ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ

FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

P. atlantica'da Cinsiyet Spesifik DNA Dizilerinin Belirlenmesi

Burak ÖZGÖREN

Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Ağustos, 2023

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZ ONAYI

P. atlantica'da Cinsiyet Spesifik DNA Dizilerinin Belirlenmesi

---

Burak ÖZGÖREN

Biyoteknoloji Anabilim Dalı

Bu Yüksek Lisans Tezi 07/08/2023 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 .....…….....

: Doç. Dr. Hayat TOPÇU .....…….....

Bu Tez Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoteknoloji Anabilim Dalında Hazırlanmıştır.

Tez No:

Prof. Dr. Sadık DİNÇER
Enstitü Müdürü

Bu çalışma TUBİTAK ve Çukurova Üniversitesi Rektörlüğü Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi Tarafından Desteklenmiştir.
Tubitak Proje No: 219O267
Ç.Ü. BAP Proje No: FBA-2023-12968

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 VI
1. GİRİŞ 1
2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR 5
3. MATERYAL VE METOT 9
3.1. Materyal 9
3.1.1. Yüksek Performanslı Hesaplama Bilgisayarı 9
3.1.2. Sekans Verisi ve Bitki Materyali 9
3.2. Metot 11
3.2.1. DNA İzolasyonu 11
3.2.2. Biyoinformatik Analizler 11
4. BULGULAR VE TARTIŞMA 19
4.1. Kalite Kontrolü ve Filtrelemesi 19
4.2. P.vera Genomuna Hizalanan Okumaların Biyoinformatik Analiz Sonuçları 20
4.2.1. Siirt çeşidi referans genomu kullanılarak elde edilen analiz sonuçları 20
4.2.2. Bağyolu Çeşidi Referans Genomu Kullanılarak Elde Edilen Analiz Sonuçları 23
4.2.3. Linux İşletim Sisteminde Elde Edilen Verilerin Genom Anotasyon Sonuçları 26
4.2.4 Windows İşletim Sisteminde Elde Edilen Verilerin Genom Anotasyon Sonuçla 28
4.3. P. atlantica Türünde Cinsiyet İle Bağlantılı Lokusların Validasyonu 29
4.4. P. atlantica Genomuna Hizalanan Okumaların Biyoinformatik Analiz Sonuçları 30
4.4.1 Dişi Spesifik Lokusların Belirlenmesi 30
4.4.2 Dişi Spesifik Lokuslarının Validasyonu 32
4.4.3 Anotasyon Sonuçları 32
5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER 35
KAYNAKLAR 37
ÖZGEÇMİŞ 45

ÇUKUROVA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

YÜKSEK LİSANS TEZİ

P. atlantica'da Cinsiyet Spesifik DNA Dizilerinin Belirlenmesi

---

Burak ÖZGÖREN

Danışman: Prof. Dr. Salih KAFKAS

Biyoteknoloji Anabilim Dalı

ÖZ

P. atlantica, Anacardiaceae familyası içerisindeki *Pistacia* cinsine ait, dioik çiçek yapısı gösteren, endüstriyel ve tıbbi kullanımının yanısıra antepfıstığına anaç olarak değerlendirilen önemli bir türdür. Bu çalışmada, daha önce elde edilmiş *P. atlantica* türüne ait 15 dişi 15 erkek bireyde tüm genom tekrar-sekanslama verileri kullanılarak cinsiyet spesifik bölgelerin belirlenmesi, cinsiyetle ilişkili bulunan bölgelerin anotasyonu ve cinsiyeti %100 ayırabilen ıslahta kullanılabilir moleküler markör tasarlanması amaçlanmıştır. Sekanslama sonucu elde edilen verilerin kalite kontrolleri ve filtrelemesi yapıldıktan sonra 25-30x yoğunluğunda genom dizileri elde edilmiş ve bu diziler referans genoma (*P. atlantica*) hizalanmıştır. Yapılan hizalama sonucunda okumaların %98-%99'u genoma haritalanmıştır. Haritalama sonucunda yapılan genom boyunca derinlik analizleri sonucunda cinsiyet spesifik (dişi bireylerde okuma derinliğinin toplam okuma içerisinde %90'dan fazla olan) lokuslar Python ve R programlama dilleri ile analiz edilmiş ve görselleştirilmiştir. Cinsiyet spesifik bölgelerin belirlenmesi amacıyla yapılan analizlerde dişi spesifik 209 lokus belirlenmiş fakat erkeğe özgü lokuslar bulunamamıştır. Bu belirlenen bölgelerin anotasyonları incelendiğinde, çiçek gelişimi ile ilgili yolaklardaki genler belirlenmiştir. Bu lokusların validasyonu amacıyla dişi spesifik lokuslardan SCAR markörler geliştirilmiş ve bu markörler kullanılarak genetik kaynaktan alınan 100 dişi ve 100 erkek bireyi %100 doğrulukla ayırmıştır. Ayrıca sadece dişi spesifik bölgelerin varlığı ile *P. atlantica*' nın ZZ/ZW kromozom yapısına sahip olduğu ilk bu çalışma ile ortaya çıkartılmıştır. Bu çalışma ile *P. atlantica* türünde yapılacak markör destekli seleksiyon çalışmalarında agaroz jelde kolaylıkla uygulanabilen ve geniş ıslah programlarına uygun %100 doğrulukla çalışan moleküler markör elde edilmiştir.

Anahtar Kelimeler: *P. atlantica,* Moleküler Markör, Cinsiyet Spesifik Lokus, Cinsiyet Mekanizması.

CUKUROVA UNIVERSITY

INSTITUTE OF NATURAL AND APPLIED SCIENCES

MSc THESIS

Determination of Sex-Specific DNA Sequences in *P. atlantica*

Burak ÖZGÖREN

Advisor: Prof. Dr. Salih KAFKAS

Department of Biotechnology

ABSTRACT

P. atlantica belongs to the genus *Pistacia* in the Anacardiaceae family. It has a dioecious flower structure, which means flowers bearing male and female organs are located on separate plants. Besides, it is used as rootstock for pistachio and in industrial and medical fields. This study performed whole-genome resequencing in 15 females and 15 males from the previously obtained *P. atlantica* species. This study aims to determine sex-specific regions, annotation of sex-related regions, and design a molecular marker that can be used in breeding to distinguish 100% of sex. Quality controls and filtering of the data obtained from sequencing were performed. Coverage values in the 25-30x range were obtained and aligned to the reference genome (*P. atlantica*). As a result of the alignment, 98% and 99% of the reads were mapped to the genome. As a result of the depth analysis throughout the genome, the sex-specific loci (more than 90% of the reading depth in the total reading in females or males) were analyzed and visualized with the Python and R programming languages. No male-specific loci were found. When the annotations of these determined regions were examined, the genes in the pathways related to flower development were found. For the validation of these loci, SCAR markers were developed from female-specific loci and using these markers, 100 female and 100 male individuals from the germplasm were distinguished with 100% accuracy. In addition, the presence of only female-specific regions and the ZZ/ZW chromosome structure of *P. atlantica* was revealed in this first study. This study obtained a molecular marker that can be easily applied on agarose gel and works with 100% accuracy, suitable for wide breeding programs in marker-assisted selection studies in *P. atlantica* species.

Keywords: *P. atlantica*, Molecular Marker, Sex Specific Loci, Sex-determination system.

TEŞEKKÜR

Bu araştırma için beni yönlendiren, çalışma imkanı sağlayan ve çalışmanın her aşamasında bilgi ve tecrübeleri ile bana destek olan danışmanım Sayın Prof. Dr. Salih KAFKAS'a sonsuz teşekkürlerimi sunarım.

Tezimin her aşamasında bilgi ve tecrübelerini esirgemeyen, sağlamış olduğu imkân ve fırsatlardan dolayı değerli hocam Prof. Dr. Ebru KAFKAS'a teşekkürlerimi sunarım.

Görüş ve önerileri ile çalışmamda bilgi ve tecrübelerinden yararlandığım her konuda yardımcı olan Doç. Dr. Bekir Bülent ARPACI'ya, Doç. Dr. Hayat TOPÇU'ya, Dr. Harun KARCI'ya, Ar. Gör. Ömer Faruk Bilgin'e, Ar. Gör. Mesut ADA'ya, Ar. Gör. Şule Hilal Attar'a, laboratuvar çalışma arkadaşlarım İbrahim YAVUKLU'ya, Doğan ERGÜN'e, İpek ÜRÜN'e, Gözde NOGAY'a, Murat Kazan'a, Yakup Polat'a, Awara Muhammad Hamakhan Hamakhan'a, Şule POLAT'a, Esra GÖLCÜ'ye, İlbilge Oğuz'a, Kaan Fethi Kaya'ya, Betül Ayça Dönmez'e ve laboratuvarda peşimi bırakmayan Esra EKŞİ'ye en içten teşekkürlerimi sunuyorum.

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

Her zaman desteklerini esirgemeyen sevgili aileme en içten teşekkürlerimi sunarım.

ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 3.1. Biyoinformatik hesaplamalarda kullanılan bilgisayar özellikleri 9
Çizelge 3.2. Çalışmada sekansları laboratuvarda bulunan ve bu çalışmasında kullanılan sekans verilerine ait metaveriler 10
Çizelge 3.3. *Pistacia atlantica*'da kullanılan aktin primerlerinin sekansı 17
Çizelge 3.4. PCR reaksiyonu içeriği 17
Çizelge 3.5. PCR sıcaklık ve döngü koşulları 17
Çizelge 4.1. Plant Reactome anotasyon sonuçları 32
Çizelge 4.2. EggNOG ile belirlenen gen ve açıklamaları 33

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 3.1. FastQC (Solda) ve MultiQC (Sağda) programlarının örnek görüntüsü 12
Şekil 3.2. OmicsBox programında anotasyon analizleri için çalıştırılan workflow 16
Şekil 4.1. Okumaların baz pozisyonlarına göre filtreleme öncesi (solda) ve sonrası (sağda) ortalama kalite grafiği 19
Şekil 4.2. Okumaların ortalama kalite skoruna göre filtreleme öncesi (solda) ve sonrası (sağda) ortalama kalite grafiği 19
Şekil 4.3. *P. atlantica* türünde doğrulaması yapılan aday lokusların elektroferogram görüntüs 30
Şekil 4.4. *P. atlantica* genomuna align edilmiş okumaların kromozom 14.1' deki okuma derinlik oran(F/(F+M)) grafiği 31
Şekil 4.5. *P. atlantica* genomuna align edilmiş okumaların kromozom 14.1' deki okuma derinlik oran(F/(F+M)) grafiği 31
Şekil 4.6. *P. atlantica* türüne ait örnek dişi spesifik bir bölgenin IGV görüntüsü 31
Şekil 4.7. *P. atlantica* türünde 24 Dişi ve 22 Erkek bireye ait örneklerin cinsiyet markörünün agaroz jel görüntüsü 32
Şekil 4.8. OmicsBox Programında *P. atlantica* Anotasyonu için yapılmış pathway analizinde Flower development yolağı için Plant Reactome Veritabanı Sonuçları 33

SİMGELER VE KISALTMALAR

AFLP	: Amplified Fragment Length Polymorphism
bp	: base 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
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 Pirolidon
rxn	: Reaksiyon
QTL	: Quantitative Trait Loci
RAPD	: Random Amplified Polymorphic DNA
RFLP	: Restriction fragment length polymorphism
µM	: Mikromolar

1. GİRİŞ

Anacardiaceae familyası, yaklaşık 83 cins ve 860 tür içeren tropikal ve ılıman kuşak bölgelerde geniş yayılış gösteren ve ekonomik öneme sahip *Scnus ssp*. (biber ağaçları), *Rhunus spp*. (sumak), *Spondias dulcis* Forst (altın elma), *Anacardium occidentale* L.(kaju), *Mangifera indica* (mango), *Pistacia* gibi türler içeren önemli bir familyadır (Christenhusz ve Byng, 2016). Bu familyada gen havuzu zengin, geniş varyasyon farklılığına sahip ve daha önemlisi abiyotik (kuraklık, yüksek sıcaklık gibi) koşullara adaptasyonu yüksek olan oldukça önemli türler bulunur (Moyo ve Staden, 2013).

Pistacia cinsinin türleri, kurak koşullara adaptasyon sağlamış, 8–10 m boyunda büyüyen, yaprak dökmeyen veya yaprak döken ve reçine taşıyan çalılar ve ağaçlardır. *Pistacia lentiscus* L., *P. atlantica* Desf, *P. terebinthus* L., *P. vera* L. ve *P. khinjuk* Stocks. Akdeniz havzasından Orta Asya'ya dağılmıştır (Kole, 2011). İran'da doğal olarak yetişen *P. vera, P. khinjuk* ve *P. atlantica* olmak üzere üç *Pistacia* türü bulunur: Ayrıca *P. atlantica*'nın *cabulica, kurdica* ve *mutica* olarak tanımlanan üç alt türü vardır (DerMarderosian ve Beutler, 2002). *P. vera*, cinsi ticari olarak yetiştirilen tek türüdür ve türün geri kalanı çoğunlukla *P. vera* için anaç olarak kullanılır (Kafkas ve ark. 2006b; Kafkas ve Perl-Treves, 2001). Bu nedenle ekonomik öneme sahiptir.

Bununla birlikte, *Pistacia* türlerinin farklı organlarının çeşitli farmakolojik aktiviteleri incelenmiştir. Makalelerin çoğunda *P. lentiscus*'un sakız olarak bilinen reçinesi incelenmiştir. Tedavi edici etkilerine ek olarak, antepfıstığı (*P. vera*) gıda katkı maddesi olarak tüketilmesi, *P. terebinthus* meyvesinin atıştırmalık yiyecek olarak veya kahve benzeri içecek yapımında kullanılması (Durmaz ve Gökmen, 2011; Gogus ve ark., 2011) ve *P. lentiscus* meyvesinin antosiyanin bileşiminin gıda renklendiricisi olarak kullanılmaktadır (Longo ve Vasapollo, 2007). *Pistacia* türlerinde morfolojik olarak ilk kapsamlı çalışma Zohary (1952) tarafından yapılmıştır ve *Pistacia* türlerini 4 esas gruba ayırmıştır: (1) Lenticella Zoh.= *P. mexicana, P. texana*; (2) Eu-Lentiscus Zoh.= *P. lentiscus, P. weinmannifolia, P. saportae*; (3) Butmela Zoh.= *P. atlantica* ve (4) Eu-Terebinthus Zoh.= *P. terebinthus, P. palaestina, P. khinjuk, P. vera*. Türkiye'de yapılan en kapsamlı morfolojik çalışma ise Yaltırık (1967) tarafından yapılmış olup *Pistacia* türleri 6 sınıfa ayrılmıştır. Bunlar ise *P. atlantica, P. lentiscus, P. khinjuk, P. eurycarpa* Yalt., *P. vera* ve *P. terebinthus* türleridir. *Pistacia* türleri için ülkemiz zengin bir gen merkezi olmakla beraber, ülkemizde yaklaşık 66 milyon yabani fıstık ağacı bulunmaktadır (Kuru ve Özsabuncuoğlu, 1990).

Pistacia türlerinde moleküler olarak ilk kapsamlı çalışma, Parfitt ve Badenes (1997) tarafından *Pistacia* cinslerinin yaprak morfolojisi ve coğrafi dağılımına göre yapılmıştır. RFLP moleküler tekniği ile 10 *Pistacia* türlerininin filogenetik ilişkilerini incelemiştir. Hem parsimoni hem de küme analizleri kullanılmıştır. *P. vera* en eski *Pistacia* türü olarak belirlenmiştir. Asya türü olan *P. weinmannifolia*, yeni türleri olan *P. texana* ve *P. mexicana* ile en yakın akrabadır. Bu üç türün ortak bir kökeni paylaşması, *P. texana* ve *P. mexicana*'nın ortak bir atasının Asya'da ortaya

çıktığını düşündürmektedir. *P. integerrima* ve *P. chinensis*'in, tür çiftlerinin *P. vera*: *P. khinjuk* ve *P. mexicana*: *P. texana* olmak üzere iki üçüncül grubun her birinde monofiletik olduğu durumlarda farklı olduğu gösterilmiştir. Ayrıca *Pistacia* cinsinin düşük bir kloroplast DNA mutasyon oranına sahip olduğu da belirlenmiştir.

Kafkas ve Perl-treves (2001) tarafından yapılan moleküler çalışmada, morfolojik veriler ve RAPD analizi kullanılarak Türkiye'deki yabani *Pistacia* gen kaynağının genetik varyasyonu ve taksonomik ilişkileri analiz edilmiştir. *P. atlantica, P. terebinthus* ve *P. eurycarpa*'yı Türkiye'de yaygın yabani türler olarak tanımlamış ve *P. eurycarpa*'nın *P. vera*'ya en yakın tür olduğunu, onu *P. atlantica* ve *P. terebinthus*'un izlediğini ortaya koymuşlardır.

Kafkas ve Perl-Treves (2002), RAPD markörü kullanarak dokuz *Pistacia* türünün filogenetik analizi, ağaç büyüklüğü ve büyüme alışkanlığına dayalı iki ana grup ortaya çıkarmıştır. *P. vera, P. khinjuk, P. eurycarpa, P. atlantica ve P. integerrima* bir gruba dahil edilirken, *P. terebinthus, P. palaestina, P. mexicana* ve *P. lentiscus* ikinci grubu oluşturmuştur. Çalışma ayrıca *P. palaestina*'nın *P. terebinthus*'un bir çeşidi olduğunu ve *P. eurycarpa'*nın *P. atlantica*'dan farklı bir tür olduğunu öne sürmektedir.

Kafkas (2006a), *Pistacia* türleri arasındaki filogenetik ilişkileri belirlemek amacıyla AFLP tekniğini kullanmıştır. Bu amaçla 31 *Pistacia* türünü ve 4 adet *P. vera* çeşidini kullanmıştır. Elde edilen sonuçlara göre *P. vera, P. khinjuk, P. eurycarpa, P. atlantica, P. mutica, P. integerrima* ve *P. atlantica x P. integerrima* hibritleri bir grupta yer almıştır. *P. palaestina, P. terebinthus, P. mexicana* ve *P. lentiscus* ikinci grupta yer almıştır. *P. khinjuk* türü *P. eurycarpa* ve *P. atlantica* ile *P. vera'*dan daha yakın grup oluşturmuştur.

Antepfıstığı ağaçları kök sistemini sağlayan anaç ve ticari ürünü üreten kalem olmak üzere iki kısımdan oluşmaktadır. Anaçlar, antepfıstığı ağaçlarının belirli çevresel koşullara adaptasyonunda hayati bir rol oynamaktadır (Ferguson ve ark., 2002; Caruso ve ark., 2003). Ayrıca, çiçeklenme, vejetatif büyüme, meyve kalitesi ve toplam üretim anaçtan güçlü bir şekilde etkilenmektedir (Carbonell-Barrachina ve ark., 2015; Ferguson ve ark., 2002; Surucu ve ark.., 2020). Bu nedenle, birçok antepfıstığı üreticisi ülke, belirli yetiştirme koşullarına en uygun olanı seçmek için farklı anaçlar arasındaki değişkenliği değerlendirmiştir (Esmailpour ve ark., 2014; Ghrab ve ark., 2010, 2012; Kebour ve ark., 2012).

Antepfıstığı yetiştiriciliği anaç kullanımını gerektirmekte ve vejetatif çoğaltmanın tek şekli aşılama kullanılmaktadır. Antepfıstığı ağaçlarıyla ilgili bilimsel çalışmaların çoğu, *P. atlantica,* UCB1 ve *P. integerrima* gibi Kaliforniya'daki ticari anaçlara aşılanmış çeşitlerle yapılmıştır. Farklı anaçları karşılaştıran çok az çalışma vardır. Ferguson ve ark. (2005), *P. terebinthus*'un kuraklığa ve soğuğa en dayanıklı anaç olduğunu, *P. integerrima*'nın ise soğuğa duyarlı ancak *Verticillium'*a karşı toleranslı olduğunu bildirmiştir. Bir zamanlar Kaliforniya'daki en popüler anaçlardan biri olan *P. atlantica, Verticillium'*a karşı yüksek duyarlılığı olduğu tespit edilmiştir ve günümüzde UCB1, sulama koşullarda en iyi ticari anaç olarak kabul edilmektedir (Ferguson ve ark., 2005). Ülkemizde

ise yeni kurulan kapama bahçelerde antepfıstığı üretiminde daha çok *P. vera* tohumları ve tohumlarından ise en çok Siirt çeşidi tercih edilmektedir. Yeni kurulan antepfıstığı bahçelerinde öncü çiftçilerin liderliğinde damla sulama sistemi ile sulanmaya başlanmıştır. Bununla birlikte, özellikle Güneydoğu Anadolu bölgelerinde *P. vera*'nın toprak hastalıklarına (*Verticilium, Fusarium*) hassas olmasından dolayı ağaçlarda kurumalar görülmektedir. Bu nedenle, ülkemizde sulama koşullarına dayanıklı anaca ihtiyaç bulunmaktadır.

Farklı anaçları karşılaştıran Germana (1997), *P. atlantica*'nın özellikle stres altındaki bitkilerde *P. terebinthus*'tan daha yüksek terleme ve fotosentetik aktiviteye sahip olduğunu ve bunun da onu kuraklık stresine karşı daha duyarlı hale getirebileceğini gözlemlemiştir. Gijón ve ark. (2010), *P. terebinthus., P. integerrima, P. atlantica* ve *P. vera*'nın sulanan koşullar altında anaç etkisinde farklılıklar tespit edilememiştir.

P. atlantica türü önemli bir *Pistacia* türüdür. *P. atlantica* 20 m yüksekliğe, 1 m gövde çapına kadar büyüyebilen ve yaprak döken bir türdür. Kuraklığa dayanıklı, yarı kurak ve kurak alanlara uyum sağlamıştır. Birkaç türün büyüyebildiği zorlu alanlarda bile tek başına veya dağınık şekilde bulunabilir (Zohary, 1952; Barazani ve Golan-Goldhirsh, 2004). Bu bitkinin yapraklarında ve yaprak saplarında soluk yeşilimsi-kahverengi ve kaba çıkıntılar gibi böcekler tarafından üretilen tuhaf şişkinlikler bulunmaktadır (Wool, 2005). *P. atlantica* çok amaçlı bir ağaçtır, toprağı erozyonunda (Mirzaie-Nodoushan ve Arefi, 2001), *P. vera* için anaç olarak (Kafkas ve ark, 2006b) ve endüstriyel ve tıbbi uygulamalarda (Lev ve ark., 2002), ve yakıt olarak (Mirzaie-Nodoushan ve Arefi, 2001) kullanılmaktadır. Meyveleri vahşi doğadaki canlılar için besin olarak tüketilirken, elde edilen sakız tıbbi özelliklerei sahiptir (Bellakhdar ve ark., 1997). Örneğin, Fas'ta göz enfeksiyonunu tedavi etmek için yaprakların kaynatılılarak kullanıldığı belirtilmiştir (El-Hilaly ve ark., 2003). Galler çok buruk ve hafif acı bir tada ve terebintin benzeri bir kokuya sahiptir. Kendiliğinden açıldıklarında bol miktarda yağlı reçineli bir madde üretilir. Bu reçine havaya maruz kalması, bitkinin zarar görmüş kısmı için iyileşme özelliğine sahip, çürümeyi ve mikrobiyal enfeksiyonu önleyebilecek katılaşmış bir malzemeye (reçine) dönüştürür (Wool, 2005). *P. atlantica* Pistache veya "el betoum" olarak bilinmektedir (Zohary, 1952). Cezayir'de, özellikle kanyonlarda yabani olarak yetişmekte, yarı kurak ve kurak bölgelerde yaygın olarak bulunmaktadır (Seigue, 1985; Monjauze, 1982). Yerel halk tarafından "el khodri" olarak adlandırılan meyveler, yemek pişirme ve tıbbi uygulamalarda kullanılmaktadır. Örneğin yaprak ve meyveleri mide ağrısı, öksürük ve strese karşı kaynatılarak kullanılmaktadır (Belhadj, 1999; Shaker ve ark., 1999).

Diğer odunsu bitkilerde anaç kullanımı isteğe bağlıdır; anaç olmadan yetiştirilebilirler ve esas olarak ağaç boyutu, mahsul verimi veya verim kalitesi gibi bazı çeşit özelliklerini iyileştirmeleri nedeniyle kullanılırlar. Elma (Cohen ve Naor, 2002; Olien ve Lakso, 1986) ve şeftali (Weibel ve ark., 2003) üzerinde yapılan farklı çalışmalar, belirli anaçların vejetatif büyüme hızı üzerinde önemli bir etkiye sahip olduğunu göstermiştir (Solari ve ark., 2006). Şeftalide ağaç su ilişkileri ve vejetatif büyüme üzerindeki anaç etkilerinin, en azından kısmen, belirli anaçlarla ilişkili ağaç hidrolik

iletkenliğindeki farklılıklardan kaynaklandığını doğrulamıştır. Lochard ve Schneider (1981), Rogers ve Beakbane (1957), ve Webster (1995) tarafından gözden geçirilen birkaç hipotez, anacın hormonal etkiler (Kamboj ve ark., 1999), mineral beslenme (Jones ve ark., 1971) veya su durumunu (Olien ve Lakso, 1986) etkilediğini tespit etmişlerdir.

Bunlara ek olarak Karimi ve Nasrolahpour-Moghadam (2016), *P. vera* türünde dişi ve erkek çöğürlerinin tuzluluk stresine yanıtlarını inceledikleri çalışmalarında, erkek çöğürlerde yaprak sayısı, sürgün kuru ağırlığı ve gövde yüksekliğinde dişilere göre daha az düşüş tespit etmişlerdir. Bu sayede anaç seçiminde cinsiyet belirlemenin önemini ortaya koymuşlardır.

Meyve ağaçlarında gençlik kısırlığı uzun sürdüğü için ıslah programları uzun zaman almaktadır. Islah süresi özellikle *Pistacia* türlerinde daha da uzun zaman almaktadır. *Pistacia* türlerinde ıslah çalışmalarında tohum eldesinden sonra, çimlenme sonrasında seleksiyon yapılması, bu sürenin azaltılması, daha fazla materyalle çalışılması ve kısa sürede alternatif melez kombinasyonlarının elde edilmesini sağlayacaktır. Fakat *Pistacia* türlerinde anaç ıslahında kullanılabilecek ve geliştirilmiş dişi ve erkek bireyleri %100 ayıran bir markör bulunmamaktadır. Bu çalışma ile *P. atlantica* türünde cinsiyet spesifik lokusların belirlenerek bu lokuslar üzerinden geliştirilmesi planlanan primerler ile dişi ve erkek bireyleri %100 ayıran markör geliştirilmesi amaçlanmıştır.

2. ÖNCEKİ ÇALIŞMALAR

Hormaza ve ark. (1994), RAPD tekniği ile dioik türlerden olan *Pistacia vera*'da cinsiyet ile bağlantılı markörler bulmak amacıyla ortak baba kullanılarak oluşturulan iki popülasyondan alınan bireyleri kullanmıştır. Her iki popülasyondan da erkek ve dişi bireylerden bulk oluşturmuşlardır. Bu bulklardan DNA elde edilmiştir. DNA ayrıca 14 *P. vera* çeşidinden ve cinsiyeti bilinmeyen 94 açık tozlanmış bireylerden, birkaç haftalık *P. vera* fidanı kullanılmıştır. DNA amplifikasyonunu gerçekleştirmek için yedi yüz farklı primer kullanılmıştır; bunlardan 1'i (OPO08), iki populasyonun yalnızca dişi bireylerinde mevcut olan ve erkek bireylerinde bulunmayan 945 bp'lik bir amplifikasyon bandı tespit edilmiştir. Bant varlığı ile dişi bireylerdeki ifadesi arasındaki ilişki, iki populasyondan elde edilen her bireyde ve melezlerle ilgisi olmayan 14 çeşitte korunmuştur. Bu bandın antepfıstığında cinsiyet tayinini kontrol eden gen(ler) ile ilişkili olduğu düşünülmüştür. OPO08945 RAPD markörü, ıslah çalışmalarında antepfıstığı bitkilerinde kullanılabilir, bu da önemli ölçüde zaman ve ekonomik kaynak tasarrufu sağlayacaktır. Bu varsayımı doğrulamak için 94 tane fidanı OPO08 primeri ile taranmış ve 1:1 erkek:dişi oranıyla tutarlı sonuçlar elde edilmiştir.

Kafkas ve ark. (2001), Türkiye'de *P. vera*'ya anaç olarak kullanılan başlıca yabani türler olan *P. atlantica, P. terebinthus* ve *P. eurycarpa*'da cinsiyete bağlı RAPD markörleri taramıştır. Bu amaçla, her türden erkek ve dişi ağaçlardan yaprak örnekleri toplanmış ve cinsiyetle ilişkili RAPD bantlarını taramak için on erkek ve on dişi bireyin DNA'sı bulk yapılarak cinsiyete özgü DNA bulkı hazırlanmıştır. Toplam 472 primer taranmış ve BC156 ve BC360 primerleriyle çoğaltılan iki bandın *P. eurycarpa*'da cinsiyetle ilişkili olduğu tespit edilmiştir. Bantlar 30 erkek ve 37 dişi bireyde test edilmiştir. BC156 (1300), biri hariç tüm dişi ağaçlarda mevcut iken ve tüm erkek ağaçlarda tespit edilmemiştir.BC360 (500) markörü 37 dişi bireyden 31'inde amplifike olurken tüm erkek bireylerde bulunmamıştır. *P. atlantica*'da, bir primer OPAK09, test edilen 46 dişi bireyin hepsinde bulunan ve test edilen 38 erkek ağacın hiçbirinde bulunmamıştır. Bu markörlerin cinsiyet belirleyici lokuslarla bağlantılı olmasının muhtemel olduğu belirtilmiştir.

Kamiab ve ark. (2014), *Pistacia vera* RAPD tekniği kullanılarak popülasyon bitkilerinde cinsiyet ayırt etmek için kullanılmıştır. Antepfıstığının çeşitli genotipleri, daha önce Hormaza ve ark. (1994) dizayn ettiği dişi ağaçlarda 945bp'lik bir amplifikasyon bandının ekspresyonu ve erkeklerde yokluğu ile bağlantılı olduğu bulunan on bazlık bir primerin PCR amplifikasyonu ile analiz edilmiştir. Sonuçlar, çeşit örneklerinden elde edilen genetik materyalin ilgili primer ile iyi bir şekilde çoğaldığını, ancak bazı erkek bireylerde 10bp primer ile çoğaltıldığında 945bp bant ürettiğini ortaya koymuştur. DNA'nın yeniden çoğaltılması için yapılan çok sayıda müteakip teste rağmen, ne yazık ki bu erkek bireylerde kendi örneklerinden tekrarlanabilir sonuçlar verememiştir. Yinede, bir erkek örnekte 945bp amplifikasyon bandının varlığı, 10bp primer ve RAPD analizi ile *P. vera*'nın cinsiyet tayininde %15'lik bir hata oranının mümkün olduğunu kanıtlamıştır.

Ticari öneme sahip *P. vera* toprak kökenli hastalıklara (*Verticillium, Fusarium* vb) duyarlıdır (Ferguson ve Haviland, 2016) ve ağaç ölümleri zaman zaman meydana gelmektedir. Bu nedenle, ülkemiz antepfıstığı yetiştiriciliğinde en önemli sorunların başında sulanan koşullara uygun anaç sorunu gelmektedir. Ülkemiz ekolojik koşullarına uygun, hastalıklara dayanıklı ve soğuklara toleranslı tohum anacı veya anaçları ve mümkünse klonal anaç geliştirme zorunluluğumuz bulunmaktadır. Antepfıstığında cinsiyetle ilişkili markörleri ve cinsiyet belirleme sistemini aydınlatmak için Kafkas ve ark. (2015), RAD tekniği kullanmışlardır. Bir *Pistacia vera* Siirt × Bağyolu melezlenmesinden elde edilen sekiz erkek ve sekiz dişi F1 bireyi, ebeveynleri ile birlikte, bir Hi-Seq 2000 sıralama platformunun çift yönle RAD sekanslamasına tabi tutulmuştur. Bu şekilde yaklaşık 37,7 Gb sekans dizisi içeren 449 milyon okuma elde edilmiştir. Ebeveynler arasında 33.757 polimorfik tek nükleotid polimorfizmi (SNP) lokusu bulunmuştur. Otuz sekiz RAD okumasından, yirmi sekizinde antepfıstığında varsayılan cinsiyetle ilişkili lokuslar tespit edilmiştir. Validasyon, bir gen kaynağında 42 olgun F1 bireyinde ve 124 çeşit ve genotipte SNaPshot analizi ile gerçekleştirilmiştir. Antepfıstığında sekiz lokus cinsiyeti %100 doğrulukla ayırt edebilmektedir. Islah programında belirteçlerin uygun maliyetli bir şekilde uygulanmasını sağlamak için HRM analizi yapılmıştır. Antepfıstığında cinsiyeti %100 olarak ayıran dört markör bulunmuştur. Tüm aday SNP lokuslarındaki dişi heterogameti nedeniyle, ilk kez antepfıstığının ZZ/ZW cinsiyet belirleme sistemine sahip olduğu rapor edilmiştir. Bilinen tüm açılım popülasyonlarında bildirilen dişi-erkek ayrılma oranı 1:1 olduğundan ve fıstıkta süper-dişi genotiplere veya dişi heteromorfik kromozomlara dair daha önce bir rapor bulunmadığından, WW cinsiyet sisteminin geçerli olmadığı görülmektedir.

Khodaeiaminjan ve ark. (2017), yaptıkları çalışmada, cinsiyet kromozomunun bir bağlantı haritasını oluşturarak antepfıstığındaki cinsiyet lokusunun konumunu belirlemek için EST-SSR markörleri ile birlikte cinsiyete bağlı tek nükleotit polimorfizmi (SNP) belirteçleri geliştirmeyi amaçlamıştır. Dokuz yeni cinsiyete bağlı SNP markörü, 309 bireydeki 17 RAD sekans okumalarından alınan 25 SNP lokusunun SNaPshot mini dizileme analizi ile başarılı bir şekilde tanımlanmıştır Antepfıstığında bir ZW/ZZ cinsiyet belirleme sistemini destekleyen dokuz markörün tamamı dişilerde heterozigot ve erkeklerde homozigot bulunmuştur. Siirt × Bağyolu melezlenmesinden elde edilen 122 F1 bireyinde analiz yapılarak cinsiyet kromozomunu ve cinsiyet lokusunun konumunu belirlemek için kullanılmıştır. Toplam 105 açılım gösterem SSR markörü ve cinsiyetle ilişkili markörler kullanılmıştır. Bu 105 markörden dördü ortak ve dördü babasal SSR, fenotipik cinsiyet lokusu ve cinsiyete bağlı markörlerle birlikte cinsiyet kromozomu üzerine haritalanmıştır. Ortaya çıkan konsensüs haritasının toplam uzunluğu 65.19 cM'dir. Cinsiyet lokusu ve cinsiyete bağlı SNP markörleri, kromozomun merkezinde sırasıyla 31.86 ve 31.92 cM mesafede bulunmaktadır. Ayrıca belirlenen tüm markörler SNaPshot analizi ile dört yabani *Pistacia* türünde test edilmiş, ancak yabani *Pistacia* türlerinde cinsiyetleri ayırmamıştır.

Şahin ve ark. (2022), yaptıkları çalışmada marker tarama sistemi olarak KASP tekniğini kullanarak, *P. atlantica, P. integerrima, P. khinjuk, P. mutica, P. terebinthus, P. vera* ve *P. lentiscus* türlerinde sadece bir dişi ve bir erkek bireyde kullanılarak başarıyla ayırt ettikleri belirmişlerdir. 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 açık allelik ayrım gösterdiği belirtilmiştir.

Bunlara ek olarak, Kafkas ve ark. (2018) antepfıstığında başlattıkları çeşit ıslahı programında Kafkas ve ark. (2015) ile Khodaeiaminjan ve ark. (2017) tarafından geliştirilen cinsiyet ile ilişkili markörleri kullanılmıştır. Antepfıstığında ilk defa marköre dayalı seleksiyon yöntemi kullanılan ıslah programı olmuştur.

Kafkas ve ark. (2023) tarafından yapılan bir çalışmada, dişi ebeveyn olan *P. vera* Siirt (dişi ebeveyn) ve Bagyolu (erkek ebeveyn) genomları dizilenmiştir. Antepfıstığının kromozom düzeyinde iki referans genomu oluşturulmuştur. Z ve W kromozomları assembly yapılmıştır. ZW kromozomları, yaklaşık 8.18 Myö meydana gelen ilk inversiyonu takip eden bir otozomdan kaynaklanmıştır. W kromozomundaki üç inversiyon olayı, 12.7-Mb'lik (W kromozomunun %22.8'i) rekombine olmayan bir bölgenin oluşumuna yol açmıştır. Bu W'ye özgü diziler, cinsiyet belirlemede çok önemli bir rol oynamış ve antepfıstığında bir ZW cinsiyet kromozomu sisteminin başlatılmasına ve evrimine katkıda bulunmuş olabilecek birkaç ilgili geni içermektedir. DefA, defA-benzeri, DYT1, iki PTEN1 ve altı VPS13A paralogunun iki ard arda kopyası dahil olmak üzere W'ye özgü genler, cinsiyet tayini veya farklılaşması için güçlü adaylardır. Yeniden sekanslanan genomların demografik tarih analizi, yetiştirilen antepfıstığının yaklaşık 7,640 yıl önce ciddi evcilleştirme darboğazlarından geçtiğini göstermiştir. Antepfıstığı gelişimi ve kalitesi, aşılama başarısı, çiçeklenme zamanı kayması ve kuraklık toleransı gibi tarımsal özelliklerin altında yatan 3 çeşit alt grubunda 390, 211 ve 290 potansiyel seçici mutasyon belirlenmiştir.

Palmer ve ark. (2023) UCB-1 F1 fidan anaçları, *P. atlantica* (dişi) ve *P. integerrima*'nın (erkek) 2 adet yüksek oranda heterozigot olan ebeveyn ağacının melezlenmesiyle üretilen ticari antepfıstığı bahçelerinde yaygın olarak kullanılmaktadır. Bu F1 bireylerinde yüksek heterozigotluktan dolayı fazla boylanmayan fidanlar kullanılmamaktadır. Genotipler arasındaki genetik farklılığın genetik temelini belirlemek için, UCB-1'in ebeveyn ağaçlarının kromozom ölçekli genom assembly'lerini bir araya getirilmiştir. Çok yıllık fenotipleri de toplanılan bir bahçede 960 UCB-1 ağacının genotiplendirilmesi yapılmıştır. 6 ticari antepfıstığı bahçesine ek olarak 1.358 adet anaç genotipi belirlenmiş ve tek yıllık ağaç boyu verileri toplanmıştır. Genom çapında tek markör ile ilişkilendirme testleri, ağaç boyutu ve şekli, cinsiyeti ve erken gelişimi ile ilişkili lokuslar tanımlanmıştır. Deneysel meyve bahçesinde, özelliklerle ilişkili çok sayıda lokus ve ZZ/ZW cinsiyet kromozomları sahip olmaları yüksek ihtimal olduğu belirlenmiştir. Farklı özelliklere ve aynı özelliğin erken ve geç fenotipik ölçümlerine özgü önemli markör ilişkileri bulunmuştur. Ticari meyve bahçelerinde anaç boyutuyla güçlü bir şekilde ilişkili 2 lokus tespit edilmiştir. Markörlerin

pseudo-testcross sınıflandırması, her lokus için özellikle ilişkili alellerin, karşıt ebeveynlerin gametlerinde ayrıldığını göstermiştir. Bu 2 lokus, yetiştiriciler tarafından gözlemlenen istenmeyen küçük ağaçlarla ağaç boyutunun bimodal dağılımını oluşturmak için epistatik olarak etkileşime girmektedir. Bu bölgelerdeki aday genler belirlenmiştir. Bu bulgular, güçlü antepfıstığı UCB-1 anacının gelişimi ile ilişkili markör ve genetik seçim için temel bir kaynak sağlayacaktır.

