,667	94.21
	PtF809	16,792,814,100	15,834,868,243	94.30
0	PtF810	17,582,552,700	16,552,041,395	94.14
1	PtF811	16,824,666,000	15,803,575,816	93.93
2	PtF812	16,831,544,700	15,880,032,813	94.35
3	PtF813	17,759,239,200	16,786,183,424	94.52
4	PtF814	16,820,976,600	15,868,229,883	94.34
5	PtF815	16,904,592,600	15,931,125,732	94.24
6	PtM816	17,391,173,400	16,394,708,062	94.27
7	PtM817	17,382,397,800	16,420,251,350	94.46
8	PtM818	17,281,354,200	16,243,541,619	93.99
9	PtM819	17,394,685,500	16,421,268,178	94.40
0	PtM820	17,834,695,200	16,763,206,641	93.99

1	PtM821	17,253,616,500	16,177,637,328	93.76
2	PtM822	17,728,552,200	16,727,023,029	94.35
3	PtM823	17,353,658,700	16,355,661,063	94.25
4	PtM824	17,419,011,000	16,424,689,063	94.29
5	PtM825	17,524,985,700	16,486,351,953	94.07
6	PtM826	16,141,696,500	15,254,707,277	94.50
7	PtM827	17,211,835,800	16,424,368,240	95.42
8	PtM828	17,602,161,000	16,597,073,410	94.29
9	PtM829	17,306,860,200	16,357,939,514	94.52
0	PtM830	17,332,964,400	16,304,957,851	94.07

Ek-17. Bağıyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. terebinthus* türünde dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik SNP, InDel ve SV sayısı

Bagyolu Genom	<i>P. terebinthus</i>		
GATK	Dişi Spesifik Lokus sayısı	Erkek Spesifik Lokus sayısı	Ortak Lokus sayısı
SNP	1,061,409	382,059	2,542,723
InDel	120,271	41,023	251,072
SV	1,667	750	1,489

EK-18. Bağıyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. terebinthus* genotiplerine ait SNP, kısa InDel ve SV sayısı

No	Genotip Kodu	SNP sayısı	Kısa InDel Sayısı	SV Sayısı					Toplam
				Uzun silme	Translokasyon	Duplikasyon	İnversiyon	Uzun ekleme	
1	PtF801	11,325,632	1,352,375	30,538	7,367	6,547	5,647	7,004	57,103
2	PtF802	10,933,959	1,307,324	29,038	6,531	6,083	5,205	6,524	53,381
3	PtF803	11,082,443	1,317,190	28,979	6,957	6,217	5,533	6,712	54,398
4	PtF804	11,016,936	1,312,506	29,139	6,691	6,159	5,352	6,745	54,086
5	PtF805	10,944,833	1,298,285	28,726	6,806	6,150	5,290	6,558	53,530
6	PtF806	10,918,689	1,294,146	29,002	6,798	6,209	5,386	6,754	54,149
7	PtF807	10,974,705	1,306,553	29,381	6,947	6,331	5,440	6,776	54,875
8	PtF808	11,037,795	1,314,981	29,572	7,247	6,326	5,749	6,622	55,516
9	PtF809	11,083,829	1,315,839	29,507	7,269	6,291	5,596	6,731	55,394
10	PtF810	11,163,852	1,340,103	30,265	7,503	6,630	5,688	6,821	56,907
11	PtF811	11,033,867	1,310,685	29,179	6,974	6,167	5,394	6,557	54,271
12	PtF812	10,844,488	1,276,642	27,350	6,136	5,773	5,027	6,317	50,603
13	PtF813	11,149,644	1,330,967	29,946	7,528	6,551	5,688	6,845	56,558
14	PtF814	10,891,913	1,283,946	28,309	6,869	6,126	5,084	6,396	52,784
15	PtF815	10,818,607	1,289,094	29,299	7,022	6,321	5,448	6,627	54,717
16	PtM816	11,092,434	1,310,359	28,755	6,829	6,211	5,537	6,490	53,822
17	PtM817	11,100,686	1,313,661	28,671	6,645	6,000	5,160	6,580	53,056
18	PtM818	11,052,250	1,313,118	30,176	7,323	6,341	5,441	6,857	56,138
19	PtM819	10,914,803	1,301,158	28,791	6,749	6,180	5,365	6,568	53,653
20	PtM820	11,271,016	1,329,974	29,835	7,613	6,471	5,648	6,615	56,182
21	PtM821	10,981,087	1,275,552	27,837	6,942	5,699	5,185	6,282	51,945
22	PtM822	11,004,150	1,297,846	28,967	7,178	6,219	5,471	6,754	54,589
23	PtM823	10,915,296	1,295,685	28,882	7,041	6,185	5,394	6,614	54,116
24	PtM824	10,998,301	1,304,190	28,666	7,119	6,293	5,507	6,612	54,197
25	PtM825	11,190,293	1,334,962	30,296	7,887	6,509	5,889	6,891	57,472

26	PtM826	10,847,557	1,294,868	28,496	6,673	6,063	5,392	6,468	53,092
27	PtM827	12,115,039	1,396,113	28,434	4,318	5,661	4,940	5,935	49,288
28	PtM828	11,265,298	1,337,240	29,902	7,758	6,493	5,561	6,794	56,508
29	PtM829	10,938,616	1,267,763	27,250	6,442	5,698	5,155	6,070	50,615
30	PtM830	11,006,205	1,286,694	28,267	6,910	5,961	5,095	6,351	52,584

EK-19. *P. lentiscus* genotiplerinin Bağyolu referans genomu Linux ortamında haritalama değerleri

No	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı1	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
1	PLF901	17,450,921,100	16,152,605,712	92.56
2	PLF902	17,446,767,600	16,080,788,962	92.17
3	PLF903	17,947,666,500	16,354,563,658	91.12
4	PLF904	17,749,674,900	16,356,214,737	92.15
5	PLF905	17,512,536,300	16,119,938,055	92.05
6	PLF906	16,786,563,900	15,436,272,171	91.96
7	PLF907	16,499,764,500	15,067,164,846	91.32
8	PLF908	16,661,167,800	15,373,737,776	92.27
9	PLF909	17,060,736,300	15,756,693,661	92.36
10	PLF910	17,889,319,200	16,463,221,082	92.03
11	PLF911	17,208,845,100	15,879,784,224	92.28
12	PLF912	16,599,659,700	15,320,048,664	92.29
13	PLF913	17,943,030,600	16,536,066,343	92.16
14	PLF914	16,548,032,100	15,243,719,543	92.12
15	PLF915	17,796,359,400	16,410,173,904	92.21
16	PLM901	17,182,037,400	15,834,135,446	92.16
17	PLM902	16,651,125,000	15,310,407,197	91.95
18	PLM903	17,931,983,100	16,543,818,749	92.26
19	PLM904	17,997,149,700	16,587,695,494	92.17
20	PLM905	17,201,778,600	15,893,120,849	92.39

21	PLM906	17,207,014,500	15,852,221,127	92.13
22	PLM907	16,852,601,700	15,551,560,846	92.28
23	PLM908	16,580,123,400	15,287,285,025	92.20
24	PLM909	17,823,430,200	16,447,346,061	92.28
25	PLM910	16,801,503,900	15,476,768,430	92.12
26	PLM911	17,514,272,100	16,178,328,708	92.37
27	PLM912	17,130,580,200	15,632,483,563	91.25
28	PLM913	17,896,042,800	16,511,767,534	92.26
29	PLM914	16,312,948,800	15,039,745,036	92.20
30	PLM915	17,339,699,400	16,038,416,858	92.50

EK-20. Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* genotiplerine ait yapısal değişiklikler

No	Genotip Kodu	SNP sayısı	Kısa InDel Sayısı	SV Sayısı					
				Uzun silme	Translokasyon	Duplikasyon	İnversiyon	Uzun ekleme	Toplam
1	PLF901	11,220,027	1,430,716	27,965	9,832	6,350	5,180	6,595	55,922
2	PLF902	11,585,278	1,484,647	29,274	10,844	6,682	5,535	6,993	59,328
3	PLF903	11,496,642	1,479,785	28,815	10,171	6,476	5,537	6,844	57,843
4	PLF904	11,420,969	1,483,611	29,026	10,157	6,507	5,566	7,036	58,292
5	PLF905	11,360,927	1,469,206	29,019	10,029	6,592	5,455	6,836	57,931
6	PLF906	11,455,486	1,476,947	28,938	9,576	6,436	5,382	6,864	57,196
7	PLF907	11,142,951	1,429,686	27,330	9,036	6,007	5,127	6,500	54,000
8	PLF908	11,596,725	1,488,403	28,186	9,630	6,367	5,327	6,789	56,299
9	PLF909	11,314,815	1,451,168	27,459	8,526	6,021	5,039	6,556	53,601
10	PLF910	11,575,463	1,500,532	28,858	9,951	6,600	5,379	6,811	57,599
11	PLF911	11,228,860	1,436,988	28,128	10,461	6,434	5,448	6,597	57,068
12	PLF912	11,241,058	1,443,145	27,356	8,921	6,026	5,096	6,419	53,818
13	PLF913	11,460,848	1,476,794	28,274	9,315	6,321	5,282	6,785	55,977

14	PLF914	11,301,398	1,450,157	27,698	9,132	6,168	5,324	6,491	54,813
15	PLF915	11,510,514	1,481,772	28,686	9,816	6,573	5,495	6,787	57,357
16	PLM901	11,270,360	1,450,447	27,827	9,864	6,329	5,422	6,670	56,112
17	PLM902	11,355,183	1,471,729	28,698	9,844	6,475	5,550	6,645	57,212
18	PLM903	11,520,235	1,494,449	29,976	11,243	6,871	5,809	7,118	61,017
19	PLM904	11,696,151	1,495,784	29,022	10,870	6,596	5,546	6,956	58,990
20	PLM905	11,243,358	1,437,575	27,446	9,225	6,079	5,118	6,544	54,412
21	PLM906	11,314,171	1,420,783	27,406	10,062	6,216	5,266	6,486	55,436
22	PLM907	11,284,037	1,428,232	27,830	10,271	6,298	5,218	6,501	56,118
23	PLM908	11,147,114	1,441,721	27,367	9,115	6,146	5,131	6,345	54,104
24	PLM909	11,370,306	1,466,533	28,292	9,659	6,318	5,274	6,682	56,225
25	PLM910	11,402,275	1,495,353	28,662	9,789	6,467	5,492	6,769	57,179
26	PLM911	10,955,361	1,304,868	23,846	8,165	4,992	4,419	5,690	47,112
27	PLM912	11,339,225	1,461,334	27,370	9,400	6,096	5,164	6,563	54,593
28	PLM913	11,611,127	1,482,679	28,669	10,269	6,570	5,639	6,745	57,892
29	PLM914	11,393,278	1,465,126	28,477	9,991	6,402	5,493	6,598	56,961
30	PLM915	11,342,721	1,427,139	27,633	9,405	6,204	5,230	6,601	55,073

EK-214. Bağıyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

No	Genotip Kodu	Homozigot Genom	Homozigot Genom %	Heterozigot Genom	Heterozigot Genom %
1	PLF901	6,938,468	61.84	4,281,559	38.16
2	PLF902	7,058,814	60.93	4,526,464	39.07
3	PLF903	6,995,042	60.84	4,501,600	39.16
4	PLF904	7,011,458	61.39	4,409,511	38.61
5	PLF905	7,012,020	61.72	4,348,907	38.28
6	PLF906	6,653,141	58.08	4,802,345	41.92
7	PLF907	6,839,133	61.38	4,303,818	38.62

8	PLF908	6,821,744	58.82	4,774,981	41.18
9	PLF909	6,385,853	56.44	4,928,962	43.56
10	PLF910	6,854,256	59.21	4,721,207	40.79
11	PLF911	6,742,385	60.05	4,486,475	39.95
12	PLF912	6,666,755	59.31	4,574,303	40.69
13	PLF913	6,810,298	59.42	4,650,550	40.58
14	PLF914	6,757,246	59.79	4,544,152	40.21
15	PLF915	6,822,059	59.27	4,688,455	40.73
16	PLM901	6,961,433	61.77	4,308,927	38.23
17	PLM902	6,940,490	61.12	4,414,693	38.88
18	PLM903	7,069,705	61.37	4,450,530	38.63
19	PLM904	7,083,968	60.57	4,612,183	39.43
20	PLM905	6,902,074	61.39	4,341,284	38.61
21	PLM906	6,898,316	60.97	4,415,855	39.03
22	PLM907	6,896,238	61.11	4,387,799	38.89
23	PLM908	6,699,938	60.1	4,447,176	39.9
24	PLM909	6,752,026	59.38	4,618,280	40.62
25	PLM910	6,795,343	59.6	4,606,932	40.4
26	PLM911	6,460,084	58.97	4,495,277	41.03
27	PLM912	6,723,781	59.3	4,615,444	40.7
28	PLM913	6,793,351	58.51	4,817,776	41.49
29	PLM914	6,775,306	59.47	4,617,972	40.53
30	PLM915	6,751,503	59.52	4,591,218	40.48

EK-22. Bağolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>
1	PLF901	593,989	241,890	116,869	86,052	50,646	44,832	39,391	34,503	27,331	22,697	172,516
2	PLF902	615,912	251,411	121,226	89,474	52,647	46,676	40,770	35,673	28,135	23,582	179,141
3	PLF903	612,962	250,285	120,686	89,121	52,934	46,548	40,584	35,896	28,010	23,568	179,191
4	PLF904	614,495	250,480	120,735	89,362	52,695	47,003	40,939	35,936	28,185	23,652	180,129
5	PLF905	607,629	248,249	120,246	88,394	52,324	46,482	40,499	35,654	28,075	23,437	178,217
6	PLF906	612,125	248,669	120,672	88,656	52,688	46,802	40,757	35,948	28,233	23,580	178,817
7	PLF907	593,684	240,891	116,874	85,970	50,709	44,981	39,350	34,709	27,252	22,641	172,625
8	PLF908	617,221	251,355	121,438	89,595	52,947	46,906	40,846	35,991	28,047	23,750	180,307
9	PLF909	602,660	243,727	117,836	86,716	51,637	46,081	40,379	35,503	27,665	23,315	175,649
10	PLF910	620,417	253,394	122,424	90,446	53,616	47,483	41,607	36,534	28,436	23,935	182,240
11	PLF911	595,069	242,300	117,335	85,961	50,733	45,277	39,693	34,829	27,518	22,880	175,393
12	PLF912	598,215	242,979	117,581	86,338	51,262	45,458	39,705	35,173	27,660	23,118	175,656
13	PLF913	611,105	249,487	120,610	88,795	52,424	46,540	40,609	35,945	27,940	23,592	179,747
14	PLF914	600,991	244,894	118,327	87,083	51,422	45,887	39,899	34,955	27,705	23,140	175,854
15	PLF915	613,083	250,259	121,234	89,197	52,667	47,006	40,650	35,760	28,178	23,660	180,078
16	PLM901	601,645	245,148	118,422	87,170	51,698	45,529	39,888	35,079	27,711	22,980	175,177
17	PLM902	609,024	248,011	120,196	88,694	52,304	46,616	40,726	35,850	28,161	23,467	178,680
18	PLM903	617,626	252,277	121,652	90,250	53,383	47,125	41,319	36,133	28,647	23,882	182,155
19	PLM904	620,185	253,381	122,363	90,058	53,096	47,326	40,993	35,910	28,192	23,663	180,617
20	PLM905	595,947	243,230	117,720	86,549	51,266	45,189	39,465	34,606	27,300	22,811	173,492
21	PLM906	591,301	240,640	115,999	85,909	50,014	44,297	38,795	33,961	26,912	22,454	170,501

22	PLM907	593,424	241,938	116,839	85,901	50,356	44,682	39,092	34,199	27,027	22,633	172,141
23	PLM908	596,703	242,347	117,578	86,629	51,213	45,897	40,006	35,105	27,663	23,133	175,447
24	PLM909	606,834	246,833	119,759	88,298	52,468	46,469	40,607	35,630	27,832	23,534	178,269
25	PLM910	616,680	250,961	122,022	90,061	53,646	47,736	41,625	36,554	28,771	24,307	182,990
26	PLM911	547,984	222,982	106,885	77,860	45,230	40,472	34,826	30,483	24,102	20,132	153,912
27	PLM912	604,848	246,649	119,266	87,490	52,001	46,154	40,464	35,441	28,036	23,481	177,504
28	PLM913	614,087	250,065	121,349	89,083	52,777	46,653	40,694	35,764	28,333	23,634	180,240
29	PLM914	606,938	246,202	119,813	88,387	52,097	46,244	40,531	35,381	27,852	23,453	178,228
30	PLM915	594,346	241,692	116,087	85,562	50,003	44,636	39,073	34,143	26,714	22,572	172,311

Ek-23. Bağıyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. lentiscus* türünde dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik SNP, InDel ve SV sayısı

Bağıyolu Genom	<i>P. lentiscus</i>		
	Dişi Spesifik Lokus sayısı	Erkek Spesifik Lokus sayısı	Ortak Lokus sayısı
GATK			
SNP	690,616	556,120	3,361,543
InDel	89,989	63,511	374,857
SV	1,316	1,011	2,282

Ek-24. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	Ekzonik	splicing	exonic; splicing	upstream	downstream	upstream; downstream	intrinsic	intergenic
1	PLF901	1,624	1,798	803,011	3,462	53	727,332	711,501	86,927	1,623,708	7,260,611
2	PLF902	1,800	1,787	816,610	3,530	48	750,719	728,772	88,397	1,655,631	7,537,984
3	PLF903	1,761	1,931	810,668	3,579	48	747,001	724,260	88,815	1,660,480	7,458,099
4	PLF904	1,666	1,882	805,627	3,532	51	748,488	724,333	88,008	1,651,027	7,396,355
5	PLF905	1,698	1,891	806,933	3,443	42	744,391	722,336	88,572	1,645,197	7,346,424
6	PLF906	1,721	1,858	827,019	3,514	45	757,564	736,339	91,000	1,687,349	7,349,077
7	PLF907	1,729	1,846	798,957	3,414	42	728,355	710,151	86,664	1,623,886	7,187,907
8	PLF908	1,668	1,774	823,086	3,516	49	755,287	735,790	90,310	1,679,491	7,505,754
9	PLF909	1,752	1,876	827,888	3,469	48	750,653	736,451	90,914	1,685,443	7,216,321
10	PLF910	1,755	1,755	819,293	3,492	51	759,117	737,573	90,587	1,675,238	7,486,602
11	PLF911	1,727	1,753	819,133	3,465	53	732,772	721,380	88,318	1,656,271	7,203,988
12	PLF912	1,643	1,763	812,512	3,489	42	737,275	718,489	88,201	1,653,867	7,223,777
13	PLF913	1,780	1,840	818,415	3,515	47	749,772	733,249	90,186	1,666,802	7,395,242
14	PLF914	1,648	1,831	814,056	3,517	46	742,064	721,284	88,281	1,651,181	7,277,490
15	PLF915	1,694	1,708	823,233	3,502	49	751,567	734,792	89,578	1,673,939	7,430,452
16	PLM901	1,647	1,811	799,117	3,486	51	737,853	715,254	87,142	1,632,208	7,291,791
17	PLM902	1,662	1,815	806,417	3,469	49	745,322	720,995	88,002	1,646,406	7,341,046
18	PLM903	1,624	1,871	811,543	3,497	54	753,025	729,787	88,496	1,664,977	7,465,361
19	PLM904	1,709	1,815	814,470	3,588	48	755,291	731,455	88,801	1,671,393	7,627,581
20	PLM905	1,630	1,813	801,142	3,451	52	732,129	711,336	86,975	1,631,431	7,273,399
21	PLM906	1,740	1,908	812,048	3,491	51	724,533	708,406	86,299	1,638,710	7,336,985
22	PLM907	1,757	1,883	810,453	3,527	48	725,817	711,737	86,844	1,637,549	7,304,422
23	PLM908	1,665	1,895	804,748	3,372	48	735,816	716,671	88,001	1,640,331	7,154,567
24	PLM909	1,698	1,817	816,546	3,432	49	747,854	726,575	88,944	1,663,938	7,319,453
25	PLM910	1,620	1,821	807,455	3,480	55	758,057	732,312	90,092	1,662,337	7,345,046
26	PLM911	1,658	1,858	814,709	3,347	49	670,031	676,263	81,926	1,598,793	7,106,727
27	PLM912	1,615	1,706	812,902	3,514	43	745,451	725,413	89,165	1,660,302	7,299,114

28	PLM913	1,721	1,769	830,505	3,620	47	753,399	735,418	89,976	1,684,160	7,510,512
29	PLM914	1,681	1,853	818,905	3,510	50	742,205	726,979	88,480	1,668,104	7,341,511
30	PLM915	1,764	1,877	822,308	3,489	53	730,290	716,334	87,293	1,657,696	7,321,617

Ek-25. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	nonsynonymous SNP	synonymous SNP	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PLF901	460,178	326,451	10,851	1,761	3,770
2	PLF902	467,860	332,151	11,044	1,800	3,755
3	PLF903	464,477	329,552	11,095	1,766	3,778
4	PLF904	461,830	327,513	10,697	1,783	3,804
5	PLF905	462,356	328,277	10,780	1,802	3,718
6	PLF906	472,925	337,611	10,911	1,780	3,792
7	PLF907	457,604	325,316	10,631	1,737	3,669
8	PLF908	471,968	334,724	10,992	1,796	3,606
9	PLF909	472,658	339,076	10,708	1,769	3,677
10	PLF910	468,989	333,931	10,908	1,792	3,673
11	PLF911	468,892	333,996	10,682	1,823	3,740
12	PLF912	465,259	330,997	10,772	1,752	3,732
13	PLF913	468,544	333,463	10,829	1,813	3,766
14	PLF914	466,362	331,622	10,711	1,766	3,595
15	PLF915	471,755	334,824	10,968	1,817	3,869
16	PLM901	457,404	325,493	10,785	1,740	3,695
17	PLM902	462,061	328,242	10,753	1,762	3,599
18	PLM903	464,737	330,212	10,915	1,799	3,880
19	PLM904	466,958	330,734	11,045	1,803	3,930
20	PLM905	459,326	325,692	10,708	1,762	3,654
21	PLM906	465,105	330,359	11,019	1,778	3,787
22	PLM907	464,711	329,483	10,910	1,799	3,550
23	PLM908	459,926	328,810	10,425	1,772	3,815

24	PLM909	466,794	333,288	11,020	1,751	3,693
25	PLM910	461,774	329,750	10,625	1,786	3,520
26	PLM911	466,612	331,406	11,179	1,814	3,698
27	PLM912	464,403	331,970	10,916	1,811	3,802
28	PLM913	475,535	338,324	10,951	1,835	3,860
29	PLM914	468,523	334,081	10,798	1,801	3,702
30	PLM915	471,665	334,241	10,995	1,791	3,616

EK-26. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik; splicing	upstream	downstream	upstream; downstream	intronik	intergenic
1	PLF901	157	114	39,760	796	3	154,148	142,106	19,856	255,236	818,540
2	PLF902	186	134	40,492	795	7	159,813	146,233	20,160	261,238	855,589
3	PLF903	171	148	39,991	815	8	159,747	145,516	20,269	262,348	850,772
4	PLF904	171	114	39,751	789	2	160,924	147,061	20,268	261,561	852,970
5	PLF905	177	132	39,797	827	3	159,343	146,074	20,114	261,275	841,464
6	PLF906	161	125	40,108	839	3	160,958	148,077	20,728	266,017	839,931
7	PLF907	198	127	39,315	827	5	154,615	142,353	19,496	256,263	816,487
8	PLF908	179	128	40,403	850	6	161,185	148,289	20,694	264,875	851,794
9	PLF909	180	108	39,704	828	2	159,250	147,491	20,483	263,653	819,469
10	PLF910	185	107	40,528	830	5	162,928	149,228	20,782	266,321	859,618
11	PLF911	174	127	40,051	851	5	155,131	145,203	20,223	261,226	813,997
12	PLF912	184	122	39,861	822	2	157,325	144,638	20,145	261,694	818,352
13	PLF913	179	129	39,764	840	5	160,680	147,948	20,458	264,328	842,463
14	PLF914	192	123	39,828	809	6	158,057	145,507	20,090	260,312	825,233

