

ANKARA ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

DOKTORA TEZİ

ÇEŞİTLİ ABİYOTİK STRES FAKTÖRLERİ UYGULANMIŞ EKMEKLİK
BUĞDAY (*Triticum aestivum* L.)’DA YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİSİ
İLE TRANSKRİPTOM ANALİZİ

Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ

TARLA BİTKİLERİ ANABİLİM DALI

ANKARA
2016

Her hakkı saklıdır

TEZ ONAYI

Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ tarafından hazırlanan “Çeşitli Abiyotik Stres Faktörleri Uygulanmış Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.)’da Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi İle Transkriptom Analizi” adlı tez çalışması 05/01/2016 tarihinde aşağıdaki jüri tarafından oy birliği ile Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Tarla Bitkileri Anabilim Dalı’nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman : Prof. Dr. Serkan URANBEY
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Jüri Üyeleri:

Başkan : Prof. Dr. Cengiz SANCAK
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Serkan URANBEY
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Üye : Prof. Dr. Mustafa YILDIZ
Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Üye : Doç. Dr. Ekrem DÜNDAR
Balıkesir Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü

Üye : Doç. Dr. Mine TÜRKTAS
Çankırı Karatekin Üniversitesi Biyoloji Bölümü

Yukarıdaki sonucu onaylarım.

Prof. Dr. İbrahim DEMİR
Enstitü Müdürü

ETİK

Ankara Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü tez yazım kurallarına uygun olarak hazırladığım bu tez içindeki bütün bilgilerin doğru ve tam olduğunu, bilgilerin üretilmesi aşamasında bilimsel etiğe uygun davrandığımı, yararlandığım bütün kaynakları atıf yaparak belirttiğimi beyan ederim.

05/01/2016

Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ

ÖZET

Doktora Tezi

ÇEŞİTLİ ABİYOTİK STRES FAKTÖRLERİ UYGULANMIŞ EKMEKLİK BUĞDAY (*Triticum aestivum* L.)’DA YENİ NESİL DİZİLEME TEKNOLOJİSİ İLE TRANSKRİPTOM ANALİZİ

Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ

Ankara Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Tarla Bitkileri Anabilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Serkan URANBEY

Eş Danışman: Doç. Dr. Turgay ÜNVER

Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.), tüm dünyada insan besini olarak yaygın bir şekilde kullanılan, ülkemizde de gıda, ekonomi ve ticaret yönünden önemli yeri olan bir bitkidir. Yeni nesil dizileme teknolojisi bir hücre ve dokunun transkriptom profili ve dinamiği hakkında bilgi sağlayan önemli bir araç niteliğindedir. Bu tez çalışmasında, kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine toleranslı Zubkov ekmeklik buğday çeşitinde, kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stres uygulaması yapıldıktan sonra; kök, yaprak ve tane örneklerine ait transkriptom profili yeni nesil dizileme teknolojilerinden biri olan Roche 454 GS FLX+ kullanılarak incelenmiştir. Dizileme sonucunda ortalama uzunlukları 461 bp olan toplamda 117.790.028 baz okuma ve 8.351 unigen elde edilmiştir. Transkriptom analizi sonucunda belirlenen transkriptlerin; osmotik ve iyonik dengenin sağlanması, sinyal algılanması ve iletimi, yapısal ve işlevsel proteinlerin modifikasyonu, hücre zarının yapısı ve kararlılığının sağlanması, enerji ve karbonhidrat metabolizması ile ilişkili olduğu belirlenmiştir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine karşı tolerans mekanizmasında kök, yaprak ve tane örneklerine özgü birçok transkripsiyon faktörü, miRNA ve hedef genleri ile transpozon element tespit edilmiştir. Gen ontoloji analizleri ile bitkinin kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine karşı oluşturduğu yanıtta; özellikle plastidler, mitokondri ve hücre zarı; iyon bağlayıcı, oksidoredüktaz ve nükleaz aktivitesi; metabolik işlev, biyosentez işlevi, enerji metabolizması ve stres cevabı ile ilişkili transkriptlerin ön plana çıktığı belirlenmiştir. Ayrıca *betain aldehit dehidrojenaz*, *kalloz sentaz*, *hücre duvar-ilişkili hidrolaz*, *MYB33*, *NAC69*’un ifade seviyeleri qRT-PZR ile ölçülmüştür.

Ocak 2016, 416 sayfa

Anahtar Kelimeler: Ekmeklik buğday, abiyotik stres, kuraklık, yüksek sıcaklık, transkriptom analizi, Roche 454 GS FLX+

ABSTRACT

Ph.D. Thesis

TRANSCRIPTOME ANALYSIS IN BREAD WHEAT (*Triticum aestivum* L.) EXPOSED TO SOME ABIOTIC STRESS FACTORS USING NEXT GENERATION SEQUENCING TECHNOLOGY

Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ

Ankara University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Field Crops

Supervisor: Prof. Dr. Serkan URANBEY
Co-Supervisor: Assoc. Prof. Dr. Turgay ÜNVER

Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) was used widely as human food in the world, in our country also, is a plant with an important place in terms of economy, food and trade. New generation sequencing technology is a significant tool that provides information about the transcriptome profile and dynamics of cell and tissue. In this study, the drought and high temperature stress tolerant bread wheat cultivars Zubkov, after application drought, high temperature, high temperature plus drought stress; roots, leaves, grain tissue transcriptome profiles were achieved by using Roche 454 GS FLX + that one of a new generation sequencing technology. In sequencing result, totally 117,790,028 base reading and 8,351 unigenes that average length 461 bp were obtained. As a result of transcriptome analysis many transcripts were identified that related with providing osmotic and ionic equilibrium, signal detection and transmission, structural and functional modification of protein, ensuring the structure and stability of the membrane and associated with the energy and carbohydrate metabolism. Against the drought and high temperature stress tolerance mechanisms, in root, leaf, grain tissues, many specific transcription factor, miRNA and target genes and transposable element have been identified. With gene ontology analysis, of plant response to drought and high temperature stress transcripts that related with particularly plastids, mitochondria and cell membranes; ion binding, oxidoreductase and nuclease activity; metabolic function, biosynthesis function, energy metabolism and stress response were determined as outstanding transcripts. *Betaine aldehyde dehydrogenase*, *callose synthase*, *cell wall-associated hydrolase*, *MYB33*, *NAC69* transcription factors expression levels were measured with qRT-PCR.

January 2016, 416 pages

Key Words: Bread wheat, abiotic stress, drought, high temperature, transcriptome analysis, Roche 454 GS FLX+

TEŞEKKÜR

Doktora eğitimim boyunca çalışmalarımı beni bilimsel katkılarıyla yönlendiren ve destekleyen, birlikte çalışmaktan gurur duyduğum danışman hocam Prof. Dr. Serkan URANBEY'e (Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı), çalışmalarımın yönlendirilmesi ve yürütülmesinde maddi ve manevi tüm imkanları sağlayarak, değerli bilgilerini paylaşan eş danışman hocam Doç. Dr. Turgay ÜNVER'e (Çankırı Karatekin Üniversitesi Biyoloji Bölümü), tez izleme komitesinde bulunan ve kıymetli fikirleri ile tez çalışmalarımın yönlendirilmesinde katkıda bulunan Prof. Dr. Cengiz SANCAK (Ankara Üniversitesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı) ve Doç. Dr. Ekrem DÜNDAR'a (Balıkesir Üniversitesi Moleküler Biyoloji ve Genetik Bölümü), çalışmalarım süresince bilgisinden her zaman faydalandığım, öneri ve yardımları ile katkı sağlayan hocam Doç. Dr. Mine TÜRKTAS'a (Çankırı Karatekin Üniversitesi Biyoloji Bölümü), tez materyalinin yetiştirilmesinde yardımını esirgemeyen Doç. Dr. Arif İPEK'e (Çankırı Karatekin Üniversitesi Biyoloji Bölümü), tez çalışmalarım sırasında her aşamada bana destek olan Yrd. Doç. Dr. Tuğba GÜRKÖK'e, bilgi paylaşımı ve manevi desteği ile çalışmalarımda destek olan Yrd. Doç. Dr. Behcet İNAL'a, bitkilerin yetiştirilmesinde ve fizyolojik testlerin yapılmasında emeği geçen Dr. Güray AKDOĞAN, Dr. Hussein A. Ahmed Ahmed ve Deniz KÖM'e, laboratuvar çalışmalarımda her zaman yanımda olan Öğr. Gör. Esmâ ÖZHÜNER, Günseli BABAOĞLU, Emine AÇAR, Ümmügülsüm ZİPLAR, Yağız ALAGÖZ ve M. Yusuf PEKMEZCİ'ye teşekkür ederim. Hayatımın her aşamasında sonsuz emekleri olan, kayıtsız şartsız destekleri ile beni güçlendiren AİLEME, çalışmalarım süresince büyük bir özveri ile bana destek olan, gösterdiği sabır ve anlayışından dolayı eşim Ali Rıza TÜFEKÇİ'ye sonsuz sevgi ve teşekkürlerimi sunuyorum.

Bu tez çalışması “Ekmeklik Buğdayda Transkriptom ve Metabolom Analizleri Kullanılarak Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık Stresine Dayanıklı Çeşit Islahı” adlı 113O016 nolu TÜBİTAK projesi ile desteklenmiştir.

Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ

Ankara, Ocak 2016

İÇİNDEKİLER

TEZ ONAY SAYFASI

ETİK.....	i
ÖZET.....	ii
ABSTRACT	iii
TEŞEKKÜR	iv
SİMGELER DİZİNİ	viii
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
ÇİZELGELER DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ	1
2. KURAMSAL TEMELLER.....	4
2.1 Ekmeklik Buğday (<i>Triticum aestivum</i> L.)	4
2.2 Bitkilerde Abiyotik Stres Mekanizması	7
2.3 Kuraklık Stresi	13
2.4 Sıcaklık Stresi	15
2.5 Kuraklık ve Sıcaklık Stresi ile Transkripsiyon Faktörlerinin İlişkisi.....	17
2.6 Kuraklık ve Sıcaklık Stresi ile Bitki mikroRNA'larının İlişkisi.....	19
2.7 Transpozon Elementler	21
2.8 Transkriptom Kavramı	22
2.8.1 Yeni nesil dizileme teknolojileri.....	24
2.8.2 Yeni nesil dizileme teknolojilerinin avantajları	27
2.8.3 Roche 454 GS FLX+ dizileme teknolojisi	29
2.8.4 Dizileme sonrası uygulanan biyoenformatik analizler	32
2.9 Bitkilerde Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi ve Transkriptom Çalışmaları	36
3. MATERYAL ve YÖNTEM.....	42
3.1 Materyal	42
3.1.1 Bitki materyali ve yetiştirilmesi	42
3.1.2 Stres uygulamaları.....	43
3.2 RNA İzolasyonu.....	44
3.2.1 İzole edilen RNA'ların karakterizasyonu	46
3.2.2 İzole edilen RNA'ların temizlenmesi.....	46

3.3 Roche 454 GS FLX+ ile RNA Dizileme	47
3.3.1 Transkriptom cDNA kütüphanesinin hazırlanması	47
3.3.2 RNA örneklerinin fragmentasyonu	47
3.3.3 Çift iplikli cDNA sentezi	49
3.3.4 Çift iplikli cDNA'nın pürifikasyonu	50
3.3.5 Fragment uçlarının tamir edilmesi	50
3.3.6 Adaptör ligasyonu	51
3.3.7 cDNA kütüphanesinden küçük fragmentlerin uzaklaştırılması	51
3.4 Emülsiyon PZR (emPZR) ile Klonal Çoğaltım Reaksiyon	52
3.4.2 Emülsiyon yağı ve reaktiflerin hazırlanması	54
3.4.3 DNA kütüphanesinin yakalanması	54
3.4.4 Boncukların saflaştırılması	55
3.4.5 DNA kütüphane boncuklarının zenginleştirilmesi	56
3.4.6 Sekans primerinin bağlanması	58
3.5 Dizileme	59
3.6 Dizileme Sonrası Biyoenformatik Analizler	62
3.7 Eş Zamanlı PZR (qRT-PZR) Analizi	66
4. ARAŞTIRMA BULGULARI	68
4.1 RNA İzolasyonu, Miktar ve Kalite Tayini	68
4.2 Roche 454 GS FLX+ ile RNA Dizileme	69
4.2.1 Dizileme için RNA fragmentasyonu ve oluşturulan cDNA kütüphanesinin kalite analizi	69
4.2.2 Emülsiyon PZR sonucu	72
4.3 Dizileme ve Biyoenformatik Analizlerin Sonuçları	73
4.3.1 Dizileme sonuçları	73
4.3.2 Haritalama sonuçları	76
4.3.3 Dizileme sonrasında transkriptlerin ifade değişim bulguları	78
4.3.4 Stres uygulamaları sonucunda belirlenen transkripsiyon faktörleri	84
4.3.5 Stres uygulamaları sonucunda sentezlenmiş miRNA'lar ve miRNA'ların hedef genleri	88
4.3.6 Stres uygulamaları sonucunda belirlenen retrotranspozonlar ve DNA transpozonları	93

4.3.7 Gen atıflandırması (Gen ontoloji) analiz bulguları	95
4.3.8 Metabolik yolak analiz bulguları (KEGG analizi)	109
4.4 Dizileme Sonuçlarının Eş Zamanlı PZR (qRT-PZR) İle Teyit Edilmesi	110
5. TARTIŞMA ve SONUÇ	112
KAYNAKLAR	130
EKLER.....	152
EK 1 Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane, yaprak ve kök örneğinde ifade değişimi gösteren transkriptlerin RPKM değerleri ve BlastN sonuçları.....	153
EK 2 Kök ve yaprak dokusuna ait sıcaklık grafiği.....	216
EK 3 Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak, kök ve tane örneğine ait gen atıflandırması (GO) sonuçları.....	217
EK 4 Metabolik yolak analizleri sonucunda elde edilen haritalar.....	411
ÖZGEÇMİŞ.....	415

SİMGELER DİZİNİ

°C	Santigrat
µg	Mikrogram
µl	Mikrolitre
µM	Mikromolar
mM	Milimolar
mg	Miligram
ml	Mililitre
ng	Nanogram
pg	Pikogram
pmol	Pikomol
rpm	Dakikada devir

Kısaltmalar

ABA	Absisik asit
bç	Baz çifti
cDNA	Komplementer deoksiribonükleik asit
CDPK	Ca ⁺² bağımlı protein kinaz
dk	Dakika
DNA	Deoksiribonükleik asit
EmPZR	Emülsiyon PZR
ERF	Etilen Cevap Faktörü
EST	İfade Edilmiş Dizi Etiketleri
Gb	Giga baz
GO	Gen Ontolojisi
ha	Hektar
HSP	Isı şok proteini

KEGG	Kyoto Gen ve Genom Ansiklopedisi
MAPK	Mitojenle Aktive Edilmiş Protein Kinaz
miRNA	mikroRNA
mRNA	Mesajcı RNA
NCBI	Ulusal Biyoteknoloji Bilişim Merkezi
ppm	Milyonda bir
PZR	Polimeraz Zincir Reaksiyonu
PTP	PicoTitrasyonPlakası
qRT-PZR	Real Time (Eş zamanlı) PZR
RNA	Ribonükleik asit
rRNA	Ribozomal RNA
ROS	Reaktif Oksijen Türleri
SAGE	Gen ifadesinin seri analizi
sn	Saniye
snRNA	Küçük nüklear RNA
snoRNA	Küçük nükleolar RNA
sff	Standard flowgram formatı
Taq	<i>Thermus aquaticus</i>
TF	Transkripsiyon Faktör
tRNA	Taşıyıcı RNA
UV	Ultraviyole

ŞEKİLLER DİZİNİ

Şekil 2.1	Dünyada ve Türkiye’de buğday ekili alanlarda üretim oranları	5
Şekil 2.2	Türkiye’de buğday üretimi yapılan iller ve üretim miktarları	5
Şekil 2.3	Abiyotik strese karşı adaptasyon mekanizması	7
Şekil 2.4	Bitkilerde sinyal iletim yolundaki önemli bileşenler	8
Şekil 2.5	MAP kinaz kaskatını içeren sinyal iletim yolu	11
Şekil 2.6	Stres yanıt ve toleransında kuraklık ile uyarılan genlerin fonksiyonları	15
Şekil 2.7	Abiyotik stres yanıtına katılan transkripsiyon faktörleri	19
Şekil 2.8	Bitkilerde miRNA’ların oluşumu ve çalışma mekanizması	20
Şekil 2.9	Dizileme için tek zincirli DNA kütüphanesinin hazırlanması	30
Şekil 2.10	Emülsiyon PZR ile klonal çoğaltım.....	31
Şekil 2.11	Roche 454 GS FLX+ cihazında kemilüminesans ışımaya sonucu dizilerin okunması.....	32
Şekil 2.12	Referans temelli ve <i>de novo</i> transkriptlerin birleştirilmesi	33
Şekil 2.13	RNA-dizileme ve dizileme sonrası biyoenformatik analiz aşamaları.....	35
Şekil 3.1	Saksılara ekilen Zubkov çeşitinin tarla koşullarında yetiştirilmesi	42
Şekil 3.2	Tarla koşullarında yetiştirilen bitkilerin kontrollü iklim odalarında stres uygulamaları.....	43
Şekil 3.3	Zubkov çeşiti kontrol bitkisi ve stres uygulaması sonrası bitkilerin genel görünümü.....	44
Şekil 3.4	Parçalanma işleminin biyoanalizör cihazı ile kontrol edilmesi	49
Şekil 3.5	Emülsiyon PZR sonrası işlemler.....	56
Şekil 3.6	DNA boncuklarının zenginleştirilmesi aşamaları.....	58
Şekil 3.7	Örneklerin boncuk miktarının hesaplanması için hazırlanması ve Casy cihazı.....	59
Şekil 3.8	PicoTiterPlate’in hazırlanma aşamaları	61
Şekil 3.9	Dizileme reaktiflerinin ve PicoTiterPlate’in cihaza yerleştirilmesi.....	62
Şekil 4.1	İzole edilen total RNA’ların %2’lik agaroz jel görüntüleri	69
Şekil 4.2	RNA örneklerinin fragmentasyon görüntüsü.....	70
Şekil 4.3	Dizileme için hazırlanan cDNA kütüphanelerinin görüntüsü.....	71

Şekil 4.4	Dizileme sonucunda Roche 454 GS FLX+ cihazından elde edilen 12 kütüphaneye ait okuma uzunlukları grafiği.....	74
Şekil 4.5	Dizileme sırasında 12 farklı kütüphaneye ait elde edilen kemilüminesans ışına görüntüsü	75
Şekil 4.6	Kök, yaprak ve tane örneklerinde stres uygulamalarına göre ifadesi değişen transkriptlerin sayısı.....	78
Şekil 4.7	Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresine kök, yaprak ve tane örneklerinde ifade değişimi gösteren transkript sayılarının Venn diyagramı ile gösterilmesi	81
Şekil 4.8	Tane örneğinde kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ifade seviyesi değişen transkriptlerin sıcaklık grafiği.....	83
Şekil 4.9	Transkripsiyon faktör ailelerinin her bir kütüphane için oransal dağılımı..	86
Şekil 4.10	Transkripsiyon faktör ailelerinin her bir kütüphane için oransal dağılımı..	87
Şekil 4.11	Belirlenen miRNA'ların 12 farklı kütüphaneye göre oransal dağılımı	91
Şekil 4.12	Kök, yaprak ve tane örneğinde kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon ve biyolojik işlev bakımından oransal dağılımı	96
Şekil 4.13	Kök dokusunda hücresel bileşen ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması	97
Şekil 4.14	Kök dokusunda moleküler fonksiyon ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması.....	99
Şekil 4.15	Kök dokusunda biyolojik işlev ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması	100
Şekil 4.16	Yaprak dokusunda hücresel bileşen ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından dağılımı.....	101
Şekil 4.17	Yaprak dokusunda moleküler fonksiyon ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması ..	103
Şekil 4.18	Yaprak dokusunda biyolojik işlev ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması	104
Şekil 4.19	Tane örneğinde hücresel bileşen ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından dağılımı	105

Şekil 4.20 Tane örneğinde moleküler fonksiyon ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması.....	107
Şekil 4.21 Tane örneğinde biyolojik işlev ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması	108
Şekil 4.22 Metabolik yollarda yer alan transkriptlerin oransal (%) dağılımı.....	109
Şekil 4.23 Stres uygulamalarına cevap veren bazı genler ve transkripsiyon faktörlerinin ifade seviyelerinin qRT-PZR ile belirlenmesi.....	111



ÇİZELGELER DİZİNİ

Çizelge 2.1	Yeni nesil dizileme teknolojilerinin karşılaştırılması	26
Çizelge 3.1	Emülsiyon titrasyonu için kullanılan örnekler ve ilgili hesaplamalar	55
Çizelge 4.1	İzole edilen RNA örneklerinin kalite ve konsantrasyon değerleri.....	68
Çizelge 4.2	Hesaplama sonucu cDNA kütüphanelerine ait molekül sayıları	70
Çizelge 4.3	emPZR sonucu kazanılan boncuk sayıları ve dizilemede kullanılacak miktarlar	72
Çizelge 4.4	Dizileme sonucunda Roche 454 GS FLX+ cihazından elde edilen 12 kütüphaneye ait okuma değerleri.....	74
Çizelge 4.5	Her bir kütüphaneye ait okumaların GS Reference Mapper programı ile referans genoma haritalama sonuçları	77
Çizelge 4.6	Stres uygulamalarına göre kök dokusunda tespit edilen miRNA'lar.....	89
Çizelge 4.7	Stres uygulamalarına göre yaprak dokusunda tespit edilen miRNA'lar..	89
Çizelge 4.8	Stres uygulamalarına göre tane örneğinde tespit edilen miRNA'lar	90
Çizelge 4.9	Belirlenen miRNA'ların hedef genlerine ait bilgiler	92
Çizelge 4.10	Kök, yaprak, tane örneklerinin kontrol ve stres kütüphanelerine ait transpozon elementler.....	94

1. GİRİŞ

Dünya ve ülkemiz nüfusunun beslenmesinde önemli bir yere sahip olan tahıllar; gıda, ekonomi ve ticaret yönünden büyük önem taşımakta olup, kültürü yapılan bitkiler içerisinde en fazla ekim alanına ve üretime sahiptir. Tahıllar içerisinde de buğday; iyi bir besin hammadde oluşu, uyum sınırının genişliği, üretiminin kolay oluşu, taşıma, depolama ve işleme kolaylığı gibi nedenlerden dolayı dünya nüfusunun yaklaşık %35'inin temel besini durumundadır.

Buğday, 20-65° Kuzey ve 22-45° Güney enlemleri arasında, başarıyla yetiştirilen geniş adaptasyon alanına sahip serin iklim tahıllarından birisi olup, bütün dünyada ıslahı yapılmış, tek yıllık otsu bir bitkidir. Ülkemizde 21.4 milyon hektar işlenen tarım alanının, yaklaşık %58'lik bir oranla en büyük payını tahıllar oluşturmakta ve tahıllar içerisinde ise, yaklaşık % 67'lik pay ile ilk sırada buğday yer almaktadır (www.tuik.gov.tr). 2014 yılı verilerine göre dünyada buğday (*Triticum spp.*), yaklaşık 218 milyon ha ekim alanı ile ilk sırada yer alırken, 713 milyon ton üretim miktarı ile mısır (*Zea mays L.*) ve çeltik (*Oryza sativa L.*) bitkisinden sonra üçüncü sırada yer almaktadır. Ülkemizde ise; yaklaşık 7.8 milyon ha buğday ekim alanından 22 milyon ton buğday üretilmiş olup, dünyada buğday verimi; dekara ortalama 326 kg iken, Türkiye'de bu miktar 284 kg olmuştur (<http://www.fao.org>).

Hekzaploid ($2n=6x=42$) ekmeklik buğday (*Triticum aestivum L.*) önemli bir protein, vitamin ve mineral kaynağı olmasının yanı sıra, karbonhidrat içeriği ile insanların kalori tüketiminin %20'sini karşılaması bakımından dünya çapında en yaygın yetiştirilen buğday türüdür (Sun vd. 2014). Bitkilerin maruz kaldığı kuraklık, yüksek sıcaklık, tuzluluk, don, kimyasal kirlilik, toprak pH'sı gibi farklı abiyotik stres faktörleri, bitki büyüme ve gelişimi ile metabolizmayı önemli ölçüde etkilemektedir. Buğday, genel olarak kurak ve yarı kurak bölgelerin vazgeçilmez ürünü olmasına karşın; yüksek sıcak ve kurak koşullar, verim ve kalitede önemli düşürlere yol açmaktadır. Özellikle, son yıllarda gündeme gelen küresel ısınma ile birlikte sıcaklık stresi ve buna bağlı olarak ortaya çıkan kuraklık, buğday üretimini tehdit eden en önemli abiyotik stres faktörlerinin başında gelmektedir.

Yüksek sıcaklık ve kuraklık gibi abiyotik stres faktörlerine karşı tolerans mekanizması; sinyal iletimi ve düzenleyici yolları (Seki vd. 2003, Shinozaki vd. 2003) veya stres direncini sağlayan proteinleri şifreleyen genleri (Wang vd. 2004) ya da işlevsel ve yapısal metabolitlerin sentezinden sorumlu enzimlerin düzenlenmesini içerir (Rontein vd. 2002, Park vd. 2004). Stresin algılanması ve sinyallerin uygun yanıtlara dönüştürülmesi, bitkide stres toleransına yol açan anahtar basamaktır (Shiriga vd. 2014).

Genotipler arasında stres toleransına karşı gösterilen farklılıklar, sinyal algılanmasındaki ve iletim mekanizmalarındaki farklılıklardan oluşabilir. Yüksek sıcaklık ve kuraklık stresinden kaynaklanan uyarılar, hücre membran yüzeyinde bulunan reseptörler tarafından algılanmaktadır ve hiyerarşik bir düzende hücre içerisinde stres-yanıtı mekanizmalarını kontrol eden genlerin uyarılması ile bitkide bir tepki meydana gelmektedir (Wang vd. 2003). Bu bakımdan son zamanlarda yapılan bazı çalışmalar, yüksek sıcaklık ve kuraklık stresinin, bitki fotosentez kapasitesini kloroplast membran, tilakoit lameller hasarı ve metabolik sınırlama yoluyla azalttığını bildirmektedir (Chaidee ve Pfeiffer 2006, Wang vd. 2010, Pradhan vd. 2012). Ayrıca tütün (*Nicotiana tabacum* L.) bitkisinde yapılan bir çalışmada, sıcaklık stresi ile kuraklık stresinin birlikte, gen anlatımı üzerine etkisi incelenmiştir (Rizhsky vd. 2002). Çalışma sonucunda tek başına kuraklık stresinin fotosentez ve solunumu azalttığı, buna karşın sıcaklık stresinin solunumu arttırdığı bildirilmiştir. Kuraklık ile sıcaklığın bir arada olan etkisi, fotosentezin baskılanması bakımından tek başına kuraklık stresine benzer, solunumun artması bakımından ise sıcaklık stresine benzer etkiyi göstermiştir. Dolayısıyla bitki, kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine maruz kalması sonucu; birçok gen tarafından düzenlenen morfolojik, fizyolojik ve biyokimyasal değişikliğe uğramaktadır (Rahaie vd. 2010).

Kuraklık, yüksek sıcaklık gibi abiyotik stres faktörlerine toleransı sağlayan ve bitki stres cevabının bir parçası olarak gen anlatımının düzenlenmesini ve bitki genlerinin tüm transkript seviyelerinin incelenmesini sağlayan, transkriptom analizi tekniğinin önemi son yıllarda hızla artmaktadır. Transkriptom analizi için kullanılan, yeni teknolojilerden biri olan Roche 454 GS FLX+ hızlı, güvenilir, uzun okuma yapabilen ve yüksek hacimli olma özelliği ile oldukça yaygın kullanılan bir sistem haline gelmiştir (Mardis 2008, Liu

vd. 2012, Türkteş vd. 2015). Sahip olduđu bu özelliklerden dolayı, Roche firması tarafından geliştirilen 454 GS FLX+ teknolojisi büyük genoma sahip bitkiler de dahil olmak üzere birçok transkriptom çalışmasında kullanılmıştır. Önemli bir yağ bitkisi olan Hint fıstığı bitkisinin (*Jatropha curcas* L.) kök, yaprak, çiçek, tohum ve embriyo dokuları kullanılarak 454 GS FLX platformu ile transkriptom çalışması yapılmış, yağ biyosentezine katılan önemli genler tespit edilmiştir (Natarajan ve Parani 2011). Benzer olara Çin adaçayı olarak bilinen *Salvia miltiorrhiza* bitkisinin kök dokuları materyal olarak kullanılmış, transkriptom analizi için yüksek hacimli okuma özelliğine sahip Roche 454 GS FLX platformu kullanılmış ve sitokrom P450'yi kodlayan genler ile transkripsiyon faktör genleri tanımlanmıştır (Li vd. 2010). Ticari ve tıbbi öneme sahip bir *Taxus* türü olan Japon porsuđu (*Taxus cuspidata* L.) bitkisinde 454 pirosekanslama teknolojisi ile transkriptom çalışması yapılmış, yüksek hacimli okuma elde edilmiş olup, yeni genler ve EST'ler geliştirilmiştir (Wu vd. 2011). Çiçek dokusunun materyal olarak kullanıldığı sarı kantaron (*Hypericum perforatum* L.) bitkisinde yapılan transkriptom çalışmasında Roche 454 teknolojisinden faydalanılmış olup, bitki üremesi ile ilişkili potansiyel genler tanımlanmıştır (Galla vd. 2015).

Bu çalışmada da, kuraklık ve yüksek sıcaklığa toleranslı olduđu bilinen Zubkov ekmeklik buğday çeşitinde, yeni nesil dizileme platformlarından biri olan, Roche 454 GS FLX+ teknolojisi kullanılarak; kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres uygulamaları sonucunda kök, yaprak ve tanedeki gen ifade farklılıklarının tüm transkriptom düzeyinde belirlenmesi amaçlanmıştır.

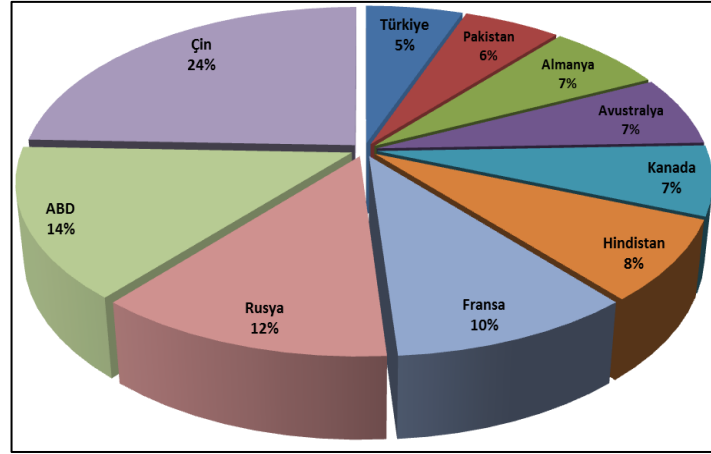
2. KURAMSAL TEMELLER

2.1 Ekmeklik Buğday (*Triticum aestivum* L.)

Ekmeklik buğday, Gramineae familyasından *Triticum* cinsine ait bir bitkidir. Tek çenekli bir bitki olan buğday, kendi kendini dölleyebilen, kökleri saçaklı, meyvesi karyopsis tipinde olan, tek yıllık bir bitkidir (Mehmood vd. 2014). Ekmeklik buğday 1.6×10^{10} bç'lık (yaklaşık 17 Gb) oldukça büyük bir genomu sahip olup (Flavell ve Smith, 1976), genom büyüklüğü çeltikten (*Oryza sativa* L.) 35 kat, mısırdan ise (*Zea mays* L.) 6 kat daha büyüktür (Arumuganathan ve Earle 1991). Hekzaploid ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.), yaklaşık 8000 yıl önce tetraploid (AABB) *Triticum dicoccoides* ile diploid (DD) *Aegilops tauschii*'nin doğal melezlenmesi ile elde edilmiş ve üç diploid genom (A, B ve D) taşımaktadır (Brenchley vd. 2012).

Geçmişe yönelik kazılarda ortaya çıkarılan buğday tohumlarının incelenmesi sonucu, buğdayın M.Ö. 7000 yıllarında kültüre alındığı ortaya çıkmıştır. “Verimli Hilal” olarak adlandırılan buğdayın ıslahına, Kuzey Suriye’den Güneydoğu Türkiye, Kuzey Irak ve Batı İran doğrultusunda uzanan bölgede başladığı bilinmektedir (Zohary ve Hopf 1994). İnsan beslenmesinde kullanılan kültür bitkileri arasında ekiliş ve üretim bakımından ilk sırada yer alan buğday bitkisi, Türkiye’de ekonomik ve kültürel açıdan en önemli tahıl olarak nitelendirilmektedir (Çölkesen 1995). Değişik iklim ve toprak koşullarında yetiştirilebilmesi, bileşiminde karbonhidrat, nişasta, protein, bazı vitamin ve mineral maddeleri bulundurması, ununun çok sayıda bileşen içermesi ve hamur olma kabiliyetinin yüksek oluşu, değerli ve ucuz bir besin kaynağı olması bakımından hızla artan dünya nüfusunun beslenmesinde vazgeçilmez bir ürün olarak kabul edilmektedir.

Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü, FAO (<http://www.fao.org>) tarafından açıklanan verilere göre, dünyada 123 ülke buğday üretimi yapmakta, ancak üretim miktarı ülkelere göre farklılık göstermektedir. Yıllık üretimin %75’inden fazlası 13 ülke tarafından yapılırken; Çin, ABD, Rusya ve Fransa en fazla buğday üretimi yapan ilk 4 ülke olarak sıralanmaktadır (Şekil 2.1).