P. atlantica için anaç ıslahı çalışmalarında kullanmak için tespit edilmiş cinsiyet spesifik diziler literatürde bulunmamaktadır. Bu çalışmada amaç, moleküler markör geliştirme çalışmalarına temel oluşturulması amacıyla *P. atlantica* türüne ait cinsiyet spesifik DNA dizilerinin belirlenmesidir.

3. MATERYAL VE METOT

3.1. Materyal

3.1.1. Yüksek Performanslı Hesaplama Bilgisayarı

Bu çalışma kapsamında analiz edilen veriler Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü Moleküler Genetik Laboratuvarı Biyoinformatik Laboratuvarındaki yüksek performanslı bilgisayar kullanılmıştır. Kullanılan bilgisayarın teknik özellikleri Çizelge 3.1'de verilmiştir.

Çizelge 3.1. Biyoinformatik hesaplamalarda kullanılan bilgisayar özellikleri

Donanım Türü	Özellik
İşlemci	Çekirdek: 64 İş Parçacığı: 128 Baz Saat Hızı: 2.0GHz Boost Saat Hızı: 3.0GHz
RAM	Kapasite: 256 GB
Hard Disk	Okuma Hızı: 13804 MB

3.1.2. Sekans Verisi ve Bitki Materyali

Bu çalışma için *P. atlantica* türünün daha önce TÜBİTAK (TOVAG 219O267) projesi kapsamında yaklaşık 25-30x yoğunluğunda sekanslaması yapılan 15 dişi ve 15 erkek genotipe ait sekans verileri kullanılmıştır. Çalışmada kullanılan materyaller Çizelge 3.2 de verilmiştir.

Bu araştırma kapsamında *P. vera* türüne ait Siirt ve Bağyolu çeşitlerinin genomları (Kafkas vd., 2023) ve *P. atlantica* türüne ait genom (Palmer vd., 2023) referans olarak kullanılmıştır.

Validasyon çalışmaları için *P. atlantica*'ya ait 100 dişi ve 100 erkek genotip Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Bahçe Bitkileri Bölümü Araştırma ve Uygulama alanında bulunan *Pistacia* genetik kaynağından ve Adana ilinde doğal olarak yetişen atlantik sakızı bitkilerinden elde edilmiştir.

Çizelge 3.2. Çalışmada sekansları laboratuvarda bulunan ve bu çalışmasında kullanılan sekans verilerine ait metaveriler

Örnek No	Örnek Kodu	Analiz Kodu	Tür	Pedigri	Cinsiyet	Sekans Açıklaması
1	PaF01	PaF701	*P. atlantica*	PaOH1	Dişi	Bireye ait sekans
2	PaF02	PaF702	*P. atlantica*	PaOH2	Dişi	Bireye ait sekans
3	PaF03	PaF703	*P. atlantica*	PaOH3	Dişi	Bireye ait sekans
4	PaF04	PaF704	*P. atlantica*	PaOH4	Dişi	Bireye ait sekans
5	PaF05	PaF705	*P. atlantica*	PaOH5	Dişi	Bireye ait sekans
6	PaF06	PaF706	*P. atlantica*	PaOH6	Dişi	Bireye ait sekans
7	PaF07	PaF707	*P. atlantica*	PaOH7	Dişi	Bireye ait sekans
8	PaF08	PaF708	*P. atlantica*	PaOH8	Dişi	Bireye ait sekans
9	PaF09	PaF709	*P. atlantica*	PaOH9	Dişi	Bireye ait sekans
10	PaF10	PaF710	*P. atlantica*	PaOH10	Dişi	Bireye ait sekans
11	PaF11	PaF711	*P. atlantica*	PaOH11	Dişi	Bireye ait sekans
12	PaF12	PaF712	*P. atlantica*	PaOH12	Dişi	Bireye ait sekans
13	PaF13	PaF713	*P. atlantica*	PaOH13	Dişi	Bireye ait sekans
14	PaF14	PaF714	*P. atlantica*	PaOH14	Dişi	Bireye ait sekans
15	PaF15	PaF715	*P. atlantica*	PaOH15	Dişi	Bireye ait sekans
16	PaM01	PaM701	*P. atlantica*	PaOH19	Erkek	Bireye ait sekans
17	PaM02	PaM702	*P. atlantica*	PaOH20	Erkek	Bireye ait sekans
18	PaM03	PaM703	*P. atlantica*	PaOH21	Erkek	Bireye ait sekans
19	PaM04	PaM704	*P. atlantica*	PaOH22	Erkek	Bireye ait sekans
20	PaM05	PaM705	*P. atlantica*	PaOH23	Erkek	Bireye ait sekans
21	PaM06	PaM706	*P. atlantica*	PaOH24	Erkek	Bireye ait sekans
22	PaM07	PaM707	*P. atlantica*	PaOH25	Erkek	Bireye ait sekans
23	PaM08	PaM708	*P. atlantica*	PaOH26	Erkek	Bireye ait sekans
24	PaM09	PaM709	*P. atlantica*	PaOH27	Erkek	Bireye ait sekans
25	PaM10	PaM710	*P. atlantica*	PaOH28	Erkek	Bireye ait sekans
26	PaM11	PaM711	*P. atlantica*	PaOH29	Erkek	Bireye ait sekans
27	PaM12	PaM712	*P. atlantica*	PaOH30	Erkek	Bireye ait sekans
28	PaM13	PaM713	*P. atlantica*	PaOH31	Erkek	Bireye ait sekans
29	PaM14	PaM714	*P. atlantica*	PaOH32	Erkek	Bireye ait sekans
30	PaM15	PaM715	*P. atlantica*	PaOH34	Erkek	Bireye ait sekans

3.2. Metot

3.2.1. DNA İzolasyonu ve Konsantrasyonunun Belirlenmesi

Validasyon çalışmalarında kullanılacak genotiplerin DNA'ları Doyle ve Doyle'nin (1987) geliştirdiği yönteme göre yapılmıştır. Bu yöntemde, her bir bitki yaprak örneği 2 ml'lik tüplere eşit miktarlarda konularak sıvı azot yardımıyla TissueLyser II cihazında parçalanmıştır. Parçalanan yaprak örneklerinin üzerine 0.9 ml CTAB (100 mM Tris-HCl, 1.4 M NaCl, 20 mM EDTA, %2 CTAB, %2 PVP, %0.1 Na2S2O5) tampon çözeltisi eklenmiş ve örnekler su banyosunda 65°C'de 1 saat bekletilmiştir. İçerisinde iyice ezilmiş olan yaprak örnekleri ve CTAB tampon çözeltisi bulunan 2 ml'lik tüpler her 10-15 dk'da bir nazikçe çalkalanmıştır. Bu örnekler su banyosundan alındıktan sonra oda koşullarında 10-15 dakika kadar soğuması için bekletilmiş ve üzerlerine ekstraksiyon tampon çözeltisiyle eşit miktarda (0.9 ml) olacak şekilde kloroform:izoamil alkol (24:1) ilave edilmiştir. Tüpler oda koşullarında 15 dakika hafif bir şekilde çalkalanmıştır. Daha sonra bu 2 ml'lik tüpler 14.000 rpm'de 15 dk boyunca santrifüj yapılmıştır. Santrifüj yapıldıktan sonra 2 ml'lik tüplerde bulunan örneklerin en üst fazları alınarak 1.5 ml'lik tüplere aktarılmıştır. 1,5 ml'lik tüplere aktarılmış olan üst fazların üzerine soğuk (önceden -20°C'de bekletilmiş) izopropanol eklenmiştir. Bu aşamada tüpler hafifçe çalkalanarak DNA'nın çökmesi sağlanmıştır. Daha sonra izopropanolü boşaltılan tüpün içine, içerisinde 10 mM amonyum asetat bulunan %76'lık etil alkolden 1 ml ilave edilerek, 15 dakika hafifçe çalkalanmıştır. Son olaraküst faz tüpten uzaklaştırılmış ve tüplerde bulunan DNA'lar oda koşullarında 1 gece bekletilerek kurutulmuştur. Kurutulan DNA'lar, üzerine 50ul saf su eklenerek çözdürülmüştür.

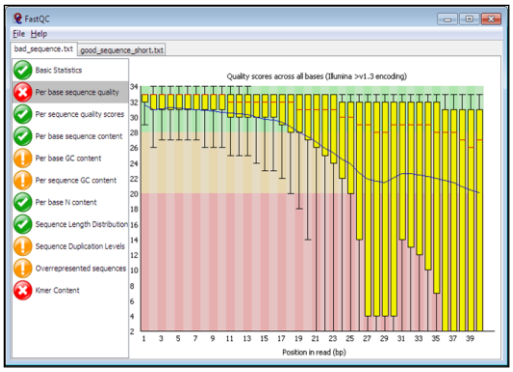
DNA konsantrasyonunun belirlenmesi için her bir örnek için toplam hacmi 20 µl olacak şekilde 2 µl stok DNA, 4 µl jel yükleme boyası ve 14 µl saf su konularak örnekler hazırlanmıştır. Hazırlanan örneklerden 10 µl'si, %0.8 konsantrasyondaki agaroz jel üzerinde hazırlanmış yuvalara yerleştirilerek elektroforezde 120 voltta 45 dakika koşturma işlemi yapılmıştır. Jel görüntüleme cihazı yardımıyla elde edilen jel görüntüsünde her bir genotipten elde edilen stok DNA miktarı daha önce miktarı bilinen kontrol DNA miktarları ile karşılaştırılarak tahmin edilmiştir

3.2.2. Biyoinformatik Analizler

Kalite Kontrolü

Bu tez çalışması kapsamında biyoinformatik analizler öncesinde sekans okumalarının kalite kontrolleri FastQC (Andrews, 2010) ve MultiQC (Ewels ve ark., 2016) yazılımları ile yapılmıştır. FastQC programı yüksek çıktılı sekanslama platformlarından elde edilen veriler üzerinde çok sayıda farklı kalite parametlerini raporlayan ve görselleştiren bir uygulamadır. Program, Terminal üzerinden çalıştırılarak, biyoinformatik pipeline'lar içerisinde kodlayarak veya grafik arayüzü ile kullanılabilmektedir. MultiQC ise FastQC ile yapılmış geniş sayıda kalite raporlarını birleştirerek çalışmanın özet bir kalite raporunu oluşturan programdır (Şekil 3.1).

a



b

Şekil 3.1. FastQC (a) ve MultiQC (b) programlarının örnek görüntüsü

Kalite Filtrelemesi

Biyoinformatik analizler öncesinde belirli kalite değerlerinin altındaki okumaları filtrelemek için Fastp (Chen ve ark., 2018) yazlımı kullanılmıştır. Bu yazılım ile adaptörler ve düşük kalitedeki diziler (%5'den fazla N içeren diziler; ortalama baz kalitesi 20'den az olan diziler, %50'den fazla bazın kalite değerinin 5'in altında olduğu diziler, 40 bazdan az olan diziler) temizlenmiştir. Filtrelenmiş temiz dizilerin FastQC ve MultiQC ile kalite kontrolleri tekrar yapılmıştır. Elde edilen ham dizilerin temizleme işleminden sonra en az 25x civarında bir temiz verinin bundan sonraki analizlerde kullanılmıştır.

P. vera Genomu Kullanılarak Okumaların Hizalanması ve SNP, InDel ve Yapısal Değişikliklerin Belirlenmesi

Bu çalışma kapsamında hem daha fazla hem de daha kaliteli genotipik veri elde etmek, hem de elde edilen dizilerin yaygın etkisini arttırmak için resequencing yaklaşımı ile *P. atlantica* türünde genomdaki varyasyon gösteren bölgelerin belirlenmesi ve hem de bu bölgelerden cinsiyet ile bağlantılı lokuslarının belirlenmesi planlanmıştır.

Temiz DNA verilerinin elde edildikten sonraki analizlerde hem linux tabanlı yazılımlar kullanılmış hem de Windows tabanlı CLC Genomic Workbench yazılımı (ver. 12.0) kullanılarak yapılmıştır.

Linux tabanlı olarak, Burrows Wheeler Aligner (BWA; Li ve Durbin, 2009) programı ile herbir genotipden elde edilen okumalar (reads) Siirt çeşidi referans genomuna (Kafkas ve ark., 2023) haritalanmış ve elde edilen SAM (Sequence Alignment Map) formatındaki sonuçlar bir sonraki aşamalarda kullanmak üzere Picard-tools ile BAM (Binary Alignment Map) formatına çevrilmiştir. Haritalanan okumalar hizalandıktan sonra duplike okumalar PicardTools (Broad Institute, 2018) ile belirlenmiştir. GATK (Genome Analysis Toolkit) programı (McKenna ve ark., 2010) kullanılarak SNP ve kısa InDel lokuslar belirlenmiştir. Programın HaplotypeCaller modülü kullanılarak bazların kalite kalibrasyonları yapılmıştır. SNP'ler için BaseReCalibrator ve InDel'ler için IndelReAligner

modülü kullanılmıştır. SNP lokusları homozigot ve heterozigot olma durumlarına göre sınıflandırılmıştır. Kısa InDel'ler ise baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmıştır.

Herbir genotip için varyasyon gösteren lokusların belirlenmesinde başlangıçta haritalama kalite değeri MQ>20 ve minimum okuma derinliği 4 olarak ele alınmıştır. Herbir genotipten elde edilen vcf (Variant Call Format) uzantılı dosyalar daha sonra birleştirilerek herbir türe ait ham dosyalar oluşturulmuştur. Sonra aynı programda filtreleme SNP'ler (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) için yapılarak yüksek kalitedeki SNP ve InDel lokusları ortaya çıkarılmıştır.

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. 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 herbir genotipten elde edilen veriler birleştirilmiş ve filtreleme ile yapısal değişiklikler belirlenmiştir.

Windows tabanlı olarak CLC Genomic Workbench paket programında da (versiyon 12.0) SNP, InDel ve yapısal değişiklik analizleri yapılmıştır. Herbir genotipten elde edilen okumalar (reads) Siirt çeşidi ile Bağyolu referans genomlarına (Kafkas ve ark., 2023) haritalanmıştır. Okumaların referans genomlara haritalanmasında; mismatch cost=2, insertion cost=3, deletion cost=3, length fraction=0.5, similarity fraction=0.8, auto detection of paired distance=yes parametreleri kullanılmıştır. Haritalanan okumalar hizalandıktan sonra duplike okumalar elimine edilmiştir. Haritalama hatalarını ortadan kaldırmak için CLC programında 'local realignment' yapılmıştır. Sonraki aşamada SNV (Single nucleotide variation; tek nükleotit farklılığı), MNV (birden fazla nükleotit farklılığı) Eklemeler (Insertions), Delesyonlar (Deletion) ve diğer kategorilere girmeyen varyasyonlar (replacement) programın 'Basic Variant Detection' ve filtreleme seçeneği ile belirlenmiştir. İnversiyonlar, translokasyonlar, duplikasyonlar ile uzun Eklemeler ve uzun Delesyonlar gibi yapısal değişikler de yine aynı paket programda 'InDels and Structural Variants' seçeneği kullanılarak analiz edilerek belirlenmiştir. Her bir bölgenin okuma yoğunluğu hesaplanmış ve okuma yoğunluğu 4'ün altında olanlar elimine edilmiştir. CLC programında filtreleme ve karşılaştırma seçenekleri kullanılarak herbir türe ait genotiplerde aynı lokusta bulunan varyasyonlar (SNP, InDel ve yapısal değişiklikler) belirlenmiştir. Bu programda da SNP'lerin homozigot veya heterozigot olma durumlarına göre InDel'ler ise büyüklüklerine göre sınıflandırılmıştır. CLC Genomics Workbench programında yapılmış analizlerde burada belirtilenler dışında kalan parametreler olarak standart parametreler kullanılmıştır.

Gerek linux gerekse Windows tabanlı yapılacak analizlerde *P. atlantica* türüne ait 30 genotipin SNP, InDel ve yapısal değişiklik dosyaları ayrı ayrı oluşturulmuş ve tür içi varyasyon gösteren bölgeler belirlenmiştir. Ayrıca her iki platformdan elde edilen vcf uzantılı varyasyon dosyaları karşılaştırılmış ortak ve farklı olan varyasyon bölgeleri de belirlenmiştir.

Sonuç olarak, bu tez kapsamında iki farklı yaklaşımın kullanılması ile *P. atlantica* türünde varyasyonlar (SNP, InDel ve yapısal değişiklikler) detaylı bir şekilde belirlenmiş ve böylece cinsiyet ile bağlantılı lokusların bulunma şansı arttırılmıştır.

P. vera Genomu Kullanılarak Belirlenen SNP, InDel ve Yapısal Değişikliklerin Anotasyonu

Hem CLC Genomic Workbench paket programının 'Functional consequences' hem de ANNOVAR (Wang ve ark. 2010) yazılımı ile SNP, kısa InDel ve yapısal değişikliklerin olduğu belirlenen dizilerin Siirt ve Bağyolu çeşitlerine ait referans genom dizileri (fasta ve gff dosyaları) kullanılarak (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.

P. vera Genomu Kullanılarak Cinsiyet ile Bağlantılı Aday Lokusların Belirlenmesi

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.

P. vera Genomu Kullanılarak Cinsiyet ile Bağlantılı Lokusların Validasyonu

Cinsiyet ile bağlantılı bulunan aday lokusların bulunduğu diziler ile bu dizilerin sağındaki ve solundaki diziler CLC Genomics Workbench paket programı kullanılarak elde edilmiştir. Cinsiyet ile bağlantılı bulunan SNP markörlerine ait dizilerden SNaPshot analizleri için primerler dizayn edilmiştir. Cinsiyet ile bağlantılı aday InDel veya yapısal değişiklik içeren lokuslardan markörlerin geliştirilmesinde ilgili mutasyon bölgesinin pozisyonu sekansın ortasında kalacak şekilde dizinin her iki tarafından ileri ve geri primerler BatchPrimer 3 (You ve ark., 2008) programı ve programın standart parametreleri kullanılarak dizayn edilmiş ve analizleri yapılmıştır. Cinsiyet ile bağlantılı markörlerin validasyonunda toplamda 100 dişi ve 100 erkek genotip (sekanslaması yapılan genotipler dahil) kullanılmıştır.

P. atlantica Genomu Kullanılarak Okumaların Hizalanması ve Filtrelenmesi

Temizlenmiş diziler Burrows Wheeler Aligner (BWA; Li ve Durbin, 2009) programı ile *P. atlantica* referans genomlarına haritalanmış ve elde edilen SAM (Sequence Alignment Map) dosyaları SAMtools (Danecek ve ark., 2021) programı ile BAM (Binary Alignment Map) formatına çevrilmiş ve pozisyonel sıralanmıştır. Haritalanan okumalar içerisindeki duplike okumalar ve düşük haritalama skoru içeren hizalamalar (MQ < 20) PicardTools (Broad Institute, 2018) ile filtrelenmiştir.

P. atlantica Genomu Kullanılarak Cinsiyet Spesifik Lokusların Belirlenmesi

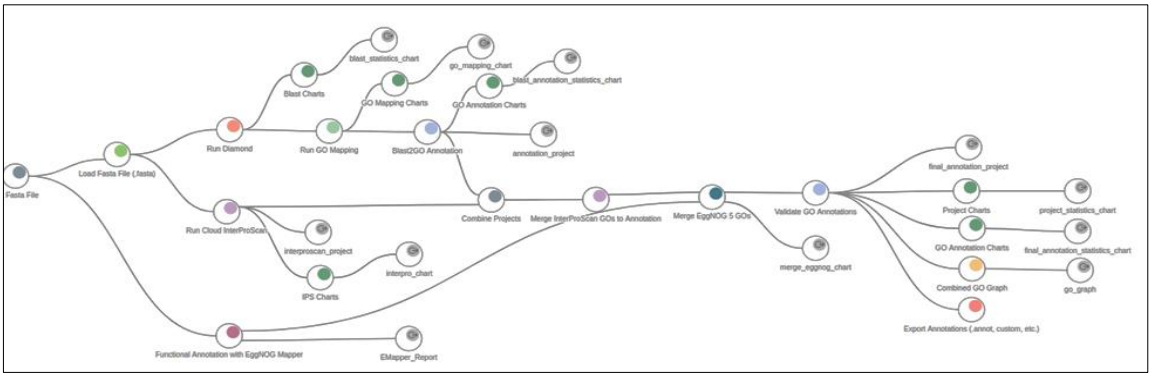
Elde edilen hizalama dosyalarından (BAM) her bir birey için genom boyunca her pozisyonun okuma derinlikleri BAMtools (Barnett ve ark., 2011) ile hesaplanmış, Python3 programlama dili (Van Rossum, 2009) ve bu programa dili için geliştirilmiş Numpy (Harris ve ark., 2020) ve Pandas (McKinney ve ark, 2010) kütüphaneleri ile okuma derinlik değerleri 2000 bazlık aralıklarla her bir birey için toplanmış ve toplam okuma sayısına göre normalize edilmiştir. Normalize edilen değerler R (R Core Team, 2021) ortamında yazılmış diğer bir script ile her bir cinsiyete ait bireyler için toplanmış ve toplam okuma derinlik içinde oranlanmıştır. Bu oranlar içinde dişi veya erkek okuma oranı 0.9'dan büyük bulunan lokuslar cinsiyet spesifik olarak değerlendirilmiş ve bu bölgelerdeki dizilerden FASTA formatında dosya oluşturulmuştur.

P. atlantica Genomu Kullanılarak Cinsiyet Spesifik Bölgelerin Anotasyonu

Anotasyon çalışması ile cinsiyet ile bağlantılı bölgelerde bulunan genlere ait protein sekansları ile veritabanları üzerinde gerçekleştirilen analiz sonucunda bu proteinlerin; daha önce işlevi tanımlanmış homolog genler ile eşleştirilmesi, bu genlerin fonsiyonlarının belirlenmesi, diğer genler ile ilişkilerinin ve yolaklarının tespit edilmesi ile cinsiyet mekanizmasında hangilerinin nasıl rol aldığının veya alabileceği araştırılmıştır.

P. atlantica' da cinsiyet spesifik olarak belirlenen bölgelerde bulunan genler ve protein sekansları, Palmer ve ark. (2023) tarafından yayınlanan *P. atlantica* genom (BioProject: PRJNA661055) anotasyonundan Python ile yazılmış bir script ile ilişkilendirilerek belirlenmiştir.

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 Şekil 3.2 deki workflow çalıştırılarak yapılmıştır.



Şekil 3. 2. OmicsBox programında anotasyon analizleri için çalıştırılan workflow

P. vera Genomu Kullanılarak Cinsiyet Spesifik Lokuslardan Primer Tasarımı ve Lokusların Validasyonu

Cinsiyet spesifik olarak bulunan ve cinsiyeti %100 ayırabilen SNP lokuslarından Primer3 (Koressaar ve ark., 2008) programı kullanılarak SNP lokusuna spesifik 12 SNaPshot primerinin dizaynı yapılmıştır. Validasyon aşaması öncesinde SNP lokusu içeren bölge Çizelge 3. 3'te verilen protokole göre PCR da çoğaltılmıştır. Bu aşamadan sonra Çizelge 3.4'de verilen protokole göre SNaPshot primerleri ve boya sonlandırmalı bazlar bağlanarak ABI 3130xl cihazında Çizelge 3.5'de verilen mix hazırlanarak analiz edilmiştir.

Çizelge 3.3. Ön PCR reaksiyonu içeriği

Komponent	**15 µL Reaksiyon**	**Son Konsantrasyon**
Phire Reaksiyon Buffer (5x)	1.5 µL	1x
dNTP (2.5 mM)	1.2 µL	200 µM
Outer-Primer-F (5 µM)	0.9 µL	300 nM
Outer-Primer-R (5 µM)	0.9 µL	300 nM
Phire Hot Start II DNA Polymerase	0.3 µL	1 rxn
DNA (5 ng/ µL)	2.4 µL	800 pg/µL
PCR Grade Water	7.8 µL	

Çizelge 3.4. SNaPshot PCR İçeriği

Komponent	**10 µL Reaksiyon**
SNaPshot Multiplex Ready Reaksiyon Miksi	5
PCR Ürünü	3
Inner SNaPshot primerleri	1
PCR Grade Water	1

Çizelge 3.5. Kapiler Elektroforez Mix İçeriği

Komponent	**10 µL Reaksiyon**
SNaPshot PCR Ürünü	2
LIZ size standard	2
Hi-Di formamide	6

***P. atlantica* Genomu Kullanılarak Cinsiyet Spesifik Lokuslardan Primer Tasarımı ve Lokusların Validasyonu**

Cinsiyet spesifik olarak değerlendirilen bu bölgelerden Primer3 (Koressaar ve ark., 2008) programı kullanılarak cinsiyet bölgesine spesifik 24 SCAR primerlerinin dizaynı yapılmış ve en iyi çalışan seçilerek, uygulanabilirliği kolay, ucuz olan agaroz jel yöntemi ile cinsiyet spesifik bölgelerin doğrulanması amacıyla %100 dişi ve erkek bireyleri ayıran markör geliştirilmiştir. PCR reaksiyonunun gerçekleştiğini kontrol etmek amacıyla aktin genini çoğaltan primerler de protokole dahil edilmiştir (Çizelge 3.6).

Çizelge 3.6. *Pistacia atlantica*'da kullanılan aktin primerlerinin sekansı

Primer Adı	**Primer Sekans (5' -> 3')**
Actin-F	GTATCCACGAGACCACCTACA
Actin-R	GGAGCAACGACCTTGATCTTC

Geliştirilen primerin validasyonu için öncelikle genetik kaynakta bulunan dörder adet dişi ve erkek genotipte yapılmış daha sonra yani toplamda 200 bitkide PCR işlemi yapılmıştır. PCR reaksiyonu 15µl hacimde yapılmıştır. PCR reaksiyon ve döngü koşulları Çizelge 3.7 ve Çizelge 3.8. 'de verilmiştir.

Çizelge 3. 7. PCR reaksiyonu içeriği

Komponent	**15 µL Reaksiyon**	**Son Konsantrasyon**
Phire Reaksiyon Buffer (5x)	1.5 µL	1x
dNTP (2.5 mM)	1.2 µL	200 µM
Primer-F (5 µM)	0.9 µL	300 nM
Primer-R (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/µL
PCR Grade Water	7.2 µL	

Çizelge 3. 8. PCR sıcaklık ve döngü koşulları

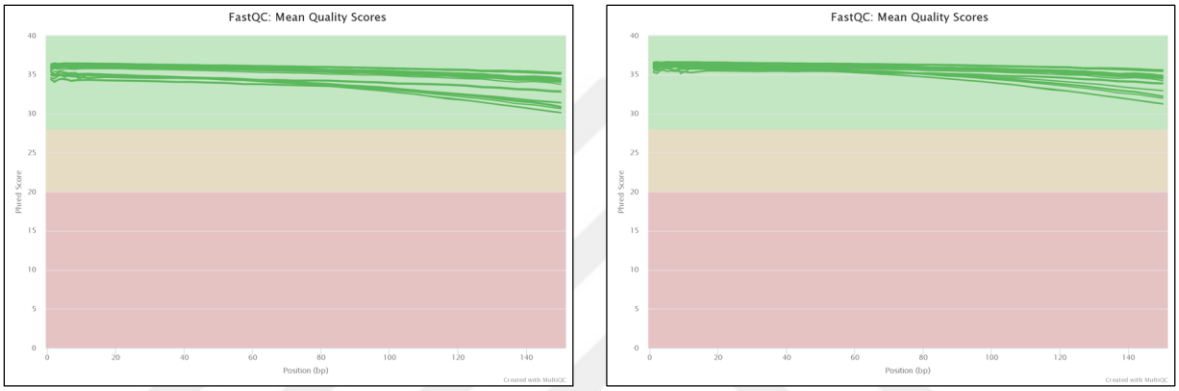
Adım	**Aşama**	**Sıcaklık (ºC)**	**Süre (sn)**	**Döngü Sayısı**
1	Ön Denatürasyon	98	180	1
2	Denatürasyon	98	5	35
	Primerin Bağlanması	58	15	
	Uzama Safhası	72	5	
3	Son Uzama Safhası	72	60	1

4. BULGULAR VE TARTIŞMA

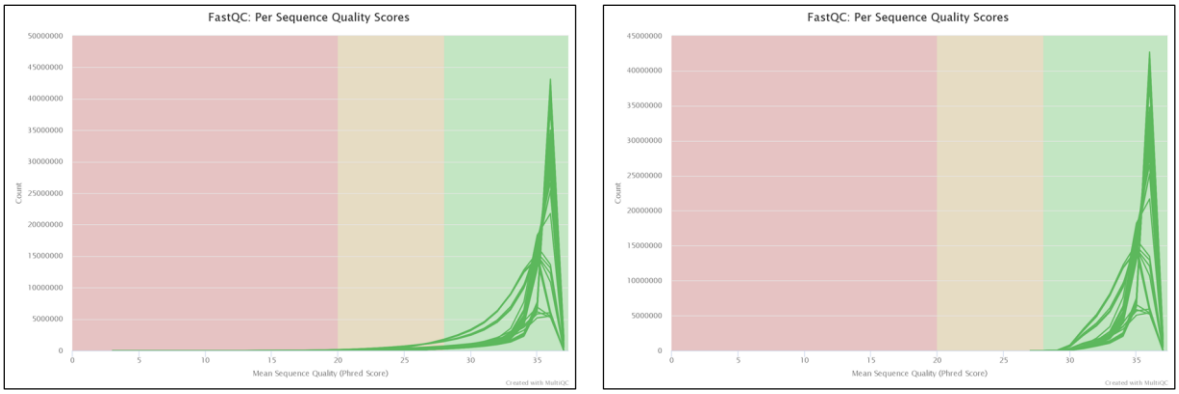
4.1. Kalite Kontrolü ve Filtrelemesi

Sekans örneklerine ait okumaların kalite kontrolü ve filtrelemesi yapılması sonucunda toplam okuma sayısı 96.3 ile 113.1 milyon, toplam baz sayısı 14.4 ile 16.9, ortalama kalite skoru 20'nin üzerinde olan baz sayısı 13.7 ile 16.7 Gb, ortalama kalite skoru 30'nin üzerinde olan baz sayısı 12.7 ile 16 Gb arasında ve her bir genotipten ortalama kalite skoru 20'nin üzerinde 25.3X ile 30.3X arasında bir yoğunlukta DNA dizisi elde edilmiştir (**Ek-1**).

Tüm örneklere ait filtreleme öncesi ve sonrasındaki baz pozisyonlarına göre ortalama kalite skor grafiği Şekil 4.1 de ve her sekansın kalite skor dağılım grafiği Şekil 4.2 de verilmiştir.



Şekil 4.1. Okumaların baz pozisyonlarına göre filtreleme öncesi (solda) ve sonrası (sağda) ortalama kalite grafiği



Şekil 4.2. Okumaların ortalama kalite skoruna göre filtreleme öncesi (solda) ve sonrası (sağda) ortalama kalite grafiği

4.2. *P.vera* Genomuna Hizalanan Okumaların Biyoinformatik Analiz Sonuçları

4.2.1. Siirt çeşidi referans genomu kullanılarak elde edilen analiz sonuçları

P. atlantica türüne ait 15 dişi ve 15 erkek genotipten elde edilen DNA dizileri ayrı ayrı Siirt ve Bağyolu çeşidinin referans genomuna haritalanmıştır.

Linux tabanlı yazılımlardan elde edilen analiz sonuçları

Metot bölümünde belirtilen yazılımlar Linux ortamında kullanılarak Siirt genomuna haritalama, SNP, InDel ve SV analizleri yapılmıştır.

Haritalama sonuçları

Herbir *P. atlantica* genotipine ait DNA dizileri Siirt genomuna haritalanması başarıyla tamamlanmıştır. Herbir genotipin DNA dizilerinin Siirt çeşidi genomuna haritalanmasından elde edilen sonuçlar **Ek-2**'de verilmiştir. Haritalanan baz oranı %96.35 ile %96.83 arasında değişmiştir. Böylece elde edilen sekansların çok büyük oranı beklendiği gibi Siirt çeşidi genomuna haritalanmıştır.

SNP lokusların belirlenmesi

Dizilerin genoma haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. atlantica* genotipinde SNP lokuslarının belirlenmesi aşamasına geçilmiştir. Toplam 30 genotipten elde edilen sonuçlar **Ek-3'te** verilmiştir. *P. atlantica* genotiplerinden elde edilen SNP sayısı 9,183,591 ile 9,997,144 arasında değişmiştir. Ayrıca SNP lokusları heterozigot ve homozigot olma durumlarına göre her bir genotip için hesaplanmıştır. En az homozigot SNP lokusu 3,321,930 ve en yüksek homozigot SNP lokusu ise 5,477,269 olarak belirlenmiştir. En az heterozigot SNP lokusu 4,248,792 ve en yüksek homozigot SNP lokusu ise 5,894,393 olarak belirlenmiştir (**Ek-4**).

Kısa InDel lokusların belirlenmesi

Benzer şekilde genoma haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. atlantica* genotipinde kısa InDel lokusları da tespit edilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar **Ek-3**'de verilmiştir. *P. atlantica* genotiplerinden elde edilen kısa InDel sayıları 952,465 ile 1,054,782 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-5**).

SV lokusların belirlenmesi

InDel lokusları tespit edildikten sonra herbir *P. atlantica* genotipinde yapısal değişiklikler belirlenmiştir. Yapısal değişiklikler uzun silme, translokasyon, duplikasyon, inversiyon ve uzun ekleme olarak sınıflandırılmıştır. *P. atlantica* genotiplerinde tüm yapısal değişikliklerin sayısı 38,520 ile 47,240 arasında değişmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-3**'de verilmiştir.

Dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik lokusların belirlenmesi

P. atlantica referans Siirt genomuna yapılan haritalama sonucunda SNP, InDel ve SV lokusları tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipinden elde edilen SNP, InDel ve SV lokuslarında Dişi ve Erkek genotiplerde karşılaştırma yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, dişiye özgü SNP lokus sayısı toplam 381,375 adet, InDel lokus sayısı 36,050 adet ve SV lokus sayısı ise 852 adet olarak belirlenmiştir. Erkeğe özgü SNP lokus sayısı toplam 616,105 adet, InDel lokus sayısı 63,203 adet ve SV lokus sayısı ise 1,415 adet olarak tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipin karşılaştırması sonucunda ortak olarak tespit edilen SNP sayısı 2,641,772 adet, InDel sayısı 210,019 adet ve 2,341 adet ise SV belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-6**'da verilmiştir.

Windows tabanlı analizlerin sonuçları

Genotiplerinin haritalama sonuçları

Tez kapsamında her bir *P. atlantica* türüne ait genotiplerden elde edilen DNA dizilerin Siirt genomuna haritalanması CLC Genomic Workbench programında tamamlanmıştır. Her bir genotipin DNA dizilerinin Siirt çeşidi genomuna haritalanmasından elde dilen sonuçlar **Ek-7**'de verilmiştir. Haritalanan baz oranı %98.49 ile %98.89 arasında değişmiştir.

SNP lokusların belirlenmesi

Dizilerin genoma haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. atlantica* genotipinde SNP lokuslarının belirlenmesi aşamasına geçilmiştir. Toplam 30 genotipten elde edilen sonuçlar **Ek-8'de** verilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen SNP sayısı 6,211,941 ile 7,178,346 arasında değişmiştir. Ayrıca SNP lokusları heterozigot ve homozigot olma durumlarına göre her bir genotip için hesaplanmıştır. En az homozigot SNP lokusu 3,354,120 ve en yüksek homozigot SNP lokusu ise 5,148,819 olarak belirlenmiştir. En az heterozigot SNP lokusu 1,876,925 adet ve en yüksek homozigot SNP lokusu ise 2,857,821 adet olarak belirlenmiştir (**Ek-9**). Ayrıca dişi ve erkek bireylerde baz değişim durumlarının (A-C, A-G, A-T, C-A, C-G, C-T, G-A, G-C, G-T, T-A, T-C, T-G) analizleri de yapılmıştır. Örneğin; dişi genotiplerde G (Guanin) olma lokus erkek genotiplerde C (Sitozin) olma durumu gibi baz değişimleri tespit edilmiştir. Elde edilen sonuçlara göre üç adet (Dişi-Erkek) A-G, bir adet C-T, bir adet G-A, iki adet G-C, iki adet G-T, üç adet T-C, bir adet T-G ve bir adet T-A baz değişimi olan toplam 14 adet SNP lokusu tespit edilmiş ve cinsiyet kromozomu üzerinde belirlenen baz değişimi T-A olarak belirlenmiştir.

Kısa InDel lokusların belirlenmesi

Genotiplerin genoma haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. atlantica* genotipinde kısa InDel lokusları da belirlenmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar **Ek-8'de** verilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen kısa InDel sayısı 740,771 ile 835,807 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 varyantlarda gerçekleşmiştir (**Ek-10**).

Uzun indel lokusların belirlenmesi

P. atlantica genotiplerinde kısa InDel lokusları ile birlikte her bir genotipte uzun InDel'ler de tespit edilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar **Ek-8**'de verilmiştir. Tüm *P. atlantica* genotiplerinde elde edilen uzun InDel sayısı 8,178 ile 10,154 arasında değişmiştir.

MNV lokusların belirlenmesi

P. atlantica genotiplerinde kısa ve uzun InDel'lere ek olarak çoklu nükleotit değişiklikleri (Multi-nucleotide variants, MNV) de tespit edilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen MNV sayısı 330,340 ile 404,568 arasında değişmiştir (**Ek-8**).

SV lokusların belirlenmesi

SNP, InDel ve MNV lokusları CLC programında tespit edildikten sonra her bir *P. atlantica* genotipinde yapısal değişiklikler tespit edilmiştir. Yapısal değişiklikler CLC yazılımında; uzun silme, duplikasyon, inversiyon, uzun ekleme, değiştirme ve kompleks olmak üzere altı farklı kategoride sınıflandırılmıştır. Elde edilen tüm yapısal değişiklikler toplam olarak değerlendirildiğinde 15,056 ile 18,467 arasında değişmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-8**'de verilmiştir.

Dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik lokusların belirlenmesi

P. atlantica referans Siirt genomuna yapılan haritalama sonucunda SNP, InDel ve SV lokusları tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipinden elde edilen SNP, kısa ve uzun InDel ve SV lokuslarında karşılaştırması yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre; dişiye özgü SNP lokusu sayısı toplam 264,081 adet, kısa InDel lokus sayısı 39,152 adet, uzun InDel sayısı 144 adet ve SV lokusu sayısı 82 adet olarak tespit edilmiştir. Erkeğe özgü SNP sayısı toplam 561,240 adet, kısa InDel sayısı 85,088 adet, uzun InDel sayısı 236 adet ve SV lokusu sayısı ise 123 adet olarak belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-6**'da verilmiştir.