15	PLF915	189	131	40,894	834	5	160,291	148,253	20,534	265,443	845,198
16	PLM901	165	124	39,157	807	4	157,363	144,416	19,815	257,264	831,332
17	PLM902	164	116	39,596	822	4	159,837	145,449	20,276	260,228	845,237
18	PLM903	165	128	39,940	825	5	161,964	147,288	20,311	264,059	859,764
19	PLM904	177	112	40,156	812	6	160,550	146,406	20,207	263,166	864,192
20	PLM905	175	130	39,330	806	3	155,503	142,700	19,799	255,891	823,238
21	PLM906	187	126	40,294	817	4	151,470	140,472	19,338	254,988	813,087
22	PLM907	180	129	39,932	839	4	152,826	141,711	19,517	256,150	816,944
23	PLM908	168	131	38,972	827	3	158,190	145,182	20,295	259,196	818,757
24	PLM909	190	116	40,004	836	7	160,182	147,100	20,447	263,209	834,442
25	PLM910	185	121	39,510	832	5	164,443	149,415	20,950	264,655	855,237
26	PLM911	177	121	40,002	800	4	134,910	130,753	17,920	241,943	738,238
27	PLM912	180	106	39,485	803	5	159,885	146,435	20,652	262,446	831,337
28	PLM913	202	114	40,776	839	5	160,280	147,471	20,531	265,489	846,972
29	PLM914	177	130	40,011	834	6	158,885	146,429	20,141	263,698	834,815
30	PLM915	195	154	40,403	820	5	153,227	142,610	19,581	259,000	811,144

Ek-27. *P. lentiscus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	Nonframe shift insertion	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PLF901	15,155	11,596	6,317	5,159	1,111	171	251
2	PLF902	15,513	12,013	6,295	5,096	1,152	173	250
3	PLF903	15,394	11,720	6,252	5,098	1,137	172	218
4	PLF904	15,213	11,746	6,180	5,038	1,145	178	251
5	PLF905	15,217	11,673	6,253	5,102	1,141	177	234
6	PLF906	15,399	11,572	6,422	5,183	1,109	187	236
7	PLF907	15,160	11,570	6,129	4,990	1,068	185	213

8	PLF908	15,495	11,777	6,347	5,242	1,138	183	221
9	PLF909	15,176	11,561	6,374	5,141	1,055	176	221
10	PLF910	15,542	11,833	6,418	5,204	1,110	189	232
11	PLF911	15,211	11,729	6,336	5,208	1,130	189	248
12	PLF912	15,280	11,570	6,351	5,129	1,103	189	239
13	PLF913	15,181	11,539	6,315	5,192	1,114	182	241
14	PLF914	15,408	11,574	6,326	5,030	1,103	177	210
15	PLF915	15,542	12,005	6,417	5,330	1,187	181	232
16	PLM901	15,174	11,421	6,159	4,940	1,050	175	238
17	PLM902	15,148	11,610	6,238	5,087	1,119	177	217
18	PLM903	15,277	11,688	6,353	5,086	1,097	180	259
19	PLM904	15,430	11,768	6,271	5,098	1,161	169	259
20	PLM905	15,167	11,501	6,137	5,029	1,112	171	213
21	PLM906	15,493	11,811	6,314	5,120	1,134	181	241
22	PLM907	15,283	11,711	6,314	5,107	1,097	190	230
23	PLM908	14,739	11,398	6,305	5,048	1,053	186	243
24	PLM909	15,335	11,705	6,303	5,180	1,072	173	236
25	PLM910	15,098	11,531	6,246	5,140	1,074	192	229
26	PLM911	15,419	11,711	6,298	5,129	1,067	172	206
27	PLM912	15,160	11,462	6,287	5,058	1,098	182	238
28	PLM913	15,609	11,910	6,493	5,189	1,149	181	245
29	PLM914	15,275	11,804	6,277	5,147	1,098	176	234
30	PLM915	15,566	11,821	6,358	5,148	1,118	183	209

Ek-28. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5; UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik; splicing	upstream	downstream	upstream; downstream	intronik	intergenic	ncRNA_ekzo nic	diğer
1	PtF801	57,116	79,544	28	485,283	3,758	3	554,578	491,352	65,293	1,171,433	8,385,726	125	0
2	PtF802	57,190	78,907	27	482,925	3,605	0	543,149	485,925	65,326	1,160,509	8,041,083	123	0

3	PtF803	56,584	79,010	25	483,801	3,679	17	544,816	484,584	64,699	1,158,871	8,200,589	127	0
4	PtF804	56,980	79,461	27	482,161	3,667	5	543,626	485,105	64,038	1,158,277	8,118,701	129	0
5	PtF805	56,917	79,018	32	482,311	3,623	3	537,905	481,456	63,849	1,150,364	8,091,408	114	0
6	PtF806	56,050	78,698	27	477,010	3,573	2	533,793	479,310	63,777	1,148,406	8,061,967	123	0
7	PtF807	56,696	78,952	25	480,368	3,637	4	540,172	484,246	63,609	1,158,793	8,100,258	108	0
8	PtF808	56,667	79,065	28	484,232	3,628	1	546,228	486,205	64,995	1,159,684	8,135,480	129	0
9	PtF809	56,636	79,137	27	482,839	3,592	0	541,363	486,191	64,567	1,161,250	8,189,549	126	0
10	PtF810	56,928	79,226	30	481,836	3,684	4	552,623	490,192	65,491	1,162,489	8,214,158	130	0
11	PtF811	56,129	78,598	27	480,737	3,621	6	539,433	482,577	63,554	1,154,437	8,188,940	112	0
12	PtF812	55,583	78,037	33	475,088	3,639	3	531,022	476,359	64,098	1,142,321	8,043,429	96	0
13	PtF813	56,826	79,670	29	481,834	3,653	1	546,049	490,019	64,418	1,163,510	8,222,225	127	0
14	PtF814	56,270	78,966	28	480,917	3,592	1	528,843	477,954	63,444	1,148,573	8,075,650	121	0
15	PtF815	56,969	79,787	30	480,522	3,661	6	532,981	480,788	64,022	1,156,735	7,976,113	93	0
16	PtM816	57,130	80,282	26	485,793	3,636	6	542,707	484,028	64,367	1,161,803	8,181,840	126	0
17	PtM817	56,693	78,988	23	482,425	3,730	5	542,161	484,457	63,800	1,156,636	8,244,510	123	0
18	PtM818	56,393	79,289	29	481,190	3,628	3	536,227	485,705	64,151	1,163,281	8,183,138	125	0
19	PtM819	57,079	79,438	31	482,990	3,624	3	540,996	482,787	65,264	1,155,625	8,068,554	128	0
20	PtM820	57,061	79,693	27	487,602	3,706	2	542,440	487,885	64,275	1,166,837	8,378,089	131	0
21	PtM821	56,458	78,614	26	482,334	3,653	2	521,859	472,943	62,169	1,147,158	8,189,162	128	0
22	PtM822	56,629	78,725	29	484,661	3,615	1	531,429	480,009	63,518	1,154,979	8,132,324	131	0
23	PtM823	56,715	78,589	28	481,862	3,645	13	535,502	483,189	64,343	1,153,222	8,064,046	99	0
24	PtM824	56,264	78,441	29	478,230	3,644	3	538,553	482,490	64,653	1,152,970	8,145,303	96	0
25	PtM825	56,416	78,760	29	484,147	3,740	2	546,819	489,081	64,470	1,164,572	8,291,103	95	0
26	PtM826	56,021	78,820	29	475,626	3,620	3	538,434	480,094	64,580	1,143,064	8,013,525	127	0
27	PtM827	62,907	88,593	30	519,790	3,940	4	645,296	571,493	76,335	1,298,148	9,838,986	134	1
28	PtM828	56,635	79,138	27	483,803	3,694	12	544,629	488,907	64,853	1,163,877	8,378,312	126	0
29	PtM829	55,566	78,375	29	475,873	3,662	3	522,673	472,056	62,064	1,136,063	8,163,801	127	0
30	PtM830	56,150	78,371	30	478,733	3,632	15	525,627	474,444	62,129	1,148,779	8,205,277	118	0

Ek-29. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

o	Genotip Kodu	nonsynonymous SNP	synonymous SNP	stopgain	stoploss	bilinmeyen
	PtF801	274,714	204,312	5,470	776	11
	PtF802	272,915	203,695	5,544	760	11
	PtF803	273,730	203,801	5,510	750	10
	PtF804	272,443	203,422	5,504	781	11
	PtF805	272,724	203,278	5,532	768	9
	PtF806	268,996	201,837	5,409	755	13
	PtF807	271,226	202,953	5,409	773	7
	PtF808	273,901	203,962	5,588	772	9
	PtF809	272,916	203,647	5,505	759	12
0	PtF810	272,228	203,385	5,459	752	12
1	PtF811	271,616	202,863	5,464	785	9
2	PtF812	267,896	200,921	5,515	747	9
3	PtF813	272,059	203,571	5,398	793	13
4	PtF814	272,242	202,521	5,382	762	10
5	PtF815	271,372	202,937	5,435	772	6
6	PtM816	274,744	204,716	5,566	757	10
7	PtM817	272,140	203,974	5,567	734	10
8	PtM818	272,471	202,444	5,503	762	10
9	PtM819	272,485	204,192	5,547	757	9
0	PtM820	275,905	205,285	5,627	773	12

1	PtM821	272,669	203,262	5,616	776	11
2	PtM822	274,285	204,066	5,547	751	12
3	PtM823	272,338	203,353	5,407	755	9
4	PtM824	269,897	202,109	5,460	755	9
5	PtM825	273,794	204,038	5,549	757	9
6	PtM826	268,148	201,309	5,402	754	13
7	PtM827	291,186	222,013	5,792	786	13
8	PtM828	273,587	203,894	5,558	752	12
9	PtM829	268,731	200,951	5,408	770	13
0	PtM830	270,613	201,863	5,441	806	10

Ek-30. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5; UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik; esplicing	upstream	downstream	upstream; downstream	intronic	intergenic	ncRN A_ekzonik	diğer
1	PtF801	14,195	16,701	8	23,046	772	2	113,983	95,610	15,197	197,617	834,704	0	1
2	PtF802	14,024	16,583	10	23,118	759	1	112,005	94,567	14,969	195,569	801,330	6	1
3	PtF803	13,965	16,607	8	22,689	767	1	111,654	93,914	15,031	195,317	812,658	5	1
4	PtF804	14,117	16,482	7	23,029	788	1	111,891	94,460	14,911	194,880	806,812	6	1
5	PtF805	13,956	16,349	8	22,767	789	2	110,023	93,944	14,688	193,533	800,390	7	1
6	PtF806	13,951	16,500	8	22,548	782	1	108,572	93,358	14,647	193,234	796,847	7	1
7	PtF807	13,995	16,524	8	22,713	779	1	109,926	94,445	14,584	194,917	802,589	0	1
8	PtF808	13,935	16,625	9	23,005	756	1	112,112	94,391	15,298	194,368	807,834	1	1

9	PtF809	14,072	16,484	7		23,045	778	0	110,538	94,665	14,991	194,672	810,636	8	1
10	PtF810	14,043	16,515	9		22,871	767	1	114,110	96,078	15,317	195,819	823,611	9	1
11	PtF811	13,964	16,410	7		22,926	765	3	110,321	93,259	14,723	193,061	811,889	19	1
12	PtF812	13,660	16,365	9		22,403	797	1	108,133	92,048	14,755	190,600	790,147	7	1
13	PtF813	14,182	16,830	9		22,685	785	2	112,256	95,350	15,073	195,647	817,652	0	1
14	PtF814	13,984	16,496	7		22,776	800	2	106,904	92,279	14,659	192,465	792,104	8	1
15	PtF815	13,894	16,569	10		22,839	794	2	109,235	93,239	14,915	194,552	788,906	5	1
16	PtM816	13,997	16,661	9		23,277	776	1	110,287	93,853	14,824	194,632	806,633	3	1
17	PtM817	13,998	16,474	11		22,750	756	2	110,745	94,175	14,825	194,613	813,448	3	1
18	PtM818	13,779	16,700	9		23,016	785	0	109,291	94,826	14,896	195,126	811,026	2	1
19	PtM819	13,973	16,489	12		23,128	795	2	111,104	93,980	15,204	194,537	802,073	0	1
20	PtM820	14,081	16,616	10		23,359	794	2	110,659	94,760	14,809	194,932	823,356	8	1
21	PtM821	13,713	16,325	10		22,882	757	2	104,711	91,221	14,291	189,506	793,810	3	1
22	PtM822	13,849	16,544	10		23,107	767	1	107,946	93,493	14,782	193,591	800,131	4	1
23	PtM823	13,884	16,522	11		22,791	767	0	109,556	93,430	14,827	193,498	797,988	3	1
24	PtM824	13,970	16,289	7		22,930	791	1	109,906	94,073	15,167	193,293	806,459	5	1
25	PtM825	13,984	16,485	8		23,225	781	1	112,223	95,336	14,926	195,931	826,275	6	1
26	PtM826	13,855	16,500	7		22,255	780	2	110,914	93,491	14,977	191,562	800,253	0	1
27	PtM827	15,263	18,001	9		23,463	843	2	123,821	104,343	16,707	212,874	916,530	8	1
28	PtM828	13,986	16,513	10		23,106	786	2	112,102	95,074	15,039	195,399	828,228	9	1
29	PtM829	13,570	16,424	7		22,380	774	2	105,127	90,407	14,205	187,992	790,577	0	1
30	PtM830	13,631	16,328	9		22,408	754	2	105,992	90,589	14,444	191,455	798,631	1	1

EK-31. *P. terebinthus* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	stopgain	stoploss
	PtF801	8,157	7,057	3,745	3,201	79 8	8 8
	PtF802	8,231	7,165	3,752	3,116	76 1	9 3
	PtF803	8,076	6,989	3,694	3,101	75 4	7 5
	PtF804	8,211	7,100	3,708	3,187	74 6	7 7
	PtF805	8,097	7,039	3,669	3,141	74 5	7 6
	PtF806	8,046	6,921	3,669	3,073	75 9	8 0
	PtF807	8,061	7,013	3,673	3,113	77 2	8 1
	PtF808	8,211	7,134	3,660	3,125	78 8	8 7
	PtF809	8,183	7,082	3,717	3,210	77 0	8 3
0	PtF810	8,126	7,111	3,636	3,140	77 0	8 8
1	PtF811	8,204	7,058	3,675	3,109	79 5	8 5
2	PtF812	8,042	6,887	3,616	3,062	71 3	8 3
3	PtF813	8,135	6,977	3,658	3,100	73 8	7 7
4	PtF814	8,082	7,005	3,701	3,140	77 0	7 8
5	PtF815	8,212	6,992	3,663	3,145	74 6	8 1
6	PtM816	8,157	7,057	3,745	3,201	79 8	8 8
7	PtM817	8,231	7,165	3,752	3,116	76 1	9 3

8	PtM818	8,076	6,989	3,694	3,101	75 4	7 5
9	PtM819	8,211	7,100	3,708	3,187	74 6	7 7
0	PtM820	8,097	7,039	3,669	3,141	74 5	7 6
1	PtM821	8,046	6,921	3,669	3,073	75 9	8 0
2	PtM822	8,061	7,013	3,673	3,113	77 2	8 1
3	PtM823	8,211	7,134	3,660	3,125	78 8	8 7
4	PtM824	8,183	7,082	3,717	3,210	77 0	8 3
5	PtM825	8,126	7,111	3,636	3,140	77 0	8 8
6	PtM826	8,204	7,058	3,675	3,109	79 5	8 5
7	PtM827	8,042	6,887	3,616	3,062	71 3	8 3
8	PtM828	8,135	6,977	3,658	3,100	73 8	7 7
9	PtM829	8,082	7,005	3,701	3,140	77 0	7 8
0	PtM830	8,212	6,992	3,663	3,145	74 6	8 1

EK-32. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	Ekzonik	Splicing	ekzonik; splicing	Upstream	Downstream	Upstream; downstream	İntronik	İnterjenic
1	PtF801	1,449	1,348	628,396	2,732	38	708,419	666,647	79,578	1,391,601	7,845,424
2	PtF802	1,371	1,290	620,486	2,741	40	692,463	653,714	78,091	1,367,914	7,515,849
3	PtF803	1,433	1,206	622,610	2,789	32	694,407	653,924	78,349	1,374,076	7,653,617

4	PtF804	1,382	1,280	621,094	2,804	39	694,355	655,932	77,996	1,364,674	7,597,380
5	PtF805	1,361	1,269	618,698	2,726	35	688,390	651,580	77,591	1,354,745	7,548,438
6	PtF806	1,388	1,207	618,510	2,706	33	684,770	648,651	77,677	1,354,337	7,529,410
7	PtF807	1,362	1,248	619,865	2,701	31	691,894	654,138	78,570	1,372,509	7,552,387
8	PtF808	1,468	1,246	619,851	2,725	32	694,999	656,964	78,832	1,374,302	7,607,376
9	PtF809	1,307	1,231	621,924	2,809	39	696,050	655,726	78,052	1,375,020	7,651,671
10	PtF810	1,419	1,226	619,369	2,747	31	704,621	661,247	78,952	1,380,744	7,713,496
11	PtF811	1,466	1,240	618,839	2,752	34	688,464	650,832	77,163	1,361,350	7,631,727
12	PtF812	1,247	1,202	611,311	2,682	34	677,310	643,002	77,162	1,340,857	7,489,681
13	PtF813	1,478	1,165	622,112	2,690	44	700,476	661,471	78,811	1,377,262	7,704,135
14	PtF814	1,305	1,155	618,565	2,789	37	677,479	644,088	76,931	1,354,607	7,514,957
15	PtF815	1,476	1,269	618,766	2,681	45	682,168	647,669	77,076	1,357,073	7,430,384
16	PtM816	1,476	1,264	623,547	2,778	37	691,577	655,322	78,125	1,378,165	7,660,143
17	PtM817	1,386	1,242	620,032	2,719	34	689,476	653,123	77,681	1,367,142	7,687,851
18	PtM818	1,342	1,188	621,186	2,785	38	687,843	655,077	78,115	1,376,164	7,628,512
19	PtM819	1,424	1,214	618,729	2,741	39	687,869	648,421	78,593	1,367,550	7,508,223
20	PtM820	1,429	1,236	631,589	2,802	40	697,428	662,016	78,421	1,378,180	7,817,875
21	PtM821	1,470	1,188	621,170	2,739	33	671,115	640,358	76,123	1,350,469	7,616,422
22	PtM822	1,397	1,251	622,931	2,725	37	683,503	648,485	77,050	1,364,015	7,602,756
23	PtM823	1,349	1,189	618,156	2,713	36	684,774	645,221	77,818	1,357,031	7,527,009
24	PtM824	1,402	1,240	616,775	2,724	39	689,024	652,112	77,622	1,357,608	7,599,755
25	PtM825	1,346	1,226	622,979	2,766	37	699,111	660,382	78,079	1,372,364	7,752,003
26	PtM826	1,323	1,139	609,688	2,648	39	685,319	647,176	77,251	1,344,869	7,478,105
27	PtM827	1,390	1,271	633,545	2,889	33	759,500	709,257	84,307	1,431,412	8,491,435

28	PtM828	1,455	1,222	626,020	2,808	34	696,624	660,426	78,738	1,382,291	7,815,680
29	PtM829	1,366	1,199	613,691	2,678	41	667,903	637,562	75,385	1,337,153	7,601,638
30	PtM830	1,384	1,180	619,655	2,769	33	675,326	639,732	75,683	1,354,148	7,636,295

EK-33. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	Nonsynonymous -SNP		Synonymous -SNP		Stopgain	Stoploss	Bilinmeyen
1	PtF801	359,792		254,744		9,060	1,570	3,230
2	PtF802	354,853		251,928		8,874	1,551	3,280
3	PtF803	356,087		252,862		9,007	1,548	3,106
4	PtF804	354,869		252,722		8,833	1,556	3,114
5	PtF805	353,481		251,596		8,906	1,565	3,150
6	PtF806	353,652		251,432		8,708	1,564	3,154
7	PtF807	354,288		252,145		8,698	1,560	3,174
8	PtF808	354,362		251,948		8,933	1,563	3,045
9	PtF809	355,291		252,921		8,901	1,590	3,221
10	PtF810	353,834		251,837		8,853	1,579	3,266
11	PtF811	353,899		251,406		8,813	1,615	3,106
12	PtF812	349,240		248,656		8,827	1,522	3,066
13	PtF813	355,062		253,582		8,789	1,598	3,081
14	PtF814	352,877		252,051		8,787	1,602	3,248
15	PtF815	353,291		252,114		8,844	1,546	2,971
16	PtM816	356,441		253,387		8,930	1,608	3,181
17	PtM817	353,934		252,612		8,817	1,589	3,080
18	PtM818	355,772		251,843		8,919	1,614	3,038
19	PtM819	353,312		251,857		8,775	1,599	3,186

20	PtM820		361,639		255,903		9,231	1,615	3,201
21	PtM821		355,459		251,815		9,101	1,538	3,257
22	PtM822		356,384		252,947		8,850	1,553	3,197
23	PtM823		353,525		251,385		8,638	1,585	3,023
24	PtM824		352,160		251,037		8,819	1,589	3,170
25	PtM825		356,224		253,045		8,913	1,604	3,193
26	PtM826		347,811		248,635		8,512	1,554	3,176
27	PtM827		360,881		258,888		9,027	1,694	3,055
28	PtM828		358,124		253,981		9,046	1,594	3,275
29	PtM829		350,400		249,740		8,727	1,550	3,274
30	PtM830		354,958		251,071		9,006	1,561	3,059

EK-34. *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik; splicing	upstream	downstream	upstream; downstream	intronik	intergenic
1	PtF801	177	96	31,685	713	9	139,932	123,818	16,994	217,285	821,666
2	PtF802	156	88	31,189	674	5	136,280	121,636	16,676	213,109	787,511
3	PtF803	177	85	31,368	689	8	136,664	121,150	16,652	213,398	796,999
4	PtF804	165	94	31,378	715	7	136,508	122,052	16,472	212,337	792,778
5	PtF805	178	106	31,178	706	6	134,730	120,545	16,481	211,292	783,063
6	PtF806	164	99	31,218	692	7	134,317	119,900	16,171	210,503	781,075
7	PtF807	148	89	30,983	687	7	136,173	121,314	16,606	213,570	786,976
8	PtF808	157	101	31,291	662	6	136,609	121,669	16,687	213,050	794,749
9	PtF809	153	84	31,300	661	6	136,018	121,367	16,481	212,718	797,051
10	PtF810	163	90	31,140	654	7	140,048	123,113	16,921	215,167	812,800
11	PtF811	173	87	31,055	658	6	135,026	119,998	16,207	211,418	796,057
12	PtF812	150	83	30,685	665	7	132,209	117,987	16,173	206,672	772,011

13	PIF813	158	84	31,245	670	7	138,643	122,709	16,799	214,433	806,219
14	PIF814	159	102	31,157	684	7	132,235	119,063	16,375	210,033	774,131
15	PIF815	173	100	31,207	670	8	133,612	120,193	16,164	212,201	774,766
16	PIF816	168	87	31,382	684	9	135,449	120,563	16,495	213,318	792,204
17	PIF817	172	102	31,015	691	8	135,255	120,860	16,346	211,745	797,467
18	PIF818	159	96	31,391	699	7	134,866	121,313	16,603	213,974	794,010
19	PIF819	179	87	31,251	683	8	135,487	120,120	16,472	212,614	784,257
20	PIF820	173	80	31,983	697	7	136,635	121,489	16,482	213,108	809,320
21	PIF821	165	97	31,461	670	7	129,330	116,881	16,014	206,499	774,428
22	PIF822	169	92	31,811	654	6	133,205	119,534	16,382	211,271	784,722
23	PIF823	169	93	31,115	663	7	134,033	119,104	16,568	211,474	782,459
24	PIF824	171	99	31,022	689	6	135,322	120,093	16,419	210,534	789,835
25	PIF825	155	99	31,537	661	8	137,444	122,550	16,613	213,650	812,245
26	PIF826	162	82	30,365	667	6	134,873	120,154	16,365	208,881	783,313
27	PIF827	165	105	31,360	689	6	141,750	125,587	17,033	218,992	860,426
28	PIF828	178	100	31,809	691	7	137,027	122,166	16,568	214,366	814,328
29	PIF829	151	73	30,798	666	6	128,364	116,012	15,723	204,096	771,874
30	PIF830	165	91	31,155	659	9	130,018	117,380	15,920	208,823	782,474