Şekil 2.1 Dünya’da ve Türkiye’de buğday ekili alanlarda üretim oranları (<http://www.fao.org>)

Buğday, ülkemizde geniş bir üretim alanına sahiptir. Trabzon ve Rize illeri hariç bütün illerde buğday tarımı yapılmaktadır. Özellikle en fazla İç Anadolu bölgesinde yetiştirilmekte olup, üretimin %75’i bu bölgeden sağlanmaktadır (Kızılaslan 2004) (Şekil 2.2).



Şekil 2.2 Türkiye’de buğday üretimi yapılan iller ve üretim miktarları (www.ecografya.org.tr)

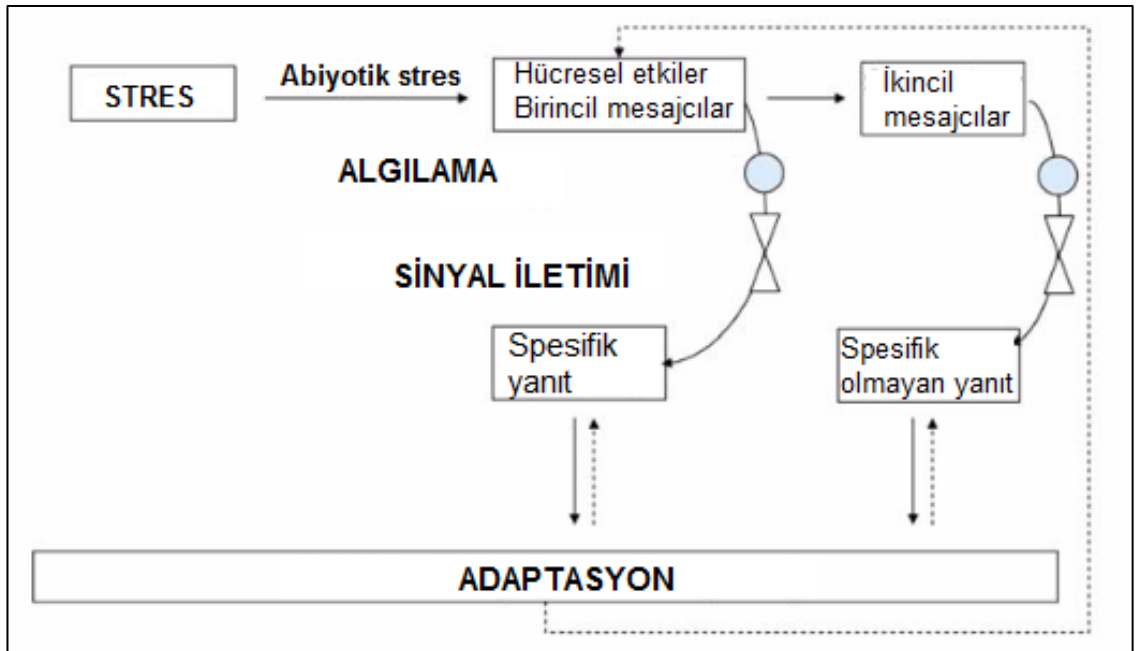
Dünyadaki ekmeklik buğday verimi ve ürün kalitesi iklim koşullarına bağlı olarak yıldan yıla önemli farklılıklar göstermektedir. Bu farklılığın ortaya çıkışında çeşidin genetik yapısı, iklim koşulları, toprak yapısı, topraktaki azot miktarı ve azotun kullanılabilirliği ile uygulanan yetiştirme teknikleri de büyük rol oynamaktadır. Verim ve kaliteyi etkileyen, bitkide metabolizmayı, büyüme ve gelişmeyi engelleyen uygun olmayan herhangi bir durum veya madde stres olarak kabul edilir ve bitki toleransı ile yakından ilişkilidir. İklim koşullarına bağlı olarak ortaya çıkan kuraklık, yüksek sıcaklık gibi stres faktörleri bitkilerdeki tüm metabolizmayı olumsuz yönde etkilemektedir (Özcan vd. 2001).

Dünya üzerinde kullanılabilir ekim alanları, stres faktörlerine maruz kalmalarına göre sınıflandırıldığında; doğal bir stres faktörü olan kuraklık stresi %26'lık payıyla en büyük dilimi içermektedir. Bunu % 20 ile mineral stresi ve %15 ile soğuk ve don stresleri takip etmektedir. Bunların dışında kalan yüksek sıcaklık stresi %29'luk pay içerisinde yer alırken, sadece %10'luk bir alan ise herhangi bir stres faktörüne maruz kalmamaktadır (Blum ve Jordan 1985; Kalefetoğlu ve Ekmekçi 2005).

Türkiye'de ekmeklik buğday yetiştiriciliği büyük oranda doğal yağışlar altında yapılmakta, bitki büyümesi kuraklık ve yüksek sıcaklık gibi çevresel faktörlerden yüksek oranda etkilenmektedir ve bu abiyotik stres faktörleri tarımsal ürünlerin verimini önemli derecede düşürmektedir (Rahaie vd. 2010). Özellikle buğday bitkisinde stres faktörlerine karşı en hassas gelişim aşamaları; kök uzaması, çiçeklenme ve tane dolum dönemidir. Eşey hücrelerinin oluşumundan sonra yüksek sıcaklığa maruz kalan bitkide tane dolum süresi kısalır, bu sebeple tane ağırlığında ve kalitesinde, dolayısıyla nişasta ve protein miktarında düşüşler gözlenmektedir. Ekmeklik buğday ekim alanlarında, kuraklık ve yüksek sıcaklık koşullarına bağlı olarak meydana gelen olumsuz değişikliklerin tanımlanması ve bitkilerde moleküler, hücresel ve fizyolojik adaptasyonun anlaşılabilmesi; stres sinyal algılanması ve sinyal iletim mekanizmalarının belirlenmesi, çok sayıda transkripsiyon faktör ve diğer düzenleyicilerin aktivasyonunun, transkriptom çalışmaları ile transkript seviyesinde ifade düzeylerinin açığa çıkarılması ile mümkün olacaktır.

2.2 Bitkilerde Abiyotik Stres Mekanizması

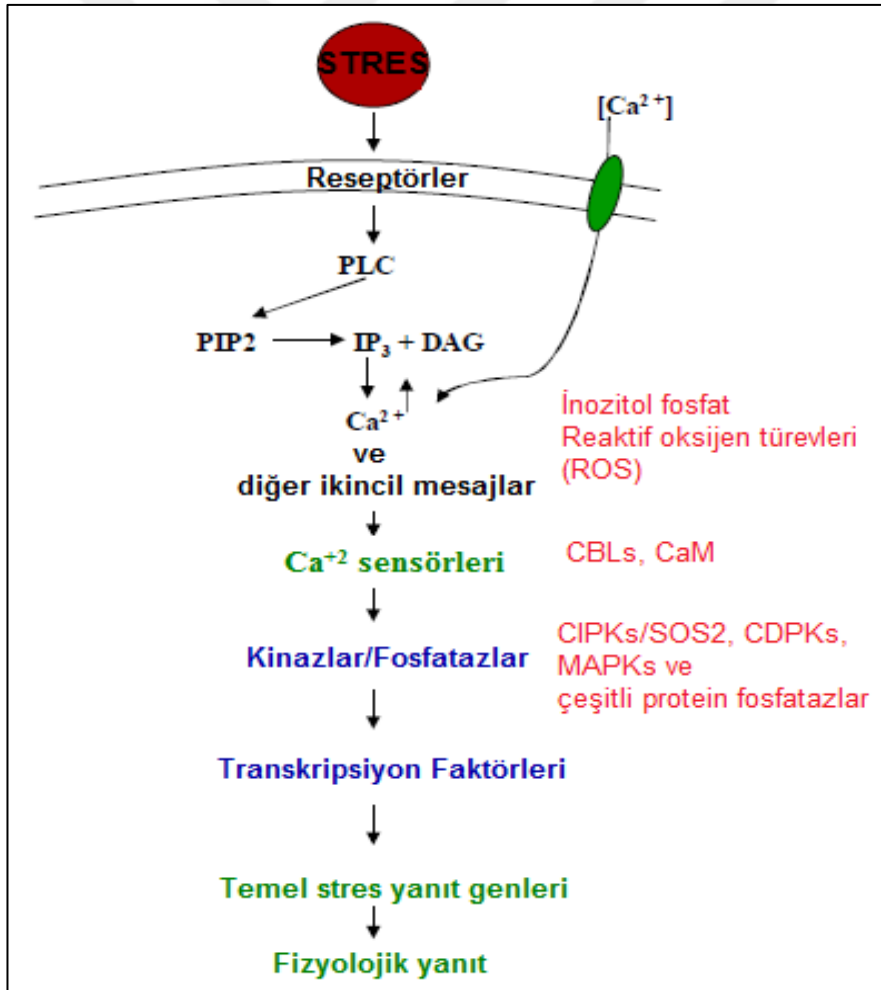
Bitkilerin kuraklık, yüksek sıcaklık veya don, tuzluluk, ağır metaller, radyasyon gibi abiyotik stres faktörlerine maruz kalması sonucu; büyüme ve gelişme kısıtlanırken, bitkisel üretimde de önemli düşüşler meydana gelmektedir (Vinocur ve Altman 2005). Birincil stres faktörü olarak bitkileri etkileyen bu etmenler; iyonik stres, oksidatif stres ve osmotik stres gibi ikincil stres faktörlerini tetiklemektedir. İkincil stresler; osmotik ve iyonik dengenin bozulmasına, yapısal ve işlevsel proteinler ile hücre zarında hasara, dolayısıyla hücre zarı akışkanlığında değişikliğe yol açmaktadır. Stres faktörlerinin hücre zarında yer alan reseptörler tarafından algılanması ve stres sinyallerinin uygun yanıtlara dönüştürülmesi bitkide strese karşı uyumun sağlanmasına yardımcı olur. Yani stres sinyalleri; hücrede bozulan dengenin geri kazanılması, hücre zarında meydana gelen hasarların onarılması ve proteinlerin korunmasında işlevsel olan stres yanıt mekanizmalarını aktive eden sinyal sürecini ve transkripsiyonun kontrolünü uyarmaktadır. Bu sayede bitkilerde stres toleransı sağlanmış olmaktadır (Şekil 2.3) (Mahajan ve Tuteja 2005, Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki 2007).



Şekil 2.3 Abiyotik strese karşı adaptasyon mekanizması (Beck vd. 2007'den değiştirilerek alınmıştır)

2.2.1 Stresin algılanması ve sinyal iletimi

Abiyotik stres faktörleri bitkiler üzerinde çok farklı etkilere yol açmaktadır. Kuraklık sonucu, stomalar kapanarak su kaybı azaltılırken, buna bağlı olarak fotosentez oranı düşer (Bota vd. 2004). Yüksek sıcaklık stresinde ise, proteinlerin parçalanması ve bozularak primer yapılara dönüşmesi sonucunda, hücre metabolik faaliyetlerinde bozulmalar meydana gelmektedir (Rang vd. 2011). Tuz stresi ise, bitkinin su alımını engellediği gibi, bitki hücresinde iyonların toksik seviyede birikimine, stres düzeyi ve süresine bağlı olarak bitki ölümüne neden olabilmektedir (Mahajan ve Tuteja 2005). Bitkilerde farklı abiyotik stres sonucu meydana gelen bu değişimler, stres sinyal iletimine dikkat çekmiştir.



Şekil 2.4 Bitkilerde sinyal iletim yolundaki önemli bileşenler (Mahajan ve Tuteja 2005’den değiştirilerek alınmıştır)

Sinyal iletim yolu, sinyalin algılanması ile başlar. Bunu ikincil mesajcıların (örneğin; inozitol fosfatazlar ve reaktif oksijen türleri-ROS) oluşturulması takip eder. İkincil mesajcıları hücre içi Ca^{+2} seviyelerini ayarlayabilir. Son seviyede genellikle stres sonucu aktive olan genlerin özgün gruplarını kontrol eden transkripsiyon faktörleri veya hücre savunmasıyla direkt ilgili proteinleri hedefleyen protein fosforilasyonu başlatılır. Bu genlerin ürünleri; adaptasyon aşamasında önemli roller üstlenen absisik asit (ABA), etilen ve salisilik asit gibi bitki hormonlarına benzer düzenleyici moleküller oluşturmaktadır (Şekil 2.4).

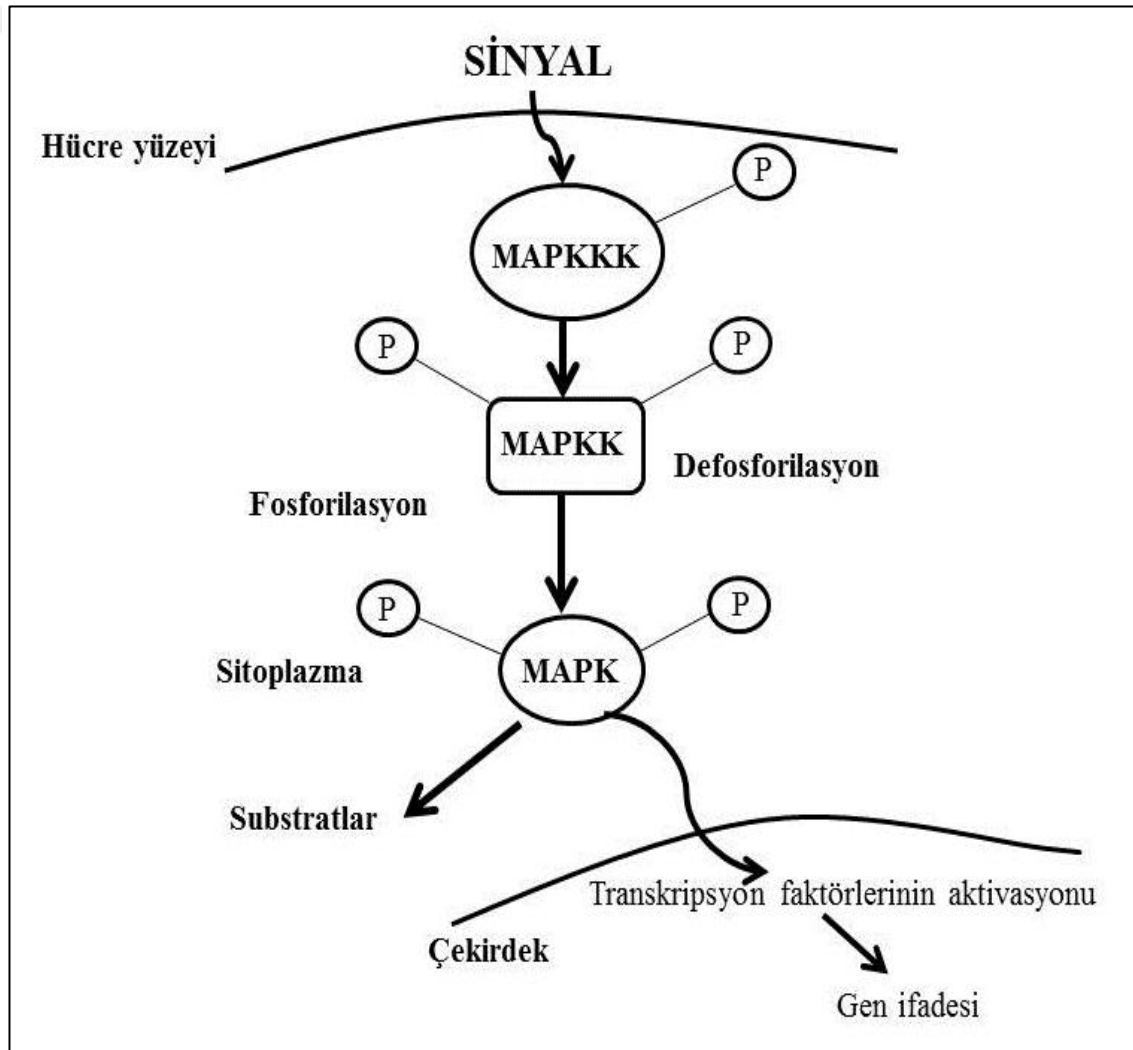
Bitkilerde abiyotik strese direnç mekanizmalarının bulunmasına bağlı olarak, stresin algılanması ve kompleks sinyal iletim ağında görev alan birbiriyle etkileşim içerisinde olan çeşitli bileşenler belirlenmiştir (Baxter vd. 2014, Colebrook vd. 2014). Bunlar içerisinde; Ca^{+2} bağımlı protein kinazlar (CDPK: Ca^{+2} Dependent Protein Kinase), mitojenle aktive edilmiş protein kinazlar (MAPK: Mitojen Activated Protein Kinase) fosfolipitler ve fosfatazlar özellikle dikkat çekmektedir (Sinha vd. 2011, Schulz vd. 2013, Ruelland vd. 2015, Singh vd. 2015).

- **Ca^{+2} bağımlı protein kinazlar (CDPK):** Strese cevapta oluşan, yaklaşık 250 aminoasit biriminin birleşmesinden meydana gelen protein kinaz gruplarından birisi Ca^{+2} bağımlı protein kinazlardır. Bitkilerde Ca^{+2} , abiyotik stres sinyal iletimi süresince ikincil mesajcı olarak görev yapar. Hücre içi Ca^{+2} miktarındaki değişiklikler, stomaların düzenlenmesi gibi birçok fizyolojik işlemde rol oynar ve Ca^{+2} seviyesi; stresin tipine, gelişen stresin oranına, daha önceden strese maruz kalmaya ve doku tipine bağlı olarak değişir (Das ve Pandey 2010). Düzenleyici bölgelerine Ca^{+2} 'un bağlanması sonucu aktif hale gelen CDPK'lar, hücre bölünmesinin düzenlenmesinde ve strese karşı transkripsiyonel ve post-translasyonel düzenlemede görevli olup, fosfoproteinlere Ca^{+2} sinyali aktarıldığında geç embriyogenez (LEA: late embryogenesis abundant) proteinlerini şifreleyen genlerin ifadesini düzenleyen transkripsiyon faktörlerinin de aktif hale gelmesini sağlamaktadır (Xiong vd. 2002). Sentezlenen LEA protein grupları; su kaybını en aza indirmek üzere suyun bağlanması, protein ve zar sistemlerinin kararlılığının ve devamlılığının sağlanması, kademeli iyon geçişinin korunması ve reaktif oksijen türlerinin ortadan kaldırılması gibi birçok işleve sahiptir (Close 1997).

Çeşitli bitkilerde abiyotik stres sinyal iletiminde ilgili CDPK'lar tanımlanmıştır. Örneğin, mısır (*Zea mays* L.) bitkisinde *ZmCdk2* tarafından kuraklık stresi sonucu mitotik hücre döngüsünün baskılandığı bildirilmiştir (Schuppler vd. 1998). *Arabidopsis*'te *AtCDPK1*'in kuraklık, *AtCDPK2*'nin ise yüksek sıcaklık, çeltikte (*Oryza sativa* L.) *OsCDPK7*'nin sıcaklık stresi ile ilişkili olduğu bildirilmiştir (Chinnusamy vd. 2004).

- **Mitojenle aktive edilmiş protein kinazlar (MAPK):** MAP kinaz birimleri osmotik ve oksidatif stres aracılığıyla düzenlenmekte, sonuçta osmolit ve antioksidan üretimi sağlanmaktadır. MAP kinaz tüm ökaryotlarda bulunan serin/treonin protein kinazların oldukça geniş bir ailesi tarafından kodlanmaktadır (Jonak vd. 2000). Bitkilerde MAP kaskatları, farklı abiyotik/biyotik stresler, hormonal yanıtlar, hücre bölünmesi ve gelişimsel işlemlere ait yanıtta ilgilidirler (Jalmi ve Sinha 2015). MAPK kaskatları 3 kinazdan oluşur (MAPKKK, MAPKK ve MAPK) ve çeşitli yollarla yukarı reseptörler ile aşağı bağlanır. MAP kinaz yolları çoğunlukla tirozin ve treonin adı verilen reseptör/sensörlerin fosforilasyonu yoluyla ve diğer MAP kinazlar aracılığı ile aktive edilmektedir. Her MAP kinaz kinaz (MAPKK) ancak spesifik bir MAP kinazı aktive edebilmektedir. Bir MAP kinaz biriminin aktivasyonu komplekste yer alan protein kinazların sırasıyla fosforilasyonu ve aktivasyonu ile sonuçlanmaktadır. Çoğunlukla, MAP kinazın fosforilasyonu, kinazın birimden ayrılıp çekirdeğe hareketi ile gerçekleşmektedir (Şekil 2.5). Bu sinyal yolundaki MAP kinaz, transkripsiyon faktörlerinin fosforilasyonu ve aktivasyonunu sağlayarak kuraklık, sıcaklık veya diğer stres etmenlerinde rol oynayan genleri aktive etmektedir (Jonak vd. 2000). Aktive genlerin ürünü olan osmolitler ve antioksidanlar hücrenin strese karşı verdiği yanıttır. Prolin, glisin betain ve sükroz osmolitler arasında sayılabilir. Prolin, plazma zar bütünlüğünün korunmasında ve serbest radikallerin uzaklaştırılmasında işlevseldir (Moustafa vd. 2014). Glisin betain, osmotik stres varlığında hücre zarının ve hücredeki kompleks protein ve enzimlerin dördüncül yapılarının korunmasında etkilidir. Sükroz ise, osmotik basınç arttığı zaman su dengesini koruyarak, çözünür haldeki proteinlerin yapısal değişikliklerini önlemektedir (Wang vd. 2000). Moustafa vd. (2014) tarafından, çeşitli bitkilerde abiyotik stres faktörleri ile ilişkilendirilmiş MAP kinazlar tanımlanmıştır. Örneğin; çeltikte (*Oryza sativa* L.) *OsMPK3*'ün kuraklık, *OsMPK4*'ün

ise sıcaklık stres yanıtına katıldığını bildirmişlerdir. Pamukta (*Gossypium hirsutum* L.) *GhMPK2*'nin kuraklık, soğuk ve tuzluluk stresi, mısır (*Zea mays* L.) bitkisinde ise *ZmMPK3*'ün kuraklık ve tuzluluk stres yanıtı ile ilişkili olduğu bildirilmiştir. Ayrıca yapılan başka bir çalışmada *Triticum aestivum* L. yaprak dokusunda ABA etkisiyle, *MAPK4* mRNA anlatımında önemli artış olduğu belirlenmiş ve MAPK'ın abiyotik streslerde çok önemli rolü olduğu vurgulanmıştır. Bununla birlikte kuraklığa toleranslı ve hassas ekmeklik buğday çeşiti kullanılarak yapılan kuraklık stresi çalışmalarında, *MAPK4* geninin kuraklık stresindeki davranışı incelenmiştir. Kuraklık stresinin erken evresinde *MAPK4* mRNA'sında önemli artış olduğu tespit edilmiştir (Keskin vd. 2010).



Şekil 2.5 MAP kinaz kaskatını içeren sinyal iletim yolu (George 2014'den değiştirilerek alınmıştır)

- **Fosfolipit sinyali ve Fosfatazlar:** Membran fosfolipitleri inositol 1,4,5 trifosfat (IP₃), diaçil gliserol (DAG), fosfotidik asit (PA) gibi çoklu sinyal moleküllerinden oluşan bir sistemdir (Zhu 2002). Fosfolipaz C, fosfotidilinositol 4,5 bifosfatı (PIP₂) hidroliz yoluyla, ikincil mesajcı olarak görev yapan IP₃ ve DAG'a katalizler. IP₃, Ca⁺²u serbest bırakır. Sitozolik Ca⁺² seviyesindeki değişim, Ca⁺² sensörü olarak da bilinen kalsiyum bağlayıcı proteinler tarafından algılanır ve fosforilasyon kaskatlar, kinazlar ve fosfatazlar gibi sensör proteinler temel stres cevap genleri veya bu genlerin transkripsiyon faktör kontrolleri ile etkileşerek strese fizyolojik cevabın oluşmasını sağlarlar (Mahajan and Tuteja 2005). Protein kinazların aktivitesi, fosfatazların değişimi ve fosforegülatör mekanizmanın dönüşümü sonucunda gelişmektedir. Fosfatazlar substratlarına göre, fosfoproteinler (serin/treonin) ve fosfotirozinler (protein/tirozin fosfatazlar) olmak üzere iki ana gruba ayrılır. Tirozin spesifik fosfatazlar, mayalarda MAPK yolağında önemli rol oynamaktadır (Sharma vd. 2004, Singh vd. 2010).

Sinyal iletim yolundaki önemli bileşenlere ilave olarak; kuraklık, sıcaklık, soğuk, tuzluluk, UV ışınları gibi abiyotik stresleri süresince absisik asit (ABA), etilen, oksin gibi fitohormonlar da dikkat çekmektedir. Bu bitki hormonlarından biri olan ABA, kuraklık sırasında hızlı bir şekilde birikim gösterdiği için stres hormonu olarak tanımlanmakta ve kimyasal bir sinyal molekülü olarak rol oynamaktadır (Gazzarani ve McCourt 2001). Bitkilerde kuraklık ve sıcaklık stres sinyali ile yakından ilgili olan ABA'nın düşük konsantrasyonlarında dahi etkilerinin olabileceği rapor edilmiştir (Leckie vd. 1998, Xiong vd. 1999). Su stresine maruz kalan bitki yapraklarında ABA konsantrasyonunun oldukça yüksek olduğu gösterilmiştir. Bu ilişki ABA'nın kuraklığa verilen yanıtta aracılık ettiği görüşünü güçlendirmiştir. Su stresindeki köklerde ABA sentezi, yaprakların kuruma öncesi stomaların kapanmasını uyaran kimyasal bir sinyal gibi etki edebilir. Kökler, strese maruz bırakıldıklarında ABA sentezi artar. Bitkinin gövde kısımlarına taşınarak buharlaşmayı önlemek için stomaların kapanmasını uyarır (Nakashima vd. 2014). Antioksidan savunma sisteminin uyarılmasında da rolü olan ABA, bitki dokularında reaktif oksijen türlerinden süperoksit radikali, hidrojen peroksit (H₂O₂) ve hidroksil radikalleri gibi oksidatif strese neden olan bileşiklerin miktarının azalmasını sağlamaktadır. ABA'nın enzimatik (süperoksit dismutaz; SOD, katalaz; CAT, glutatyon redüktaz; GR) ve enzimatik olmayan (askorbat, glutatyon) antioksidan

savunma sisteminin kapasitesini arttırdığı ve ROS'ların konsantrasyonunun kontrolü ve oksidatif zararlanmanın tamirinin mümkün olduğu belirlenmiştir (Baxter vd. 2014).

2.3 Kuraklık Stresi

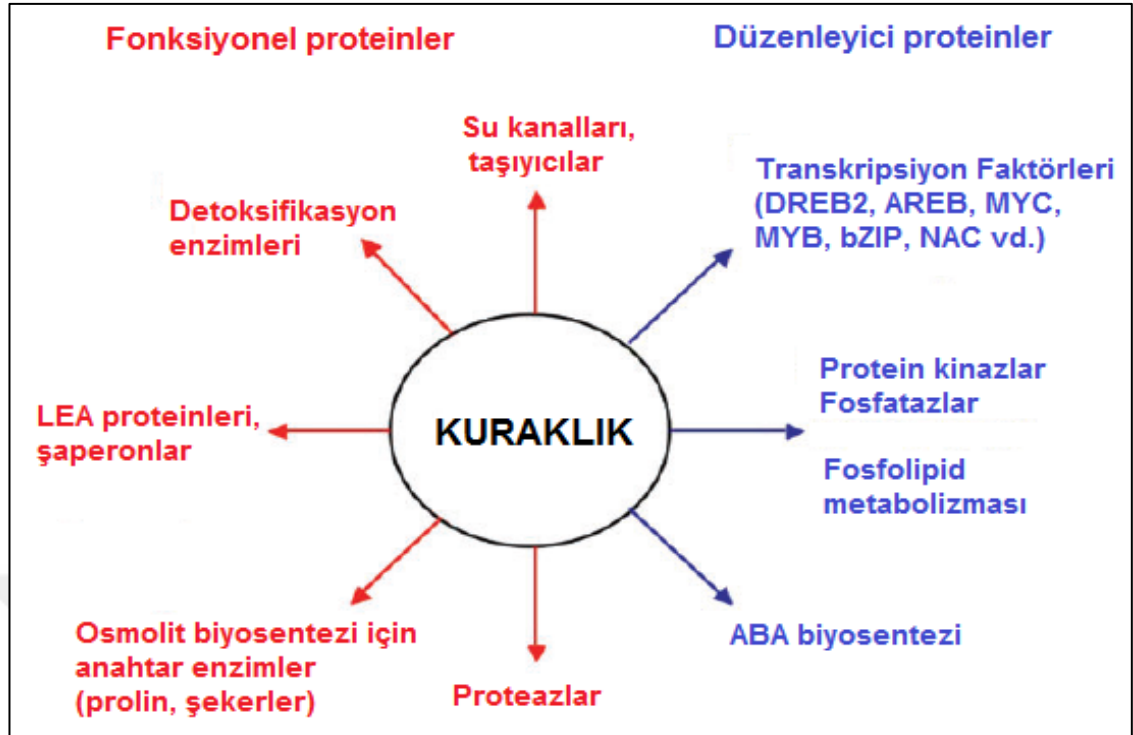
Kuraklık stresi; su içeriğinin azalması, yaprak su potansiyelinin kısıtlanması ve turgor kaybı, stoma kapanması, hücre büyüme ve gelişmesinin azalmasıyla karakterize edilmektedir.

Kuraklık; süresine, diğer stres çeşitleriyle ilişkisine, strese maruz kalan bitkinin genotipine ve gelişim basamağına bağlı olarak bitkilerde uyum sağlayacak birçok fizyolojik, moleküler ve biyokimyasal tepkiyi uyarmaktadır. Yapılan çalışmalar kuraklık stresinin bitkilerde yaprakların oransal su miktarının ve su potansiyelinin azalmasına neden olarak, fotosentetik reaksiyonlarını olumsuz yönde etkilediğini göstermiştir (Lawlor ve Corn c 2002). K klerde sentezlenen ve transpirasyon s recinde yapraklara tařınan absisik asit, stomaların kapanarak yapraklardaki i sel karbondioksit (CO₂) konsantrasyonunun, buna baėlı olarak Rubisco etkinliėi, yani fotosentez hızının azalmasına neden olmaktadır. Kuraklık stres kořulları, biyosentetik reaksiyonların yavaşlaması ve ATP'ye olan gereksinimin azalması ile mitokondri ve kloroplastlardaki elektron tařınım sistemlerinde elektron fazlalığı oluřtururken; s peroksit, hidrojen peroksit (H₂O₂) ve hidroksil radikallerini i eren ROS'ların oluřmasına yol a ar (Mahajan ve Tuteja 2005). Bitkiler reaktif oksijen t rlerinin neden olduėu yıkıcı etkiye karřı s peroksit dismutaz, katalaz, peroksidaz gibi enzimatik; glutatyon ve askorbat gibi enzimatik olmayan antioksidan savunma sistemine sahiptir ve bu řekilde olumsuz  evre kořullarına karřı adaptasyon saėlamaktadır (Zhang vd. 2014).

Kuraklık stresi ile ilgili molek ler kontrol mekanizmalarının aydınlatılması, stres ile iliřkili spesifik genlerin ifadesine dayanmaktadır (Wang vd. 2003). Bu genler genel olarak erken ve ge  ind klenen genler olarak sınıflandırılabilir. Erkenci genler; stres sinyalinin algılandığı anda ind klenir ve genel olarak kısa s reli ifade olurlar. Bir ok transkripsiyon fakt r , protein kinazlar, fosfolipazlar erkenci genler grubunda yer alır

ve bu genlerin indüklenmesi yeni protein sentezi gerektirmez ve sinyal bileşikleri her zaman hazır bulunmaktadır. Stres ile oldukça yavaş aktive olan genler ise, geç indüklenen genler grubunda yer alırlar ve ifadeleri genellikle sürekli dir. Su kanal proteinleri, osmotik koruyucuların (şekerler, prolin, glisin betain) biyosentezinde görev alan enzimler, LEA (late embriyogenesis abundant) proteinleri, şaperonlar, mRNA'ya bağlanan proteinler gibi makromolekülleri ve membranları koruyan proteinler, proteazlar, detoksifikasyon enzimleridir (Cramer vd. 2007, Verelst vd. 2013, Todaka vd. 2015) (Şekil 2.6).

Mevcut çalışmalar stres esnasında hangi genlerin aktif olduğu ve bu aktivitenin nelere yol açtığı hususunda bilgiler vermektedir. Çeltik bitkisi (*Oryza sativa* L.) köklerinde keşfedilen *Drt1* geni kök uzamasında, pigmentasyonunda ve saçak köklerin oluşmasındaki etkisinin yanında, kuraklığa dirençlilik sağlamaktadır (Mitra 2001). Tütün (*Nicotiana glauca* L.) bitkisinde yapılan bir çalışmada kuraklık stresine bağlı olarak kök ve gövde dokularında *NgMIP2*, *NgMIP3* ve *NgMIP4* genlerinin ifadesinde azalma olduğu, bu genlerin zararlı su geçirgenliğini azaltıp hücre sel su tutma kapasitesini arttırdığı bildirilmiştir (Lawrence vd. 2001). Domateste (*Lycopersicum esculentum* L.) ABA'ya karşı yanıt genleri *le16*, *le25* ve *le4* geç embriyo gelişim süresince ve strese yanıtta anlatım yapmaktadır ve bu üç genin anlatımlarının detaylı çalışılması sonucunda, strese yanıtta gen anlatımı kontrolünün gelişimsel olduğu ve ABA'ya karşı farklı yanıt genlerinin farklı organlara özgü anlatımı olduğu ifade edilmiştir (Zhu vd. 2014).