Linux ve Windows tabanlı analizlerin karşılaştırılması

P. atlantica türüne ait olan genotiplerin SNP, InDel ve SV lokusları Linux tabanlı GATK programı ile tespit edilmiştir. Benzer şekilde her bir genotip Windows tabanlı olan CLC Genomic Workbench programı ile de yapılmıştır. Bu tezde her iki platform kullanılarak cinsiyet lokusları ve mekanizması hakkında daha fazla bilgi sahibi olmak hedeflenmişti. Bu sebeple her iki programdan elde edilen lokuslar karşılaştırılmış cinsiyet ayırtmaksızın sadece GATK programında belirlenebilen,

CLC programında tespit edilemeyen lokus sayıları ve sadece CLC programında belirlenebilen, GATK programında tespit edilemeyen lokus sayıları hesaplanmış ve **Ek-11**'de elde edilen bulgular verilmiştir. Sadece GATK programında belirlenen SNP sayısı 2,385,719 iken sadece CLC programında belirlenen SNP sayısı 335,492 olarak bulunmuştur. Her iki platformda ortak olarak belirlenen SNP sayısı ise 3,895,303 olarak bulunmuştur. Sadece GATK programında belirlenen InDel sayısı 187,309 iken, sadece CLC programında belirlenen InDel sayısı 216,676 olarak bulunmuştur. Her iki platformda ortak olarak belirlenen InDel sayısı ise 331,982 olarak hesaplanmıştır. Sadece GATK programında belirlenen SV sayısı 6,940 iken sadece CLC programında belirlenen SV sayısı 466 olarak bulunmuştur. Her iki platformda ortak olarak belirlenen SV sayısı ise 11 adet olarak tespit edilmiştir.

4.2.2. Bağyolu Çeşidi Referans Genomu Kullanılarak Elde Edilen Analiz Sonuçları

P. atlantica türüne ait 15 dişi ve 15 erkek genotipten elde edilen DNA dizileri ayrı ayrı Bağyolu antepfıstığı çeşidinin referans genomuna haritalanmıştır.

Linux tabanlı yazılımlardan elde edilen analiz sonuçları

Tez çalışmasında Linux ortamında kullanılarak Bağyolu genomuna haritalama, SNP, InDel ve SV analizleri yapılmıştır.

Haritalama sonuçları

Tez çalışması kapsamında her bir *P. atlantica* genotipine ait DNA dizileri Bağyolu genomuna haritalanması başarıyla tamamlanmıştır. Her bir genotipin DNA dizilerinin Bağyolu çeşidi genomuna haritalanmasından elde dilen sonuçlar **Ek-12**'de verilmiştir. Haritalanan baz oranı %96.62 ile %97.10 arasında değişmiştir. Böylece elde edilen sekansların çok büyük oranı beklendiği gibi Siirt çeşidi genomuna haritalanmıştır.

SNP lokusların belirlenmesi

Dizilerin genoma haritalanması tamamlandıktan sonra herbir *P. atlantica* genotipinde SNP lokuslarının belirlenmesi aşamasına geçilmiştir. Toplam 30 genotipten elde edilen sonuçlar **Ek-13'te** verilmiştir. *P. atlantica* genotiplerinden elde edilen SNP sayısı 6,884,596 ile 7,984,896 arasında değişmiştir. Ayrıca SNP lokusları heterozigot ve homozigot olma durumlarına göre her bir genotip için hesaplanmıştır. En az homozigot SNP lokusu 1,889,105 ve en yüksek homozigot SNP lokusu ise 3,922,857 olarak belirlenmiştir. En az heterozigot SNP lokusu 4,248,792 ve en yüksek homozigot SNP lokusu ise 5,011,557 olarak belirlenmiştir (**Ek-14**).

Kısa InDel lokusların belirlenmesi

Benzer şekilde genoma haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. atlantica* genotipinde kısa InDel lokusları da tespit edilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar **Ek-13'te** verilmiştir. *P. atlantica* genotiplerinden elde edilen kısa InDel sayıları 851,716 ile 950,647 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-15**).

SV Lokusların Belirlenmesi

InDel lokusları tespit edildikten sonra herbir *P. atlantica* genotipinde yapısal değişiklikler belirlenmiştir. Yapısal değişiklikler uzun silme, translokasyon, duplikasyon, inversiyon ve uzun ekleme olarak sınıflandırılmıştır. *P. atlantica* genotiplerinde tüm yapısal değişikliklerin sayısı 30,668 ile 40,681 arasında değişmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-13**'de verilmiştir.

Dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik lokusların belirlenmesi

P. atlantica referans Bağyolu genomuna yapılan haritalama sonucunda SNP, InDel ve SV lokusları tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipinden elde edilen SNP, InDel ve SV lokuslarında Dişi ve Erkek genotiplerde karşılaştırma yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre, dişiye özgü SNP lokus sayısı toplam 321,995 adet, InDel lokus sayısı 32,513 adet ve SV lokus sayısı ise 486 adet olarak belirlenmiştir. Erkeğe özgü SNP lokus sayısı toplam 517,703 adet, InDel lokus sayısı 56,341 adet ve SV lokus sayısı ise 785 adet olarak tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipin karşılaştırması sonucunda ortak olarak tespit edilen SNP sayısı 1,431,579 adet, InDel sayısı 151,030 adet ve 1,037 adet ise SV belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-16**'da verilmiştir.

Windows tabanlı analizlerin sonuçları

Haritalama sonuçları

Herbir *P. atlantica* türüne ait genotiplerden elde edilen DNA dizilerin Bağyolu genomuna haritalanması CLC Genomic Workbench programında tamamlanmıştır. Her bir genotipin DNA dizilerinin Siirt çeşidi genomuna haritalanmasından elde dilen sonuçlar **Ek-17**'de verilmiştir. Haritalanan baz oranı %98.45 ile %98.78 arasında değişmiştir.

SNP lokusların belirlenmesi

Dizilerin genoma haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. atlantica* genotipinde SNP lokuslarının belirlenmesi aşamasına geçilmiştir. Toplam 30 genotipten elde edilen sonuçlar **Ek-18**'de verilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen SNP sayısı 4,342,400 ile 5,548,428 arasında değişmiştir. Ayrıca SNP lokusları heterozigot ve homozigot olma durumlarına göre her bir genotip için

hesaplanmıştır. En az homozigot SNP lokusu 1,976,193 ve en yüksek homozigot SNP lokusu ise 3,718,827 olarak belirlenmiştir. En az heterozigot SNP lokusu 1,728,482 adet ve en yüksek heterozigot SNP lokusu ise 2,366,207 adet olarak belirlenmiştir (**Ek-19**). Ayrıca dişi ve erkek bireylerde baz değişim durumlarının (A-C, A-G, A-T, C-A, C-G, C-T, G-A, G-C, G-T, T-A, T-C, T-G) analizleri de yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre (Dişi-Erkek) A-C, A-G ve T-C baz değişimi olan toplam üç adet SNP lokusu tespit edilmiştir.

Kısa InDel lokusların belirlenmesi

Genotiplerin genoma haritalanması tamamlandıktan sonra her bir *P. atlantica* genotipinde kısa InDel lokusları da belirlenmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar **Ek-18**'de verilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen kısa InDel sayısı 660,149 ile 744,881 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 varyantlarda gerçekleşmiştir (**Ek-20**).

Uzun InDel lokusların belirlenmesi

P. atlantica genotiplerinde kısa InDel lokusları ile birlikte her bir genotipte uzun InDel'ler de tespit edilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen sonuçlar **Ek-18**'de verilmiştir. Tüm *P. atlantica* genotiplerinde elde edilen uzun InDel sayısı 7,755 ile 10,656 arasında değişmiştir.

MNV lokusların belirlenmesi

P. atlantica genotiplerinde kısa ve uzun InDel'lere ek olarak çoklu nükleotit değişiklikleri (Multi-nucleotide variants, MNV) de tespit edilmiştir. Tüm genotiplerden elde edilen MNV sayısı 210,205 ile 282,909 arasında değişmiştir (**Ek-18**).

SV lokusların belirlenmesi

SNP, InDel ve MNV lokusları CLC programında tespit edildikten sonra her bir *P. atlantica* genotipinde yapısal değişiklikler tespit edilmiştir. Yapısal değişiklikler CLC yazılımında; uzun silme, duplikasyon, inversiyon, uzun ekleme, değiştirme ve kompleks olmak üzere altı farklı kategoride sınıflandırılmıştır. Elde edilen tüm yapısal değişiklikler toplam olarak değerlendirildiğinde 13,754 ile 18,923 arasında değişmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-18**'de verilmiştir.

Dişi ve Erkek Cinsiyetlere Spesifik Lokusların Belirlenmesi

P. atlantica referans Bagyolu genomuna yapılan haritalama sonucunda SNP, InDel ve SV lokusları tespit edilmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipinden elde edilen SNP, kısa ve uzun InDel ve SV lokuslarında karşılaştırması yapılmıştır. Elde edilen sonuçlara göre; dişiye özgü

SNP lokusu sayısı toplam 199,719 adet, kısa InDel lokus sayısı 31,428 adet, uzun InDel sayısı 107 adet ve SV lokusu sayısı 65 adet olarak tespit edilmiştir. Erkeğe özgü SNP sayısı toplam 397,040 adet, kısa InDel sayısı 62,711 adet, uzun InDel sayısı 164 adet ve SV lokusu sayısı ise 110 adet olarak belirlenmiştir. Toplam 15 adet dişi ve 15 adet erkek genotipin karşılaştırması sonucunda ortak olarak tespit edilen SNP sayısı 809,321 adet, kısa InDel sayısı 131,723 adet, uzun InDel sayısı 99 adet ve SV sayısı 99 adet olarak belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar **Ek-16**'da verilmiştir.

Linux ve Windows tabanlı analizlerin karşılaştırılması

P. atlantica türüne ait olan genotiplerin SNP, InDel ve SV lokusları tespiti Linux tabanlı GATK programında ve windows tabanlı olan CLC Genomic Workbench programında yapılmıştır. Her iki programdan elde edilen lokuslar karşılaştırılmış cinsiyet ayırtmaksızın sadece GATK programında belirlenebilen, CLC programında tespit edilemeyen lokus sayıları ve sadece CLC programında belirlenebilen, GATK programında tespit edilemeyen lokus sayıları hesaplanmış ve **Ek-21**'de elde edilen bulgular verilmiştir. Sadece GATK programında belirlenen SNP sayısı 1,644,014 iken, sadece CLC programında belirlenen SNP sayısı 156,561 olarak bulunmuştur. Her iki platformda ortak olarak belirlenen SNP sayısı ise 2,058,841 olarak bulunmuştur. Sadece GATK programında belirlenen InDel sayısı 146,882 iken sadece CLC programında belirlenen InDel sayısı 113,554 olarak bulunmuştur. Her iki platformda ortak olarak belirlenen InDel sayısı ise 244,029 olarak bulunmuştur. Sadece GATK programında belirlenen SV sayısı 3,342 iken sadece CLC programında belirlenen SV sayısı 370 olarak bulunmuştur. Her iki platformda ortak olarak belirlenen SV sayısı ise 3 adet olarak tespit edilmiştir.

4.2.3. Linux İşletim Sisteminde Elde Edilen Verilerin Genom Anotasyon Sonuçları

Elde edilen SNP, InDel ve yapısal değişikliklerin (SV'lerin) Siirt ve Bağyolu genomlarındaki anotasyonları yapılmıştır. SNP, InDel ve yapısal değişikliklerin anotasyonları UTR5, UTR3, UTR5;UTR3, ekzonik, splicing, upstream, downstream, upstream;downstream, intronic, intergenik, ncRNA_ekzonik ve diğerleri olarak sınıflandırılmıştır. Kodlanan bölgede olan SNP'ler ayrıca amino asit dizisini değiştirme durumuna göre nonsynonymous ve synonymous olarak sınıflandırılmıştır. InDel'lerin gen bölgelerindeki anotasyonları ayrıca çerçeve kaymasına göre frameshift ve non-frameshift olarak sınıflandırılmıştır. SNP ve InDel'ler ayrıca stop kodon ekleme çıkarma durumuna göre (stop gain/stop loss) de değerlendirilmiştir.

Siirt Genomu Anotasyon Sonuçları

SNP'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 7,106,244 ile 7,822,086 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde sayı genotipe göre değişmek üzere 808,253 ile 866,101 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki SNP sayıları ise 325,332 ile 350,185 arasında değişmiştir (**Ek-**

22). Ekzon bölgelerindeki nonsynonymous SNP'ler synonymous SNP'lere göre daha fazla sayıda bulunmuştur. Ayrıca ekzon bölgelerindeki SNP'lerde stop kodon ekleme (stopgain), çıkarma (stoploss) durumuna göre daha fazla bulunmuştur (**Ek-23**).

InDel'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 639,833 ile 707,232 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise sayı 130,709 ile 142,958 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 16,261 ile 17,779 arasında değişmiştir (**Ek-24**). Ekzon bölgelerindeki InDel'lerin sınıflandırılmasında ise çerçeve kayması ekleme ve silinmelerden daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ayrıca ekzon bölgelerindeki InDel'lerde stop kodon ekleme (stopgain), çıkarma (stoploss) durumuna göre daha fazla olduğu belirlenmiştir (**Ek-25**).

Yapısal değişiklikler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 19,040 ile 22,558 arasında değişmiştir. Bunu ekzon ve intron bölgeleri izlemiştir. Ekzon bölgelerindeki yapısal değişiklik sayısı genotipten genotipe değişmek üzere 7,345 ile 9,425 arasında değişmiştir. Intron bölgelerinde ise 3,227 ile 3,976 arasında değişim göstermiştir (**Ek-26**).

Bağyolu Genomu Anotasyon Sonuçları

SNP'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 5,000,559 ile 5,811,647 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise 741,795 ile 861,851 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki SNP sayıları genotipten genotipe değişmek 320,103 ile 375,284 arasında değişmiştir (**Ek-27**). Ekzon bölgelerindeki nonsynonymous SNP'ler synonymous SNP'lere göre daha fazla sayıda bulunmuştur. Ayrıca ekzon bölgelerindeki SNP'lerde stop kodon ekleme (stopgain), çıkarma (stoploss) durumuna göre daha fazla bulunmuştur (**Ek-28**).

InDel'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 554,741 ile 616,796 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise 122,635 ile 136,539 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 20,084 ile 22,719 arasında değişmiştir (**Ek-29**). Ekzon bölgelerindeki InDel'lerin sınıflandırılmasında ise çerçeve kayması ekleme ve silinmeler daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ayrıca ekzon bölgelerindeki InDel'lerde stop kodon ekleme (stopgain), çıkarma (stoploss) durumuna göre daha fazla olduğu belirlenmiştir (**Ek-30**).

Yapısal değişiklikler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 11,818 ile 15,400 arasında değişmiştir. Bunu ekzon ve intron bölgeleri izlemiştir. Ekzon bölgelerindeki yapısal farklılık genotipten genotipe değişmek üzere 10,277 ile 13,984 arasında değişmiştir. Intron bölgelerinde ise 2,264 ile 2,946 arasında değişim göstermiştir (**Ek-31**).

4.2.4 Windows İşletim Sisteminde Elde Edilen Verilerin Genom Anotasyon Sonuçları

Siirt Genomu Anotasyon Sonuçları

SNP'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 4,573,187 ile 5,366,038 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. İntron bölgelerinde sayı genotipe göre değişmek üzere 631,128 ile 709,085 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki SNP sayıları ise 243,514 ile 271,264 arasında değişmiştir (**Ek-32**). Ekzon bölgelerindeki non-synonymous SNP'ler synonymous SNP'lere göre daha fazla sayıda bulunmuştur. Ayrıca ekzon bölgelerindeki SNP'lerde stop kodon ekleme (stopgain), çıkarma (stoploss) durumuna göre daha fazla bulunmuştur (**Ek-33**).

Kısa InDel'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 721,497 ile 842,999 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. İntron bölgelerinde ise sayı 138,027 ile 155,452 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki kısa InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 17,723 ile 20,402 arasında değişmiştir (**Ek-34**). Ekzon bölgelerindeki kısa InDel'lerin sınıflandırılmasında ise çerçeve kayması olmayan MNV'ler diğerlerinden daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ayrıca ekzon bölgelerindeki kısa InDel'lerde stop kodon ekleme (stopgain), çıkarma (stoploss) durumuna göre daha fazla olduğu belirlenmiştir (**Ek-35**).

Uzun InDel'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 4,497 ile 5,683 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. İntron bölgelerinde ise sayı 1,920 ile 2,431 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki uzun InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 314 ile 388 arasında değişmiştir (**Ek-36**). Ekzon bölgelerindeki uzun InDel'lerin sınıflandırılmasında ise çerçeve kayması silinmeler çerçeve kayması eklemeden daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ayrıca ekzon bölgelerindeki uzun InDel'lerde stop kodon ekleme), çıkarma durumuna göre daha fazla olduğu belirlenmiştir (**Ek-37**).

Yapısal değişiklikler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 3,560 ile 4,458 arasında değişmiştir. Bunu intron ve ekzon bölgeleri izlemiştir. İntron bölgelerinde ise 1,618 ile 1,963 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki yapısal değişiklik sayısı genotipten genotipe değişmek üzere 185 ile 221 arasında değişmiştir (**Ek-38**).

Bağyolu Genomu Anotasyon Sonuçları

SNP'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 3,016,835 ile 3,888,024 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. İntron bölgelerinde ise 515,441 ile 643,544 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki SNP sayıları genotipten genotipe farklılık göstererek 214,305 ile 268,748 arasında değişmiştir (**Ek-39**). Ekzon bölgelerindeki non-synonymous SNP'ler synonymous SNP'lere göre daha fazla sayıda bulunmuştur. Ayrıca ekzon bölgelerindeki SNP'lerde stop kodon ekleme), çıkarma durumuna göre daha fazla bulunmuştur (**Ek-40**).

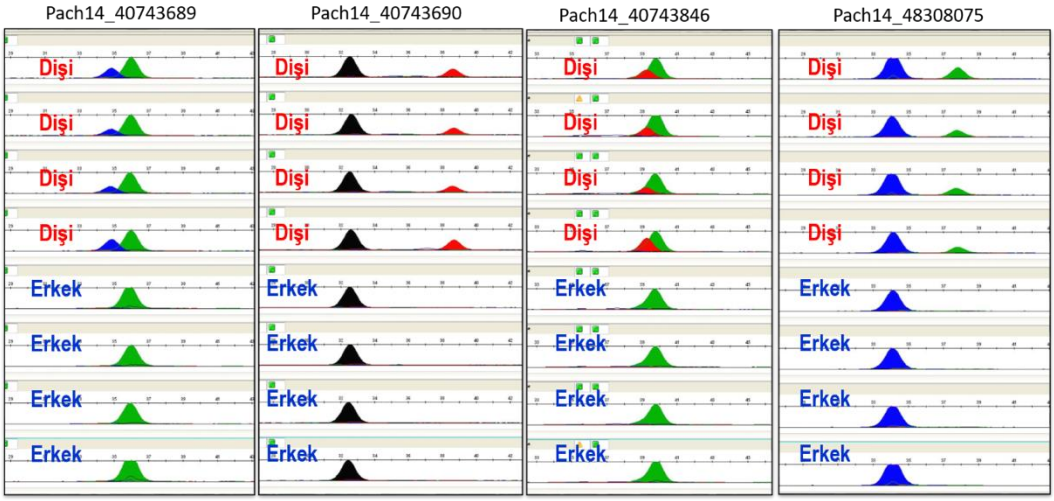
Kısa InDel'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 570,259 ile 670,779 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. İntron bölgelerinde ise sayı 121,179 ile 141,536 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki kısa InDel sayıları genotipten genotipe farklılık göstererek 19,947 ile 24,630 arasında değişmiştir (**Ek-41**). Ekzon bölgelerindeki kısa InDel'lerin sınıflandırılmasında ise çerçeve kayması olmayan MNV'ler diğerlerinden daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ayrıca ekzon bölgelerindeki kısa InDel'lerde stop kodon ekleme çıkarma durumuna göre daha fazla olduğu belirlenmiştir (**Ek-42**).

Uzun InDel'ler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 4,175 ile 6,166 arasında değişmiştir. Bunu intron, upstream, downstream ve ekzon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise sayı 1,767 ile 2,185 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki uzun InDel sayıları genotipten genotipe değişmek üzere 283 ile 404 arasında değişmiştir (**Ek-43**). Ekzon bölgelerindeki uzun InDel'lerin sınıflandırılmasında ise çerçeve kayması silinmeler ve çerçeve kayması olmayan silinmeler diğerlerinden daha fazla olduğu belirlenmiştir. Ayrıca ekzon bölgelerindeki uzun InDel'lerde stop kodon ekleme çıkarma durumuna göre daha fazla olduğu belirlenmiştir (**Ek-44**).

Yapısal değişiklikler en fazla intergenik bölgelerde belirlenmiştir. Genotiplere göre sayıları 3,072 ile 4,579 arasında değişmiştir. Bunu intron ve ekzon bölgeleri izlemiştir. Intron bölgelerinde ise 1,293 ile 1,652 arasında değişim göstermiştir. Ekzon bölgelerindeki yapısal değişiklik sayısı genotipten genotipe farklılık göstererek 154 ile 242 arasında değişmiştir (**Ek-45**).

4.3. *P. atlantica* Türünde Cinsiyet ile Bağlantılı Lokusların Validasyonu

Cinsiyetle ilişkili olan 28 SNP bölgesinden SNaPshot analizinde kullanmak üzere primer tasarımı BatchPrimer 3 programı ile yapılmıştır. Sentezi yapılan ileri ve geri primerler tür içerisindeki 4 adet dişi ve 4 adet erkek genotipte doğrulaması yapılmıştır. Doğrulama sonucunda test edilen toplam 10 adet SNP lokusundan 4 adet cinsiyet lokusu aday olarak belirlenmiştir. Aday lokuslara ait dişi ve erkek bireylerin elektroferogram görüntüsü **Şekil 4.3**'de verilmiştir.



Şekil 4.3. *P. atlantica* türünde doğrulaması yapılan aday lokusların elektroferogram görüntüsü

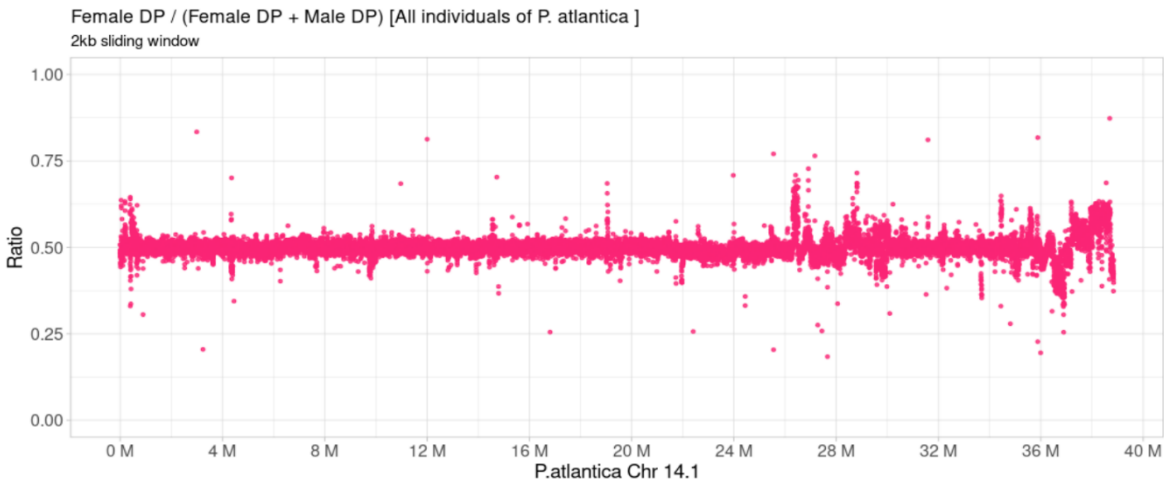
4.4. *P. atlantica* Genomuna Hizalanan Okumaların Biyoinformatik Analiz Sonuçları

Hizalama sonucunda hizalanan okuma sayısı 94.949.258 ile 11.593.041, hizalanan okuma oranı %98.3 ile %99.2, haritalama skoru 20'den yüksek okuma sayısı 77.535.708 ile 93.643.745, haritalama skoru 20'den yüksek okuma oranı %80.5 ile %83.5 arasında değişmiştir (**Ek-46**).

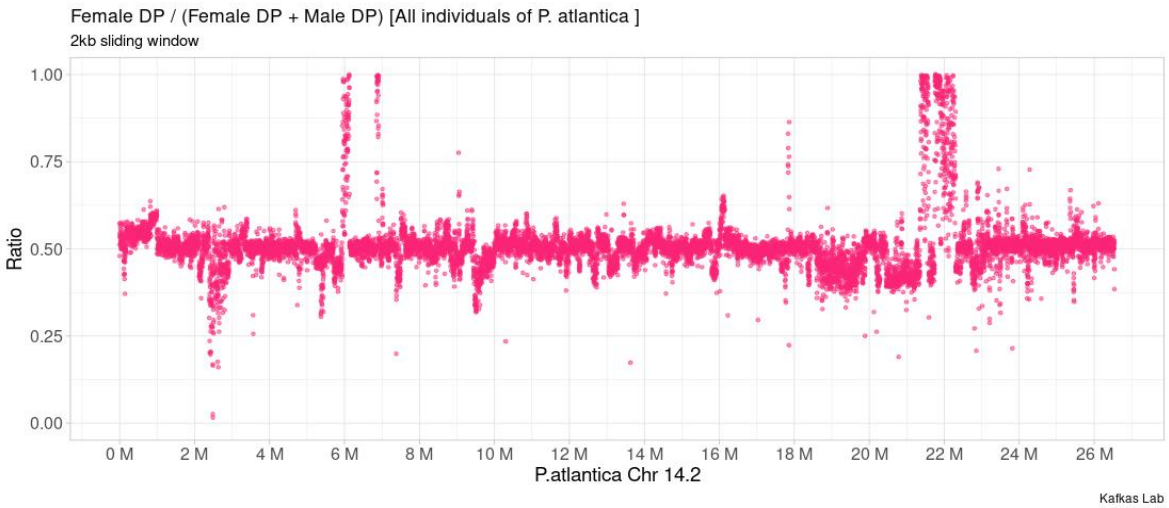
4.4.1 Dişi Spesifik Lokusların Belirlenmesi

P. atlantica türüne ait 15 dişi ve 15 erkek genotipine ait sekans dizileri *P. atlantica* genomuna hizalanmış ve genom boyunca okuma derinlik değerleri elde edilmiştir. Python (Rossum ve ark., 2009) programlama dili kullanılarak yazılan bir script ile okuma derinlik değerleri 2000 bazlık aralıklarla her bir birey için toplanmış ve toplam okuma sayısına göre normalize edilmiştir. Normalize edilen değerler R (R Core Team, 2021) ortamında yazılmış diğer bir script ile cinsiyet kromozomu olarak tanımlanan Pa_14.1 ve Pa_14.2 için görselleştirilmiştir (Şekil 4.4 ve Şekil 4.5). 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)) üzerinde 201 lokus belirlenmiş ve bu lokusların hepsinin *P. atlantica* genomunda kromozom 14.2'de olduğu tespit edilmiştir (**Ek-47**). Dişi spesifik olarak belirlenen bir lokusun IGV görüntüsü Şekil 4.6'da gösterilmiştir. Erkek bireylerin ise 0.9 (M/(F+M)) üzerinde lokus bulunamamıştır.

Cinsiyet spesifik olarak belirlenen bu lokusların başlangıç ve bitiş pozisyonları kullanılarak Python programlama dili ile yazılan bir script ile FASTA dosya formatında toplanmış ve cinsiyet spesifik lokuslar olarak saklanmıştır.



Şekil 4.4. *P. atlantica* genomuna align edilmiş okumaların kromozom 14.1' deki okuma derinlik oran(F/(F+M)) grafiği

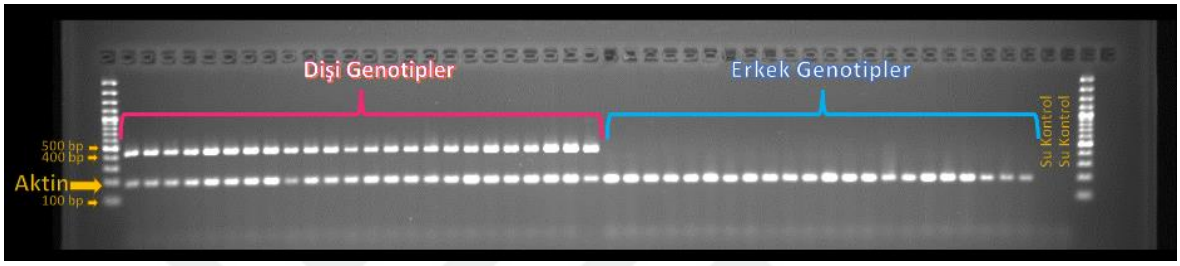


Şekil 4.5. *P. atlantica* genomuna align edilmiş okumaların kromozom 14.2' deki okuma derinlik oran(F/(F+M)) grafiği

Şekil 4.6. *P. atlantica* türüne ait örnek dişi spesifik bir bölgenin IGV görüntüsü (*Dişi bireylere ait okuma derinlik grafiği kırmızı, erkek bireylere ait okuma derinlik grafiği ise mavi ile gösterilmiştir)

4.4.2 Dişi Spesifik Lokuslarının Validasyonu

P. atlantica türünde toplamda cinsiyetle ilişkili bölgelerden 24 SCAR primeri tasarlanmış ve ön taramada 4 dişi 4 erkek bireyde en iyi ve en doğru çalışan primer belirlenmiştir. En iyi çalışan primer çifti kullanılarak 100 dişi ve 100 erkek bireyde doğrulanmış ve 24 dişi, 22 erkek bireyde yapılan PCR sonucunda agaroz jeldeki görüntüsü Şekil 4.9'da verilmiştir. Primerler tasarlanırken dişi spesifik bölgelerin çoğaltılması hedeflendiği için reaksiyonun çalıştığının kontrol edilmesi amacıyla aktin genine ait bölgeyi çoğaltan primer (Çizelge 3.6) de reaksiyona dahil edilmiştir. Şekil 4.7'de jel görüntüsünde de görüldüğü gibi ≈450 bp uzunluğunda sadece dişi bireylerde görülen bant tespit edilmiştir.



Şekil 4.7. *P. atlantica* türünde 24 Dişi ve 22 Erkek bireye ait örneklerin cinsiyet markörünün agaroz jel görüntüsü

4.4.3 Anotasyon Sonuçları

P. atlantica türünde yapılan anotasyon sonucunda dişi spesifik olarak 209 lokusun 37 gen bölgesinde olduğu tespit edilmiştir (**Ek-47**). Bu genlerin 16 tanesi Plant Reactome üzerinde belli yolaklar üzerinde tanımlanmıştır (Çizelge 4.1).

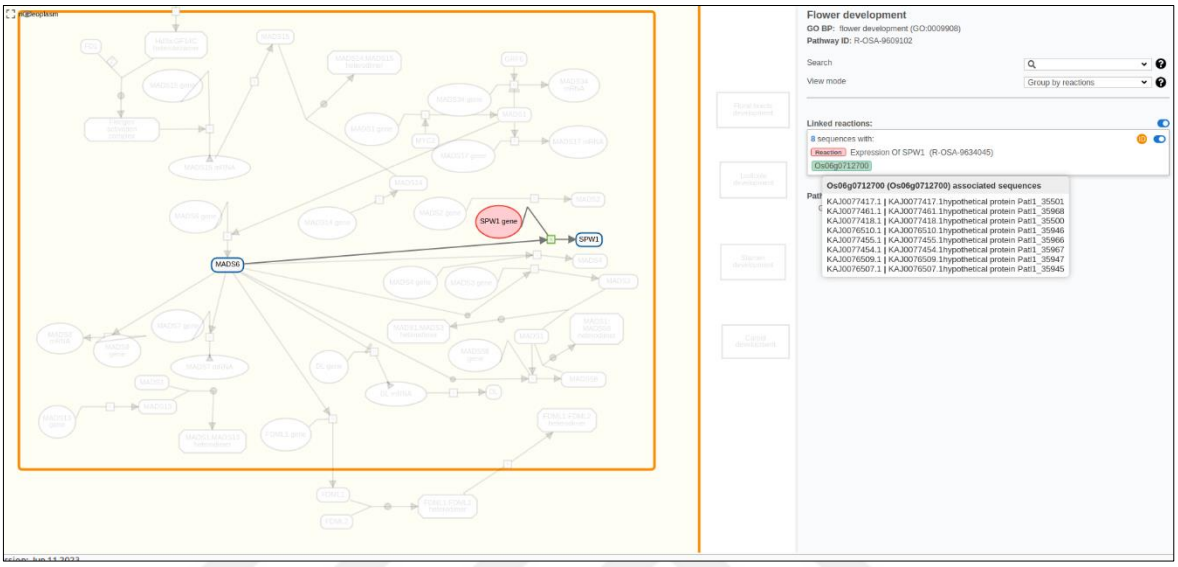
GO anotasyonu sonucunda; 26 tanesi hizalanmış, haritalanmış ve anote edilebilmiş, 1 tanesi hizalanmış ve haritalanmış, 9 tanesi hizalanmış ve 1 tanesi tanımlanamamıştır (**Ek-48**). InterPro anotasyonu sonucunda; 26 tanesi tanımlanmış ve 7 tanesi tanımlanamamıştır (**Ek-49**). EggNOG anotasyonu sonucunda; 21 tanesinin KEGG anotasyonları tanımlanmış, 16 tanesinin KEGG anotasyonu tanımlanamamış (**Ek-50**), anotasyonları yapılan proteinlerden ise 10 tanesinin gen adı ve EggNOG tanımlaması yapılabilmiştir (Çizelge 4.2).

Plant Reactome Pathway'lerinde belirlenen genlerin en fazla *Oryza sativa* türündeki "Flower Development" yolağında olduğu tespit edilmiştir (Çizelge 4.1).

Çizelge 4.1. Plant Reactome anotasyon sonuçları

Yolak	**Yolak ID**	**Tür**	**Sekans**
Arsenic uptake and detoxification	R-CCP-9618218	*Corchorus capsularis*	1
Citrulline biosynthesis	R-FVE-1119495	*Fragaria vesca*	1
Photorespiration	R-VAN-1119312	*Vigna angularis*	4
Short day regulated expression of florigens	R-ZJA-8934108	*Zoysia japonica*	1
Proline biosynthesis I	R-FVE-1119631	*Fragaria vesca*	1
Flower development	R-OSA-9609102	*Oryza sativa*	8

Çiçek gelişiminde tanımlanan bu yolaktaki genlerin tamamının SPW1(Sinonim/Homolog: APETALA3(AP3), SUPERWOMAN1, OsMADS16) geni ile benzer olduğu bulunmuştur (Şekil 4.8).Bu genin pirinç bitkisinde çiçek oluşum aşamasında anter ve lodikül gelişiminde rol oynadığı Nagasawa ve ark. (2003) tarafından belirlenmiş ve bu gende meydaha gelen mutasyonun anter ve lodiküllerin oluşması yerine, karpel ve palea-benzeri organ oluşuma sebep verdiğini bildirmiştir.



Şekil 4.8. OmicsBox Programında *P. atlantica* Anotasyonu için yapılmış pathway analizinde Flower development yolağı için Plant Reactome Veritabanı Sonuçları

EggNOG anotasyonu sonucunda *Arabidopsis thaliana* türünde tanımlanan genler incelendiğinde en fazla anote edilen gen ve tanımlamanın "Floral homeotic protein" tanımı altında SPW1 homoluğu AP3 (APETALA 3), ve TM6 genleri için yapılmıştır (Çizelge 4. 2).

Çizelge 4.2. EggNOG ile belirlenen gen ve açıklamaları

Protein ID	Gen Adı	EggNOG Tanımlaması
KAJ0077418.1	AP3	Floral homeotic protein
KAJ0077417.1	AP3	Floral homeotic protein
KAJ0076507.1	AP3	Floral homeotic protein
KAJ0076510.1	TM6	Floral homeotic protein
KAJ0076509.1	AP3	Floral homeotic protein
KAJ0076503.1	AP3	Floral homeotic protein
KAJ0077455.1	TM6	Floral homeotic protein
KAJ0077454.1	AP3	Floral homeotic protein
KAJ0077461.1	AP3	Floral homeotic protein
KAJ0076950.1	WDR3	WD40 repeats

PISTILLATA ve APETALA3 (PI/AP3) genleri, stamenlerin (sınıf-B MADS-box genleri) oluşumu için gerekli olan bir çift MADS-box genidir ve eksprese edildikleri yerde karpeller oluşmaz. Bu nedenle, PI/AP3'ün yapısal aşırı ekspresyonunun, erkek kavaklarda görüldüğü gibi, yalnızca dişi çiçeklerde exprese olması beklenmektedir (Cronk ve ark., 2020). Dişi çiçek oluşumda etkili faktör ARR17 geni bu nedenle, PI/AP3'ün ifadesini lokal olarak bloke etmek, stamenlerin gelişimini engellemek ve (dişi çiçeklerde olduğu gibi) karpellerin oluşmasına izin vermek olabilir. Jack ve ark. (1992) AP3 geninin homeotik mustasyonu durumunda petallerin sepallere ve anterlerin karpellere dönüştüğünü bildirmiştir. Benzer şekilde Cao ve ark. (2019) domates bitkisinde TM6 geninin anter gelişiminde rol oynadığını ve domateste erkek kısırlığa sebep olduğunu bildirmiştir. Diğer bir çalışmada, çilek türünde TM6 geninin stamen ve petal organlarında daha çok ekspre olduğu tespit edilmiştir. Quinet ve ark. (2014) domates bitkisinde AP3 geninin bir ortoloğunun antersiz çiçek gelişimine neden olduğunu göstermişlerdir.

Bu anotasyon sonuçları değerlendirildiğinde *P. atlantica'* da dişi spesifik bölgelerde SPW1, AP3 ve TM6 genlerinin homoloğu homeotik bir gen yada genler tarafından cinsiyet mekanizmasının oluştuğu düşünülmektedir.

5. SONUÇLAR VE ÖNERİLER

Yeni nesil sekanslama teknolojisindeki son yıllardaki ilerlemeler kısa sürede yüksek oranda veri elde edilmesini sağlamaktadır. Ayrıca sekanslama birim fiyatları her geçen gün ucuzlamaktadır. Bu teknoloji ile genomu yüksek oranda kapsayacak şekilde sekanslama yapılabilmektedir. Bu sayede genom boyunca bulunan farklılıklar (SNP, indel, Structure varyant) yüksek doğrulukla tespit edilebilmektedir. Bu çalışma ile yeni nesil sekanslama ile ülkemizde yaygın olarak yetişen *Pistacia* türlerinde cinsiyet ile bağlantılı DNA markörlerinin geliştirilmesi ve cinsiyet kromozom mekanizmasının ortaya çıkarılması amaçlanmıştır.

Bu amaçla elde edilen sonuçlar aşağıda özetlenmiştir.