EK-35 *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	topgain	toploss	bilinmeyen
1	PIF801	12,178	9,609	4,643	4,035	64	51	205
2	PIF802	12,016	9,390	4,643	3,908	39	65	228
3	PIF803	11,958	9,593	4,656	3,958	73	48	182
4	PIF804	12,024	9,441	4,697	3,998	73	37	208
5	PIF805	11,999	9,365	4,609	3,961	13	46	185

6	PtF806	11,907	9,494	4,656	3,923	74	8	45	1	219
7	PtF807	11,762	9,381	4,657	3,970	52	8	51	1	210
8	PtF808	12,034	9,453	4,627	3,988	43	8	57	1	189
9	PtF809	12,053	9,436	4,647	3,957	67	8	40	1	200
10	PtF810	11,929	9,449	4,597	3,982	35	8	39	1	209
11	PtF811	11,935	9,383	4,586	3,924	68	8	48	1	211
12	PtF812	11,861	9,277	4,506	3,835	46	8	36	1	224
13	PtF813	12,081	9,469	4,607	3,886	46	8	52	1	204
14	PtF814	11,866	9,525	4,644	3,929	40	8	37	1	216
15	PtF815	11,914	9,458	4,546	4,002	16	9	48	1	223
16	PtM86	12,121	9,501	4,648	3,921	53	8	51	1	187
17	PtM87	11,899	9,413	4,655	3,878	25	8	52	1	193
18	PtM88	12,070	9,584	4,584	3,953	40	8	43	1	217
19	PtM89	11,879	9,535	4,615	3,962	74	8	54	1	232
20	PtM80	12,303	9,591	4,774	4,075	90	8	49	1	201
21	PtM81	12,136	9,418	4,677	3,969	81	8	69	1	211
22	PtM82	12,232	9,682	4,697	4,019	37	8	51	1	193
23	PtM83	11,963	9,502	4,568	3,899	36	8	49	1	198
24	PtM84	11,946	9,391	4,560	3,916	23	8	56	1	230
25	PtM85	12,229	9,448	4,651	3,990	75	8	47	1	197

26	PtM86	11,646	9,266	4,459	3,796	23	8	1	57	1	218
27	PtM87	11,883	9,753	4,674	3,866	98	7	1	68	1	218
28	PtM88	12,234	9,624	4,696	4,024	58	8	1	50	1	223
29	PtM89	11,858	9,435	4,465	3,797	54	8	1	59	1	230
30	PtM80	11,976	9,416	4,627	3,931	41	8	1	53	1	211

EK-36 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. terebinthus* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

No	Genotip Kodu	Homozigot Genom %	Homozigot Genom %	Heterozigot Genom %	Heterozigot Genom %
1	PtF801	6,420,826	56.85	4,873,423	43.15
2	PtF802	6,283,468	57.55	4,635,311	42.45
3	PtF803	6,355,675	57.38	4,721,127	42.62
4	PtF804	6,341,296	57.69	4,650,891	42.31
5	PtF805	6,324,977	57.78	4,622,033	42.22
6	PtF806	6,368,284	58.41	4,534,462	41.59
7	PtF807	6,373,912	58.12	4,592,966	41.88
8	PtF808	6,402,039	58.11	4,614,313	41.89
9	PtF809	6,412,247	57.95	4,653,040	42.05
10	PtF810	6,439,018	57.97	4,667,783	42.03
11	PtF811	6,364,484	57.61	4,683,697	42.39
12	PtF812	6,301,928	57.98	4,567,790	42.02
13	PtF813	6,420,221	57.8	4,688,150	42.2
14	PtF814	6,322,756	57.93	4,591,613	42.07
15	PtF815	6,284,686	58.02	4,547,031	41.98
16	PtM816	6,343,310	57.34	4,718,444	42.66
17	PtM817	6,349,549	57.13	4,764,012	42.87
18	PtM818	6,343,969	57.4	4,709,200	42.6

19	PtM819	6,343,992	58.01	4,592,537	41.99
20	PtM820	6,410,573	56.89	4,857,185	43.11
21	PtM821	6,318,867	57.37	4,695,649	42.63
22	PtM822	6,361,102	57.9	4,624,958	42.1
23	PtM823	6,337,723	58.03	4,583,530	41.97
24	PtM824	6,401,410	58.19	4,599,276	41.81
25	PtM825	6,468,834	57.86	4,710,410	42.14
26	PtM826	6,346,670	58.47	4,507,283	41.53
27	PtM827	4,540,163	34.64	8,565,504	65.36
28	PtM828	6,471,630	57.45	4,792,383	42.55
29	PtM829	6,342,860	57.82	4,627,442	42.18
30	PtM830	6,363,936	57.68	4,669,369	42.32

EK-37 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. terebinthus* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>
1	PtF801	554,612	210,400	101,495	76,208	46,497	42,379	35,785	31,576	24,563	21,156	167,188
2	PtF802	539,340	204,093	98,429	73,549	44,624	40,765	34,930	30,777	24,022	20,418	162,005
3	PtF803	543,402	206,316	99,033	74,268	45,185	40,847	34,902	30,916	24,287	20,711	162,770
4	PtF804	539,734	205,214	98,983	73,852	44,837	41,066	34,972	30,888	24,046	20,587	163,216
5	PtF805	535,995	203,679	97,877	73,287	44,300	40,591	34,596	30,747	23,862	20,371	161,162
6	PtF806	533,456	201,954	97,759	72,778	44,251	40,486	34,646	30,357	23,666	20,441	160,672
7	PtF807	537,950	204,026	98,522	73,376	44,672	40,680	34,504	30,778	23,751	20,431	161,812
8	PtF808	539,889	205,538	98,972	74,335	44,989	40,875	34,916	31,105	24,063	20,783	162,891
9	PtF809	541,890	205,435	99,049	74,174	44,738	40,867	34,791	31,003	24,113	20,511	163,336
10	PtF810	548,049	209,297	100,603	75,749	45,992	41,609	35,552	31,404	24,419	20,976	165,511
11	PtF811	542,016	205,231	99,127	73,799	44,257	41,108	34,825	30,958	24,043	20,631	161,353

12	PtF812	530,331	201,077	96,494	71,823	43,664	39,711	34,060	30,205	23,319	20,121	158,131
13	PtF813	545,800	206,989	100,264	74,891	45,310	41,257	35,125	31,146	24,118	21,014	164,578
14	PtF814	530,979	200,329	96,484	72,816	43,998	40,157	34,188	30,328	23,577	20,269	159,370
15	PtF815	531,472	200,266	96,736	72,296	44,339	40,411	34,434	30,345	23,790	20,206	160,676
16	PtM816	540,039	204,843	98,774	73,588	44,510	40,685	34,789	31,048	23,741	20,693	162,264
17	PtM817	542,608	206,448	99,492	74,160	44,858	41,066	34,982	30,849	23,962	20,668	162,728
18	PtM818	541,775	205,351	98,450	74,185	44,995	41,071	34,839	30,814	24,008	20,534	163,455
19	PtM819	537,527	204,199	98,521	73,680	44,662	40,758	34,873	30,839	23,969	20,535	161,755
20	PtM820	547,452	208,433	100,205	74,758	45,307	41,353	35,156	31,062	24,058	20,923	164,690
21	PtM821	531,289	200,435	96,007	71,826	43,783	39,723	33,740	29,900	23,253	20,005	157,291
22	PtM822	534,958	203,456	97,760	73,157	44,265	40,677	34,261	30,499	23,517	20,428	161,268
23	PtM823	534,559	202,219	97,719	72,913	44,214	40,703	34,848	30,444	23,881	20,563	161,225
24	PtM824	538,628	204,935	98,595	74,018	44,666	40,657	34,643	30,694	23,956	20,553	161,557
25	PtM825	549,569	209,261	100,303	75,450	45,463	41,376	35,493	31,473	24,348	21,033	165,423
26	PtM826	536,152	202,320	97,694	73,233	44,358	40,413	34,710	30,656	23,552	20,556	160,973
27	PtM827	630,039	218,207	105,810	78,835	48,810	45,977	38,706	34,205	26,412	22,953	181,921
28	PtM828	550,354	210,166	100,886	75,101	45,453	41,569	35,139	31,164	24,416	21,000	165,017
29	PtM829	528,889	199,809	95,979	71,652	43,191	39,516	33,635	29,615	22,973	19,904	156,323
30	PtM830	533,190	201,504	96,571	72,436	43,618	40,228	34,034	30,025	23,630	20,295	158,734

EK-38 Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. terebinthus* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

o	Genotip Kodu	Homozigot Genom	Homozigot Genom %	Heterozigot Genom	Heterozigot Genom %
	PtF801	6,493,647	57.34	4,831,985	42.66
	PtF802	6,333,429	57.92	4,600,530	42.08

	PtF803	6,401,209	57.76	4,681,234	42.24
	PtF804	6,406,301	58.15	4,610,635	41.85
	PtF805	6,361,803	58.13	4,583,030	41.87
	PtF806	6,437,705	58.96	4,480,984	41.04
	PtF807	6,426,784	58.56	4,547,921	41.44
	PtF808	6,473,161	58.65	4,564,634	41.35
	PtF809	6,480,767	58.47	4,603,062	41.53
	PtF810	6,531,417	58.51	4,632,435	41.49
	PtF811	6,405,440	58.05	4,628,427	41.95
	PtF812	6,345,268	58.51	4,499,220	41.49
	PtF813	6,499,520	58.29	4,650,124	41.71
	PtF814	6,362,094	58.41	4,529,819	41.59
	PtF815	6,332,952	58.54	4,485,655	41.46
	PtM816	6,405,518	57.75	4,686,916	42.25
	PtM817	6,395,703	57.62	4,704,983	42.38
	PtM818	6,396,217	57.87	4,656,033	42.13
	PtM819	6,380,652	58.46	4,534,151	41.54
	PtM820	6,467,301	57.38	4,803,715	42.62
	PtM821	6,348,976	57.82	4,632,111	42.18
	PtM822	6,430,284	58.44	4,573,866	41.56
	PtM823	6,383,297	58.48	4,531,999	41.52
	PtM824	6,452,834	58.67	4,545,467	41.33
	PtM825	6,551,176	58.54	4,639,117	41.46
	PtM826	6,401,149	59.01	4,446,408	40.99
	PtM827	4,155,866	34.3	7,959,173	65.7
	PtM828	6,542,844	58.08	4,722,454	41.92
	PtM829	6,386,007	58.38	4,552,609	41.62
	PtM830	6,402,614	58.17	4,603,591	41.83

EK-39 Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. terebinthus* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>
1	PtF801	599,566	213,695	102,840	76,154	45,763	41,529	35,430	31,285	24,034	20,814	161,265
2	PtF802	581,572	206,397	98,922	72,832	43,879	40,193	34,497	30,300	23,288	20,206	155,238
3	PtF803	584,835	208,564	99,912	73,561	44,509	40,189	34,370	30,406	23,341	20,238	157,265
4	PtF804	581,968	207,436	99,245	73,415	44,225	40,461	34,169	30,378	23,315	20,289	157,605
5	PtF805	576,397	205,273	97,975	72,856	43,634	39,818	34,093	30,068	23,000	20,079	155,092
6	PtF806	575,245	205,027	97,787	71,790	43,713	39,638	33,929	29,953	23,013	20,024	154,027
7	PtF807	580,340	206,368	98,614	72,985	44,209	40,086	34,123	30,411	23,188	20,017	156,212
8	PtF808	582,940	207,997	99,248	73,975	44,454	40,601	34,208	30,365	23,488	20,253	157,452
9	PtF809	584,388	207,572	99,431	73,581	44,277	40,399	34,694	30,507	23,462	20,085	157,443
10	PtF810	592,305	212,585	101,516	75,403	45,391	41,542	35,116	31,103	23,895	20,475	160,772
11	PtF811	583,344	206,768	99,365	73,413	43,957	40,229	34,462	30,260	23,204	20,010	155,673
12	PtF812	568,436	202,402	96,238	71,600	42,843	39,074	33,432	29,530	22,550	19,505	151,032
13	PtF813	589,327	211,050	100,718	74,769	44,846	41,023	34,939	30,729	23,653	20,567	159,346
14	PtF814	571,392	202,895	96,863	71,674	42,953	39,426	33,854	29,767	22,584	19,830	152,708
15	PtF815	572,674	202,607	97,349	72,253	43,418	39,707	33,660	29,994	22,967	19,963	154,502
16	PtM816	581,950	207,754	99,337	73,124	43,719	40,285	34,284	30,494	23,257	20,018	156,137
17	PtM817	583,800	208,404	99,542	73,237	43,917	40,257	34,287	30,272	23,392	20,250	156,303
18	PtM818	583,613	207,201	98,755	73,330	44,364	40,391	34,366	30,333	23,304	20,140	157,321
19	PtM819	577,589	206,015	98,460	72,562	43,757	40,200	34,147	29,961	23,110	20,009	155,348
20	PtM820	591,134	211,400	100,149	74,581	44,596	40,539	34,556	30,689	23,656	20,342	158,332
21	PtM821	569,924	201,818	96,251	71,029	42,706	38,868	32,927	29,044	22,614	19,317	151,054
22	PtM822	576,136	205,783	98,026	72,505	43,375	39,938	34,011	30,029	22,994	20,038	155,011

23	PtM823	575,058	204,894	97,829	72,440	43,617	39,779	34,265	30,200	23,060	20,026	154,517
24	PtM824	579,295	206,699	98,510	73,238	43,807	39,964	34,053	29,998	23,238	20,107	155,281
25	PtM825	592,322	211,675	100,674	74,715	44,874	41,037	35,011	30,995	23,663	20,599	159,397
26	PtM826	574,988	204,390	98,014	72,491	43,540	39,701	34,255	29,946	23,051	19,973	154,519
27	PtM827	660,019	207,961	98,459	72,122	44,219	41,692	35,048	30,973	23,713	20,711	161,196
28	PtM828	593,591	212,710	101,146	74,879	44,889	41,066	34,904	30,646	23,865	20,344	159,200
29	PtM829	566,805	201,004	95,604	70,438	42,334	38,433	32,972	28,841	22,363	19,237	149,732
30	PtM830	573,613	203,866	96,639	71,899	42,927	39,393	33,543	29,446	22,882	19,747	152,739

EK-40 *P. terebinthus* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen SV'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	upstream	downstream	upstream; downstream	intronik	intergenic	Diğer
1	PtF801	9	5	17,757	37	3,398	3,452	491	5,597	18,990	7,367
2	PtF802	10	4	16,492	29	3,218	3,249	500	5,375	17,973	6,531
3	PtF803	9	5	16,806	26	3,249	3,280	459	5,338	18,267	6,959
4	PtF804	9	6	16,796	37	3,257	3,324	478	5,377	18,111	6,691
5	PtF805	8	5	16,597	31	3,152	3,287	464	5,334	17,846	6,806
6	PtF806	10	4	16,789	34	3,283	3,341	476	5,337	18,077	6,798
7	PtF807	8	6	17,190	26	3,220	3,331	475	5,426	18,244	6,949
8	PtF808	6	6	17,375	33	3,277	3,357	496	5,431	18,286	7,249
9	PtF809	5	4	17,358	25	3,285	3,316	466	5,369	18,297	7,269
10	PtF810	9	3	17,939	35	3,336	3,423	483	5,402	18,772	7,505
11	PtF811	6	1	16,873	26	3,218	3,291	456	5,338	18,088	6,974

12	PtF812	8	2	15,606	30	3,071	3,160	475	5,056	17,059	6,136
13	PtF813	8	4	17,635	26	3,328	3,382	477	5,426	18,742	7,530
14	PtF814	3	3	16,369	33	3,095	3,237	412	5,223	17,538	6,871
15	PtF815	7	1	17,211	29	3,280	3,201	477	5,473	18,014	7,024
16	PtM816	6	2	16,685	29	3,224	3,202	466	5,267	18,112	6,829
17	PtM817	16	2	16,347	33	3,195	3,241	475	5,340	17,762	6,645
18	PtM818	7	2	17,241	29	3,262	3,371	470	5,517	18,914	7,325
19	PtM819	7	3	16,711	24	3,202	3,343	454	5,312	17,846	6,751
20	PtM820	7	1	17,454	25	3,257	3,297	476	5,372	18,678	7,615
21	PtM821	9	5	15,756	24	2,996	3,136	431	5,030	17,612	6,946
22	PtM822	11	4	16,846	32	3,280	3,302	483	5,348	18,103	7,180
23	PtM823	8	3	16,859	30	3,259	3,216	436	5,344	17,916	7,045
24	PtM824	7	4	16,799	30	3,212	3,316	458	5,211	18,041	7,119
25	PtM825	7	4	17,839	27	3,331	3,406	468	5,450	19,051	7,889
26	PtM826	7	5	16,516	27	3,174	3,215	476	5,206	17,793	6,673
27	PtM827	8	7	15,201	20	2,943	3,118	430	4,700	18,543	4,318
28	PtM828	6	0	17,547	35	3,284	3,405	469	5,401	18,601	7,760
29	PtM829	7	7	15,405	25	2,912	3,044	438	5,011	17,324	6,442
30	PtM830	8	2	16,091	29	3,078	3,081	395	5,108	17,878	6,914

Ek-41. *Pistacia lentiscus* da Cinsiyet ile İlişkili SNP'lerin olduğu bölgelerin anotasyonu

Kromozom (P. vera)	Pozisyon	Allel	Dişi Ortak SNP	Erkek Ortak SNP	P. vera SNP	P. vera Gen ID
14	2385740	A/C	M	A	T	pistachio.v30101640
14	2569386	G/T	K	G	T	-
14	2569389	C/T	Y	C	T	-
14	2569391	C/G	S	C	G	-
14	4909204	G/T	K	G	T	-
14	4919011	T/G	K	T	G	-
14	4919035	A/G	R	A	G	-
14	4919069	T/C	Y	T	C	-
14	4919356	A/C	M	A	C	-
14	4919495	T/C	Y	T	C	-
14	6673220	T/C	Y	T	C	-
14	6673233	A/G	R	A	G	-
14	6673247	C/T	Y	C	T	-
14	6673265	A/C	M	A	C	-
14	6673268	T/C	Y	T	C	-
14	6673302	T/C	Y	T	C	-
14	6673307	T/G	K	T	G	-
14	6673355	A/G	R	A	G	-
14	6673393	T/C	Y	T	C	-

14	6673434	C/T	Y	C	T	-
14	6673459	T/C	Y	T	C	-
14	6673463	G/A	R	G	A	-
14	6673879	A/T	W	A	T	-
14	6673960	A/T	W	A	T	-
14	6682413	G/T	K	G	T	-
14	6682523	T/C	Y	T	C	-
14	6682568	T/G	K	T	G	-
14	6682691	T/C	Y	T	C	-
14	6682753	G/C	S	G	C	-
14	6683497	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170
14	6683806	T/G	K	T	G	pistachio.v30102170
14	6683811	G/C	S	G	C	pistachio.v30102170
14	6684061	T/A	W	T	A	pistachio.v30102170
14	6684712	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170
14	6685284	A/G	R	A	G	pistachio.v30102170
14	6685434	T/A	W	T	A	pistachio.v30102170
14	6685554	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170
14	6685558	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170
14	6685809	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170
14	6685893	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170

14	6685948	A/G	R	A	G	pistachio.v30102170
14	6686064	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102170
14	6686089	T/G	K	T	G	pistachio.v30102170
14	6686109	A/G	R	A	G	pistachio.v30102170
14	6686116	A/G	R	A	G	pistachio.v30102170
14	6686273	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102170
14	6686345	A/C	M	A	C	pistachio.v30102170
14	6686385	A/T	W	A	T	pistachio.v30102170
14	6686469	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170
14	6686689	A/T	W	A	T	pistachio.v30102170
14	6686804	T/A	W	T	A	pistachio.v30102170
14	6686854	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102170
14	6693740	A/G	R	A	G	-
14	6693748	A/G	R	A	G	-
14	6693771	C/T	Y	C	T	-
14	6694001	A/G	R	A	G	-
14	6694192	A/G	R	A	G	-
14	6694239	A/G	R	A	G	-
14	6694460	G/A	R	G	A	-
14	6694568	C/T	Y	C	T	-
14	6694616	T/C	Y	T	C	-

14	6694635	A/G	R	A	G	-
14	6694685	T/C	Y	T	C	-
14	6694888	A/G	R	A	G	-
14	6694900	G/A	R	G	A	-
14	6694906	A/C	M	A	C	-
14	6717672	G/T	K	G	T	-
14	6717808	G/A	R	G	A	-
14	6717838	A/T	W	A	C	-
14	6718042	G/C	S	G	A	-
14	6718262	C/G	S	C	G	-
14	6718799	T/C	Y	T	C	-
14	6718891	C/T	Y	C	T	-
14	6718956	A/T	W	A	T	-
14	6719118	C/T	Y	C	T	-
14	6719612	A/T	W	A	T	-
14	6719628	T/G	K	T	A	-
14	6719708	T/C	Y	T	C	-
14	6719818	A/G	R	A	G	-
14	6719837	C/T	Y	C	T	-
14	6719838	A/G	R	A	G	-
14	6719856	G/A	R	G	A	-

14	6719924	G/A	R	G	A	-
14	6719960	C/G	S	C	G	-
14	6720029	T/C	Y	T	C	-
14	6720430	T/C	Y	T	C	-
14	6720441	A/T	W	A	C	-
14	6720450	C/T	Y	C	T	-
14	6720464	A/G	R	A	G	-
14	6720574	A/G	R	A	G	-
14	6721041	T/C	Y	T	C	-
14	6721042	G/C	S	G	C	-
14	6721064	G/C	S	G	C	-
14	6721071	T/C	Y	T	C	-
14	6721123	T/A	W	T	A	-
14	6721132	T/A	W	T	C	-
14	6721137	T/C	Y	T	C	-
14	6721220	C/T	Y	C	T	-
14	6721266	G/A	R	G	A	-
14	6721285	A/T	W	A	T	-
14	6721286	A/T	W	A	T	-
14	6721294	T/G	K	T	G	-
14	6721478	C/T	Y	C	T	-

14	6721529	A/G	R	A	G	-
14	6721559	G/T	K	G	T	-
14	6722613	A/G	R	A	G	-
14	6722616	T/A	W	T	A	-
14	6725545	C/A	M	C	A	-
14	6725619	A/C	M	A	C	-
14	6725707	C/A	M	C	A	-
14	6725741	C/T	Y	C	T	-
14	6725746	C/G	S	C	G	-
14	6725759	C/T	Y	C	T	-
14	6725931	A/G	R	A	G	-
14	6725937	T/C	Y	T	C	-
14	6725954	G/T	K	G	T	-
14	6726010	A/T	W	A	T	-
14	6726111	A/C	M	A	C	-
14	6726268	A/C	M	A	C	-
14	6728040	G/A	R	G	A	-
14	6728091	T/C	Y	T	C	-
14	6728157	A/C	M	A	C	-
14	6730195	A/G	R	A	G	-
14	6730347	C/T	Y	C	T	-

14	6730542	G/T	K	G	T	pistachio.v30102180
14	6730625	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102180
14	6730923	T/A	W	T	A	pistachio.v30102180
14	6730991	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102180
14	6731055	A/T	W	A	T	pistachio.v30102180
14	6731108	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102180
14	6731131	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102180
14	6731239	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6731261	T/G	K	T	G	pistachio.v30102180
14	6731296	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6731314	T/A	W	T	A	pistachio.v30102180
14	6731515	T/A	W	T	A	pistachio.v30102180
14	6731527	C/G	S	C	G	pistachio.v30102180
14	6731801	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102180
14	6732412	A/G	R	A	G	pistachio.v30102180
14	6732463	G/T	K	G	T	pistachio.v30102180
14	6732511	T/A	W	T	A	pistachio.v30102180
14	6732631	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102180
14	6732710	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6732749	A/T	W	A	T	pistachio.v30102180
14	6732796	A/T	W	A	T	pistachio.v30102180