Şekil 2.6 Stres yanıt ve toleransında kuraklık ile uyarılan genlerin fonksiyonları (Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki 2007'den değiştirilerek alınmıştır)

2.4 Sıcaklık Stresi

Yüksek sıcaklık stresi genellikle, sıcaklığın belirli bir süre bitki büyüme ve gelişmesinde geri dönüşümsüz zararlara neden olan, eşik seviyesinin üzerine çıkması olarak tanımlanır. Ortam sıcaklığının geçici olarak 10-15°C artması sıcaklık şoku ya da yüksek sıcaklık stresi olarak kabul edilir. Bitkilerin normal büyüme sıcaklıklarının üzerindeki sıcaklıklara maruz kalması, hücrede proteinin parçalanmasına neden olmakta, zar akışkanlığını değiştirmekte, tüm metabolik faaliyetleri etkileyerek, bitkilerde toksik oksijen türleri ile H_2O_2 radikal türevler oluşturarak oksidatif strese yol açmaktadır (Kotak vd. 2007, Kumar vd. 2015a, Xue vd. 2015). *Arabidopsis*'te yapılan bir çalışmada, 38°C ve oda sıcaklığında, sıcaklık stresi ve sıcaklık şoku faktörü bağımlı genlerin anlatımında oksidatif stres ve özellikle H_2O_2 'nin etkisi incelenmiş ve sıcak şoku protein genlerinin ve iki askorbat peroksidaz geninin mRNA seviyelerinin benzer düzeye ulaştığı belirlenmiştir. H_2O_2 'nin, sıcaklık stresi sinyal iletiminde çok önemli bir

bileşen olduğu ifade edilmiş ve oksidatif stresin sıcak şoku faktörünü aktif hale getirerek gen anlatımını etkilediği belirlenmiştir (Volkov vd. 2006).

Kloroplastlarda fotosentezin ışık reaksiyonunun gerçekleştiği tilakoid zarlar sıcaklığa daha hassastır. Bu nedenle tilakoid zara yerleşmiş olan fotosistemler yüksek sıcaklıktan olumsuz etkilenmektedirler. Yüksek sıcaklık nedeniyle lipid yapısındaki değişim, lipid-protein etkileşimini kararsız hale getirmekte ve fotosistem II'nin (PS II) organizasyonu ile işlevini olumsuz yönde etkilemektedir. Ayrıca yüksek sıcaklık nedeniyle fotofosforilasyon işlemi de engellenmektedir. Bu durum karbon özümlemesi için gerekli ATP miktarında azalmaya neden olmaktadır. Ayrıca PS II'de oluşan hasar, direkt olarak CO₂ tutma aşamasında kullanılan NADPH'nin miktarında azalmaya neden olmaktadır (Farooq vd. 2011, Feng vd. 2014). Yüksek sıcaklık nedeniyle net karbon özümlemesini azaltan bir diğer biyokimyasal olay fotorespirasyondur. Sıcaklık, stromadaki CO₂ ve O₂ konsantrasyonunun kontrolünde büyük bir rol oynamaktadır. Sıcak koşullarda O₂ konsantrasyonundaki artış nedeniyle Rubisco'nun oksijenaz aktivitesi artmaktadır (Farooq vd. 2011).

Optimum veya kötü gelişme koşullarında hücresel dengenin sağlanmasında, moleküler şaperonlar anahtar bileşenlerdir. Bunlar proteinlerin; katlanmasından, hücre içi dağılımlarından, alt ünitelerinin bir araya getirilmesinden, normal hücresel süreçte translokasyon ve yıkımlarından; ayrıca, stres koşulları altında protein ve zarların dengelenmesinden ve proteinlerin tekrar katlanmasından sorumludurlar. Moleküler şaperonların birçoğu stres proteinleridir ve bunlar HSP'ler (ısı şok protein) olarak tanımlanmışlardır (Kotak vd. 2007). Moleküler düzeyde sıcak-şoku tepkisi, HSP'lerin sentezlenmesiyle, hücresel aktivitelerin geçici olarak yeniden düzenlenmesi şeklinde gerçekleşmektedir. Sıcaklık stresi koşullarında hücreleri korumak için yeterli miktarda HSP'ler üretilmekte ve bu proteinler bitkiye daha yüksek düzeyde sıcaklık toleransı sağlamaktadır (Chauhan vd. 2012, Scharf vd. 2012). Isı-şoku proteinlerinin ekmeklik buğday bitkisinde ifade seviyeleri üzerine yapılan çalışmada, HSP26 proteinlerinin büyük ölçüde uyarıldığı bildirilmiştir (Chauhan vd. 2012). Ekmeklik buğday bitkisinin tolerant (HD2285) ve hassas (WH542) çeşitlerinde yapılan başka bir çalışmada, bitkiler 2'şer saat 15, 25, 35 ve 45°C'lik sıcaklıklara maruz bırakılmışlardır. HD2285 çeşidinin

HSP100 içeriđi bütün sıcaklık derecelerinde WH542 çeşidine göre daha yüksek bulunmuştur. Bununla birlikte her iki çeşitte de HSP 100 içeriğinde sıcaklık derecelerine bađlı olarak artış saptanamamıştır (Sumesh vd. 2008).

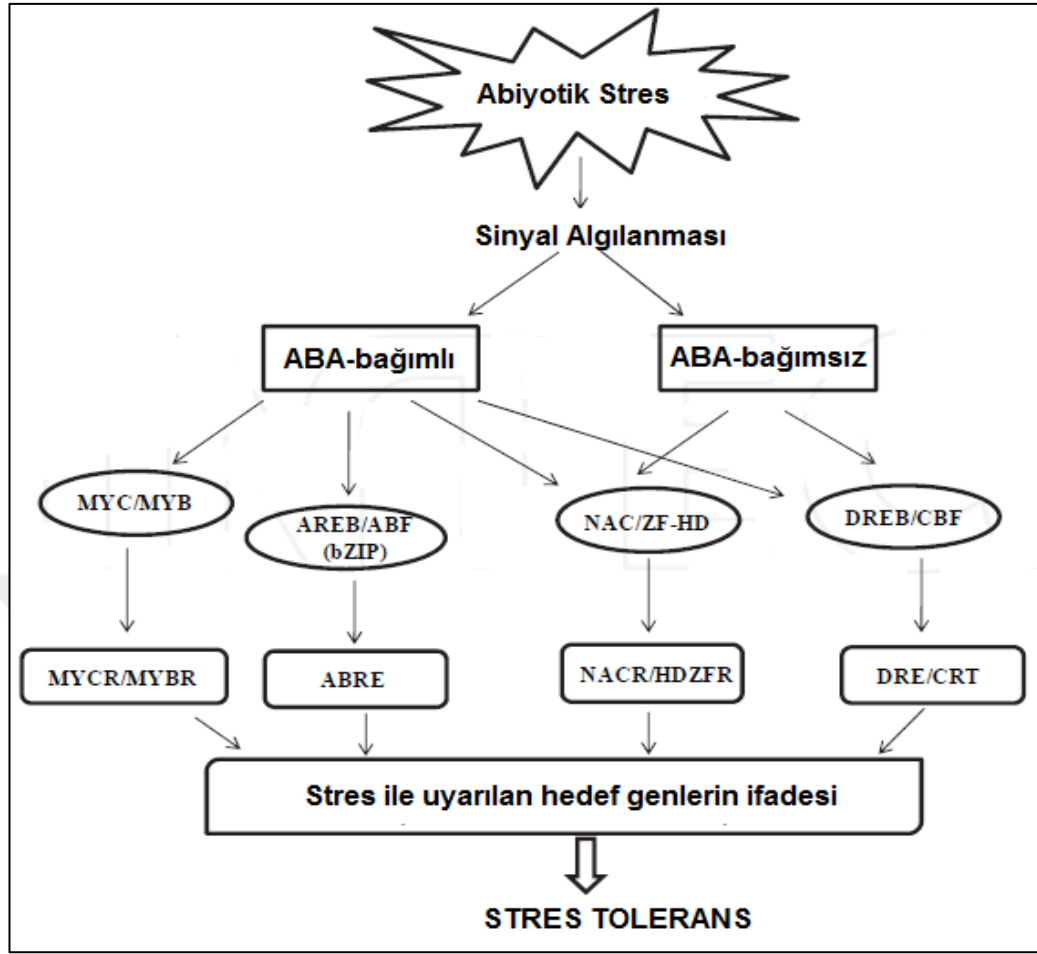
2.5 Kuraklık ve Sıcaklık Stresi ile Transkripsiyon Faktörlerinin İlişkisi

Gen ifadesinin transkripsiyon faktörleri aracılığıyla düzenlenmesi organizmalar arasında oldukça yaygın bir mekanizma olup, diziye spesifik olarak DNA'ya bađlanan proteinler ile ilgili genlerin promotör veya enhansır bölgelerinde yerleşmiş cis-elementler, aynı etkili elementler, arasındaki etkileşimlere dayanmaktadır (Baloglu vd. 2014). Transkripsiyon faktörleri, genlerin transkripsiyonunu düzenlemek için DNA üzerinde belli bir diziye bađlanabilen proteinlerdir. Gen anlatımının düzenlenmesinde görevli olan bu proteinler, kromozomu oluşturan uzun ikili sarmal yapıda bulunan özgün nükleotid dizilerini tanımakta, çift sarmalın çözülmesine gereksinim duymaksızın molekülün yapısal özelliklerine göre DNA'ya bađlanmaktadır. Transkripsiyon faktörleri DNA bađlanma bölgesine sahip olmanın yanında farklı olarak, transkripsiyonu aktive eden bölgeler 30 ile 100 aminoasitlik bir kısımdan meydana gelmektedir. Bu bölgeler ve bölgede bulunan aminoasitler, diđer transkripsiyon faktörleri ile veya doğrudan doğruya RNA polimeraz ile etkileşirler (Chen vd. 2012).

Kuraklık ve sıcaklık stresine karşı oluşturulan cevapta yer alan DNA elementleri ABA'dan sorumlu element (ABRE) ve dehidrasyondan sorumlu element (DRE) olmak üzere iki sınıf altında karakterize edilmiştir (Bartels ve Sunkar 2005) (Şekil 2.7). Bitkilerde bugüne kadar tanımlanan dehidrasyondan sorumlu elemente bađlanan tüm proteinler, AP2/EREBP transkripsiyon faktör ailesine aittir. Özgün nükleotid dizisine (5'-TACCGACAT-3') sahip olan DRE, ilk defa kuraklıktan sorumlu *rd29A* geninin promotöründe tanımlanmıştır (Yamaguchi-Shinozaki ve Shinozaki 1994). Bu proteinlerin yaygın özelliđi, DNA'ya bađlanan bölge olarak fonksiyon yapan ve AP2 bölgesi olarak adlandırılan yaklaşık 70 aminoasitten oluşan korunmuş bölgeleridir (Kizis vd. 2001). Diđer bir transkripsiyon faktör ailesi bZIP (lösın fermuar), yedi sıralı lösın tekrarlı temel aminoasitlerce zengin bölgeye sahiptir. Lösın tekrarları, transkripsiyon faktörünün iki DNA bađlanma bölgesinin dimerizasyonu için gerekli

olmakla birlikte, transkripsiyon faktörünün DNA ile etkileşimini de sağlamaktadır (Liu vd. 2012). WRKY transkripsiyon faktör üyeleri, 60 aminoasitlik korunmuş bölgesi ile DNA'ya bağlanmadan sorumludur. Bu proteinler özgün DNA dizi elementlerine ((T)(T)TGAC(C/T)) bağlanır. WRKY üyelerini kodlayan genlerin anlatımı ve bu proteinlerin DNA'ya bağlanma aktiviteleri kuraklık, sıcaklık, tuz etkisi, patojen saldırısı ve yaralanma aracılığıyla artmaktadır (Rushton vd. 2010). Ayrıca ERF, bHLH, MYB, NAC, Dof ve çinko parmak protein (ZF-HD, Zinc finger homeodomain) abiyotik stres faktörleri ile ilgili diğer önemli transkripsiyon faktörleridir (Lata vd. 2011).

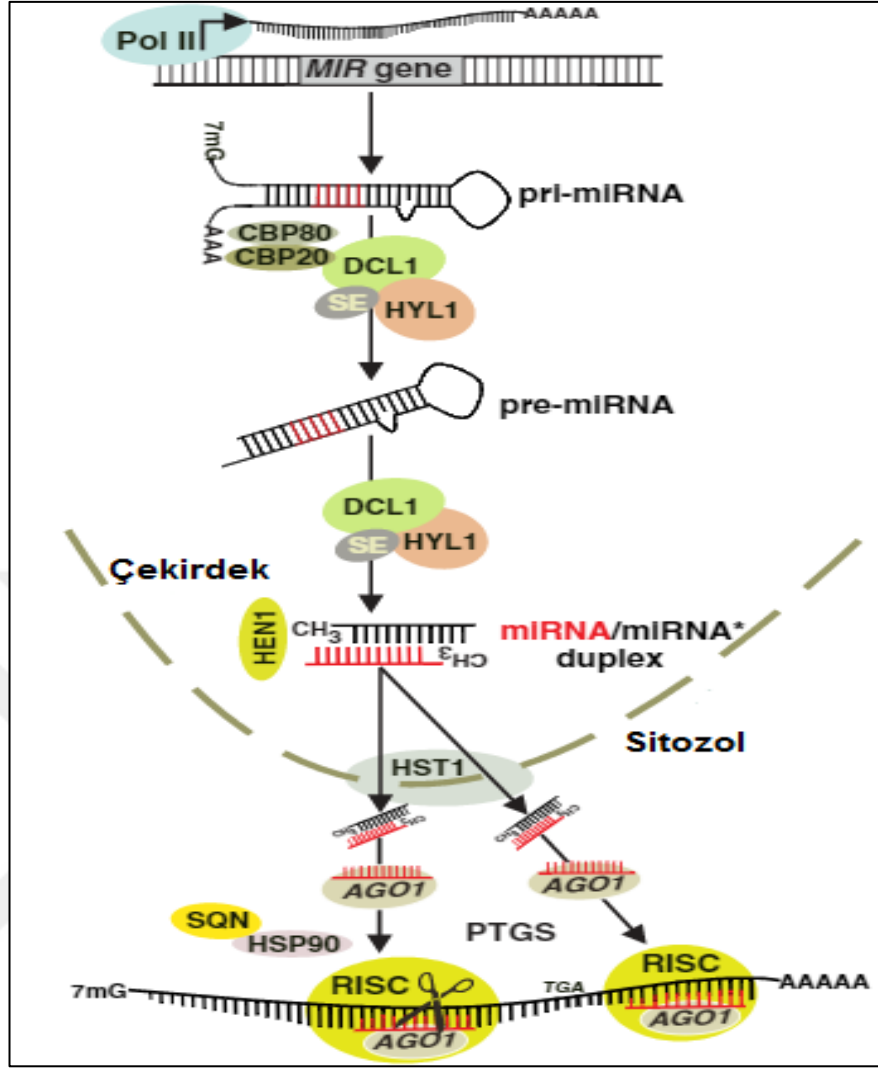
Ekmeklik buğday bitkisinde, transkripsiyon faktörleri ve abiyotik stres ilişkisine dair çeşitli çalışmalar yapılmıştır. Bitkilerde kuraklık ve sıcaklık stresi etmenlerine karşı gen ifadesinde önemli bir rol oynayan ERF transkripsiyon faktörü ile ilgili yapılan çalışmada, tütün (*Nicotiana tabacum* L.) bitkisi yapraklarında *TaERFI* ifadesi incelenmiş ve kuraklık, sıcaklık, tuzluluk ve patojen stresi sonucu indüklendiği belirtilmiştir (Xu vd. 2007). Shaw vd. (2009) tarafından yapılan çalışmada, fotosentez ve karbonhidrat metabolizmasının düzenlenmesinde dikkat çeken, Dof transkripsiyon faktör üyesine ait 31 tane *TaDof* geni tanımlanmıştır. Ergen vd. (2009) tarafından yapılan buğday transkriptom çalışmasında kuraklık stresi sonucu üç farklı WRKY transkripsiyon faktörü üyesi; *TaWRKY29*, *TaWRKY40* ve *TaWRKY90* tanımlanmıştır. Ekmeklik buğdayda yapılan başka bir çalışmada, yaprak dokusuna ait yaşlanma ile ilgili transkriptom analizi yapılmış ve AP2, MYB, GRAS, WRKY ve NAC transkripsiyon faktörlerinin ilgili olduğu bildirilmiştir (Gregersen ve Holm 2007). Nakashima vd. (2012) tarafından yapılan çalışmada ise, DRE/CRT bağlanma proteini tarafından kodlanan DREB2A geninin osmotik strese bağlı olarak indüklendiği bildirilmiştir. DREB2 geninin kuraklık toleransında rol aldığı ve aşırı ifadesi sonucunda ısı-şok (HS) protein genlerini uyardığı belirtilmiştir. Rahaie vd. (2010) yaptıkları çalışmada MYB transkripsiyon faktörü genlerinin buğdayda tuz ve kuraklık stresi altında arttığını göstermişlerdir. Buğdaya ait MYB transkripsiyon faktörlerinden *TaMYB30-B* geninin *Arabidopsis*'te de kuraklık stresine toleransı arttırdığı gösterilmiştir (Zhang vd. 2012).



Şekil 2.7 Abiyotik stres yanıtına katılan transkripsiyon faktörleri (Lata vd. 2011'den değiştirilerek alınmıştır)

2.6 Kuraklık ve Sıcaklık Stresi ile Bitki mikroRNA'larının İlişkisi

MikroRNA'lar, kendilerine özgü genler veya intron bölgelerinden kodlanan, proteine translasyonu gerçekleşmeyen, yaklaşık 20-24 nükleotit uzunluğunda, küçük RNA molekülleridir. miRNA'lar, birbirini izleyen üç adımlık işlem süreci sonucunda meydana gelmektedir. İlk adımda miRNA genlerinden veya bazı intronlardan primer miRNA (pri-miRNA)'ların transkripsiyonu gerçekleşir. İkinci adımda pri-miRNA'lar prekürsör miRNA (pre-miRNA)'lara çekirdek içerisinde dönüştürülür. Üçüncü ve son adımda olgun miRNA'ların sitoplazma içinde oluşumu gerçekleşir (Eldem vd. 2013) (Şekil 2.8).



Şekil 2.8 Bitkilerde miRNA'ların oluşumu ve çalışma mekanizması (Khraiweh vd. 2012'den değiştirilerek alınmıştır)

Bitki miRNA'ları organ gelişiminden, çiçeklenme zamanına, oksin hormon cevabından bitkide gerçekleşen birçok mekanizma da rol oynamaktadır. Buna ilave olarak, kuraklık, sıcaklık, soğuk, patojen cevabı, mineral-besin ve hatta mekanik stres gibi çeşitli stres yanıtında da görev almaktadırlar (Ambros 2003, Yang vd. 2007).

Aşırı sıcaklık, tuzluluk, besin eksikliği ve kuraklığı içeren abiyotik stres yanıtlarını, bitkilerde binlerce genin ifadesini kontrol ettiği ve bu genlerin bazılarının ise miRNA'lar tarafından düzenlendiği belirlenmiştir (Reyes ve Chua 2007, Khraiweh vd. 2012). miR172'nin ifadesinin, +4°C'de bekletilerek soğuk stresine maruz bırakılan

Arabidopsis bitkisinde, strese maruz kalmamış bitkiye kıyasla 2 kat arttığı ifade edilmiştir. Ayrıca kuraklık ve tuzluluk stresine maruz bırakılan tütün bitkisinde de miR172'nin ifadesinin arttığı tespit edilmiştir (Frazier vd. 2011, Xin vd. 2011). Tohum büyüklüğü ve tohum gelişimi üzerinde etkili olan miR159'da meydana gelen bir mutasyon sonrası tohumların küçük ve şekilsiz olduğu gözlenmiştir (Allen vd. 2007). Tohum çimlenmesinde rol alan *MYB33*, *MYB101* genlerinin aktiviteleri miR159 tarafından baskılanmaktadır. miR159'un fazla ifadesi absisik asite karşı duyarlılığı arttırmaktadır ve miR159 *MYB33*, *MYB101* ve *MYB65* transkripsiyon faktör genlerini hedefleyerek kuraklık, tuzluluk, bor toleransı, bakteriyal patojen yanıtında da görev almaktadır (Frazier vd. 2011, Xin vd. 2011, Alonso-Peral vd. 2012). miR160 ve miR167 birbirlerini regüle ederek, oksin hormonuna yanıtı sağlamakta olup oksin hormonu çiçek organ gelişimiyle de yakından ilişkilidir. miR167'nin bitkide fazla ifadesi çiçek organında kusurlar oluşturur. Ayrıca miR167'nin kuraklık, tuzluluk, soğuk, bakteriyal patojen gibi stres cevabında da rolü olduğu bilinmektedir (Xue vd. 2009, Yanik vd. 2013). Ayrıca bitkinin yaprak morfogenez, yaşlanma, çiçeklenme zamanı ve tohum gelişimi gibi biyolojik süreçlerinde yer alan SBP (SQUAMOSA promoter binding protein) transkripsiyon faktör ailesi miR156 tarafından kontrol edilmektedir. Birkaç miRNA'nın ifadesinde bir veya daha fazla stres uygulanmasıyla beraber artma veya azalma görülmüştür. miR393 NaCl, soğuk, kuraklık ve ABA uygulamasıyla yüksek oranda ifade olurken; miR397b ve miR402 tüm stres uygulamalarında hafif şekilde ifade olmuş, miR319c ise soğuk stresıyla aşırı ifade olmuş; ancak kuraklık, NaCl veya ABA streslerinde bu duruma rastlanmamıştır (Liu vd. 2008, Sunkar vd. 2012).

2.7 Transpozon Elementler

Transpozonlar, bir hücrenin genomunda farklı yerlere, transpozisyon olarak adlandırılan bir süreçle hareket edebilen dizilerdir. Transpozonlar kromozomlarda yeni yerleştikleri yerlerdeki genlerin anlatımlarını değiştirir. Sonuçta var olan genetik verileri etkileyerek gen anlatımında önemli değişikliklere neden olurlar. Bununla birlikte replikasyonla çoğalan DNA transpozonları ve retrotranspozonlar genom büyümesine yol açar. Transpozonlar; insersiyon, inversiyon, delesyon, duplikasyon gibi olayları uyararak

mutasyonlara ve böylece yeni allellerin oluşmasına sebep olurlar. Bu yeni oluşumlar evrimsel süreçte yeni türlerin ortaya çıkmasında etkili bir mekanizma olarak görülmektedir (Bennetzen 2000, Mao vd. 2015). Çok sayıda bilimsel çalışma, türlerin evrimsel geçmişinde tek bir genin replikatif transpozisyonu yoluyla gen ailelerinin ortaya çıkmış olduğunu ve bu sayede türlerin farklı gelişimsel ortamlara uyum sağlayabildiklerini öne sürmektedir (Daron vd. 2014, Zytynicki vd. 2014). Transpozonlar, gen anlatımını hem metil gruplarının komşu bölgeleri etkilemesi sayesinde, hem de RNAi (RNA interferans) mekanizması ile transkripsiyona engel olarak düzenlerler. Bu epigenetik gen düzenlenmesi sayesinde transpozonlar, embriyonik gelişim sırasındaki doku farklılaşmasından, ergindeki farklı dokuların farklılıklarının korunmasına kadar birçok mekanizmada görev almaktadırlar (Jurka 2008). Ayrıca bazı transpozonların çeşitli biyotik ve abiyotik stresler ile aktive olduğu bulunmuş ve aktive olan bu transpozonların bitkide savunma sisteminde, sinyal yolağının uyarılması, sekonder metabolitlerin biyosentezini tetikleyen reaksiyonlar ile ilişkili olduğu ortaya konmuştur. Lopes vd. (2013), kahve genomunda transpozon elementlerin kromozom dağılımı, transkripsiyonel aktivitesi ve stres yanıtı ile ilişkisine dair yaptıkları çalışmada transpozon ifadesinin kuraklığa toleranslı kahve çeşitinde (*Coffea arabica* L.) yüksek seviyede, kuraklığa hassas kahve çeşitinde ise daha düşük seviyede olduğunu tespit etmişlerdir. Yapılan başka bir çalışmada mısır (*Zea mays* L.) bitkisinde abiyotik stres (sıcaklık, soğuk, UV ve tuzluluk) yanıtından sorumlu genlerin aktivasyonuna katılan transpozon elementler incelenmiş ve stres yanıtında transpozon ifadesinin %20-33 oranında arttığı bildirilmiştir (Makarevitch vd. 2015). Ekmeklik buğday bitkisinde (*Triticum aestivum* L. cv. Chinese Spring) yapılan bir çalışmada ise, transpozon ve retrotranspozonların, kuraklık stresine yanıt olarak CS_AL-10 kromozom delesyonunu uyararak ifade seviyelerinde artış olduğu bildirilmiştir (Aprile vd. 2009).

2.8 Transkriptom Kavramı

Transkriptom, bir hücre veya dokuda ifadesi gerçekleşen tüm işlevsel RNA elementlerine verilen genel bir ifadedir. Genomdan transkripsiyon yoluyla sentezi gerçekleşen; protein-kodlayan (mRNA) ve protein-kodlamayan (rRNA, tRNA, miRNA, snRNA, snoRNA, lncRNA, piwi-RNA, vb.) tüm RNA türlerinin belirlenmesi hücrenin

yapısı ve karakteristik işlevleri hakkında temel bilgi sağlamaktadır. Uzun süredir transkript verilerinin elde edilmesi için; ifade edilmiş dizi etiketleri (EST) dizileme, gen ekspresyonlarının seri analizi (SAGE), gen ifade mikroarrayleri gibi hibridizasyona veya klonlama-dizilemeye (Sanger) dayalı yöntemler kullanılmıştır (Wang vd. 2009).

Genom sekansının belirlenmesinde yaygın olarak kullanılan Sanger (-dideoksi) metodu, zincir sonlandırma metodu olarak da bilinmektedir. Sanger metodu özellikle uzun DNA parçalarını dizilemek için kullanılır (Schuster 2007). Bu yöntem ile bir defada dizi analizi yapılamayacak kadar uzun DNA'lar, önce küçük parçalara bölünür ve parçaların her biri uygun bir plazmide klonlanarak doğru vektöre aktarılır ve klonlanan plazmitler Sanger metodu ile tek tek dizilenir. Bu dizilerin biyoenformatik analizlerle bir araya getirilmesi ile uzun DNA parçasının dizisi elde edilir (Üstek vd. 2011). Sanger metodu ile uzun DNA bölgelerinin dizilenmesi için, dizileme öncesi uygulanması gereken klonlama ve koloni seçimi işlemlerinin çok uzun süre alan işlemler olması nedeniyle alternatif dizileme yöntemleri araştırılmış ve yeni nesil dizileme teknolojileri keşfedilmiştir.

Yeni nesil dizileme teknolojisi, genom büyüklüğünden bağımsız bir şekilde bütün organizmalarda güvenilir sonuçlar elde edilmesini sağlaması, daha az dizileme gerektirmesi, baz başına dizileme maliyetinin daha düşük olması, hızlı, otonom ve kolay uygulanabilir olması sebebiyle genom düzeyinde yürütülen çalışmalarda çarpıcı değişimlere yol açmıştır (Hawkins vd. 2010). Yeni nesil dizileme teknolojileri ile; genom, transkriptom, DNA-protein etkileşimlerinin geniş kapsamlı analizi ucuz, rutin ve yaygın bir hale dönüştürüldüğünde biyolojik araştırmaları önemli ölçüde hızlandırma potansiyeline sahiptir. Bu kapsamda yeni nesil dizileme teknolojisi; mRNA, küçük RNA profili, transkripsiyon faktör bağlanma bölgelerinin genom boyu karakterizasyonu, kromatin yapısı ve metilasyon paterni, atasal DNA mikrobiyolojisi ve metagenomik için yeni ve hızlı yollar sağlamaktadır (Trapnell vd. 2010, Koboldt vd. 2013).

2.8.1 Yeni nesil dizileme teknolojileri

Yeni nesil dizileme teknolojisi (Next Generation Sequencing, NGS) olarak bilinen ikinci ve üçüncü nesil dizileme yöntemi, eş zamanlı olarak milyonlarca DNA fragmentinin dizilenmesine olanak tanıyan ileri düzey bir yöntemdir. Bu teknoloji sayesinde, organizmanın DNA dizisine ilişkin milyarlarca nükleotid dizisi birkaç gün içinde belirlenebilmektedir (Mardis 2008). Yeni nesil dizileme teknolojisinin ortaya çıkışı ve geliştirilmesi ile birlikte, hücrenin transkriptom profili ve dinamiği nükleotid bazında araştırılmakta olup, transkriptom analizleri kapsamında bu teknoloji RNA-dizileme (RNA-Seq) olarak adlandırılmaktadır. RNA-dizileme teknolojisi ile; hücrenin transkriptom kompozisyonu belirlenebilir, yeni transkriptler keşfedilebilir, transkript yapısı, yani alternatif kırılma sonucu oluşan transkript izoformları ortaya konulabilir, her bir transkriptin ifade düzeyi yüksek doğrulukla tespit edilebilir (Trapnell vd. 2010).

Günümüzde, farklı kimyasal reaksiyonları temel alan yeni nesil dizileme yöntemleri geliştirilmiştir. Bunlar içerisinde; Roche 454, Illumina Genome Analyzer, Pasific BioScience, Heicos BioScience, Applied BioSystem SOLID, Ion Torrent, Complete Genomics, Oxford Nanopor önde gelen teknolojiler olarak belirtilmektedir (Türktaş vd. 2015). Mevcut yeni nesil dizileme teknikleri benzer olarak üç temel aşamayı takip eder; DNA'nın sonikasyon veya nebulizasyon aracılığıyla rastgele kesilmesi, evrensel adaptörlerin kesilmiş DNA fragmentlerine bağlanması ve immobilizasyon ve amplikon kümelerinin oluşturulması için adaptör bağlı fragmentlerin çoğaltılmasıdır (Shendure ve Ji 2008). Her bir sistemi öne çıkaran bir takım özellikler mevcuttur. Bu özellikler genel olarak; okuma uzunluğu, dizileme derinliği, oluşturduğu veri büyüklüğü (giga baz), çalışma süresi ve maliyeti olarak sıralanabilir (Metzker 2010). Örneğin; Illumina Genome Analyzer cihazının okuma uzunluğu yaklaşık 100 baz çifti (bç) iken, bu uzunluk Roche 454 GS FLX sisteminde 1.000 bç'ye kadar çıkmaktadır (Çizelge 2.1).

Sentez yoluyla dizileme teknolojisini kullanan Illumina/Solexa teknolojisi bitki çalışmalarında kullanılan platformlardan birisidir. Bu tekniğin temeli, her biri farklı floresans boya ile etiketli dört sonlandırıcı nükleotidin dizileme-sentez esasına dayanır. Tek bir DNA molekülünün bir ucunda adaptör kullanılarak sağlam bir yüzeye bağlı

moleküller daha sonra tamamlayıcı adaptörlerle hibridize olarak, tamamlayıcı ipliklerin sentezini oluşturur. Amplifikasyon aşamasından sonra, 40 milyondan fazla küme ile akım hücresi (flowcell) üretilir, her küme tek bir kalıp molekülden yaklaşık 1000 klon kopyadan oluşur. Sonlandırıcılar, dört farklı renk ile işaretlidir ve baz uzunluğuna göre birbirlerinden ayrılırlar. Illumina tekniği, homopolimerik dizileri uzatmada Roche 454 teknolojisinden daha etkili olmasına rağmen, kısa okuma dizileri üretmekte ve bu nedenle kısa dizi tekrarları çözümlenememektedir. Ayrıca modifiye DNA polimeraz ve geri dönüşümlü sonlandırıcılar kullanıldığından dolayı Illumina dizi datasında hatalar olabilmektedir (Mardis 2008, Metzker 2010).

İlk yeni nesil dizileme teknolojisi olan Roche 454 GS FLX teknolojisi, 2005 yılında kullanılmaya başlanmıştır. Bu teknoloji, son yıllarda en fazla kullanılan ve hakkında araştırma yayını yapılan yeni nesil dizileme teknolojisidir. Pirodizileme teknolojisini yani; enzimatik DNA sentezi sırasında pirofosfatın (PPi) serbest bırakılması esasına dayanan eş zamanlı dizileme stratejisini kullanan Roche 454 GS FLX teknolojisinde dizilemenin temeli, DNA polimeraz aktivitesinin kemilüminesans bir enzim aracılığıyla tespitine dayanmaktadır. Ayrıca bu teknoloji emülsiyon PZR'ın avantajlarından da yararlanmaktadır. Emülsiyon PZR'da, bireysel DNA parçaları taşıyan streptavidin boncuklar ayrı emülsiyon damlacıkları içinde yakalanır. Bireysel amplifikasyon reaktörleri olarak davranan damlacıklar, boncuk başına yaklaşık 10^7 klonal kopya DNA kalıbı üretmektedir (Margulies vd. 2005, Morozova ve Marra 2008). Roche 454 GS FLX sisteminin en avantajlı özelliği hızıdır. Dizilemenin başlangıcından bitimine kadar harcanan süre 10 saat olup, okuma uzunluğu, diğer yeni nesil dizileme yöntemleri ile karşılaştırıldığında seçkin bir özellik olarak ayrılmaktadır. Fakat maliyet olarak diğer sistemlere göre yüksek bir değer arz etmesi, Roche 454 sisteminin dezavantajı olarak kabul edilmektedir (Liu vd. 2012).