1. Bu çalışma kapsamında resequencing yaklaşımı ile nesil sekanslama cihazında PE150 (çift yönlü), adaptörler, kısa diziler sonra 13.7 Gb ile 16.7 Gb arasında her bir genotipten temiz DNA dizisi elde edilmiştir. *P. vera* ve *P. atlantica* genom büyüklüklerinin sırasıyla 600Mb ve 530 Mb civarında olarak hesaplandığında, her bir genotipten 25X ile 30X arasında bir yoğunlukta DNA dizisi elde edilmiştir.

2. *P. vera* genomu kullanılarak Linux tabanlı yazılımlar kullanıldığında; *P. atlantica* türüne ait dişi ve erkek genotiplerine ait resequencing dizileri Siirt genomuna haritalandığında haritalanan baz oranı %96.35 ile %96.83 arasında değişmiştir. Ayrıca bulunan SNP sayısı 9,183,591 ile 9,997,144 arasında, kısa InDel sayıları ise 952,465 ile 1,054,782 arasında, yapısal değişikliklerin sayısı 38,520 ile 47,240 arasında ve tüm yapısal değişikliklerin sayısı 30,668 ile 40,681 arasında değişmiştir.

3. *P. vera* genomu kullanılarak Linux tabanlı yazılımlar kullanıldığında; *P. atlantica* türüne ait dişi ve erkek genotiplerine ait resequencing dizileri Bağyolu genomuna haritalandığında haritalanan baz oranı %96.62 ile %97.10 arasında, sayısı 6,884,596 ile 7,984,896 arasında, kısa InDel sayıları 851,716 ile 950,647 arasında ve tüm yapısal değişikliklerin sayısı 30,668 ile 40,681 arasında değişmiştir.

4. *P. vera* genomu kullanılarak Windows tabanlı yazılımlar kullanıldığında; *P. atlantica* türüne ait dişi ve erkek genotiplere ait resequencing dizileri Siirt genomuna haritalandığında haritalanan baz oranı %98.45 ile %98.78 arasında, SNP sayısı 4.,342.,400 ile 5,548,428 arasında, kısa InDel sayısı 660,149 ile 744,881 arasında ve tüm yapısal değişikliklerin sayısı 13,754 ile 18,923 arasında değişmiştir.

5. *P. vera* genomu kullanılarak Windows tabanlı yazılımlar kullanıldığında; *P. atlantica* türüne ait dişi ve erkek genotiplerine ait resequencing dizileri Bağyolu genomuna haritalandığında haritalanan baz oranı %98.45 ile %98.78 arasında, SNP sayısı 4,342,400 ile 5,548,428 arasında, kısa InDel sayısı 660,149 ile 744,881, uzun InDel sayısı 7,755 ile 10,656 arasında ve tüm yapısal değişikliklerin sayısı 13,754 ile 18,923 arasında değişmiştir.

6. *P. atlantica* türüne ait 15 dişi ve 15 erkek genotipine ait sekans dizileri *P. atlantica* genomuna hizalanmış ve genom boyunca okuma derinlik değerleri analiz edildiğinde dişilere ait 0.9 okuma derinlik oranı (F/(F+M)) üzerinde 201 lokus belirlenmiş ve bu lokusların hepsinin *P. atlantica* genomunda kromozom 14.2'de olduğu tespit edilmiştir. Erkek bireylerin ise 0.9 okuma derinlik oranı (M/(F+M)) üzerinde lokus bulunamamıştır.

7. Cinsiyet ile ilişkili olarak belirlenen lokuslar üzerinde yapılan fonksiyonel anotasyonlar sonucunda bu lokuslarda çiçek gelişimi ve çiçekteki organların farklılaşması ile ilgili gen ve yolaklar tespit edilmiştir.

8. *P. atlantica*'da cinsiyet ile ilişkili lokuslar incelendiğinde dişi bireylerin cinsiyete spesifik bölgelere sahip olmaları nedeniyle *P. atlantica*'nın ZW/ZZ cinsiyet sistemi sahip olduğu tespit edilmiştir.

Bu çalışmadan elde edilen sonuçlar değerlendirildiğinde, ZW cinsiyet kromozomuna sahip *P. atlantica* türünde Z ve W kromozomlarının ayrı ayrı DNA dizilerinin çıkarılması ve cinsiyeti belirleyen gen veya genlerin belirlenmesi bundan sonra öncelikli olarak yapılacak çalışmalar arasında yer almalıdır. Ayrıca kültür antepfıstığı için anaç ıslahı çalışmalarında türlerarası melezlemeler yaygın olarak yapıldığı için *P. integerrima, P. atlantica, P. eurycarpa, P. khinjuk, P. terebinthus* ve *P. vera* gibi antepfıstığına anaç olarak kullanılabilecek türlerin hepsinde tek bir markör ile cinsiyeti ayırabilmek için çalışmaların yapılması yararlı olacaktır.

KAYNAKLAR

A. Golan-Goldhirsh, O.Barazani, Z.S. Wang, D.K Khadka, J.A Saunders, V. Kostiukovsky and L.J. Rowland, 2004. Genetic relationship among Mediterranean *Pistacia* species evaluated by RAPD and AFLP markers. Plant Syst. Evol., 246, 9–18.

A. Monjauze, 1982. Le pays des dayas et *Pistacia atlantica* Desf. dans le Sahara algérien. Rev. Forest. Franc., 34, 277–289 12.

A. Seigne, 1985. La forêt circumméditerranéenne et ses problèmes.. pp 137–141, Maisonneuve GP and Larose, Paris. 11.

A.N. Shaker, H. Laouer and M. Dahia, 1999. Usage des plantes médicinales dans la région de Boussaada (Algérie). Revue Méd. Pharm. Afr., 13, 81–89

Ak, B. E., 2014. Antepfıstığı Genetik Kaynaklarının Korunması ve Islahı. Antepfıstığı üretiminde verim ve kalitenin artırılması projesi. Antepfıstığı üretiminden tüketimine kadar yaşanan sorunlar ve çözüm yolları paneli, 9-29.

Andrews, S. 2010. FastQC: A Quality Control Tool for High Throughput Sequence Data [Online]. Available online at: http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/

Bellakhdar, J.,1997. Contribution à l'étude de la pharmacopée traditionnelle au Maroc: la situation actuelle, les produits, les sources du savoir (enquête ethnopharmacologique de terrain réalisée de 1969 à 1992).

Bozorgi, M., Memariani, Z., Mobli, M., Mobli, M., Surmaghi M.H.S, Shams-Ardekani, M.R., Rahimi, R.., 2013. Five *Pistacia* species (*P. vera, P. atlantica, P. terebinthus, P. khinjuk, and P. lentiscus*): A Review of Their Traditional Uses, Phytochemistry, and Pharmacology. The Scientific World Journal.

Broad Institute, 2018. Picard Toolkit, GitHub Repository. http://broadinstitute.github.io/picard/

Buchfink B., Reuter K., Drost H.G. 2021. “Sensitive protein alignments at tree-of-life scale using DIAMOND”, Nature methods, 18(4), 366-368.

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, Huang Z. 2019. B-class MADS-box TM6 is a candidate gene for tomato male sterile-1526. Theor Appl Genet 132, 2125–2135.

Carbonell-Barrachina, Á. A., Memmi, H., Noguera-Artiaga, L., Gijón-López, M. del C., Ciapa, R., Pérez-López, D. 2015. Quality attributes of pistachio nuts as affected by rootstock and deficit irrigation. Journal of the Science of Food and Agriculture, 95(14), 2866–2873. https://doi.org/10.1002/jsfa.7027

Caruso, T., Barone, E., Marra, F.P., Sottile, F., La Mantia, M., De Pasquale, C., 2003. Effect of rootstock on growth, yield and fruit characteristics in cv. Bianca pistachio (*Pistacia vera L.*) Trees. Proceedings XIII GREMPA Meeting on Almonds and Pistachios 1–5.

Christenhusz, M. ve Byng, J.., 2016. 2016 Christenhusz Byng number of known plant species.

Cohen, S., ve Naor, A. 2002. The effect of three rootstocks on water use, canopy conductance and hydraulic parameters of apple trees and predicting canopy from hydraulic conductance. Plant, Cell & Environment, 25(1), 17–28. https://doi.org/10.1046/j.1365-3040.2002.00795.x

Conesa, A., Götz, S., García-Gómez, J.M., Terol, J., Talón, M., Robles, M., 2005. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. Bioinformatics. 2005 Sep 15;21(18):3674-6. doi: 10.1093/bioinformatics/bti610.

Cronk, Q. ve Müller N. A. 2020. "Default Sex and Single Gene Sex Determination in Dioecious Plants". Frontiers in Plant Science. 11.

Barnett, D.W.,Garrison, E.K.,Quinlan, A.R.,Strömberg, M.P.,Marth, G.T., 2011. BamTools: a C++ API and toolkit for analyzing and managing BAM files, Bioinformatics, Volume 27, Issue 12, Pages 1691–1692, https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btr174

DerMarderosian, A., ve Beutler, J., 2002. The review of natural products: the most complete source of natural product information. https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20033079649

Doyle, J.J., Doyle, J.L., 1987. A rapid isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin, 19, 11-15.

Durmaz, G., ve Gökmen, V., 2011. Changes in oxidative stability, antioxidant capacity and phytochemical composition of *Pistacia terebinthus* oil with roasting. Food Chemistry, 128(2), 410–414. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2011.03.044

E. Lev and Z. Amar, 2002. Ethnopharmacological survey of traditional drugs sold in the Kingdom of Jordan. J. Ethnopharmacol., 82, 131–145.

Esmailpour, A., Khezri, M., Esmaeilpour, A. 2014. Abscission of Inflorescence Buds as Affected by Genetic Characteristics in Some Iranian Commercial Pistachio Cultivars. Internatıonal Journal Of Agrıculture & Bıology. http://www.fspublishers.org

F. Monastra, M. Rovira, F.J. Vargas, M.A. Romero, I. Batlle, D. Rouskas and A. Mendes Gaspar, 1997. Caractérisation isoenzymatique de diverses espèces du genre *Pistacia* et leurs hybrides. Etude de leur comportement comme porte-greffe du pistachier *Pistacia vera L*. In Germain E: Amélioration d'espèces à fruits à coque: noyer, amandier, pistachier. Options Méditerranéennes, Série B, Etudes et Recherches, 16, 133–142.

Ferguson L, Haviland D., 2016. Pistachio production manual: UCANR Publications.

Ferguson, L., Beede, R. H. , Reyes, H. , Sanden, B. L. , Grattan, S. R. , Epstein, L.,2005. Pistachio rootstocks. Pistachio Production Manual.

Ferguson, L., Poss, J. A., Grattan, S. R., Grieve, C. M., Wang, D., Wilson, C., Donovan, T. J., Chao, C.-T. 2002. Pistachio Rootstocks Influence Scion Growth and Ion Relations under Salinity and Boron Stress. Journal of the American Society for Horticultural Science, 127(2), 194–199. https://doi.org/10.21273/JASHS.127.2.194

Germana, C. 1997. The Response Of Pıstachıo Trees To Water Stress As Affected By Two Dıfferent Rootstocks. Acta Horticulturae, 449, 513–520. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.1997.449.71

Ghrab, M., Zribi, F., Ben Mimoun, M., Rhouma, A., 2012. Morphological investigation of genetic diversity of pistachio (*Pistacia vera*) germplasm in arid land of Tunisia. Plant Ecology and Evolution, 145(3), 363–372. https://doi.org/10.5091/plecevo.2012.614

Ghrab, M., Zribi, F., Chelli-Chaabouni, A., Gouta, H., Ben Mimoun, M., 2010. Genetic diversity of pistachio in Tunisia. Options Méditerranéennes, 221–228.

Gogus, F., Ozel, M. Z., Kocak, D., Hamilton, J. F., Lewis, A. C., 2011. Analysis of roasted and unroasted *Pistacia terebinthus* volatiles using direct thermal desorption-GCxGC–TOF/MS. Food Chemistry, 129(3), 1258–1264. https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2011.05.003

Gotz S., Garcia-Gomez JM., Terol J., Williams TD., Nagaraj SH., Nueda MJ., Robles M., Talon M., Dopazo J. and Conesa A., 2008. High-throughput functional annotation and data mining with the Blast2GO suite. Nucleic acids research, 36(10), 3420-35.

H. Mirzaie-Nodoushan and H.M. Arefi, 2001. Variability in seed blankness in *Pistacia atlantica Desf* in a natural habitat. Plant Genet. Resources Newsletter, 127, 46–48.

Harris, C.R. et al., 2020. Array programming with NumPy. Nature, 585, pp.357–362.

Hormaza, J.I., Dollo, L., 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.

Huerta-Cepas, J., Szklarczyk, D., Heller, D., Hernández-Plaza, A., Forslund, S. K., Cook, H., … Bork, P., Mende, D.R. Mende, Letunic, I., Rattei T., Jensen, L.J, Mering C., Bork, P. 2019. eggNOG 5.0: a hierarchical, functionally and phylogenetically annotated orthology resource based on 5090 organisms and 2502 viruses. Nucleic acids research, 47(D1), D309-D314.

J. El-Hilaly, M. Hmammouchi and B. Lyoussi, 2003. Ethnobotanical studies and economic evaluation of medicinal plants in Taounate province (Northern Morocco). J. Ethnopharmacol., 86, 149–158.

Jack T., Brockman L.L., Meyerowitz E.M. 1992. “The homeotic gene APETALA3 of *Arabidopsis thaliana* encodes a MADS box and is expressed in petals and stamens”. Cell. Feb 21;68(4):683-97.

Jones P., Binns D., Chang HY., Fraser M., Li W., McAnulla C., McWilliam H., Maslen J., Mitchell A., Nuka G., Pesseat S., Quinn AF., Sangrador-Vegas A., Scheremetjew M., Yong SY., Lopez R., Hunter S. 2014. InterProScan 5: genome-scale protein function classification. Bioinformatics. 1;30(9):1236-40

Jones, O. P. 1971. Effects of Rootstocks and Interstocks on the Xylem Sap Composition in Apple Trees: Effects on Nitrogen, Phosphorus, and Potassium Content. Annals of Botany, 35(4), 825–836. https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.aob.a084526

Kafkas S., Ma X., Zhang X., Topçu H., Navajas-Pérez R., Wai CM., Tang H., Xu X., Khodaeiaminjan M., Güney M., Paizila A., Karcı H., Zhang X., Lin J., Lin H., Herrán R., Rejón CR., García-Zea JA., Robles F., Muñoz CDV., Hotz-Wagenblatt A., Min XJ., Özkan H., Motalebipour EZ., Gozel H., Çoban N., Kafkas NE., Kilian A., Huang H., Lv X., Liu K., Hu Q., Jacygrad E., Palmer W., Michelmore R., Ming R. 2023. Pistachio genomes provide insights into nut tree domestication and ZW sex chromosome evolution. Plant Commun. 8;4(3):100497.

Kafkas, S. 2006a. Phylogenetic analysis of the genus *Pistacia* by AFLP markers. Plant Systematics and Evolution, 262(1–2), 113–124. https://doi.org/10.1007/s00606-006-0460-7

Kafkas, S. 2006b. Phylogeny, evolution and biodiversity in the genus *Pistacia* (Anacardiaceae). Plant Genome: Biodiversity and Evolution, 1(part C), 525–557.

Kafkas, S. 2018. Advances in Breeding of Pistachio, Advances in genetic and breeding of nuts. Burleigh Dodds Science Publishing

Kafkas, S., Khodaeiaminjan, M., Guney, M. and 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), 98

Kafkas, S., Perl-Treves, R. 2001. Morphological and molecular phylogeny of *Pistacia* species in Turkey", Theor. Journal of Applied Genetics, 102 (6–7), 908–15.

Kafkas, S., Perl-Treves, R. 2002. Interspecific relationships in *Pistacia* based on RAPD fingerprinting", HortScience, 37,168-171.

Kamboj, J. S., Blake, P. S., Quinlan, J. D., Baker, D. A. 1999. Identification and quantitation by GC-MS of zeatin and zeatin riboside in xylem sap from rootstock and scion of grafted apple trees. Plant Growth Regulation, 28(3), 199–205.

Kamiab, F., K., Ebadi, A., Panahi, B., Tajabadi, A. 2014. "RAPD Analysis for Sex Determination in *Pistacia vera L.*" Journal of Nuts 5. 51-55.

Karimi, H. R., ve Nasrolahpour-Moghadam, S. (2016). 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.

Kebour, D., Boutekrabt, A., Mefti, M., Simona, A., Hussain, A. 2012. Use Of The Issr Markers For The Study Of Genetıc Polymorphısm Of The Pıstachıo Fruıt *Pıstacıa Vera L*. In Algerıa. Bull., Series B, 74(2).

Khodaeiaminjan, M., Kafkas, E., Güney, M., 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(98), 1-9.

Kole, C. 2011. Wild crop relatives: Genomic and breeding resources: Plantation and ornamental crops.

Koressaar T., Remm M. 2007. Enhancements and modifications of primer design program Primer3. Bioinformatics. May 15;23(10):1289-91. doi: 10.1093/bioinformatics/btm091. Epub 2007 Mar 22. PMID: 17379693.

Kuru, C., ve Özsabuncuoglu I.H., 1990. Yabani *Pistacia* Türlerinin Aşılanmasında Sorunlar ve Çözüm Yolları. Türkiye 1. In: Kuru C., Can A., Öcal M., Yalçın M., Basut M (eds), Antepfıstığı Sempozyumu. Pistachio Research Institute, Gaziantep, Turkey, 51-57.

Li, H., Durbin, R., 2009. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. Bioinformatics, 15;25(14):1754-60.

Lochard, R. G. ve Schneider, G. W. 1981. Stock and scion growth relationships and the dwarfing mechanism in apple. Horticultural Reviews, 3, 315–375.

Longo, L., Scardino, A., Vasapollo, G. 2007. Identification and quantification of anthocyanins in the berries of *Pistacia lentiscus L.*, Phillyrea latifolia L. and Rubia peregrina L. Innovative Food Science & Emerging Technologies, 8(3), 360–364.

Gijón, M.C. , Gimenez, C. , Perez-López, D., Guerrero, J.,Couceiro, J. F., Moriana, A., 2010. Rootstock influences the response of pistachio (*Pistacia vera L*. cv. Kerman) to water stress and rehydration,Scientia Horticulturae,Volume 125, Issue 4,(666-671)

McKenna, A., Hanna, M., Banks, E., Sivachenko, A., Cibulskis, K., Kernytsky, A., Garimella, K., Altshuler, D., Gabriel, S., Daly, M., DePristo, M.A., 2010. The Genome Analysis Toolkit: a MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data**.** Genome Res, 20:1297-303.

McKinney, W., 2010. Data structures for statistical computing in python. In Proceedings of the 9th Python in Science Conference. pp. 51–56.

Mecherara-Idjeri, S., Hassani, A., Castola, V., Casanova, J. 2008. Composition of leaf, fruit and gall essential oils of Algerian *Pistacia atlantica Desf*. Journal of Essential Oil Research, 20(3), 215-219.

Moyo, M., van Staden, J. 2013. "Micropropagation of Anacardiaceae species of economic importance: Advances and future prospects". In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant, 49(2), 85–96.

Naithani, S., Gupta, P., Preece, J., D'Eustachio, P., Elser, J., Garg, P., Dikeman, D.A., Kiff, J., Cook, J., Olson, A., Wei, S., Tello-Ruiz, M.K., Mundo, A.F., Munoz-Pomer, A., Mohammed, S., Cheng, T., Bolton, E., Papatheodorou, I., Stein, L., Ware, D., Jaiswal, P. 2020. "Plant Reactome: a knowledgebase and resource for comparative pathway analysis", Nucleic Acids Research,48 (D1), 1093–1103.

Nobuhiro N., Masahiro M., Yoshio S., Hikaru S., Hiroyuki H., Hajime S., Yasuo N.; SUPERWOMAN1 and DROOPING LEAF genes control floral organ identity in rice. Development 15 February 2003; 130 (4): 705–718.

Barazani, O. Ve Golan-Goldhirsh, A. , 2004. Conservation of the genetic variability of Mediterranean *Pistacia spp*. J. Arid Land Studies, 14, 41–44

Olien, W. C., ve Lakso, A. N. 1986. Effect of rootstock on apple (Malus domestica) tree water relations. Physiologia Plantarum, 67(3), 421–430. https://doi.org/10.1111/J.1399-3054.1986.TB05757.X

OmicsBox. 2019. Bioinformatics Made Easy, BioBam Bioinformatics, https://www.biobam.com/omicsbox

Palmer, W., Jacygrad, E., Sagayaradj, S., Cavanaugh, K., Han, R., Bertier, L., Beede, B., Kafkas, S., Golino, D., Preece, J., Michelmore, R. 2023. Genome assembly and association tests identify interacting loci associated with vigor, precocity, and sex in interspecific pistachio rootstocks. G3 (Bethesda). 9;13(2)

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.

Danecek, P., Bonfield, J.K., Liddle, J., Marshall, J., Ohan, V.,Pollard, M. O., Whitwham, A., T., Keane, S. A. McCarthy, R. M. Davies, H. Li. 2021. Twelve years of SAMtools and BCFtools, GigaScience, 10(2)

Ewels, P., Magnusson, M., Lundin, S., Käller, M., 2016. MultiQC: summarize analysis results for multiple tools and samples in a single report, Bioinformatics, Volume 32, Issue 19, Pages 3047–3048.

Quinet, M., Bataille, G,. Dobrev, P.I., Capel, C., Gómez, P., Capel, J., Lutts, S., Motyka, V., Angosto, T., Lozano, R.,2014. Transcriptional and hormonal regulation of petal and stamen development by STAMENLESS, the tomato (Solanum lycopersicum L.) orthologue to the B-class APETALA3 gene. J Exp Bot.;65(9):2243-56. doi: 10.1093/jxb/eru089.

R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.URL https://www.R-project.org/.

Rogers, W. S. ve Beakbane, A. B. 1957. Stock and scion relations. Annual Review of Plant Physiology, 1, 217–236.

Belhadj, S. ,2001. Les pistacheraies algériennes: Etat actuel de dégradation. In B.E. Ak Cahiers Options Méditerranéennes, 56,107–109

Seigue A., 1985. La forêt circumméditerranéenne et ses problems. Maisonneuve et Larose, Paris

Chen, S., Zhou, Y., Chen, Y., Gu, J., 2018. fastp: an ultra-fast all-in-one FASTQ preprocessor, Bioinformatics, Volume 34, Issue 17, Pages i884–i890.

Solari, L. I., Johnson, S., DeJong, T. M. 2006. Hydraulic conductance characteristics of peach (Prunus persica) trees on different rootstocks are related to biomass production and distribution. Tree Physiology, 26(10), 1343–1350. https://doi.org/10.1093/treephys/26.10.1343

Surucu, A., Acar, I., Demirkiran, A. R., Farooq, S., Gokmen, V. (2020). Variations in nutrient uptake, yield and nut quality of different pistachio cultivars grafted on *Pistacia khinjuk* rootstock. Scientia Horticulturae, 260, 108913. https://doi.org/10.1016/j.scienta.2019.108913

Şahin, Z.N., Sahin, E.C., Aydin, Y., Uncuoglu, A.A. 2022. Molecular sexual determinants in *Pistacia* genus by KASP assay. Mol Biol Rep **49**, 5473–5482.

Tobias R., Thomas Z., Andreas S., Adrian M. S., Vladimir B., Jan O. Korbel., 2012. DELLY: structural variant discovery by integrated paired-end and split-read analysis. Bioinformatics. 15;28(18):i333-i339.

Van R., G. ve Drake, F.L., 2009. Python 3 Reference Manual, Scotts Valley, CA: CreateSpace.

Wang K, Li M, Hakonarson H. 2010. ANNOVAR: Functional annotation of genetic variants from next-generation sequencing data Nucleic Acids Research, 38:e164

Webster, A. D. (1995). Rootstock and interstock effects on deciduous fruit tree vigour, precocity, and yield productivity. New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science, 23(4), 373–382. https://doi.org/10.1080/01140671.1995.9513913

Weibel, A., Johnson, R. S., DeJong, T. M. 2003. Comparative Vegetative Growth Responses of Two Peach Cultivars Grown on Size-controlling versus Standard Rootstocks. Journal of the American Society for Horticultural Science, 128(4), 463–471. https://doi.org/10.21273/JASHS.128.4.0463

Wool, D. 2005. Differential colonization of host trees by galling aphids: Selection of hosts or selection by hosts?. Basic and Applied Ecology, 6(5), 445-451.

Yaltırık, F. 1967. Contributions to the takzonomy of woody plants in Turkey. Notes from the Royal Botanic Garden Edinburgh, 28(1), 9-10.

You, F.M., Huo, N., Gu, Y.Q., Luo, M.C., Ma, Y., Hane, D., Lazo, G.R., Dvorak, J., Anderson, O.D. 2008. BatchPrimer3: A high throughput web application for PCR and sequencing primer design, BMC Bioinformatics, 9 (253), 1-13.

Zohary, M., 1952 A Monographical Study of the Genus *Pistacia*. Palestine Journal of Botany, Jerusalem Series, 5, 187-228.

ÖZGEÇMİŞ

Burak ÖZGÖREN, İlköğretimi Tarsus Sadık Eliyeşil Ortaokulunda, lise öğrenimini Çorlu Mimar Sinan Anadolu Lisesi'nde tamamladı. 2017 yılında Çukurova Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri bölümünde lisans eğitimini tamamladı. 2018 yılında aynı üniversitede Zootekni Bölümü Biyometri ve Genetik Anabilim Dalı'nda yüksek eğitime başladı ve aynı yıl University of Massachusetts'de Ziyaretçi Araştırıcı olarak çalıştı. Yüksek lisansı dondurduktan sonra Çukurova Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Biyoteknoloji Anabilim Dalında tekrar yüksek lisans eğitimine devam etmiştir.

EKLER

Ek-1. Kalite filtreleme öncesi ve sonrasındaki Duplikasyon Oranı, Ortalama Sekans Uzunluğu (İleri ve Geri), Toplam Okuma Sayısı (Milyon), Toplam Baz Sayısı (Gb), Q20> Baz Sayısı (Gb) ve Oranı, Q30> Baz Sayısı (Gb) ve Oranı, GC Oranı

			Filtreleme Öncesi						Filtreleme Sonrası							
Örnek No	Analiz Kodu	Duplikasyon Oranı (%)	Ortalama Sekans Uzunluğu (İleri ve Geri)	Toplam Okuma Sayısı (Milyon)	Toplam Baz Sayısı (Gb)	Q20> Baz Sayısı (Gb) ve Oranı (%)	Q30> Baz Sayısı (Gb) ve Oranı (%)	GC Oranı (%)	Ortalama Sekans Uzunluğu (İleri ve Geri)	Toplam Okuma Sayısı (Milyon)	Toplam Baz Sayısı (Gb)	Q20> Baz Sayısı (Gb) ve Oranı (%)	Q30> Baz Sayısı (Gb) ve Oranı (%)	GC Oranı (%)	Filtreleme Oranı (%)	Coverage Değeri
1	PaF701	21.96	150bp, 150bp	119.84	17.98	17.52 (97.5)	16.68 (92.81)	36.97	149bp, 149bp	113.19	16.98	16.7 (98.35)	16 (94.21)	37.05	5.54	30.36
2	PaF702	23.32	150bp, 150bp	113.97	17.1	16.58 (97)	15.66 (91.61)	37.81	149bp, 149bp	106.28	15.94	15.62 (97.99)	14.87 (93.3)	37.88	6.74	28.4
3	PaF703	23.11	150bp, 150bp	110.41	16.56	16.07 (97.1)	15.19 (91.74)	37.64	149bp, 149bp	103.1	15.46	15.16 (98.04)	14.45 (93.41)	37.72	6.62	27.56
4	PaF704	24.29	150bp, 150bp	116.79	17.52	17.05 (97.3)	16.17 (92.28)	37.48	149bp, 149bp	109.98	16.5	16.2 (98.17)	15.47 (93.75)	37.54	5.83	29.45
5	PaF705	23.75	150bp, 150bp	111.46	16.72	16.26 (97.2)	15.4 (92.14)	37.40	149bp, 149bp	104.68	15.7	15.41 (98.15)	14.71 (93.68)	37.47	6.08	28.02
6	PaF706	24.27	150bp, 150bp	114.3	17.14	16.68 (97.3)	15.82 (92.3)	37.79	149bp, 149bp	107.56	16.13	15.84 (98.19)	15.13 (93.79)	37.85	5.89	28.8
7	PaF707	25.13	150bp, 150bp	118.05	17.71	17.23 (97.3)	16.35 (92.31)	37.47	149bp, 149bp	110.66	16.6	16.31 (98.24)	15.59 (93.93)	37.54	6.26	29.65
8	PaF708	23.14	150bp, 150bp	113.4	17.01	16.55 (97.3)	15.69 (92.26)	37.56	149bp, 149bp	106.68	16	15.71 (98.17)	15 (93.76)	37.63	5.93	28.56
9	PaF709	23.64	150bp, 150bp	118.09	17.71	17.25 (97.4)	16.38 (92.45)	37.86	149bp, 149bp	111.22	16.68	16.39 (98.25)	15.67 (93.93)	37.93	5.82	29.8
10	PaF710	24.22	150bp, 150bp	115.94	17.39	16.92 (97.3)	16.05 (92.27)	37.66	149bp, 149bp	108.99	16.35	16.05 (98.19)	15.33 (93.8)	37.74	6.00	29.18
11	PaF711	23.75	150bp, 150bp	116.28	17.44	16.99 (97.4)	16.13 (92.46)	39.28	149bp, 149bp	109.78	16.47	16.17 (98.22)	15.46 (93.89)	39.34	5.59	29.4
12	PaF712	24.67	150bp, 150bp	110.83	16.63	16.19 (97.4)	15.38 (92.5)	37.75	149bp, 149bp	104.32	15.65	15.38 (98.27)	14.71 (94)	37.82	5.88	27.96
13	PaF713	22.51	150bp, 150bp	110.1	16.52	16.06 (97.3)	15.23 (92.22)	38.74	149bp, 149bp	103.58	15.54	15.25 (98.17)	14.57 (93.75)	38.80	5.93	27.73
14	PaF714	24.16	150bp, 150bp	113.93	17.09	16.66 (97.5)	15.85 (92.74)	37.74	149bp, 149bp	107.75	16.16	15.89 (98.32)	15.21 (94.11)	37.81	5.43	28.89
15	PaF715	24.39	150bp, 150bp	118.15	17.72	17.25 (97.3)	16.37 (92.36)	37.85	149bp, 149bp	111.12	16.67	16.38 (98.24)	15.65 (93.88)	37.93	5.95	29.78
16	PaM701	22.22	150bp, 150bp	113.29	16.99	16.51 (97.1)	15.63 (91.95)	37.73	149bp, 149bp	106.12	15.92	15.62 (98.1)	14.89 (93.56)	37.80	6.33	28.4
17	PaM702	24.54	150bp, 150bp	113.94	17.09	16.65 (97.4)	15.82 (92.55)	37.68	149bp, 149bp	107.36	16.1	15.83 (98.29)	15.14 (94.03)	37.76	5.78	28.78
18	PaM703	22.33	150bp, 150bp	111.87	16.78	16.32 (97.2)	15.46 (92.12)	37.88	149bp, 149bp	104.96	15.74	15.45 (98.16)	14.75 (93.69)	37.96	6.18	28.09
19	PaM704	23.98	150bp, 150bp	113.38	17.01	16.57 (97.4)	15.75 (92.58)	37.91	149bp, 149bp	106.92	16.04	15.76 (98.28)	15.08 (94.03)	37.98	5.69	28.65
20	PaM705	23.48	150bp, 150bp	113.63	17.04	16.59 (97.3)	15.75 (92.4)	37.74	149bp, 149bp	106.91	16.04	15.75 (98.23)	15.06 (93.91)	37.81	5.92	28.64
21	PaM706	25.23	150bp, 150bp	115.9	17.39	16.83 (96.8)	15.88 (91.34)	37.88	149bp, 149bp	107.72	16.16	15.81 (97.88)	15.04 (93.07)	37.97	7.06	28.75
22	PaM707	23.09	150bp, 150bp	118.5	17.78	17.26 (97.1)	16.35 (91.97)	37.80	149bp, 149bp	111.27	16.69	16.36 (98.05)	15.6 (93.49)	37.87	6.11	29.75
23	PaM708	25.32	150bp, 150bp	115.58	17.34	16.88 (97.4)	16.03 (92.47)	37.79	149bp, 149bp	108.87	16.33	16.04 (98.25)	15.34 (93.95)	37.86	5.81	29.16

Ek-1. Devamı

24	**PaM709**	**24.79**	**150bp, 150bp**	**118.27**	**17.74**	**17.31 (97.6)**	**16.49 (92.95)**	**37.55**	**149bp, 149bp**	**112.11**	**16.82**	**16.54 (98.37)**	**15.85 (94.28)**	**37.62**	**5.21**	**30.07**
25	**PaM710**	**22.94**	**150bp, 150bp**	**110.42**	**16.56**	**16.14 (97.4)**	**15.35 (92.66)**	**37.57**	**149bp, 149bp**	**104.32**	**15.65**	**15.38 (98.29)**	**14.72 (94.07)**	**37.64**	**5.53**	**27.96**
26	**PaM711**	**23.56**	**150bp, 150bp**	**115.71**	**17.36**	**16.93 (97.5)**	**16.11 (92.79)**	**37.70**	**149bp, 149bp**	**109.61**	**16.44**	**16.17 (98.33)**	**15.48 (94.12)**	**37.78**	**5.27**	**29.4**
27	**PaM712**	**25.49**	**150bp, 150bp**	**119.65**	**17.95**	**17.47 (97.3)**	**16.59 (92.46)**	**37.66**	**149bp, 149bp**	**112.6**	**16.89**	**16.59 (98.25)**	**15.87 (93.98)**	**37.73**	**5.90**	**30.16**
28	**PaM713**	**24.35**	**150bp, 150bp**	**111.65**	**16.75**	**16.34 (97.6)**	**15.56 (92.92)**	**37.78**	**149bp, 149bp**	**105.83**	**15.87**	**15.61 (98.36)**	**14.96 (94.25)**	**37.85**	**5.21**	**28.38**
29	**PaM714**	**24.67**	**150bp, 150bp**	**112.03**	**16.8**	**16.37 (97.4)**	**15.57 (92.68)**	**37.58**	**149bp, 149bp**	**105.79**	**15.87**	**15.6 (98.29)**	**14.93 (94.1)**	**37.65**	**5.57**	**28.36**
30	**PaM715**	**27.55**	**150bp, 150bp**	**117.27**	**17.59**	**17.16 (97.5)**	**16.35 (92.95)**	**37.57**	**149bp, 149bp**	**110.92**	**16.64**	**16.37 (98.39)**	**15.7 (94.35)**	**37.63**	**5.42**	**29.76**

Ek-2 *P. atlantica* genotiplerinin Siirt referans genoma Linux ortamında haritalama değerleri

No	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
1	PaF701	17,975,415,300	17,349,821,523	96.52
2	PaF702	17,095,362,000	16,497,662,727	96.50
3	PaF703	16,561,451,400	16,036,415,463	96.83
4	PaF704	17,519,019,000	16,925,787,159	96.61
5	PaF705	16,718,595,300	16,171,509,822	96.73
6	PaF706	17,144,800,200	16,523,764,662	96.38
7	PaF707	17,708,225,100	17,074,628,962	96.42
8	PaF708	17,010,258,300	16,406,777,803	96.45
9	PaF709	17,713,890,600	17,126,948,408	96.69
10	PaF710	17,391,606,300	16,813,966,232	96.68
11	PaF711	17,441,448,600	16,860,998,922	96.67
12	PaF712	16,625,156,700	16,072,158,461	96.67
13	PaF713	16,515,703,200	15,971,439,854	96.70
14	PaF714	17,089,906,200	16,477,020,879	96.41
15	PaF715	17,722,234,800	17,114,261,238	96.57
16	PaM701	16,993,534,500	16,416,318,308	96.60
17	PaM702	17,091,364,200	16,502,138,578	96.55
18	PaM703	16,780,412,400	16,198,789,594	96.53
19	PaM704	17,007,175,800	16,450,555,166	96.73
20	PaM705	17,044,256,100	16,459,108,426	96.57
21	PaM706	17,385,675,300	16,751,416,387	96.35
22	PaM707	17,775,691,500	17,170,993,878	96.60
23	PaM708	17,336,777,100	16,726,232,252	96.48
24	PaM709	17,740,315,800	17,140,452,516	96.62
25	PaM710	16,563,746,400	15,999,054,771	96.59
26	PaM711	17,356,893,300	16,770,851,507	96.62
27	PaM712	17,947,314,000	17,311,085,030	96.46
28	PaM713	16,747,172,100	16,151,819,931	96.45
29	PaM714	16,804,555,800	16,217,333,843	96.51
30	PaM715	17,591,117,100	16,973,140,051	96.49

Ek-3 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait SNP, Kısa InDel ve SV sayısı

No	Genotip Kodu	SNP sayısı	Kısa InDel Sayısı	SV Sayısı					
				Uzun silme	Translokasyon	Duplikasyon	İnversiyon	Uzun ekleme	Toplam
1	PaF701	9,937,868	1,054,782	28,571	5,587	4,316	3,045	5,721	47,240
2	PaF702	9,656,924	1,020,938	26,896	4,752	3,826	2,680	5,389	43,543
3	PaF703	9,183,591	976,131	24,274	3,890	3,436	2,420	4,558	38,578
4	PaF704	9,871,713	1,049,481	28,116	5,203	4,136	2,852	5,537	45,844
5	PaF705	9,878,132	1,046,758	28,087	4,983	4,114	2,638	5,649	45,471
6	PaF706	9,914,415	1,042,127	26,838	4,366	3,894	2,667	5,314	43,079
7	PaF707	9,863,509	1,053,858	28,100	4,817	4,011	2,660	5,650	45,238
8	PaF708	9,763,186	1,039,619	26,903	4,580	3,816	2,697	5,386	43,382
9	PaF709	9,746,204	1,024,959	26,311	4,427	3,773	2,489	5,319	42,319
10	PaF710	9,659,447	1,024,590	27,196	4,840	4,038	2,738	5,510	44,322
11	PaF711	9,614,865	952,465	23,980	4,137	3,354	2,176	4,873	38,520
12	PaF712	9,757,157	1,025,400	26,960	4,777	3,878	2,549	5,313	43,477
13	PaF713	9,647,240	968,369	24,936	4,326	3,515	2,287	4,890	39,954
14	PaF714	9,737,720	1,028,570	27,035	4,710	3,970	2,775	5,441	43,931
15	PaF715	9,865,763	1,034,993	27,101	4,375	3,784	2,418	5,483	43,161
16	PaM701	9,997,144	1,044,771	27,416	4,638	3,865	2,548	5,402	43,869
17	PaM702	9,762,067	1,026,217	26,822	4,823	3,900	2,547	5,230	43,322
18	PaM703	9,874,479	1,026,967	26,633	4,539	3,721	2,519	5,432	42,844
19	PaM704	9,699,144	1,012,446	26,458	4,711	3,903	2,413	5,343	42,828
20	PaM705	9,828,909	1,030,551	27,566	4,957	3,993	2,657	5,442	44,615
21	PaM706	9,699,773	1,014,006	26,970	4,589	3,816	2,588	5,281	43,244
22	PaM707	9,807,251	1,033,213	28,351	5,465	4,147	2,735	5,739	46,437
23	PaM708	9,771,248	1,030,080	26,938	4,601	3,831	2,622	5,377	43,369
24	PaM709	9,854,029	1,051,887	27,932	4,949	4,064	2,787	5,567	45,299
25	PaM710	9,750,075	1,031,272	27,260	4,703	3,981	2,687	5,461	44,092
26	PaM711	9,928,758	1,053,454	28,096	5,070	4,130	2,723	5,627	45,646
27	PaM712	9,818,282	1,043,987	27,707	4,933	4,172	2,587	5,568	44,967
28	PaM713	9,758,677	1,028,805	26,484	4,566	3,846	2,889	5,214	42,999
29	PaM714	9,773,127	1,047,106	27,501	4,806	4,057	2,737	5,451	44,552
30	PaM715	9,832,214	1,049,013	27,651	4,953	4,076	2,780	5,492	44,952