14	6732864	A/C	M	A	C	pistachio.v30102180
14	6733016	T/G	K	T	G	pistachio.v30102180
14	6733306	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6733317	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6733340	A/G	R	A	G	pistachio.v30102180
14	6733341	A/T	W	A	T	pistachio.v30102180
14	6733412	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6733450	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102180
14	6733479	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102180
14	6733515	G/C	S	G	C	pistachio.v30102180
14	6733583	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6733733	A/C	M	A	C	pistachio.v30102180
14	6733886	T/G	K	T	G	pistachio.v30102180
14	6733950	C/G	S	C	G	pistachio.v30102180
14	6733976	G/A	R	G	A	pistachio.v30102180
14	6734104	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102180
14	6734122	T/G	K	T	G	pistachio.v30102180
14	6734203	G/A	R	G	A	-
14	6734245	C/G	S	C	G	-
14	6734260	T/A	W	T	A	-
14	6734377	A/G	R	A	G	-

14	6734388	T/C	Y	T	C	-
14	6734389	T/C	Y	T	C	-
14	6735996	A/G	R	A	G	-
14	6754492	A/T	W	A	T	-
14	6754508	G/A	R	G	A	-
14	6754512	C/T	Y	C	T	-
14	6754534	T/C	Y	T	C	-
14	6754540	A/G	R	A	G	-
14	6754745	G/A	R	G	A	-
14	6754793	T/C	Y	T	C	-
14	6754871	T/C	Y	T	C	-
14	6754885	C/T	Y	C	T	-
14	6754887	G/A	R	G	A	-
14	6754919	A/T	W	A	T	-
14	6754970	A/G	R	A	G	-
14	6755062	A/G	R	A	G	-
14	6755079	C/T	Y	C	T	-
14	6756721	G/A	R	G	A	-
14	6756775	G/A	R	G	A	-
14	6756808	T/C	Y	T	C	-
14	6756835	T/C	Y	T	C	-

14	6757003	T/C	Y	T	C	-
14	6758132	A/G	R	A	G	-
14	6758147	A/G	R	A	G	-
14	6758188	T/C	Y	T	C	-
14	6758229	G/C	S	G	C	-
14	6758326	T/C	Y	T	C	-
14	6758350	T/C	Y	T	C	-
14	6758351	A/G	R	A	G	-
14	6758353	A/C	M	A	C	-
14	6758377	A/T	W	A	T	-
14	6758424	T/G	K	T	G	-
14	6758443	G/A	R	G	A	-
14	6758593	T/C	Y	T	C	-
14	6758697	A/G	R	A	G	-
14	6758836	C/T	Y	C	T	-
14	6769984	A/G	R	A	C	-
14	6769995	T/C	Y	T	C	-
14	6770011	A/C	M	A	C	-
14	6770540	A/C	M	A	C	-
14	6770580	A/C	M	A	C	-
14	6770598	G/A	R	G	A	-

14	6770602	A/T	W	A	T	-
14	6770635	G/A	R	G	A	-
14	6770638	C/T	Y	C	T	-
14	6770640	A/G	R	A	G	-
14	6770667	T/C	Y	T	C	-
14	6771018	T/C	Y	T	C	-
14	6771025	A/C	M	A	C	-
14	6771033	C/T	Y	C	T	-
14	6771034	A/G	R	A	G	-
14	6771041	T/C	Y	T	C	-
14	6771076	A/G	R	A	G	-
14	6771314	C/A	M	C	A	-
14	6771627	T/C	Y	T	C	-
14	6771631	T/C	Y	T	C	-
14	6771679	T/C	Y	T	C	-
14	6771680	C/T	Y	C	T	-
14	6771681	A/G	R	A	G	-
14	6771838	G/C	S	G	C	-
14	6771841	A/G	R	A	G	-
14	6771863	A/G	R	A	G	-
14	6771877	A/G	R	A	G	-

14	6772810	C/T	Y	C	T	-
14	6772870	A/G	R	A	G	-
14	6772938	C/A	M	C	A	-
14	6773028	T/C	Y	T	C	-
14	6773465	T/C	Y	T	C	-
14	6773500	A/G	R	A	G	-
14	6773515	T/C	Y	T	C	-
14	6774355	C/T	Y	C	T	-
14	6783044	G/T	K	G	T	-
14	6783048	A/T	W	A	T	-
14	6783056	C/T	Y	C	T	-
14	6783126	A/G	R	A	G	-
14	6783142	G/T	K	G	T	-
14	6783201	T/A	W	T	A	-
14	6783619	A/G	R	A	G	-
14	6783622	A/G	R	A	G	-
14	6783687	A/C	M	A	C	-
14	6783919	A/G	R	A	G	-
14	6783933	G/T	K	G	T	-
14	6783955	T/C	Y	T	C	-
14	6783967	T/G	K	T	A	-

14	6784204	T/C	Y	T	C	-
14	6784259	T/C	Y	T	C	-
14	6784526	A/G	R	A	G	-
14	6784556	A/C	M	A	C	-
14	6784570	A/G	R	A	G	-
14	6784655	A/G	R	A	G	-
14	6784667	T/C	Y	T	C	-
14	6784692	C/A	M	C	A	-
14	6784771	C/T	Y	C	T	-
14	6784784	A/G	R	A	G	-
14	6784962	C/T	Y	C	T	-
14	6785010	G/T	K	G	T	-
14	6785022	G/A	R	G	A	-
14	6785044	A/C	M	A	C	-
14	6785073	T/C	Y	T	C	-
14	6785165	A/G	R	A	G	-
14	6785250	G/C	S	G	C	-
14	6785301	T/C	Y	T	C	-
14	6785308	A/C	M	A	C	-
14	6785345	C/A	M	C	A	-
14	6785351	C/T	Y	C	T	-

14	6785374	A/G	R	A	G	-
14	6791618	T/C	Y	T	C	-
14	6791643	T/G	K	T	G	-
14	6791648	C/T	Y	C	T	-
14	6791697	C/T	Y	C	T	-
14	6791745	C/T	Y	C	T	-
14	6791782	T/C	Y	T	C	-
14	6791823	G/A	R	G	A	-
14	6791952	C/T	Y	C	T	-
14	6792302	G/C	S	G	C	-
14	6792306	T/C	Y	T	C	-
14	6792376	C/T	Y	C	T	-
14	6792443	C/T	Y	C	T	-
14	6792607	A/T	W	A	T	-
14	6792642	A/G	R	A	G	-
14	6793352	T/C	Y	T	C	-
14	6793376	A/G	R	A	G	-
14	6793454	T/C	Y	T	C	-
14	6793457	C/T	Y	C	T	-
14	6793462	A/C	M	A	C	-
14	6795142	C/T	Y	C	T	-

14	6795143	A/G	R	A	G	-
14	6795155	T/C	Y	T	C	-
14	6795156	G/A	R	G	A	-
14	6795202	C/G	S	C	G	-
14	6795441	T/C	Y	T	C	-
14	6795465	A/G	R	A	G	-
14	6795493	G/A	R	G	A	-
14	6795530	T/G	K	T	G	-
14	6797670	T/C	Y	T	C	-
14	6797672	G/A	R	G	A	-
14	6797688	C/G	S	C	G	-
14	6797736	G/A	R	G	A	-
14	6797741	A/G	R	A	G	-
14	6798324	G/A	R	G	A	-
14	6798326	G/T	K	G	T	-
14	6798327	T/G	K	T	G	-
14	6799090	A/G	R	A	G	-
14	6799091	A/G	R	A	G	-
14	6799106	A/G	R	A	G	-
14	6799238	A/G	R	A	G	-
14	6799250	T/C	Y	T	C	-

14	6799642	T/C	Y	T	C	-
14	6799744	T/C	Y	T	C	-
14	6799808	T/C	Y	T	C	-
14	6799938	A/G	R	A	G	-
14	6800317	A/G	R	A	G	-
14	6801205	G/A	R	G	A	-
14	6801214	G/A	R	G	A	-
14	6801236	A/T	W	A	T	-
14	6801448	T/G	K	T	G	-
14	6801466	T/G	K	T	G	-
14	6801497	A/G	R	A	G	-
14	6801695	T/C	Y	T	C	-
14	6801746	A/G	R	A	G	-
14	6828101	G/A	R	G	A	-
14	6838576	A/G	R	A	G	-
14	6838643	A/T	W	A	T	-
14	6838920	A/C	M	A	C	-
14	6838932	T/C	Y	T	C	-
14	6838949	A/G	R	A	G	-
14	6838963	T/G	K	T	G	-
14	6839222	G/C	S	G	C	-

14	6839662	G/A	R	G	A	-
14	6880937	T/A	W	T	A	-
14	6881204	A/T	W	A	T	-
14	6881393	T/C	Y	T	C	-
14	6881451	G/A	R	G	A	-
14	6881475	T/C	Y	T	C	-
14	6881520	G/A	R	G	A	-
14	6881625	G/A	R	G	A	-
14	6881653	T/G	K	T	G	-
14	6881688	G/A	R	G	A	-
14	6881709	T/G	K	T	G	-
14	6881968	C/T	Y	C	T	-
14	6881969	C/G	S	C	G	-
14	6882232	T/G	K	T	G	-
14	6882246	G/C	S	G	C	-
14	6882349	G/A	R	G	A	-
14	6882506	G/T	K	G	T	-
14	6882537	T/C	Y	T	C	-
14	6882855	A/G	R	A	G	-
14	6883133	C/G	S	C	G	-
14	6883159	T/C	Y	T	C	-

14	6883336	G/A	R	G	A	-
14	6883353	T/A	W	T	A	-
14	6884690	C/A	M	C	A	-
14	6884692	C/T	Y	C	T	-
14	6884705	C/T	Y	C	T	-
14	6884874	T/C	Y	T	C	-
14	6884962	C/A	M	C	A	-
14	6885072	G/A	R	G	A	-
14	6885222	A/T	W	A	T	-
14	6885502	G/C	S	G	C	-
14	6885618	G/C	S	G	C	-
14	6885761	A/C	M	A	C	-
14	6886085	C/A	M	C	A	-
14	6886157	G/C	S	G	C	-
14	6886358	G/T	K	G	T	-
14	6886432	A/T	W	A	T	-
14	6886446	C/G	S	C	G	-
14	6886551	T/G	K	T	G	-
14	6886569	A/T	W	A	T	-
14	6886725	A/G	R	A	G	-
14	6886784	T/G	K	T	G	-

14	6886808	C/T	Y	C	T	-
14	6887443	A/G	R	A	G	pistachio.v30 102200
14	6887528	C/T	Y	C	T	pistachio.v30 102200
14	6888248	G/C	S	G	C	-
14	6888441	A/G	R	A	G	-
14	6888661	G/T	K	G	T	-
14	6888792	G/C	S	G	C	-
14	6888924	A/T	W	A	T	-
14	6889049	G/A	R	G	A	-
14	6889097	T/A	W	T	A	-
14	6889129	T/A	W	T	A	-
14	6889205	A/G	R	A	G	-
14	6889272	C/A	M	C	A	-
14	6889634	C/T	Y	C	T	-
14	6889656	G/A	R	G	A	-
14	6889820	A/G	R	A	G	-
14	6890117	A/G	R	A	G	-
14	6890137	A/G	R	A	G	-
14	6890198	T/A	W	T	A	-
14	6890212	C/T	Y	C	T	-
14	6890612	T/C	Y	T	C	-

14	6890680	G/T	K	G	T	-
14	6890690	C/T	Y	C	T	-
14	6890802	T/G	K	T	G	-
14	6890853	G/C	S	G	C	-
14	6890865	A/G	R	A	G	-
14	6890947	A/C	M	A	C	-
14	6890981	T/C	Y	T	C	-
14	6891028	G/T	K	G	T	-
14	6891077	A/T	W	A	T	-
14	6891085	T/C	Y	T	C	-
14	6891094	T/C	Y	T	C	-
14	6891164	G/T	K	G	T	-
14	6891666	A/G	R	A	G	-
14	6891778	A/G	R	A	G	-
14	6891826	T/C	Y	T	C	-
14	6891874	G/C	S	G	A	-
14	6892009	A/G	R	A	G	-
14	6892049	T/C	Y	T	C	-
14	6892394	G/A	R	G	A	-
14	6892425	T/C	Y	T	C	-
14	6892495	G/C	S	G	C	-

14	6892674	T/G	K	T	G	-
14	6892771	C/T	Y	C	T	-
14	6892796	C/T	Y	C	T	-
14	6892816	C/T	Y	C	T	-
14	6892991	A/G	R	A	G	-
14	6893280	C/T	Y	C	T	-
14	6893508	T/A	W	T	A	-
14	6893593	T/C	Y	T	C	-
14	6893919	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102210
14	6893931	G/A	R	G	A	pistachio.v30102210
14	6894005	C/G	S	C	G	pistachio.v30102210
14	6894041	T/G	K	T	G	pistachio.v30102210
14	6894319	A/C	M	A	C	pistachio.v30102210
14	6894406	T/G	K	T	G	pistachio.v30102210
14	6894458	A/C	M	A	C	pistachio.v30102210
14	6894563	G/A	R	G	A	pistachio.v30102210
14	6894668	C/A	M	C	A	pistachio.v30102210
14	6894720	A/G	R	A	G	pistachio.v30102210
14	6894812	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102210
14	6894880	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102210
14	6894895	G/T	K	G	T	pistachio.v30102210

14	6894897	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102210
14	6894907	A/C	M	A	C	pistachio.v30102210
14	6894982	G/A	R	G	A	pistachio.v30102210
14	6895060	G/A	R	G	A	-
14	6895092	G/A	R	G	A	-
14	6895333	G/A	R	G	A	-
14	6895465	G/A	R	G	A	-
14	6895486	G/A	R	G	A	-
14	6895494	T/C	Y	T	C	-
14	6895677	G/A	R	G	A	-
14	6895738	T/C	Y	T	C	-
14	6895781	G/A	R	G	A	-
14	6895975	T/A	W	T	A	-
14	6896158	G/A	R	G	A	-
14	6896217	G/C	S	G	C	-
14	6896220	T/A	W	T	A	-
14	6896300	G/A	R	G	A	-
14	6896406	C/T	Y	C	T	-
14	6896432	T/C	Y	T	C	-
14	6896454	C/A	M	C	A	-
14	6896462	T/G	K	T	G	-

14	6896485	A/G	R	A	G	-
14	6896782	A/C	M	A	C	-
14	6896794	G/T	K	G	T	-
14	6896935	C/T	Y	C	T	-
14	6896999	A/T	W	A	T	-
14	6897012	G/A	R	G	A	-
14	6897111	T/C	Y	T	C	-
14	6897130	G/A	R	G	A	-
14	6897272	A/G	R	A	G	-
14	6897645	C/T	Y	C	T	-
14	6897690	G/A	R	G	A	-
14	6897704	T/G	K	T	G	-
14	6897744	C/A	M	C	A	-
14	6897780	T/C	Y	T	C	-
14	6897814	G/C	S	G	C	-
14	6897832	C/G	S	C	G	-
14	6897876	T/C	Y	T	C	-
14	6897893	G/A	R	G	A	-
14	6897983	C/T	Y	C	T	-
14	6898075	A/G	R	A	G	-
14	6898087	G/A	R	G	A	-

14	6898089	T/A	W	T	A	-
14	6898201	C/G	S	C	A	-
14	6898249	A/G	R	A	G	-
14	6898456	G/A	R	G	A	-
14	6898532	G/A	R	G	A	-
14	6898758	A/G	R	A	G	-
14	6898827	A/C	M	A	C	-
14	6898881	G/C	S	G	C	-
14	6898897	G/A	R	G	A	-
14	6899193	C/A	M	C	A	-
14	6900043	C/T	Y	C	T	-
14	6900097	G/C	S	G	C	-
14	6900198	C/T	Y	C	T	-
14	6900211	T/G	K	T	G	-
14	6900384	A/G	R	A	G	-
14	6900478	C/A	M	C	A	-
14	6900506	G/C	S	G	C	-
14	6900514	A/T	W	A	T	-
14	6900563	G/A	R	G	A	-
14	6900695	C/T	Y	C	T	-
14	6901167	A/T	W	A	T	-

14	6901172	C/G	S	C	G	-
14	6901190	G/A	R	G	A	-
14	6901207	T/C	Y	T	C	-
14	6901494	C/A	M	C	A	-
14	6901699	T/C	Y	T	C	-
14	6901954	T/G	K	T	G	-
14	6902033	G/A	R	G	A	-
14	6902067	C/A	M	C	A	-
14	6902114	G/A	R	G	A	-
14	6902141	C/A	M	C	A	-
14	6902591	A/G	R	A	G	-
14	6902840	G/T	K	G	T	-
14	6902917	A/T	W	A	T	-
14	6902924	G/A	R	G	A	-
14	6903099	A/T	W	A	T	-
14	6903913	A/C	M	A	C	-
14	6903976	T/G	K	T	G	-
14	6904027	G/A	R	G	A	-
14	6904091	A/T	W	A	T	-
14	6904297	C/A	M	C	A	-
14	6915224	C/T	Y	C	T	-

14	7065830	A/G	R	A	G	-
14	7068392	C/T	Y	C	T	-
14	7086804	T/C	Y	T	C	-
14	7109753	A/G	R	A	G	-
14	7112065	A/G	R	A	G	-
14	7119366	G/A	R	G	A	-
14	7125459	C/T	Y	C	T	-
14	7181952	A/C	M	A	C	-
14	7182040	T/C	Y	T	C	-
14	7190530	G/A	R	G	A	-
14	7190636	G/A	R	G	A	-
14	7217330	G/A	R	G	A	pistachio.v30102300
14	7245815	T/A	W	T	A	-
14	7369947	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102340
14	7374044	G/A	R	G	A	-
14	7374201	A/G	R	A	G	-
14	7395617	G/A	R	G	A	-
14	7395786	G/A	R	G	A	-
14	7397764	T/G	K	T	G	-
14	7397765	T/G	K	T	G	-
14	7397766	A/G	R	A	G	-

14	7399012	G/A	R	G	A	-
14	7401142	T/C	Y	T	C	-
14	7405485	C/T	Y	C	T	-
14	7408101	T/C	Y	T	C	-
14	7412915	C/G	S	C	G	-
14	7412975	A/G	R	A	G	-
14	7413393	T/A	W	T	A	-
14	7413394	G/A	R	G	A	-
14	7433459	A/G	R	A	G	-
14	7435047	T/C	Y	T	C	-
14	7439738	G/A	R	G	A	-
14	7449556	A/T	W	A	T	pistachio.v30102360
14	7449579	C/T	Y	C	T	pistachio.v30102360
14	7456616	C/T	Y	C	T	-
14	7556602	A/G	R	A	G	-
14	7557225	C/T	Y	C	T	-
14	7561901	G/A	R	G	A	-
14	7562846	T/C	Y	T	A	-
14	7579568	T/C	Y	T	C	-
14	7678383	G/A	R	G	A	-
14	7679275	C/T	Y	C	T	-

14	7715159	C/A	M	C	A	-
14	7715925	A/G	R	A	G	-
14	7720861	G/A	R	G	A	-
14	7720862	A/G	R	A	G	-
14	7756946	T/C	Y	T	C	-
14	7764939	G/T	K	G	T	pistachio.v30102400
14	7877447	C/T	Y	C	T	-
14	7906477	G/C	S	G	A	-
14	8089988	A/G	R	A	G	pistachio.v30102470
14	8099540	C/A	M	C	A	-
14	8153384	C/T	Y	C	T	-
14	8207108	T/C	Y	T	C	pistachio.v30102500
14	8243822	T/C	Y	T	C	-
14	8244185	T/C	Y	T	C	-
14	82444690	T/C	Y	T	C	-
14	8244953	G/A	R	G	A	-
14	8245627	T/C	Y	T	C	-
14	8245679	T/G	K	T	A	-
14	8246595	G/A	R	G	A	-
14	8248964	T/C	Y	T	C	-
14	8264355	G/A	R	G	A	-

14	8581537	G/A	R	G	A	-
14	8593511	G/A	R	G	A	-
14	8624945	G/A	R	G	A	-
14	8630360	G/T	K	G	T	-
14	8715267	C/T	Y	C	T	-
14	8715279	A/G	R	A	G	-
14	8747410	G/A	R	G	A	-
14	8753410	C/T	Y	C	T	-
14	8754607	A/T	W	A	T	-
14	8762084	C/T	Y	C	T	-
14	8821114	C/T	Y	C	T	-
14	8822095	G/A	R	G	A	-
14	8822245	G/A	R	G	A	-
14	9098834	G/A	R	G	A	-
14	9106971	C/T	Y	C	T	-
14	11074988	G/A	R	G	C	-
14	11104574	A/G	R	A	C	pistachio.v30102830
14	11116509	G/A	R	G	A	pistachio.v30102830
14	11116520	A/G	R	A	G	pistachio.v30102830
14	11120721	G/T	K	G	T	pistachio.v30102830
14	13989161	A/G	R	A	G	-

14	13989166	C/T	Y	C	T	-
14	13991350	G/A	R	G	A	-
14	13991748	A/T	W	A	T	-
14	13991803	A/G	R	A	G	-
14	13991907	A/G	R	A	G	-
14	13991963	A/G	R	A	G	-
14	13991983	T/C	Y	T	C	-
14	13992039	A/G	R	A	G	-
14	13992045	T/C	Y	T	C	-
14	13992165	C/A	M	C	A	-
14	13992582	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103130
14	13992619	G/A	R	G	A	pistachio.v30103130
14	13992707	A/T	W	A	T	pistachio.v30103130
14	13992759	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103130
14	13992764	T/C	Y	T	C	pistachio.v30103130
14	13993130	G/T	K	G	T	pistachio.v30103130
14	13993137	A/G	R	A	G	pistachio.v30103130
14	13993358	G/T	K	G	T	pistachio.v30103130
14	13993597	G/A	R	G	A	pistachio.v30103130
14	13993815	G/A	R	G	A	pistachio.v30103130
14	13993921	A/C	M	A	C	pistachio.v30103130

14	13994735	T/C	Y	T	C	pistachio.v30103130
14	13995061	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103130
14	13995080	A/C	M	A	C	pistachio.v30103130
14	13995115	G/A	R	G	A	pistachio.v30103130
14	13995147	T/G	K	T	G	pistachio.v30103130
14	13995685	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103130
14	13995830	A/G	R	A	G	pistachio.v30103130
14	13996099	G/C	S	G	C	pistachio.v30103130
14	13996187	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103130
14	13996615	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103130
14	13996637	A/T	W	A	T	pistachio.v30103130
14	13996784	G/A	R	G	A	pistachio.v30103130
14	13996787	G/T	K	G	T	pistachio.v30103130
14	13996842	T/A	W	T	A	pistachio.v30103130
14	13996964	T/G	K	T	G	pistachio.v30103130
14	13997011	A/G	R	A	G	pistachio.v30103130
14	13997046	T/C	Y	T	C	pistachio.v30103130
14	13997103	A/G	R	A	G	pistachio.v30103130
14	13997849	T/C	Y	T	C	pistachio.v30103130
14	13997884	T/A	W	T	A	pistachio.v30103130
14	13998008	G/A	R	G	A	pistachio.v30103130

14	13998012	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103130
14	13998029	A/C	M	A	C	pistachio.v30103130
14	13998261	G/A	R	G	A	pistachio.v30103130
14	13998402	A/G	R	A	G	pistachio.v30103130
14	13998582	A/G	R	A	G	pistachio.v30103130
14	13998861	C/T	Y	C	T	-
14	14000071	G/A	R	G	A	-
14	14000171	T/A	W	T	A	-
14	14000173	T/C	Y	T	C	-
14	14000193	C/T	Y	C	T	-
14	14000687	G/T	K	G	A	-
14	14000694	C/A	M	C	A	-
14	14000705	C/A	M	C	A	-
14	14000818	T/C	Y	T	C	-
14	14000824	G/A	R	G	A	-
14	14000893	C/A	M	C	A	-
14	14002007	A/G	R	A	G	-
14	14002052	G/A	R	G	A	-
14	14002068	A/G	R	A	G	-
14	14002075	A/T	W	A	T	-
14	14002104	A/G	R	A	G	-

14	14003144	G/A	R	G	A	-
14	14003333	G/T	K	G	T	-
14	14003395	T/A	W	T	A	-
14	14004225	C/T	Y	C	T	-
14	14004356	C/A	M	C	A	-
14	14004358	C/A	M	C	A	-
14	14004460	C/A	M	C	A	-
14	14004518	A/G	R	A	G	-
14	14004550	G/A	R	G	A	-
14	14004574	A/T	W	A	G	-
14	14004579	T/C	Y	T	C	-
14	14004586	A/C	M	A	C	-
14	14009732	T/C	Y	T	C	-
14	14009796	G/A	R	G	A	-
14	14009818	C/G	S	C	T	-
14	14013514	G/C	S	G	C	-
14	14013875	G/A	R	G	A	-
14	14015871	C/T	Y	C	T	-
14	14016110	C/T	Y	C	T	-
14	14017671	C/T	Y	C	T	-
14	14017684	A/G	R	A	G	-