Çizelge 2.1 Yeni nesil dizileme teknolojilerinin karşılaştırılması (Hui 2014, Van Dijk vd. 2014, Goodwin vd. 2015’den değiştirilerek alınmıştır)

Platform	Roche 454 GS FLX	Illumina	ABI/SOLID	Heicos Bioscience	Pacific Bioscience	Ion Torrent	Oxford Nanopore
Yeni nesil dizileme	İkinci nesil	İkinci nesil	İkinci nesil	İkinci nesil	Üçüncü nesil	Üçüncü nesil	Dördüncü nesil
Dizileme yolu	Pirodizileme	Sentez yoluyla dizileme	Ligasyon yoluyla dizileme	Tek molekül dizileme	Gerçek zamanlı dizileme	Sentez yoluyla dizileme	Tek molekül dizileme
Tespit kimyası	Kemilüminesans	Floresans	Floresans	Floresans	Floresans	Proton salınımı	Elektrik akımı
Okuma uzunluğu (nt)	400-750	150	25-35	25-30	10,000	100-200	5,400
Dizileme verimi (Gb)	0.70	1,000-1,200	120	25	0.5-1.0	100	Bilinmiyor
Verimliliği	Yüksek	Çok yüksek	Çok yüksek	Yüksek	Yüksek	Çok yüksek	Bilinmiyor
Hata oranı	%0.1	%0.1	%0.01	%0.1	%10	%2	%4
Çalışma süresi	10 saat	1-10 gün	8 gün	8 gün	0.5-2.0 saat	2 saat	0.25-6.0 saat
Avantajı	-Uzun okuma uzunluğu >400 nt	-100 pg’dan az örnek miktarı -Yüksek verim ve doğruluk	-Yüksek doğruluk	-Pratik örnek hazırlama -Doğrudan nükleik asit dizileme	-DNA çoğaltımına ihtiyaç duymaması	-Yüksek doğruluk -Kısa çalışma süresi	-En hızlı genom dizileme platformu
Dezavantajı	-Homopolimerik bölgelerde hata oranı -Uzun ve yorucu örnek hazırlama aşamaları	-Kısa okuma uzunluğu <200 nt	-Yüksek başlangıç materyali -Uzun okuma süresi -Kısa okuma uzunluğu <40 nt	-Uzun okumalar için yüksek hata oranı	-Yüksek hata oranı	-Tekrarlı dizi bölgelerde yüksek hata oranı	-Yüksek hata oranı

2.8.2 Yeni nesil dizileme teknolojilerinin avantajları

Yeni nesil dizileme teknolojilerinin yüksek doğruluk ve ultra hızlı olarak dizileme yapabilme kapasiteleri sayesinde; transkriptom analizi, ploidi seviyesinin belirlenmesi, moleküler markör geliştirme ve mRNA profilinin belirlenmesi gibi birçok çalışmada kullanılabilmektedir. Gerçekleştirilen RNA-dizileme çalışmaları sonucunda, buğday gibi büyük genomlara (~17Gb) sahip bitkilerde nadir bir transkripti veya varyantı belirlemek daha çok dizileme derinliği gerektirmektedir. Yeni nesil dizileme araçları, daha az maliyet ve daha kısa bir süre içinde derin okuma seviyesine ulaşmakta olup, dizileme sistemlerinin daha da gelişmesi ile ortaya çıkan bir yenilik olarak kabul edilmektedir (Garber vd. 2011).

Yeni nesil dizileme ile gerçekleştirilen transkriptom analizine ait veriler, yeni bir transkript dolayısı ile yeni bir fonksiyonu kodlayan genlerin tespit edilmesi için güçlü bir araç niteliğindedir. Bu anlamda hücredeki tüm transkriptoma bütüncül olarak bakılmasını sağlayarak, bir kısım farklı hücre ve türün organizasyonu hakkında bilgi elde edilmesine olanak sağlamaktadır. Bu özellik yeni nesil dizileme teknolojisinin en önemli avantajlarından biri olarak görülmektedir. Bunun yanı sıra, bu teknoloji ile transkriptler arasında sekans farklılıkları hakkında geniş bir bilgi elde edilirken, transkripsiyonel mutasyonlar ve genomik içerikleri hakkında bilgiler içeren zengin bir ürün ortaya koymaktadır (Korpelainen vd. 2014). Ekzonların birbiriyle bağlantısı ve alternatif eklenme olgusu ile transkriptler içerisindeki varyasyonlara ait dizileri de ortaya çıkarmak için yenilikçi birer araç olarak kullanılmaktadırlar. Ayrıca dizileme teknolojisi, fonksiyonel gen haritasını çıkarmak amacı ile yapılan çalışmalarda, bir allele ya da izoform yapılarına özgün gen ifade bilgisini sağlayan, ekzon sınırlarını ve UTR uzunluklarını belirleyebilen, güvenilir bir araç olarak da kullanılmaktadır (Wang vd. 2009, Robertson vd. 2010).

RNA-dizileme tekniğinin tek baza kadar belirleme çözünürlüğünün olması özelliği, genlerin tam ve güvenilir bir şekilde atıflandırılmasında önem kazanmaktadır. Ayrıca gen sınırları bilinen transkriptlerde bulunan intronların yanında yeni belirlenmiş transkript bölgelerinin tanımlanması 3' sınırlarında poli-A etiketlerinin tespit edilmesi

ile sağlanmaktadır (Cloonan vd. 2008). Yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak yapılan RNA-dizileme, RNA ifade seviyelerinin kesin olarak belirlenmesinde önemli bir araçtır. Bir hücre popülasyonundaki her molekülün tam miktarının belirlenmesi ve deneylerden elde edilen sonuçların karşılaştırılması çeşitli metotlar kullanılarak tespit edilebilmektedir. RNA parçalanmasını takip eden, her ekzonun daha benzer kapsamını ve gen ifade seviyelerini veren cDNA sentezi toplam okuma sayısından anlaşılabilir. Bu okumalar, bir genin ekzonlarında yer alan, benzersiz olarak haritalanmış ekzonların uzunlukları tarafından standartlaştırılmıştır (Cloonan vd. 2008). Okumaların dijital olarak belirlenmesi için yaygın olarak kullanılan metodlardan biri olan RPKM (Reads per Kilobase per Million Mapped Reads) yani her haritalandırılmış milyon okumaya karşılık gelen kilobaz okuma sayısı, bir muameleye tabi tutulmuş genlerin ifadelerini birbirleri ile karşılaştırmaktadır (Mortazavi vd. 2008). Ayrıca RNA-dizileme teknolojisinde, mikroarray tekniğinde olduğu gibi önceden bilinen herhangi bir sekans bilgisine, böylece ikincil yapı bilgisine ve önceden bilinen bir sekansı baz alarak herhangi bir prop dizaynına ihtiyaç duyulmaz. Bu nedenle, herhangi bir bireydeki transkriptom profillemesi, özellikle model olmayan bir tür için çok ilgi çekici görülmektedir. Bu amaç için yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak elde edilen RNA-dizileme verileri, *de novo* gen modeli analizinde kullanılabilir (Wang vd. 2009).

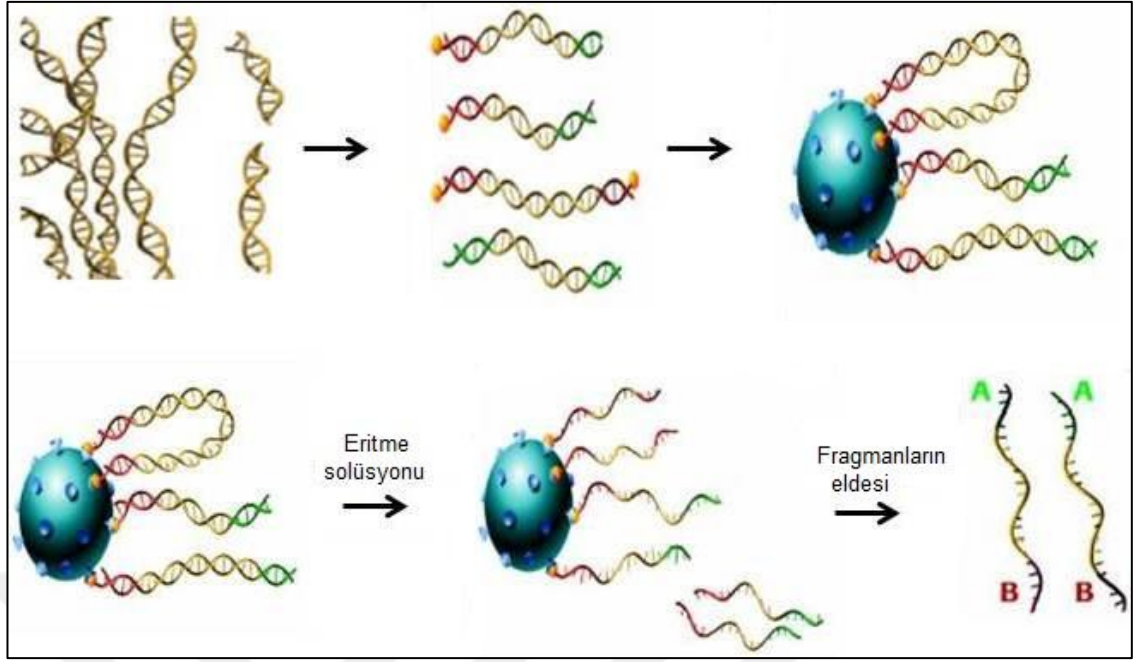
Moleküler markör geliştirme çalışmaları kapsamında, DNA'da tek baz değişimini ifade eden tek nükleotid polimorfizmi (SNP veya nokta mutasyonu) yeni nesil dizileme teknolojileri ile belirlenebilir ve SNP genetik varyasyonların belirlenmesinde ve bağlantı haritalarının oluşturulmasında kullanılabilir. Tüm prokaryot ve ökaryotlarda DNA üzerinde 1-6 nükleotid arasında tekrar eden dizileri ifade eden basit dizi tekrarları (SSR) yüksek mutasyon oranı ve buna bağlı olarak yüksek polimorfizm oranından dolayı bağlantı haritalarının geliştirilmesinde, kantitatif özellik lokusu (QTL) haritalamada, markör destekli seleksiyon uygulamaları için oldukça uygundur (Davey vd. 2011). Sonuç olarak, son yıllarda geliştirilen ve en önemli teknolojilerden biri olarak karşımıza çıkan yeni nesil dizileme teknolojileri ile yürütülen çalışmalar oldukça önemli olup, hızla devam etmektedir.

2.8.3 Roche 454 GS FLX+ dizileme teknolojisi

Pirodizileme esasına dayanan Roche 454 GS FLX+ teknolojisi, klonlama yapmaksızın, 7.5-10 saatte 100-500 milyon bazlık dizileme yapmaktadır. Bu sistem daha önce yıllar alan dizileme projelerini haftalar içinde sonuçlandırmayı mümkün kılmıştır. DNA'nın çift sarmallı yapısını bulan Nobel ödüllü araştırmacı Dr. James Watson'ın genomu bu yöntemle dizilenmiştir. Yine Neandertal genomu ve nesli tükenen mamut türünün genomu bu yöntemlerle kısa sürelerde, bütünüyle dizilenebilmiştir. Bu yöntem bu tip karmaşık genomların haricinde, bakteri ve virüs gibi daha basit genomların da kısa süre içerisinde dizilenebilmesini sağlar. Okuma uzunluğu ve reaksiyon süresinin kısa olması ile diğer platformlardan önemle ayrılmaktadır.

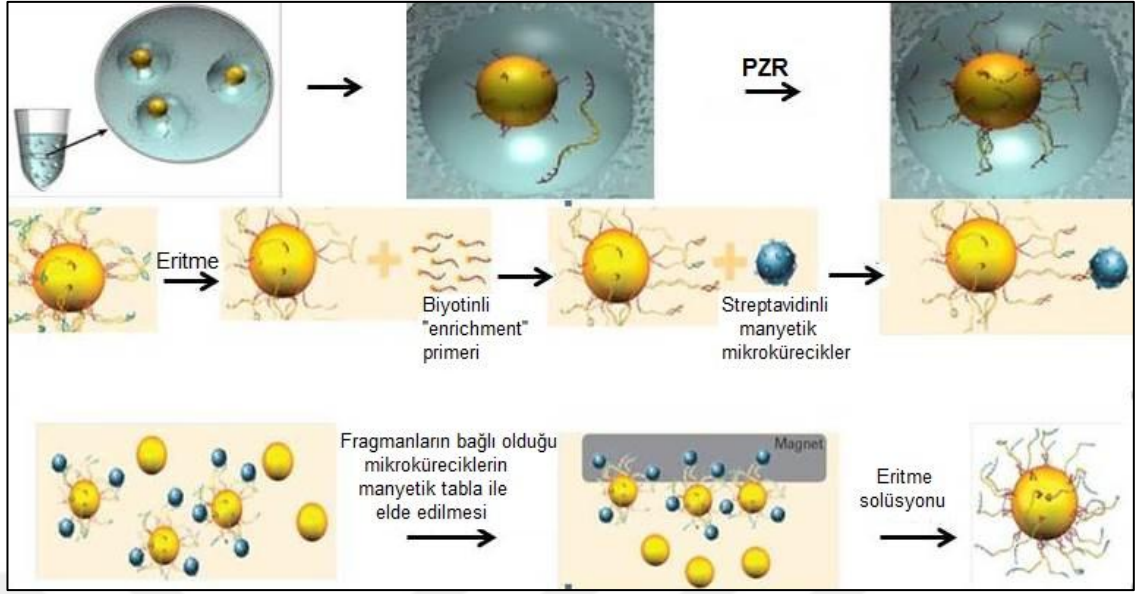
Roche 454 GS FLX+ dizileme teknolojisi temel olarak 4 adımdan oluşmaktadır; RNA fragmentasyonu ve cDNA kütüphanesinin oluşturulması, emPZR ile klonal çoğaltım, nükleotid dizileme aşaması ve veri analiz işlemidir.

- **cDNA kütüphanesinin hazırlanması:** Oluşturulacak kütüphane ile, uçlarında dizileme için gerekli olan adaptörlerin bağlı olduğu ve tüm transkriptleri kapsayan tek zincirli DNA parçaları elde edilmektedir. Öncelikle RNA fragmentasyonu sonrasında, sentezlenen iki zincirli cDNA uygun bir yöntem ile küçük parçalara ayrılır. Fragmentlerin uçları, adaptörlerin bağlanabilmesi için künt uç olarak tamamlanır. Ardından, ligaz enzimi yardımıyla DNA fragmentlerinin bir ucuna kit içerisinde bulunan "A" ve diğer ucuna da biyotin bağlı "B" adaptörleri eklenir. Adaptör bağlanan fragmentler, ardından library immobilization bead denilen streptavidin kaplı mikroküreciklere bağlanır. Tampon çözelti ile yıkanarak, biyotin bağlı olmayan DNA fragmentleri uzaklaştırılır. Bu işlemin ardından DNA polimeraz enzimi ile adaptör bağlı olmayan çentikli ikinci zincirler tamir edilir ve iki zincirli künt-uçlu fragmentler sentezlenir. Tek zincirli DNA kütüphanesini elde edebilmek için, sodyum hidroksit solüsyonu içerisinde ve belirli bir sıcaklıkta inkübasyon ile, çift zincirli DNA fragmentleri ayrılır ve biyotin bağlı olmayan zincir, mikroküreciklerden ayrılır ve ayrılan tek zincirli fragmentler elde edilir (Şekil 2.9).



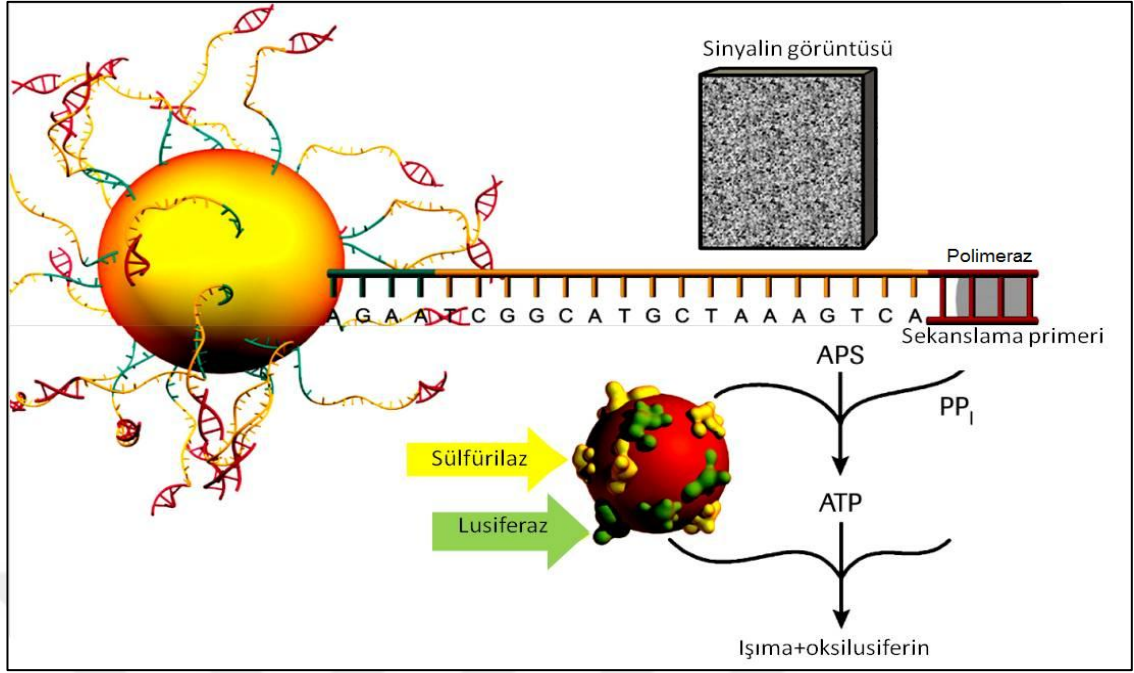
Şekil 2.9 Dizileme için tek zincirli DNA kütüphanesinin hazırlanması (<http://www.454.com>)

- **Emülsiyon PZR:** Pirosekanslama teknolojisinin temelini oluşturan emülsiyon PZR reaksiyonu, özel mikroküreciklerin yüzeyine, tek bir DNA fragmentinin bağlanarak su-yağ ortamında PZR ile çoğaltılması prensibine dayanmaktadır. Bir önceki aşamada elde edilen her iki ucunda adaptör bağlı fragmentler, yüzeyinde adaptörlere bütünleşik oligonükleotidler taşıyan özel mikroküreciklere bağlanır ve emülsiyon yağı içerisinde PZR gerçekleştirilir. PZR sonucunda, her bir mikrokürecik üzerinde yaklaşık olarak 10 milyon fragment kopyası elde edilir. Mikrokürecik üzerindeki çift zincirli DNA'yı, tek zincire çevirmek için, eritme solüsyonu eklenir. Ucunda biyotin bağlı "enrichment" primeri mikrokürecik üzerindeki tek zincirli DNA'ya bağlanır ve ortama streptavidin kaplı manyetik mikrokürecikler eklenir. Manyetik konsantratör tablası kullanılarak, üzerinde DNA fragmenti olmayan boş mikrokürecikler uzaklaştırılır ve sadece avidin-streptavidin birleşmesi sonucu üzerinde fragment bulunduran mikrokürecikler toplanarak, emülsiyon PZR ürünleri zenginleştirilmiş olur (Şekil 2.10).



Şekil 2.10 Emülsiyon PZR ile klonal çoğaltım (<http://www.454.com>)

- **Dizileme:** Emülsiyon PZR sonucu elde edilen mikroküreciklerin sayısı hesaplanır ve titrasyon yapılarak, belirli konsantrasyona sahip emülsiyon ürünleri hazırlanır. Ardından fragmentlerin ucunda bulunan adaptöre bütünleşik olan, sekanslama primeri ortama eklenir ve DNA fragmentine bağlanır. Elde edilen mikrokürecik üzerindeki fragmentler, her bir kuyucuğuna sadece bir mikroküreciğin girebileceği büyüklükte kuyuları olan özel plakalara yerleştirilirler. Plakalara belirli bir sıra ile hazırlanan örnek ve üç farklı mikrokürecik yerleştirilir. Öncelikle enzim mikrokürecikleri, ardından sayısı hesaplanmış bir ucunda sekans primeri bağlı olan fragmentlerin bağlı olduğu DNA mikrokürecikleri, Packing mikrokürecikleri plaka üzerine eklenir. Ardından tekrar enzim mikrokürecikleri eklenir ve en son PPiase mikrokürecikleri eklenir. Dizilerin cihaz tarafından tanımlanması, sentez sırasında açığa çıkarılan kemilüminesans ışımının algılanması prensibine dayanmaktadır. Polimeraz tarafından fragmentlere tamamlayıcı olan nükleotid eklendiği zaman pirofosfat (PPi) açığa çıkar. Sülfürlaz enzimi, açığa çıkan bu pirofosfatı ATP'ye çevirir. Çevrilen ATP, lüsiferaz enzimi için enerji kaynağı olarak kullanılır ve lüsiferin oksilüsiferine dönüştürülür. Bu sırada da kemilüminesans ışımaya olur. Her bir nükleotid takıldığı zaman ortaya çıkan bu ışımaya cihaz içerisindeki CDD kamera tarafından algılanır ve bu sinyaller bilgisayar ortamına aktarılarak dizi bilgisi elde edilir (Şekil 2.11).



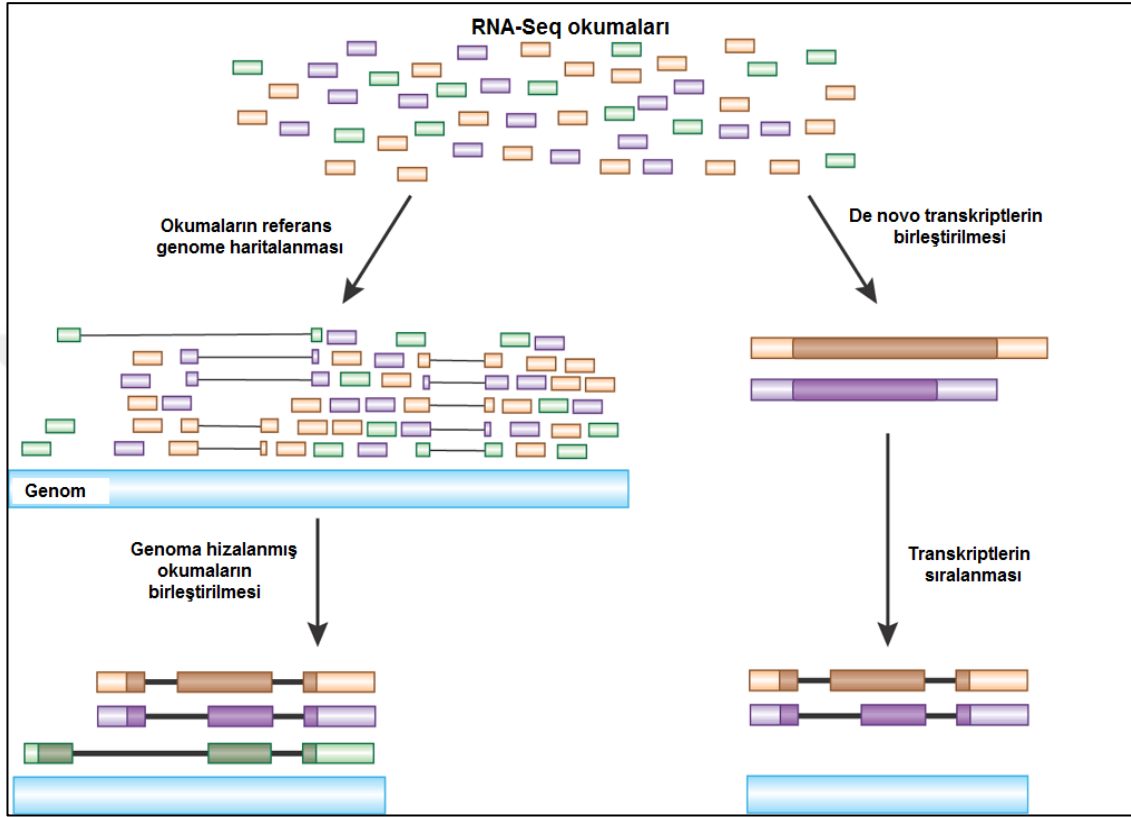
Şekil 2.11 Roche 454 GS FLX+ cihazında kemilüminesans ışımaya sonuca dizilerin okunması (<http://www.454.com>)

2.8.4 Dizileme sonrası uygulanan biyoenformatik analizler

Transkript dizilerinin analizi için çeşitli programlar olmakla birlikte, dizilerin biyoenformatik analizinde izlenecek aşamalar; ham dizilerin işlenmesi ve kalite kontrolü, referans genomu veya transkriptomik veri setleri olmayan organizmalar için *de novo* dizilerin birleştirilmesi, referans genomu mevcut olan organizmalar için dizileme sonucu elde edilen okumaların genoma hizalanması veya haritalanması, gen ifade analizlerinin yapılması ve biyolojik bir çıkarım elde edilmesinden oluşmaktadır (Şekil 2.12) (Haas ve Zody 2010).

Yeni nesil dizileme cihazlarının yüksek doğruluk oranlarına rağmen, baz dizilerini her zaman tam doğrulukla okumayabilirler. Dizileme cihazlarının nükleotid sırasını hatalı, eksik ve düşük kaliteli okuması, sonradan gerçekleştirilecek biyoenformatik analizler için ana problem olarak karşımıza çıkmaktadır. Bu nedenle elde edilen ham dizilerin, kalite kontrollerinin gerçekleştirilmesi ve biyoenformatik analize hazır, yüksek kaliteli dizilerin elde edilmesi gerekmektedir. Ham dizilerin işlenmesi aşamasında öncelikle;

NGS QC (<http://www.ngs-qc.org/>) veya Lucy (<http://lucy.sourceforge.net/>) benzeri araçlar ile dizileme platformlarının kendine özgü programları kullanılarak fragmentlerin ucundaki adaptörler ve düşük kaliteli okumalar uzaklaştırılır.



Şekil 2.12 Referans temelli ve *de novo* transkriptlerin birleştirilmesi (Haas ve Zody 2010'dan değiştirilerek alınmıştır)

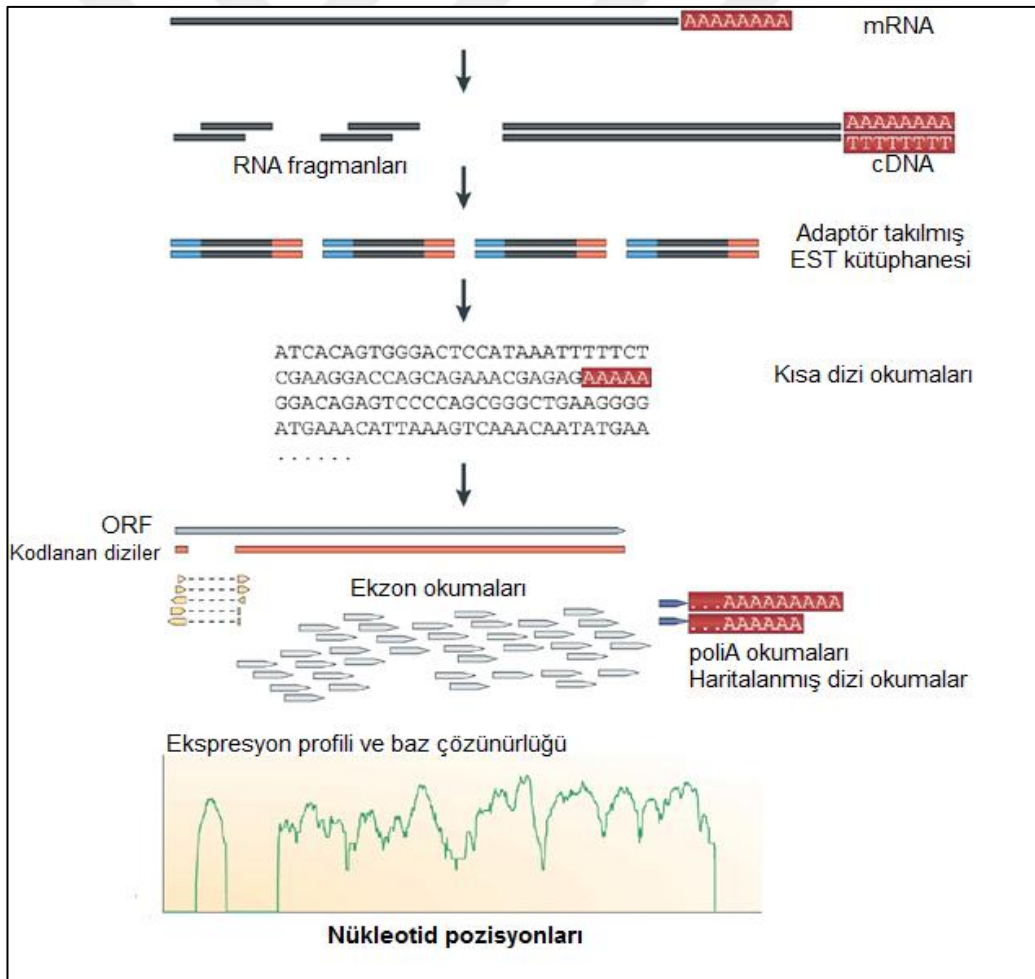
Daha sonra, mikrosatellit gibi basit tekrar dizileri, "low complexity" kısa tekrarlı bölgeleri (örneğin; poli-A kuyruğu) ve diğer tekrar bölgeleri tespit etmek için, bilgi bankalarında bulunan tekrar bölgeleri CrossMatch algoritması kullanılarak ve diğer parametreler değiştirilmeden RepeatMasker (www.repeatmasker.org) programı kullanılabilir. Ayrıca bu amaç için, hem programda mevcut dizi kütüphanesi, hem de TREPtotal (Triticeae Repeat Sequence Database, <http://wheat.pw.usda.gov/ITMI/Repeats>), RepBase (Jurka vd. 2005), TIGR (<http://www.tigr.org/tdb/e2k1/plant.repeats>) tekrar dizisi bilgi bankalarında bulunan tekrar dizileri, elde edilen diziler ile karşılaştırılır. Bulunan tekrar bölgeleri her bir örneğe ait dizi kütüphanesinde "N" harfi ile maskelenir. Diğer taraftan, yeni tekrar

bölgelerinin tespiti için, her örneğe ait kütüphaneler BlastN analizi ile kendi kendileri ile karşılaştırılır. Analiz sonucunda en az 50 bç uzunluğunda olan ve %90 benzerlik gösteren ve en az beş kez tekrarlanan diziler yeni tekrar bölgesi olarak adlandırılır ve "N" harfi ile maskelenir. Bu analiz ile aynı zamanda örneklerdeki insersiyon, delesyon, inversiyon gibi yapısal farklılıkları da tespit etmek mümkün olmaktadır.

Ham data üzerindeki işlemler tamamlandıktan sonra, transkriptlerin elde edilmesi sağlanır. Bunun için eğer genomun varlığı söz konusu ise, dizileme reaksiyonu sonucu elde edilen ve kalite kontrolü yapılan okumalar genoma haritalanır. Transkriptom çalışmaları RNA ile gerçekleştirilen analizleri kapsadığı için, dizileme sonucunda genomun sadece ifade edilen kısımları yani ekzonları tespit edilebilmektedir. Bu nedenle, transkript okumaları genoma haritalanırken, intronları da dikkate alan hizalama programları kullanılmaktadır. Okumaların genomik lokasyonu bulunduktan sonra, genoma hizalanmış olan okumalar bir araya getirilerek transkript yapım işlemi gerçekleştirilmektedir (Garber vd. 2011, Benjamin vd. 2014). Referans genomu olmayan organizmalar için *de novo* transkript yapımı gerçekleştirilir. *De novo* transkriptom yöntemi ile, genel olarak boyutu 150 nükleotid uzunluğundan az olan milyonlarca okuma bir araya getirilerek transkriptler oluşturulmaktadır. Bu kapsamda mevcut çalışmalara göre, 4 adet *de novo* transkript yapım yöntemi geliştirilmiştir; Trinity (Haas ve Zody 2010), Oases (Schulz vd. 2012), Trans-ABYSS (Robertson vd. 2010) ve SOAPdenovo-Trans (Xie vd. 2014). Transkriptlerin elde edilmesi sonrasında karşılaşılan en önemli sorun, veri seti içerisinde aynı transkriptin farklı uzunlukta formlarının bulunmasıdır. Bu durumu engellemek için CD-HIT-EST (Huang vd. 2010) ve iAssembler (Zheng vd. 2011) yazılımları kullanılarak gereksiz transkript parçaları veri seti içerisinden uzaklaştırılır. Elde edilen transkriptlerin ifade seviyelerinin belirlenmesi amacıyla RPKM hesaplamasına ilave olarak, Bowtie 2 yazılımı ile okumaların ve referans transkriptom eşleştirmesi yapıldıktan sonra SamTools ve Corset yazılımları ile eşleşme gösteren transkript sayısı belirlenir ve DeSeq yazılımı ile transkript ifade düzeyleri hesaplanabilir.