Ek-4 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

No	Genotip Kodu	Homozigot SNP Sayısı	Homozigot SNP %	Heterozigot SNP Sayısı	Heterozigot SNP %
1	PaF701	5,370,413	53.80	4,612,215	46.20
2	PaF702	5,428,925	55.98	4,268,919	44.02
3	PaF703	3,321,930	36.04	5,894,393	63.96
4	PaF704	5,418,209	54.65	4,497,009	45.35
5	PaF705	5,376,315	54.19	4,545,453	45.81
6	PaF706	5,299,414	53.21	4,659,210	46.79
7	PaF707	5,452,971	55.04	4,453,438	44.96
8	PaF708	5,385,935	54.93	4,419,292	45.07
9	PaF709	5,413,960	55.31	4,373,684	44.69
10	PaF710	5,451,138	56.20	4,248,792	43.80
11	PaF711	5,294,418	54.83	4,361,251	45.17
12	PaF712	5,395,946	55.07	4,402,997	44.93
13	PaF713	5,212,181	53.80	4,476,653	46.20
14	PaF714	5,374,984	54.96	4,404,981	45.04
15	PaF715	5,397,457	54.47	4,510,959	45.53
16	PaM701	5,360,463	53.39	4,680,491	46.61
17	PaM702	5,426,033	55.35	4,377,688	44.65
18	PaM703	5,368,328	54.13	4,548,440	45.87
19	PaM704	5,418,317	55.63	4,321,705	44.37
20	PaM705	5,458,658	55.30	4,411,632	44.70
21	PaM706	5,303,507	54.44	4,438,152	45.56
22	PaM707	5,477,269	55.61	4,372,363	44.39
23	PaM708	5,326,297	54.28	4,487,004	45.72
24	PaM709	5,469,721	55.27	4,426,815	44.73
25	PaM710	5,405,956	55.21	4,385,990	44.79
26	PaM711	5,380,662	53.95	4,592,460	46.05
27	PaM712	5,373,262	54.49	4,488,302	45.51
28	PaM713	5,328,204	54.36	4,472,636	45.64
29	PaM714	5,381,989	54.25	4,538,333	45.75
30	PaM715	5,331,755	53.99	4,544,211	46.01

Ek-5 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>	Toplam
1	PaF701	489,751	154,041	74,829	54,929	34,788	33,035	26,136	23,595	17,712	15,655	130,311	1,054,782
2	PaF702	475,657	148,343	72,281	53,076	33,269	32,093	25,269	22,985	17,196	14,966	125,803	1,020,938
3	PaF703	470,310	138,413	67,086	49,055	30,892	29,859	23,727	21,136	15,787	14,002	115,864	976,131
4	PaF704	486,918	152,352	74,678	54,824	34,515	33,371	26,405	23,492	17,676	15,604	129,646	1,049,481
5	PaF705	486,620	152,170	74,491	54,408	34,295	33,094	26,100	23,465	17,596	15,531	128,988	1,046,758
6	PaF706	485,394	151,117	73,711	53,937	33,867	32,939	26,144	23,265	17,449	15,800	128,504	1,042,127
7	PaF707	488,666	153,782	75,269	54,701	34,712	33,243	26,264	23,597	17,811	15,811	130,002	1,053,858
8	PaF708	483,340	151,105	73,703	54,181	34,123	32,787	26,026	23,479	17,443	15,445	127,987	1,039,619
9	PaF709	476,548	148,941	73,161	53,487	33,387	32,486	25,569	22,889	17,199	15,476	125,816	1,024,959
10	PaF710	476,489	149,030	72,708	53,408	33,164	32,273	25,691	23,034	17,097	15,203	126,493	1,024,590
11	PaF711	447,004	138,253	66,783	48,890	30,554	29,804	23,477	20,954	15,910	14,099	116,737	952,465
12	PaF712	477,188	148,481	72,640	53,287	33,614	32,370	25,676	22,923	17,328	15,343	126,550	1,025,400
13	PaF713	455,306	140,552	68,066	49,591	31,050	30,183	24,008	21,142	16,300	14,053	118,118	968,369
14	PaF714	477,945	149,954	73,084	53,619	33,666	32,405	25,782	23,053	17,112	15,213	126,737	1,028,570
15	PaF715	481,396	150,847	73,438	53,803	33,883	32,710	25,974	23,170	17,379	15,333	127,060	1,034,993
16	PaM701	488,137	151,882	73,811	54,194	34,167	32,789	25,980	23,094	17,381	15,524	127,812	1,044,771
17	PaM702	477,566	148,702	72,911	53,371	33,597	32,568	25,670	22,900	17,184	15,324	126,424	1,026,217
18	PaM703	478,874	149,268	72,617	53,642	33,193	32,340	25,582	22,775	17,097	15,322	126,257	1,026,967
19	PaM704	471,613	147,306	71,803	52,434	32,984	31,868	25,224	22,669	17,054	14,919	124,572	1,012,446
20	PaM705	479,805	149,437	72,769	53,454	33,778	32,599	25,647	23,032	17,290	15,378	127,362	1,030,551
21	PaM706	472,543	147,347	71,672	52,692	33,055	31,803	25,516	22,665	16,816	15,118	124,779	1,014,006
22	PaM707	479,971	150,106	73,376	53,965	33,828	32,498	25,666	23,296	17,264	15,395	127,848	1,033,213
23	PaM708	479,068	149,596	72,837	53,325	33,817	32,690	25,696	22,984	17,130	15,458	127,479	1,030,080
24	PaM709	487,956	153,075	74,712	55,069	34,358	33,150	26,317	23,836	17,633	15,769	130,012	1,051,887
25	PaM710	479,625	149,898	72,933	53,471	33,798	32,480	25,542	23,072	17,452	15,444	127,557	1,031,272
26	PaM711	488,706	153,453	74,503	54,877	34,436	33,417	26,535	23,572	17,641	15,731	130,583	1,053,454
27	PaM712	484,356	152,146	74,145	54,354	34,249	33,142	25,976	23,738	17,691	15,493	128,697	1,043,987
28	PaM713	478,780	149,440	72,751	53,315	33,685	32,646	25,730	23,138	17,463	15,323	126,534	1,028,805
29	PaM714	486,178	152,247	74,371	54,506	34,375	33,054	26,231	23,566	17,716	15,784	129,078	1,047,106
30	PaM715	486,672	152,552	74,473	54,762	34,423	33,387	26,232	23,601	17,635	15,555	129,721	1,049,013

Ek-6 Siirt referans genomu kullanılarak Linux ve Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* türünde dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik SNP, InDel ve SV sayısı

Siirt Genomu	*P. atlantica*		
Linux	Dişi Spesifik Lokus sayısı	Erkek Spesifik Lokus sayısı	Ortak Lokus sayısı
SNP	381,375	616,105	2,641,772
InDel	36,050	63,203	210,019
SV	852	1,415	2,341
Siirt Genomu	*P. atlantica*		
CLC	Dişi Spesifik Lokus sayısı	Erkek Spesifik Lokus sayısı	Ortak Lokus sayısı
SNP	264,081	561,240	1,702,738
Kısa InDel	39,152	85,088	212,210
Uzun InDel	144	236	129
SV	82	123	136

Ek-7 *P. atlantica* genotiplerinin Siirt referans genomuna Windows ortamında haritalama değerleri

No	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
1	PaF701	17,975,415,300	17,736,745,650	98.67
2	PaF702	17,095,362,000	16,867,716,900	98.67
3	PaF703	16,561,451,400	16,347,196,350	98.71
4	PaF704	17,519,019,000	17,305,546,200	98.78
5	PaF705	16,718,595,300	16,533,733,950	98.89
6	PaF706	17,144,800,200	16,890,069,900	98.51
7	PaF707	17,708,225,100	17,463,039,000	98.62
8	PaF708	17,010,258,300	16,763,046,150	98.55
9	PaF709	17,713,890,600	17,490,670,650	98.74
10	PaF710	17,391,606,300	17,177,384,400	98.77
11	PaF711	17,441,448,600	17,210,099,700	98.67
12	PaF712	16,625,156,700	16,428,096,000	98.81
13	PaF713	16,515,703,200	16,307,270,100	98.74
14	PaF714	17,089,906,200	16,839,792,450	98.54
15	PaF715	17,722,234,800	17,480,755,050	98.64
16	PaM701	16,993,534,500	16,780,563,900	98.75
17	PaM702	17,091,364,200	16,865,643,900	98.68
18	PaM703	16,780,412,400	16,553,913,150	98.65
19	PaM704	17,007,175,800	16,805,529,600	98.81
20	PaM705	17,044,256,100	16,823,316,150	98.70
21	PaM706	17,385,675,300	17,123,186,100	98.49
22	PaM707	17,775,691,500	17,549,239,050	98.73
23	PaM708	17,336,777,100	17,087,987,550	98.56
24	PaM709	17,740,315,800	17,516,784,150	98.74
25	PaM710	16,563,746,400	16,344,830,400	98.68
26	PaM711	17,356,893,300	17,134,353,600	98.72
27	PaM712	17,947,314,000	17,698,411,500	98.61
28	PaM713	16,747,172,100	16,510,484,550	98.59
29	PaM714	16,804,555,800	16,582,192,350	98.68
30	PaM715	17,591,117,100	17,355,594,750	98.66

Ek-8 Siirt referans genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait SNP, kısa InDel, uzun InDel, MNV ve SV sayısı

No	Genotip Kodu	SNP sayısı	Kısa InDel Sayısı	MNV sayısı	Uzun InDel Sayısı	SV Sayısı						
						Uzun Silme	Duplikasyon	Uzun ekleme	İnversiyon	Değiştirme	Kompleks	Toplam
1	PaF701	7,140,071	827,542	403,044	10,154	6,021	478	7,379	92	4,318	179	18,467
2	PaF702	6,997,884	811,563	393,355	9,228	5,602	399	6,547	92	4,145	145	16,930
3	PaF703	6,211,941	740,771	330,340	8,580	5,083	416	6,190	73	3,627	129	15,518
4	PaF704	7,104,591	828,291	401,496	9,852	5,913	447	7,041	88	4,286	190	17,965
5	PaF705	7,113,790	826,050	402,556	9,829	5,883	439	6,872	78	4,352	169	17,793
6	PaF706	7,119,973	823,212	400,917	9,240	5,629	452	6,585	86	4,104	131	16,987
7	PaF707	7,143,932	835,807	404,568	9,967	5,942	467	7,233	87	4,461	153	18,343
8	PaF708	7,019,166	821,237	395,478	9,477	5,679	442	6,688	68	4,183	165	17,225
9	PaF709	7,042,503	813,335	397,565	9,150	5,473	429	6,645	75	4,100	162	16,884
10	PaF710	6,983,901	811,548	392,735	9,580	5,740	421	6,872	73	4,223	159	17,488
11	PaF711	6,919,484	758,871	391,319	8,178	4,775	421	5,972	84	3,664	140	15,056
12	PaF712	7,013,267	811,114	393,342	9,402	5,683	455	6,660	79	4,153	153	17,183
13	PaF713	6,903,421	767,802	387,731	8,479	5,086	389	5,896	76	3,692	144	15,283
14	PaF714	6,994,369	810,774	396,350	9,337	5,624	437	6,642	72	4,177	152	17,104
15	PaF715	7,130,351	821,422	403,308	9,497	5,706	444	6,781	83	4,205	140	17,359
16	PaM701	7,178,346	824,591	403,659	9,332	5,645	442	6,671	98	4,149	184	17,189
17	PaM702	7,013,323	811,581	395,051	9,408	5,599	442	6,720	87	4,087	153	17,088
18	PaM703	7,119,582	814,322	401,614	9,196	5,531	397	6,561	99	4,050	147	16,785
19	PaM704	6,963,203	799,708	392,046	9,234	5,505	414	6,579	68	4,093	156	16,815
20	PaM705	7,054,323	813,839	396,484	9,695	5,833	468	6,790	90	4,182	161	17,524
21	PaM706	7,016,192	808,411	393,811	9,012	5,464	447	6,330	80	4,022	143	16,486
22	PaM707	7,087,106	818,561	399,830	9,869	5,846	456	7,168	90	4,334	157	18,051
23	PaM708	7,042,713	816,769	395,228	9,302	5,584	413	6,817	89	4,111	148	17,162
24	PaM709	7,090,085	828,252	399,317	9,889	5,973	456	7,108	93	4,267	159	18,056
25	PaM710	6,989,784	813,946	392,886	9,483	5,679	436	6,786	75	4,271	151	17,398
26	PaM711	7,131,355	828,217	403,108	9,821	5,899	449	7,040	80	4,309	161	17,938
27	PaM712	7,072,099	823,728	400,213	9,817	5,863	449	7,007	80	4,316	160	17,875
28	PaM713	6,972,384	808,335	391,107	9,207	5,545	413	6,522	83	4,014	139	16,716
29	PaM714	7,020,326	811,414	394,944	9,400	5,705	442	6,645	70	4,167	149	17,178
30	PaM715	7,066,652	826,656	397,970	9,987	6,037	440	6,957	70	4,206	156	17,866

Ek-9 Siirt referans genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

No	Genotip Kodu	Homozigot SNP Sayısı	Homozigot SNP %	Heterozigot SNP Sayısı	Heterozigot SNP %
1	PaF701	5,055,342	70.80	2,084,729	29.20
2	PaF702	5,102,194	72.91	1,895,690	27.09
3	PaF703	3,354,120	53.99	2,857,821	46.01
4	PaF704	5,109,956	71.92	1,994,635	28.08
5	PaF705	5,076,056	71.36	2,037,734	28.64
6	PaF706	5,018,550	70.49	2,101,423	29.51
7	PaF707	5,148,436	72.07	1,995,496	27.93
8	PaF708	5,053,372	71.99	1,965,794	28.01
9	PaF709	5,097,856	72.39	1,944,647	27.61
10	PaF710	5,106,976	73.12	1,876,925	26.88
11	PaF711	4,997,405	72.22	1,922,079	27.78
12	PaF712	5,062,471	72.18	1,950,796	27.82
13	PaF713	4,915,297	71.20	1,988,124	28.80
14	PaF714	5,039,911	72.06	1,954,458	27.94
15	PaF715	5,116,177	71.75	2,014,174	28.25
16	PaM701	5,092,521	70.94	2,085,825	29.06
17	PaM702	5,083,104	72.48	1,930,219	27.52
18	PaM703	5,079,289	71.34	2,040,293	28.66
19	PaM704	5,066,662	72.76	1,896,541	27.24
20	PaM705	5,115,068	72.51	1,939,255	27.49
21	PaM706	5,027,508	71.66	1,988,684	28.34
22	PaM707	5,148,819	72.65	1,938,287	27.35
23	PaM708	5,025,801	71.36	2,016,912	28.64
24	PaM709	5,131,248	72.37	1,958,837	27.63
25	PaM710	5,038,532	72.08	1,951,252	27.92
26	PaM711	5,071,827	71.12	2,059,528	28.88
27	PaM712	5,066,698	71.64	2,005,401	28.36
28	PaM713	4,991,473	71.59	1,980,911	28.41
29	PaM714	5,006,881	71.24	2,013,445	28.75
30	PaM715	5,027,654	71.15	2,038,998	28.85

Ek-10 Siirt referans genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>	Toplam
1	PaF701	488,718	102,996	56,238	39,250	26,440	24,291	18,789	16,103	11,097	9,310	34,310	827,542
2	PaF702	479,317	100,889	55,390	38,489	25,925	23,937	18,394	15,839	10,854	9,195	33,334	811,563
3	PaF703	448,711	91,060	48,747	33,201	22,347	20,815	16,087	13,729	9,420	7,907	28,747	740,771
4	PaF704	489,015	103,078	56,414	39,085	26,341	24,574	18,848	16,257	11,189	9,385	34,105	828,291
5	PaF705	488,133	102,386	56,641	38,870	26,615	24,089	18,693	16,297	11,129	9,222	33,975	826,050
6	PaF706	486,158	102,070	56,217	38,806	26,273	24,319	18,894	16,172	11,145	9,393	33,765	823,212
7	PaF707	493,812	104,092	57,128	39,262	26,672	24,571	18,783	16,331	11,210	9,470	34,476	835,807
8	PaF708	484,557	102,203	56,008	38,780	26,227	24,222	18,696	16,199	11,119	9,396	33,830	821,237
9	PaF709	480,454	101,147	55,708	38,470	25,655	23,955	18,451	15,847	11,035	9,154	33,459	813,335
10	PaF710	479,652	100,589	55,198	38,374	25,904	24,101	18,533	15,828	10,946	9,151	33,272	811,548
11	PaF711	451,257	93,183	51,398	35,206	24,090	22,301	17,187	14,871	10,260	8,443	30,675	758,871
12	PaF712	479,381	100,516	55,348	38,384	25,756	24,044	18,380	15,899	11,026	9,126	33,254	811,114
13	PaF713	456,125	94,423	51,956	35,890	24,282	22,534	17,602	14,783	10,431	8,579	31,197	767,802
14	PaF714	478,783	100,722	55,398	38,277	25,837	24,008	18,502	15,933	10,981	9,032	33,301	810,774
15	PaF715	485,663	102,202	55,962	38,564	26,233	24,190	18,552	15,999	11,246	9,174	33,637	821,422
16	PaM701	488,376	102,291	55,848	38,919	26,262	24,314	18,633	15,874	11,032	9,221	33,821	824,591
17	PaM702	479,296	100,752	55,434	38,274	25,955	24,059	18,479	15,855	11,001	9,110	33,366	811,581
18	PaM703	482,215	100,766	55,627	38,303	25,659	23,879	18,625	15,739	10,867	9,238	33,404	814,322
19	PaM704	472,383	99,347	54,645	37,644	25,478	23,587	18,252	15,769	10,849	9,065	32,689	799,708
20	PaM705	480,597	100,965	55,515	38,479	25,991	24,080	18,425	15,903	11,010	9,183	33,691	813,839
21	PaM706	477,844	100,711	55,104	38,078	25,628	23,598	18,594	15,813	10,845	9,175	33,021	808,411
22	PaM707	483,315	101,944	55,994	38,766	26,105	24,077	18,513	16,002	10,971	9,151	33,723	818,561
23	PaM708	482,261	101,387	55,747	38,646	26,006	24,162	18,530	15,976	10,953	9,356	33,745	816,769
24	PaM709	488,748	103,040	56,654	39,232	26,347	24,573	18,904	16,304	11,065	9,264	34,121	828,252
25	PaM710	480,289	101,136	55,690	38,833	25,943	23,858	18,460	15,873	11,085	9,115	33,664	813,946
26	PaM711	489,007	103,053	56,435	39,036	26,231	24,545	19,006	16,130	11,265	9,290	34,219	828,217
27	PaM712	486,514	102,620	56,045	38,806	26,326	24,285	18,608	16,220	11,163	9,250	33,891	823,728
28	PaM713	477,143	100,495	55,181	38,155	25,774	24,016	18,440	15,899	10,985	9,048	33,199	808,335
29	PaM714	479,918	100,716	55,273	38,217	25,796	23,892	18,423	15,837	10,934	9,121	33,281	811,408
30	PaM715	487,881	102,781	56,317	39,030	26,404	24,627	18,755	16,165	11,109	9,294	34,293	826,656

Ek-11 *P. atlantica* türünde Siirt referans genomu kullanılarak Linux ve Windows ortamlarında elde edilen lokusların (SNP, InDel ve SV) karşılaştırılması

P. atlantica			
Siirt Genom	GATK Lokus Sayısı	CLC Lokus Sayısı	Ortak Lokus Sayısı
SNP	2,385,719	335,492	3,895,303
InDel	187,309	216,676	331,982
SV	6,940	466	11

Ek-12 *P. atlantica* genotiplerinin Bağyolu referans genomuna Linux ortamında haritalama değerleri

No	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
1	PaF701	17,975,415,300	17,402,320,617	96.81
2	PaF702	17,095,362,000	16,539,821,784	96.75
3	PaF703	16,561,451,400	16,080,690,454	97.10
4	PaF704	17,519,019,000	16,958,606,757	96.80
5	PaF705	16,718,595,300	16,200,705,267	96.90
6	PaF706	17,144,800,200	16,568,581,121	96.64
7	PaF707	17,708,225,100	17,110,641,057	96.63
8	PaF708	17,010,258,300	16,440,621,222	96.65
9	PaF709	17,713,890,600	17,167,608,785	96.92
10	PaF710	17,391,606,300	16,846,529,371	96.87
11	PaF711	17,441,448,600	16,892,108,252	96.85
12	PaF712	16,625,156,700	16,110,899,314	96.91
13	PaF713	16,515,703,200	16,003,573,295	96.90
14	PaF714	17,089,906,200	16,515,567,201	96.64
15	PaF715	17,722,234,800	17,149,710,837	96.77
16	PaM701	16,993,534,500	16,461,562,419	96.87
17	PaM702	17,091,364,200	16,544,080,783	96.80
18	PaM703	16,780,412,400	16,243,778,564	96.80
19	PaM704	17,007,175,800	16,477,788,254	96.89
20	PaM705	17,044,256,100	16,503,277,045	96.83
21	PaM706	17,385,675,300	16,798,075,759	96.62
22	PaM707	17,775,691,500	17,216,579,091	96.85
23	PaM708	17,336,777,100	16,772,129,329	96.74
24	PaM709	17,740,315,800	17,193,475,876	96.92
25	PaM710	16,563,746,400	16,043,427,114	96.86
26	PaM711	17,356,893,300	16,810,192,219	96.85
27	PaM712	17,947,314,000	17,344,430,543	96.64
28	PaM713	16,747,172,100	16,188,877,521	96.67
29	PaM714	16,804,555,800	16,254,609,898	96.73
30	PaM715	17,591,117,100	17,008,419,601	96.69

Ek-13 Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait SNP, kısa InDel ve SV sayısı

No	Genotip Kodu	SNP sayısı	Kısa InDel Sayısı	SV Sayısı					
				Uzun silme	Translokasyon	Duplikasyon	İnversiyon	Uzun ekleme	Toplam
1	PaF701	7,912,846	944,354	22,176	4,071	5,127	4,718	4,589	40,681
2	PaF702	7,765,142	917,923	20,716	3,588	4,765	4,180	4,435	37,684
3	PaF703	6,884,596	869,932	16,715	2,883	3,882	3,568	3,620	30,668
4	PaF704	7,923,374	946,472	21,798	3,876	5,190	4,563	4,570	39,997
5	PaF705	7,984,896	946,948	21,735	3,803	5,109	4,382	4,554	39,583
6	PaF706	7,888,016	934,248	20,618	3,162	4,701	4,140	4,319	36,940
7	PaF707	7,925,221	950,647	21,411	3,548	4,879	4,390	4,615	38,843
8	PaF708	7,837,683	936,041	21,115	3,384	4,825	4,221	4,348	37,893
9	PaF709	7,825,903	922,696	20,227	3,327	4,507	4,161	4,364	36,586
10	PaF710	7,788,914	924,938	21,105	3,527	4,965	4,357	4,486	38,440
11	PaF711	7,632,110	851,716	18,262	3,093	3,973	3,553	3,908	32,789
12	PaF712	7,793,973	919,976	20,644	3,622	4,711	4,259	4,362	37,598
13	PaF713	7,712,659	869,775	18,993	3,214	4,286	3,571	3,904	33,968
14	PaF714	7,830,955	925,590	20,858	3,549	4,905	4,280	4,351	37,943
15	PaF715	7,880,355	928,790	20,426	3,247	4,587	3,949	4,340	36,549
16	PaM701	7,945,792	935,979	20,781	3,534	4,641	4,122	4,330	37,408
17	PaM702	7,788,854	919,460	20,769	3,605	4,811	4,005	4,242	37,432
18	PaM703	7,892,528	922,301	20,435	3,391	4,699	4,050	4,391	36,966
19	PaM704	7,798,319	910,888	20,603	3,539	4,894	4,071	4,246	37,353
20	PaM705	7,801,184	923,473	21,152	3,730	5,009	4,367	4,366	38,624
21	PaM706	7,732,985	907,893	20,716	3,416	4,771	4,273	4,237	37,413
22	PaM707	7,904,555	932,684	22,211	4,042	5,235	4,444	4,616	40,548
23	PaM708	7,844,820	925,250	20,685	3,329	4,758	4,184	4,331	37,287
24	PaM709	7,857,822	944,350	21,399	3,708	5,034	4,415	4,446	39,002
25	PaM710	7,722,963	924,990	20,823	3,526	4,894	4,217	4,324	37,784
26	PaM711	7,939,940	946,150	21,730	3,737	5,148	4,512	4,513	39,640
27	PaM712	7,964,021	945,089	21,461	3,675	5,063	4,281	4,516	38,996
28	PaM713	7,793,588	922,491	20,425	3,348	4,662	4,421	4,234	37,090
29	PaM714	7,806,214	942,410	21,247	3,668	4,988	4,433	4,405	38,741
30	PaM715	7,943,047	946,044	21,420	3,710	5,004	4,332	4,534	39,000

Ek-14 Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

No	Genotip Kodu	Homozigot SNP Sayısı	Homozigot SNP %	Heterozigot SNP Sayısı	Heterozigot SNP %
1	PaF701	3,738,953	47.09	4,201,451	52.91
2	PaF702	3,855,417	49.49	3,935,385	50.51
3	PaF703	1,889,105	27.38	5,011,557	72.62
4	PaF704	3,809,402	47.91	4,141,070	52.09
5	PaF705	3,849,036	48.04	4,163,404	51.96
6	PaF706	3,678,280	46.47	4,236,925	53.53
7	PaF707	3,842,737	48.32	4,109,648	51.68
8	PaF708	3,814,526	48.50	4,049,673	51.50
9	PaF709	3,820,031	48.65	4,032,145	51.35
10	PaF710	3,920,975	50.18	3,893,275	49.82
11	PaF711	3,702,922	48.36	3,954,087	51.64
12	PaF712	3,793,656	48.51	4,026,241	51.49
13	PaF713	3,647,582	47.14	4,090,910	52.86
14	PaF714	3,818,346	48.60	4,039,058	51.40
15	PaF715	3,765,487	47.62	4,141,540	52.38
16	PaM701	3,731,288	46.80	4,241,097	53.20
17	PaM702	3,809,086	48.75	4,005,187	51.25
18	PaM703	3,796,149	47.94	4,122,553	52.06
19	PaM704	3,873,140	49.50	3,950,836	50.50
20	PaM705	3,802,133	48.58	4,024,634	51.42
21	PaM706	3,674,125	47.36	4,084,485	52.64
22	PaM707	3,922,857	49.46	4,008,211	50.54
23	PaM708	3,752,637	47.68	4,118,491	52.32
24	PaM709	3,851,489	48.85	4,032,360	51.15
25	PaM710	3,723,927	48.06	4,024,439	51.94
26	PaM711	3,739,425	46.93	4,227,983	53.07
27	PaM712	3,870,898	48.44	4,120,348	51.56
28	PaM713	3,749,872	47.95	4,070,252	52.05
29	PaM714	3,769,222	47.62	4,145,184	52.38
30	PaM715	3,799,410	47.67	4,170,754	52.33

Ek-15 Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	>10	Toplam
1	PaF701	496,430	130,203	60,009	43,006	26,541	25,933	20,208	17,985	13,586	12,021	98,432	944,354
2	PaF702	483,209	125,853	57,982	41,715	25,747	25,186	19,817	17,643	13,108	11,654	96,009	917,923
3	PaF703	494,786	113,282	50,716	35,515	22,078	21,337	16,919	14,893	11,156	9,852	79,398	869,932
4	PaF704	497,212	130,121	60,090	43,056	26,959	26,140	20,471	18,232	13,590	11,964	98,637	946,472
5	PaF705	495,554	130,719	60,305	43,327	26,777	26,502	20,485	18,200	13,641	11,959	99,479	946,948
6	PaF706	491,761	127,911	58,960	42,157	26,204	25,923	20,497	18,077	13,432	11,904	97,422	934,248
7	PaF707	497,273	131,993	60,830	43,360	27,045	26,412	20,493	18,326	13,722	12,071	99,122	950,647
8	PaF708	490,375	128,634	59,618	42,702	26,514	26,225	20,384	18,225	13,538	12,028	97,798	936,041
9	PaF709	485,254	126,711	58,393	41,882	25,890	25,586	20,027	17,595	13,132	11,782	96,444	922,696
10	PaF710	485,438	126,973	58,778	42,087	26,017	25,657	19,970	17,758	13,180	11,795	97,285	924,938
11	PaF711	452,280	116,334	53,284	37,864	23,627	23,302	18,026	15,971	12,033	10,748	88,247	851,716
12	PaF712	484,545	126,126	58,150	41,539	25,906	25,456	19,878	17,709	13,156	11,737	95,774	919,976
13	PaF713	462,161	118,815	54,368	38,845	23,921	23,762	18,456	16,339	12,357	10,934	89,817	869,775
14	PaF714	486,094	127,596	58,742	41,861	26,298	25,567	20,074	17,809	13,186	11,770	96,593	925,590
15	PaF715	489,010	128,364	58,611	41,890	25,974	25,576	19,936	17,768	13,188	11,870	96,603	928,790
16	PaM701	494,726	128,643	58,877	41,786	26,299	25,895	20,106	17,663	13,421	11,851	96,712	935,979
17	PaM702	484,401	126,053	58,184	41,369	25,803	25,760	19,788	17,470	13,104	11,705	95,823	919,460
18	PaM703	486,790	126,502	58,137	41,540	25,964	25,418	19,800	17,502	13,105	11,666	95,877	922,301
19	PaM704	479,395	125,058	57,881	41,192	25,679	25,396	19,617	17,427	13,104	11,480	94,659	910,888
20	PaM705	486,729	126,518	58,399	41,641	26,057	25,462	19,980	17,689	13,195	11,666	96,137	923,473
21	PaM706	479,284	124,178	57,201	40,928	25,233	25,063	19,762	17,454	12,896	11,467	94,427	907,893
22	PaM707	490,458	127,859	59,130	42,388	26,274	25,875	20,150	17,788	13,428	11,765	97,569	932,684
23	PaM708	487,501	126,633	58,620	41,659	25,976	25,729	19,925	17,599	13,227	11,735	96,646	925,250
24	PaM709	496,529	130,015	60,177	42,987	26,617	26,098	20,383	18,162	13,492	11,913	97,977	944,350
25	PaM710	487,904	126,917	58,435	41,862	25,994	25,331	19,924	17,533	13,174	11,809	96,107	924,990
26	PaM711	497,876	130,209	59,704	42,626	26,712	26,354	20,131	18,174	13,606	11,974	98,784	946,150
27	PaM712	493,921	130,473	60,357	43,064	26,982	26,500	20,553	18,373	13,707	12,061	99,098	945,089
28	PaM713	484,888	126,999	58,237	41,857	25,928	25,402	19,935	17,738	13,267	11,694	96,546	922,491
29	PaM714	494,689	129,594	59,970	42,924	26,553	26,042	20,266	18,178	13,471	12,183	98,540	942,410
30	PaM715	495,106	130,221	60,474	43,122	26,791	26,726	20,527	18,238	13,679	12,095	99,065	946,044

Ek-16 Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ve Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* türünde dişi ve erkek cinsiyetlere spesifik SNP, InDel ve SV sayısı

Bagyolu Genom	*P. atlantica*		
Linux	Dişi Spesifik Lokus sayısı	Erkek Spesifik Lokus sayısı	Ortak Lokus sayısı
SNP	321,995	517,703	1,431,579
InDel	32,513	56,341	151,030
SV	486	785	1,037
Bagyolu Genom	*P. atlantica*		
CLC	Dişi Spesifik Lokus sayısı	Erkek Spesifik Lokus sayısı	Ortak Lokus sayısı
SNP	199,719	397,040	809,321
Kısa InDel	31,428	62,711	131,723
Uzun InDel	107	164	99
SV	65	110	99

Ek-17 *P. atlantica* genotiplerinin Bağyolu referans genoma Windows ortamında haritalama değerleri

No	Genotip Kodu	Temiz Baz sayısı	Haritalanan Baz sayısı	Haritalanan Baz Oranı (%)
1	PaF701	17,975,415,300	17,729,861,250	98.63
2	PaF702	17,095,362,000	16,860,450,000	98.63
3	PaF703	16,561,451,400	16,341,676,650	98.67
4	PaF704	17,519,019,000	17,287,591,350	98.68
5	PaF705	16,718,595,300	16,515,046,500	98.78
6	PaF706	17,144,800,200	16,883,403,000	98.48
7	PaF707	17,708,225,100	17,445,053,400	98.51
8	PaF708	17,010,258,300	16,746,942,000	98.45
9	PaF709	17,713,890,600	17,480,457,450	98.68
10	PaF710	17,391,606,300	17,160,441,150	98.67
11	PaF711	17,441,448,600	17,195,501,700	98.59
12	PaF712	16,625,156,700	16,415,889,000	98.74
13	PaF713	16,515,703,200	16,294,370,850	98.66
14	PaF714	17,089,906,200	16,826,263,500	98.46
15	PaF715	17,722,234,800	17,464,881,750	98.55
16	PaM701	16,993,534,500	16,774,886,850	98.71
17	PaM702	17,091,364,200	16,857,763,050	98.63
18	PaM703	16,780,412,400	16,548,048,000	98.62
19	PaM704	17,007,175,800	16,786,611,000	98.70
20	PaM705	17,044,256,100	16,815,741,150	98.66
21	PaM706	17,385,675,300	17,116,540,800	98.45
22	PaM707	17,775,691,500	17,540,274,150	98.68
23	PaM708	17,336,777,100	17,082,469,200	98.53
24	PaM709	17,740,315,800	17,513,475,300	98.72
25	PaM710	16,563,746,400	16,336,122,750	98.63
26	PaM711	17,356,893,300	17,119,529,550	98.63
27	PaM712	17,947,314,000	17,680,195,650	98.51
28	PaM713	16,747,172,100	16,496,423,250	98.50
29	PaM714	16,804,555,800	16,566,673,050	98.58
30	PaM715	17,591,117,100	17,338,144,500	98.56

Ek-18 Bağyolu referans genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait SNP, kısa InDel, uzun InDel, MNV ve SV sayısı

No	Genotip Kodu	SNP sayısı	Kısa InDel Sayısı	MNV sayısı	Uzun InDel Sayısı	SV Sayısı						
						Uzun Silme	Duplikasyon	Uzun ekleme	İnversiyon	Değiştirme	Kompleks	Toplam
1	PaF701	5.485.059	736.907	277.320	10.656	5.682	482	8.639	119	3.831	170	18.923
2	PaF702	5.424.451	723.934	273.112	9.800	5.165	467	7.913	96	3.780	165	17.586
3	PaF703	4.342.400	660.149	210.205	7.755	3.777	386	6.443	76	2.957	115	13.754
4	PaF704	5.495.435	740.022	278.081	10.277	5.509	504	8.328	97	3.881	181	18.500
5	PaF705	5.548.428	740.191	281.356	10.281	5.465	495	8.285	89	3.936	159	18.429
6	PaF706	5.472.524	732.993	275.687	9.710	5.178	483	7.798	93	3.718	137	17.407
7	PaF707	5.528.077	744.881	282.909	10.342	5.467	497	8.452	115	3.977	170	18.678
8	PaF708	5.445.130	732.855	274.610	9.979	5.329	460	7.920	84	3.729	155	17.677
9	PaF709	5.458.773	728.302	276.244	9.844	5.281	472	7.915	114	3.700	162	17.644
10	PaF710	5.432.354	726.808	273.975	9.822	5.220	463	7.980	87	3.945	159	17.854
11	PaF711	5.302.305	675.350	269.277	8.710	4.541	401	6.955	91	3.260	130	15.378
12	PaF712	5.400.203	721.303	270.643	9.838	5.195	493	7.926	102	3.722	174	17.612
13	PaF713	5.320.222	684.694	266.904	8.826	4.639	415	6.978	93	3.412	121	15.658
14	PaF714	5.426.471	724.826	275.021	9.958	5.334	471	7.967	95	3.718	150	17.735
15	PaF715	5.482.820	731.589	279.110	9.887	5.364	438	7.876	98	3.772	168	17.716
16	PaM701	5.489.206	732.652	276.465	9.712	5.176	473	7.920	122	3.739	175	17.605
17	PaM702	5.391.867	722.202	271.439	9.761	5.090	525	8.027	100	3.720	160	17.622
18	PaM703	5.495.088	727.286	277.308	9.616	5.235	474	7.778	106	3.737	153	17.483
19	PaM704	5.399.948	714.046	273.618	9.612	5.086	462	7.689	83	3.621	152	17.093
20	PaM705	5.394.014	724.212	271.343	10.116	5.438	472	8.119	103	3.746	172	18.050
21	PaM706	5.383.932	718.992	269.021	9.583	5.080	480	7.660	76	3.672	152	17.120
22	PaM707	5.511.374	732.842	278.713	10.313	5.460	491	8.428	108	3.880	173	18.540
23	PaM708	5.441.260	727.213	273.683	9.931	5.361	461	7.909	93	3.709	163	17.696
24	PaM709	5.448.497	739.557	275.721	10.017	5.303	494	8.177	92	3.915	179	18.160
25	PaM710	5.334.038	723.469	267.786	9.937	5.239	445	8.049	85	3.754	150	17.722
26	PaM711	5.487.868	737.711	277.155	10.326	5.554	461	8.373	107	3.867	184	18.546
27	PaM712	5.531.388	740.204	281.525	10.104	5.329	527	8.214	98	3.911	152	18.231
28	PaM713	5.380.440	720.258	269.779	9.678	5.250	437	7.667	118	3.539	163	17.174
29	PaM714	5.401.913	723.766	272.428	9.799	5.382	455	8.031	101	3.730	163	17.862
30	PaM715	5.500.651	739.172	277.064	10.279	5.523	498	8.219	88	3.865	147	18.340

Ek-19 Bağyolu referans genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait homozigot ve heterozigot SNP sayısı