14	14017691	C/T	Y	C	T	-
14	14017704	A/G	R	A	G	-
14	14017763	T/C	Y	T	C	-
14	14017770	C/A	M	C	A	-
14	14017845	T/A	W	T	A	-
14	14017858	A/G	R	A	G	-
14	14017868	A/G	R	A	G	-
14	14017902	A/G	R	A	G	-
14	14018011	A/G	R	A	G	-
14	14018028	G/A	R	G	A	-
14	14018066	A/T	W	A	T	-
14	14018084	G/C	S	G	C	-
14	14018125	A/G	R	A	G	-
14	14018245	T/C	Y	T	C	-
14	14018251	A/G	R	A	G	-
14	14018286	T/C	Y	T	C	-
14	14018480	T/C	Y	T	C	-
14	14018483	A/C	M	A	C	-
14	14018850	T/A	W	T	A	-
14	14018874	A/G	R	A	G	-
14	14019337	A/C	M	A	C	-

14	14019484	A/C	M	A	C	-
14	14019850	T/C	Y	T	C	-
14	14019943	C/T	Y	C	T	-
14	14049401	T/C	Y	T	C	-
14	14049510	T/C	Y	T	C	-
14	14049523	C/T	Y	C	T	-
14	14049525	A/G	R	A	G	-
14	14049541	T/C	Y	T	C	-
14	14049544	G/T	K	G	T	-
14	14049554	A/G	R	A	G	-
14	14049556	G/T	K	G	T	-
14	14049562	T/G	K	T	G	-
14	14049564	G/A	R	G	A	-
14	14049565	A/G	R	A	G	-
14	14049581	C/T	Y	C	T	-
14	14049582	A/G	R	A	G	-
14	14055824	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103160
14	14057103	A/C	M	A	C	pistachio.v30103160
14	14057444	A/T	W	A	T	pistachio.v30103160
14	14057732	T/A	W	T	A	pistachio.v30103160
14	14057756	C/A	M	C	A	pistachio.v30103160

14	14058618	T/G	K	T	G	pistachio.v30103160
14	14058691	C/T	Y	C	T	-
14	14058734	T/A	W	T	A	-
14	14058827	C/A	M	C	A	-
14	14061984	A/C	M	A	C	pistachio.v30103170
14	14061999	A/T	W	A	T	pistachio.v30103170
14	14062248	A/G	R	A	G	pistachio.v30103170
14	14236454	G/C	S	G	C	pistachio.v30103220
14	14237156	A/G	R	A	G	pistachio.v30103220
14	14306744	A/C	M	A	C	-
14	14306761	T/C	Y	T	C	-
14	14306780	T/C	Y	T	C	-
14	14306941	T/C	Y	T	C	-
14	14306947	A/G	R	A	G	-
14	14306970	G/A	R	G	A	-
14	14306979	T/C	Y	T	C	-
14	14307063	T/A	W	T	A	-
14	14307393	G/T	K	G	T	-
14	14309003	A/C	M	A	C	pistachio.v30103230
14	14310476	G/T	K	G	T	pistachio.v30103230
14	14310817	A/C	M	A	C	pistachio.v30103230

14	14311530	A/G	R	A	G	pistachio.v30103230
14	14315334	G/A	R	G	A	pistachio.v30103240
14	14315806	G/T	K	G	T	pistachio.v30103240
14	14315811	T/G	K	T	G	pistachio.v30103240
14	14315882	G/A	R	G	A	pistachio.v30103240
14	14315901	A/G	R	A	G	pistachio.v30103240
14	14316185	A/G	R	A	G	pistachio.v30103240
14	14316658	A/G	R	A	G	pistachio.v30103240
14	14317741	T/C	Y	T	C	pistachio.v30103240
14	14318286	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103240
14	14318691	G/A	R	G	A	-
14	14334930	C/T	Y	C	T	pistachio.v30103250
14	14343072	T/C	Y	T	C	-
14	14345458	C/T	Y	C	T	-
14	14345479	T/A	W	T	A	-
14	14385496	G/C	S	G	C	pistachio.v30103290
14	14424533	G/C	S	G	C	-
14	14512403	C/T	Y	C	T	-
14	14512407	C/T	Y	C	T	-
14	14512410	C/T	Y	C	T	-
14	14512413	T/C	Y	T	C	-

14	14512414	A/C	M	A	C	-
14	14550368	T/A	W	T	A	pistachio.v30103330
14	14647131	C/T	Y	C	T	-
14	14653450	G/A	R	G	A	-
14	14757200	T/C	Y	T	G	-
14	14792019	C/G	S	C	G	-
14	14936146	C/T	Y	C	T	-
14	14971883	G/A	R	G	A	-
14	14995609	G/A	R	G	A	-
14	15024164	C/T	Y	C	T	-
14	15035593	C/G	S	C	G	pistachio.v30103490
14	15045234	C/G	S	C	G	-
14	15142677	G/A	R	G	A	-
14	15216008	G/A	R	G	A	-
14	15216009	A/T	W	A	T	-
14	15516678	A/G	R	A	G	-
14	16283335	G/A	R	G	A	-
14	16283383	C/T	Y	C	T	-
14	16407875	A/C	M	A	C	pistachio.v30103720
14	16462062	G/A	R	G	A	-
14	16490099	G/T	K	G	T	-

14	16608694	C/T	Y	C	T	-
14	16641526	C/T	Y	C	T	-
14	16641920	A/G	R	A	G	-
14	16642037	T/C	Y	T	C	-
14	16642660	C/T	Y	C	T	-
14	16645804	A/G	R	A	G	-
14	16647578	C/A	M	C	A	-
14	16756658	T/G	K	T	G	-
14	17150791	A/G	R	A	G	-
14	17152118	A/G	R	A	G	-
14	17153877	C/A	M	C	T	-
14	17153901	A/G	R	A	G	-
14	17154608	A/G	R	A	G	-
14	17157936	G/A	R	G	T	-
14	17166201	A/G	R	A	G	-
14	17167514	T/C	Y	T	C	-
14	17167518	C/T	Y	C	T	-
14	17168049	T/C	Y	T	C	-
14	17168051	T/G	K	T	G	-
14	17168093	C/T	Y	C	T	-
14	17169626	A/G	R	A	G	-

14	17169962	C/G	S	C	G	-
14	17172804	C/T	Y	C	G	-
14	17173070	C/T	Y	C	T	-
14	17173099	C/G	S	C	G	-
14	17173118	G/A	R	G	A	-
14	17173241	A/G	R	A	G	-
14	17173527	A/C	M	A	C	-
14	17173604	A/G	R	A	G	-
14	17173607	G/A	R	G	A	-
14	17173651	A/G	R	A	G	-
14	17173700	A/T	W	A	T	-
14	17173718	T/C	Y	T	A	-
14	17174858	T/G	K	T	G	-
14	17174902	T/A	W	T	C	-
14	17174933	T/C	Y	T	C	-
14	17175035	C/A	M	C	A	-
14	17175037	A/G	R	A	T	-
14	17175108	A/G	R	A	G	-
14	17175124	G/A	R	G	A	-
14	17175154	T/C	Y	T	C	-
14	17175165	G/A	R	G	A	-

14	17175183	A/G	R	A	G	-
14	17175267	A/G	R	A	G	-
14	17175269	G/A	R	G	A	-
14	17175325	C/T	Y	C	T	-
14	17175414	A/G	R	A	G	-
14	17175438	C/T	Y	C	T	-
14	17175710	A/G	R	A	G	-
14	17175872	C/T	Y	C	T	-
14	17176252	C/T	Y	C	T	-
14	17176312	G/C	S	G	C	-
14	17176402	A/G	R	A	G	-
14	17176404	T/G	K	T	G	-
14	17176461	T/G	K	T	G	-
14	17177641	T/C	Y	T	C	-
14	17177642	G/A	R	G	A	-
14	17177952	G/T	K	G	A	-
14	17178080	A/C	M	A	C	-
14	17178097	G/T	K	G	T	-
14	17178124	G/A	R	G	A	-
14	17178182	G/A	R	G	A	-
14	17178289	G/C	S	G	C	-

14	17178298	A/G	R	A	G	-
14	17178346	C/T	Y	C	T	-
14	17178361	A/G	R	A	G	-
14	17178464	C/T	Y	C	T	-
14	17178519	T/C	Y	T	C	-
14	17178577	C/T	Y	C	T	-
14	17178578	A/G	R	A	G	-
14	17206196	T/C	Y	T	C	-
14	17206574	A/C	M	A	C	-
14	17206651	A/C	M	A	C	-
14	17206759	C/T	Y	C	T	-
14	17206973	T/G	K	T	G	-
14	17207038	G/T	K	G	T	-
14	17207269	G/A	R	G	A	-
14	17207352	G/A	R	G	A	-
14	17207382	A/G	R	A	G	-
14	17207434	A/G	R	A	G	-
14	17207488	T/C	Y	T	C	-
14	17208563	A/G	R	A	G	-
14	17208567	A/G	R	A	G	-
14	17209643	T/C	Y	T	C	-

14	17209653	G/A	R	G	A	-
14	17210704	C/A	M	C	A	-
14	17216043	A/G	R	A	G	-
14	17216229	G/A	R	G	A	-
14	17217870	G/C	S	G	C	-
14	17217871	G/A	R	G	A	-
14	17218038	T/C	Y	T	C	-
14	17219126	A/T	W	A	T	-
14	17219127	G/T	K	G	T	-
14	17219396	A/T	W	A	T	-
14	17219732	C/T	Y	C	T	-
14	17219795	A/G	R	A	G	-
14	17219854	C/T	Y	C	T	-
14	17219901	G/A	R	G	A	-
14	17220098	C/T	Y	C	T	-
14	17224302	C/T	Y	C	T	-
14	17224318	G/A	R	G	A	-
14	17224424	T/A	W	T	A	-
14	17225917	C/T	Y	C	T	-
14	17226066	C/G	S	C	G	-
14	17254284	G/A	R	G	A	pistachio.v30104070

14	17260353	G/A	R	G	A	-
14	17262642	A/C	M	A	C	-
14	17310401	A/G	R	A	G	pistachio.v30104090
14	18177517	A/G	R	A	G	-
14	18365604	G/A	R	G	T	pistachio.v30104580
14	18455936	C/G	S	C	G	-
14	18459817	C/T	Y	C	T	-
14	18461067	G/C	S	G	C	-
14	18588299	G/T	K	G	T	-
14	19701494	A/G	R	A	G	-
14	19714559	G/T	K	G	T	-
14	19714766	A/G	R	A	G	-
14	26720759	C/G	S	C	G	-
14	26726085	T/C	Y	T	C	pistachio.v30105960
14	26968580	G/A	R	G	A	pistachio.v30106000
14	26968692	G/A	R	G	A	-
14	26975309	A/G	R	A	G	-
14	27002325	T/C	Y	T	C	pistachio.v30106030
14	27002476	T/G	K	T	G	pistachio.v30106030
14	27002953	C/A	M	C	A	pistachio.v30106030
14	27003019	G/A	R	G	A	pistachio.v30106030

14	27003129	C/T	Y	C	T	pistachio.v30106030
14	27003251	A/G	R	A	G	pistachio.v30106030
14	27003329	T/A	W	T	A	pistachio.v30106030
14	27003334	T/C	Y	T	C	pistachio.v30106030
14	27003389	T/C	Y	T	C	pistachio.v30106030
14	27003392	G/T	K	G	T	pistachio.v30106030
14	27003413	C/G	S	C	G	pistachio.v30106030
14	27003522	A/T	W	A	T	pistachio.v30106030
14	27003523	T/C	Y	T	C	pistachio.v30106030
14	27003582	T/G	K	T	G	pistachio.v30106030
14	27003647	C/T	Y	C	T	-
14	27005178	A/G	R	A	G	pistachio.v30106040
14	27904127	C/T	Y	C	T	pistachio.v30106240
14	27908137	C/T	Y	C	T	-
14	27908436	A/C	M	A	C	pistachio.v30106260
14	27908447	C/G	S	C	G	pistachio.v30106260
14	27908534	C/T	Y	C	T	pistachio.v30106260
14	27917291	T/G	K	T	G	-
14	27918716	A/T	W	A	T	-
14	27919076	T/A	W	T	A	pistachio.v30106270
14	27919406	A/G	R	A	G	pistachio.v30106270

14	27919537	C/T	Y	C	T	pistachio.v30106270
14	27919916	T/G	K	T	G	pistachio.v30106270
14	27920117	G/A	R	G	A	pistachio.v30106270
14	27920228	G/T	K	G	T	pistachio.v30106270
14	27921191	C/T	Y	C	T	pistachio.v30106270
14	27921793	G/T	K	G	T	pistachio.v30106270
14	27921947	G/A	R	G	A	pistachio.v30106270
14	27921955	G/C	S	G	C	pistachio.v30106270
14	27922058	A/T	W	A	T	pistachio.v30106270
14	27922205	G/A	R	G	A	pistachio.v30106270
14	27923328	T/C	Y	T	C	pistachio.v30106270
14	27923423	T/C	Y	T	C	pistachio.v30106270
14	27923449	A/G	R	A	G	pistachio.v30106270
14	27924062	G/A	R	G	A	pistachio.v30106270
14	27924065	G/A	R	G	A	pistachio.v30106270
14	27926762	C/T	Y	C	T	pistachio.v30106270
14	27928936	T/C	Y	T	C	-
14	27928976	G/A	R	G	A	-
14	28276063	G/A	R	G	A	-
14	28736679	C/T	Y	C	T	-
14	28879244	C/G	S	C	G	-

14	28879380	G/A	R	G	A	pistachio.v30106440
14	28879645	T/G	K	T	G	pistachio.v30106440
14	28879689	G/A	R	G	A	pistachio.v30106440
14	28879823	A/C	M	A	C	pistachio.v30106440
14	28880061	C/A	M	C	A	pistachio.v30106440
14	28880082	A/C	M	A	C	pistachio.v30106440
14	28880112	A/G	R	A	G	pistachio.v30106440
14	29920982	C/T	Y	C	T	-
14	29997193	T/C	Y	T	C	-
14	30018497	T/C	Y	T	C	-
14	30024197	A/C	M	A	C	-
14	30026005	C/T	Y	C	T	-
14	30026842	A/G	R	A	G	-
14	30027228	C/T	Y	C	T	-
14	30028235	C/T	Y	C	T	-
14	30028633	G/T	K	G	T	-
14	30034403	G/A	R	G	A	-
14	30035317	G/A	R	G	A	-
14	30035654	G/A	R	G	A	-
14	30037321	C/T	Y	C	T	-
14	30039787	C/T	Y	C	T	-

14	30039849	C/T	Y	C	T	-
14	30042309	T/G	K	T	G	-
14	30042386	T/C	Y	T	C	-
14	30070114	C/T	Y	C	T	-
14	30070273	C/T	Y	C	T	-
14	30070498	C/T	Y	C	T	-
14	30071130	C/T	Y	C	T	-
14	30071162	G/C	S	G	C	-
14	30071574	T/C	Y	T	C	-
14	30071850	T/C	Y	T	C	-
14	30072724	A/G	R	A	G	-
14	30073407	C/T	Y	C	T	-
14	30088533	T/C	Y	T	C	-
14	30092782	T/A	W	T	C	-
14	30095473	C/T	Y	C	T	-
14	30098461	T/C	Y	T	C	-
14	30098838	C/T	Y	C	T	-
14	30098896	A/G	R	A	G	-
14	30099929	T/C	Y	T	C	-
14	30099956	A/G	R	A	G	-
14	30100914	T/G	K	T	G	-

14	30100992	G/A	R	G	A	-
14	30100996	C/T	Y	C	T	-
14	30101609	A/T	W	A	T	-
14	30102497	A/G	R	A	G	-
14	30105110	T/C	Y	T	C	-
14	30105128	A/G	R	A	G	-
14	30105179	T/G	K	T	G	-
14	30105715	C/T	Y	C	T	-
14	30105735	C/A	M	C	A	-
14	30106241	A/T	W	A	T	-
14	30115914	C/A	M	C	A	-
14	30117872	T/G	K	T	G	-
14	30117947	C/T	Y	C	T	-
14	30127910	C/T	Y	C	T	-
14	30137516	T/C	Y	T	C	-
14	30137947	C/A	M	C	A	-
14	30138000	T/C	Y	T	C	-
14	30138002	C/A	M	C	A	-
14	30138014	C/T	Y	C	A	-
14	30138070	T/C	Y	T	C	-
14	30138083	T/C	Y	T	C	-

14	30138150	A/G	R	A	G	-
14	30138180	T/C	Y	T	C	-
14	30138207	G/T	K	G	T	-
14	30138364	C/T	Y	C	T	-
14	30138437	G/A	R	G	A	-
14	30142579	A/T	W	A	T	-
14	30142727	A/G	R	A	G	-
14	30142792	A/G	R	A	G	-
14	30142832	A/G	R	A	G	-
14	30142903	A/G	R	A	G	-
14	30143541	T/G	K	T	G	-
14	30143742	T/C	Y	T	C	-
14	30143839	A/G	R	A	G	-
14	30144063	T/C	Y	T	C	-
14	30144088	A/C	M	A	C	-
14	30144107	A/T	W	A	T	-
14	30144124	T/C	Y	T	C	-
14	30144311	A/G	R	A	G	-
14	30144398	G/A	R	G	A	-
14	30144476	A/G	R	A	G	-
14	30144500	A/G	R	A	G	-

14	30144630	T/C	Y	T	C	-
14	30144655	A/G	R	A	G	-
14	30144658	G/A	R	G	A	-
14	30144700	A/G	R	A	G	-
14	30144725	T/C	Y	T	C	-
14	30144744	C/A	M	C	A	-
14	30144763	T/G	K	T	G	-
14	30144848	T/C	Y	T	C	-
14	30144902	A/G	R	A	G	-
14	30145198	G/A	R	G	A	-
14	30145573	T/C	Y	T	C	-
14	30145680	A/C	M	A	C	-
14	30146143	G/T	K	G	T	-
14	30146148	A/G	R	A	G	-
14	30146168	T/C	Y	T	C	-
14	30146206	A/G	R	A	G	-
14	30146269	A/G	R	A	G	-
14	30146314	A/G	R	A	G	-
14	30146373	T/C	Y	T	C	-
14	30146417	T/C	Y	T	C	-
14	30146447	T/G	K	T	G	-

14	30146498	T/C	Y	T	C	-
14	30146505	A/C	M	A	C	-
14	30146510	A/G	R	A	G	-
14	30146513	C/T	Y	C	T	-
14	30146536	T/A	W	T	A	-
14	30146577	C/T	Y	C	T	-
14	30147807	G/C	S	G	C	-
14	30147811	A/G	R	A	G	-
14	30147839	T/G	K	T	G	-
14	30147840	C/A	M	C	A	-
14	30151820	C/T	Y	C	T	-
14	30151861	C/T	Y	C	T	-
14	30154414	A/C	M	A	C	-
14	30154783	A/G	R	A	G	-
14	30156904	G/C	S	G	C	-
14	30163084	C/A	M	C	A	-
14	30163085	A/C	M	A	C	-
14	30163469	C/T	Y	C	T	-
14	30163557	C/G	S	C	G	-
14	30164059	C/T	Y	C	T	-
14	30164360	A/C	M	A	C	-

14	30164413	A/T	W	A	T	-
14	30164492	C/T	Y	C	T	-
14	30164510	T/C	Y	T	C	-
14	30164609	C/T	Y	C	T	-
14	30164923	G/A	R	G	T	-
14	30164936	C/T	Y	C	T	-
14	30165097	C/T	Y	C	T	-
14	30176050	C/T	Y	C	T	-
14	30176096	G/C	S	G	C	-
14	30176257	A/G	R	A	G	-
14	30176513	A/G	R	A	G	-
14	30176545	G/A	R	G	A	-
14	30176572	A/G	R	A	G	-
14	30176632	T/C	Y	T	C	-
14	30176635	A/G	R	A	G	-
14	30176644	T/C	Y	T	C	-
14	30176673	C/T	Y	C	T	-
14	30176678	A/C	M	A	C	-
14	30176683	A/C	M	A	C	-
14	30176700	T/A	W	T	A	-
14	30176735	T/C	Y	T	C	-

14	30176738	G/A	R	G	A	-
14	30176742	C/T	Y	C	T	-
14	30176804	T/A	W	T	A	-
14	30176821	A/G	R	A	G	-
14	30176831	T/G	K	T	G	-
14	30176870	C/T	Y	C	T	-
14	30176896	T/A	W	T	A	-
14	30177110	T/C	Y	T	C	-
14	30177113	T/C	Y	T	C	-
14	30177134	T/A	W	T	A	-
14	30177159	G/A	R	G	A	-
14	30177184	G/A	R	G	A	-
14	30177197	A/C	M	A	C	-
14	30177238	C/T	Y	C	T	-
14	30177326	G/T	K	G	T	-
14	30177353	T/C	Y	T	C	-
14	30177373	A/G	R	A	G	-
14	30179063	G/A	R	G	A	-
14	30179081	G/T	K	G	T	-
14	30179088	G/A	R	G	A	-
14	30179188	C/T	Y	C	T	-

14	30179255	T/C	Y	T	C	-
14	30179283	T/C	Y	T	C	-
14	30179313	T/C	Y	T	C	-
14	30179328	T/A	W	T	A	-
14	30179344	C/G	S	C	G	-
14	30179350	T/C	Y	T	C	-
14	30179380	A/T	W	A	C	-
14	30179386	A/T	W	A	T	-
14	30179389	C/T	Y	C	T	-
14	30179413	G/A	R	G	A	-
14	30179425	A/G	R	A	G	-
14	30179447	C/T	Y	C	T	-
14	30180259	T/C	Y	T	C	-
14	30180280	A/G	R	A	G	-
14	30180287	T/C	Y	T	C	-
14	30180692	T/G	K	T	G	-
14	30180707	A/T	W	A	T	-
14	30180739	G/A	R	G	A	-
14	30180747	A/G	R	A	G	-
14	30180749	T/C	Y	T	C	-
14	30180756	C/G	S	C	G	-

14	30190371	A/T	W	A	T	-
14	30190423	G/A	R	G	A	-
14	30190482	C/T	Y	C	T	-
14	30190538	C/T	Y	C	T	-
14	30201241	G/A	R	G	A	-
14	30201795	A/G	R	A	G	-
14	30201819	C/G	S	C	G	-
14	30201829	G/A	R	G	A	-
14	30202671	A/G	R	A	G	-
14	30202709	G/T	K	G	T	-
14	30202788	C/T	Y	C	T	-
14	30202834	C/G	S	C	G	-
14	30202981	C/T	Y	C	T	-
14	30203112	A/G	R	A	G	-
14	30203244	T/G	K	T	G	-
14	30203364	A/G	R	A	G	-
14	30204041	T/C	Y	T	C	-
14	30204055	A/T	W	A	T	-
14	30204079	T/C	Y	T	C	-
14	30205613	C/T	Y	C	T	-
14	30219775	C/A	M	C	A	-

14	30271396	C/T	Y	C	T	-
14	30274544	T/G	K	T	G	-
14	30289589	C/T	Y	C	T	-
14	30289934	C/T	Y	C	T	-
14	30291227	G/A	R	G	T	-
14	30293267	C/T	Y	C	G	-
14	30309006	C/T	Y	C	T	-
14	30337786	C/T	Y	C	T	-
14	30370027	G/T	K	G	T	-
14	30385863	C/A	M	C	T	-
14	30387317	G/A	R	G	A	-
14	30465312	C/T	Y	C	T	-
14	30479724	C/T	Y	C	T	-
14	30526999	C/T	Y	C	A	-
14	30544785	T/C	Y	T	C	-
14	30574116	G/A	R	G	A	pistachio.v30106780
14	30576400	A/C	M	A	G	pistachio.v30106780
14	30745739	G/C	S	G	T	-
14	31249609	G/A	R	G	A	pistachio.v30106930
14	32498780	G/A	R	G	A	-
14	32579995	G/A	R	G	A	-