Farklı doku tiplerine ait oluşturulmuş transkript veri setinde yer alan transkriptlerin, protein kodlama potansiyelini ortaya koyan açık okuma çerçeveleri (ORF analizi),

“TransDecoder”, “ORF Finder” yazılımları ile tahmin edilebilir. Haritalama sonrası veya *de novo* olarak elde edilen transkriptlerin, biyolojik fonksiyonlarının belirlenebilmesi için, diziler genellikle E değeri alt limiti $1e-10$ olacak şekilde BlastX analizi ile UniProtKB, Swiss-Prot gibi bilgi bankalarındaki protein dizileri ile karşılaştırılır. Transkriptlerin gen ontoloji analizleri erişim numaraları TRAPID, Blast2GO gibi internet araçları ile gerçekleştirilebilir. Ve her bir transkriptin hangi fonksiyonlara sahip oldukları GO (Gen ontolojisi) terimlerine göre bulunur. Transkriptlerin yer aldığı metabolik yollar ise, KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) veritabanına bağlı olarak analiz gerçekleştiren KAAS (KEGG Automatic Annotation Server) (<http://www.genome.jp/tools/kaas/>) internet aracı kullanılarak tespit edilebilmektedir (Şekil 2.13) (Wang vd. 2009).



Şekil 2.13 RNA-dizileme ve dizileme sonrası biyoenformatik analiz aşamaları (Wang vd. 2009’den değiştirilerek alınmıştır)

2.9 Bitkilerde Yeni Nesil Dizileme Teknolojisi ve Transkriptom Çalışmaları

Son yıllarda farklı koşullarda, bir canlıda bulunan gen ifadesi değişiminin açıklanmasında proteom analizlerine ilave olarak transkriptom çalışmalarına ihtiyaç duyulmuştur. İfade edilen her genin proteine dönüşmemesi ya da proteinlerin üretilme aşamasında veya sonrasında birçok değişikliğe uğrayabilmesi nedeniyle, gen ifadesindeki değişimin bütün genom düzeyinde ortaya çıkarılması, son yıllarda önemi hızla artan transkriptom analizi tekniğinin kullanılmasına sebep olmuştur.

Aprile vd. (2009) mikroarray tekniğini kullanarak ekmeklik ve makarnalık buğdayda kuraklık stresine bağlı transkriptom analizi yapmışlar ve kuraklık stresinde aktive olan genlerin ya da bu genleri düzenleyen regülatörlerin D kromozomunda olduğunu göstermişlerdir. Yüksek sıcaklık stresi ile ilgili Qin vd. (2008) tarafından, yüksek sıcaklığa dayanıklı (TAM107) ve hassas (Chinese Spring) buğday çeşitleri üzerine yapılan çalışmada mikroarray tekniği kullanılmıştır. Bu çalışmaya göre, yüksek sıcaklığa bağlı olarak ifadesi değişen genler şu şekilde belirtilmiştir: ısı-şok proteini ve ısı-şok faktör genleri, transkripsiyon faktörleri, fitohormon biyosentezi/sinyali, kalsiyum ve şeker sinyali yolları, RNA metabolizması, primer ve sekonder metabolizma ile ilgili proteinleri; ribozomal proteinleri ve diğer stresle alakalı proteinleri kodlayan genlerdir. Mikroarray analizi ile birçok başarılı sonuç elde edilmiş olmakla birlikte, bu yöntem ile ancak belirli sayıda genin ifade seviyesi analiz edilebilmektedir ve dolayısıyla organizmada strese bağlı oluşan tüm gen ürünleri incelenememekte, böylece bütüncül bir sonuç elde edilememektedir.

Sürekli gelişen Roche 454 GS FLX, ABI/SOLID, Illumina (Solexa teknolojisi) gibi yeni nesil dizileme teknolojileri, genom büyüklüğünden bağımsız şekilde bütün organizmalarda güvenilir sonuçlar elde edilmesinin yanında, organizmanın genomuna ilişkin bilgi olmaksızın gerçekleştirilen dizileme çalışmaları *de novo* olarak tanımlanmaktadır. Bu teknoloji bütüncül bir veri sağlayarak genom düzeyinde yürütülen çalışmalarda çarpıcı değişimlere yol açmıştır (Hawkins vd. 2010). Elde edilen bilgiler ışığında birçok bitkide, çeşitli yeni nesil dizileme platformları kullanılarak transkriptom ve genom çalışmaları yapılmıştır.

Kumar vd. (2015b) tarafından, *Triticum aestivum* L. türünün cv. HD2329 çeşitinde çiçeklenme döneminde kontrol ($22\pm3^{\circ}\text{C}$) ve yüksek sıcaklık (42°C , 2 saat) stres koşullarına ait örneklerde tüm transkriptom dizilemesi (RNA-Seq) Roche 454 GS FLX ve Illumina platformları kullanılarak yapılmıştır. Kontrol dokularında 26,3 milyon, yüksek sıcaklık uygulanmış dokularda ise, 25,6 milyon yüksek kaliteli okuma elde edilmiş olup, kontrol ve uygulama örneklerinde sırasıyla 76.556 ve 54.033 kontig sayısına ulaşılmıştır. Gen ifadesi bakımından sıcaklık stresi altında, 1525 transkriptin önemli derecede değişim gösterdiği, özellikle 27 transkriptin kontrole göre ifadesinde 10 kat artış olduğu (up-regülasyon) bildirilmiştir. Roche 454 platformu kullanılarak yapılan başka bir çalışmada, yabani arpa türünün (*Hordeum spontaneum* L.) çöl ekotipine ait (B1K2) ve Akdeniz iklimi ekotipine ait (B1K30) çeşitleri kullanılarak kuraklık stresine adaptasyonda ekotipe özgü transkriptlerin tanımlanması gerçekleştirilmiştir (Bedada vd. 2014). Her iki ekotipi birbirinden ayırt etmek için 1.017 tane yüksek kalitede SNP tespit edilmiştir. Dizileme sonucunda kuraklık stresine adaptasyonunda öne çıkan ısı-şok proteinleri, ERD (Early Response to Dehydration) genleri, aquaporinler, LEA ve ABC (ATP-binding cassette transporter) taşıyıcı genleri ile homoloji gösteren yeni transkriptler keşfedilmiş, 203 adet bilinen transkripsiyon faktörü tespit edilmiştir. Hübner vd. (2015) tarafından aynı yabani arpa türünde (*Hordeum spontaneum* L.) Illumina platformu kullanılarak yapılan bir çalışmada ise, çiçeklenme döneminde başakçıklardan RNA izole edilerek RNA-dizileme gerçekleştirilmiştir. Kuraklık stresi ile doğrudan ilişkili olan LEA proteinleri, WRKY, bZIP, MADS-box transkripsiyon faktörleri ve skualen sentaz, prostaglandin sentaz gibi genler tespit edilmiştir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık streslerinin birlikte incelendiği ekonomik olarak önemli, yağlı tohumlara sahip hardal (*Brassica juncea* L.) bitkisinde stres ilişkili genlerin tanımlanması için Illumina teknolojisi kullanılarak RNA-dizilemesi yapılmıştır (Bhardwaj vd. 2015). İfadesi artan en fazla sayıda transkripsiyon faktörünün yüksek sıcaklık ve kuraklık stresi ile ilişkili ısı-şok faktörleri (HSF) ve dehidrasyon yanıt element-bağlayıcı (DREB) genler olduğu vurgulanmıştır. Bununla birlikte MYB, WRKY, bHLH, ERF gibi transkripsiyon faktörlerinin miktarı fazla bir şekilde bulunmuştur. Yüksek sıcaklık ve kuraklık stres uygulamaları boyunca 239 metabolik yolakda değişimler tanımlanmış, farklı ifade olmuş genlerin gen ontoloji analizleride, bu genlerin biyolojik süreç ayırımında yer aldığını belirtmiştir.

Ökalyptus (*Eucalyptus*) bitkisinde kuraklık stresine yanıtın farklı iki genotipte spesifik moleküler mekanizmasının aydınlatılması amacıyla Roche 454 GS FLX Titanium platformu kullanılarak RNA-dizilemesi gerçekleştirilmiştir (Villar vd. 2011). Dizileme sonucunda 129.993 unigen (49.748 kontig+80.245 singleton), 398 milyon bç, 1,14 milyon okumaya ulaşılmıştır. Kuraklık stresinde birde fazla gen grubunun yanıtta görevli olduğu, her iki genotipte farklı yolların stres sinyal iletimine katıldığı bildirilmiştir. Fonksiyonel proteinlerinde stres yanıtı çeşitlilik göstermiştir. Fotosistem, taşıma ve sekonder metabolizma genlerinin ifadesinde azalma gözlenirken, primer metabolizma ve hücre organizasyon genlerinin ifadesinde artış tespit edilmiştir.

Liu vd. (2015) ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) tanelerinde kuraklık, sıcaklık ve kuraklık-sıcaklık stres uygulamaları altında Illumina HiSeq2000 teknolojisini kullanarak yüksek hacimli transkriptom profillemesi yapmışlardır. Uluslararası Buğday Genom Dizileme Konsorsiyumu tarafından açıklanan tüm genom bilgisi kullanılarak haritalama sonucu elde edilen verilerden 4.375 adet ekmeklik buğday transkripsiyon faktörü tanımlanmış olup, bunların 1.328 tanesinin stres yanıtında görevli olduğu bildirilmiştir. Ayrıca ısı-şoku faktörleri ile DREB'lerin kuraklık, sıcaklık, kuraklık-sıcaklık stres regülasyonuna katıldığı; kuraklık ve sıcaklık stresi arasında karşılıklı etkileşim (cross-talk) olduğu da çalışma sonucunda vurgulanmıştır.

Roche 454 GS FLX teknolojisi kullanılarak, karpuz (*Citrullus lanatus* L.) sebzesinin meyve gelişimi boyunca transkriptom dinamiği çalışılmıştır. Ortalama uzunluğu 302.8 bç olan 577.023 yüksek kaliteli EST elde edilmiştir ve bu EST'ler içerisinde 5000'den fazla SSR tanımlanmıştır. Transkriptlere ait gen anotasyonu yapıldığında ifade edilen genlerin büyük bir bölümünün karbonhidrat metabolizması, anatomik yapısal morfogenez, hücresel aminoasit ve sekonder metabolik süreç içerisinde yer aldığı bildirilmiştir. Aynı zamanda ikili, üçlü, dördü, beşli ve altılı olmak üzere sırasıyla 2.265, 2.709, 115.57 ve 49 adet SSR motifleri bulunmuştur (Guo vd. 2011).

Yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak birçok genom çalışması yapılmış olup, ekmeklik buğday genom çalışması öncesinde, buğdayın atası olarak bilinen *Aegilops*

tauschii ve *Triticum urartu* türlerine ait genom, Illumina platformu kullanılarak dizilenmiştir. Ekmeklik buğdayda, A genomunun atası olan *Triticum urartu* türüne ait 4.9 Gb genom, 91X okuma kapsamı ile yüksek kalitede 449 Gb dizi verisine ulaşılmıştır. D genomunun atası olan genom büyüklüğü yaklaşık 4.4 Gb olan *Aegilops tauschii* türüne ait okuma sonucu ise, 90X'lik okuma kapsamı ile 398 Gb yüksek kalitede dizileme verisi elde edilmiştir (Chantret vd. 2005, Jia vd. 2013).

Şekerpancarında (*Beta vulgaris* L.) 2013 yılında gerçekleştirilen bir çalışmada, 576 Mbç'lik kısmı (%85) Roche 454, Illumina ve Sanger dizileme platformları kullanılarak dizilenmiştir. RNA-Seq verilerinden toplamda 27.421 protein kodlayan gen tanımlanmıştır. Beş farklı şeker pancarı türünün, tür içi genomik analizine dayanarak, büyük sabit bölgeleri ile 7 milyon genomik varyantlar tespit edilmiştir. Şekerpancarı bitkisinin genom bilgilerinin ulaşılabilir olması, şeker üretiminde önemli bir yer tutan bu bitkinin, üretim ve kalitesinin artması bakımından agronomik açıdan önem taşımakta olup, Caryophyllales takımı ve diğer çiçekli bitkiler ile ilgili yapılacak çalışmalara katkı sağlayacaktır (Dohm vd. 2014). Tekstil endüstrisinde ekonomik olarak önemli bir bitki olan pamuk (*Gossypium raimondii* L.; $2n=2x=26$), yeni nesil dizileme teknolojilerinden biri olan Illumina ile genom dizilemesi yapılmış bir başka bitkidir. 103.6X genom kapsamı ile 78.7 Gb'lik Illumina okuması elde edilmiştir. Genomun 775.2 Mbç'lik kısmı (%88) dizilenmiştir. Toplamda 40.976 protein kodlayan gen tanımlanmış ve bu genlerin %92.2'si transkriptom datası ile doğrulanmıştır. *T. cacao*, *A. thaliana* ve *Zea mays* bitkileri ile karşılaştırmalı analizler sonucunda *G. raimondii* yüksek transpozon elementleri içerdiği ve düşük gen yoğunluğuna sahip olduğu belirlenmiştir. Çalışma sonucunda *G. raimondii* türüne ait elde edilen verilerin tetraploid *G. hirsutum* türünün genom çalışmaları için referans olup, üretim kalitesi ve ürün bakımından genetik katkı sağlayacağı belirtilmiştir (Wang vd. 2012).

Roche 454 yeni nesil dizileme teknolojisi ile birçok bitkide SNP ve SSR markör tespiti başarılı bir şekilde çalışılmıştır. Novaes vd. (2008) yapmış oldukları çalışmada agronomik açıdan önemli olan fakat hakkında az sayıda genomik araştırma yapılan Ökalyptus (*Eucalyptus grandis* L.) bitkisinin genomunda SNP'leri tespit etmişlerdir. Bu amaçla çalışmada 21 farklı ökalyptus genotipinin dokularından eşit miktarda örnek

alınarak havuz oluşturulmuş, daha sonra mRNA izolasyonu gerçekleştirilmiştir. Bir araya toplanan mRNA örnekleri dizileme için cDNA kütüphanelerinin oluşturulmasında kullanılmıştır. Roche 454 dizileme tekniği kullanılarak toplamda 148.4 Mbç EST dizisi oluşturulmuştur. Çalışma sonunda toplam 23.742 SNP belirlenmiştir. Sanger dizileme tekniği ile lokuslarda bulunan 337 SNP'nin 279'unun (%82.8) geçerliliği doğrulanmıştır.

Garcia-Mas tarafından 2010 yılında, Melonomiks projesi çerçevesinde, kavunun (*Cucumis melo* L.) 480 Mbç'lik genomu, Roche 454 GS FLX Titanium sistemi ile dizilenmiştir. Toplamda, 24 milyondan fazla okumayı temsilen 17.6X kavun genomu dizilenmiştir. Şimdiye kadar kavun genomunun 382 Mbç'lik kısmı (%80) dizilenmiştir. Barbazuk vd. (2007) tarafından gerçekleştirilen bir çalışmada, Roche 454 GS FLX Titanium teknolojisi kullanılarak, doğal mısır hatlarından B73 ve Mo17 kodlu hatlarda 454 dizileme tekniği kullanılarak aday SNP'ler tespit edilmiştir. Belirlenen SNP'lerden yaklaşık %85'i (94/110) Sanger dizileme tarafından başarılı bir şekilde doğrulanmıştır.

Bir başka SNP çalışması, yüksek heterozigot ve poliploid genoma sahip *Saccharum officinarum* ve *Saccharum spontaneum* melezi olan şeker kamışında gerçekleştirilmiştir (Bundock vd. 2009). Çalışma 307 PCR amplifikasyonu haritalama popülasyonuna ait iki ebeveynde (Q165 ve IJ76-514) gerçekleştirilmiştir. Eşit miktarda PCR ürünleri kullanılarak bir havuz oluşturulmuş ve 454 FLX dizileme sistemi ile dizi analizleri yürütülmüştür. Ortalama 90.000'den fazla 454 okuması her iki ebeveyn için elde edilmiş olup, Q165 ebeveyninde 1.632 ve IJ76-514 ebeveyninde 1.013 aday SNP belirlenmiştir. Benzer şekilde *Amaranthus* (*Amaranthus caudatus* L.) bitkisinde dört haritalama popülasyonuna ait ebeveynlerinde SNP belirleme çalışmaları 454 FLX dizileme metodu ile gerçekleştirilmiştir (Maughan vd. 2009). İkili karşılaştırma ile belirlenen SNP'lerin sayısı 140'tan 11.047'ye kadar değişiklik göstermiştir. Sanger doğrulaması ile 35 SNP'nin 34'ünün (%97) geçerli olduğu belirlenmiştir. Kompleks bitki genomunda yeni nesil dizileme ile SNP keşfi mısırdaki 454 teknoloji ile AFLP (Amplifiye Parça Uzunluk Polimorfizmi) analizi birleştirilerek tespit edilmiştir. AFLP fragment kütüphaneleri 454 sekanslama teknolojisi kullanılarak 5-10 kat fazla dizilenir ve hatalı diziler çoğaltılmış parçalardan ayrılan diziler hizalanır ve gerçek polimorfizm

belirlenir. Bu sistem mısırdaki doğrulanmış ve belirlenen SNP'lerin %75'i doğru polimorfizm olarak teyit edilmiştir (Imelfort vd. 2009). Domates (*Lycopersicon esculentum* L.) bitkisinde genetik çeşitliliği belirlemek amacıyla altı domates genotipinin kök, yaprak, çiçek, meyve ve *in vitro* kallus dokularından cDNA kütüphanesi oluşturulmuştur. Illumina yeni nesil dizileme platformu kullanılarak her domates genotipi için toplam dizinin yaklaşık 3 Gb kadarına ulaşılmıştır. Singleton ve eşleştirilmiş olarak 60 bp'lik okuma ile domateslerin 32.5 Mb'lık transkriptom dizilemesi gerçekleştirilmiştir. Bu yeni dizilerin, türler arasında gen duplikasyonlarının belirlenmesi, domates tek nükleotid polimorfizmlerinin (SNP) incelenmesi gibi gelecek analizler için önemli bir kaynak olacağı belirtilmiştir.

Bitkilerde yeni nesil dizileme teknolojileri kullanılarak gerçekleştirilen çalışmalar incelendiğinde, Roche 454 GS FLX platformunun genom, transkriptom, markör geliştirme çalışmalarında yaygın bir şekilde kullanıldığı göze çarpmaktadır. Bu tez çalışmasında, kuraklık ve yüksek sıcaklığa toleranslı Zubkov ekmeklik buğday çeşitinde; kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stres uygulaması sonucunda; kök, yaprak ve tanede örneklerinin transkriptom kompozisyonunun Roche 454 GS FLX+ teknolojisi kullanılarak incelenmesi amaçlanmıştır. Ayrıca belirlenen stres faktörlerine karşı, tolerans mekanizmasında rol oynayan genler ve regülasyonları hakkında bilgi elde edilmesi hedeflenmiştir.

3. MATERYAL ve YÖNTEM

3.1 Materyal

3.1.1 Bitki materyali ve yetiştirilmesi

Tez çalışmasında bitki materyali olarak, hekzaploid ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) çeşitlerinden, kuraklığa ve yüksek sıcaklığa toleranslı olduğu bilinen yabancı orijinli Zubkov (Kırgızistan) çeşiti kullanılmıştır. Çalışma kapsamında bitkiler, Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü deneme arazilerinde yetiştirilmiştir. Deneme tarlasından alınan toprak bir yığın haline getirilip, toprak analizleri için örnekler alındıktan sonra 28 cm çapında ve 30 cm derinliğindeki saksılara eşit miktarlarda doldurulmuştur. Her bir saksıya 14 tohum ekilmiş olup, kardeşlenme döneminde saksıdaki bitki sayısı 7'ye düşürülmüştür. Saksılar, toprak içerisine yerleştirilmiş ve doğal koşullar altında yetismeye bırakılmıştır. Kontrol ile kuraklık, yüksek sıcaklık ve bu her iki stres faktör uygulaması için 4 tekerrür olacak şekilde ekim yapılmıştır (Şekil 3.1).



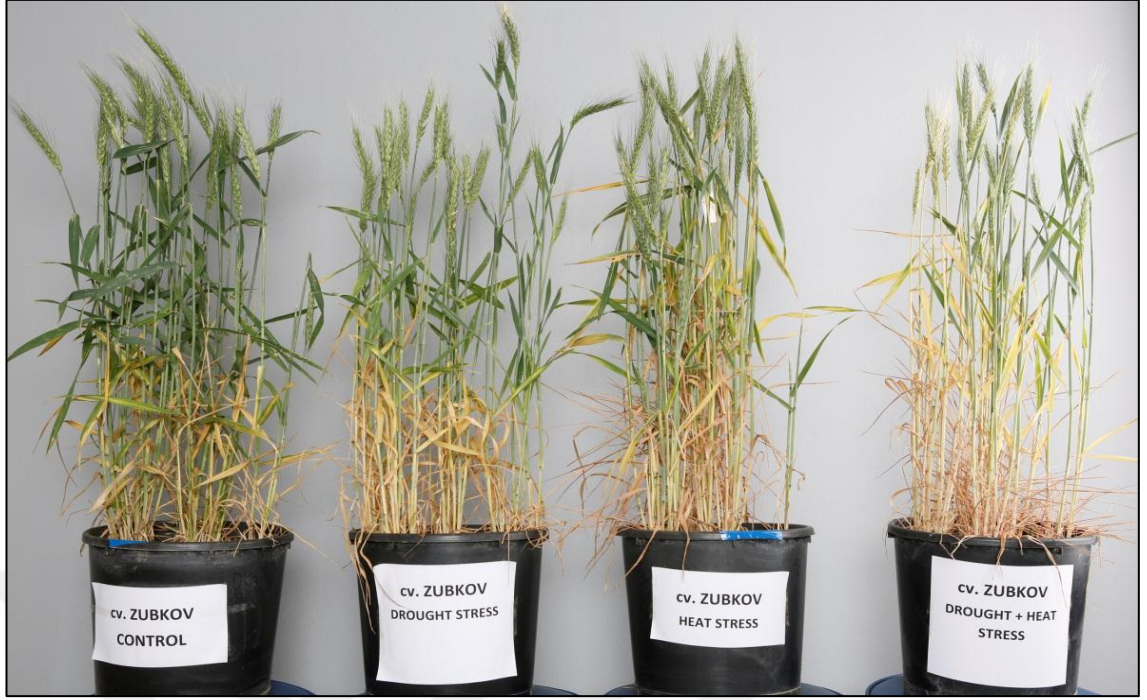
Şekil 3.1 Saksılara ekilen Zubkov çeşitinin tarla koşullarında yetiştirilmesi

3.1.2 Stres uygulamaları

Stres uygulamaları Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Bölümü kontrollü iklim odalarında yapılmıştır (Şekil 3.2). Tarla koşullarında her bir stres faktörü için kullanılan 4 saksıdan, biyolojik tekrar olması bakımından, 3 tanesi; gündüz sıcaklığı 24°C, gece sıcaklığı 14°C ve 16/8 fotoperiyoduna tabi tutulacak şekilde, nispi nem ise %70 olacak şekilde iklim odalarına tesadüfi olarak yerleştirilmiştir. Çiçeklenme döneminden hemen sonra, yüksek sıcaklık stres uygulaması için iklim odalarından bir tanesinde sıcaklık kademeli olarak yükseltilerek, gündüz sıcaklığı 34°C ve gece sıcaklığı 24°C'ye ayarlanarak, 16/8 fotoperiyoduna tabi tutulmuştur. Kuraklık stresi uygulamasında ise, tüm saksılar başaklanma döneminde, tarla kapasitesine kadar su ile doldurulmuştur ve kuraklık stresi uygulanacak saksılara bu noktadan itibaren hiç su verilmemiştir. Stres uygulaması boyunca topraktaki nem miktarı düzenli olarak kontrol edilmiştir. Kuraklık stresi uygulanmayan kontrol saksılarına, düzenli olarak sulama yapılarak topraktaki nemin sürekli olarak solma noktasının %20 ve daha üzeri seviyelerde tutulması sağlanmıştır (Şekil 3.3). Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi uygulanan bitkiler ise; iklim odaları içerisinde hem yüksek sıcaklık, hem de kuraklık stres uygulama koşullarına tabi tutulmuştur. Stres uygulamalarının 15. gününün sonunda; hem kontrol, hem de uygulama bitkilerinin bulunduğu 3 farklı saksıdan tesadüfi olarak kök, yaprak ve tane örnekleri ayrı ayrı şeffaf poşetlere alınarak, hızlı bir şekilde sıvı azot içerisinde muhafaza edilmiştir ve materyaller RNA izolasyon çalışmalarında kullanılmak üzere -80°C derin dondurucuya alınmıştır.



Şekil 3.2 Tarla koşullarında yetiştirilen bitkilerin kontrollü iklim odalarında stres uygulamaları



Şekil 3.3 Zubkov çeşiti kontrol bitkisi ve stres uygulaması sonrası bitkilerin genel görünümü; Soldan sağa doğru örnek sırası: kontrol, kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık

3.2 RNA İzolasyonu

RNA izolasyonu için, stres uygulamaları sonunda (kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık) hem kontrol, hem de uygulama bitkilerine ait kök, yaprak ve tane örnekleri kullanılmıştır. 3 farklı saksıdan alınan kontrol ile uygulama bitkilerine ait kök, yaprak ve tane örneklerinden izole edilen RNA'lar 10 µg'a göre hesaplama yapılarak birleştirilmiştir.

Kök ve yaprak dokusundan total RNA izolasyonu için TRIzol (Ambion, TX, USA) metodu kullanılmıştır. Ancak TRIzol metodu tane örneklerinin yüksek nişasta içeriğinden dolayı yetersiz kalmış ve MMY metodu (Method of Ma and Yang) kullanılmıştır (Mornkham vd. 2013). Kök ve yaprak dokularından TRIzol metoduna göre RNA izolasyonu şu şekilde yapılmıştır; 2 ml'lik ependorf tüplere 1 ml TRIzol reaktifi eklenerek +4°C'de hazır halde bekletilmiştir. Her bir kök ve yaprak örneğinden yaklaşık 100 mg alınarak, steril havanlar içerisinde sıvı azot kullanılarak ezilmiştir ve

toz haline getirilen numuneler tüplere hızlıca aktarılmıştır. Tüpler aşağı-yukarı hızlıca çevrilerek karıştırılmış ve homojen bir karışım elde edilmiştir. Tüpler 10 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir. 1 ml TRIzol için 0,2 ml kloroform tüplere ilave edilmiştir. Tüplerin kapakları iyice kapatılıp, 15 sn boyunca elle kuvvetlice çalkalanıp karıştırılmıştır. 5 dk oda sıcaklığında bekletilip, 17 dk 4°C'de 15.000 rpm'de santrifüj edilmiştir. Üstteki sıvı faz yeni tüplere aktarıldıktan sonra, RNA presipitasyonu için buzda bekleyen izopropil alkolden 500 µl (TRIzol'ün yarısı kadar) bu tüplerin üzerine eklenmiştir. 10 dk oda sıcaklığında bekletildikten sonra, 4°C'de 12.000 rpm'de 10 dk santrifüj edilmiş ve oluşan süpernatant atılmıştır. Çöken RNA 1 ml %75'lik etanol ile yıkanmıştır. Örnekler 4°C'de 10.000 rpm'de 5 dk santrifüj edilmiştir. Üstte kalan süpernatant atılarak dipte kalan RNA çökeltisi kurumaya bırakılmıştır. Tüplere 30-70 µl ddH₂O eklenerek 10 dk 57°C'de ısı bloğunda bekletilmiş ve RNA'ların çözünmesi sağlanmıştır. Daha sonra RNA örnekleri kullanılmak üzere -80°C'ye kaldırılmıştır (Ünver 2008).

Tanelerden MMY metoduna göre, RNA izolasyonu ise şu şekilde yapılmıştır; yaklaşık 100 mg tane örneği steril havan içerisinde sıvı azot ve PVP40 kullanılarak toz haline getirilmiştir. Toz haline getirilen örnekler, içerisinde 900 µl ekstraksiyon buffer (8M LiCl, %2 (w/v) PVP40, %5 (v/v) β-merkaptoetanol) bulunan 1,5 ml'lik ependorf tüplere hızlı bir şekilde aktarılmıştır. Tüpler birkaç kez aşağı-yukarı çevrilerek karıştırılmış ve homojen bir karışım elde edilmiştir. Bu karışım üzerine 350 µl etanol ilave edildikten sonra elle kuvvetlice çalkalanıp karıştırılmıştır ve 5 dk oda sıcaklığında inkübasyona bırakılmıştır. Lipitlerden ve yüksek moleküler ağırlıklı maddelerden kurtulmak için karışım üzerine 100 µl kloroform ilave edildikten sonra hafifçe karıştırılmıştır ve 5.000 rpm'de 3 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrasında üstteki süpernatant atılarak oluşan pellet, 550 µl solübilizasyon buffer (%1,4 (w/v) SDS, 0,075 M NaCl, 0,025 M EDTA, %2 (v/v) β-merkaptoetanol) içerisinde çözülmüştür. Kloroform ekstraksiyon aşaması tekrarlanarak solübilizasyon buffer ile eşit miktarda (550 µl) kloroform eklenmiş, 5.000 rpm'de 3 dk santrifüj edilmiştir. Oluşan süpernatant, yeni tüplere aktararak üzerine 500 µl TRIzol reaktifi ve 100 µl kloroform eklenmiştir. Tüpler elle kuvvetlice çalkalandıktan sonra 2 dk oda sıcaklığında inkübasyona bırakılmıştır ve 12.000 rpm'de 10 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrasında üstteki sıvı faz yeni tüplere aktarıldıktan

sonra, sıvı faz ile eşit hacimde izopropanol ilave edilmiş ve -20°C’de 15 dk inkübe edilmiştir. İnkübasyon sonrasında RNA presipitasyonu için 10.000 rpm’de 10 dk santrifüj yapılmış ve süpernatant atılmıştır. Dipte kalan RNA çökeltisi kurumaya bırakılmıştır. Tüplere 30-70 µl ddH₂O eklenerek 10 dk 57°C’de ısı bloğunda bekletilmiş ve RNA’ların çözünmesi sağlanmıştır. Daha sonra RNA örnekleri kullanılmak üzere -80°C’ye kaldırılmıştır.

3.2.1 İzole edilen RNA’ların karakterizasyonu

RNA’ların kalitesi; NanoDrop ölçümü ve jel elektroforezi ile teyit edilmiştir. NanoDrop (ND-2100c, Thermo) spektrometresinde 230, 260 ve 280 dalga boylarında ölçüm yapılmıştır. A260/A230 oranının 2,0-2,2 ve A260/A280 oranının 1,8-2,1 arasında olması, saf RNA izole edildiği anlamına gelmektedir. İzole edilen RNA’ların bütünlüğü %2’lik agaroz jele 1-2 µl örnek yüklenerek ve 100 volt enerjiyle 1 saat yürütüldükten sonra görüntülenmiştir.

3.2.2 İzole edilen RNA’ların temizlenmesi

İzole edilen RNA’ların temizlenmesi için QIAGEN RNeasy Mini Kit (74104, Valencia, CA) kullanılmıştır. Kit protokolüne göre, 10.000 ng (10 µg) miktarında RNA alınarak temizleme işlemi şu şekilde yapılmıştır: 2 ml’lik ependorf tüp içerisine 10 µl RDD buffer, 2,5 µl DNaz, yıkanması istenen RNA örnek miktarı ve üzerine toplam hacim 100 µl olacak şekilde steril su eklenmiştir ve 10 dk oda sıcaklığında inkübasyona bırakılmıştır. Daha sonra, bu tüp içerisine 350 µl Buffer RLT eklenip, iyice karıştırılmıştır. Üzerine 250 µl %100 etanol eklenerek pipetaj yapıp, iyice karıştırılmıştır. Bu tüpte toplanan sıvının tamamı RNeasy Mini spin kolonu içerisine aktarılmıştır ve 15 sn 10.000 rpm’de santrifüj yapılmıştır. Spin kolonun altında toplanan sıvı atılmıştır. Kolon üzerine 500 µl Buffer RPE eklenerek 15 saniye 10.000 rpm’de santrifüj yapılmıştır. Kolonun altında toplanan sıvı atılmıştır. Tekrar RNeasy Mini spin kolon üzerine 500 µl Buffer RPE eklenmiştir. 2 dk 10.000 rpm’de santrifüj edilmiştir. Altta toplanan sıvı atılmıştır. En son kalan sıvıların uzaklaştırılması için, kolon boş bir

şekilde 1 dk 10.000 rpm’de santrifüj edilmiştir. RNeasy Mini spin kolon yeni 1.5 ml’lik tüp içine yerleştirilmiştir ve kolonun üzerine 30-50 µl içinde RNaz enzimi olmayan su eklenmiştir. 20 dk oda sıcaklığında inkübe edildikten sonra 1dk 10.000 rpm’de santrifüj edilerek yıkanan RNA’lar 1,5 ml’lik tüpte toplanarak RNA elüsyon gerçekleştirilmiştir. Temizleme sonrasında RNA miktarını ve kalitesini tekrar ölçmek için, NanoDrop-2100c cihazı ve jel elektroforezi kullanılmıştır. Elektroforez için % 2’lik agaroz jel hazırlanarak, 1:1 oranında 3 µl RNA örneği, 1 µl yükleme boyası ile karıştırılmış ve agaroz jele yükleme yapılmıştır.