No	Genotip Kodu	Homozigot SNP Sayısı	Homozigot SNP %	Heterozigot SNP Sayısı	Heterozigot SNP %
1	PaF701	3,567,887	65.05	1,917,172	34.95
2	PaF702	3,658,700	67.45	1,765,751	32.55
3	PaF703	1,976,193	45.51	2,366,207	54.49
4	PaF704	3,640,598	66.25	1,854,837	33.75
5	PaF705	3,671,146	66.17	1,877,282	33.83
6	PaF706	3,548,847	64.85	1,923,677	35.15
7	PaF707	3,675,426	66.49	1,852,651	33.51
8	PaF708	3,628,698	66.64	1,816,432	33.36
9	PaF709	3,647,906	66.83	1,810,867	33.17
10	PaF710	3,703,872	68.18	1,728,482	31.82
11	PaF711	3,539,708	66.76	1,762,597	33.24
12	PaF712	3,602,673	66.71	1,797,530	33.29
13	PaF713	3,484,121	65.49	1,836,101	34.51
14	PaF714	3,616,364	66.64	1,810,107	33.36
15	PaF715	3,614,697	65.93	1,868,123	34.07
16	PaM701	3,585,180	65.31	1,904,026	34.69
17	PaM702	3,608,652	66.93	1,783,215	33.07
18	PaM703	3,634,628	66.14	1,860,460	33.86
19	PaM704	3,651,735	67.63	1,748,213	32.37
20	PaM705	3,609,850	66.92	1,784,164	33.08
21	PaM706	3,543,335	65.81	1,840,597	34.19
22	PaM707	3,718,827	67.48	1,792,547	32.52
23	PaM708	3,580,683	65.81	1,860,577	34.19
24	PaM709	3,650,685	67.00	1,797,812	33.00
25	PaM710	3,521,354	66.02	1,812,684	33.98
26	PaM711	3,568,422	65.02	1,919,446	34.98
27	PaM712	3,681,393	66.55	1,849,995	33.45
28	PaM713	3,560,416	66.17	1,820,024	33.83
29	PaM714	3,553,285	65.63	1,848,627	34.36
30	PaM715	3,617,093	65.76	1,883,558	34.24

Ek-20 Bağyolu referans genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen *P. atlantica* genotiplerine ait InDel'lerin baz büyüklüklerine göre sınıflandırılmış değerleri

No	Genotip Kodu	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	10>	Toplam
1	PaF701	473,461	86,987	43,376	29,363	19,281	18,204	13,842	11,834	8,336	7,062	25,161	736,907
2	PaF702	464,873	84,922	42,532	28,972	19,295	18,135	13,776	11,665	8,120	6,986	24,658	723,934
3	PaF703	450,585	73,798	34,513	22,663	14,779	13,710	10,676	9,009	6,362	5,293	18,761	660,149
4	PaF704	474,584	87,662	43,510	29,847	19,601	18,400	13,903	12,053	8,172	7,031	25,259	740,022
5	PaF705	474,310	87,157	43,885	29,861	19,629	18,692	14,140	11,978	8,304	7,037	25,198	740,191
6	PaF706	470,506	86,473	43,320	29,130	19,254	18,262	14,221	11,847	8,154	7,015	24,811	732,993
7	PaF707	477,289	88,324	44,058	29,750	19,667	18,659	14,133	12,039	8,448	7,105	25,409	744,881
8	PaF708	468,135	86,913	43,351	29,523	19,440	18,495	14,147	11,992	8,379	7,210	25,270	732,855
9	PaF709	466,850	86,122	43,110	28,984	19,178	18,353	13,830	11,718	8,201	6,915	25,041	728,302
10	PaF710	465,910	85,363	42,935	29,036	19,303	18,381	13,867	11,946	8,220	6,944	24,903	726,808
11	PaF711	436,629	78,445	39,106	26,372	17,811	16,922	12,655	10,779	7,489	6,344	22,798	675,350
12	PaF712	462,680	84,944	42,882	28,901	19,055	18,010	13,775	11,586	8,106	6,843	24,521	721,303
13	PaF713	442,624	79,328	40,065	26,970	17,840	16,813	12,838	10,895	7,696	6,431	23,194	684,694
14	PaF714	464,352	85,696	42,890	29,063	19,201	18,312	13,719	11,757	8,185	6,878	24,773	724,826
15	PaF715	470,065	86,284	43,045	29,099	19,197	18,199	13,788	11,885	8,251	6,941	24,835	731,589
16	PaM701	471,771	86,463	42,862	28,854	19,319	18,205	13,817	11,628	8,197	7,013	24,523	732,652
17	PaM702	463,551	84,860	42,886	28,814	18,970	18,191	13,810	11,552	8,144	6,974	24,450	722,202
18	PaM703	467,522	85,609	42,831	28,927	19,279	18,012	13,780	11,553	8,150	6,937	24,686	727,286
19	PaM704	458,079	83,993	42,413	28,491	18,906	18,014	13,608	11,596	8,092	6,810	24,044	714,046
20	PaM705	464,916	85,076	42,613	28,991	19,105	18,050	13,893	11,776	8,221	6,905	24,666	724,212
21	PaM706	462,115	84,748	42,320	28,741	18,672	17,915	13,742	11,571	7,970	6,885	24,313	718,992
22	PaM707	470,008	86,219	43,324	29,295	19,545	18,312	13,966	11,908	8,234	6,928	25,103	732,842
23	PaM708	466,705	85,745	43,193	28,998	19,164	18,262	13,792	11,718	8,072	6,858	24,706	727,213
24	PaM709	473,802	87,599	43,748	29,766	19,490	18,463	14,272	12,160	8,314	6,904	25,039	739,557
25	PaM710	464,097	85,446	42,823	29,039	19,079	17,919	13,698	11,507	8,208	6,939	24,714	723,469
26	PaM711	473,738	86,774	43,534	29,478	19,383	18,620	13,821	11,828	8,353	6,962	25,220	737,711
27	PaM712	473,852	87,223	43,909	29,690	19,769	18,612	14,174	12,077	8,417	7,005	25,476	740,204
28	PaM713	461,392	85,132	42,751	28,841	18,833	17,988	13,792	11,732	8,247	6,926	24,624	720,258
29	PaM714	465,514	85,118	42,563	28,766	19,001	18,003	13,695	11,628	8,108	6,860	24,505	723,761
30	PaM715	472,746	87,456	43,883	29,593	19,588	18,847	14,188	11,944	8,320	7,110	25,497	739,172

Ek-21 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans genomu kullanılarak Linux ve Windows ortamlarında elde edilen lokusların (SNP, InDel ve SV) karşılaştırılması

P. atlantica			
Bagyolu Genom	GATK Lokus Sayısı	CLC Lokus Sayısı	Ortak Lokus Sayısı
SNP	1,644,014	156,561	2,058,841
InDel	146,882	113,554	244,029
SV	3,342	370	3

Ek-22 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5;UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	ncRNA_ekzonik	other
1	PaF701	39,275	56,121	26	343,792	2,812	10	476,237	414,589	55,070	863,791	7,730,805	99	1
2	PaF702	38,686	54,819	23	339,524	2,823	13	468,573	404,191	53,482	839,552	7,496,039	119	-
3	PaF703	37,846	52,857	25	325,332	2,598	14	444,598	386,695	51,761	808,253	7,106,244	100	-
4	PaF704	39,361	55,340	27	348,976	2,900	10	479,245	413,024	55,747	861,706	7,658,751	131	-
5	PaF705	39,304	55,555	18	345,127	2,850	11	476,661	412,204	55,657	861,834	7,672,442	105	-
6	PaF706	39,784	55,611	28	342,247	2,856	9	475,232	411,031	53,633	856,184	7,721,877	131	1
7	PaF707	39,253	55,564	26	347,002	2,895	8	480,782	414,736	54,885	859,386	7,651,779	93	-
8	PaF708	39,469	55,658	27	343,576	2,941	10	474,024	413,129	55,129	853,690	7,567,463	111	-
9	PaF709	38,806	55,132	26	342,269	2,825	7	471,513	406,142	54,235	848,610	7,567,976	102	1
10	PaF710	38,724	55,173	26	341,299	2,756	11	471,335	408,688	54,162	845,430	7,482,216	110	-
11	PaF711	38,258	54,249	28	341,579	2,782	5	432,725	385,578	50,635	825,661	7,524,061	107	1
12	PaF712	38,936	55,403	19	341,207	2,797	11	469,019	408,602	54,447	850,812	7,577,587	102	1
13	PaF713	38,867	55,038	26	346,367	2,830	10	440,606	393,217	51,905	837,572	7,522,297	99	-
14	PaF714	39,685	55,613	24	346,222	2,870	10	470,261	408,407	54,896	854,734	7,547,144	98	1
15	PaF715	39,173	55,684	14	344,180	2,879	9	473,136	410,793	55,251	853,858	7,673,321	117	1
16	PaM701	38,964	55,123	25	340,286	2,771	13	469,710	408,309	53,573	849,961	7,822,086	132	1
17	PaM702	38,812	54,476	26	338,506	2,847	12	465,473	403,674	53,979	843,038	7,602,766	112	-
18	PaM703	38,960	54,946	29	342,685	2,765	15	469,034	406,938	54,096	849,525	7,697,678	97	-
19	PaM704	38,801	55,229	28	343,429	2,850	10	462,363	405,304	54,581	847,827	7,529,509	91	-
20	PaM705	39,161	54,865	25	339,297	2,820	13	467,475	405,972	53,466	847,847	7,659,222	127	-
21	PaM706	39,044	54,981	15	341,654	2,861	12	464,963	404,922	53,728	851,009	7,528,338	131	1
22	PaM707	39,483	55,400	28	344,750	2,874	10	471,364	409,752	54,438	851,945	7,619,471	116	1
23	PaM708	39,026	54,659	26	340,291	2,776	5	470,385	406,274	54,112	846,395	7,599,247	105	-
24	PaM709	39,504	55,680	27	341,991	2,853	9	480,219	413,641	55,559	858,766	7,648,175	112	-
25	PaM710	39,124	54,980	28	341,235	2,797	9	470,108	406,425	54,459	846,498	7,576,180	103	-
26	PaM711	39,872	55,976	29	350,185	2,868	10	482,154	415,876	55,712	866,101	7,704,237	102	-
27	PaM712	39,919	55,893	27	347,430	2,957	13	477,349	414,504	55,421	862,840	7,605,105	106	-
28	PaM713	39,333	55,598	23	343,566	2,790	8	471,358	408,404	54,881	851,552	7,573,214	112	1
29	PaM714	39,703	56,122	27	348,971	2,851	14	479,251	414,543	55,624	862,560	7,660,557	98	1
30	PaM715	39,644	55,626	28	344,231	2,869	9	478,140	413,103	54,922	859,255	7,628,041	98	-

Ek-23 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	nonsynonymous SNP	synonymous SNP	stopgain	stoploss	unknown
1	PaF701	197,514	141,183	4,492	594	9
2	PaF702	194,999	139,670	4,267	579	9
3	PaF703	186,579	134,003	4,150	591	9
4	PaF704	201,069	142,769	4,534	594	10
5	PaF705	198,057	142,013	4,436	611	10
6	PaF706	196,478	140,757	4,404	598	10
7	PaF707	199,648	142,305	4,445	596	8
8	PaF708	197,220	141,392	4,382	574	8
9	PaF709	196,849	140,356	4,443	612	9
10	PaF710	196,157	140,127	4,423	583	9
11	PaF711	196,831	139,789	4,361	588	10
12	PaF712	195,587	140,630	4,388	593	9
13	PaF713	199,452	141,870	4,459	577	9
14	PaF714	199,161	142,113	4,365	574	9
15	PaF715	198,000	141,202	4,386	581	11
16	PaM701	195,207	140,107	4,379	583	10
17	PaM702	194,321	139,254	4,322	599	10
18	PaM703	197,123	140,636	4,343	574	9
19	PaM704	197,382	141,002	4,431	606	8
20	PaM705	194,736	139,604	4,377	571	9
21	PaM706	196,151	140,543	4,367	583	10
22	PaM707	198,045	141,690	4,415	590	10
23	PaM708	195,535	139,800	4,378	568	10
24	PaM709	196,466	140,512	4,417	586	10
25	PaM710	195,902	140,289	4,457	578	9
26	PaM711	201,954	143,093	4,518	611	9
27	PaM712	199,847	142,543	4,438	593	9
28	PaM713	197,385	141,096	4,461	614	10
29	PaM714	201,301	142,568	4,487	606	9
30	PaM715	197,671	141,474	4,482	596	8

Ek-24 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5;UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	ncRNA_ekzonik	other
1	PaF701	9,337	10,823	6	17,420	585	2	84,581	71,058	10,980	142,958	707,022	9	1
2	PaF702	9,125	10,700	6	17,080	603	3	82,501	68,626	10,591	138,410	683,280	12	1
3	PaF703	8,897	10,274	10	16,261	590	1	77,952	65,842	10,303	133,995	651,991	14	1
4	PaF704	9,383	10,796	8	17,779	643	1	85,535	70,839	10,914	142,135	701,426	21	1
5	PaF705	9,353	10,776	1	17,463	608	1	84,573	70,432	10,849	141,686	701,001	14	1
6	PaF706	9,219	10,753	8	17,216	578	1	84,071	70,005	10,593	140,129	699,533	20	1
7	PaF707	9,350	10,810	10	17,465	593	1	85,918	71,502	10,935	142,459	704,801	13	1
8	PaF708	9,368	10,830	8	17,144	615	-	84,691	70,744	11,020	140,943	694,243	12	1
9	PaF709	9,312	10,692	9	17,107	602	1	83,379	68,794	10,776	138,800	685,477	9	1
10	PaF710	9,072	10,760	7	17,236	595	1	83,867	69,715	10,614	139,063	683,644	15	1
11	PaF711	8,851	10,373	11	17,071	561	1	72,345	63,026	9,670	130,709	639,833	13	1
12	PaF712	9,196	10,747	4	16,951	595	2	82,498	69,146	10,670	138,762	686,815	13	1
13	PaF713	8,910	10,562	9	17,419	596	-	74,323	65,010	9,949	134,083	647,495	12	1
14	PaF714	9,260	10,858	7	17,324	629	1	82,935	69,384	10,828	140,436	686,896	11	1
15	PaF715	9,159	10,868	5	17,286	588	1	82,910	69,870	10,763	139,421	694,108	13	1
16	PaM701	9,089	10,580	6	17,103	577	1	82,539	68,557	10,597	138,470	707,232	19	1
17	PaM702	9,042	10,651	8	17,014	599	2	81,851	68,976	10,732	138,151	689,177	13	1
18	PaM703	9,108	10,689	9	17,163	570	2	81,824	69,044	10,587	138,597	689,361	12	1
19	PaM704	9,028	10,737	9	17,400	601	2	80,604	68,413	10,742	138,571	676,326	12	1
20	PaM705	9,146	10,720	6	16,938	578	1	82,336	68,728	10,568	138,790	692,719	20	1
21	PaM706	9,147	10,741	6	17,053	571	3	81,121	68,813	10,414	138,744	677,373	19	1
22	PaM707	9,312	10,863	9	17,335	590	1	82,630	69,962	10,628	139,687	692,184	11	1
23	PaM708	9,263	10,610	7	16,978	583	2	83,479	69,307	10,675	139,415	689,745	15	1
24	PaM709	9,344	10,889	6	17,190	585	2	85,706	70,774	11,046	141,450	704,882	12	1
25	PaM710	9,200	10,665	10	17,074	613	1	83,386	69,175	10,838	139,533	690,762	14	1
26	PaM711	9,316	10,857	11	17,312	616	4	85,477	71,226	10,982	142,290	705,348	14	1
27	PaM712	9,302	10,945	10	17,692	598	1	84,585	71,188	10,862	142,393	696,395	15	1
28	PaM713	9,207	10,886	9	17,136	585	1	82,970	69,586	10,787	140,057	687,566	14	1
29	PaM714	9,337	11,004	8	17,495	625	3	85,164	71,066	11,034	141,862	699,498	9	1
30	PaM715	9,408	10,791	8	17,392	616	1	85,263	70,991	10,989	141,886	701,655	12	1

Ek-25 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	stopgain	stoploss	unknown
1	PaF701	6,298	5,699	2,612	2,196	559	56	-
2	PaF702	6,095	5,632	2,651	2,138	515	48	1
3	PaF703	5,710	5,475	2,459	2,077	492	47	1
4	PaF704	6,442	5,733	2,738	2,223	587	55	1
5	PaF705	6,298	5,686	2,671	2,202	550	55	1
6	PaF706	6,235	5,613	2,622	2,164	526	56	-
7	PaF707	6,352	5,635	2,628	2,233	562	54	1
8	PaF708	6,187	5,564	2,648	2,164	523	57	1
9	PaF709	6,143	5,554	2,622	2,205	531	51	1
10	PaF710	6,221	5,616	2,659	2,145	536	58	1
11	PaF711	6,159	5,541	2,626	2,165	528	51	1
12	PaF712	6,076	5,580	2,544	2,183	514	53	1
13	PaF713	6,355	5,574	2,676	2,213	554	46	1
14	PaF714	6,231	5,708	2,638	2,112	580	54	1
15	PaF715	6,266	5,567	2,621	2,213	569	49	1
16	PaM701	6,213	5,555	2,593	2,144	539	59	-
17	PaM702	6,085	5,559	2,582	2,183	543	61	1
18	PaM703	6,238	5,600	2,638	2,135	493	58	1
19	PaM704	6,336	5,633	2,600	2,231	550	49	1
20	PaM705	6,057	5,483	2,618	2,169	554	56	1
21	PaM706	6,116	5,577	2,627	2,142	538	53	-
22	PaM707	6,282	5,586	2,644	2,202	558	62	1
23	PaM708	6,146	5,469	2,618	2,151	542	51	1
24	PaM709	6,205	5,617	2,594	2,190	529	54	1
25	PaM710	6,204	5,539	2,575	2,171	533	51	1
26	PaM711	6,200	5,616	2,673	2,232	534	56	1
27	PaM712	6,502	5,735	2,635	2,231	538	50	1
28	PaM713	6,190	5,582	2,605	2,149	548	61	1
29	PaM714	6,308	5,689	2,650	2,215	580	53	-
30	PaM715	6,321	5,654	2,641	2,148	568	59	1

Ek-26 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SV'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	ncRNA_ekzonik	other
1	PaF701	220	316	9,425	23	2,485	2,258	391	3,976	22,558	1	5,587
2	PaF702	200	320	8,415	18	2,322	2,204	356	3,715	21,240	1	4,752
3	PaF703	191	270	7,603	17	2,081	1,931	326	3,227	19,040	2	3,890
4	PaF704	204	309	9,108	28	2,464	2,263	384	3,802	22,078	1	5,203
5	PaF705	220	320	8,950	20	2,478	2,212	379	3,857	22,051	1	4,983
6	PaF706	201	302	8,450	17	2,353	2,178	376	3,642	21,193	1	4,366
7	PaF707	207	300	8,791	22	2,487	2,294	385	3,897	22,035	1	4,819
8	PaF708	231	315	8,535	26	2,448	2,149	369	3,728	21,000	1	4,580
9	PaF709	205	287	8,103	20	2,279	2,107	345	3,567	20,977	2	4,427
10	PaF710	198	325	8,655	30	2,421	2,154	345	3,745	21,608	1	4,840
11	PaF711	186	273	7,345	23	1,995	1,818	310	3,282	19,150	1	4,137
12	PaF712	196	299	8,447	22	2,318	2,124	350	3,682	21,261	1	4,777
13	PaF713	178	292	7,701	19	2,071	1,987	320	3,410	19,649	1	4,326
14	PaF714	199	328	8,757	28	2,421	2,191	352	3,738	21,206	1	4,710
15	PaF715	217	294	8,243	20	2,425	2,184	355	3,734	21,313	1	4,375
16	PaM701	206	290	8,395	19	2,297	2,108	353	3,634	21,928	1	4,638
17	PaM702	201	275	8,489	25	2,330	2,100	343	3,545	21,190	1	4,823
18	PaM703	209	302	8,095	19	2,321	2,133	357	3,697	21,171	1	4,539
19	PaM704	204	294	8,431	23	2,312	2,103	339	3,635	20,775	1	4,711
20	PaM705	230	288	8,760	21	2,391	2,106	356	3,694	21,811	1	4,957
21	PaM706	209	304	8,458	23	2,322	2,164	359	3,661	21,154	1	4,589
22	PaM707	222	317	9,076	25	2,491	2,244	396	3,898	22,302	1	5,465
23	PaM708	205	300	8,299	22	2,468	2,122	361	3,694	21,296	1	4,601
24	PaM709	201	314	8,963	22	2,514	2,236	384	3,803	21,912	1	4,949
25	PaM710	196	299	8,700	16	2,449	2,160	377	3,774	21,417	1	4,703
26	PaM711	222	298	9,012	22	2,471	2,253	367	3,885	22,045	1	5,070
27	PaM712	216	314	8,863	25	2,491	2,324	351	3,791	21,658	1	4,933
28	PaM713	220	296	8,497	18	2,324	2,108	346	3,634	20,989	1	4,566
29	PaM714	215	302	8,794	27	2,429	2,169	366	3,741	21,702	1	4,806
30	PaM715	200	306	8,919	21	2,475	2,211	375	3,833	21,658	1	4,953

Ek-27 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik
1	PaF701	924	937	367,608	1,898	29	478,968	439,174	53,000	842,278	5,755,588
2	PaF702	879	865	364,276	1,845	34	468,161	430,539	51,569	829,545	5,643,089
3	PaF703	813	744	320,103	1,608	26	410,785	378,346	45,883	741,795	5,000,559
4	PaF704	858	888	375,284	1,949	36	482,328	440,063	52,903	858,878	5,737,285
5	PaF705	908	890	372,999	1,855	31	479,887	441,000	53,277	852,520	5,809,073
6	PaF706	934	867	365,378	1,917	30	477,661	436,904	52,263	839,756	5,739,495
7	PaF707	937	936	372,543	1,872	31	483,585	440,646	52,989	848,523	5,750,323
8	PaF708	900	891	368,230	1,927	26	476,629	437,959	52,714	838,103	5,686,820
9	PaF709	866	858	371,129	1,879	26	473,604	433,732	52,098	832,906	5,685,078
10	PaF710	1,024	912	363,837	1,844	31	472,062	431,512	52,296	837,971	5,652,761
11	PaF711	914	903	366,510	1,829	26	439,125	411,006	48,700	799,262	5,588,734
12	PaF712	919	857	366,554	1,870	31	468,968	430,952	51,809	836,342	5,661,595
13	PaF713	979	890	372,566	1,845	28	449,272	421,264	50,433	824,913	5,616,302
14	PaF714	986	962	368,664	1,910	28	472,456	433,590	52,211	842,211	5,684,386
15	PaF715	881	915	369,034	1,881	28	475,039	434,623	52,224	836,106	5,736,296
16	PaM701	911	874	364,974	1,884	32	471,662	434,065	51,507	834,829	5,811,647
17	PaM702	865	877	363,690	1,834	31	467,502	428,250	51,385	831,712	5,668,127
18	PaM703	830	895	366,492	1,861	38	469,312	433,415	51,935	833,933	5,759,991
19	PaM704	959	890	366,989	1,833	43	467,794	432,047	51,996	830,783	5,670,642
20	PaM705	995	901	364,827	1,842	29	468,912	430,502	51,413	833,437	5,673,909
21	PaM706	953	881	364,816	1,852	35	468,425	430,033	51,960	826,804	5,612,851
22	PaM707	1,018	940	369,265	1,919	31	475,671	435,279	52,493	843,842	5,750,610
23	PaM708	957	818	363,509	1,797	29	469,703	430,479	51,878	827,096	5,724,862
24	PaM709	948	852	369,574	1,832	31	480,008	437,595	53,313	839,322	5,700,374
25	PaM710	861	876	363,007	1,823	30	468,043	429,044	51,455	832,528	5,600,699
26	PaM711	985	907	369,359	1,826	25	479,766	440,363	52,306	838,793	5,783,078
27	PaM712	970	861	374,387	1,882	35	481,051	441,510	52,833	861,851	5,775,866
28	PaM713	851	930	365,740	1,793	23	470,853	433,054	51,572	831,601	5,663,707
29	PaM714	918	878	371,044	1,869	22	479,004	438,396	52,950	847,189	5,722,136
30	PaM715	999	902	367,495	1,922	41	480,953	438,940	53,053	848,911	5,776,948

Ek-28 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	nonsynonymous SNP	synonymous SNP	stopgain	stoploss	unknown
1	PaF701	216,034	142,298	6,209	1,090	1,977
2	PaF702	213,733	141,373	6,044	1,062	2,064
3	PaF703	186,288	126,093	5,102	957	1,663
4	PaF704	220,706	145,011	6,425	1,110	2,032
5	PaF705	218,919	144,524	6,310	1,125	2,121
6	PaF706	214,125	142,013	6,201	1,121	1,918
7	PaF707	219,054	144,382	6,084	1,106	1,917
8	PaF708	216,248	142,767	6,113	1,092	2,010
9	PaF709	218,291	143,502	6,185	1,121	2,030
10	PaF710	213,845	140,956	6,089	1,059	1,888
11	PaF711	215,576	141,602	6,159	1,108	2,065
12	PaF712	215,091	142,492	6,126	1,083	1,762
13	PaF713	218,900	144,347	6,225	1,106	1,988
14	PaF714	216,124	143,311	6,120	1,106	2,003
15	PaF715	217,228	142,690	6,173	1,106	1,837
16	PaM701	214,566	141,062	6,225	1,102	2,019
17	PaM702	213,298	140,998	6,174	1,086	2,134
18	PaM703	214,941	142,417	6,056	1,095	1,983
19	PaM704	215,868	142,111	6,062	1,083	1,865
20	PaM705	214,456	141,413	6,117	1,100	1,741
21	PaM706	214,551	141,237	6,002	1,113	1,913
22	PaM707	216,550	143,545	6,104	1,113	1,953
23	PaM708	213,015	141,300	6,113	1,080	2,001
24	PaM709	217,165	143,063	6,094	1,131	2,121
25	PaM710	213,141	140,780	6,161	1,072	1,853
26	PaM711	217,060	143,063	6,112	1,088	2,036
27	PaM712	219,876	145,062	6,207	1,086	2,156
28	PaM713	214,561	142,015	6,139	1,124	1,901
29	PaM714	218,199	143,464	6,223	1,108	2,050
30	PaM715	215,195	143,296	6,072	1,117	1,815

Ek-29 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik
1	PaF701	112	65	21,941	498	5	86,658	75,499	10,172	135,299	614,105
2	PaF702	111	70	21,666	491	4	84,488	73,655	9,829	131,035	596,574
3	PaF703	107	52	20,084	507	3	77,647	68,538	9,232	125,544	568,218
4	PaF704	127	61	22,719	508	6	87,220	76,016	10,299	136,404	613,112
5	PaF705	116	70	22,518	501	6	87,036	75,833	10,194	135,623	615,051
6	PaF706	124	63	21,522	501	6	85,740	74,675	9,945	133,474	608,198
7	PaF707	130	60	22,320	510	4	88,138	76,196	10,147	136,346	616,796
8	PaF708	106	58	22,028	490	5	86,931	75,357	10,139	133,941	606,986
9	PaF709	105	69	22,102	496	4	84,796	74,089	9,955	132,082	598,998
10	PaF710	102	64	21,574	484	2	85,573	74,564	10,053	133,382	599,140
11	PaF711	107	81	21,900	487	5	75,231	67,567	8,962	122,635	554,741
12	PaF712	118	67	21,743	504	6	84,259	73,743	9,924	132,011	597,601
13	PaF713	113	54	22,146	488	5	77,397	70,170	9,235	126,722	563,445
14	PaF714	108	77	22,092	501	5	84,804	74,666	9,842	133,606	599,889
15	PaF715	109	55	22,109	493	7	84,816	74,609	9,784	132,371	604,437
16	PaM701	104	73	21,743	488	4	84,309	73,932	9,786	131,911	613,629
17	PaM702	103	68	21,518	502	2	83,772	73,442	9,718	131,902	598,433
18	PaM703	124	65	21,582	498	4	83,532	73,960	9,990	131,330	601,216
19	PaM704	109	59	21,996	493	6	82,911	73,545	10,003	131,627	590,139
20	PaM705	117	59	21,757	484	5	83,945	73,582	9,768	132,099	601,657
21	PaM706	119	70	21,796	497	5	83,344	72,982	9,865	130,623	588,592
22	PaM707	118	67	22,157	500	5	85,356	74,665	10,082	134,045	605,689
23	PaM708	122	80	21,622	466	3	84,543	73,716	9,825	131,437	603,436
24	PaM709	117	54	21,982	502	7	87,351	76,116	10,262	134,565	613,394
25	PaM710	114	67	21,542	495	4	85,262	73,832	9,810	132,615	601,249
26	PaM711	106	72	22,087	499	5	87,043	75,509	10,048	134,453	616,328
27	PaM712	114	58	22,448	526	4	86,896	75,862	10,135	136,539	612,507
28	PaM713	106	70	21,921	477	6	84,737	74,244	9,797	131,981	599,152
29	PaM714	111	69	22,393	505	3	86,762	75,848	10,119	135,118	611,482

Ek-30 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	stopgain	stoploss	unknown
1	PaF701	8,623	7,434	2,713	2,318	554	135	164
2	PaF702	8,482	7,343	2,716	2,279	539	123	184
3	PaF703	7,650	7,515	2,164	2,002	484	130	139
4	PaF704	8,927	7,624	2,849	2,396	618	133	172
5	PaF705	8,819	7,624	2,792	2,400	582	126	175
6	PaF706	8,454	7,266	2,620	2,343	537	136	166
7	PaF707	8,745	7,505	2,817	2,371	561	133	188
8	PaF708	8,653	7,454	2,772	2,322	517	129	181
9	PaF709	8,601	7,436	2,788	2,404	569	127	177
10	PaF710	8,478	7,251	2,664	2,330	556	128	167
11	PaF711	8,619	7,397	2,741	2,346	511	135	151
12	PaF712	8,628	7,324	2,641	2,328	559	129	134
13	PaF713	8,731	7,455	2,765	2,367	547	140	141
14	PaF714	8,586	7,524	2,811	2,323	552	132	164
15	PaF715	8,770	7,449	2,747	2,286	558	137	162
16	PaF701	8,645	7,312	2,697	2,228	556	127	178
17	PaF702	8,462	7,314	2,694	2,258	512	104	174
18	PaF703	8,476	7,313	2,688	2,298	534	130	143
19	PaF704	8,674	7,443	2,689	2,328	558	129	175
20	PaF705	8,596	7,369	2,693	2,288	550	124	137
21	PaF706	8,553	7,363	2,738	2,345	527	123	147
22	PaF707	8,789	7,427	2,745	2,352	554	134	156
23	PaF708	8,486	7,270	2,698	2,301	560	128	179
24	PaF709	8,604	7,454	2,726	2,319	577	120	182
25	PaF710	8,474	7,246	2,706	2,313	535	134	134
26	PaF711	8,704	7,465	2,735	2,359	542	130	152
27	PaF712	8,846	7,568	2,800	2,354	553	137	190
28	PaF713	8,613	7,442	2,710	2,343	528	131	154
29	PaF714	8,825	7,554	2,756	2,370	590	136	162
30	PaF715	8,613	7,393	2,732	2,321	538	128	146

Ek-31 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak elde edilen SV'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	Diğer
1	PaF701	4	2	13,984	14	2,100	2,026	284	2,915	15,281	4,071
2	PaF702	6	5	12,634	12	1,987	1,963	237	2,781	14,471	3,588
3	PaF703	6	1	10,277	12	1,598	1,605	204	2,264	11,818	2,883
4	PaF704	7	4	13,738	15	2,108	2,022	285	2,915	15,027	3,876
5	PaF705	7	3	13,466	16	2,076	1,989	289	2,892	15,042	3,803
6	PaF706	6	2	12,425	13	1,990	1,914	262	2,755	14,411	3,162
7	PaF707	9	2	13,082	10	2,146	2,053	282	2,874	14,837	3,548
8	PaF708	6	2	12,879	15	2,007	1,974	256	2,864	14,506	3,384
9	PaF709	5	-	12,251	12	1,970	1,943	253	2,661	14,164	3,327
10	PaF710	8	4	13,119	8	2,052	2,003	281	2,843	14,595	3,527
11	PaF711	8	4	10,780	15	1,634	1,672	205	2,499	12,879	3,093
12	PaF712	6	3	12,687	13	1,935	1,892	251	2,726	14,461	3,624
13	PaF713	4	2	11,199	13	1,777	1,753	221	2,565	13,216	3,218
14	PaF714	5	4	12,890	12	2,048	1,979	260	2,779	14,417	3,549
15	PaF715	7	3	12,071	14	1,977	1,913	240	2,795	14,282	3,247
16	PaM701	5	3	12,383	11	1,919	1,829	242	2,665	14,817	3,534
17	PaM702	5	3	12,617	14	1,971	1,836	244	2,657	14,480	3,605
18	PaM703	4	3	12,230	14	2,012	1,913	246	2,688	14,465	3,391
19	PaM704	4	3	12,757	13	1,950	1,925	241	2,768	14,153	3,539
20	PaM705	9	3	13,221	14	2,014	1,929	245	2,808	14,649	3,732
21	PaM706	6	1	12,886	14	1,997	1,926	238	2,664	14,265	3,416
22	PaM707	6	4	13,778	18	2,080	1,998	276	2,946	15,400	4,042
23	PaM708	6	3	12,536	14	2,052	1,917	278	2,741	14,411	3,329
24	PaM709	6	2	13,296	17	2,062	1,970	286	2,800	14,855	3,708
25	PaM710	5	5	12,954	12	2,036	1,916	258	2,733	14,339	3,526
26	PaM711	5	4	13,624	15	2,089	2,002	262	2,839	15,063	3,737
27	PaM712	3	3	13,333	13	2,032	2,047	274	2,837	14,779	3,675
28	PaM713	3	2	12,554	12	1,988	1,917	260	2,710	14,296	3,348
29	PaM714	4	2	13,265	13	2,076	1,937	266	2,845	14,665	3,668
30	PaM715	4	1	13,294	18	2,059	2,047	269	2,837	14,761	3,710

Ek-32 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5;UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	diğer
1	PaF701	34,407	47,861	29	269,094	2,046	5	393,876	341,148	47,159	709,085	5,295,534	173
2	PaF702	33,867	46,911	29	266,730	2,063	6	388,368	333,875	46,065	690,025	5,190,108	163
3	PaF703	31,168	43,019	26	243,514	1,740	5	346,234	299,796	42,261	631,128	4,573,187	137
4	PaF704	34,492	47,313	30	270,742	2,084	3	396,220	340,744	47,842	705,070	5,260,216	165
5	PaF705	34,347	47,374	19	269,117	2,070	6	395,273	339,937	47,416	704,690	5,273,696	155
6	PaF706	34,699	47,366	24	267,270	2,093	5	392,889	337,953	46,634	700,221	5,290,978	159
7	PaF707	34,424	47,507	27	270,260	2,071	5	398,408	340,822	47,560	703,352	5,299,655	159
8	PaF708	34,280	47,483	31	267,591	2,100	4	392,867	338,849	47,261	698,367	5,190,494	161
9	PaF709	33,735	47,240	28	266,222	2,020	5	389,999	335,140	46,820	694,594	5,226,848	148
10	PaF710	33,905	47,186	31	266,358	1,993	5	389,788	336,861	46,849	694,001	5,167,086	162
11	PaF711	33,595	46,233	31	267,597	2,003	2	360,069	318,371	43,880	677,206	5,170,652	155
12	PaF712	34,000	47,279	19	266,202	2,023	6	386,948	335,665	46,251	694,864	5,200,175	165
13	PaF713	33,817	46,672	27	268,838	2,038	5	364,177	322,086	44,697	682,895	5,138,333	164
14	PaF714	34,510	47,504	24	268,231	2,035	3	388,271	335,832	47,214	698,664	5,172,247	166
15	PaF715	34,387	47,581	14	269,478	2,084	3	391,881	337,859	47,296	700,263	5,299,658	153
16	PaM701	33,998	47,152	27	265,627	2,026	7	387,306	335,464	46,176	694,685	5,366,038	160
17	PaM702	33,892	46,636	28	264,746	2,052	5	383,640	332,160	46,091	690,568	5,213,659	154
18	PaM703	34,154	47,152	31	267,067	2,047	8	387,976	337,012	46,771	697,347	5,300,166	149
19	PaM704	33,861	47,200	27	267,560	2,069	5	381,026	332,128	46,504	693,692	5,159,292	161
20	PaM705	33,957	46,934	31	266,557	2,042	5	387,400	334,238	46,197	695,185	5,241,935	158
21	PaM706	34,113	46,902	17	267,500	2,069	5	385,560	334,403	46,267	698,924	5,200,596	164
22	PaM707	34,250	47,403	31	270,214	2,096	5	391,728	338,478	46,757	701,147	5,255,161	164
23	PaM708	34,029	46,978	28	265,930	1,997	2	389,302	334,116	46,416	694,911	5,229,172	168
24	PaM709	34,433	47,413	29	266,634	2,057	3	397,629	339,265	47,367	702,379	5,253,034	158
25	PaM710	34,092	47,026	26	266,608	2,000	5	387,585	334,276	46,449	693,941	5,177,943	167
26	PaM711	34,599	47,716	30	271,264	2,082	5	396,511	341,432	47,911	706,194	5,283,774	163
27	PaM712	34,667	47,762	30	269,433	2,125	6	393,398	339,066	47,552	704,096	5,234,125	161
28	PaM713	34,277	47,269	26	267,247	1,975	6	386,528	334,146	46,896	694,863	5,159,309	158
29	PaM714	34,070	47,074	27	266,915	2,039	5	386,816	334,326	46,520	694,727	5,207,967	160
30	PaM715	34,389	47,286	26	267,894	2,066	4	395,634	339,449	47,191	702,049	5,230,832	168

Ek-33 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	nonsynonymous SNP	synonymous SNP	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PaF701	148,796	117,058	2,765	462	18
2	PaF702	147,358	116,293	2,601	466	18
3	PaF703	134,233	106,499	2,334	432	21
4	PaF704	149,874	117,680	2,711	458	22
5	PaF705	148,540	117,434	2,686	450	13
6	PaF706	147,622	116,568	2,603	461	21
7	PaF707	149,542	117,553	2,686	468	16
8	PaF708	147,763	116,736	2,641	436	19
9	PaF709	147,119	116,010	2,608	478	12
10	PaF710	147,151	116,132	2,620	448	12
11	PaF711	148,159	116,401	2,557	469	13
12	PaF712	146,888	116,229	2,616	457	18
13	PaF713	148,710	117,017	2,648	455	13
14	PaF714	148,020	117,177	2,582	442	13
15	PaF715	149,086	117,276	2,635	466	18
16	PaM701	146,794	115,731	2,628	463	18
17	PaM702	146,305	115,411	2,564	453	18
18	PaM703	147,342	116,626	2,645	444	18
19	PaM704	147,823	116,623	2,641	466	12
20	PaM705	147,358	116,118	2,615	453	18
21	PaM706	147,767	116,653	2,611	456	18
22	PaM707	149,517	117,588	2,616	480	18
23	PaM708	146,772	116,003	2,689	450	18
24	PaM709	147,359	116,197	2,587	476	18
25	PaM710	147,282	116,214	2,645	454	18
26	PaM711	150,100	118,027	2,673	456	13
27	PaM712	148,907	117,385	2,669	466	12
28	PaM713	147,812	116,301	2,644	483	13
29	PaM714	147,500	116,319	2,626	459	16
30	PaM715	147,704	117,105	2,631	446	12