14	32807316	C/T	Y	C	T	-
14	33399422	T/C	Y	T	C	-
14	35962188	A/G	R	A	G	-
14	36333420	G/A	R	G	A	pistachio.v30108290
14	36342806	A/G	R	A	G	-
14	36769211	G/A	R	G	A	-
14	36788018	G/A	R	G	A	-
14	36788350	T/G	K	T	G	-
14	36788351	C/T	Y	C	T	-
14	36788427	A/G	R	A	G	-
14	36788894	G/A	R	G	A	-
14	37424704	T/G	K	T	G	pistachio.v30108660
14	37484978	G/A	R	G	A	pistachio.v30108730
14	37667437	A/G	R	A	G	pistachio.v30108860
14	37671685	G/C	S	G	C	-
14	37671687	C/T	Y	C	T	-
14	37672137	C/T	Y	C	T	-
14	37701893	C/A	M	C	T	-
14	37707973	G/A	R	G	A	-
14	37796991	C/T	Y	C	T	-
14	37798836	C/T	Y	C	T	-

14	37802430	C/T	Y	C	T	-
14	40002946	C/T	Y	C	T	-
14	40004463	G/A	R	G	A	-
14	40020225	C/T	Y	C	T	-
14	40021267	A/T	W	A	G	-
14	40021294	G/A	R	G	A	-
14	40021411	T/C	Y	T	C	-
14	40022394	A/G	R	A	G	-
14	40190700	C/T	Y	C	T	-
14	41798052	T/C	Y	T	C	-
14	41798090	C/G	S	C	G	-
14	41798097	G/A	R	G	A	-
14	41798105	A/T	W	A	T	-
14	41798194	C/T	Y	C	T	-
14	42058823	C/G	S	C	T	-
14	42203323	T/G	K	T	G	-
14	42212356	G/A	R	G	A	-
14	42212473	G/A	R	G	A	-
14	42213586	G/A	R	G	A	-
14	42216084	C/T	Y	C	T	-
14	42227901	T/C	Y	T	C	-

14	42227909	C/T	Y	C	T	-
14	42227952	C/T	Y	C	T	-
14	42265221	G/A	R	G	A	-
14	42265687	C/T	Y	C	T	-
14	42267137	C/T	Y	C	T	-
14	42267938	C/T	Y	C	T	-
14	42267950	A/T	W	A	T	-
14	42267963	A/T	W	A	T	-
14	42268042	G/A	R	G	A	-
14	42268049	G/A	R	G	A	-
14	42268052	G/A	R	G	A	-
14	42268200	C/T	Y	C	T	-
14	42268263	C/T	Y	C	T	-
14	42289244	G/T	K	G	T	-
14	42289420	T/C	Y	T	C	-
14	42298005	A/G	R	A	G	-
14	42310038	T/A	W	T	G	-
14	42311117	G/T	K	G	T	-
14	42374989	G/A	R	G	A	-
14	42381164	C/T	Y	C	T	-
14	42381197	C/T	Y	C	T	-

14	42384706	G/C	S	G	C	-
14	42384727	G/A	R	G	A	-
14	42384742	C/T	Y	C	T	-
14	42384757	C/T	Y	C	T	-
14	42384783	A/T	W	A	T	-
14	42384790	A/G	R	A	G	-
14	42384813	A/T	W	A	T	-
14	42384830	A/G	R	A	G	-
14	42384850	T/C	Y	T	C	-
14	42384876	T/C	Y	T	C	-
14	42384883	A/T	W	A	T	-
14	42384915	G/A	R	G	A	-
14	42384926	G/A	R	G	A	-
14	42402569	A/G	R	A	G	-
14	42402625	T/C	Y	T	C	-
14	42402750	G/A	R	G	A	-
14	42437758	A/G	R	A	G	-
14	42439508	C/T	Y	C	T	-
14	42447990	T/C	Y	T	C	-
14	42448958	T/C	Y	T	C	-
14	42453570	C/T	Y	C	T	-

14	42454952	T/C	Y	T	C	-
14	42467803	G/T	K	G	T	-
14	42650721	G/A	R	G	C	-
14	43465518	C/T	Y	C	T	-
14	43976221	C/T	Y	C	T	-
14	43980292	G/A	R	G	A	-
14	43982717	G/A	R	G	A	-
14	43985229	C/T	Y	C	T	-
14	44098976	G/A	R	G	A	-
14	45101533	G/A	R	G	A	-
14	45805477	G/A	R	G	A	-
14	45806876	T/C	Y	T	C	-
14	45807068	G/C	S	G	C	-
14	48457381	A/G	R	A	G	-
14	48457400	G/C	S	G	C	-
14	48457411	A/G	R	A	G	-
14	48457619	G/A	R	G	A	-
14	48457632	C/T	Y	C	T	-
14	48457656	A/G	R	A	G	-
14	48457671	A/C	M	A	C	-
14	48457682	T/G	K	T	G	-

14	48457733	G/A	R	G	A	-
14	48459094	G/T	K	G	A	-
14	48459323	T/C	Y	T	C	-
14	48459394	T/C	Y	T	C	-
14	48459523	G/C	S	G	A	-
14	48463392	C/T	Y	C	T	-
14	48463447	T/A	W	T	A	-
14	48524894	T/C	Y	T	C	-
14	48712604	A/G	R	A	G	-
14	48712611	C/T	Y	C	T	-

Ek-42. *P. lentiscus* türünde GO veritabanı kullanılarak yapılmış fonksiyonel anotasyon

Uzunluk	İşlem	Protein ID	Hit	E-Değeri	Ortalama Benzerlik Oranı	Eşleşen Go ID Sayısı	Go Açıklamaları	Enzim Kodu	Enzim Adı
615	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30101640	13	3.54E-20	70.84	2	C:GO:0005794; C:GO:0016020		
2045	NO-BLAST	pistachio.v30102170							
1211	BLASTED	pistachio.v30102180	20	1.18E-221	83.55				
371	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30102200	20	2.55E-42	74.01	5	P:GO:0045944; F:GO:0000977; F:GO:0003700; F:GO:0046983; C:GO:0005634		

										specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:protein dimerization activity; C:nucleus			
288	NO-BLAST	pistachio.v30102210											
2525	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30102300	20	0	89.77	5			P:GO:0006210; P:GO:0006574; F:GO:0004491; F:GO:0018478; C:GO:0005739	P:thymine catabolic process; P:valine catabolic process;F:methylmalonate- semialdehyde dehydrogenase (acylating) activity; F:malonate- semialdehyde dehydrogenase (acylating) activity; C:mitochondrion	EC:1.2.1.27; EC:1.2.1.18	Methylmalonate- semialdehyde dehydrogenase (CoA acylating); Malonate- semialdehyde dehydrogenase (acylating)	
498	BLAST ED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30102340	20	7.44E-29	67.72	2			C:GO:0005739; C:GO:0016020	C:mitochondrion; C:membrane			
3014	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30102360	20	0	95.36	9			P:GO:0000266; P:GO:0016559; F:GO:0003924; F:GO:0005525; F:GO:0008017; C:GO:0005739; C:GO:0005777; C:GO:0005874; C:GO:0016020	P:mitochondrial fission; P:peroxisome fission; F:GTPase activity; F:GTP binding; F:microtubule binding; C:mitochondrion; C:peroxisome; C:microtubule; C:membrane	EC:3.6.1.15	Nucleoside- triphosphate phosphatase	
1117	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30102400	20	6.64E-171	87.42	11			P:GO:0006012; P:GO:0006098; P:GO:0006119;	P:galactose process; phosphate shunt;	EC:2	Transferases	

										activity; C:membrane			
1215	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103160	20	2.90E-273	81.07	3	P:GO:0006468; F:GO:0004672; C:GO:0005886	P:protein phosphorylation; F:protein kinase activity; C:plasma membrane	EC:2.7.1	Transferring phosphorus- containing groups			
732	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103170	20	1.67E-57	75.14	3	P:GO:0006633; F:GO:0016747; C:GO:0016020	P:fatty acid biosynthetic process; F:acyltransferase activity, transferring groups other than amino-acyl groups; C:membrane	EC:2.3.1	Acyltransferases			
1837	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103220	20	2.07E-128	75.63	5	P:GO:0009658; P:GO:1900865; F:GO:0003729; F:GO:0005515; C:GO:0009507	P:chloroplast organization; P:chloroplast RNA modification; F:mRNA binding; F:protein binding; C:chloroplast					
1955	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103230	20	8.54E-221	88.84	4	P:GO:0015693; P:GO:0098655; F:GO:0046873; C:GO:0016020	P:magnesium ion transport; P:monatomic cation transmembrane transport; F:metal ion transmembrane transporter activity; C:membrane					
2399	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103240	20	0	96.83	5	P:GO:0006457; P:GO:0006950; F:GO:0005524; F:GO:0051082; F:GO:0140662	P:protein folding; P:response to stress; F:ATP binding; F:unfolded protein binding; F:ATP-dependent protein folding chaperone					
4092	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103250	20	0	77.38	3	P:GO:0006355; F:GO:0003677; C:GO:0005730	P:regulation of DNA- templated transcription; F:DNA binding; C:nucleolus					
1194	BLASTED,	pistachio.v30103290	20	1.59E-216	89.15	2	F:GO:0016791;	F:phosphatase activity;	EC:3.1.3	Acting on ester bonds			

	MAPPED, ANNOTATED								C:cytoplasm			
871	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103330	20	1.92E-155	82.46	4	P:GO:0006979; P:GO:0030091; F:GO:0033743; F:GO:0046872	P:response to oxidative stress; P:protein repair; F:peptide-methionine (R)-S-oxide reductase activity; F:metal ion binding	EC:1.8.4.12	Peptide-methionine (R)-S-oxide reductase		
1221	BLASTED, MAPPED	pistachio.v30103490	20	8.00E-198	57.04	2	C:GO:0016020; C:GO:0016020	C:membrane; C:membrane				
1519	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30103720	20	0	95.63	5	P:GO:0006422; F:GO:0003677; F:GO:0004815; F:GO:0005524; C:GO:0005739	P:aspartyl-tRNA aminoacylation; F:DNA binding; F:aspartate-tRNA ligase activity; F:ATP binding; C:mitochondrion	EC:6.1.1.12	Aspartate--tRNA ligase		
4013	BLASTED, MAPPED	pistachio.v30104070	20	0	70.69		P:GO:0006355; P:GO:0006357; F:GO:0000981; F:GO:0003677; F:GO:0046872; C:GO:0005634	P:regulation of DNA-templated transcription; P:regulation of transcription by RNA polymerase II; F:DNA-binding transcription factor activity, RNA polymerase II-specific; F:DNA binding; F:metal ion binding; C:nucleus				
1615	BLASTED	pistachio.v30104090	20	1.35E-265	82.83							
1185	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30104580	20	1.74E-216	65.58		P:GO:0006260; F:GO:0003677; F:GO:0003678; C:GO:0005634;	P:DNA replication; F:DNA binding; F:DNA helicase activity; C:nucleus; C:protein-containing				

	MAPPED, ANNOTATED								P:GO:0090481; F:GO:0015165; C:GO:0000139	P:pyrimidine sugar transport; nucleotide-sugar transmembrane transporter activity; C:Golgi membrane			
2858	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30108660	20	0	94.26	5	P:GO:0008643; P:GO:0055085; F:GO:0022857; F:GO:0032440; C:GO:0016020	P:carbohydrate transport; P:transmembrane transport;F:transmembrane transporter activity; F:2- alkenal reductase [NAD(P)+] activity; C:membrane	EC:1.3.1.74	2-alkenal reductase (NAD(P)(+))			
1344	BLASTED	pistachio.v30108730	20	5.73E-136	81.95								
778	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	pistachio.v30108860	20	2.70E-99	93.08	1	F:GO:0005509	F:calcium ion binding					

			P:GO:0080090; P:GO:1901360; F:GO:0003677; F:GO:0003690; F:GO:0031490; F:GO:0044877; F:GO:1901363; C:GO:0000786; C:GO:0005634; C:GO:0005730; C:GO:0031974; C:GO:0043226; C:GO:0043228; C:GO:0043231; C:GO:0043233; C:GO:0110165	P:GO:0090304; F:GO:0003676; F:GO:0003682; F:GO:0005488; F:GO:0031491; F:GO:0097159; C:GO:0000786; C:GO:0005634; C:GO:0016020; C:GO:0031981; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043232; C:GO:0070013;	P:nucleic acid metabolic process; P:organic cyclic compound metabolic process; F:nucleic acid binding; F:DNA binding; F:chromatin binding; F:double-stranded DNA binding; F:binding; F:chromatin DNA binding; F:nucleosome binding; F:protein-containing complex binding; F:organic cyclic compound binding; F:heterocyclic compound binding; C:nucleosome; C:intracellular anatomical structure; C:nucleus; C:nucleolus; C:membrane; C:membrane-enclosed lumen; C:nuclear lumen; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:non-membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:intracellular non-membrane-bounded organelle; C:organelle lumen; C:intracellular organelle lumen; C:cellular anatomical entity
1211	achio.v30102180	PTHR46922 (PANTHER)		no GO terms	no GO terms
371	achio.v30102200	IPR002487 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); IPR002487 (PROSITE_PROFILES)	P:GO:0006355; F:GO:0003700; C:GO:0005634		P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity; C:nucleus
288	achio.v30102210	no IPS match	no IPS match	no IPS match	no IPS match
2525	achio.v30102300	G3DSA:3.40.605.10:FF:000003 (FUNFAM); IPR015590 (PFAM); PIRSR036489-3 (PIRSR); IPR010061 (PANTHER); IPR010061 (CDD); IPR016161 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006082; P:GO:0006139; P:GO:0006206; P:GO:0006208; P:GO:0006520; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009056; P:GO:0009081; P:GO:0009112; P:GO:0009987; P:GO:0016054; P:GO:0019752; P:GO:0034641; P:GO:0043436; P:GO:0044237; P:GO:0044238; P:GO:0044248; P:GO:0044270;	P:organic acid metabolic process; P:nucleobase-containing compound metabolic process; P:pyrimidine nucleobase metabolic process; P:pyrimidine nucleobase catabolic process; P:amino acid metabolic process; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:catabolic process; P:branched-chain amino acid metabolic process; P:nucleobase metabolic process; P:cellular process; P:organic acid catabolic process; P:carboxylic acid metabolic process; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:oxoacid metabolic process; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:cellular catabolic process; P:cellular nitrogen compound catabolic process; P:small molecule metabolic process; P:small molecule compound catabolic process	

			P:GO:0044281; P:GO:0044282; P:GO:0046395; P:GO:0046483; P:GO:0046700; P:GO:0055086; P:GO:0071704; P:GO:0072527; P:GO:1901360; P:GO:1901361; P:GO:1901564; P:GO:1901565; P:GO:1901575; P:GO:1901605; F:GO:0003824; F:GO:0004491; F:GO:0016491; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005739; C:GO:0016020; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0110165	catabolic process; P:carboxylic acid catabolic process; P:heterocycle metabolic process; P:heterocycle catabolic process; P:nucleobase-containing small molecule metabolic process; P:organic substance metabolic process; P:pyrimidine-containing compound metabolic process; P:organic cyclic compound metabolic process; P:organic cyclic compound catabolic process; P:organonitrogen compound metabolic process; P:organonitrogen compound catabolic process; P:organic substance catabolic process; P:alpha-amino acid metabolic process; F:catalytic activity; F:methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase (acylating) activity; F:oxidoreductase activity; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:mitochondrion; C:membrane; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:cellular anatomical entity
498	achio.v30102340	IPR011765 (PFAM); PTHR11851 (PANTHER); IPR011249 (SUPERFAMILY)	F:GO:0046872; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005739; C:GO:0016020; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0110165	F:metal ion binding; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:mitochondrion; C:membrane; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:cellular anatomical entity
3014	achio.v30102360	IPR022812 (PRINTS); G3DSA:1.20.120.1240:FF:000013 (FUNFAM); G3DSA:1.20.120.1240:FF:000018 (FUNFAM); G3DSA:3.40.50.300:FF:001027 (FUNFAM); IPR045063 (PFAM); IPR000375 (PFAM); IPR003130 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb- lite (MOBIDB_LITE); IPR022812 (PANTHER); IPR030381 (PROSITE_PROFILES); IPR020850	P:GO:0000266; P:GO:0006996; P:GO:0007005; P:GO:0007031; P:GO:0009987; P:GO:0016043; P:GO:0048285; P:GO:0071840; F:GO:0003824; F:GO:0003924; F:GO:0005488; F:GO:0005515; F:GO:0005525; F:GO:0008017; F:GO:0008092; F:GO:0015631; F:GO:0016462; F:GO:0016787; F:GO:0016817; F:GO:0016818; F:GO:0017111; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005739;	P:mitochondrial fission; P:organelle organization; P:mitochondrion organization; P:peroxisome organization; P:cellular process; P:cellular component organization; P:organelle fission; P:cellular component organization or biogenesis; F:catalytic activity; F:GTPase activity; F:binding; F:protein binding; F:GTP binding; F:microtubule binding; F:cytoskeletal protein binding; F:tubulin binding; F:pyrophosphatase activity; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on acid anhydrides; F:hydrolase activity, acting on acid anhydrides, in phosphorus-containing anhydrides; F:ribonucleoside triphosphate phosphatase activity; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:mitochondrion; C:peroxisome; C:cytoskeleton; C:microtubule; C:microtubule cytoskeleton; C:membrane; C:microbody; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:non-membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded

1215	achio.v30103160	IPR001245 (PFAM); PIRSR000632-2 (PIRSR); PIRSR000556-2 (PIRSR); PIRSR038189-2 (PIRSR); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR27001 (PANTHER); IPR000719 (PROSITE_PROFILES); IPR011009 (SUPERFAMILY)	C:GO:0071944; C:GO:0110165 P:GO:0006468; P:GO:0006793; P:GO:0006796; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009987; P:GO:0016310; P:GO:0019538; P:GO:0019538; P:GO:0036211; P:GO:0036211; P:GO:0043170; P:GO:0044237; P:GO:0044260; P:GO:0044238; P:GO:1901564; P:GO:0071704; F:GO:0005524; F:GO:0004672; C:GO:0005886; C:GO:0071944; C:GO:0110165	P:protein phosphorylation; P:phosphorus metabolic process; P:phosphate-containing compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:cellular process; P:phosphorylation; P:protein metabolic process; P:protein metabolic process; P:protein modification process; P:protein modification process; P:macromolecule metabolic process; P:macromolecule modification; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:obsolete cellular macromolecule metabolic process; P:organic substance metabolic process; P:organonitrogen compound metabolic process; F:protein kinase activity; F:ATP binding; C:plasma membrane; C:membrane; C:cell periphery; C:cellular anatomical entity
732	P istachio.v30103170	IPR013601 (PFAM); IPR012392 (PANTHER)	P:GO:0006633; F:GO:0016747; C:GO:0016020	P:fatty acid biosynthetic process; F:acyltransferase activity, transferring groups other than amino-acyl groups; C:membrane
1837	achio.v30103220	IPR002885 (NCBIFAM); IPR002885 (PFAM); PTHR47941 (PANTHER); IPR002885 (PROSITE_PROFILES); IPR002885 (PROSITE_PROFILES); IPR002885 (PROSITE_PROFILES)	no GO terms	no GO terms
1955	achio.v30103230	IPR002523 (PFAM); PTHR47468 (PANTHER); IPR045861 (SUPERFAMILY)	P:GO:0030001; P:GO:0055085; F:GO:0046873; C:GO:0016020	P:metal ion transport; P:transmembrane transport; F:metal ion transmembrane transporter activity; C:membrane
2399	achio.v30103240	PR00301 (PRINTS); G3DSA:3.30.420.40:FF:000004 (FUNFAM); G3DSA:3.90.640.10:FF:000003 (FUNFAM);	P:GO:0006457; P:GO:0006458; P:GO:0006950; P:GO:0006986; P:GO:0009987; P:GO:0010033; P:GO:0033554; P:GO:0034620; P:GO:0035966; P:GO:0035967;	P:protein folding; P:'de novo' protein folding; P:response to stress; P:response to unfolded protein; P:cellular process; P:response to organic substance; P:cellular response to stress; P:cellular response to unfolded protein; P:response to topologically incorrect protein; P:cellular response to topologically incorrect protein; P:response to chemical; P:response to stimulus; P:chaperone cofactor-

		G3DSA:3.30.420.40:FF:000020 (FUNFAM); G3DSA:1.20.1270.10:FF:000001 (FUNFAM); G3DSA:2.60.34.10:FF:000014 (FUNFAM); IPR013126 (PFAM); IPR012725 (NCBIFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); IPR013126 (PANTHER); IPR012725 (HAMAP); cd11733 (CDD); IPR029047 (SUPERFAMILY); IPR043129 (SUPERFAMILY); IPR043129 (SUPERFAMILY); IPR029048 (SUPERFAMILY)	P:GO:0042221; P:GO:0050896; P:GO:0051085; P:GO:0051716; P:GO:0061077; P:GO:0070887; P:GO:0071310; F:GO:0000166; F:GO:0003824; F:GO:0005488; F:GO:0005515; F:GO:0005524; F:GO:0016462; F:GO:0016787; F:GO:0016817; F:GO:0016818; F:GO:0016887; F:GO:0017076; F:GO:0017111; F:GO:0031072; F:GO:0032553; F:GO:0032555; F:GO:0035639; F:GO:0036094; F:GO:0043167; F:GO:0043168; F:GO:0051082; F:GO:0051787; F:GO:0097159; F:GO:0097367; F:GO:0140657; F:GO:0140662; F:GO:1901265; F:GO:1901363; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005739; C:GO:0016020; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0110165	dependent protein refolding; P:cellular response to stimulus; P:chaperone-mediated protein folding; P:cellular response to chemical stimulus; P:cellular response to organic substance; F:nucleotide binding; F:catalytic activity; F:binding; F:protein binding; F:ATP binding; F:pyrophosphatase activity; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on acid anhydrides; F:hydrolase activity, acting on acid anhydrides, in phosphorus-containing anhydrides; F:ATP hydrolysis activity; F:purine nucleotide binding; F:ribonucleoside triphosphate phosphatase activity; F:heat shock protein binding; F:ribonucleotide binding; F:purine ribonucleotide binding; F:purine ribonucleoside triphosphate binding; F:small molecule binding; F:ion binding; F:anion binding; F:unfolded protein binding; F:misfolded protein binding; F:organic cyclic compound binding; F:carbohydrate derivative binding; F:ATP-dependent activity; F:ATP-dependent protein folding chaperone; F:nucleoside phosphate binding; F:heterocyclic compound binding; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:mitochondrion; C:membrane; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:cellular anatomical entity
4092	achio.v30103250	IPR007015 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE)	P:GO:0006355; F:GO:0003677; F:GO:0008134; C:GO:0005622; C:GO:0005634; C:GO:0005730; C:GO:0016020; C:GO:0031974; C:GO:0031981; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043228; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0043232; C:GO:0043233; C:GO:0070013; C:GO:0110165	P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA binding; F:transcription factor binding; C:intracellular anatomical structure; C:nucleus; C:nucleolus; C:membrane; C:membrane-enclosed lumen; C:nuclear lumen; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:non-membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:intracellular non-membrane-bounded organelle; C:organelle lumen; C:intracellular organelle lumen; C:cellular anatomical entity