3.3 Roche 454 GS FLX+ ile RNA Dizileme

3.3.1 Transkriptom cDNA kütüphanesinin hazırlanması

Transkriptom kütüphanesinin hazırlanmasında kuraklık ve yüksek sıcaklığa toleranslı olan Zubkov çeşitine ait kök ve yaprak dokusu ile taneler kullanılmıştır. RNA dizileme için seçilen 12 örneğe ait (Kontrol kök, Kontrol yaprak, Kontrol tane, Kuraklık kök, Kuraklık yaprak, Kuraklık tane, Yüksek sıcaklık kök, Yüksek sıcaklık yaprak, Yüksek sıcaklık tane, Yüksek sıcaklık+kuraklık kök, Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak, Yüksek sıcaklık+kuraklık tane) kütüphane Roche 454 FLX+ protokolüne (cDNA Rapid Library Preparation Method) uygun olarak hazırlanmıştır. cDNA kütüphanesinin hazırlanması, 9 temel adımı içermektedir. Bunlar; RNA’nın parçalanması, çift iplikli cDNA sentezi, fragment uçlarının tamir edilmesi, AMPure boncuklarının hazırlanması, adaptör bağlanması, küçük fragmentlerin uzaklaştırılması, kütüphane kantitasyonu ve cDNA kütüphanesinin kalite değerlendirmesi ve çalışma alikotlarının hazırlanmasıdır.

3.3.2 RNA örneklerinin fragmentasyonu

Transkriptom kütüphanesinin hazırlanmasında, öncelikle RNA’nın parçalanma işlemi gerçekleştirilmiştir. Bu işlem için sırası ile şu adımlar izlenmiştir: İlk olarak her bir RNA örneğinden, 200 ng olacak şekilde 200 µl’lik tüpler içerisine alınmıştır ve tüplerin son hacmi, steril saf su ile 19 µl’ye tamamlanmıştır. Bu solüsyondan 1 µl, daha sonra

RNA'nın parçalanıp parçalanmadığını kontrol etmek için ayrılmıştır. Geriye kalan 18 µl solüsyona 2 µl RNA parçalama solüsyonu (0,1363 g $ZnCl_2$, 1 M Tris-HCl, pH 7.0) eklendikten sonra vortekslenmiştir ve ardından tüpler 2 sn süre ile mini santrifüj yapılmıştır. Daha sonra örnekler PZR cihazında 70°C'de 30 sn süre ile inkübasyona bırakılmıştır ve bu süre sonunda tüpler hızlı bir şekilde buza alınmıştır. Tüpler içerisindeki örneklerin üzerine 2 µl 0,5 M EDTA, pH 8.0 ve 28 µl 10 mM Tris-HCl, pH 7.5 solüsyonlarından eklenerek vorteks yapıldıktan sonra 2 sn mini santrifüj yapılmıştır. Bu adımdan sonra RNA parçalarını temizlemek için, örneklerin üzerine SPRI (Solid-Phase Reversible Immobilization) boncuklarını içeren 80 µl RNAClean reaktifi eklenmiştir. Ardından pipet yardımı ile iyice karıştırılıp, oda sıcaklığında 10 dk inkübasyona bırakılmıştır. Daha sonra tüpler, manyetik boncuk seperatörüne (Magnetic Particle Concentrator) yerleştirilmiştir. Boncukların tamamen tüpün yan tarafına yapışması sağlanmıştır ve yapışmış olan boncuklara zarar vermeden pipet ile süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Tüpler manyetik boncuk seperatöründe tutularak, bağlı bulunan boncukların temizlenmesi amacı ile, her bir tüpe 200 µl %70'lik etanol ilave edilmiştir ve manyetik boncuk seperatörü birkaç kez yavaşça alt-üst edildikten sonra pipet yardımı ile etanol uzaklaştırılmıştır. Bu işlem 3 kez tekrarlanmıştır. Daha sonra örneklere ait tüpler, manyetik boncuk seperatöründen çıkarılarak ısı bloğuna alınmıştır ve 37°C'de 1-2 dk etanolün iyice uçması ve kurutulması amacı ile bekletilmiştir. Daha sonra her bir örneğe, 19 µl 10 mM Tris-HCl, pH 7.5 solüsyonundan eklenmiştir. Bu karışım hafif bir şekilde karıştırıldıktan sonra 2 sn mini santrifüj yapılmıştır. Tüpler tekrar manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir ve boncuklara zarar vermeden yaklaşık olarak 19 µl miktarındaki süpernatant başka temiz bir 200 µl'lik tüplere alınıp buz üzerinde bekletilmiştir.

Parçalanma işlemi sonucunda elde ettiğimiz 19 µl RNA bulunan tüpten 1 µl alınan örnek ile, fragmentasyon işlemi öncesinde ayırmış olduğumuz 1 µl RNA üzerine 2 µl otoklavlanmış steril su eklenerek hazırladığımız örnek, biyoanalizör cihazında RNA çipi (Agilent 2100, Bioanalyzer High Sensitivity) yardımıyla karşılaştırılmıştır (Şekil 3.4). Böylece RNA örneklerimizin $ZnCl_2$ ile muamelesi sonucunda, istenilen uzunlukta parçalanıp parçalanmadığı (450-1200 bp) teyit edilmiştir.



Şekil 3.4 Parçalanma işleminin biyoanalizör cihazı ile kontrol edilmesi

a. Agilent 2100, Bioanalyzer High Sensitivity cihazı, b-c. RNA çipine örneklerin yüklenme işlemi

3.3.3 Çift iplikli cDNA sentezi

Çift iplikli cDNA yapımına başlamak için ilk olarak, RNA örnekleri denatüre edilmiştir. Bu aşama için her bir örneğe; 2,7 µl 600 µM konsantrasyonundaki random primer eklenmiştir ve 10 sn boyunca vorteks edildikten sonra 2 sn mini santrifüj yapılmıştır. Daha sonra örnekler 70°C’de 10 dk boyunca denatüre edildikten sonra hemen buz üzerine alınmıştır. Ardından cDNA’nın ilk ipliğinin sentezlenmesi aşamasına geçilmiştir. Bu aşamada, sırası ile her örneğe 8 µl 5X RT-buffer, 4 µl 0,1 M DTT, 4 µl 10mM dNTP, 1 µl Protector RNaz inhibitörü ve 2 µl AMV RT eklendikten sonra total hacim 40 µl’ye tamamlanmıştır. Karışım 2 sn vortekslendikten sonra spin yapılmış ve 25°C’de 10 dk ve 42°C’de 60 dk inkübasyon uygulandıktan sonra örnekler hızlıca buza alınmıştır ve ikinci iplik sentezi aşamasına geçilmiştir. Bir önceki aşamada elde edilen 40 µl hacmin üzerine sırası ile, her bir örnek için; 30 µl 5X ikinci iplik sentez buffer, 72 µl ddH₂O, 1,5 µl 10 mM dNTP ve 6,5 µl ikinci iplik sentez enzimi eklendikten sonra total hacim 150 µl’ye tamamlanmıştır. Karışım vortekslendikten sonra 16°C’de 2 saat inkübasyona bırakılmıştır. Inkübasyon sonrasında her bir örneğe 20 µl T4 DNA polimeraz eklenip 5 sn boyunca vortekslenmiştir ve 16°C’de 5 dk inkübasyona bırakılmıştır. Bu işlemin sonunda reaksiyonu durdurmak için, her bir tüpe 17 µl 0,2 M EDTA (pH 8.0) solüsyonu eklenerek, 5 sn vorteks ve 2 sn mini santrifüj yapılmıştır.

3.3.4 Çift iplikli cDNA'nın pürifikasyonu

Pürifikasyon için *Agencourt AMPure XP* (Beckman Coulter) boncuklar kullanılmıştır. Pürifikasyon işlemi öncesinde, 1.5 ml'lik ependorflara bölünmüş olan AMPure boncuklar iyice vortekslenmiştir. 2 ml'lik yeni ependorf tüplere aktarılmış örneklerin üzerine 300 µl AMPure boncuklar ilave edildikten sonra iyi bir şekilde pipetaj yapılarak, 5 dk oda sıcaklığında bekletilmiştir ve tüpler el yardımıyla aşağıya doğru hızlı hareket yapılarak, boncukların ependorf tüplerin diplerine inmesi sağlanmıştır. Solüsyonla boncukların ayrılması için ependorf tüpler, manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir ve 2 dk bekledikten sonra berraklaşan süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Daha sonra, %70'lik etanolden 800 µl her bir tüpe koyulup manyetik boncuk seperatörü ile beraber ters-düz edildikten sonra berraklaşmaya kadar beklenilmiştir ve berraklaşan kısım atılmıştır. Bu yıkama işlemi 3 kez tekrarlanmıştır. Daha sonra ependorfların diplerinde kalan etanol kontrol edilerek, etanolün tamamen uzaklaştırılması sağlanmıştır. Ve tüpler kuruması için oda sıcaklığında 3 dk bekletilmiştir. Tüpler manyetik boncuk seperatöründen çıkarıldıktan sonra, her bir tüpe 16 µl 10 mM Tris-HCl, pH 7.5 solüsyonu eklenmiştir, vorteks yapıldıktan sonra 2 sn santrifüj yapılmıştır. Tüpler tekrar manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir ve yaklaşık 16 µl ependorf tüplerin içeriği, yeni 200 µl'lik tüplere aktararak pürifiye edilmiş ampikon kütüphanesi elde edilmiştir.

3.3.5 Fragment uçlarının tamir edilmesi

Fragment uçlarının tamir edilmesi için, Roche Rapid Library kiti kullanılmıştır. 2,5 µl 10X PNK buffer, 2,5 µl ATP, 1 µl dNTP, 1 µl T4 polimeraz, 1 µl PNK, 1 µl Taq polimeraz karışımı hazırlanmıştır ve her bir cDNA örneğinin üzerine 9 µl eklenmiştir. 5 sn süre ile vorteksledikten sonra mini santrifüj yapılmıştır. Daha sonra tüpler, 25°C'de 20 dk, 72°C'de 20 dk ve en son 4°C'de kalacak şekilde programlanmış PZR cihazında inkübe edilmiştir. Bu program esnasında, küçük fragmentlerin uzaklaştırılması aşamasında kullanacağımız AMPure boncuklarının hazırlanması aşamasına geçilmiştir. AMPure boncuklar 20 sn süre ile tamamen çözününceye kadar vortekslenmiştir. 1.5 ml'lik ependorf tüpler içerisine 125 µl AMPure boncuklar ilave edilmiştir ve tüpler

manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir. Boncukların tamamen tüpün yan tarafına yapışması sağlanmıştır ve yapışmış olan boncuklara zarar vermeden pipet ile süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Her bir tüpe 73 µl TE buffer eklendikten sonra vortekslenmiştir. Daha sonra 500 µl Sizing solüsyonu ilave edilerek tekrar vortekslenmiştir ve mini santrifüj yapılmıştır.

3.3.6 Adaptör ligasyonu

Fragment uçlarının tamir edilmesi programı tamamlandıktan sonra, her bir reaksiyon tüpüne 1 µl RL adaptörü eklenmiştir. Karışım 5 sn vortekslenildikten sonra, mini santrifüj yapıp 25°C’de 10 dk inkübasyona bırakılmıştır.

3.3.7 cDNA kütüphanesinden küçük fragmentlerin uzaklaştırılması

Adaptör ligasyonu gerçekleşen cDNA fragmentleri, daha önceden hazırlanmış AMPure boncuklarının bulunduğu 1,5 ml’lik ependorf tüplere aktarılmıştır. Tüpler vorteks ve mini santrifüj yapıldıktan sonra oda sıcaklığında 5 dk inkübasyona bırakılmıştır. Bu süre sonunda ependorf tüpler manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilmiştir. Pellet tüpün duvarına tamamen yapıştıktan sonra süpernatant kısım dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır. Pellet üzerine öncelikle 100 µl TE buffer eklenip vortekslenmiş, daha sonra da 500 µl Sizing solüsyonu ilave edilerek vortekslenmiştir ve süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Bu işlem 2 kez tekrarlanmıştır. Ependorf tüpler manyetik boncuk seperatöründe tutulmaya devam edilmiştir ve boncukların yıkanması için 1 ml %70 etanol ilave edilmiştir. Belirli bir süre bekledikten sonra etanol tamamen uzaklaştırılmıştır. Tüpler oda ısısında 2 dk süre ile kurumaya bırakılmıştır ve pelletin üzerine 53 µl TE buffer eklenip vorteks ve mini santrifüj yapıldıktan sonra manyetik boncuk seperatörü yardımıyla boncukların tüplerin duvarına tamamen yapışması sağlanmış ve yaklaşık 50 µl hacmindeki süpernatant kısım yeni tüplere aktarılmıştır. Aynı zamanda cDNA kütüphanesinin kalite değerlendirmesi biyoanalizör cihazında DNA çipi (Agilent, Bioanalyzer High Sensitivity) ile gözlemlenmiştir. Ortalama fragment uzunluğu ve örnek konsantrasyonu belirlendikten sonra aşağıdaki formülizasyon ile molekül sayısı (ng/µl) hesaplanmıştır.

$$\text{Molekül sayısı} / \mu\text{l} = \frac{\text{Örnek konsantrasyonu} \times 6,022 \times 10^{23}}{3283 \times 10^9 \times \text{Ortalama fragment uzunluğu (bp)}}$$

Molekül sayısı belirlendikten sonra, TE buffer ile seyreltmeler yapılarak her bir örnek için 1×10^7 konsantrasyonunda toplam 60 μl 'lik stok cDNA kütüphaneleri hazırlanmıştır.

3.4 Emülsiyon PZR (emPZR) ile Klonal Çoğaltım Reaksiyon

Emülsiyon PZR ile çoğaltım işlemi, boncuk üzerinde immobilize edilmiş DNA fragmentlerinin meydana getirdiği klonal bir kütüphane çoğaltımıdır. emPZR ile klonal çoğaltım işlemi, 7 temel adımda gerçekleşmektedir. Bunlar; emülsiyon yağı ve reaktiflerin hazırlanması, DNA kütüphanesinin yakalanması, emülsifikasyon, amplifikasyon, boncukların saflaştırılması, DNA boncuk zenginleştirilmesi ve zenginleştirilmiş boncukların toplanmasıdır. emPZR çoğaltımında kullanılacak kütüphane; daha önce cDNA kütüphane hazırlama aşamasında uygulanan işlemler sonucu; -küçük DNA fragmentleri uzaklaştırılmış, -her iki ucuna emülsiyon fragmentine uygun 454 adaptörleri takılmış, -kalitesi uygun ve sulandırılmış, -uzunlukları emPZR çoğaltımı ile uyumlu olacak şekilde hazırlanmıştır. Çalışmamızda kullandığımız, küçük hacim emülsiyon (1xSmall Volume Emulsions, 1xSVE) kit protokolüne göre 16 örnek ile çalışılmaktadır. Klonal olarak çoğaltım gösteren kütüphanede, yakalama boncuklarını eklemek için, en uygun DNA miktarını belirlemek amacıyla, iki titrasyon seçeneği geliştirilmiştir. Dizileme kalitesini etkileyen ve boncuk zenginleştirmesinin % değeri ile belirlenen emülsiyon titrasyonu, bu seçeneklerden en uygunudur.

3.4.1 Emülsiyon titrasyonu

Emülsiyon titrasyonu esnasında, kütüphanenin çeşitli miktarlarına belirlenmiş miktarda DNA yakalama boncukları eklenmiştir ve DNA taşıyan boncukların zenginleştirilmesi ve bu zenginleştirilmiş boncukların sayımını içeren emPZR çoğaltım prosedürü

uygulanmıştır. Zenginleştirilen boncukların yüzdesi, amplifiye olmuş kütüphanenin kalitesini belirlemektedir. %5-20 aralığında zenginleştirilmiş boncuk sayısı genellikle kabul edilebilirken, iyi bir dizileme sonucu için, yaklaşık %10 zenginleştirilmiş boncuk uygundur. Emülsiyon titrasyonunda, GS FLX+ Titanium SV emPZR Kit (Lib-L) ve GS FLX+ Titanium emPZR Filters SV 64pcs Kit kullanılmıştır. Kullanılan kit protokolleri gereği, cDNA kütüphanesinden örnek başına, toplam 30 µl hacminde 8×10^6 molekül/µl alınacak şekilde solüsyon hazırlanmıştır. Bunun için fragmente edilen 10^7 değerlikli cDNA kütüphanesinden, 200 µl'lik PZR tüpü içerisine, 20 µl cDNA+5 µl TE buffer alınarak hazırlanmıştır. Emülsiyon titrasyonu için, toplam 12 adet kütüphaneyi en iyi temsil eden 3 farklı örneğe ait cDNA kütüphanesi seçilmiştir ve her bir cDNA kütüphanesi için 1,2 µl, 2,4 µl, 4,8 µl ve 9,6 µl olmak üzere 4 farklı dilüsyon yapılmıştır. GS FLX+ serisindeki 'Small Volume Emülsiyon' prosedürü kullanılarak emPZR çoğaltımı gerçekleştirilmiştir. Kazanılan boncuk miktarını bulmak için boncuk sayım cihazı (Coulter Counter, Casy, Germany) kullanılmıştır ve zenginleştirilmiş boncukların hesaplanması aşağıdaki formüle göre yapılarak, kullanılacak uygun DNA miktarları belirlenmiştir (Çizelge 3.1). Emülsiyon titrasyonu sonucu, emPZR çoğaltımı için cDNA kütüphanesinden alınması gereken uygun miktar 1,2 µl olacak şekilde belirlenmiştir.

$$\% \text{ Zenginleştirilmiş Boncuklar} = \frac{\text{Son zenginleştirilmiş boncukların sayısı}}{2.4 \times 10^6 \text{ toplam konulan boncuk sayısı}} \times 100$$

Çizelge 3.1 Emülsiyon titrasyonu için kullanılan örnekler ve ilgili hesaplamalar

Örnek	Kullanılan cDNA miktarı (µl)	Kazanılan boncuk sayısı	Boncuk zenginleştirme (%)
Kontrol Kök 1-1	1,2	$7,7 \times 10^6$	40
Kontrol Kök 1-2	2,4	$6,5 \times 10^6$	40
Kontrol Kök 1-3	4,8	$6,5 \times 10^6$	41,3
Kontrol Kök 1-4	9,6	$6,1 \times 10^6$	41,3
Yüksek sıcaklık Yaprak 1-1	1,2	$1,5 \times 10^6$	8,1

Çizelge 3.1 Emülsiyon titrasyonu için kullanılan örnekler ve ilgili hesaplamalar (devam)

Yüksek sıcaklık Yaprak 1-2	2,4	$2,9 \times 10^6$	13,8
Yüksek sıcaklık Yaprak 1-3	4,8	$3,9 \times 10^6$	21,6
Yüksek sıcaklık Yaprak 1-4	9,6	$6,3 \times 10^6$	33,4
Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane 1-1	1,2	$4,5 \times 10^6$	27
Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane 1-2	2,4	$5,8 \times 10^6$	31,7
Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane 1-3	4,8	$7,6 \times 10^6$	41,5
Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane 1-4	9,6	$6,3 \times 10^6$	38,3

3.4.2 Emülsiyon yağı ve reaktiflerin hazırlanması

Reaktiflerin hazırlanması için, ‘emPZR Reagents’ kutusunda bulunan komponentler oda sıcaklığında tutularak erimeleri sağlanmıştır. Ayrıca emPZR Additive tüpü, 55°C’de 5 dk bekletilerek iyice çözünmesi sağlanmıştır. Emülsiyon yağlarının hazırlanması aşamasında; emülsiyon yağı içeren 16 adet tüp TissueLyser (QIAGEN, Valencia, CA) cihazında 25 Hz’da 2 dk boyunca çalkalanmıştır. Bu süre sonunda, pre-emülsiyon aşaması için; 1 ml 5X Mock Amplifikasyon karışımı, 4 ml ddH₂O ile sulandırılarak hazırlanmış, 1X Mock Amplifikasyon karışımından 16 adet tüpün her birine 290 µl eklenmiştir ve ardından TissueLyser cihazında 25 Hz’da 5 dk boyunca çalkalanmıştır. Bu işlem devam ederken, Live Amplifikasyon karışımı, 15 ml’lik falkon tüp içerisinde karıştırılarak hazırlanmıştır. Live Amplifikasyon karışımı için; 960 µl ddH₂O, 1440 µl emPZR Additive, 840 µl 5X Amplifikasyon karışımı, 300 µl Amplifikasyon primeri, 200 µl emPZR enzim karışımı ve 8 µl PPiase kullanılmıştır ve bir sonraki aşamada kullanılmak üzere buzda bekletilmiştir.

3.4.3 DNA kütüphanesinin yakalanması

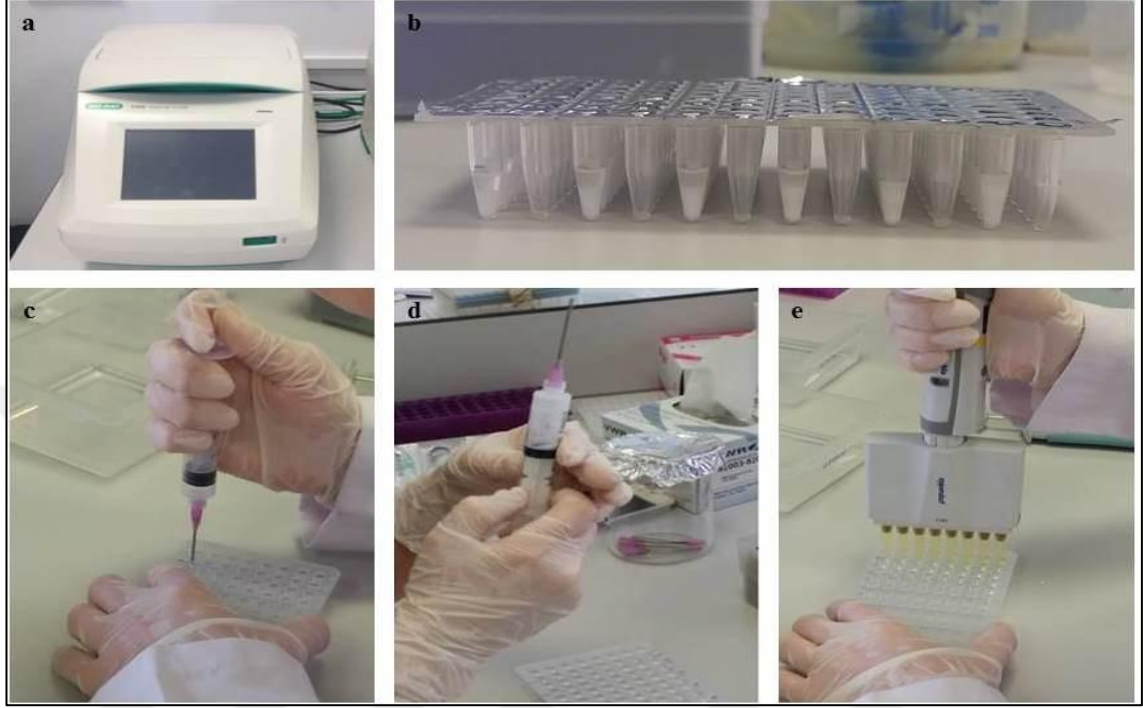
DNA yakalama boncuklarını yıkamak için, 1 ml 10X ‘Capture Bead Wash Buffer TW’ içerisine 9 ml ddH₂O eklenerek 1X ‘Capture Bead Wash Buffer TW’ hazırlanmıştır.

DNA yakalama boncuklarını içeren tüp iyi bir şekilde vortekslenmiştir. Toplam hacmi 1280 µl olan DNA yakalama boncuklarını içeren tüp 10 sn süre ile spin-rotate-spin yapılarak oluşan süpernatant dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır. Boncukların yıkanması için tüp içerisine 1 ml 1X ‘Capture Bead Wash Buffer TW’ eklenmiş, boncuk çözeltisi iyice vortekslenildikten sonra 10 sn süre ile spin yapılmış ve oluşan süpernatant dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır. Boncuklar iki defa yıkandıktan sonra pelletin üzerine 640 µl 1X “Capture Bead Wash Buffer” eklenip süspansiyon hazırlanmıştır ve bu miktar ölçülmüştür. Toplam hacim 1020 µl olup, her bir tüpe 62 µl olacak şekilde paylaştırılmıştır. Bu aşamada seyreltilmiş cDNA örnekleri, PZR cihazında, 95°C’de 2 dk denatüre edilerek hızlıca buza alınmıştır. Emülsiyon ve klonal çoğaltım için, her bir emülsiyon tüpüne belirlenen miktarda cDNA ile 215 µl Live Amplifikasyon karışımı eklenip vortekslenildikten sonra TissueLyser cihazında 15 Hz’da 5 dk boyunca çalkalanmıştır. Daha sonra her bir emülsiyon tüpünün içindeki karışım, 96’lık platelere her kuyucuğa 100 µl gelecek şekilde dağıtılmıştır ve amplifikasyon reaksiyonuna hazır hale getirilmiştir. Reaksiyon, 94°C 4 dk (1 döngü), 94°C 30 sn, 58°C 4,5 dk, 68°C 30 sn (50 döngü) ve son olarak 10°C programında gerçekleştirilmiştir. emPZR’dan sonra boncuk yıkama ve zenginleştirme (klonal çoğaltım) gösteren boncukları geri kazanma işlemleri yapılmıştır.

3.4.4 Boncukların saflaştırılması

Emülsiyon PZR sonrası, DNA boncuklarının yıkanması ve emülsiyon yağdan uzaklaştırılması gerekmektedir. PZR cihazından çıkarılan plateden, şırınga yardımıyla örnekler çekilmiştir. Daha sonra her bir kuyucuğa, multipipet yardımıyla 100 µl izopropanol eklenerek pipetaj yapılmış ve her bir örnek sırayla şırınga yardımıyla tekrar çekilmiştir. Şırınga ters çevrilmiş içine 3 ml hava çekilmiştir ve bu aşamadan sonra, iğne ucu şırıngadan dikkatlice çıkarılmış ve mavi GS FLX Titanium emPZR (SV) filtre takılmıştır. Vorteks üzerine Kimwipe yerleştirilmiş, şırınga baş aşağı çevrilerek 5 sn maksimum hızda vortekslenmiştir ve şırınga içeriği boşaltılmıştır. Her bir örnek, Small Volume emPZR kit protokolüne göre, boncukları yağdan kurtarmak için önce 3 kez izopropanol ile daha sonra da 3 kez Enhancing Fluid XT ile yıkanmıştır. Son olarak şırıngaya 1 ml Enhancing Fluid XT çekilmiş ve filtre hızlı bir şekilde ters çevrilerek

şırıngaya aktarılan toplam hacim 1,5 ml'lik yeni ependorf tüplere aktarılarak tüm numune spin-rotate-spin yapılmış ve toplanmıştır (Şekil 3.5).



Şekil 3.5 Emülsiyon PZR sonrası işlemler

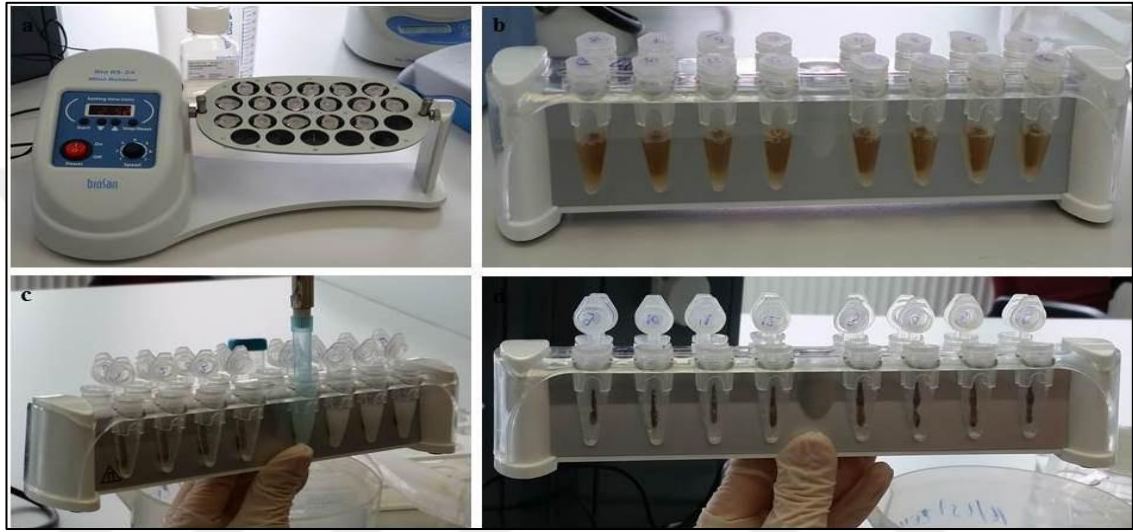
a. PZR cihazı, b. emPZR sonucu PZR cihazından çıkarılan plate, c-d. Şırınga yardımıyla plateden örneklerin çekilmesi, e. Multipipet ile izopropanol eklenmesi

3.4.5 DNA kütüphanesi boncuklarının zenginleştirilmesi

Zenginleştirme işlemine hazırlık amacıyla, 625 µl sıvı sodyum hidroksit (NaOH) 50 ml su ile karıştırılarak melt solüsyonu hazırlanmıştır. Tüpler spin-rotate-spin yapılarak, süpernatant kısmı atılmış olan tüplerin üzerine, dsDNA'yı ssDNA'ya dönüştürmek için, 1 ml melt solüsyon eklenerek 2 dk oda sıcaklığında inkübe edilmiştir. Tüpler spin-rotate-spin yapılarak süpernatant atılmış ve bu işlem bir kez daha tekrarlanmıştır. Daha sonra tüplerin üzerine 1 ml Annealing Buffer XT eklenmiş, tüpler vortekslenmiştir. Tüpler spin-rotate-spin yapılarak süpernatant atılmıştır. Bu aşama da ikinci bir kez daha tekrarlanmıştır. Böylece bu aşamada hem boncuklar yıkanmış, hem de bağlanamayan veya zayıf bağlanan boncukların uzaklaştırılması sağlanmıştır. Süpernatant kısmı uzaklaştırılan her bir tüpe 30 µl Annealing Buffer XT eklenmiş ve kullanmadan hemen

önce çıkartılarak vortekslenen Enrichment primerinden her tüpe 6 µl eklenmiştir. 65°C’de 5 dk boyunca tüpler inkübe edilmiştir ve bu süre sonunda tüpler hızlıca buza alınarak 2 dk bekletilmiştir. Daha sonra iki tekrarlı olmak üzere, her tüpe 500 µl Enhancing Fluid XT eklenip, vortekslenmiş, spin-rotate-spin yapılarak süpernatant atılmıştır. Daha sonra her bir tüpe 800 µl Enhancing Fluid XT eklenip vortekslenmiştir. Bu aşamada zenginleştirme boncuklarının hazırlanması aşamasına geçilmiştir. Kahverengi renkte zenginleştirme boncuklarını içeren tüp, 1 dk boyunca tüm içeriğiyle birlikte iyice vortekslenmiştir. Vorteks sonrasında tüp, manyetik boncuk separatörüne yerleştirilmiş, boncukların tüpün duvarına tamamen yapışmasını sağlandıktan sonra süpernatant kısım dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır. Pellet üzerine 500 µl Enhancing Fluid XT eklendikten sonra vortekslenmiş ve tüp manyetik boncuk separatörüne yerleştirildikten sonra süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Bu aşama iki kez tekrarlanmıştır. Son olarak pellet üzerine 320 µl Enhancing Fluid XT eklenerek tüp vortekslenmiştir. DNA kütüphanesi boncuk zenginleştirilmesi aşamasının sonunda, içerisinde 800 µl Enhancing Fluid XT olan her bir tüpe 20 µl zenginleştirme boncuğu eklenip vortekslenmiştir. Daha sonra her bir tüp, rotatora yerleştirilerek 5 dk oda sıcaklığında döndürülmüştür. Tüpler tekrar manyetik boncuk separatörüne yerleştirilerek 3-5 dk bekletilmiş ve zenginleştirme boncuklarının pellet oluşturması sağlanmıştır. Daha sonra 1000 µl pipet yardımıyla, zenginleştirme boncuklarına zarar vermeden dikkatli bir şekilde süpernatant uzaklaştırılmıştır. Daha sonra her bir tüpe 500 µl Enhancing Fluid XT eklenmiştir. Tüpler vortekslenip manyetik boncuk separatörüne yerleştirilip pellet oluşuncaya kadar beklenmiştir ve süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Bu yıkama işlemi, sıvı kısım berraklaşuncaya kadar yaklaşık 5-6 kez tekrar edilmiştir (Şekil 3.6). Zenginleştirilmiş DNA boncuklarını içeren tüpler manyetik boncuk separatöründen çıkarılmıştır ve her bir tüp içerisine 700 µl melt solüsyon ilave edilerek pellet süspanse hale getirilmiştir. Daha sonra tüpler 5 sn vortekslenmiştir ve tekrar manyetik boncuk separatörüne yerleştirilmiştir. Zenginleştirilmiş boncuklar toplanırken, serbest kalan zenginleştirilmiş DNA boncuklarının oluşturduğu süpernatant toplanarak (zenginleştirilmiş boncuklar ile DNA boncukları birbirinden ayırdığı için) ependorf tüplere transfer edilmiştir. Spin-rotate-spin yapılan tüplerde süpernatant tekrar uzaklaştırılmıştır. Ve bir kez daha 700 µl melt solüsyon ilave edilerek pellet süspanse hale getirilmiştir. Daha sonra tüpler 5 sn vortekslenmiştir ve tekrar manyetik boncuk

separatörüne yerleştirilmiştir, süpernatant yeni hazırlanan 1.5 ml’lik tüplere aktarılmış, zenginleştirme tüpleri ise atılmıştır. Spin-rotate-spin yapılan tüpler içerisinde süpernatant uzaklaştırıldıktan sonra her bir tüpe 500 µl Annealing Buffer XT ilave edilmiş 5 sn süre ile vortekslelendikten sonra spin-rotate-spin yapılmış ve süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Bu aşama iki kez tekrarlanmıştır. Her bir tüpe 30 µl Annealing Buffer XT eklendikten sonra sekans primeri bağlanması aşamasına geçilmiştir.