Ek-34 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen kısa InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	UTR5;UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	diğer
1	PaF701	10,151	11,454	7	19,936	590	33	102,012	82,737	13,222	155,452	835,011	19
2	PaF702	9,898	11,214	7	19,678	580	27	100,502	80,822	12,900	151,052	818,262	24
3	PaF703	9,060	10,349	8	17,723	528	21	89,171	72,904	11,838	138,027	721,497	15
4	PaF704	10,236	11,461	9	20,402	607	32	103,001	83,108	13,249	154,497	833,212	27
5	PaF705	10,213	11,392	2	20,067	603	30	102,589	82,685	13,082	154,031	833,931	19
6	PaF706	10,136	11,337	4	19,883	572	26	101,570	82,355	13,008	152,453	832,808	23
7	PaF707	10,121	11,274	11	20,323	600	35	103,953	83,264	13,500	154,318	842,999	23
8	PaF708	10,148	11,478	8	19,786	574	23	102,577	82,651	13,077	153,030	823,385	22
9	PaF709	10,032	11,395	10	19,610	584	29	101,028	81,285	13,086	151,789	822,073	21
10	PaF710	9,817	11,400	8	19,533	592	32	100,983	82,207	12,884	151,648	815,200	21
11	PaF711	9,609	10,923	10	19,906	564	29	90,500	75,758	11,943	145,370	785,597	19
12	PaF712	10,075	11,385	5	19,265	579	26	100,027	81,025	12,853	151,799	817,439	22
13	PaF713	9,672	11,203	7	20,085	582	30	91,995	77,138	12,294	147,414	785,136	23
14	PaF714	10,145	11,455	8	19,817	598	39	100,502	81,458	13,065	152,946	817,111	20
15	PaF715	9,981	11,255	4	20,168	577	27	101,354	82,443	13,222	152,663	833,054	18
16	PaM701	9,902	11,164	7	19,765	555	25	99,994	80,639	12,898	151,544	841,777	20
17	PaM702	9,931	11,210	10	19,780	600	33	99,731	80,766	12,833	151,107	820,653	22
18	PaM703	9,983	11,252	9	19,824	572	28	99,909	81,740	12,880	152,392	827,365	18
19	PaM704	9,797	11,307	11	19,879	584	34	98,180	80,284	12,928	151,257	807,518	25
20	PaM705	9,850	11,385	8	19,600	561	24	99,678	80,978	12,825	151,919	823,516	21
21	PaM706	9,982	11,241	8	19,730	548	29	99,509	81,353	12,956	152,178	814,710	22
22	PaM707	10,140	11,455	9	19,939	599	27	100,736	82,436	13,100	152,981	826,987	18
23	PaM708	10,062	11,197	8	19,874	583	24	101,006	81,112	12,997	152,142	823,011	19
24	PaM709	10,114	11,348	8	19,674	577	25	103,487	82,802	13,240	153,912	832,403	21
25	PaM710	9,993	11,183	10	19,852	599	29	100,837	81,626	13,023	151,876	817,828	24
26	PaM711	10,056	11,377	9	20,193	604	34	103,421	83,269	13,211	154,501	834,668	18
27	PaM712	10,149	11,559	11	19,946	595	30	102,663	83,130	13,236	154,082	828,564	24
28	PaM713	9,994	11,365	10	19,698	569	27	100,111	81,147	13,094	152,051	811,396	20
29	PaM714	9,973	11,286	8	19,783	581	29	100,037	81,183	12,944	151,730	818,825	21
30	PaM715	10,117	11,324	9	19,585	602	27	103,154	82,655	13,086	153,823	830,270	26

Ek-35 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen kısa InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	frameshift mnv	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	nonframeshift mnv	nonsynonymous	synonymous	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PaF701	3,954	4,140	5	1,598	1,375	8,464	60	28	288	56	0
2	PaF702	3,869	4,116	8	1,612	1,363	8,311	54	26	292	54	0
3	PaF703	3,398	4,012	4	1,421	1,223	7,313	47	18	259	49	0
4	PaF704	4,060	4,198	7	1,640	1,371	8,690	58	26	330	53	3
5	PaF705	4,024	4,168	8	1,631	1,368	8,451	54	20	318	54	3
6	PaF706	3,947	4,148	6	1,557	1,354	8,462	63	26	292	54	0
7	PaF707	4,008	4,288	6	1,582	1,366	8,641	66	26	325	48	6
8	PaF708	3,930	4,157	7	1,600	1,363	8,324	64	31	278	53	3
9	PaF709	3,813	4,077	7	1,564	1,400	8,328	70	29	296	53	6
10	PaF710	3,835	4,118	10	1,569	1,366	8,225	65	25	294	57	3
11	PaF711	3,990	4,094	8	1,583	1,354	8,454	58	34	309	50	3
12	PaF712	3,771	4,028	6	1,510	1,382	8,172	60	19	290	53	0
13	PaF713	4,015	4,159	7	1,581	1,355	8,539	75	23	311	49	3
14	PaF714	3,986	4,140	8	1,592	1,299	8,371	72	30	303	54	3
15	PaF715	4,057	4,117	7	1,548	1,384	8,605	63	25	335	52	3
16	PaM701	3,891	4,090	6	1,561	1,332	8,488	57	26	283	56	0
17	PaM702	3,884	4,089	6	1,541	1,376	8,477	66	24	297	51	0
18	PaM703	3,942	4,092	9	1,610	1,358	8,435	58	19	280	49	0
19	PaM704	3,950	4,133	8	1,556	1,391	8,428	64	30	304	48	3
20	PaM705	3,926	4,023	7	1,589	1,365	8,282	51	27	306	48	0
21	PaM706	3,865	4,171	10	1,534	1,373	8,404	46	29	276	50	0
22	PaM707	3,979	4,106	9	1,598	1,367	8,487	49	27	287	56	0
23	PaM708	3,958	4,091	7	1,665	1,313	8,436	64	20	294	50	0
24	PaM709	3,933	4,104	10	1,559	1,372	8,310	59	16	281	55	0
25	PaM710	3,941	4,125	6	1,575	1,337	8,499	52	22	275	48	0
26	PaM711	3,951	4,147	6	1,646	1,382	8,642	69	23	307	53	3
27	PaM712	3,920	4,195	4	1,578	1,408	8,429	49	37	309	46	3
28	PaM713	3,962	4,137	7	1,581	1,340	8,257	58	27	301	53	6
29	PaM714	3,920	4,124	7	1,578	1,358	8,390	60	25	297	52	2
30	PaM715	3,871	4,091	9	1,562	1,377	8,261	52	35	300	53	3

Ek-36 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen uzun InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	diğer
1	PaF701	81	149	388	30	670	757	93	2,304	5,683	1
2	PaF702	91	152	360	21	616	701	89	2,154	5,047	3
3	PaF703	72	134	337	28	582	637	90	2,064	4,638	2
4	PaF704	73	145	366	31	657	759	98	2,285	5,440	2
5	PaF705	88	148	385	29	645	732	93	2,292	5,418	1
6	PaF706	87	130	366	27	618	698	86	2,262	4,968	2
7	PaF707	87	152	378	27	648	737	110	2,282	5,547	1
8	PaF708	83	143	351	21	655	691	110	2,327	5,098	2
9	PaF709	85	150	314	18	646	661	83	2,122	5,073	2
10	PaF710	84	152	374	24	630	706	79	2,207	5,325	1
11	PaF711	81	127	339	14	499	623	78	1,920	4,497	0
12	PaF712	83	128	363	18	630	708	97	2,193	5,183	1
13	PaF713	66	141	380	17	522	626	80	2,067	4,582	2
14	PaF714	89	141	348	22	650	689	97	2,244	5,059	2
15	PaF715	73	153	354	27	634	681	85	2,188	5,303	1
16	PaM701	80	142	317	25	603	652	102	2,110	5,303	2
17	PaM702	81	160	336	23	627	721	91	2,191	5,181	3
18	PaM703	70	152	347	21	619	634	91	2,157	5,107	2
19	PaM704	81	151	352	22	586	675	91	2,253	5,026	3
20	PaM705	70	151	373	20	674	665	104	2,292	5,348	2
21	PaM706	83	140	352	28	596	657	94	2,125	4,938	1
22	PaM707	95	161	366	32	693	747	107	2,269	5,401	2
23	PaM708	82	160	350	26	643	690	93	2,189	5,071	2
24	PaM709	82	155	348	28	704	717	127	2,304	5,426	2
25	PaM710	84	144	373	19	661	694	98	2,283	5,129	2
26	PaM711	89	159	362	22	685	710	92	2,249	5,454	1
27	PaM712	90	149	343	26	648	757	91	2,343	5,372	2
28	PaM713	79	144	330	28	605	705	86	2,241	4,989	0
29	PaM714	82	147	355	24	630	694	94	2,211	5,165	2
30	PaM715	99	137	380	21	643	752	90	2,431	5,436	2

Ek-37 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen uzun InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PaF701	118	46	97	86	41	0	0
2	PaF702	111	40	88	83	37	1	0
3	PaF703	104	37	77	79	37	1	2
4	PaF704	114	30	95	79	46	0	2
5	PaF705	110	35	98	98	42	1	0
6	PaF706	103	33	93	89	44	1	6
7	PaF707	104	39	105	87	42	0	2
8	PaF708	100	28	98	79	46	0	0
9	PaF709	93	32	77	77	33	2	0
10	PaF710	109	34	99	88	42	1	2
11	PaF711	86	33	96	79	44	0	2
12	PaF712	102	34	89	86	49	2	2
13	PaF713	115	36	88	98	41	1	2
14	PaF714	85	37	93	91	41	1	0
15	PaF715	106	28	91	90	39	0	0
16	PaM701	103	30	79	70	35	0	0
17	PaM702	104	33	73	87	37	2	0
18	PaM703	108	23	93	82	39	2	0
19	PaM704	98	31	83	94	45	0	2
20	PaM705	109	39	85	98	41	1	0
21	PaM706	101	37	85	77	49	1	4
22	PaM707	101	40	88	91	44	1	0
23	PaM708	112	34	79	83	41	0	2
24	PaM709	97	38	80	90	42	1	0
25	PaM710	105	37	89	96	45	1	0
26	PaM711	111	27	100	82	40	1	0
27	PaM712	88	38	86	89	40	1	0
28	PaM713	92	29	93	68	40	0	6
29	PaM714	103	34	89	86	42	1	1
30	PaM715	104	42	83	102	46	2	0

Ek-38 *P. atlantica* türünde Siirt referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen SV'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik
1	PaF701	83	121	204	12	603	638	85	1,914	4,364
2	PaF702	67	115	191	14	589	570	73	1,789	4,070
3	PaF703	55	85	206	10	504	510	62	1,618	3,614
4	PaF704	74	99	213	14	600	587	85	1,875	4,306
5	PaF705	59	109	207	10	576	628	84	1,861	4,184
6	PaF706	68	108	212	8	564	570	75	1,778	4,076
7	PaF707	68	119	207	10	612	584	80	1,963	4,458
8	PaF708	73	111	215	12	575	591	91	1,801	4,004
9	PaF709	59	99	188	7	558	547	76	1,808	4,142
10	PaF710	74	122	190	12	596	588	82	1,888	4,108
11	PaF711	63	105	207	12	445	461	68	1,672	3,599
12	PaF712	65	102	194	14	585	563	71	1,733	4,176
13	PaF713	67	108	187	11	461	504	62	1,640	3,560
14	PaF714	65	123	199	13	526	575	62	1,866	4,066
15	PaF715	78	95	192	7	537	591	83	1,856	4,181
16	PaM701	59	106	210	5	553	561	80	1,795	4,256
17	PaM702	60	94	211	11	531	549	79	1,772	4,088
18	PaM703	71	97	188	12	568	543	68	1,827	4,001
19	PaM704	57	101	185	10	552	561	72	1,810	3,984
20	PaM705	83	109	205	11	570	612	76	1,800	4,101
21	PaM706	64	99	206	15	539	554	59	1,756	3,898
22	PaM707	74	105	214	11	558	636	88	1,885	4,348
23	PaM708	66	86	215	9	603	577	64	1,833	4,161
24	PaM709	72	104	220	10	595	629	76	1,869	4,347
25	PaM710	75	114	197	16	546	593	73	1,868	4,179
26	PaM711	75	103	206	10	579	605	86	1,918	4,283
27	PaM712	64	104	221	12	588	618	79	1,860	4,230
28	PaM713	69	99	188	9	560	542	74	1,756	3,916
29	PaM714	68	105	203	11	560	575	75	1,815	4,096
30	PaM715	64	100	204	10	617	583	71	1,843	4,130

Ek-39 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen SNP'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	diğer
1	PaF701	642	646	264,867	1,246	28	369,533	337,063	42,972	633,342	3,834,740	20
2	PaF702	608	615	263,591	1,234	23	361,855	332,081	42,171	624,213	3,798,079	19
3	PaF703	509	465	214,305	947	19	291,569	267,699	34,634	515,441	3,016,835	23
4	PaF704	657	590	268,286	1,250	26	372,341	338,497	42,548	640,048	3,831,208	16
5	PaF705	662	567	266,794	1,246	23	370,510	340,139	43,088	637,394	3,888,024	19
6	PaF706	688	580	263,025	1,256	25	367,337	335,491	42,343	629,625	3,832,175	21
7	PaF707	650	628	268,140	1,231	22	372,714	339,373	43,366	636,455	3,865,520	22
8	PaF708	630	598	264,522	1,266	20	367,094	335,890	42,759	628,902	3,803,468	19
9	PaF709	624	565	266,164	1,231	22	365,759	334,733	42,247	626,336	3,821,114	22
10	PaF710	712	563	263,214	1,224	19	365,551	333,845	42,112	628,269	3,796,873	28
11	PaF711	670	573	266,281	1,193	25	340,830	316,375	39,687	601,393	3,735,307	29
12	PaF712	670	546	263,486	1,215	17	359,882	331,635	41,900	625,568	3,775,309	25
13	PaF713	697	576	266,934	1,217	23	345,733	322,126	40,394	615,513	3,727,027	18
14	PaF714	690	554	265,161	1,215	20	363,510	332,926	42,169	630,074	3,790,169	17
15	PaF715	627	574	266,957	1,247	22	365,474	335,130	42,110	627,732	3,842,965	18
16	PaM701	632	576	262,251	1,264	25	362,257	331,564	41,809	623,786	3,865,060	18
17	PaM702	627	588	262,088	1,197	23	360,007	328,986	41,881	622,220	3,774,269	19
18	PaM703	578	605	264,132	1,236	21	362,449	334,225	42,450	627,238	3,862,170	16
19	PaM704	663	568	266,005	1,214	23	359,865	330,449	42,173	624,239	3,774,764	15
20	PaM705	690	587	262,613	1,252	18	361,644	331,296	42,082	624,097	3,769,756	21
21	PaM706	650	613	263,880	1,213	22	361,562	332,683	42,365	622,720	3,758,248	24
22	PaM707	730	625	267,392	1,259	23	367,623	337,283	42,780	637,018	3,856,665	24
23	PaM708	636	483	262,086	1,221	23	362,664	330,730	42,492	619,602	3,821,338	15
24	PaM709	665	589	264,742	1,237	21	369,655	336,574	43,068	628,759	3,803,212	25
25	PaM710	600	553	260,927	1,204	26	359,976	330,267	42,139	622,580	3,715,790	24
26	PaM711	648	628	265,693	1,204	24	368,667	336,530	42,607	625,498	3,846,390	21
27	PaM712	655	596	268,748	1,236	24	371,277	338,311	42,958	643,544	3,864,056	17
28	PaM713	562	623	262,879	1,201	22	360,992	331,903	41,679	620,979	3,759,623	23
29	PaM714	645	581	263,042	1,220	22	361,012	330,850	41,964	622,949	3,779,648	20
30	PaM715	675	573	264,278	1,224	26	370,426	336,955	42,591	635,590	3,848,331	18

Ek-40 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen SNP'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	nonsynonymous SNP	synonymous SNP	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PaF701	149,845	109,381	3,546	770	1,353
2	PaF702	148,984	109,106	3,419	784	1,321
3	PaF703	119,272	90,838	2,591	610	1,013
4	PaF704	152,062	110,577	3,542	802	1,329
5	PaF705	150,500	110,575	3,473	809	1,460
6	PaF706	148,427	109,154	3,423	805	1,241
7	PaF707	151,514	111,145	3,386	785	1,332
8	PaF708	149,369	109,697	3,356	769	1,351
9	PaF709	150,732	109,826	3,439	795	1,394
10	PaF710	149,070	108,733	3,451	781	1,198
11	PaF711	150,895	109,853	3,452	803	1,303
12	PaF712	149,153	108,963	3,449	761	1,177
13	PaF713	150,992	110,410	3,463	766	1,326
14	PaF714	149,410	110,166	3,352	794	1,459
15	PaF715	151,355	110,321	3,375	773	1,155
16	PaM701	148,458	108,169	3,469	782	1,398
17	PaM702	148,191	108,285	3,442	783	1,410
18	PaM703	149,338	109,291	3,435	806	1,283
19	PaM704	150,449	110,139	3,441	766	1,233
20	PaM705	148,746	108,548	3,416	794	1,127
21	PaM706	149,422	109,055	3,388	781	1,256
22	PaM707	151,149	110,793	3,423	796	1,254
23	PaM708	148,144	108,460	3,445	761	1,299
24	PaM709	149,701	109,580	3,383	794	1,305
25	PaM710	147,588	107,953	3,438	775	1,199
26	PaM711	150,124	110,043	3,351	790	1,409
27	PaM712	151,958	111,184	3,444	783	1,403
28	PaM713	148,522	108,956	3,382	788	1,253
29	PaM714	148,692	108,900	3,399	779	1,294
30	PaM715	148,949	109,789	3,455	789	1,322

Ek-41 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen kısa InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	diğer
1	PaF701	106	71	23,990	446	20	95,548	80,986	11,244	140,433	661,390	7
2	PaF702	101	62	23,841	415	19	93,530	79,482	10,953	137,664	650,981	2
3	PaF703	93	44	19,947	417	10	80,327	68,481	9,602	121,179	570,259	5
4	PaF704	116	60	24,630	425	19	96,437	81,474	11,219	141,087	662,640	4
5	PaF705	94	58	24,228	429	19	95,876	82,103	11,266	140,758	666,720	4
6	PaF706	100	63	23,596	457	18	95,338	80,708	11,083	138,383	658,940	6
7	PaF707	99	61	24,548	440	9	97,294	82,119	11,522	140,924	670,779	5
8	PaF708	99	59	24,083	421	14	95,994	81,079	11,264	139,100	655,357	5
9	PaF709	106	62	24,192	425	16	94,806	80,485	11,116	137,579	655,764	5
10	PaF710	114	52	23,669	422	11	94,652	80,397	10,860	138,508	652,104	6
11	PaF711	102	66	24,232	421	16	85,784	74,519	10,113	130,284	619,095	5
12	PaF712	114	47	23,901	435	15	93,102	79,496	10,880	137,622	646,336	2
13	PaF713	106	62	24,315	428	19	87,230	76,148	10,335	133,692	619,267	4
14	PaF714	98	59	23,934	444	22	93,842	80,025	10,978	138,849	651,599	3
15	PaF715	95	59	24,258	439	20	94,451	80,699	10,976	138,233	661,473	4
16	PaM701	103	56	23,695	411	17	93,533	78,934	11,150	137,405	663,819	6
17	PaM702	107	67	23,789	436	18	93,143	79,197	10,820	137,231	648,838	5
18	PaM703	111	57	23,795	435	19	93,041	80,026	10,998	137,537	658,578	3
19	PaM704	98	38	24,470	456	22	92,739	79,088	10,957	137,405	642,394	3
20	PaM705	107	61	23,725	403	22	93,644	79,357	11,072	137,584	649,585	5
21	PaM706	105	55	23,929	445	13	93,062	79,362	11,127	137,091	642,830	6
22	PaM707	119	71	24,343	426	18	94,837	80,815	11,405	139,733	659,792	4
23	PaM708	98	53	23,581	404	17	93,699	79,442	11,016	137,065	655,527	6
24	PaM709	101	53	23,974	428	11	96,190	81,174	11,220	139,989	662,143	5
25	PaM710	107	54	23,587	416	24	94,131	79,925	11,090	137,448	644,478	5
26	PaM711	92	73	24,145	447	19	95,687	80,950	11,234	139,027	663,198	6
27	PaM712	100	45	24,622	437	15	96,505	81,335	11,240	141,536	665,899	5
28	PaM713	93	75	23,842	411	18	93,437	79,625	10,958	136,473	645,108	3
29	PaM714	103	59	23,888	429	17	93,495	79,551	10,989	137,494	650,175	6
30	PaM715	96	55	23,695	446	19	96,757	81,312	11,181	140,209	662,471	5

Ek-42 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen kısa InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	frameshift mnv	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	nonframeshift mnv	nonsynonymous	synonymous	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PaF701	5,944	5,412	10	1,454	1,370	9,166	52	20	268	126	187
2	PaF702	5,955	5,396	13	1,468	1,320	9,054	66	18	259	110	201
3	PaF703	5,136	5,382	6	1,097	1,106	6,717	34	13	232	106	128
4	PaF704	6,077	5,527	9	1,544	1,393	9,444	64	28	274	117	172
5	PaF705	5,970	5,525	12	1,488	1,353	9,211	68	18	270	117	215
6	PaF706	5,920	5,293	11	1,469	1,358	8,941	56	17	256	118	175
7	PaF707	6,000	5,522	11	1,487	1,384	9,477	65	20	278	114	198
8	PaF708	5,919	5,389	12	1,496	1,320	9,317	59	21	240	106	217
9	PaF709	5,938	5,430	11	1,499	1,357	9,296	66	15	262	115	218
10	PaF710	5,922	5,383	9	1,450	1,334	8,951	64	18	263	116	170
11	PaF711	6,005	5,430	11	1,473	1,366	9,337	56	23	252	120	175
12	PaF712	5,980	5,332	11	1,411	1,367	9,200	60	21	276	114	144
13	PaF713	6,013	5,410	12	1,482	1,372	9,400	68	16	271	122	168
14	PaF714	5,927	5,403	11	1,513	1,346	9,051	70	28	279	106	222
15	PaF715	6,002	5,425	8	1,473	1,387	9,349	68	31	268	120	147
16	PaM701	5,860	5,300	13	1,492	1,316	9,122	47	17	250	116	178
17	PaM702	5,751	5,298	13	1,442	1,332	9,326	60	21	258	97	209
18	PaM703	5,935	5,296	15	1,448	1,362	9,129	70	14	263	111	171
19	PaM704	5,934	5,492	14	1,494	1,369	9,526	63	23	278	109	189
20	PaM705	5,883	5,361	11	1,412	1,375	9,079	59	15	275	116	161
21	PaM706	6,004	5,448	12	1,454	1,325	9,085	69	20	258	111	156
22	PaM707	6,086	5,396	11	1,526	1,365	9,324	53	25	276	120	178
23	PaM708	5,847	5,260	16	1,479	1,357	8,992	58	18	264	108	199
24	PaM709	5,889	5,478	12	1,475	1,324	9,164	62	14	281	112	173
25	PaM710	5,860	5,304	9	1,461	1,370	9,006	61	24	256	112	148
26	PaM711	5,925	5,369	8	1,516	1,343	9,348	63	24	264	122	181
27	PaM712	6,019	5,552	16	1,512	1,393	9,460	56	21	274	123	211
28	PaM713	5,818	5,364	9	1,489	1,376	9,153	57	17	285	121	171
29	PaM714	5,911	5,399	11	1,464	1,348	9,129	61	20	265	114	181
30	PaM715	5,872	5,356	13	1,486	1,351	9,023	58	19	251	116	169

Ek-43 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen uzun InDel'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	ekzonik;splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik	diğer
1	PaF701	1	2	369	13	0	885	963	99	2,158	6,166	0
2	PaF702	2	2	401	10	0	804	877	97	1,979	5,628	0
3	PaF703	2	2	283	13	0	613	791	87	1,789	4,175	0
4	PaF704	0	2	370	12	0	843	968	104	2,079	5,899	0
5	PaF705	1	2	342	12	0	899	960	104	2,042	5,919	0
6	PaF706	2	1	378	7	0	826	900	89	2,022	5,485	0
7	PaF707	2	2	366	10	0	868	943	108	2,101	5,942	0
8	PaF708	1	1	352	9	0	833	943	101	2,092	5,647	0
9	PaF709	3	2	372	13	0	824	857	93	2,009	5,671	0
10	PaF710	1	1	377	9	0	829	896	97	2,079	5,533	0
11	PaF711	6	1	351	7	0	690	780	73	1,767	5,035	0
12	PaF712	0	1	378	10	0	828	893	91	2,050	5,587	0
13	PaF713	3	3	355	7	0	716	816	82	1,852	4,992	0
14	PaF714	2	1	366	6	0	857	935	91	2,025	5,675	0
15	PaF715	2	1	360	10	0	816	926	80	2,057	5,635	0
16	PaM701	4	1	364	11	0	806	876	97	1,907	5,646	0
17	PaM702	2	0	363	7	0	790	852	82	2,077	5,588	0
18	PaM703	3	1	360	8	0	781	885	95	1,966	5,517	0
19	PaM704	1	1	399	8	0	815	908	89	2,033	5,358	0
20	PaM705	2	0	360	13	0	870	902	104	2,075	5,790	0
21	PaM706	2	2	343	9	0	806	907	95	1,999	5,420	0
22	PaM707	1	0	397	9	0	851	917	110	2,138	5,890	0
23	PaM708	4	2	386	7	0	897	914	90	2,033	5,598	0
24	PaM709	2	3	366	15	0	869	907	110	2,044	5,701	0
25	PaM710	4	2	404	13	0	835	915	99	2,057	5,608	0
26	PaM711	1	3	386	11	0	907	960	84	2,068	5,906	0
27	PaM712	3	1	363	10	1	834	974	104	2,110	5,705	1
28	PaM713	3	2	367	8	0	808	919	86	1,991	5,494	0
29	PaM714	2	2	367	10	0	821	903	94	2,021	5,579	1
30	PaM715	2	0	369	10	0	906	921	104	2,185	5,782	0

Ek-44 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen uzun InDel'lerin ekzon bölgelerindeki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	frameshift deletion	frameshift insertion	nonframeshift deletion	nonframeshift insertion	stopgain	stoploss	bilinmeyen
1	PaF701	90	52	97	90	36	0	5
2	PaF702	107	39	106	95	49	2	6
3	PaF703	66	46	50	80	38	0	4
4	PaF704	92	40	101	84	51	1	1
5	PaF705	88	39	86	89	38	0	1
6	PaF706	100	39	98	96	42	1	3
7	PaF707	93	42	90	93	48	0	0
8	PaF708	100	38	92	83	35	2	3
9	PaF709	88	43	99	96	42	0	6
10	PaF710	93	47	100	92	44	0	2
11	PaF711	81	42	85	100	41	0	3
12	PaF712	95	45	99	90	46	1	4
13	PaF713	99	36	84	81	47	1	6
14	PaF714	92	43	97	90	38	2	5
15	PaF715	86	36	99	95	41	1	3
16	PaM701	92	43	99	84	40	2	7
17	PaM702	85	34	104	92	47	0	2
18	PaM703	93	45	83	97	37	1	6
19	PaM704	105	50	94	106	41	2	2
20	PaM705	92	38	92	87	46	1	5
21	PaM706	85	35	110	81	30	1	2
22	PaM707	109	37	115	94	40	1	0
23	PaM708	94	47	92	104	46	1	3
24	PaM709	96	37	101	88	39	0	7
25	PaM710	104	48	92	105	51	1	4
26	PaM711	97	43	99	93	50	1	3
27	PaM712	80	44	85	107	45	0	4
28	PaM713	82	39	96	96	48	2	4
29	PaM714	92	42	94	92	43	1	4
30	PaM715	88	52	87	92	46	2	4

Ek-45 *P. atlantica* türünde Bağyolu referans çeşidi genomu kullanılarak Windows ortamında elde edilen SV'lerin genomdaki anotasyon sonuçları

No	Genotip Kodu	UTR5	UTR3	ekzonik	splicing	upstream	downstream	upstream;downstream	intronic	intergenik
1	PaF701	0	1	214	5	734	813	81	1,593	4,579
2	PaF702	1	1	225	5	711	695	86	1,541	4,256
3	PaF703	0	0	154	3	540	601	85	1,293	3,072
4	PaF704	0	1	231	6	738	795	91	1,652	4,424
5	PaF705	0	0	219	4	711	747	86	1,652	4,425
6	PaF706	0	1	211	2	688	715	88	1,479	4,228
7	PaF707	2	1	221	9	768	790	90	1,621	4,551
8	PaF708	1	2	184	3	684	755	83	1,519	4,185
9	PaF709	0	0	202	9	703	737	82	1,550	4,260
10	PaF710	0	2	219	3	718	757	85	1,635	4,339
11	PaF711	0	2	223	5	562	629	65	1,359	3,622
12	PaF712	0	0	208	6	705	720	77	1,496	4,279
13	PaF713	0	0	211	3	593	617	69	1,435	3,689
14	PaF714	0	0	201	7	703	722	74	1,586	4,222
15	PaF715	0	0	209	5	689	752	86	1,560	4,311
16	PaM701	0	0	194	4	678	715	69	1,504	4,492
17	PaM702	0	1	205	7	697	723	83	1,586	4,237
18	PaM703	0	1	209	6	717	734	70	1,537	4,349
19	PaM704	0	2	197	4	673	766	92	1,515	3,987
20	PaM705	0	2	221	2	715	790	84	1,551	4,326
21	PaM706	0	0	187	0	660	741	73	1,463	4,112
22	PaM707	0	0	242	4	748	799	96	1,572	4,494
23	PaM708	0	1	208	4	707	725	89	1,560	4,221
24	PaM709	0	1	215	4	743	764	102	1,595	4,439
25	PaM710	0	1	223	5	693	703	80	1,489	4,324
26	PaM711	0	1	217	6	765	776	93	1,640	4,501
27	PaM712	0	1	216	8	729	772	90	1,631	4,358
28	PaM713	0	1	209	5	693	725	86	1,500	4,041
29	PaM714	0	1	210	5	695	735	83	1,540	4,226
30	PaM715	0	4	217	5	753	793	93	1,579	4,308

Ek-46. *P. atlantica* genomuna hizalanan okuma oranları

Kod	Toplam Okuma	Hizalanan Okuma	Hizalama Oranı (%)	Haritalama Skoru Yüksek (MQ20 >= 20) Hizalanan Okuma	Haritalama Skoru Yüksek (MQ20 >= 20) Hizalanan Okuma Oranı (%)
PaF706	107,563,838	105,752,489	98.30	88,097,766	81.90
PaF705	104,675,526	103,885,701	99.20	87,444,901	83.50
PaF704	109,978,744	108,871,039	99.00	90,999,597	82.70
PaF703	103,097,386	101,425,935	98.40	83,813,103	81.30
PaF702	106,283,944	104,738,618	98.50	87,346,556	82.20
PaF701	113,192,050	111,593,041	98.60	93,643,745	82.70
PaF712	104,321,500	103,228,368	99.00	85,942,689	82.40
PaF711	109,776,974	108,449,040	98.80	88,825,453	80.90
PaF710	108,988,240	107,804,827	98.90	90,362,630	82.90
PaF709	111,216,078	110,006,146	98.90	90,740,641	81.60
PaF708	106,680,996	105,316,099	98.70	87,191,011	81.70
PaF707	110,664,614	109,459,403	98.90	91,701,204	82.90
PaF714	105,793,126	104,645,294	98.90	87,141,090	82.40
PaF713	103,579,382	102,433,111	98.90	84,415,066	81.50
PaF715	111,123,212	109,943,091	98.90	90,748,846	81.70
PaM702	107,358,148	105,746,617	98.50	87,935,581	81.90
PaM701	106,119,256	104,767,147	98.70	86,355,944	81.40
PaM703	104,956,330	103,343,820	98.50	86,596,578	82.50
PaM704	106,924,868	105,814,177	99.00	88,104,633	82.40
PaM705	106,905,228	105,408,191	98.60	87,832,014	82.20
PaM706	107,716,098	105,846,036	98.30	88,578,463	82.20
PaM707	111,265,318	109,769,505	98.70	92,396,333	83.00
PaM708	108,866,200	106,999,924	98.30	89,302,382	82.00
PaM709	112,108,444	110,546,661	98.60	92,443,734	82.50
PaM710	104,320,658	102,814,268	98.60	85,638,946	82.10
PaM711	109,613,880	108,462,945	99.00	90,550,381	82.60
PaM712	112,595,262	111,284,389	98.80	92,782,216	82.40
PaM713	105,832,756	104,535,037	98.80	86,094,590	81.30
PaM14	107,750,050	106,403,879	98.80	89,034,227	82.60
PaM715	110,921,796	109,666,503	98.90	91,681,356	82.70

Ek-47. Dişi Spesifik Lokuslar ve İlişkili Genler

Kromozom	Bölge Başlangıç Pozisyonu	Bölge Bitiş Pozisyonu	Dişi Okuma Oranı	Erkek Okuma Oranı	Gen Kodu	Protein ID	Protein Ad	Protein Açıklaması
Pa_chr14.2	5976000	5978000	0,96	0,04	-	-	-	-
Pa_chr14.2	5982000	5984000	0,91	0,09	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6074000	6076000	0,92	0,08	Patl1_35450	KAJ0076888.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	6124000	6126000	0,98	0,02	Patl1_35452	KAJ0076887.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	6126000	6128000	0,91	0,09	Patl1_35453	KAJ0076886.1	hypothetical protein	cys-based protein tyrosine phosphatase and dual-specificity phosphatase superfamily; cl28904
Pa_chr14.2	6856000	6858000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6866000	6868000	0,91	0,09	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6876000	6878000	0,92	0,08	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6882000	6884000	0,92	0,08	Patl1_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	6884000	6886000	0,96	0,04	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6886000	6888000	0,99	0,01	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6888000	6890000	0,99	0,01	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6890000	6892000	0,96	0,04	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6892000	6894000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6894000	6896000	0,96	0,04	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6904000	6906000	0,97	0,03	-	-	-	-
Pa_chr14.2	6910000	6912000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21390000	21392000	0,95	0,05	Patl1_35942	KAJ0076506.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	21392000	21394000	0,90	0,10	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21406000	21408000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21408000	21410000	0,95	0,05	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21422000	21424000	0,91	0,09	Patl1_35947	KAJ0076509.1	hypothetical protein	MADS; MCM1, Agamous, Deficiens, and SRF box family of eukaryotic transcriptonal 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	21424000	21426000	0,93	0,07	Patl1_35947	KAJ0076509.1	hypothetical protein	MADS; MCM1, Agamous, Deficiens, and SRF box family of eukaryotic transcriptonal 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	21426000	21428000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21428000	21430000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21464000	21466000	0,91	0,09	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21474000	21476000	0,91	0,09	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21492000	21494000	0,91	0,09	Patl1_35951	KAJ0077330.1	hypothetical protein	cys-based protein tyrosine phosphatase and dual-specificity phosphatase superfamily; cl28904
Pa_chr14.2	21504000	21506000	0,91	0,09	Patl1_35955	KAJ0077326.1	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	21528000	21530000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21534000	21536000	0,92	0,08	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21536000	21538000	0,96	0,04	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21538000	21540000	0,92	0,08	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21544000	21546000	0,95	0,05	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21546000	21548000	0,94	0,06	Patl1_35959	KAJ0077322.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	21562000	21564000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21564000	21566000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21570000	21572000	0,91	0,09	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21754000	21756000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21758000	21760000	0,98	0,02	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21774000	21776000	0,96	0,04	Patl1_35964	KAJ0077456.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	21792000	21794000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21794000	21796000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21814000	21816000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21816000	21818000	0,94	0,06	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21844000	21846000	0,91	0,09	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21850000	21852000	0,91	0,09	-	-	-	-

Pa_chr14.2	21852000	21854000	0,92	0,08	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21854000	21856000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21856000	21858000	0,92	0,08	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21858000	21860000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21860000	21862000	0,91	0,09	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21876000	21878000	0,93	0,07	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21878000	21880000	0,94	0,06	Patl1_35968	KAJ0077461.1	hypothetical protein	MADS; MCM1, Agamous, Deficiens, and SRF box family of eukaryotic transcriptonal 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	21882000	21884000	0,99	0,01	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21886000	21888000	0,94	0,06	Patl1_35969	KAJ0077460.1	hypothetical protein	cys-based protein tyrosine phosphatase and dual-specificity phosphatase superfamily; cl28904
Pa_chr14.2	21888000	21890000	0,91	0,09	Patl1_35969	KAJ0077460.1	hypothetical protein	cys-based protein tyrosine phosphatase and dual-specificity phosphatase superfamily; cl28904
Pa_chr14.2	21890000	21892000	0,92	0,08	-	-	-	-
Pa_chr14.2	21892000	21894000	0,91	0,09	Patl1_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	0,92	0,08	Patl1_35971	KAJ0076881.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	21896000	21898000	0,91	0,09	Patl1_35971	KAJ0076881.1	hypothetical protein	-
Pa_chr14.2	22062000	22064000	0,90	0,10	Patl1_35979	KAJ0076956.1	hypothetical protein	Serine carboxypeptidase; cl08270
Pa_chr14.2	22110000	22112000	0,92	0,08	-	-	-	-
Pa_chr14.2	22232000	22234000	0,91	0,09	Patl1_35983	KAJ0077170.1	hypothetical protein	Plant-specific B3-DNA binding domain; cd10017
Pa_chr14.2	22284000	22286000	0,92	0,08	Patl1_35989	KAJ0077172.1	hypothetical protein	-

Ek-48. Go Anotasyon Sonuçları

Uzunluk	İşlem	Protein ID	Hit	E-Değeri	Ortalama Benzerlik Oranı	Eşleşen Go ID Sayısı	Go ID	Go Açıklamaları	Enzim Kodu	Enzim Adı
308	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077708.1	20	6,51E-217	91,44	4	P:GO:0000398; C:GO:0000974; C:GO:0071013; C:GO:0071014	P:mRNA splicing, via spliceosome; C:Prp19 complex; C:catalytic step 2 spliceosome; C:post-mRNA release spliceosomal complex		
280	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077713.1	20	2,25E-203	97,04	3	P:GO:0055085; F:GO:0015267; C:GO:0016020	P:transmembrane transport; F:channel activity; C:membrane		
107	BLASTED	KAJ0076888.1	6	7,81E-65	83,98					
40	BLASTED	KAJ0076887.1	20	9,37E-23	73,38					
139	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076886.1	20	1,76E-101	79,75	4	P:GO:0006629; P:GO:0016311; F:GO:0004721; F:GO:0052866	P:lipid metabolic process; P:dephosphorylation; F:phosphoprotein phosphatase activity; F:phosphatidylinositol phosphate phosphatase activity	EC:3.1.3	Acting on ester bonds
89	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076885.1	20	1,74E-55	81,22	5	P:GO:0006629; P:GO:0016311; F:GO:0004721; F:GO:0016314; C:GO:0005829	P:lipid metabolic process; P:dephosphorylation; F:phosphoprotein phosphatase activity; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase activity; C:cytosol	EC:3.1.3.67	Phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase
96	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077418.1	20	7,09E-56	86,13	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		
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								
329	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076508.1	20	2,34E-241	93,3	7	P:GO:0006629; P:GO:0016310; P:GO:0016311; F:GO:0004725; F:GO:0016301; F:GO:0016314; C:GO:0005829	P:lipid metabolic process; P:phosphorylation; P:dephosphorylation; F:protein tyrosine phosphatase activity; F:kinase activity; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase activity; C:cytosol	EC:3.1.3.48; EC:2.7; EC:3.1.3.67	Protein-tyrosine-phosphatase; Transferring phosphorus-containing groups; Phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase

112	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076507.1	20	1,42E-67	88,19	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		
143	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076510.1	20	2,38E-92	68,92	3	P:GO:0006357; F:GO:0000977; F:GO:0003700	P:regulation of transcription by RNA polymerase II; F:RNA polymerase II transcription regulatory region sequence-specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity		
119	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076509.1	20	5,41E-73	74,03	1	F:GO:0005488	F:binding		
81	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076503.1	20	2,52E-49	88,82	6	P:GO:0045944; F:GO:0000977; F:GO:0003700; F:GO:0046983; C:GO:0005634; C:GO:0016020	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; C:membrane		
55	BLASTED	KAJ0076502.1	1	1,85E-35	100					
72	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077329.1	20	8,38E-44	83,76	4	P:GO:0006629; P:GO:0016311; F:GO:0004721; F:GO:0052866	P:lipid metabolic process; P:dephosphorylation; F:phosphoprotein phosphatase activity; F:phosphatidylinositol phosphate phosphatase activity	EC:3.1.3	Acting on ester bonds
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		
39	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077457.1	20	8,51E-21	97,43	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
144	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077455.1	20	1,13E-95	74,07	1	F:GO:0005488	F:binding		
71	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0077454.1	20	7,54E-42	93,88	6	P:GO:0009908; P:GO:0045944; F:GO:0000978;	P:flower development; P:positive regulation of transcription by RNA polymerase II; F:RNA polymerase II cis-regulatory region sequence-		

							F:GO:0000981; F:GO:0046983; C:GO:0005634	specific DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity, RNA polymerase II-specific; F:protein dimerization activity; C:nucleus		
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		
200	BLASTED	KAJ0076954.1	20	5,12E-142	66,55					
151	BLASTED	KAJ0076948.1	20	5,29E-102	92,66					
145	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076950.1	20	1,09E-98	80,21	1	C:GO:0005730	C:nucleolus		
300	BLASTED, MAPPED, ANNOTATED	KAJ0076951.1	20	6,84E-224	80,66	2	P:GO:0005975; F:GO:0004650	P:carbohydrate metabolic process; F:polygalacturonase activity	EC:3.2.1.15	Endo-polygalacturonase
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)
215	BLASTED	KAJ0077168.1	20	2,22E-148	89,94					
144	BLASTED	KAJ0077171.1	20	3,51E-99	91,75					
168	BLASTED	KAJ0077170.1	20	1,79E-124	74,17					
333	BLASTED, MAPPED	KAJ0077165.1	20	2,37E-123	67,65	2	F:GO:0003677; C:GO:0005634	F:DNA binding; C:nucleus		
58	BLASTED	KAJ0077172.1	1	4,72E-30	96,55					

Ek-49. InterPro Anotasyon Sonuçları

Uzunluk	Protein ID	InterPro ID	InterPro GO ID	Interpro Go Adı
308	KAJ0077708.1	IPR013260 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); IPR013260 (PANTHER)	C:GO:0000974; C:GO:0005622; C:GO:0005634; C:GO:0005681; C:GO:0005682; C:GO:0016020; C:GO:0030532; C:GO:0032991; C:GO:0043226; C:GO:0043227; C:GO:0043229; C:GO:0043231; C:GO:0071013; C:GO:0071014; C:GO:0097525; C:GO:0110165; C:GO:0120114; C:GO:0140513; C:GO:1902494; C:GO:1990904	C:Prp19 complex; C:intracellular anatomical structure; C:nucleus; C:spliceosomal complex; C:U5 snRNP; C:membrane; C:small nuclear ribonucleoprotein complex; C:protein-containing complex; C:organelle; C:membrane-bounded organelle; C:intracellular organelle; C:intracellular membrane-bounded organelle; C:catalytic step 2 spliceosome; C:post-mRNA release spliceosomal complex; C:spliceosomal snRNP complex; C:cellular anatomical entity; C:Sm-like protein family complex; C:nuclear protein-containing complex; C:catalytic complex; C:ribonucleoprotein complex
280	KAJ0077713.1	IPR000425 (PRINTS); G3DSA:1.20.1080.10:FF:000001 (FUNFAM); IPR000425 (NCBIFAM); IPR000425 (PFAM); IPR034294 (PANTHER); IPR000425 (CDD); IPR023271 (SUPERFAMILY)	P:GO:0055085; F:GO:0005215; F:GO:0015267; F:GO:0015318; F:GO:0022803; F:GO:0022857; C:GO:0005886; C:GO:0016020; C:GO:0071944; C:GO:0110165	P:transmembrane transport; F:transporter activity; F:channel activity; F:inorganic molecular entity transmembrane transporter activity; F:passive transmembrane transporter activity; F:transmembrane transporter activity; C:plasma membrane; C:membrane; C:cell periphery; C:cellular anatomical entity
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:0006796; P:GO:0008152; P:GO:0009987; P:GO:0016311; P:GO:0044237; F:GO:0003824; F:GO:0016787; F:GO:0016788; F:GO:0016791; F:GO:0042578; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005829; 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
89	KAJ0076885.1	no IPS match	no IPS match	no IPS match
96	KAJ0077418.1	IPR002487 (PFAM); IPR002487 (PROSITE_PROFILES); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006355; F:GO:0003677; F:GO:0003700; F:GO:0046983; C:GO:0005634	P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:protein dimerization activity; C:nucleus

106	KAJ0077417.1	IPR002100 (PRINTS); IPR002100 (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR033896 (CDD); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006139; P:GO:0006351; P:GO:0006355; P:GO:0006357; P:GO:0006366; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009058; P:GO:0009059; P:GO:0009889; P:GO:0009987; P:GO:0010467; P:GO:0010468; P:GO:0010556; P:GO:0016070; P:GO:0018130; P:GO:0019219; P:GO:0019222; P:GO:0019438; P:GO:0031323; P:GO:0031326; P:GO:0032774; 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:0045944; P:GO:0046483; P:GO:0050789; P:GO:0050794; P:GO:0051171; P:GO:0051252; P:GO:0060255; P:GO:0065007; P:GO:0071704; P:GO:0080090; P:GO:0090304; P:GO:0097659; P:GO:1901360; P:GO:1901362; P:GO:1901576; P:GO:1903506; P:GO:2000112; P:GO:2001141; F:GO:0000976; F:GO:0000977; F:GO:0000978; F:GO:0000981; F:GO:0000987; F:GO:0001067; F:GO:0003676; F:GO:0003677; F:GO:0003690; F:GO:0003700; F:GO:0005488; F:GO:0043565; F:GO:0046983; F:GO:0097159; F:GO:0140110; F:GO:1901363; F:GO:1990837	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: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
329	KAJ0076508.1	G3DSA:3.90.190.10:FF:000053 (FUNFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR12305 (PANTHER); IPR029023 (PROSITE_PROFILES); IPR045101 (CDD); IPR029021 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006793; P:GO:0006796; P:GO:0008152; P:GO:0009987; P:GO:0016311; P:GO:0044237; F:GO:0003824; F:GO:0016787; F:GO:0016788; F:GO:0016791; F:GO:0042578; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005829; 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
112	KAJ0076507.1	IPR002487 (PFAM); 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

143	KAJ0076510.1	IPR002487 (PFAM); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR002487 (PROSITE_PROFILES); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006355; F:GO:0003677; F:GO:0003700; F:GO:0046983; C:GO:0005634	P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:protein dimerization activity; C:nucleus
119	KAJ0076509.1	IPR002100 (PRINTS); IPR002100 (PFAM); IPR002487 (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); IPR002487 (PROSITE_PROFILES); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006139; P:GO:0006351; P:GO:0006355; P:GO:0006357; P:GO:0006366; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009058; P:GO:0009059; P:GO:0009889; P:GO:0009987; P:GO:0010467; P:GO:0010468; P:GO:0010556; P:GO:0016070; P:GO:0018130; P:GO:0019219; P:GO:0019222; P:GO:0019438; P:GO:0031323; P:GO:0031326; P:GO:0032774; 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:0050789; P:GO:0050794; P:GO:0051171; P:GO:0051252; P:GO:0060255; P:GO:0065007; P:GO:0071704; P:GO:0080090; P:GO:0090304; P:GO:0097659; P:GO:1901360; P:GO:1901362; P:GO:1901576; P:GO:1903506; P:GO:2000112; P:GO:2001141; F:GO:0000976; F:GO:0000977; F:GO:0000978; F:GO:0000981; F:GO:0000987; F:GO:0001067; F:GO:0003676; F:GO:0003677; F:GO:0003690; F:GO:0003700; F:GO:0005488; F:GO:0043565; F:GO:0046983; F:GO:0097159; F:GO:0140110; F:GO:1901363; 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

81	KAJ0076503.1	IPR002100 (PRINTS); IPR002100 (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006139; P:GO:0006351; P:GO:0006355; P:GO:0006357; P:GO:0006366; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009058; P:GO:0009059; P:GO:0009889; P:GO:0009987; P:GO:0010467; P:GO:0010468; P:GO:0010556; P:GO:0016070; P:GO:0018130; P:GO:0019219; P:GO:0019222; P:GO:0019438; P:GO:0031323; P:GO:0031326; P:GO:0032774; 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:0050789; P:GO:0050794; P:GO:0051171; P:GO:0051252; P:GO:0060255; P:GO:0065007; P:GO:0071704; P:GO:0080090; P:GO:0090304; P:GO:0097659; P:GO:1901360; P:GO:1901362; P:GO:1901576; P:GO:1903506; P:GO:2000112; P:GO:2001141; F:GO:0000976; F:GO:0000977; F:GO:0000978; F:GO:0000981; F:GO:0000987; F:GO:0001067; F:GO:0003676; F:GO:0003677; F:GO:0003690; F:GO:0003700; F:GO:0005488; F:GO:0043565; F:GO:0046983; F:GO:0097159; F:GO:0140110; F:GO:1901363; F:GO:1990837	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
55	KAJ0076502.1	no IPS match	no IPS match	no IPS match
72	KAJ0077329.1	no IPS match	no IPS match	no IPS match
166	KAJ0077330.1	PTHR12305 (PANTHER)	P:GO:0006793; P:GO:0006796; P:GO:0008152; P:GO:0009987; P:GO:0016311; P:GO:0044237; F:GO:0003824; F:GO:0016787; F:GO:0016788; F:GO:0016791; F:GO:0042578; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005829; 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
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	mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR47342 (PANTHER)	no GO terms	no GO terms
39	KAJ0077457.1	PTHR47342 (PANTHER); cd02859 (CDD); IPR014756 (SUPERFAMILY)	no GO terms	no GO terms
191	KAJ0077456.1	PTHR47342 (PANTHER)	no GO terms	no GO terms
144	KAJ0077455.1	IPR002487 (PFAM); IPR002487 (PROSITE_PROFILES); IPR002100 (PROSITE_PROFILES)	P:GO:0006355; F:GO:0003677; F:GO:0003700; F:GO:0046983; C:GO:0005634	P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA binding; F:DNA-binding transcription factor activity; F:protein dimerization activity; C:nucleus
71	KAJ0077454.1	IPR002100 (PRINTS); IPR002100 (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR033896 (CDD); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006139; P:GO:0006351; P:GO:0006355; P:GO:0006357; P:GO:0006366; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009058; P:GO:0009059; P:GO:0009889; P:GO:0009987; P:GO:0010467; P:GO:0010468; P:GO:0010556; P:GO:0016070; P:GO:0018130; P:GO:0019219; P:GO:0019222; P:GO:0019438; P:GO:0031323; P:GO:0031326; P:GO:0032774; 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:0045944; P:GO:0046483; P:GO:0050789; P:GO:0050794; P:GO:0051171; P:GO:0051252; P:GO:0060255; P:GO:0065007; P:GO:0071704; P:GO:0080090; P:GO:0090304; P:GO:0097659; P:GO:1901360; P:GO:1901362; P:GO:1901576; P:GO:1903506; P:GO:2000112; P:GO:2001141; F:GO:0000976; F:GO:0000977; F:GO:0000978; F:GO:0000981; F:GO:0000987; F:GO:0001067; F:GO:0003676; F:GO:0003677; F:GO:0003690; F:GO:0003700; F:GO:0005488; F:GO:0043565; F:GO:0046983; F:GO:0097159; F:GO:0140110; F:GO:1901363; F:GO:1990837	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: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

133	KAJ0077461.1	IPR002100 (PRINTS); IPR002100 (PFAM); IPR002487 (PFAM); PTHR48019 (PANTHER); IPR002487 (PROSITE_PROFILES); IPR002100 (PROSITE_PROFILES); IPR036879 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006139; P:GO:0006351; P:GO:0006355; P:GO:0006357; P:GO:0006366; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009058; P:GO:0009059; P:GO:0009889; P:GO:0009987; P:GO:0010467; P:GO:0010468; P:GO:0010556; P:GO:0016070; P:GO:0018130; P:GO:0019219; P:GO:0019222; P:GO:0019438; P:GO:0031323; P:GO:0031326; P:GO:0032774; 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:0050789; P:GO:0050794; P:GO:0051171; P:GO:0051252; P:GO:0060255; P:GO:0065007; P:GO:0071704; P:GO:0080090; P:GO:0090304; P:GO:0097659; P:GO:1901360; P:GO:1901362; P:GO:1901576; P:GO:1903506; P:GO:2000112; P:GO:2001141; F:GO:0000976; F:GO:0000977; F:GO:0000978; F:GO:0000981; F:GO:0000987; F:GO:0001067; F:GO:0003676; F:GO:0003677; F:GO:0003690; F:GO:0003700; F:GO:0005488; F:GO:0043565; F:GO:0046983; F:GO:0097159; F:GO:0140110; F:GO:1901363; 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:0006796; P:GO:0008152; P:GO:0009987; P:GO:0016311; P:GO:0044237; F:GO:0003824; F:GO:0016787; F:GO:0016788; F:GO:0016791; F:GO:0042578; C:GO:0005622; C:GO:0005737; C:GO:0005829; 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 (FUNFAM); IPR032640 (PFAM); PTHR47342 (PANTHER); cd02859 (CDD); IPR014756 (SUPERFAMILY)	no GO terms	no GO terms

183	KAJ0076881.1	mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR47342 (PANTHER)	no GO terms	no GO terms
200	KAJ0076954.1	IPR003340 (PFAM); PTHR31920 (PANTHER); IPR015300 (SUPERFAMILY); IPR015300 (SUPERFAMILY)	F:GO:0003677	F:DNA binding
151	KAJ0076948.1	IPR003340 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR31920 (PANTHER); IPR003340 (PROSITE_PROFILES); IPR003340 (CDD); IPR015300 (SUPERFAMILY)	F:GO:0003677	F:DNA binding
145	KAJ0076950.1	mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR19853 (PANTHER); IPR001680 (PROSITE_PROFILES); IPR036322 (SUPERFAMILY)	P:GO:0006139; P:GO:0006364; P:GO:0006396; P:GO:0006725; P:GO:0006807; P:GO:0008152; P:GO:0009987; P:GO:0010467; P:GO:0016070; P:GO:0016072; P:GO:0022613; P:GO:0030490; P:GO:0034470; P:GO:0034641; P:GO:0034660; P:GO:0042254; P:GO:0042274; P:GO:0043170; P:GO:0044085; P:GO:0044237; P:GO:0044238; P:GO:0046483; P:GO:0071704; P:GO:0071840; P:GO:0090304; P:GO:1901360; F:GO:0003676; F:GO:0003723; F:GO:0005488; F:GO:0005515; F:GO:0030515; F:GO:0097159; F:GO:1901363; C:GO:0005622; C:GO:0005634; C:GO:0005730; C:GO:0016020; C:GO:0030684; C:GO:0030686; C:GO:0031974; C:GO:0031981; C:GO:0032040; C:GO:0032991; C:GO:0034455; 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; C:GO:0140513; C:GO:1990904	P:nucleobase-containing compound metabolic process; P:rRNA processing; P:RNA processing; P:cellular aromatic compound metabolic process; P:nitrogen compound metabolic process; P:metabolic process; P:cellular process; P:gene expression; P:RNA metabolic process; P:rRNA metabolic process; P:ribonucleoprotein complex biogenesis; P:maturation of SSU-rRNA; P:ncRNA processing; P:cellular nitrogen compound metabolic process; P:ncRNA metabolic process; P:ribosome biogenesis; P:ribosomal small subunit biogenesis; P:macromolecule metabolic process; P:cellular component biogenesis; P:cellular metabolic process; P:primary metabolic process; P:heterocycle metabolic process; P:organic substance metabolic process; P:cellular component organization or biogenesis; P:nucleic acid metabolic process; P:organic cyclic compound metabolic process; F:nucleic acid binding; F:RNA binding; F:binding; F:protein binding; F:snoRNA binding; F:organic cyclic compound binding; F:heterocyclic compound binding; C:intracellular anatomical structure; C:nucleus; C:nucleolus; C:membrane; C:preribosome; C:90S preribosome; C:membrane-enclosed lumen; C:nuclear lumen; C:small-subunit processome; C:protein-containing complex; C:t-UTP complex; 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; C:nuclear protein-containing complex; C:ribonucleoprotein complex
300	KAJ0076951.1	IPR000743 (PFAM); PTHR31375 (PANTHER); IPR011050 (SUPERFAMILY)	P:GO:0005975; F:GO:0004650	P:carbohydrate metabolic process; F:polygalacturonase activity
34	KAJ0076956.1	no IPS match	no IPS match	no IPS match

215	KAJ0077168.1	IPR003340 (PFAM); PTHR31920 (PANTHER); IPR003340 (PROSITE_PROFILES); IPR003340 (CDD); IPR015300 (SUPERFAMILY)	F:GO:0003677	F:DNA binding
144	KAJ0077171.1	IPR003340 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR31920 (PANTHER); IPR003340 (PROSITE_PROFILES); IPR003340 (CDD); IPR015300 (SUPERFAMILY)	F:GO:0003677	F:DNA binding
168	KAJ0077170.1	IPR003340 (PFAM); PTHR31920 (PANTHER); IPR003340 (PROSITE_PROFILES); IPR003340 (CDD); IPR003340 (CDD); IPR015300 (SUPERFAMILY); IPR015300 (SUPERFAMILY)	F:GO:0003677	F:DNA binding
333	KAJ0077165.1	IPR003340 (PFAM); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); mobidb-lite (MOBIDB_LITE); PTHR31920 (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-50. EggNOG Anotasyon Sonuçları

Tip	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
KOG, ENOG	KAJ0077708.1		pre-mRNA-splicing factor	2,20E-144	Streptophyta		0			K12868	map03040
COG, KOG, ENOG	KAJ0077713.1		Belongs to the MIP aquaporin (TC 1.A.8) family	1,60E-146	Streptophyta		10	C:GO:0005773; C:GO:0009506; C:GO:0005886; C:GO:0005634; P:GO:0034220; F:GO:0015250; F:GO:0003729; P:GO:0006833; P:GO:0001101; P:GO:0009737	P:water transport; C:plasmodesma; F:water channel activity; C:vacuole; P:response to abscisic acid; C:nucleus; P:monoatomic ion transmembrane transport; F:mRNA binding; P:response to acid chemical; C:plasma membrane	K09872	
ENOG	KAJ0076887.1			0,0092	Streptophyta		0				
COG, KOG, ENOG	KAJ0076886.1		Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase and dual-specificity protein phosphatase	1,20E-38	Streptophyta	EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	32	F:GO:0051800; P:GO:0007188; P:GO:0030041; P:GO:0031152; P:GO:0007187; F:GO:0070300; P:GO:0031272; P:GO:0034461; P:GO:0098630; F:GO:0034485; P:GO:0022604; P:GO:0050919; P:GO:0048522; P:GO:0035335; P:GO:0000281; C:GO:1990753; P:GO:0051674; C:GO:0001931; P:GO:0009651; P:GO:0030010; P:GO:0043327; F:GO:0004725; P:GO:0046856; P:GO:0036052; C:GO:0031257; P:GO:0014065; P:GO:0045761; P:GO:0048870; C:GO:0051285; P:GO:0032879; P:GO:0071901; C:GO:0005829	C:cell cortex of cell tip; C:cell trailing edge membrane; P:protein localization to uropod; P:regulation of adenylate cyclase activity; P:chemotaxis to cAMP; P:establishment of cell polarity; C:cytosol; P:regulation of cell morphogenesis; P:response to salt stress; C:uropod; P:G protein-coupled receptor signaling pathway, coupled to cyclic nucleotide second messenger; P:phosphatidylinositol 3-kinase signaling; C:equatorial cell cortex; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase activity; P:peptidyl-tyrosine dephosphorylation; P:adenylate cyclase-modulating G protein-coupled receptor signaling pathway; P:cell motility; F:protein tyrosine phosphatase activity; P:uropod retraction; P:mitotic cytokinesis; P:aggregation of unicellular organisms; P:regulation of localization; P:localization of cell; P:negative chemotaxis; P:negative regulation of protein serine/threonine kinase activity; P:phosphatidylinositol dephosphorylation; P:regulation of pseudopodium assembly; P:positive regulation of cellular process; F:phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 3-phosphatase activity; P:actin filament polymerization; F:phosphatidic acid binding; P:aggregation involved in sorocarp development	K01110, K03065	map00562, map01521, map03050, map04068, map04070, map04071, map04115, map04140, map04150, map04151, map04212, map04218, map04510, map04931, map05161, map05165, map05169, map05200, map05206, map05213, map05214, map05215, map05218, map05222, map05224, map05225, map05230

COG, KOG, ENOG	KAJ0076885.1		Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase and dual-specificity protein phosphatase	6,60E-09	Streptophyta	EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	32	F:GO:0051800; P:GO:0007188; P:GO:0030041; P:GO:0031152; P:GO:0007187; F:GO:0070300; P:GO:0031272; P:GO:0034461; P:GO:0098630; F:GO:0034485; P:GO:0022604; P:GO:0050919; P:GO:0048522; P:GO:0035335; P:GO:0000281; C:GO:1990753; P:GO:0051674; C:GO:0001931; P:GO:0009651; P:GO:0030010; P:GO:0043327; F:GO:0004725; P:GO:0046856; P:GO:0036052; C:GO:0031257; P:GO:0014065; P:GO:0045761; P:GO:0048870; C:GO:0051285; P:GO:0032879; P:GO:0071901; C:GO:0005829	C:cell cortex of cell tip; C:cell trailing edge membrane; P:protein localization to uropod; P:regulation of adenylate cyclase activity; P:chemotaxis to cAMP; P:establishment of cell polarity; C:cytosol; P:regulation of cell morphogenesis; P:response to salt stress; C:uropod; P:G protein-coupled receptor signaling pathway, coupled to cyclic nucleotide second messenger; P:phosphatidylinositol 3-kinase signaling; C:equatorial cell cortex; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase activity; P:peptidyl-tyrosine dephosphorylation; P:adenylate cyclase-modulating G protein-coupled receptor signaling pathway; P:cell motility; F:protein tyrosine phosphatase activity; P:uropod retraction; P:mitotic cytokinesis; P:aggregation of unicellular organisms; P:regulation of localization; P:localization of cell; P:negative chemotaxis; P:negative regulation of protein serine/threonine kinase activity; P:phosphatidylinositol dephosphorylation; P:regulation of pseudopodium assembly; P:positive regulation of cellular process; F:phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 3-phosphatase activity; P:actin filament polymerization; F:phosphatidic acid binding; P:aggregation involved in sorocarp development	K01110, K03065	map00562, map01521, map03050, map04068, map04070, map04071, map04115, map04140, map04150, map04151, map04212, map04218, map04510, map04931, map05161, map05165, map05169, map05200, map05206, map05213, map05214, map05215, map05218, map05222, map05224, map05225, map05230
COG, KOG, ENOG	KAJ0077418.1	AP3	Floral homeotic protein	2,20E-26	fabids		4	F:GO:0003700; P:GO:0010093; P:GO:0006355; C:GO:0005634	P:specification of floral organ identity; C:nucleus; P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity	K09264	
COG, KOG, ENOG	KAJ0077417.1	AP3	Floral homeotic protein	4,30E-31	fabids		4	F:GO:0003700; P:GO:0010093; P:GO:0006355; C:GO:0005634	P:specification of floral organ identity; C:nucleus; P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity	K09264	

COG, KOG, ENOG	KAJ0076508.1		Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase and dual-specificity protein phosphatase	1,20E-148	Streptophyta	EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	32	F:GO:0051800; P:GO:0007188; P:GO:0030041; P:GO:0031152; P:GO:0007187; F:GO:0070300; P:GO:0031272; P:GO:0034461; P:GO:0098630; F:GO:0034485; P:GO:0022604; P:GO:0050919; P:GO:0048522; P:GO:0035335; P:GO:0000281; C:GO:1990753; P:GO:0051674; C:GO:0001931; P:GO:0009651; P:GO:0030010; P:GO:0043327; F:GO:0004725; P:GO:0046856; P:GO:0036052; C:GO:0031257; P:GO:0014065; P:GO:0045761; P:GO:0048870; C:GO:0051285; P:GO:0032879; P:GO:0071901; C:GO:0005829	C:cell cortex of cell tip; C:cell trailing edge membrane; P:protein localization to uropod; P:regulation of adenylate cyclase activity; P:chemotaxis to cAMP; P:establishment of cell polarity; C:cytosol; P:regulation of cell morphogenesis; P:response to salt stress; C:uropod; P:G protein-coupled receptor signaling pathway, coupled to cyclic nucleotide second messenger; P:phosphatidylinositol 3-kinase signaling; C:equatorial cell cortex; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase activity; P:peptidyl-tyrosine dephosphorylation; P:adenylate cyclase-modulating G protein-coupled receptor signaling pathway; P:cell motility; F:protein tyrosine phosphatase activity; P:uropod retraction; P:mitotic cytokinesis; P:aggregation of unicellular organisms; P:regulation of localization; P:localization of cell; P:negative chemotaxis; P:negative regulation of protein serine/threonine kinase activity; P:phosphatidylinositol dephosphorylation; P:regulation of pseudopodium assembly; P:positive regulation of cellular process; F:phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 3-phosphatase activity; P:actin filament polymerization; F:phosphatidic acid binding; P:aggregation involved in sorocarp development	K01110, K03065	map00562, map01521, map03050, map04068, map04070, map04071, map04115, map04140, map04150, map04151, map04212, map04218, map04510, map04931, map05161, map05165, map05169, map05200, map05206, map05213, map05214, map05215, map05218, map05222, map05224, map05225, map05230
COG, KOG, ENOG	KAJ0076507.1	AP3	Floral homeotic protein	3,70E-09	fabids		4	F:GO:0003700; P:GO:0010093; P:GO:0006355; C:GO:0005634	P:specification of floral organ identity; C:nucleus; P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity	K09264	
COG, KOG, ENOG	KAJ0076510.1	TM6	Floral homeotic protein	1,70E-27	Streptophyta		2	P:GO:0010097; C:GO:0005634	P:specification of stamen identity; C:nucleus	K09264	
COG, KOG, ENOG	KAJ0076509.1	AP3	Floral homeotic protein	5,10E-33	fabids		4	F:GO:0003700; P:GO:0010093; P:GO:0006355; C:GO:0005634	P:specification of floral organ identity; C:nucleus; P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity	K09264	

COG, KOG, ENOG	KAJ0076503.1	AP3	Floral homeotic protein	6,40E-19	Streptophyta		4	F:GO:0003700; P:GO:0010093; P:GO:0006355; C:GO:0005634	P:specification of floral organ identity; C:nucleus; P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity	K09264	
COG, KOG, ENOG	KAJ0077329.1		Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase and dual-specificity protein phosphatase	7,00E-09	Liliopsida	EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	31	F:GO:0051800; P:GO:0007188; P:GO:0030041; P:GO:0031152; P:GO:0007187; P:GO:0031272; P:GO:0034461; P:GO:0098630; F:GO:0034485; P:GO:0022604; P:GO:0050919; P:GO:0048522; P:GO:0035335; P:GO:0000281; C:GO:1990753; P:GO:0051674; C:GO:0001931; P:GO:0009651; P:GO:0030010; P:GO:0043327; F:GO:0004725; P:GO:0046856; P:GO:0036052; C:GO:0031257; P:GO:0014065; P:GO:0045761; P:GO:0048870; C:GO:0051285; P:GO:0032879; P:GO:0071901; C:GO:0005829	C:cell cortex of cell tip; C:cell trailing edge membrane; P:protein localization to uropod; P:regulation of adenylate cyclase activity; P:chemotaxis to cAMP; P:establishment of cell polarity; C:cytosol; P:regulation of cell morphogenesis; P:response to salt stress; C:uropod; P:G protein-coupled receptor signaling pathway, coupled to cyclic nucleotide second messenger; P:phosphatidylinositol 3-kinase signaling; C:equatorial cell cortex; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase activity; P:peptidyl-tyrosine dephosphorylation; P:adenylate cyclase-modulating G protein-coupled receptor signaling pathway; P:cell motility; F:protein tyrosine phosphatase activity; P:uropod retraction; P:mitotic cytokinesis; P:aggregation of unicellular organisms; P:regulation of localization; P:localization of cell; P:negative chemotaxis; P:negative regulation of protein serine/threonine kinase activity; P:phosphatidylinositol dephosphorylation; P:regulation of pseudopodium assembly; P:positive regulation of cellular process; F:phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 3-phosphatase activity; P:actin filament polymerization; P:aggregation involved in sorocarp development	K01110	map00562, map01521, map04068, map04070, map04071, map04115, map04140, map04150, map04151, map04212, map04218, map04510, map04931, map05161, map05165, map05200, map05206, map05213, map05214, map05215, map05218, map05222, map05224, map05225, map05230

COG, KOG, ENOG	KAJ0077330.1		C2 domain of PTEN tumour-suppressor protein	5,50E-17	Poales	EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	31	F:GO:0051800; P:GO:0007188; P:GO:0030041; P:GO:0031152; P:GO:0007187; P:GO:0031272; P:GO:0034461; P:GO:0098630; F:GO:0034485; P:GO:0022604; P:GO:0050919; P:GO:0048522; P:GO:0035335; P:GO:0000281; C:GO:1990753; P:GO:0051674; C:GO:0001931; P:GO:0009651; P:GO:0030010; P:GO:0043327; F:GO:0004725; P:GO:0046856; P:GO:0036052; C:GO:0031257; P:GO:0014065; P:GO:0045761; P:GO:0048870; C:GO:0051285; P:GO:0032879; P:GO:0071901; C:GO:0005829	C:cell cortex of cell tip; C:cell trailing edge membrane; P:protein localization to uropod; P:regulation of adenylate cyclase activity; P:chemotaxis to cAMP; P:establishment of cell polarity; C:cytosol; P:regulation of cell morphogenesis; P:response to salt stress; C:uropod; P:G protein-coupled receptor signaling pathway, coupled to cyclic nucleotide second messenger; P:phosphatidylinositol 3-kinase signaling; C:equatorial cell cortex; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase activity; P:peptidyl-tyrosine dephosphorylation; P:adenylate cyclase-modulating G protein-coupled receptor signaling pathway; P:cell motility; F:protein tyrosine phosphatase activity; P:uropod retraction; P:mitotic cytokinesis; P:aggregation of unicellular organisms; P:regulation of localization; P:localization of cell; P:negative chemotaxis; P:negative regulation of protein serine/threonine kinase activity; P:phosphatidylinositol dephosphorylation; P:regulation of pseudopodium assembly; P:positive regulation of cellular process; F:phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 3-phosphatase activity; P:actin filament polymerization; P:aggregation involved in sorocarp development	K01110	map00562, map01521, map04068, map04070, map04071, map04115, map04140, map04150, map04151, map04212, map04218, map04510, map04931, map05161, map05165, map05200, map05206, map05213, map05214, map05215, map05218, map05222, map05224, map05225, map05230
KOG, ENOG	KAJ0077326.1		5-AMP-activated protein	1,70E-47	Streptophyta		5	P:GO:0010581; C:GO:0009569; C:GO:0009570; F:GO:2001070; P:GO:0031326	C:chloroplast starch grain; P:regulation of starch biosynthetic process; C:chloroplast stroma; F:starch binding; P:regulation of cellular biosynthetic process		
KOG, ENOG	KAJ0077322.1		5-AMP-activated protein	3,70E-33	Streptophyta		5	P:GO:0010581; C:GO:0009569; C:GO:0009570; F:GO:2001070; P:GO:0031326	C:chloroplast starch grain; P:regulation of starch biosynthetic process; C:chloroplast stroma; F:starch binding; P:regulation of cellular biosynthetic process		
KOG, ENOG	KAJ0077457.1		Glycogen recognition site of AMP-activated protein kinase	6,60E-14	fabids		5	P:GO:0010581; C:GO:0009569; C:GO:0009570; F:GO:2001070; P:GO:0031326	C:chloroplast starch grain; P:regulation of starch biosynthetic process; C:chloroplast stroma; F:starch binding; P:regulation of cellular biosynthetic process		

KOG, ENOG	KAJ0077456.1		5-AMP-activated protein	2,40E-48	Streptophyta		5	P:GO:0010581; C:GO:0009569; C:GO:0009570; F:GO:2001070; P:GO:0031326	C:chloroplast starch grain; P:regulation of starch biosynthetic process; C:chloroplast stroma; F:starch binding; P:regulation of cellular biosynthetic process		
COG, KOG, ENOG	KAJ0077455.1	TM6	Floral homeotic protein	3,40E-31	Streptophyta		2	P:GO:0010097; C:GO:0005634	P:specification of stamen identity; C:nucleus	K09264	
COG, KOG, ENOG	KAJ0077454.1	AP3	Floral homeotic protein	1,20E-26	Streptophyta		4	F:GO:0003700; P:GO:0010093; P:GO:0006355; C:GO:0005634	P:specification of floral organ identity; C:nucleus; P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity	K09264	
COG, KOG, ENOG	KAJ0077461.1	AP3	Floral homeotic protein	5,70E-41	fabids		4	F:GO:0003700; P:GO:0010093; P:GO:0006355; C:GO:0005634	P:specification of floral organ identity; C:nucleus; P:regulation of DNA-templated transcription; F:DNA-binding transcription factor activity	K09264	
COG, KOG, ENOG	KAJ0077460.1		Phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase and dual-specificity protein phosphatase	2,80E-98	Brassicales	EC:3.1.3.16; EC:3.1.3.48; EC:3.1.3.67	32	F:GO:0051800; P:GO:0007188; P:GO:0030041; P:GO:0031152; P:GO:0007187; F:GO:0070300; P:GO:0031272; P:GO:0034461; P:GO:0098630; F:GO:0034485; P:GO:0022604; P:GO:0050919; P:GO:0048522; P:GO:0035335; P:GO:0000281; C:GO:1990753; P:GO:0051674; C:GO:0001931; P:GO:0009651; P:GO:0030010; P:GO:0043327; F:GO:0004725; P:GO:0046856; P:GO:0036052; C:GO:0031257; P:GO:0014065; P:GO:0045761; P:GO:0048870; C:GO:0051285; P:GO:0032879; P:GO:0071901; C:GO:0005829	C:cell cortex of cell tip; C:cell trailing edge membrane; P:protein localization to uropod; P:regulation of adenylate cyclase activity; P:chemotaxis to cAMP; P:establishment of cell polarity; C:cytosol; P:regulation of cell morphogenesis; P:response to salt stress; C:uropod; P:G protein-coupled receptor signaling pathway, coupled to cyclic nucleotide second messenger; P:phosphatidylinositol 3-kinase signaling; C:equatorial cell cortex; F:phosphatidylinositol-3,4,5-trisphosphate 5-phosphatase activity; P:peptidyl-tyrosine dephosphorylation; P:adenylate cyclase-modulating G protein-coupled receptor signaling pathway; P:cell motility; F:protein tyrosine phosphatase activity; P:uropod retraction; P:mitotic cytokinesis; P:aggregation of unicellular organisms; P:regulation of localization; P:localization of cell; P:negative chemotaxis; P:negative regulation of protein serine/threonine kinase activity; P:phosphatidylinositol dephosphorylation; P:regulation of pseudopodium assembly; P:positive regulation of cellular process; F:phosphatidylinositol-3,4-bisphosphate 3-phosphatase activity; P:actin filament polymerization; F:phosphatidic acid binding; P:aggregation involved in sorocarp development	K01110, K03065	map00562, map01521, map03050, map04068, map04070, map04071, map04115, map04140, map04150, map04151, map04212, map04218, map04510, map04931, map05161, map05165, map05169, map05200, map05206, map05213, map05214, map05215, map05218, map05222, map05224, map05225, map05230

KOG, ENOG	KAJ0076952.1		5-AMP-activated protein	1,80E-47	Streptophyta		5	P:GO:0010581; C:GO:0009569; C:GO:0009570; F:GO:2001070; P:GO:0031326	C:chloroplast starch grain; P:regulation of starch biosynthetic process; C:chloroplast stroma; F:starch binding; P:regulation of cellular biosynthetic process		
KOG, ENOG	KAJ0076881.1		5-AMP-activated protein	3,80E-35	Streptophyta		5	P:GO:0010581; C:GO:0009569; C:GO:0009570; F:GO:2001070; P:GO:0031326	C:chloroplast starch grain; P:regulation of starch biosynthetic process; C:chloroplast stroma; F:starch binding; P:regulation of cellular biosynthetic process		
ENOG	KAJ0076954.1		B3 domain-containing	6,00E-26	Streptophyta		0				
ENOG	KAJ0076948.1		B3 domain-containing	5,30E-35	Streptophyta		0				
KOG, ENOG	KAJ0076950.1	WDR3	WD40 repeats	2,60E-23	Poales		6	F:GO:0030515; C:GO:0005654; C:GO:0031965; C:GO:0032040; P:GO:0030490; C:GO:0034388	C:small-subunit processome; P:maturation of SSU-rRNA; C:Pwp2p-containing subcomplex of 90S preribosome; F:snoRNA binding; C:nuclear membrane; C:nucleoplasm	K14556	map03008
COG, ENOG	KAJ0076951.1		Belongs to the glycosyl hydrolase 28 family	1,30E-112	Streptophyta	EC:3.2.1.67	4	P:GO:0042178; F:GO:0047911; F:GO:0019863; P:GO:0045490	F:IgE binding; P:pectin catabolic process; P:xenobiotic catabolic process; F:galacturan 1,4-alpha-galacturonidase activity	K01213	map00040, map01100
COG, KOG, ENOG	KAJ0076956.1		Belongs to the peptidase S10 family	5,10E-10	fabids		0			K16296	
ENOG	KAJ0077168.1		B3 domain-containing	2,70E-40	Streptophyta		0				
ENOG	KAJ0077171.1		B3 domain-containing	4,70E-41	Streptophyta		0				
ENOG	KAJ0077170.1		B3 domain-containing	3,20E-20	Streptophyta		0				
ENOG	KAJ0077165.1		B3 domain-containing protein	6,20E-28	Streptophyta		0			K21554	
ENOG	KAJ0077172.1			0,023	Streptophyta		0				