1194	achio.v30103290	(MOBIDB_LITE); IPR007015 (PANTHER); IPR016024 (SUPERFAMILY)	G3DSA:3.40.50.1240:FF:000066 (FUNFAM); IPR013078 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb- lite (MOBIDB_LITE); PTHR48100 (PANTHER); IPR013078 (CDD); IPR029033 (SUPERFAMILY)	F:GO:0003824; F:GO:0016787; F:GO:0016788; F:GO:0016791; F:GO:0042578; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0110165	F:catalytic activity; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on ester bonds; F:phosphatase activity; F:phosphoric ester hydrolase activity; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:cellular anatomical entity
871	achio.v30103330	G3DSA:2.170.150.20:FF:0000 09 (FUNFAM); IPR002579 (PFAM); IPR002579 (NCBIFAM); IPR028427 (PANTHER); IPR002579 (PROSITE_PROFILES); IPR011057 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006979; P:GO:0030091; F:GO:0016671; F:GO:0033743	P:response to oxidative stress; P:protein repair; F:oxidoreductase activity, acting on a sulfur group of donors, disulfide as acceptor; F:peptide- methionine (R)-S-oxide reductase activity	
1221	achio.v30103490	IPR002110 (PFAM); IPR002110 (PFAM); IPR026961 (PFAM); PTHR24186 (PANTHER); PS50297 (PROSITE_PROFILES); IPR002110 (PROSITE_PROFILES); PS50297 (PROSITE_PROFILES); IPR002110 (PROSITE_PROFILES); IPR036770 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006470; P:GO:0006793; P:GO:0006796; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009987; P:GO:0016311; P:GO:0019220; P:GO:0019222; P:GO:0019538; P:GO:0019538; P:GO:0031323; P:GO:0031399; P:GO:0035303; P:GO:0035304; P:GO:0036211; P:GO:0036211; P:GO:0043170; P:GO:0043412; P:GO:0044237; P:GO:0044238; P:GO:0044260; P:GO:0050789; P:GO:0050794; P:GO:0051171; P:GO:0051174; P:GO:0051246; P:GO:0051246; P:GO:0060255; P:GO:0065007;	P:protein dephosphorylation; P:phosphorus metabolic process; P:phosphate-containing compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:cellular process; P:dephosphorylation; P:regulation of phosphate metabolic process; P:regulation of metabolic process; P:protein metabolic process; P:protein metabolic process; P:regulation of cellular metabolic process; P:regulation of protein modification process; P:regulation of dephosphorylation; P:regulation of protein dephosphorylation; P:protein modification process; P:protein modification process; P:macromolecule metabolic process; P:macromolecule modification; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:obsolete cellular macromolecule metabolic process; P:regulation of biological process; P:regulation of cellular process; P:regulation of nitrogen compound metabolic process; P:regulation of phosphorus metabolic process; P:regulation of protein metabolic process; P:regulation of protein metabolic process; P:regulation of macromolecule metabolic process; P:biological regulation; P:organic substance metabolic process; P:regulation of primary	

			P:GO:0071704; P:GO:0080090; P:GO:1901564; F:GO:0003824; F:GO:0004721; F:GO:0005488; F:GO:0005515; F:GO:0008157; F:GO:0016787; F:GO:0016788; F:GO:0016791; F:GO:0019208; F:GO:0019888; F:GO:0019899; F:GO:0019902; F:GO:0019903; F:GO:0030234; F:GO:0042578; F:GO:0098772; F:GO:0140096; C:GO:0005886; C:GO:0016020; C:GO:0071944; C:GO:0110165	metabolic process; P:organonitrogen compound metabolic process; F:catalytic activity; F:phosphoprotein phosphatase activity; F:binding; F:protein binding; F:protein phosphatase 1 binding; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on ester bonds; F:phosphatase activity; F:phosphatase regulator activity; F:protein phosphatase regulator activity; F:enzyme binding; F:phosphatase binding; F:protein phosphatase binding; F:enzyme regulator activity; F:phosphoric ester hydrolase activity; F:molecular function regulator activity; F:catalytic activity, acting on a protein; C:plasma membrane; C:membrane; C:cell periphery; C:cellular anatomical entity
1519	achio.v30103720	IPR002312 (PRINTS); IPR004524 (NCBIFAM); IPR004364 (PFAM); IPR029351 (PFAM); PTHR22594 (PANTHER); IPR004524 (HAMAP); IPR006195 (PROSITE_PROFILES); IPR047090 (CDD); IPR045864 (SUPERFAMILY); IPR004115 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006082; P:GO:0006139; P:GO:0006399; P:GO:0006412; P:GO:0006414; P:GO:0006418; P:GO:0006518; P:GO:0006520; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009058; P:GO:0009059; P:GO:0009987; P:GO:0010467; P:GO:0016070; P:GO:0019538; P:GO:0019538; P:GO:0019752; P:GO:0034641; P:GO:0034645; P:GO:0034660; P:GO:0043043; P:GO:0043170; P:GO:0043436; P:GO:0043603; P:GO:0043604; P:GO:0044237; P:GO:0044238; P:GO:0044249; P:GO:0044260; P:GO:0044271; P:GO:0044281; P:GO:0046483; P:GO:0071704; P:GO:0090304; P:GO:1901360; P:GO:1901564;	P:organic acid metabolic process; P:nucleobase-containing compound metabolic process; P:rRNA metabolic process; P:translation; P:translational elongation; P:rRNA aminoacylation for protein translation; P:peptide metabolic process; P:amino acid metabolic process; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:biosynthetic process; P:macromolecule biosynthetic process; P:cellular process; P:gene expression; P:rRNA metabolic process; P:protein metabolic process; P:protein metabolic process; P:carboxylic acid metabolic process; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:obsolete cellular macromolecule biosynthetic process; P:ncRNA metabolic process; P:peptide biosynthetic process; P:macromolecule metabolic process; P:oxoacid metabolic process; P:amide metabolic process; P:amide biosynthetic process; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:cellular biosynthetic process; P:obsolete cellular macromolecule metabolic process; P:cellular nitrogen compound biosynthetic process; P:small molecule metabolic process; P:heterocycle metabolic process; P:organic substance metabolic process; P:nucleic acid metabolic process; P:organic cyclic compound metabolic process; P:organonitrogen compound metabolic process; P:organonitrogen compound biosynthetic process; P:organic substance biosynthetic process; F:nucleotide binding; F:aminoacyl-tRNA

			F:GO:0003676; F:GO:0003677; F:GO:0003682; F:GO:0005488; F:GO:0097159; F:GO:1901363; C:GO:0005622; C:GO:0005634; C:GO:0016020; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0110165	macromolecule biosynthetic process; P:regulation of RNA biosynthetic process; F:nucleic acid binding; F:DNA binding; F:chromatin binding; F:binding; F:organic cyclic compound binding; F:heterocyclic compound binding; C:intracellular anatomical structure; C:nucleus; C:membrane; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:cellular anatomical entity
1615	achio.v30104090	IPR008479 (PFAM); PTHR33598 (PANTHER); IPR001623 (CDD); IPR036869 (SUPERFAMILY)	no GO terms	no GO terms
1185	achio.v30104580	IPR041562 (PFAM); IPR001208 (PFAM); IPR033762 (PFAM); IPR031327 (PANTHER); IPR001208 (PROSITE_PROFILES); IPR012340 (SUPERFAMILY)	P:GO:0000724; P:GO:0000725; P:GO:0000727; P:GO:0006139; P:GO:0006259; P:GO:0006260; P:GO:0006261; P:GO:0006270; P:GO:0006281; P:GO:0006302; P:GO:0006310; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0006950; P:GO:0006974; P:GO:0008152; P:GO:0009058; P:GO:0009059; P:GO:0009987; P:GO:0018130; P:GO:0019438; P:GO:0032508; P:GO:0033554; P:GO:0034641; P:GO:0034645; P:GO:0034654; P:GO:0043170; P:GO:0044237; P:GO:0044238; P:GO:0044249; P:GO:0044260; P:GO:0044271; P:GO:0046483; P:GO:0050896; P:GO:0051716; P:GO:0071704; P:GO:0071897; P:GO:0090304; P:GO:1901360; P:GO:1901362;	P:double-strand break repair via homologous recombination; P:recombinational repair; P:double-strand break repair via break-induced replication; P:nucleobase-containing compound metabolic process; P:DNA metabolic process; P:DNA replication; P:DNA-templated DNA replication; P:DNA replication initiation; P:DNA repair; P:double-strand break repair; P:DNA recombination; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:response to stress; P:DNA damage response; P:metabolic process; P:biosynthetic process; P:macromolecule biosynthetic process; P:cellular process; P:heterocycle biosynthetic process; P:aromatic compound biosynthetic process; P:DNA duplex unwinding; P:cellular response to stress; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:obsolete cellular macromolecule biosynthetic process; P:nucleobase-containing compound biosynthetic process; P:macromolecule metabolic process; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:cellular biosynthetic process; P:obsolete cellular macromolecule metabolic process; P:cellular nitrogen compound biosynthetic process; P:heterocycle metabolic process; P:response to stimulus; P:cellular response to stimulus; P:organic substance metabolic process; P:DNA biosynthetic process; P:nucleic acid metabolic process; P:organic cyclic compound metabolic process; P:organic cyclic compound biosynthetic process; P:organic substance biosynthetic process; F:nucleic acid binding; F:DNA binding; F:DNA

			P:GO:1901576; F:GO:0003676; F:GO:0003677; F:GO:0003678; F:GO:0003697; F:GO:0003824; F:GO:0004386; F:GO:0005488; F:GO:0005524; F:GO:0008094; F:GO:0016462; F:GO:0016787; F:GO:0016817; F:GO:0016818; F:GO:0016887; F:GO:0017111; F:GO:0043138; F:GO:0097159; F:GO:0140097; F:GO:0140640; F:GO:0140657; F:GO:1901363; C:GO:0005622; C:GO:0005634; C:GO:0016020; C:GO:0032991; C:GO:0042555; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0097373; C:GO:0110165	helicase activity; F:single-stranded DNA binding; F:catalytic activity; F:helicase activity; F:binding; F:ATP binding; F:ATP-dependent activity, acting on DNA; F:pyrophosphatase activity; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on acid anhydrides; F:hydrolase activity, acting on acid anhydrides, in phosphorus-containing anhydrides; F:ATP hydrolysis activity; F:ribonucleoside triphosphate phosphatase activity; F:3'-5' DNA helicase activity; F:organic cyclic compound binding; F:catalytic activity, acting on DNA; F:catalytic activity, acting on a nucleic acid; F:ATP-dependent activity; F:heterocyclic compound binding; C:intracellular anatomical structure; C:nucleus; C:membrane; C:protein-containing complex; C:MCM complex; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:MCM core complex; C:cellular anatomical entity
1355	achio.v30105960	IPR007248 (PFAM); (PANTHER)	C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0016020; C:GO:0110165	C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:membrane; C:cellular anatomical entity
1822	achio.v30106000	G3DSA:1.20.1740.10:FF:0000 41 (FUNFAM); PIRSF006060 (PIRSF); IPR002293 (PFAM); IPR044566 (PANTHER)	P:GO:0055085; F:GO:0022857; C:GO:0016020	P:transmembrane transport; F:transmembrane transporter activity; C:membrane
2049	achio.v30106030	IPR001607 (PFAM); PIRSR016308-3 (PIRSR); PTHR47665 (PANTHER); IPR001607 (PROSITE_PROFILES); IPR001607 (PROSITE_PROFILES); IPR001607 (PROSITE_PROFILES); IPR001607 (PROSITE_PROFILES); IPR001607 (PROSITE_PROFILES);	F:GO:0008270	F:zinc ion binding

		SSF57850 (SUPERFAMILY); SSF57850 (SUPERFAMILY); SSF57850 (SUPERFAMILY); SSF57850 (SUPERFAMILY); SSF57850 (SUPERFAMILY)			
463	achio.v30106040	mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR37249 (PANTHER)	no GO terms	no GO terms	
647	achio.v30106240	IPR001607 (PFAM); PIRSR016308-3 (PIRSR); PTHR47665 (PANTHER); IPR001607 (PROSITE_PROFILES); SSF57850 (SUPERFAMILY)	F:GO:0008270	F:zinc ion binding	
463	achio.v30106260	mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR37249 (PANTHER)	no GO terms	no GO terms	
2408	achio.v30106270	IPR007573 (PFAM); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); mobdb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR31807 (PANTHER)	P:GO:0000226; P:GO:0006996; P:GO:0007010; P:GO:0007017; P:GO:0007049; P:GO:0007051; P:GO:0007098; P:GO:0009987; P:GO:0016043; P:GO:0022402; P:GO:0022607; P:GO:0031023; P:GO:0044085; P:GO:0051225; P:GO:0070925; P:GO:0071840; P:GO:0140694; F:GO:0005488; F:GO:0005515; F:GO:0008017; F:GO:0008092; F:GO:0015631; C:GO:0005622; C:GO:0005634;	P:microtubule cytoskeleton organization; P:organelle organization; P:cytoskeleton organization; P:microtubule-based process; P:cell cycle; P:spindle organization; P:centrosome cycle; P:cellular process; P:cellular component organization; P:cell cycle process; P:cellular component assembly; P:microtubule organizing center organization; P:cellular component biogenesis; P:spindle assembly; P:organelle assembly; P:cellular component organization or biogenesis; P:non-membrane-bounded organelle assembly; F:binding; F:protein binding; F:microtubule binding; F:cytoskeletal protein binding; F:tubulin binding; C:intracellular anatomical structure; C:nucleus; C:cytoplasm; C:centrosome; C:centriole; C:microtubule organizing center; C:cytoskeleton; C:microtubule; C:microtubule cytoskeleton; C:membrane; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:non-membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle;	

				C:GO:0005737; C:GO:0005813; C:GO:0005814; C:GO:0005815; C:GO:0005856; C:GO:0005874; C:GO:0015630; C:GO:0016020; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043228; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0043232; C:GO:0099080; C:GO:0099081; C:GO:0099512; C:GO:0099513; C:GO:0110165	C:intracellular membrane-bounded organelle; C:intracellular non-membrane-bounded organelle; C:supramolecular complex; C:supramolecular polymer; C:supramolecular fiber; C:polymeric cytoskeletal fiber; C:cellular anatomical entity
881	achio.v30106440	IPR004883 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR31304 (PANTHER); IPR004883 (PROSITE_PROFILES)	P:GO:0008152; P:GO:0010467; P:GO:0010468; P:GO:0019222; P:GO:0043170; P:GO:0050789; P:GO:0060255; P:GO:0065007; P:GO:0071704	P:metabolic process; P:gene expression; P:regulation of gene expression; P:regulation of metabolic process; P:macromolecule metabolic process; P:regulation of biological process; P:regulation of macromolecule metabolic process; P:biological regulation; P:organic substance metabolic process	
1224	achio.v30106780	IPR007881 (PFAM); IPR007881 (PANTHER)	C:GO:0000139; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005773; C:GO:0005794; C:GO:0005886; C:GO:0012505; C:GO:0016020; C:GO:0016020; C:GO:0030173; C:GO:0031090; C:GO:0031224; C:GO:0031300; C:GO:0031301; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0071944; C:GO:0098588; C:GO:0110165	C:Golgi membrane; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:vacuole; C:Golgi apparatus; C:plasma membrane; C:endomembrane system; C:membrane; C:membrane; C:obsolete integral component of Golgi membrane; C:organelle membrane; C:obsolete intrinsic component of membrane; C:obsolete intrinsic component of organelle membrane; C:obsolete integral component of organelle membrane; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:cell periphery; C:bounding membrane of organelle; C:cellular anatomical entity	
960	achio.v30106930	G3DSA:3.50.30.50:FF:000002 (FUNFAM); IPR007325 (PFAM); IPR007325 (PANTHER); IPR037175 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006082; P:GO:0006520; P:GO:0006576; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009056; P:GO:0009072;	P:organic acid metabolic process; P:amino acid metabolic process; P:biogenic amine metabolic process; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:catabolic process; P:aromatic amino acid metabolic process; P:aromatic amino acid family	

1086	achio.v30108290	IPR007271 (PFAM); TIGR00803 (NCBIFAM); IPR007271 (PIRSF); PIRSR000178-1 (PIRSR); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); IPR007271 (PANTHER)	P:GO:0009074; P:GO:0009308; P:GO:0009308; P:GO:0009987; P:GO:0016054; P:GO:0019439; P:GO:0019441; P:GO:0019752; P:GO:0034641; P:GO:0042180; P:GO:0043436; P:GO:0044237; P:GO:0044238; P:GO:0044248; P:GO:0044270; P:GO:0044281; P:GO:0044282; P:GO:0046395; P:GO:0046483; P:GO:0046700; P:GO:0071704; P:GO:1901360; P:GO:1901361; P:GO:1901564; P:GO:1901565; P:GO:1901575; P:GO:1901605; F:GO:0003824; F:GO:0004061; F:GO:0016787; F:GO:0016810; F:GO:0016811	P:GO:0090481; F:GO:0015165; C:GO:0000139; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005773; C:GO:0005794; C:GO:0005886; C:GO:0012505; C:GO:0016020; C:GO:0016020; C:GO:0030173; C:GO:0031090; C:GO:0031224; C:GO:0031300; C:GO:0031301; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0071944; C:GO:0098588; C:GO:0110165	catabolic process; P:amine metabolic process; P:amine metabolic process; P:cellular process; P:organic acid catabolic process; P:aromatic compound catabolic process; P:tryptophan catabolic process to kynurenine; P:carboxylic acid metabolic process; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:cellular ketone metabolic process; P:oxoacid metabolic process; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:cellular catabolic process; P:cellular nitrogen compound catabolic process; P:small molecule metabolic process; P:small molecule catabolic process; P:carboxylic acid catabolic process; P:heterocycle metabolic process; P:heterocycle catabolic process; P:organic substance metabolic process; P:organic cyclic compound metabolic process; P:organic cyclic compound catabolic process; P:organonitrogen compound metabolic process; P:organonitrogen compound catabolic process; P:organic substance catabolic process; P:alpha-amino acid metabolic process; F:catalytic activity; F:arylformamidase activity; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on carbon-nitrogen (but not peptide) bonds; F:hydrolase activity, acting on carbon-nitrogen (but not peptide) bonds, in linear amides P:pyrimidine nucleotide-sugar transmembrane transport; P:pyrimidine nucleotide-sugar transmembrane transporter activity; C:Golgi membrane; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:vacuole; C:Golgi apparatus; C:plasma membrane; C:endomembrane system; C:membrane; C:membrane; C:obsolete integral component of Golgi membrane; C:organelle membrane; C:obsolete intrinsic component of membrane; C:obsolete intrinsic component of organelle membrane; C:obsolete integral component of organelle membrane; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:cell periphery; C:bounding membrane of organelle; C:cellular anatomical entity P:transmembrane transport; F:transporter activity; F:monoatomic cation transmembrane transporter activity; F:monoatomic ion transmembrane transporter
2858	achio.v30108660	IPR003663 (PRINTS); G3DSA:1.20.1250.20:FF:000108	P:GO:0055085; F:GO:0005215; F:GO:0008324; F:GO:0015075;	P:transmembrane transport; F:transporter activity; F:monoatomic cation transmembrane transporter activity; F:monoatomic ion transmembrane transporter	

			(FUNFAM); G3DSA:1.20.1250.20:FF:000103 (FUNFAM); IPR005828 (PFAM); PTHR48020 (PANTHER); IPR020846 (PROSITE_PROFILES); IPR036259 (SUPERFAMILY)	F:GO:0015078; F:GO:0015291; F:GO:0015293; F:GO:0015294; F:GO:0015295; F:GO:0015318; F:GO:0022804; F:GO:0022853; F:GO:0022857; F:GO:0022890; C:GO:0016020	activity; F:proton transmembrane transporter activity; F:secondary active transmembrane transporter activity; F:symporter activity; F:solute:monatomic cation symporter activity; F:solute:proton symporter activity; F:inorganic molecular entity transmembrane transporter activity; F:active transmembrane transporter activity; F:active monatomic ion transmembrane transporter activity; F:transmembrane transporter activity; F:inorganic cation transmembrane transporter activity; C:membrane
1344	achio.v30108730	IPR008551 (PFAM); IPR008551 (PANTHER)		no GO terms	no GO terms
778	achio.v30108860	IPR002048 (PFAM); PTHR46212 (PANTHER); IPR002048 (PROSITE_PROFILES); cd16185 (CDD); IPR011992 (SUPERFAMILY)		F:GO:0005509	F:calcium ion binding

Ek-44. *P. terebinthus* türünde dışı okumaların olduğu bölgelerin anotasyonu

Kromozom	BIN Başlangıç	BIN Bitiş	Dışı Okuma Oranı	Erkek Okuma Oranı	Gen Kodu	Protein ID	Protein Açıklaması	Note
Pa_chr14.2	5976000	5978000	0,955354899	0,04464510102	-	-	-	-
Pa_chr14.2	5982000	5984000	0,9051456008	0,09485439921	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6074000	6076000	0,9155485712	0,08445142885	Pat1_35450	KAJ0076888.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	6124000	6126000	0,9758166143	0,02418338568	Pat1_35452	KAJ0076887.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	6126000	6128000	0,9118533135	0,08814668654	Pat1_35453	KAJ0076886.1	hypothetical protein	cys-based protein tyrosine phosphatase and dual-specificity phosphatase superfamily; cl28904
Pa_chr14.2	6856000	6858000	0,9424931392	0,05750686077	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6866000	6868000	0,9064301155	0,09356988446	-	-	-	-

Pa_chr14.2	6876000	6878000	0,9169966302	0,08300336979	-	-	Pat1_35501	KAJ0077417 .1	hypothetical protein	-	-	MEF2-like/Type II subfamily of MADS box family of eukaryotic transcriptional regulators. Binds DNA and exists as hetero and homo-dimers. Differs from SRF-like/Type I...; cd00265
Pa_chr14.2	6882000	6884000	0,924803901	0,07519609902								
Pa_chr14.2	6884000	6886000	0,9607010663	0,03929893371	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6886000	6888000	0,9907873076	0,009212692409	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6888000	6890000	0,9850102445	0,01498975552	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6890000	6892000	0,9586405909	0,04135940912	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6892000	6894000	0,9433060579	0,0566939421	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6894000	6896000	0,9632942029	0,0367057971	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6904000	6906000	0,972549587	0,02745041303	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6910000	6912000	0,9349207746	0,06507922538	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21390000	21392000	0,9462484592	0,05375154082	Pat1_35942	KAJ0076506.1	hypothetical protein					-
Pa_chr14.2	21392000	21394000	0,9030590611	0,09694093895	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21406000	21408000	0,9356622875	0,06433771252	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21408000	21410000	0,9489145933	0,05108540665	-	-	-	-	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21422000	21424000	0,9099599061	0,09004009386	Pat1_35947	KAJ0076509 .1	hypothetical protein					MADS; MCM1, Agamous, Deficiens, and SRF box family of eukaryotic transcriptional regulators. Binds DNA and exists as hetero and homo-dimers. Composed of 2 main

Pa_chr14.2	21538000	21540000	0,9186736994	0,08132630056	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21544000	21546000	0,9517237128	0,0482762872	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21546000	21548000	0,9398983543	0,06010164572	Pat1_35959	KAJ0077322.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	21562000	21564000	0,9266518726	0,0733481274	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21564000	21566000	0,9294626979	0,0705373021	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21570000	21572000	0,9097275528	0,09027244718	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21754000	21756000	0,9268211396	0,07317886041	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21758000	21760000	0,9839911175	0,01600888248	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21774000	21776000	0,9593321193	0,04066788065	Pat1_35964	KAJ0077456.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	21792000	21794000	0,9312574866	0,06874251338	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21794000	21796000	0,9255233857	0,07447661431	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21814000	21816000	0,9407660849	0,05923391505	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21816000	21818000	0,9364888749	0,06351112514	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21844000	21846000	0,905710893	0,09428910699	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21850000	21852000	0,9060789411	0,09392105893	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21852000	21854000	0,916769289	0,083230711	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21854000	21856000	0,9280220241	0,07197797586	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21856000	21858000	0,9205411041	0,07945889593	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21858000	21860000	0,9340234148	0,06597658524	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21860000	21862000	0,9082282032	0,09177179679	-	-	-	-

Pa_chr14.2	21876000	21878000	0,9258904902	0,07410950984	-	-	-	-	MADS; MCM1, Agamous, Deficiens, and SRF box family of eukaryotic transcriptional regulators. Binds DNA and exists as hetero and homo-dimers. Composed of 2 main subgroups: SRF-like/Type I and MEF2-like/ Type...; cl00109
Pa_chr14.2	21878000	21880000	0,9441608344	0,05583916563	Pat1_35968	KAJ0077461.1	hypothetical protein		
Pa_chr14.2	21882000	21884000	0,9853454343	0,01465456566	-	-	-	-	
Pa_chr14.2	21886000	21888000	0,9369597958	0,06304020421	Pat1_35969	KAJ0077460.1	hypothetical protein		cys-based protein tyrosine phosphatase and dual-specificity phosphatase superfamily; cl28904
Pa_chr14.2	21888000	21890000	0,9135788736	0,0864211264	Pat1_35969	KAJ0077460.1	hypothetical protein		cys-based protein tyrosine phosphatase and dual-specificity phosphatase superfamily; cl28904
Pa_chr14.2	21890000	21892000	0,9240199663	0,0759800337	-	-	-	-	
Pa_chr14.2	21892000	21894000	0,9060416167	0,09395838333	Pat1_35970	KAJ0076952.1	hypothetical protein		N-terminal Early set domain, a glycogen binding domain, associated with the catalytic domain of AMP-activated protein kinase beta subunit; cd02859
Pa_chr14.2	21894000	21896000	0,9207383711	0,07926162886	Pat1_35971	KAJ0076881.1	hypothetical protein		-
Pa_chr14.2	21896000	21898000	0,9135854437	0,0864145563	Pat1_35971	KAJ0076881.1	hypothetical protein		-
Pa_chr14.2	22062000	22064000	0,9007452577	0,09925474228	Pat1_35979	KAJ0076956.1	hypothetical protein		Serine carboxypeptidase; cl08270