Şekil 3.6 DNA boncuklarının zenginleştirilmesi aşamaları

a. Rotatorda tüplerin inkübasyonu, b-c-d. DNA boncuklarının yıkanma aşamaları

3.4.6 Sekans primerinin bağlanması

30 µl Annealing Buffer XT eklenmiş olan her bir tüpün üzerine, 6 µl sekans primeri eklenerek 5 dk 65°C’de inkübe edildikten sonra hızlıca buz içerisine alınmış ve 2 dk bekletilmiştir. Daha sonra tüplere 500 µl Annealing Buffer XT eklenerek vortekslenmiş, spin-rotate-spin sonrasında süpernatant kısmı uzaklaştırılmıştır. Bu işlem 3 kez tekrarlanmıştır ve son olarak pellet 100 µl Annealing Buffer XT ile çözülerek, % olarak geri kazanılan boncuk miktarını bulmak için boncuk sayım cihazı (Coulter Counter, Casy, Germany) kullanılmış ve sonrasında dizilemede kullanılacak örneklerin miktarları hesaplanmıştır (Şekil 3.7).



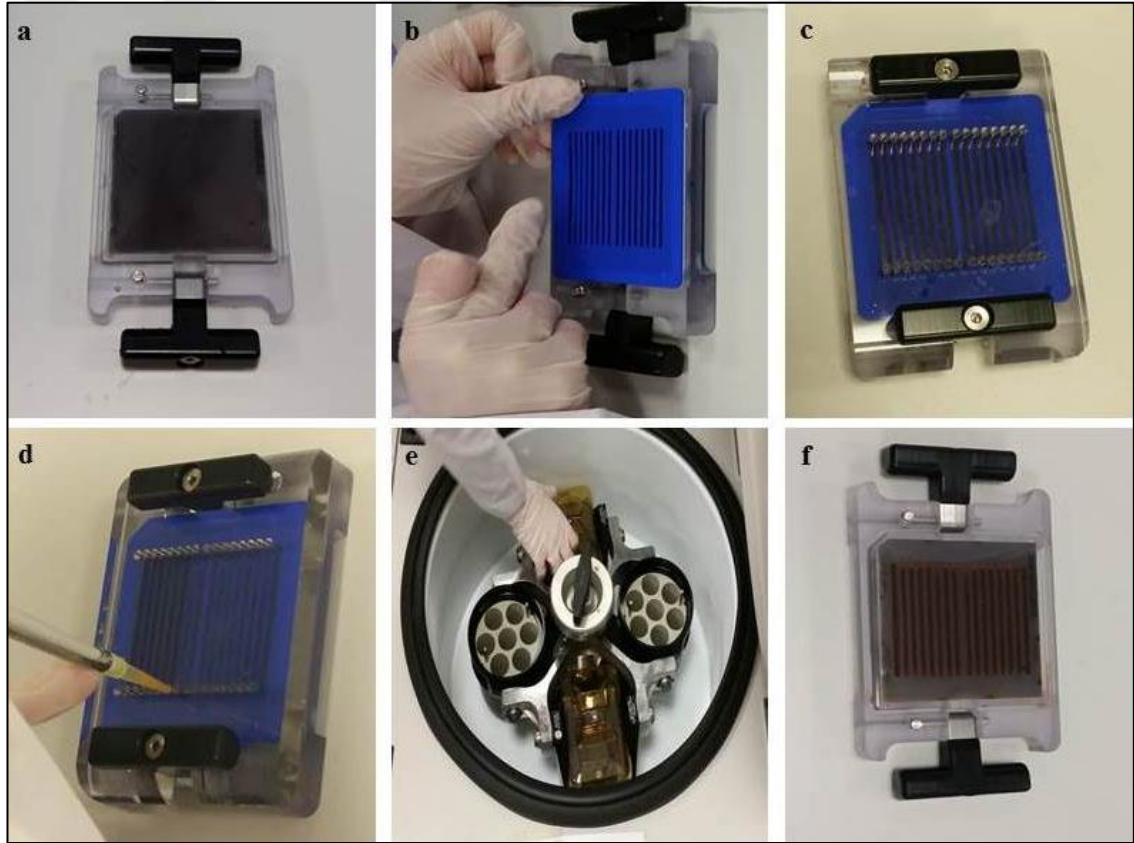
Şekil 3.7 Örneklerin boncuk miktarının hesaplanması için hazırlanması ve Casy cihazı

3.5 Dizileme

Dizileme aşaması Roche 454 GS FLX+ (Roche 454 Life Science, Mannheim, Germany) cihazı ile gerçekleştirilmiştir. Bunun için, hazırlanmış kütüphanelerin dizilenmesi “GS FLX+ Titanium Sequencing Kit XL+” kullanılarak yapılmıştır. Öncelikle deneyi başlatmak için -20°C 'de muhafaza edilmiş “GS FLX+ Titanium Sequencing Kit XL+” kitin içindeki enzim tüpleri buz üzerine alınarak diğer reaktiflerin bulunduğu kap içerisine normal çeşme suyu eklenip, karanlık ortamda çözünmeye bırakılmıştır. Cihazın dizilemeye hazır hale getirilmesi için, “GS FLX+ Bead and Wash Buffer Kit” içeriğindeki yıkama solüsyonları ile cihaza otomatik ön yıkama işlemi ticari protokole göre yaptırılmıştır. Daha sonra ‘Enzyme Bead Wash (EB)’ ve ‘Bead Buffer 2 (BB2)’ kit protokolüne uygun olarak hazırlanmıştır ve buz üzerinde muhafaza edilmiştir. Hazırlanan BB2’nin bir miktarı, PicoTiterPlate (PTP) üzerine eklenmiştir ve oda sıcaklığında kullanılıncaya kadar bekletilmiştir. Kalan BB2 tekrar kullanılmak üzere buza alınmıştır. Sonrasında dizilemede DNA fragmentlerini taşıyan DNA boncukları, kemilüminesans sistemin immobilize olmuş enzim içeriğini taşıyan enzim boncukları,

her bir nükleotid, akış sırasında kuyucuktan kuyucuğa geçerken karışmayı önlemek için inorganik pirofosfatı (PPi) temizleyen PPIase boncukları ve PicoTiterPlate kuyucukları içerisinde DNA boncuklarını sarmalayıp sabit kalmalarını sağlayan Packing boncukların hazırlanması aşamasına geçilmiştir. Packing boncukları, BB2 ile üç kez spin-rotate-spin yöntemi ile yıkanmıştır. Packing boncukları üzerine 1 ml BB2 eklenmiş 10.000 rpm'de 5 dk santrifüj yapıldıktan sonra süpernatant kısım uzaklaştırılmıştır. Üçüncü yıkamadan sonra, Packing boncukları 550 µl BB2 içerisinde çözülmüştür ve buz üzerinde bekletilmiştir. Daha öncesinde hesaplanmış olan, yüklenmesi gereken miktar kadar, her bir örneğe ait boncuklar (µl) tüplere ilave edilirken, her tüpe 3 µl kontrol boncukları da eklenmiştir. 15 ml'lik falkon tüpü içerisine DNA boncuk inkübasyon karışımı (DNA Bead Incubation Mix, DBIM) hazırlanmıştır ve her tüpe 50 µl bu karışımdan eklenmiştir. 15 dk oda sıcaklığında rotator üzerinde inkübe edilmiştir. Enzim boncukları ve PPIase boncukları hazırlanırken öncelikle, tüpler vortekslenmiştir ve manyetik boncuk seperatörüne yerleştirilerek 2-3 dk bekletilmiş ve süpernatant kısım dikkatli bir şekilde uzaklaştırılmıştır. Enzim boncukları 3 kez, 1 ml 'Enzyme Bead Wash' ile yıkanmıştır. Üçüncü yıkamadan sonra enzim boncukları üzerine 1 ml 'Enzyme Bead Wash' eklenmiş, vortekslenildikten sonra buz üzerine alınmıştır. PPIase boncukları da 3 kez, 1 ml BB2 ile yıkanmıştır. Üçüncü yıkamadan sonra PPIase boncukları üzerine 500 µl BB2 eklenerek vortekslenmiş ve buz üzerine alınmıştır. Daha sonra boncuk tabakalarının (Bead Layer) hazırlanmasına geçilmiştir. Tabaka 1: Enzim boncukları ön tabakası, tabaka 2: DNA ve Packing boncuk tabakası, tabaka 3: Enzim boncukları son tabakası ve tabaka 4: PPIase boncuk tabakasıdır. Tabaka 1 hazırlanırken; 15 ml'lik falkon içerisine 3230 µl 'Enzyme Bead Wash' ve 570 µl enzim boncukları, tabaka 2 hazırlanırken; her bir örnek için, 60 µl DNA boncukları, 15 µl Packing boncukları ve 35 µl BB2, tabaka 3 hazırlanırken; 2460 µl 'Enzyme Bead Wash' ve 1340 µl enzim boncukları, tabaka 4 hazırlanırken; 3340 µl BB2 ve 460 µl PPIase boncukları ilave edilmiştir. PicoTiterPlate, plaka için uygun olan 16'lık gasget ve boncuk yükleme aparatı (Bead Deposition Device, BDD) uygun şekilde yerleştirilerek, aparatın üst kapağı kilitlenmiştir. 'Bead Buffer 2'den pipet yardımıyla her bir bölgeye 110 µl yüklenmiş ve 5 dakika 1620xg (=2640 rpm)'de santrifüj edilerek yıkama yapılmıştır. Daha sonra tekrar pipet yardımıyla içindeki tüm buffer çekilerek temizlenmiştir. Her bir bölgeye pipetle 110 µl hazırlanan tabaka 1 yüklenmiş, 5 dakika 1620xg (=2640 rpm)'de

santrifüj edilmiş ve içindeki sıvı tekrar çekilerek yükleme yapılmıştır. DNA ve Packing boncuklarını taşıyan 16 tüpten, PicoTiterPlate üzerinde bulunan 16 ayrı yükleme bölgesine 110 µl yükleme yapılarak, 10 dakika 1620xg (=2640 rpm)'de santrifüj edildikten sonra her bölgedeki sıvı, pipet yardımıyla çekilip atılarak yükleme yapılmıştır. Daha sonra her bir bölgeye, 110 µl tabaka 3 karışımından yükleme yapılarak 5 dakika 1620xg (=2640 rpm)'de santrifüj yapılmış, sıvı kısım ise tekrar pipetle çekilerek atılmıştır. Son olarak her bir bölgeye hazırlanan tabaka 4'den 110 µl alınarak yükleme yapılmış, 5 dakika 1620xg (=2640 rpm)'de santrifüj edilmiştir. Daha sonra sıvı kısım tamamen çekilmiş ve PicoTiterPlate dizilemeye hazır hale getirilmiştir (Şekil 3.8).



Şekil 3.8 PicoTiterPlate'in hazırlanma aşamaları

a-b-c. PicoTiterPlate'in örnek yüklemeye hazır hale getirilmesi, d. PicoTiterPlate'e yükleme işlemi, e. PicoTiterPlate'in santrifüj aşaması, f. PicoTiterPlate'in yükleme sonrası hazır hali

Karanlığa bırakılarak çözünmesi beklenen dizileme reaktifleri cihazın reaktif bölmesine yüklenmiştir. Cihazın CDD kamerası, kamera lens temizleyici ile PicoTiterPlate'in yerleştirildiği bölüm ise, %50 etanol ve %10 Tween 20 ile silinerek temizlenmiştir. Daha sonra PicoTiterPlate, aparat içerisinden çıkartılarak cihaza yerleştirilmiştir. Cihazda istenen siklus sayısı ve istenen analiz şekli seçildikten sonra dizileme çalışması başlatılmıştır (Şekil 3.9). Okunan diziler, CCD kamera tarafından kaydedilmiş ve bilgisayar program yardımıyla dizi verilerine dönüştürülmüştür.



Şekil 3.9 Dizileme reaktiflerinin ve PicoTiterPlate'in cihaza yerleştirilmesi

3.6 Dizileme Sonrası Biyoenformatik Analizler

Dizileme işlemi tamamlandıktan sonra, her bir kütüphaneye ait sonuçlar -sff dosya türünde elde edilmiştir. Dizileme sonrası oluşan okumalardan, adaptör bölgeleri ve düşük kaliteli okumalar atılmıştır ve 12 kütüphaneye ait bu okumalar, Roche 454 GS FLX+ cihazına ait bilgisayarda GS *De novo* Assembler programı kullanılarak, parametre bakımından okuma derinliği 0, minimum okuma uzunluğu 20 bç, minimum örtüşme uzunluğu 40 bç ve asgari örtüşme yüzdesi ise %90 olacak şekilde, ayrı ayrı birleştirilmiştir ve kontigler oluşturulmuştur.

Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök, yaprak ve tane örneklerinde; özgün transkriptlerin ifade düzeylerinin belirlenmesi, biyolojik olarak

anlamalı genlerin seçilmesi bakımından önemlidir. Bu amaçla, dizileme sonrası -sff dosya türünde elde edilen ham okumaların referans transkript seti ile eşleştirilmesi; eşleşme gösteren transkriptlerin sayısının hesaplanmasını ve normalize edilmesini sağlayacak, yani RNA-dizileme reaksiyonu neticesinde her bir transkriptin ifade düzeyi sayısal olarak belirlenecektir. Bu amaç doğrultusunda, Roche 454 GS FLX+ cihazına ait bilgisayarda, GS Reference Mapper programı kullanılarak her kütüphaneye ait dizileme sonuçları, Uluslararası Buğday Genom Dizileme Konsorsiyumu; IWGSC (<http://plants.ensembl.org>) tarafından yayınlanmış yaklaşık 6,6 Gb büyüklüğündeki haploid ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) genomu ([http://plants.ensembl.org/Triticum aestivum/Info/Index](http://plants.ensembl.org/Triticum_aestivum/Info/Index)), (Genome assembly:Download DNA Sequence (FASTA); *Triticum_aestivum*.IWGSC1.0+popseq.28.dna.genome.fa.gz üzerine haritalandırılarak birleştirilmiş ve kontigler oluşturulmuştur. Haritalama programı kullanılırken, parametre bakımından kabul edilen derinlik 0, minimum okuma uzunluğu 20 bç, minimum örtüşme uzunluğu 40 bç ve minimum örtüşme yüzdesi %90 olacak şekilde belirlenmiştir. Kontrol, kuraklık ve yüksek sıcaklık tane kütüphanelerine ait ham okuma verilerinin büyük olması nedeniyle, teknik nedenlerden ve bilgisayar kapasitesinin yetersiz kalmasından dolayı belirtilen üç kütüphaneye ait okumalar referans genoma haritalanamamış, *de novo* assembler programı kullanılarak kontigler oluşturulmuştur.

Kontrol ve uygulama örnekleri, dolayısıyla kütüphaneler arasındaki gen ifade farklılıkları, RPKM (Reads Per Kilobase per Million mapped reads) yani her haritalandırılmış milyon okuma başına karşılık gelen kilobaz okuma sayısı hesaplaması ile aşağıdaki formüle göre belirlenmiştir.

$$\text{RPKM} = \frac{\text{Haritalanan okuma sayısı}}{\text{Okuma uzunluğu (kb) x toplam okuma sayısı (milyon)}}$$

RPKM hesaplamaları her bir kütüphane için CLC Genomics Workbench v6.0.4, CLC Bio (CLC Inc, Danimarka) yazılımı aracılığıyla tamamlanmıştır. Bunun için dizileme sonucu elde edilen okumalar; 6,6 Gb büyüklüğündeki haploid ekmeklik buğday

genomunun, kromozomlara ayrılmış dizi verisi üzerine haritalandırılmıştır. Haritalama işlemi için kromozoma ayrılmış (tüm genomun yaklaşık %40'ı; ([http://plants.ensembl.org/Triticum aestivum/Info/Index](http://plants.ensembl.org/Triticum_aestivum/Info/Index))) (Genome assembly:Download DNA Sequence; A, B ve D genomlarına ait bütün kromozomlardan alınan “.fasta” formatındaki dizilerinin indekslenerek hazırlanan genom bilgisi) genom kullanılmış, tüm kütüphaneler haritalandırıldıktan sonra elde edilen “.fasta” formatındaki dosyalar hesaplama için kullanılmıştır. RPKM hesaplamaları sonrasında, her bir kütüphanenin kontrol grubuna göre, ifade düzeyinde değişim gösteren transkriptlerinin tanımlanması amacıyla NCBI (National Center of Biotechnology Information) veri tabanından tüm nükleotidler ve EST dizileri indirilmiş, her bir transkript dizisi ile BlastN 2.2.28 algoritması, Bio-Linux 8 yazılımı (Field vd. 2006) ile E-değeri 1e-10 parametresine göre gerçekleştirilmiştir.

RPKM hesaplamalarına göre ifade seviyesi değişen transkript sayısının ve özgünlüğünün, stres uygulamalarına göre kök, yaprak ve tane örneklerindeki sayısal olarak değişimi Venn diyagramı (Venn 2.0, <http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/>) vasıtasıyla özetlenmiştir. Ayrıca ifade seviyesi değişen transkriptlerin tespit edilmesinin yanı sıra, ifade değişim yönü de önemlidir. Kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresleri sonucu ifadesi değişen transkriptlerin, ifadesinin artması ve azalmasına bağlı olarak kök, yaprak ve tane örneklerinde ayrı ayrı karşılaştırılması sonucu sıcaklık grafikleri (heatmap) PermutMatrix 1.9.3 yazılımı (<http://en.bio-soft.net/chip/PermutMatrix.html>) ile belirlenmiştir.

Stres uygulamaları sonucunda kök, yaprak ve tane örneklerine ait her bir kütüphane için, ilgili transkripsiyon faktörlerini elde etmek amacıyla, Plant Transcription Factor Database (PlantTFDB v3.0; <http://planttfdb.cbi.edu.cn/>) olarak adlandırılan, internet veritabanında yer alan, 83 türe ait, 58 aileye ayrılmış toplam 129.288 adet transkripsiyon faktörü indirilmiş ve veri olarak kullanılmıştır. Referans genoma haritalama sonucu her bir kütüphane için oluşan, kontigleri içeren “.fasta” formatındaki dosyalar tüm bitki transkripsiyon faktörleri verisine Bio-Linux 8 yazılımı ile E-değeri 1e-5 olacak şekilde BlastX 2.2.28 yapılmıştır ve transkripsiyon faktörleri belirlenmiştir.

RNA-dizileme sonrasında, elde edilen transkript verileri protein kodlayan genlerin yanı sıra, oldukça çok sayıda kodlanmayan (non-coding RNA) transkript dizisi içermektedir. Protein kodlamayan transkriptlerden biri olan miRNA'ların belirlenmesi için; haritalama sonucu her bir kütüphane için oluşan, kontigleri içeren “.fasta” formatındaki dosyalar, yaklaşık 28,645 miRNA ailesinin dizisini içeren miRBase (miRBase=the microRNA database, v21.0; <http://www.mirbase.org/>) veri tabanından tüm miRNA hairpin'lerinin “.fasta” formatındaki dizileri indirildikten sonra, elde edilen ve daha önce bilinen miRNA dizileri üzerine Bio-Linux 8 yazılımı ile E-değeri 1e-10 baz alınarak BlastN 2.2.28 algoritması yapılmıştır. miRBase veri tabanı (Griffiths-Jones vd. 2008) aracılığıyla, miRNA'ların hedef genlerinin analizi için her bir miRNA'ya özgü 22-24 bç uzunluğundaki mature diziler elde edilmiştir. Ve daha sonra miRNA'lara ait bu dizilerin, miRU (<http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/>) (Zhang 2005) veri tabanı aracılığıyla hedef genleri tespit edilmiştir.

Dizileme sonrasında, transpozon element analizi için, Repbase (<http://www.girinst.org/repbase/>) veri tabanından bitkilere ait transpozon dizileri indirilmiştir ve haritalama sonucu her bir kütüphane için oluşturulan, kontigleri içeren “.fasta” formatındaki okumalara karşı Bio-Linux 8 yazılımı ile E-değeri 1e-10 baz alınarak BlastN 2.2.28 algoritması kullanılarak transpozon elementler bulunmuştur.

Gen ontoloji analizleri ile transkriptlerin rol aldığı; biyolojik işlev (biological process, BP), moleküler fonksiyon (molecular function, MF) ve hücresel bileşen (cellular component, CC) hakkında bilgi elde etmek mümkündür. Bu analizlerin sonucunda da hücre, doku veya organizmanın metabolik süreç dinamiğine ilişkin kapsamlı bilgi elde edilebilir. Bu kapsamda her kütüphaneye ait okumanın, karşılık bulduğu gen atıflandırmasını ve genin kendine özel fonksiyonunu ortaya koymak için Blast2GO (Basic Local Alignment Search Tool to Gen Ontology) (Conesa ve Götz 2008) programı, CLC Genomics Workbench yazılımı yardımıyla kullanılmıştır. Blast2GO analizi için, dizileme sonucu elde edilen ve indekslenmiş genom üzerine haritalandırma yapılarak oluşturulan kontiglerin dizi bilgisi kullanılmıştır. İlk olarak NCBI veritabanı üzerinden, haritalama sonucu elde edilen dizi bilgisi BlastX yapılmıştır. 200 bç'den uzun olan potansiyel kodlama yapan gen bölgeleri, BlastX analizi ile bilgi bankalarında

mevcut "non-redundant" protein dizileri ile karşılaştırılmıştır. E-değeri $1e-20$ olan, %80'in üzerinde homoloji gösteren diziler, protein kodlayan gen dizileri olarak adlandırılmaktadır. Daha sonra BlastX sonucunda elde edilen dosya, Blast2GO yazılımı aracılığıyla haritalandırılmıştır ve genler sınıflandırılmıştır. Dizi grupları arasında bulunan farklılıkların GO terimi dağılımına göre istatistiksel analizleri yapılmıştır. Daha sonra enzim kodları ve KEGG analizi ile transkriptlerin görev aldığı yollar belirlenmiştir. Mevcut en kapsamlı metabolik yollar veri tabanı olması nedeniyle, çalışmamızda KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) veri tabanı seçilmiştir.

3.7 Eş Zamanlı PZR (qRT-PZR) Analizi

Eş zamanlı PZR ile bazı genlerin doğrulamasını yapmak amacı ile kök, yaprak ve taneden elde edilen RNA'lardan cDNA elde etmek için Fermentas Kiti (Fermentas, Ontario, Canada) kullanılmıştır. Eşit miktarda RNA ile çalışmaya başlamak amacıyla, her bir örneğe ait total RNA'lardan 1000 ng olacak şekilde kullanılacak RNA miktarı hesaplanmıştır. 1X (1 örnek) için 1 µl Oligo dT, 1000 ng RNA ve toplam hacim 11 µL olacak şekilde su ilave edildikten sonra tüpler PZR cihazında 65°C'de 5 dk inkübe edilmiştir. Bu süre sonunda tüpler hemen buza gömülmüş ve 2 dk buzda bekletilmiştir. Ardından her bir tüpe 4 µL 5X Buffer, 2 µL 10 mM dNTP, 1 µL RNase out, 2 µL Revers Transkriptaz enzimi eklenerek toplam hacim 20 µL'ye tamamlanmıştır. 37°C'de 60 dk, 70°C'de 5 dk PZR cihazına konulmuştur ve +4 °C'de reaksiyon sona erdirilmiştir. Ardından oluşturulan tüm cDNA'ların, 18S rRNA primerleri ile PZR optimizasyonu yapılmış ve cDNA'ların oluşup oluşmadığının kontrolü %1,5'lük agaroz jelde yürütülerek tespit edilmiştir. cDNA reaksiyonunun kontrolü sağlandıktan sonra, oluşturulan tek zincirli cDNA'lar, primerler, SYBR Green I Master Mix (Roche Applied Science, Penzberg, Germany) kullanılarak Roche LightCycler 480 II cihazında çoğaltılmış ve PZR'nin her bir döngüsünün ardından, oluşan ürün miktarı ile orantılı olarak artan floresans boyanın verdiği sinyaller analiz edilmiştir. DeneySEL hataların en aza indirilmesi için her örnek 3 tekrarlı olarak hazırlanmıştır. Örneklerin ifade düzeylerinin normalizasyonu için 18S geni kontrol olarak kullanılmıştır. qRT-PZR deneyi 1X için; 0.1 µL ileri primer, 0.1 µL geri primer, 10 µL 2X Fast SYBR Green

Master Mix (Roche, Kat no: 4385612) ve 7.8 μ L nükleaz içermeyen su kullanılarak hazırlanan 18 μ L karışım, 96 kuyucuklu platein her bir reaksiyon kuyucuğuna ayrı ayrı konulmuş, ölçüm yapılacak olan cDNA ürünlerinden de 2 μ L eklenerek qRT-PZR cihazına yerleştirilmiştir. PZR programı şu şekilde ayarlanmıştır: 95°C’de 5 dk ön ısıtma; 95°C’de 10 sn, 53°C’de 20 sn ve 72°C’de 10 sn (50 döngü). Floresans sinyalleri ise 530 nm’de 65°C’den 95°C’ye kadar her 0.5°C’de bir kaydedilmiştir. Son olarak sonuçlar “Roche Light Cyclers 480 Software” yazılımı aracılığı ile analiz edilmiştir.



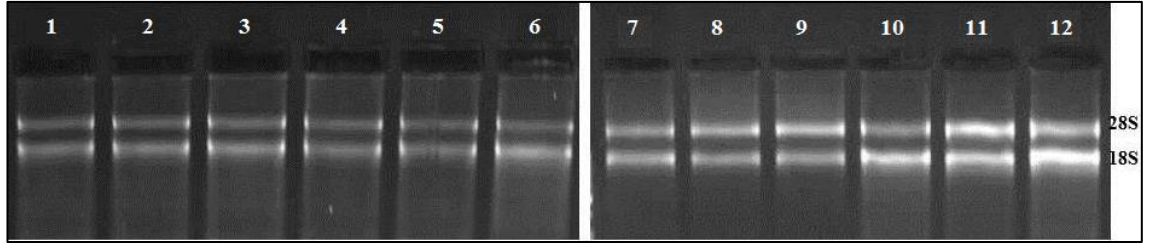
4. ARAŞTIRMA BULGULARI

4.1 RNA İzolasyonu, Miktar ve Kalite Tayini

Transkriptom dizileme reaksiyonunun başarılı bir şekilde gerçekleşmesi, büyük ölçüde izolasyonu gerçekleştirilen total RNA'nın kalite ve miktarına bağlıdır. Çiçeklenme döneminden hemen sonra kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres uygulaması sonrasında, uygulama ve kontrol bitkilerine ait kök ve yaprak dokusundan örnekler alınarak TRIzol metoduna göre (Ünver 2008), taneden ise MMY metoduna (Mornkham vd. 2013) göre izole edilen total RNA örneklerinin, NanoDrop 2100c cihazı ile saflık ve konsantrasyon tayinleri yapılmıştır (Çizelge 4.1). Aynı zamanda kalitatif analiz için, RNA örnekleri %2'lik agaroz jelde görüntülenmiştir (Şekil 4.1). Örneklerle ait NanoDrop sonuçları olarak; 260/280 oranı 1,8-2,2 ve 260/230 oranı ise 1,7-2,1 değerleri arasında ve RNA-dizileme için uygun olduğu belirlenmiştir.

Çizelge 4.1 İzole edilen RNA örneklerinin kalite ve konsantrasyon değerleri

Örnek	Nükleik asit konsantrasyonu (ng/µl)	OD260/OD280	OD260/OD230
Kontrol Kök	492,4	1,82	1,71
Kontrol Yaprak	1024,3	2,00	1,85
Kontrol Tane	327,6	1,80	1,75
Kuraklık Kök	585,6	1,86	1,70
Kuraklık Yaprak	1487,1	2,06	2,01
Kuraklık Tane	356,6	1,82	1,88
Yüksek sıcaklık Kök	789,6	1,88	1,92
Yüksek sıcaklık Yaprak	945,0	2,2	1,97
Yüksek sıcaklık Tane	407,8	1,82	1,85
Yüksek sıcaklık+kuraklık Kök	627,4	1,98	1,88
Yüksek sıcaklık+kuraklık Yaprak	1122,2	2,01	2,10
Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane	465,5	1,83	1,93



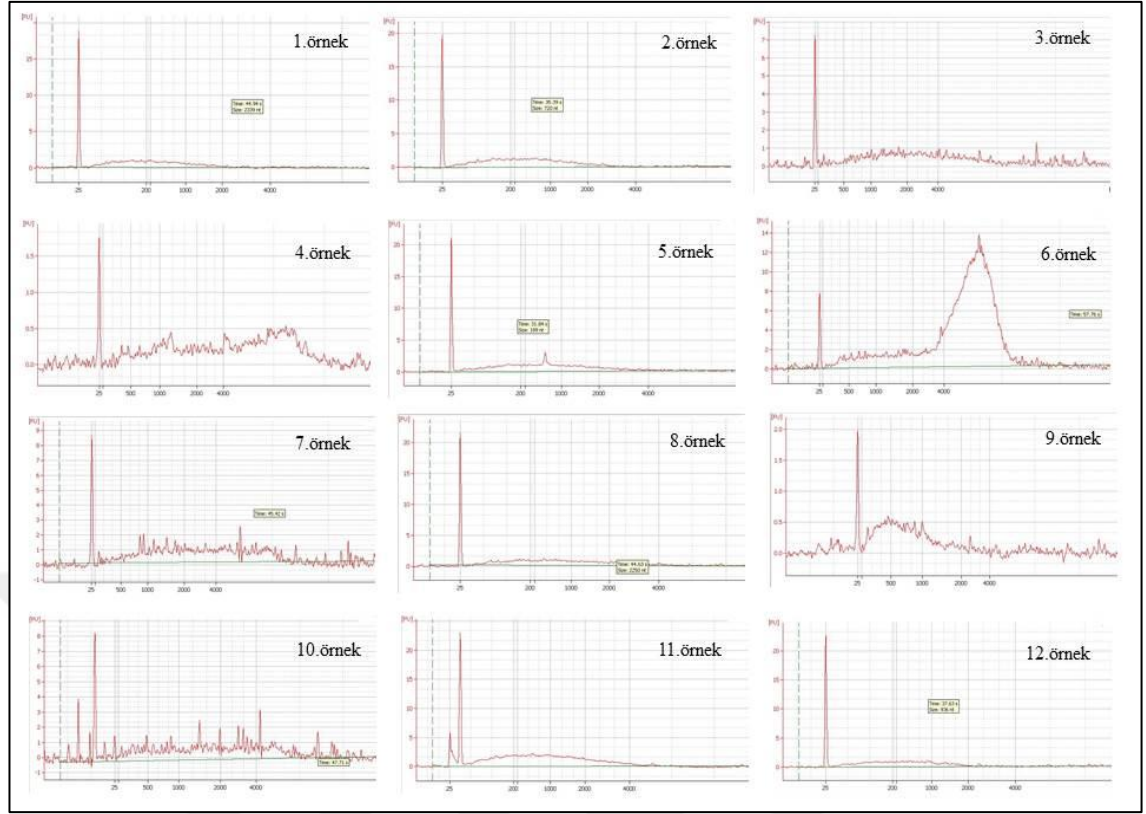
Şekil 4.1 İzole edilen total RNA'ların %2'lik agaroz jel görüntüleri

1. Kontrol Kök, 2. Kontrol Yaprak, 3. Kontrol Tane, 4. Kuraklık Kök, 5. Kuraklık Yaprak, 6. Kuraklık Tane, 7. Yüksek sıcaklık Kök, 8. Yüksek sıcaklık Yaprak, 9. Yüksek sıcaklık Tane, 10. Yüksek sıcaklık+Kuraklık Kök, 11. Yüksek sıcaklık+Kuraklık Yaprak, 12. Yüksek sıcaklık+Kuraklık Tane

4.2 Roche 454 GS FLX+ ile RNA Dizileme

4.2.1 Dizileme için RNA fragmentasyonu ve oluşturulan cDNA kütüphanesinin kalite analizi

RNA-dizileme için seçilen, uygulama ve kontrol örnekleri olmak üzere toplam 12 kütüphaneye ait RNA'lar, Roche 454 GS FLX+ protokolüne uygun olarak parçalama solüsyonu kullanılarak fragmente edilmiştir. Fragmentasyon sonucunda oluşan uygun 450-1200 bp uzunluktaki RNA parçalanmasının olup olmadığının tespit edilmesi için biyoanalizör (Agilent 2100, Bioanalyzer High Sensitivity) cihazı ve RNA çipi kullanılmıştır (Şekil 4.2). Elde edilen sonuçlara göre, RNA örneklerinin cDNA aşamasında kullanılabilmesi için istenilen uzunlukta parçalandığı belirlenmiştir.