Pa_chr14.2	22110000	22112000	0,9209818922	0,07901810778	-	-	-	-
Pa_chr14.2	22232000	22234000	0,9102279522	0,08977204779	Pat1_35983	KAJ0077170.1	hypothetical protein	Plant-specific B3-DNA binding domain; cd10017
Pa_chr14.2	22284000	22286000	0,9171736255	0,08282637446	Pat1_35989	KAJ0077172.1	hypothetical protein	-

Ek-45. *P. lentiscus* türünde EggNOG ile fonksiyonel anotasyon

ip	Protein ID	Gen Adı	EggNOG Tanımlaması	e Değeri	En İyi Tax Tahmini	E.C. Kodu	GO Sayısı	GO ID	Go Adı	KEGG KO	KEGG Pathway
KOGEN OG	pistachio.v3 0101640		Exostosin family	4,20E-19	asterids						
OGENO G	pistachio.v3 010217.0		Protein SUPPRESSOR OF	5,80E-40	Streptophyta		7	P:GO:0009910; F:GO:0003677; F:GO:0003700; P:GO:0006355; C:GO:000776; F:GO:0008017; C:GO:1990047; P:GO:0001578; P:GO:0008608; F:GO:0008270; P:GO:0046785; C:GO:0005730; C:GO:0005654; P:GO:0090307; P:GO:0007094; C:GO:0032991; P:GO:0050821	P:protein stabilization; C:kinetochore; P:mitotic spindle assembly; F:zinc ion binding; P:regulation of DNA-templated transcription; P:microtubule bundle formation; F:DNA binding; C:spindle matrix; F:DNA-binding transcription factor activity; P:mitotic spindle assembly checkpoint signaling; P:microtubule polymerization; P:attachment of spindle microtubules to kinetochore; P:negative regulation of flower development; C:protein-containing complex; C:nucleolus; C:nucleoplasm; F:microtubule binding		

OG,KOG, ENOG	pistachio.v3 0102340		Belongs to the peptidase M16 family	5.10E-23	Streptophyta	C:1.8.5 .7; EC:3.4 .24.64	4	F:GO:0005524; F:GO:0004222; P:GO:0009651; P:GO:0006627; P:GO:0009735; C:GO:0005750; F:GO:0008270; P:GO:0044237; C:GO:0005741; C:GO:0005774; P:GO:0015833; C:GO:0005758; C:GO:0009507; C:GO:0005759	C:mitochondrial outer membrane; P:response to cytokinin; P:peptide transport; F:zinc ion binding; P:cellular metabolic process; P:protein processing involved in protein targeting to mitochondrion; P:response to salt stress; C:mitochondrial respiratory chain complex III; F:metalloendopeptidase activity; C:chloroplast; C:vacuolar membrane; C:mitochondrial matrix; C:mitochondrial intermembrane space; F:ATP binding	K01412,K07393,K21767	
OG,KOG, ENOG	pistachio.v3 0102470		GATA transcription factor	3.70E-109	fabids			P:GO:0010628; P:GO:0030154; C:GO:0005667; C:GO:0005634; F:GO:0000977; F:GO:0001228; F:GO:0003682; F:GO:0061629; P:GO:0045944	C:transcription regulator complex; P:cell differentiation; C:nucleus; F:RNA polymerase II transcription; regulatory region sequence-specific DNA binding; P:positive regulation of transcription by RNA polymerase II; F:RNA polymerase II-specific DNA-binding transcription factor binding; F:DNA-binding transcription activator activity, RNA polymerase II-specific; F:chromatin binding; P:positive regulation of gene expression		
OG,KOG, ENOG	pistachio.v3 0102830		Transcription initiation factor TFIID subunit		Streptophyta		4	F:GO:0004402; C:GO:0016020; F:GO:0003712; P:GO:0051123; P:GO:0010628; P:GO:0051276; F:GO:0017025;	F:histone acetyltransferase activity; F:transcription coregulator activity; P:DNA-mediated transformation; C:membrane; P:response to light stimulus; P:histone acetylation; P:RNA polymerase II preinitiation complex assembly; C:transcription factor TFIID complex; P:chromatin organization; F:sequence-specific DNA binding; P:chromosome organization; F:TBP-class protein binding;	K03125	map03022

									P:GO:0042790; P:GO:0045892; F:GO:0008134; C:GO:0005737; P:GO:2000210; P:GO:0032922; F:GO:0000182								
OG,KOG, ENOG	pistachio.v3 0103490		ankyrin repeat-containing protein	4.00E-61	Streptophyta				C:GO:0005886	C:plasma membrane							
OG,KOG, ENOG	pistachio.v3 0103720		synthetase	4.60E-242	Streptophyta	C:2.7.1 .134; EC:6.1 .1.12; EC:2.7 .1.159		C:GO:0016020; C:GO:0009507; C:GO:0005739	C:membrane; C:mitochondrion; C:chloroplast	K00913,K01876				map00562, map00970, map01100, map04070			
OG,KOG, ENOG	pistachio.v3 0104580	MC M5	DNA replication initiation	1.80E-135	Streptophyta	C:3.6.4 .12		P:GO:0006268; P:GO:0030174; C:GO:0000347; C:GO:0000785; C:GO:0005737; C:GO:0042555; P:GO:0010556; P:GO:0031326	C:chromatin; P:regulation of macromolecule biosynthetic process; C:THO complex; P:regulation of DNA-templated DNA replication initiation; P:regulation of cellular biosynthetic process; C:cytoplasm; C:MCM complex; P:DNA unwinding involved in DNA replication	K02209,K11592			map03030, map04110, map04111, map04113, map05206				
OG,KOG, ENOG	pistachio.v3 0106030		histone deacetylase	2.00E-246	fabids												
	pistachio.v3		Protein	1.10E-92	Brassicales												

106	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077417.1	20	3,07E-66	85,69	5	P:GO:0045944; F:GO:0000977; F:GO:0003700; F:GO:0046983; C:GO:0005634	P:positive regulation of transcription by RNA polymerase II; F:RNA polymerase II transcription regulatory region sequence- specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:protein dimerization activity; C:nucleus		
7	NO-BLAST	KAJ0076506.1								
119	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076509.1	20	5,41E-73	74,03	1	F:GO:0005488	F:binding		
166	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077330.1	20	2,75E-118	65,53	1	F:GO:0016791	F:phosphatase activity	EC:3.1.3	Acting on ester bonds
122	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077326.1	20	1,31E-88	94,93	1	C:GO:0009507	C:chloroplast		
147	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077322.1	20	9,20E-92	90,84	1	C:GO:0009507	C:chloroplast		
191	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077456.1	20	1,78E-124	85,55	3	P:GO:0016310; F:GO:0016301; C:GO:0009507	P:phosphorylation; F:kinase activity; C:chloroplast	EC:2.7	Transferring phosphorus-containing groups
133	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077461.1	20	3,76E-82	82,48	5	P:GO:0045944; F:GO:0000977; F:GO:0003700; F:GO:0046983; C:GO:0005634	P:positive regulation of transcription by RNA polymerase II; F:RNA polymerase II transcription regulatory region sequence- specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:protein dimerization activity; C:nucleus		

278	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077460.1	20	4,87E-197	80,29	3	P:GO:0016311; F:GO:0016314; C:GO:0005829	P:dephosphorylation; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase activity; C:cytosol	EC:3.1.3.67	Phosphatidylinositol-3,4,5- trisphosphate 3-phosphatase
130	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076952.1	20	3,52E-90	96,13	1	C:GO:0009507	C:chloroplast		
183	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076881.1	20	2,02E-117	89,21	1	C:GO:0009507	C:chloroplast		
34	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076956.1	20	1,71E-15	92,35	3	P:GO:0006508; F:GO:0004185; C:GO:0016020	P:proteolysis; F:serine-type carboxypeptidase activity; C:membrane	EC:3.4.16	Acting on peptide bonds (peptidases)
168	BLASTED	KAJ0077170.1	20	1,79E-124	74,17					
58	BLASTED	KAJ0077172.1	1	4,72E-30	96,55					

Ek-47. P. terebinthus türünde InterPro veritabanı kullanılarak yapılmış fonksiyonel anotasyon

Uzunlu k	Protein ID	InterPro ID	InterPro GO ID	Interpro Go Adı
107	KAJ0076888.1	no IPS match	no IPS match	no IPS match
40	KAJ0076887.1	no IPS match	no IPS match	no IPS match
139	KAJ0076886.1	PTHR12305 (PANTHER); IPR029021 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006793; P:GO:0008152; P:GO:0016311; F:GO:0003824; F:GO:0016788; F:GO:0042578; C:GO:0005737; C:GO:0110165	P:phosphorus metabolic process; P:phosphate-containing compound metabolic process; P:metabolic process; P:phosphorus metabolic process; P:dephosphorylation; P:cellular metabolic process; F:catalytic activity; F:hydrolase F:GO:0016787; P:cellular process; P:dephosphorylation; P:cellular metabolic process; F:catalytic activity; F:hydrolase F:GO:0016791; activity; F:hydrolase activity, acting on ester bonds; F:phosphatase activity; F:phosphoric ester hydrolase C:GO:0005622; activity; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:cytosol; C:cellular anatomical entity C:GO:0005829;

			P:GO:0006139; P:GO:0006355; P:GO:0006366; P:GO:0006807; P:GO:0009058; P:GO:0009889; P:GO:0010467; P:GO:0010556; P:GO:0018130; P:GO:0019222; P:GO:0031323; P:GO:0032774; P:GO:0034645; P:GO:0043170; P:GO:0044238; P:GO:0044260; P:GO:0045944; P:GO:0050789; P:GO:0051171; P:GO:0060255; P:GO:0071704; P:GO:0090304; P:GO:1901360; P:GO:1901576; P:GO:2000112; F:GO:0000976; F:GO:0000978; F:GO:0000987; F:GO:0003676; F:GO:0003690; F:GO:0005488; F:GO:0046983; F:GO:0140110; F:GO:1990837		P:GO:0006351; P:GO:0006357; P:GO:0006725; P:GO:0008152; P:GO:0009059; P:GO:0009889; P:GO:0010467; P:GO:0010556; P:GO:0018130; P:GO:0019438; P:GO:0031326; P:GO:0031323;	P:nucleobase-containing compound metabolic process; P:DNA-templated transcription; P:regulation of DNA-templated transcription; P:regulation of transcription by RNA polymerase II; P:transcription by RNA polymerase II; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:biosynthetic process; P:macromolecule biosynthetic process; P:regulation of biosynthetic process; P:cellular process; P:gene expression; P:regulation of gene expression; P:regulation of macromolecule biosynthetic process; P:RNA metabolic process; P:heterocycle biosynthetic process; P:regulation of nucleobase-containing compound metabolic process; P:regulation of cellular metabolic process; P:aromatic compound biosynthetic process; P:regulation of cellular metabolic process; P:regulation of cellular biosynthetic process; P:RNA biosynthetic process; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:obsolete cellular macromolecule biosynthetic process; P:nucleobase-containing compound biosynthetic process; P:macromolecule metabolic process; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:cellular biosynthetic process; P:obsolete cellular macromolecule metabolic process; P:cellular nitrogen compound biosynthetic process; P:positive regulation of transcription by RNA polymerase II; P:heterocycle metabolic process; P:regulation of biological process; P:regulation of cellular process; P:regulation of nitrogen compound metabolic process; P:regulation of RNA metabolic process; P:regulation of macromolecule metabolic process; P:biological regulation; P:organic substance metabolic process; P:regulation of primary metabolic process; P:nucleic acid metabolic process; P:obsolete nucleic acid-templated transcription; P:organic cyclic compound metabolic process; P:organic cyclic compound biosynthetic process; P:organic substance biosynthetic process; P:obsolete regulation of nucleic acid-templated transcription; P:obsolete regulation of cellular macromolecule biosynthetic process; P:regulation of RNA biosynthetic process; F:transcription cis-regulatory region binding; F:RNA polymerase II transcription regulatory region sequence-specific DNA binding; F:RNA polymerase II cis-regulatory region sequence-specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity, RNA polymerase II-specific; F:cis-regulatory region sequence-specific DNA binding; F:transcription regulatory region nucleic acid binding; F:nucleic acid binding; F:DNA binding; F:double-stranded DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:binding; F:sequence-specific DNA binding; F:protein dimerization activity; F:organic cyclic compound binding; F:transcription regulator activity; F:heterocyclic compound binding; F:sequence-specific double-stranded DNA binding	
7	KAJ0076506.1	no IPS match	no IPS match	no IPS match	P:GO:0006139; P:GO:0006355; P:GO:0006366; P:GO:0006807; P:GO:0009058; P:GO:0009889; P:GO:0010467; P:GO:0010556; P:GO:0018130; P:GO:0019222; P:GO:0031323;	P:GO:0006351; P:GO:0006357; P:GO:0006725; P:GO:0008152; P:GO:0009059; P:GO:0009889; P:GO:0010468; P:GO:0016070; P:GO:0019219; P:GO:0019438; P:GO:0031326; P:GO:0031323;	P:nucleobase-containing compound metabolic process; P:DNA-templated transcription; P:regulation of DNA-templated transcription; P:regulation of transcription by RNA polymerase II; P:transcription by RNA polymerase II; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:biosynthetic process; P:macromolecule biosynthetic process; P:regulation of biosynthetic process; P:cellular process; P:gene expression; P:regulation of gene expression; P:regulation of macromolecule biosynthetic process; P:RNA metabolic process; P:heterocycle biosynthetic process; P:regulation of nucleobase-containing compound metabolic process; P:regulation of cellular metabolic process; P:aromatic compound biosynthetic process; P:regulation of cellular metabolic process; P:regulation of cellular biosynthetic process; P:RNA biosynthetic process; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:obsolete cellular macromolecule biosynthetic process; P:nucleobase-containing compound biosynthetic process; P:macromolecule metabolic process; P:cellular metabolic process; P:cellular metabolic process;
16	KAJ0077417.1	IPR002100 (PRINTS); (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR033896 (CDD); IPR036879 (SUPERFAMILY)					
119	KAJ0076509.1	IPR002100 (PRINTS); (PFAM); IPR002487 (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); (PROSITE_PROFILES); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); (SUPERFAMILY)					

			P:GO:0032774; P:GO:0034645; P:GO:0043170; P:GO:0044238; P:GO:0044260; P:GO:0046483; P:GO:0050794; P:GO:0051252; P:GO:0065007; P:GO:0080090; P:GO:0097659; P:GO:1901362; P:GO:1903506; P:GO:2001141; F:GO:0000977; F:GO:0000981; F:GO:0001067; F:GO:0003677; F:GO:0003700; F:GO:0043565; F:GO:0097159; F:GO:1901363; C:GO:0005634	P:GO:0034641; P:GO:0034654; P:GO:0044237; P:GO:0044249; P:GO:0044271; P:GO:0050789; P:GO:0051171; P:GO:0060255; P:GO:0071704; P:GO:0090304; P:GO:1901360; P:GO:1901576; P:GO:2000112; F:GO:0000976; F:GO:0000978; F:GO:0000987; F:GO:0003676; F:GO:0003690; F:GO:0005488; F:GO:0046983; F:GO:0140110; F:GO:1990837; C:GO:0005829;	P:primary metabolic process; P:cellular biosynthetic process; P:obsolete cellular macromolecule metabolic process; P:cellular nitrogen compound biosynthetic process; P:heterocycle metabolic process; P:regulation of biological process; P:regulation of cellular process; P:regulation of nitrogen compound metabolic process; P:regulation of RNA metabolic process; P:regulation of macromolecule metabolic process; P:biological regulation; P:organic substance metabolic process; P:regulation of primary metabolic process; P:nucleic acid metabolic process; P:obsolete nucleic acid-templated transcription; P:organic cyclic compound metabolic process; P:organic cyclic compound biosynthetic process; P:obsolete nucleic acid-templated transcription; P:obsolete regulation of cellular macromolecule biosynthetic process; P:regulation of RNA biosynthetic process; F:transcription cis-regulatory region binding; F:RNA polymerase II transcription regulatory region sequence-specific DNA binding; F:RNA polymerase II cis-regulatory region sequence-specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity, RNA polymerase II-specific; F:transcription regulatory region sequence-specific DNA binding; F:transcription regulatory region nucleic acid binding; F:nucleic acid binding; F:DNA binding; F:double-stranded DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:binding; F:sequence-specific DNA binding; F:protein dimerization activity; F:organic cyclic compound binding; F:transcription regulator activity; F:heterocyclic compound binding; F:sequence-specific double-stranded DNA binding; C:nucleus
166	KAJ0077330.1	PTHR12305 (PANTHER)	P:GO:0006793; P:GO:0008152; P:GO:0016311; F:GO:0003824; F:GO:0016788; F:GO:0042578; C:GO:0005737; C:GO:0110165	P:GO:0006796; P:GO:0009987; P:GO:0044237; F:GO:0016787; F:GO:0016791; C:GO:0005622; C:GO:0005829;	P-phosphorus metabolic process; P:phosphate-containing compound metabolic process; P:metabolic process; P:cellular process; P:dephosphorylation; P:cellular metabolic process; F:catalytic activity; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on ester bonds; F:phosphatase activity; F:phosphoric ester hydrolase activity; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:cytosol; C:cellular anatomical entity
122	KAJ0077326.1	G3DSA:2.60.40.10:FF:001513 (FUNFAM); IPR032640 (PFAM); PTHR47342 (PANTHER); cd02859 (CDD); IPR014756 (SUPERFAMILY)	no GO terms	no GO terms	
147	KAJ0077322.1	mobdb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR47342 (PANTHER)	no GO terms	no GO terms	
191	KAJ0077456.1	PTHR47342 (PANTHER)	no GO terms	no GO terms	

133	KAJ0077461.1	IPR002100 (PRINTS); IPR002100 (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); IPR002487 (PROSITE_PROFILES); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006139; P:GO:0006355; P:GO:0006357; P:GO:0006725; P:GO:0008152; P:GO:0009059; P:GO:0009987; P:GO:0010468; P:GO:0016070; P:GO:0019219; P:GO:0019438; P:GO:001326; P:GO:0034641; P:GO:0034654; P:GO:0044237; P:GO:0044249; P:GO:0044271; P:GO:0050789; P:GO:0051171; P:GO:0060255; P:GO:0071704; P:GO:0090304; P:GO:1901360; P:GO:1901576; P:GO:2000112; F:GO:0000976; F:GO:0000978; F:GO:0000987; F:GO:0003676; F:GO:0003690; F:GO:0005488; F:GO:0046983; F:GO:0140110; F:GO:1990837; C:GO:0005634	P:nucleobase-containing compound metabolic process; P:DNA-templated transcription; P:regulation of DNA-templated transcription; P:regulation of transcription by RNA polymerase II; P:transcription by RNA polymerase II; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:biosynthetic process; P:macromolecule biosynthetic process; P:regulation of biosynthetic process; P:cellular process; P:gene expression; P:regulation of gene expression; P:regulation of macromolecule biosynthetic process; P:RNA metabolic process; P:heterocycle biosynthetic process; P:regulation of nucleobase-containing compound metabolic process; P:regulation of metabolic process; P:aromatic compound biosynthetic process; P:regulation of cellular metabolic process; P:regulation of cellular biosynthetic process; P:RNA biosynthetic process; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:obsolete cellular macromolecule biosynthetic process; P:nucleobase-containing compound biosynthetic process; P:macromolecule metabolic process; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:cellular biosynthetic process; P:obsolete cellular macromolecule metabolic process; P:cellular nitrogen compound biosynthetic process; P:heterocycle metabolic process; P:regulation of biological process; P:regulation of cellular process; P:regulation of nitrogen compound metabolic process; P:regulation of RNA metabolic process; P:regulation of macromolecule metabolic process; P:biological regulation; P:organic substance metabolic process; P:regulation of primary metabolic process; P:nucleic acid metabolic process; P:obsolete nucleic acid-templated transcription; P:organic cyclic compound metabolic process; P:organic cyclic compound biosynthetic process; P:organic substance biosynthetic process; P:obsolete regulation of nucleic acid-templated transcription; P:obsolete regulation of cellular macromolecule biosynthetic process; P:regulation of RNA biosynthetic process; F:transcription cis-regulatory region binding; F:RNA polymerase II transcription regulatory region sequence-specific DNA binding; F:RNA polymerase II cis-regulatory region sequence-specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity, RNA polymerase II-specific; F:cis-regulatory region sequence-specific DNA binding; F:transcription regulatory region nucleic acid binding; F:nucleic acid binding; F:DNA binding; F:double-stranded DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:binding; F:sequence-specific DNA binding; F:protein dimerization activity; F:organic cyclic compound binding; F:transcription regulator activity; F:heterocyclic compound binding; F:sequence-specific double-stranded DNA binding; C:nucleus
278	KAJ0077460.1	mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR12305 (PANTHER); IPR029023 (PROSITE_PROFILES); IPR029021 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006793; P:GO:0008152; P:GO:0016311; F:GO:0003824; F:GO:0016788; F:GO:0042578; C:GO:0005737; C:GO:0110165	P:phosphorus metabolic process; P:phosphate-containing compound metabolic process; P:metabolic process; P:cellular process; P:dephosphorylation; P:cellular metabolic process; F:catalytic activity; F:hydrolase activity; F:hydrolase activity, acting on ester bonds; F:phosphatase activity; F:phosphoric ester hydrolase activity; C:intracellular anatomical structure; C:cytoplasm; C:cytosol; C:cellular anatomical entity
130	KAJ0076952.1	G3DSA:2.60.40.10:FF:001513(FUNFA M); IPR032640 (PFAM); PTHR47342 (PANTHER); cd02859 (CDD); IPR014756 (SUPERFAMILY)	no GO terms	no GO terms

183	KAJ0076881.1	mobidb-lite PTHR47342 (PANTHER)	(MOBIDB_LITE);	no GO terms	no GO terms
34	KAJ0076956.1	no IPS match		no IPS match	no IPS match
168	KAJ0077170.1	IPR003340 (PFAM); PANTHER); IPR003340 (PROSITE PROFILES); IPR003340 (CDD); IPR015300 (SUPERFAMILY); IPR015300 (SUPERFAMILY)	F:GO:0003677	F:DNA binding	
58	KAJ0077172.1	no IPS match		no IPS match	no IPS match

Ek-48. *P. terebinthus* EggNOG ile fonksiyonel anotasyon

ip	G e n A d i	EggNO G Tanımla ması	e D iğ Tax er Tah i mini	En İyi Tax Tah i mini	E.C. Kod u	G O S a y s ı	O ID	o Adı	KEGG KOD	KEGG Pathway
ENOG			0,0 Streptophyta							
COG, KOG, ENOG	Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-1,2 phosphate and dual-specific protein phosphatase		EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	Streptophyta	EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	2	F:GO:0051800; P:GO:0007188; P:GO:0030041; P:GO:0031152;	C:cell cortex of cell tip; C:cell trailing edge membrane ; P:protein localization to uterod; P:regulati	K01110, K03065	map00562, map01521, map03050, map04068, map04070, map04115, map04140, map04150, map04151, map04212, map04218, map04510, map04931, map05161, map05165, map05169, map05200, map05206, map05213, map05214, map05215, map05222, map05224, map05225, map05230

5; P:GO: 000028	on of cell
1; C:GO: 199075	morphoge
3; P:GO: 005167	nesis;
4; C:GO: 000193	P:response
1; P:GO: 000965	to salt
0; P:GO: 004332	stress;
7; F:GO: 000472	C:uropodi;
5; P:GO: 004685	P:G
6; P:GO: 003605	protein-
2; C:GO: 003125	coupled
7; P:GO: 001406	receptor
5; P:GO: 004576	signaling
1; P:GO: 004887	C:equatori
0; C:GO: 005128	al cell
5; P:GO: 005128	cortex;
	F:phospha
	tidylinosit
	ol-3,4,5-
	trispheph

[illegible]