Şekil 4.2 RNA örneklerinin fragmentasyon görüntüsü

1. Kontrol Kök, 2. Kontrol Yaprak, 3. Kontrol Tane, 4. Kuraklık Kök, 5. Kuraklık Yaprak, 6. Kuraklık Tane, 7. Yüksek sıcaklık Kök, 8. Yüksek sıcaklık Yaprak, 9. Yüksek sıcaklık Tane, 10. Yüksek sıcaklık+kuraklık Kök, 11. Yüksek sıcaklık+kuraklık Yaprak, 12. Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane

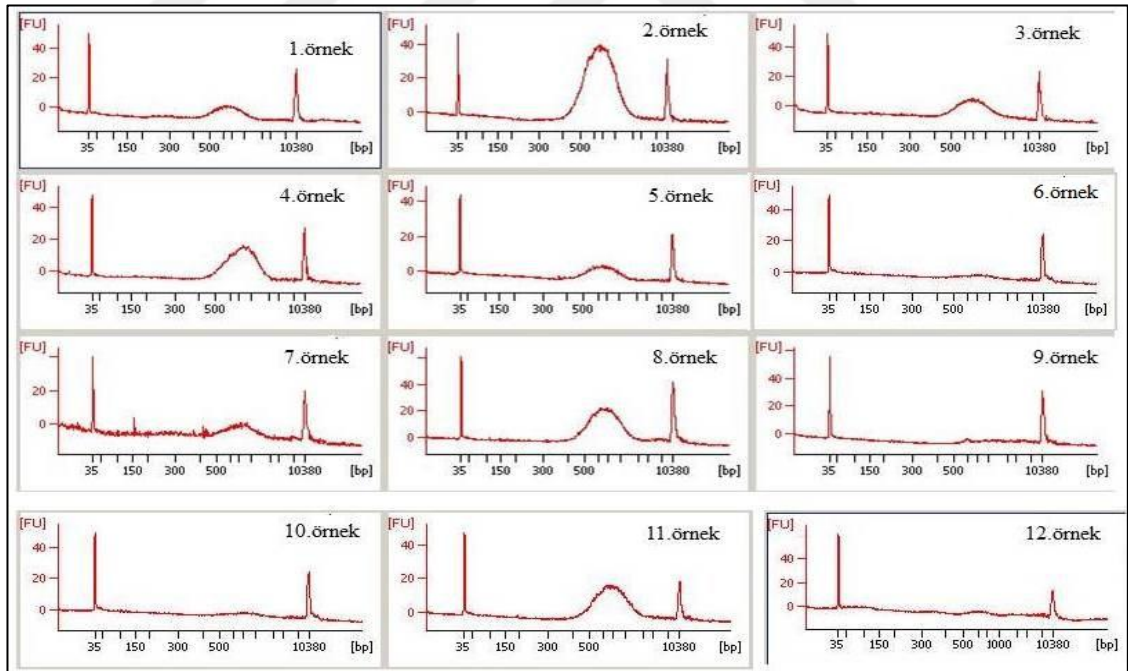
Çizelge 4.2 Hesaplama sonucu cDNA kütüphanelerine ait molekül sayıları

Örnek	Ortalama fragment uzunluğu (bç)	Örnek konsantrasyonu (pg/μl)	Molekül sayısı (ng/μl)
Kontrol Kök	692	232,78	$6,05 \times 10^8$
Kontrol Yaprak	752	1666	$3,99 \times 10^9$
Kontrol Tane	741	421,97	$1,03 \times 10^9$
Kuraklık Kök	865	886,88	$1,85 \times 10^9$
Kuraklık Yaprak	718	357,72	$8,97 \times 10^8$
Kuraklık Tane	890	295,54	$7,60 \times 10^7$
Yüksek sıcaklık Kök	844	224,82	$4,79 \times 10^8$

Çizelge 4.2 Hesaplama sonucu cDNA kütüphanelerine ait molekül sayıları (devam)

Yüksek sıcaklık Yaprak	740	603,3	$1,47 \times 10^9$
Yüksek sıcaklık Tane	599	59,62	$1,69 \times 10^7$
Yüksek sıcaklık+kuraklık Kök	905	206,94	$4,12 \times 10^8$
Yüksek sıcaklık+kuraklık Yaprak	758	912,12	$2,17 \times 10^9$
Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane	634	52,94	$1,50 \times 10^8$

Fragmentasyon sonucu oluşan uygun 450-1200 bp uzunluktaki RNA parçalarından, üretilen cDNA'ların uzunluklarını görmek için biyoanalizör cihazı (Agilent 2100, Bioanalyzer High Sensitivity) ve DNA çipi ile ölçüm yapılmıştır. Bu ölçüm sonucunda, cDNA ortalama fragment uzunluğunun yaklaşık 600-910 bp arasında olduğu, örnek konsantrasyonunun uygun olduğu belirlenmiştir (Çizelge 4.2, Şekil 4.3).



Şekil 4.3 Dizileme için hazırlanan cDNA kütüphanelerinin görüntüsü

1. Kontrol Kök, 2. Kontrol Yaprak, 3. Kontrol Tane, 4. Kuraklık Kök, 5. Kuraklık Yaprak, 6. Kuraklık Tane, 7. Yüksek sıcaklık Kök, 8. Yüksek sıcaklık Yaprak, 9. Yüksek sıcaklık Tane, 10. Yüksek sıcaklık+kuraklık Kök, 11. Yüksek sıcaklık+kuraklık Yaprak, 12. Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane

4.2.2 Emülsiyon PZR sonucu

Pirosekanslama teknolojisinin temelini oluşturan emülsiyon PZR reaksiyonu, özel boncukların yüzeyine, tek bir DNA fragmentinin bağlanarak su-yağ ortamında PZR ile çoğaltılması prensibine dayanmaktadır. Başarılı bir emülsiyon PZR reaksiyonu sonucu, fragmentin milyonlarca kopyasının elde edildiği bir klonal çoğaltım gerçekleştirilmiştir. Öncelikle yağ içinde suyun emülsiyonu sağlanmış, daha sonra boncuk üzerine bağlanmış fragment ve bu fragmentin çoğaltımı için gerekli olan bileşenler yağ damlacıklarının içerisine aktarılmıştır.

Dizileme için gerekli olan uygun boncuk sayısını bulmak için boncuk sayma cihazı kullanılmıştır ve bu ölçüm sonuçlarına dayanarak yüzde olarak ne kadar boncuk kazanımı olduğu Casy boncuk sayım cihazı ile hesaplanmıştır (Çizelge 4.3). Bu işlemler göz önüne alınarak dizileme işlemi sırasında PicoTiterPlate'e ne kadar boncuk yüklenmesi gerektiği de hesaplanmıştır. Boncuk zenginleştirme yüzde değerlerine göre, kontrol ve uygulama örneklerinin yüzdesinin, olması gereken optimum değerler arasında olduğu bulunmuştur.

Çizelge 4.3 emPZR sonucu kazanılan boncuk sayıları ve dizilemede kullanılacak miktarlar

Örnek	Kazanılan boncuk sayısı	Boncuk zenginleştirme (%)	Dizilemede kullanılan miktar (µl)
Kontrol Kök	$1,93 \times 10^6$	8,9	64,77
Kontrol Yaprak	$1,82 \times 10^6$	7,6	68,68
Kontrol Tane	$2,93 \times 10^6$	13,9	42,66
Kuraklık Kök	$1,96 \times 10^6$	8,4	63,78
Kuraklık Yaprak	$1,94 \times 10^6$	8,3	64,43
Kuraklık Tane	$8,69 \times 10^6$	18,1	14,38
Yüksek sıcaklık Kök	$2,38 \times 10^6$	10,9	52,52

Çizelge 4.3 emPZR sonucu kazanılan boncuk sayıları ve dizilemede kullanılacak miktarlar (devam)

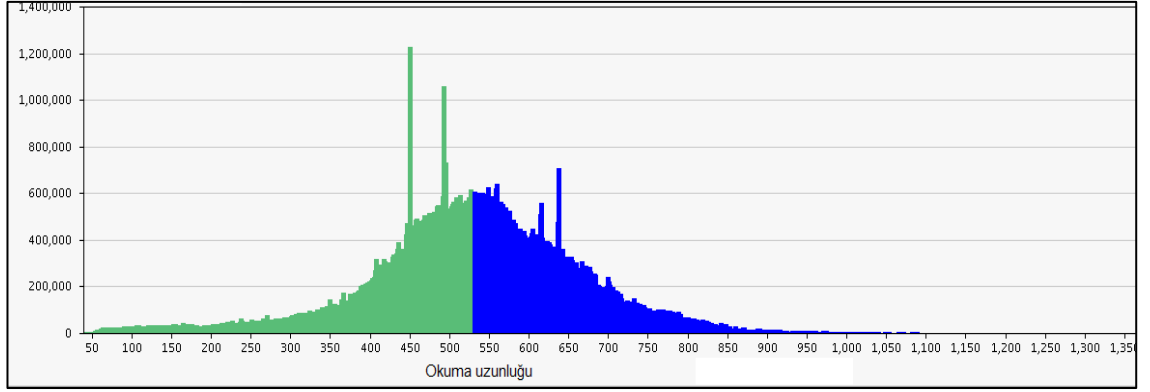
Yüksek sıcaklık Yaprak	2,54x10 ⁶	10,5	49,21
Yüksek sıcaklık Tane	4,24x10 ⁶	17,4	29,48
Yüksek sıcaklık+kuraklık Kök	2,71x10 ⁶	12,7	46,13
Yüksek sıcaklık+kuraklık Yaprak	2,40x10 ⁶	9,7	52,08
Yüksek sıcaklık+kuraklık Tane	1,82x10 ⁶	13,3	44,33

4.3 Dizileme ve Biyoenformatik Analizlerin Sonuçları

4.3.1 Dizileme sonuçları

emPZR sonucu elde edilen ürünler gerekli enzimlerle birlikte, her bir kütüphaneden yaklaşık 2 milyon boncuk PicoTiterPlate'e yüklendikten sonra dizileme işlemi Roche 454 GS FLX+ cihazında gerçekleştirilmiştir. Toplam 12 kütüphane için cihazdan elde edilen okuma uzunluklarına ait grafik (Şekil 4.4) ve okuma değerleri çizelge 4.4'de verilmiştir. Transkriptom dizileme reaksiyonu sonucunda, kontrol ve stres uygulama gruplarının kök, yaprak ve tane örneklerine ait olmak üzere, 12 kütüphaneye genel olarak bakıldığında; 255.402 nükleotitden oluşan okuma elde edildiği ve bu okumaların yaklaşık 118 milyon baz içerdiği, ortalama okuma uzunluklarının da 400-510 bp arasında değişiklik gösterdiği belirlenmiştir.

Toplam okunan baz sayısı bakımından, RNA-dizileme sonucunda en fazla okumanın 14.431.537 baz sayısı ile 9. kütüphane yüksek sıcaklık stres uygulamasının tane örneğine ait olduğu, en düşük okumanın ise; 6.309.866 baz sayısı ile 10. kütüphane yüksek sıcaklık+kuraklık stres uygulamasının kök dokusuna ait olduğu görülmüştür.



Şekil 4.4 Dizileme sonucunda Roche 454 GS FLX+ cihazından elde edilen 12 kütüphaneye ait okuma uzunlukları grafiği

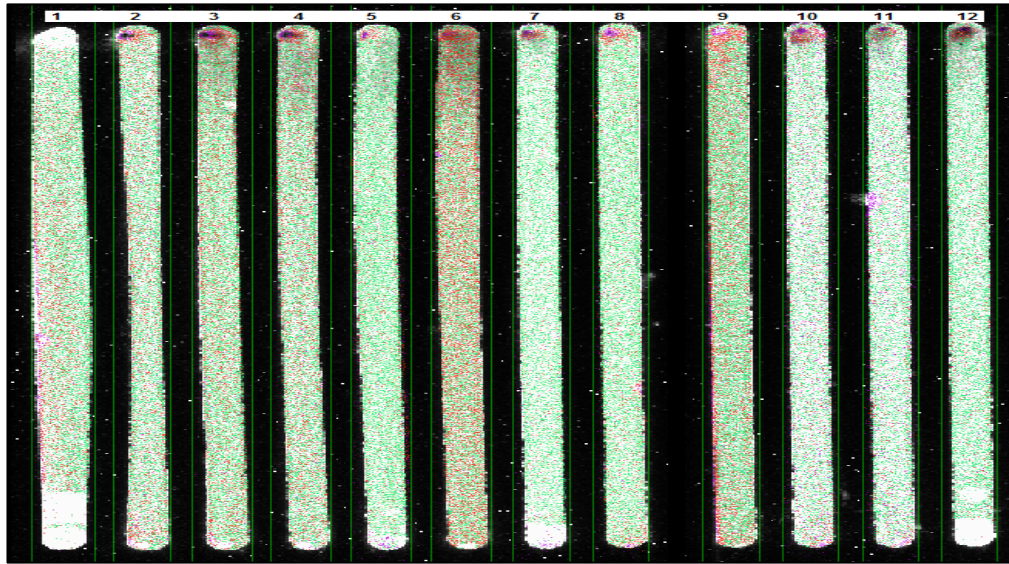
Çizelge 4.4 Dizileme sonucunda Roche 454 GS FLX+ cihazından elde edilen 12 kütüphaneye ait okuma değerleri

Örnek	Yüklenen Toplam Boncuk Sayısı	Filtreden Geçen Toplam Okuma Sayısı	Toplam Okuma Sayısı	Toplam Okunan Baz Sayısı	Ortalama Okuma Uzunluğu (bç)	N50 Değeri
Kontrol Kök	41.532	35.809	22.724	10.575.488	465	535
Kontrol Yaprak	34.551	29.733	18.957	8.010.530	423	497
Kontrol Tane	47.504	38.648	23.199	10.609.582	457	524
Kuraklık Kök	42.012	36.429	22.420	10.564.569	471	533
Kuraklık Yaprak	42.818	29.144	23.513	11.131.123	473	509
Kuraklık Tane	62.672	54.744	24.028	11.286.629	470	551
Yüksek sıcaklık Kök	27.671	18.285	15.580	7.897.525	507	539
Yüksek sıcaklık Yaprak	38.725	25.776	19.555	9.084.103	465	517
Yüksek sıcaklık Tane	60.042	55.781	32.293	14.431.537	447	519
Yüksek sıcaklık +kuraklık Kök	27.835	19.937	14.430	6.309.866	437	500

Çizelge 4.4 Dizileme sonucunda Roche 454 GS FLX+ cihazından elde edilen 12 kütüphaneye ait okuma değerleri (devam)

Yüksek sıcaklık +kuraklık Yaprak	28.394	21.508	17.003	7.586.189	446	501
Yüksek sıcaklık +kuraklık Tane	29.190	26.063	21.700	10.302.887	475	515
TOPLAM	482.946	391.857	255.402	117.790.028	461	520

Dizilerin cihaz tarafından tanımlanması, sentez sırasında açığa çıkarılan kemilüminesans ışımının algılanması prensibine dayanmaktadır. Dizileme primeriyle sabitlenen tek sarmallı kalıp DNA üzerine ardışık olarak akan A, C, G, T nükleotidlerinin kalıp DNA dizisine tamamlayıcı olması durumunda ortamda bir ışık oluşmaktadır. Her bir nükleotid takıldığı zaman ortaya çıkan ışıma, cihaz içerisindeki optik okuyucu tarafından algılanır ve bu sinyaller bilgisayar ortamına aktarılarak dizi bilgisi elde edilir. Şekil 4.5’de 12 farklı kütüphaneye ait elde edilen ışıma görüntüsü bulunmaktadır.



Şekil 4.5 Dizileme sırasında 12 farklı kütüphaneye ait elde edilen kemilüminesans ışıma görüntüsü

1. Kontrol Kök, 2. Kontrol Yaprak, 3. Kontrol Tane, 4. Kuraklık Kök, 5. Kuraklık Yaprak, 6. Kuraklık Tane, 7. Yüksek sıcaklık Kök, 8. Yüksek sıcaklık Yaprak, 9. Yüksek sıcaklık Tane, 10. Yüksek sıcaklık+Kuraklık Kök, 11. Yüksek sıcaklık+Kuraklık Yaprak, 12. Yüksek sıcaklık+Kuraklık Tane

4.3.2 Haritalama sonuçları

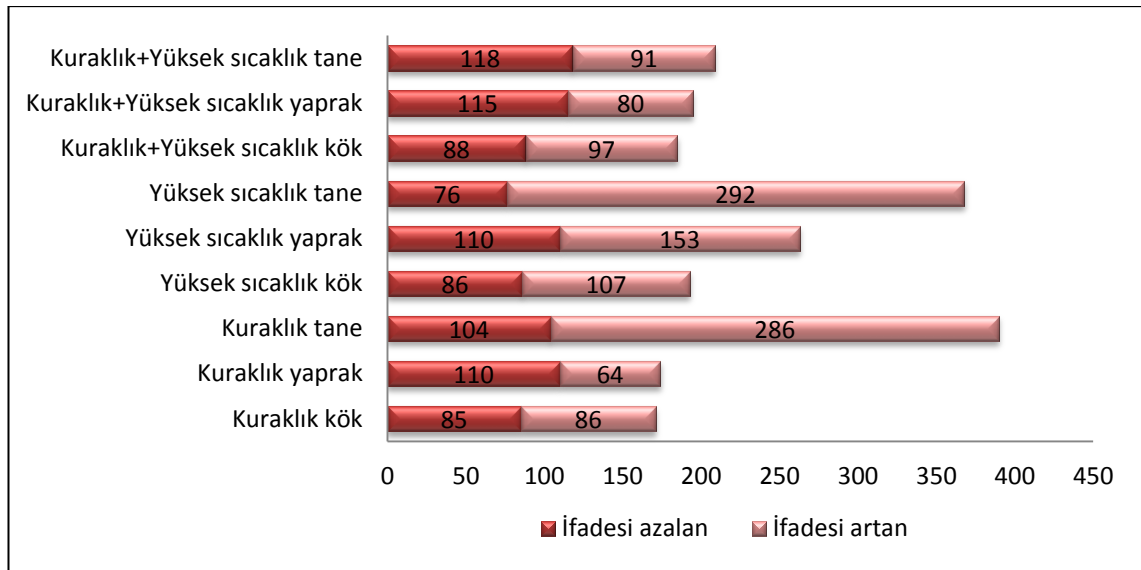
Dizileme sonrası 12 kütüphaneye ait okuma, GS *De Novo* Assembler programı kullanılarak *de novo* birleştirilmiş ve kontigler oluşturulmuştur. Fakat ekmeklik buğday bitkisinin referans genom bilgisi var olduğundan, transkriptlerin ve ifade düzeylerinin belirlenmesi kromozoma ayrılmış genom bilgisi, diğer analizler ise tüm genom bilgisi kullanılarak haritalama sonucu elde edilen bilgiler ışığında yapılmıştır. Bu bağlamda; dizileme sonucu elde edilen okumalar, Uluslararası Buğday Genom Dizileme Konsorsiyumu, IWGSC, tarafından yayınlanmış yaklaşık 6,6 Gb büyüklüğündeki haploid ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) genomu üzerine, GS Reference Mapper programı kullanılarak haritalandırılmış ve kontigler elde edilmiştir. Kontrol, kuraklık ve yüksek sıcaklık tane kütüphanelerine ait ham okuma verilerinin büyük olması nedeniyle, teknik nedenlerden ve bilgisayar kapasitesinin yetersiz kalmasından dolayı belirtilen üç kütüphaneye ait okumalar referans genoma haritalanamamış, *de novo* assembler programı kullanılarak kontigler oluşturulmuştur. Haritalama için kullanılan referans genom bilgileri kısaca; toplam baz sayısı: 6.591.259.146; kodlanan gen sayısı: 100.934; gen transkript sayısı: 112.496 olarak belirtilmiştir. Haritalama sonrası elde edilen, her bir kütüphaneye ait okumaların GS Reference Mapper programı ile birleştirme sonuçları çizelge 4.5’de verilmiştir. Referans genoma haritalama sonucunda 8.351 unigen tespit edilmiş olup, haritalandırılmış toplam okuma ve baz sayısı değerlerine göre, tüm kütüphane okumalarının %90-95 oranında referans genoma hizalandığı belirlenmiştir. Haritalama sonucunda, toplam kontig sayısı, unigen sayısı ve toplam baz sayısı bakımından ise; en yüksek değer yüksek sıcaklık yaprak kütüphanesinde tespit edilmiş olup, bu değerler sırasıyla 1127, 967 ve 611.665 olarak belirlenmiştir. Elde edilen transkript sayılarının yanı sıra, kısa dizilerden oluşan transkriptlerin boyutu da önem taşımaktadır. Bu kapsamda, transkript uzunluğu ve transkriptom analizinin başarısı arasındaki ilişkiyi göstermek üzere “N50” tanımlayıcı istatistiği adı verilen bir parametre geliştirilmiştir. N50 istatistiği transkriptom analizi sonucunda, elde edilen transkriptlerin uzunluğu göz önüne alarak transkriptom analizinin ne derece etkin olduğuna ilişkin istatistiksel bilgi verir. Bu bağlamda N50 değeri bakımından referans genoma haritalama sonucu elde edilen sonuçlar ile uyumlu olarak, en yüksek N50 değeri yüksek sıcaklık yaprak örneğinde belirlenmiştir.

Çizelge 4.5 Her bir kütüphaneye ait okumaların GS Reference Mapper programı ile referans genom haritalama sonuçları (*: *de novo* assemble sonuçları)

Örnek	Haritalandırılmış toplam okuma sayısı	Haritalandırılmış toplam baz sayısı	Tüm haritalama sayısı	Parçalı haritalama sayısı	Haritalanmayan sayısı	N50 kontig uzunluğu	Unigen sayısı	Toplam kontig sayısı	Toplam baz sayısı
Kontrol Kök	21.929	9.293.965	13.400	2.899	769	1195	671	770	441.573
Kontrol Yaprak	18.902	7.802.759	14.706	2.084	48	1217	867	968	565.964
Kontrol Tane*	22.105	9.893.373	20.986	1.223	36	720	157	256	34.456
Kuraklık Kök	22.105	9.609.853	15.467	2.478	307	1409	748	874	466.410
Kuraklık Yaprak	23.422	10.844.006	17.757	2.822	86	1456	672	797	506.550
Kuraklık Tane*	8.660	3.112.866	3.587	12.922	761	835	882	1013	521.818
Yüksek sıcaklık Kök	14.868	5.740.835	6.737	2.953	710	1104	836	970	510.124
Yüksek sıcaklık Yaprak	19.407	8.766.288	14.161	2.484	139	1756	967	1127	611.665
Yüksek sıcaklık Tane*	20.548	8.988.402	17.196	10.079	480	960	383	558	268.468
Yüksek sıcaklık +kuraklık Kök	13.917	5.312.627	6.792	2.729	503	1185	771	902	475.942
Yüksek sıcaklık +kuraklık Yaprak	16.889	7.285.293	11.241	2.419	106	1465	715	808	484.486
Yüksek sıcaklık +kuraklık Tane	21.631	10.025.680	16.076	2.217	67	1654	682	865	480.860

4.3.3 Dizileme sonrasında transkriptlerin ifade deęişim bulguları

Stres uygulamaları sonucunda dokulardan ifadesi gerekleşen transkriptlerin tanımlanması ve ifade düzeylerinin ortaya konulması, doku ve hücrelerin karakteristik işlevlerine ilişkin kayda deęer bilgi sağlayacaktır. Kontrol grubu ile kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi uygulanan kök, yaprak ve tane örneklerine ait; dizileme sonucu elde edilen okumalar, kromozomlara ayrılmış referans genom üzerine haritalandırılmış, sonrasında CLC Genomics Workbench yazılımı ile stres uygulama grupları kontrol grubu ile ayrı ayrı kıyaslanmış ve her kütüphaneye ait transkriptlerin RPKM deęerleri ile bu deęerler için kat deęişimleri (fold change) hesaplanmıştır. Ayrıca bu transkriptlere ait diziler kullanılarak NCBI veri tabanında, tüm nükleotid verisine BlastN yapılmış, transkriptlerin tanımlanması sağlanmıştır. Her bir kütüphane için hesaplama ve BlastN sonuçlarına ait detaylı bilgiler EK 1’de verilmiştir. Her stres uygulaması grubu, kontrol grubu ile gen ifade düzeyi bakımından deęerlendirilmiş ve bu analizlerin sonucu olarak toplam 9 farklı transkriptom profili elde edilmiştir. Analizler sonucunda stres uygulamalarına göre ifade deęişimi gösteren transkriptlerin sayısı Şekil 4.6’ da verilmiştir. İfade seviyesi deęişim gösteren 2148 transkriptten; ifade düzeyi en az deęişen grup 171 transkript sayısı ile kuraklık kök örneęi, en fazla deęişen grup ise 390 transkript sayısı ile kuraklık tane örneęi olarak belirlenmiştir.



Şekil 4.6 Kök, yaprak ve tane örneklerinde stres uygulamalarına göre ifadesi deęişen transkriptlerin sayısı

Hesaplama sonucunda bazı transkriptlerin ifade seviyesinde kontrol grubuna göre kayda değer bir artış veya azalma gözlenirken, aynı zamanda bazı transkriptlerin sadece uygulama örneklerinde veya sadece kontrol örneklerinde ifade olduğu tespit edilmiştir. Sadece stres örneğinde RPKM değeri tespit edilip kontrol örneğinde '0' RPKM değerine sahip transkript için kat değişimi $+\infty$; sadece kontrol örneğinde RPKM değeri tespit edilip stres örneğinde '0' RPKM değerine sahip transkript için kat değişimi $-\infty$ olarak belirtilmiştir. Kök, yaprak ve tane örneklerinde stres gruplarına göre ifade değişimi gözlenen transkriptlerden bazıları şunlardır; kuraklık stresi sonucu, kontrol grubu ile kıyaslanan tane örneğinde 390 transkriptten 286 tanesinin ifade seviyesi artarken, 104 tanesinin ifade seviyesinde azalma olduğu ve bu transkriptlerden selüloz sentezini uyaran β -glukozidaz (+4,88 kat), kuraklık koşulları altında osmotik dengenin sağlanmasında görevli bileşenlerden biri olan *glutamat sentaz* geninin (+2,8 kat), ayrıca serin/treonin kinaz (+1,9 kat) ve ubikuitin protein kinaz ($+\infty$) ifade seviyesinin önemli derecede arttığı gözlenmiştir. Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusu kontrol grubu ile kıyaslandığında 174 transkriptten 110 tanesinin özellikle fotosentez ile ilişkili olduğu ve ifadesinin azaldığı, 64 tanesinin ise ifadesinde artış olduğu belirlenmiştir. Fotosistem II aktivitesini arttıran klorofil a/b-bağlama proteinin (+3,54 kat), metiltransferaz ($+\infty$) ve ubikuitin protein ligaz (+1,78 kat) transkriptlerinin ifade seviyesinde bir artış gözlenirken; ribuloz 1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz (-3,38 kat) ve NADH dehidrojenaz ($-\infty$) genlerinin ifade seviyesinde azalma tespit edilmiştir. Kuraklık stresi sonucu kök dokusunda ise, 171 transkriptten 85 tanesinin ifade seviyesinde azalma gözlenirken, 86 tane transkriptin ifade seviyesinde artış olduğu ve kalsiyum-bağımlı protein kinaz ($+\infty$), aldoz redüktaz ($+\infty$), oksin yanıt proteini ($+\infty$), apositokrom b transkriptlerinin ifade seviyesi artarken, sitokrom c oksidaz ($-\infty$), *ATP sülfürilaz* ($-\infty$) geninin ifade seviyesi azalmıştır.

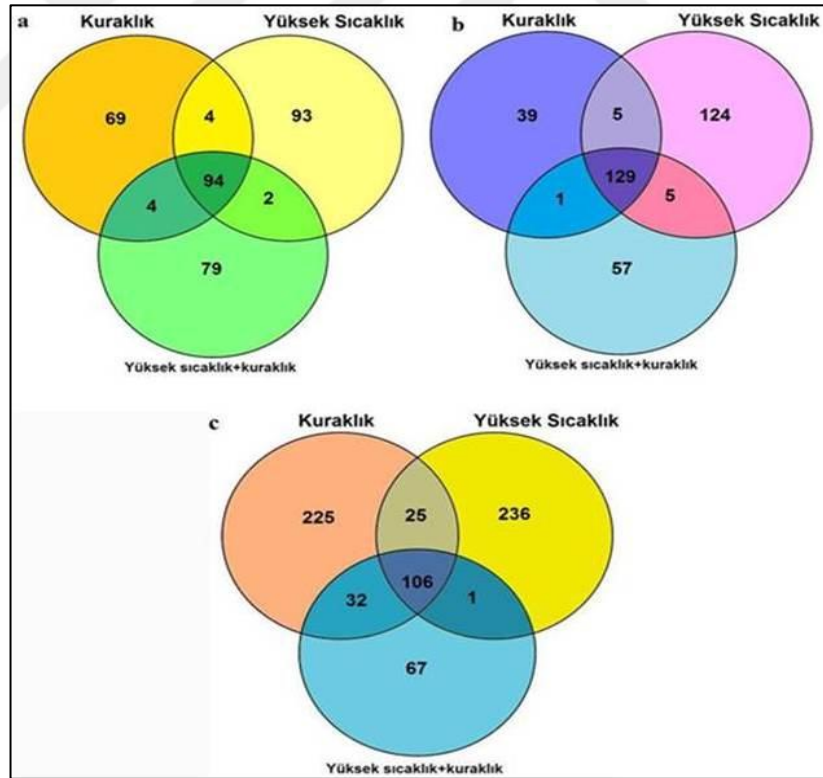
Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneğinde 368 transkriptten 292 transkriptin ifade seviyesi artarken, 76 tanesinin ifadesinde azalma olduğu ve Asetil CoA dehidrojenaz (+5,77 kat), *prolamin* geni ($+\infty$), ATP-bağımlı helikaz ($+\infty$), aldehit oksidaz ($+\infty$) ve *glutamat sentaz* (+2,84 kat) ifade seviyesi artarken, *üridin difosfat-glikoziltransferaz* (-2,04 kat), *geranil difosfat redüktaz* ($-\infty$) genlerinin ifade seviyesinde azalma gözlenmiştir. 263 transkriptten 110 tanesinin ifade seviyesinde azalma, 153 tanesinin

ifade seviyesinde de artış gözlenen yaprak dokusunda; ribuloz 1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz (-4,82 kat), NADH dehidrojenaz ($-\infty$), indol-2-monooksijenaz (-2,58 kat) transkriptlerinin ifade seviyesinde azalma gözlenirken, *membran-ilişkili kinaz* ($+\infty$), *glikoz-6-fosfat dehidrojenaz* ($+\infty$) genlerinin, peroksidaz ($+\infty$) antioksidan enziminin ve ısı-şok protein genlerinin ifade seviyesinin arttığı gözlenmiştir. Kök dokusunda ise, 193 transkriptten 86 tanesinin ifade seviyesi azalırken, 107 tanesinin ifade seviyesinin arttığı; *katalaz* ($+\infty$), *prolil hidroksilaz* (+3,45 kat), *çinko metalloproteinaz* ($+\infty$), *kalmmodulin* (CaM) genlerinin ifade seviyesinde artış, *sitokrom c oksidaz* (COX) ve *ATP sentaz* geninin ifade seviyesinde ise azalma olduğu belirlenmiştir.

Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneğinde; 209 transkriptten 91 tanesinin ifade seviyesi artarken, 118 tanesinin ifade seviyesinde azalma olduğu ve amonyum özümlemesinde önemli bir gen olan ve yüksek sıcaklık veya kuraklık gibi stres faktörleri sonucu ifade azalması gösterebilen glutamin sentetaz (GS) ($-\infty$) ve glikoz-6-fosfat izomeraz (-6,06 kat) genlerinin ifade seviyesinde azalma; hücre çeperinin mekanik olarak güçlenmesi lignin ve selüloz birikimi ile sağlayan *kalloz sentaz* ($+\infty$), *serin/treonin protein kinaz* (+1,12 kat) ve *glutasyon sentetaz* (+4,53 kat) transkriptlerinin ifade seviyesinde artış gözlenmiştir. Yüksek sıcaklık+kuraklık stres uygulaması sonucu tanede glutasyon biyosentezindeki artış, oksidatif strese karşı hücresel savunma mekanizmasının artmasının yanı sıra, metal bağlama kapasitesinin de artışını sağlamaktadır. Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda ise 195 transkriptten 80 tanesinin ifade seviyesinde artış, 115 tanesinin ifade seviyesinde azalma gözlenirken, bunlardan *ATP sentaz* (+3,71 kat), *lösence-zengin tekrar reseptör kinaz* ($+\infty$), *betain aldehit dehidrojenaz* ($+\infty$) genlerinin ifade seviyesinde artış, yüksek sıcaklık stresine bağlı olarak fotosentez oranında azalma ile sonuçlanan, *ribuloz 1,5-bifosfat karboksilazın* (-3,24 kat), *indol-2-monoksijenaz* (-1,62 kat) ve *alkol dehidrojenaz* ($+\infty$) transkriptlerinin ifade seviyesinde ise azalma olduğu belirlenmiştir. Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök dokusunda 185 transkriptten 97 tanesinin ifade seviyesinde artış, 88 tanesinin ise ifade seviyesinde azalma gözlenmiş olup, *asetil CoA dehidrojenaz* ($+\infty$), *ubikuitin protein* ($+\infty$) ifadesi; ayrıca yüksek sıcaklık stresi sonucu ifadesi azalan *geranil difosfat redüktaz* geninin her iki stres birlikte

uygulandığında ifade seviyesinde artış olduğu (+2,71 kat), sitokrom c oksidaz (-∞) geninin ifade seviyesinde ise azalma olduğu belirlenmiştir.

RPKM hesaplamaları sonucu, ifadesi değişen transkript sayısının ve özgünlüğünün, stres uygulamalarına göre kök, yaprak ve tane örneklerindeki sayısal olarak değişimi Venn diyagramı ile gösterilmiştir (Şekil 4.7). İfade seviyesinde değişim gözlenen transkriptlerden bazıları; kök, yaprak ve tane örneklerinde sadece kuraklık, sadece yüksek sıcaklık veya sadece yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tespit edilmiştir. Kök dokusunda 94 adet, yaprak dokusunda 129 adet, tane örneğinde de 106 adet transkriptin her üç stres uygulamasında da ifade seviyesinin değiştiği gözlenmiştir. Kök dokusunda kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucunda ifade seviyesi değişen 4 transkript ortak olup, bu transkriptlerin her iki stres uygulaması sonucu kontrol grubuna göre ifade seviyesi artmıştır.



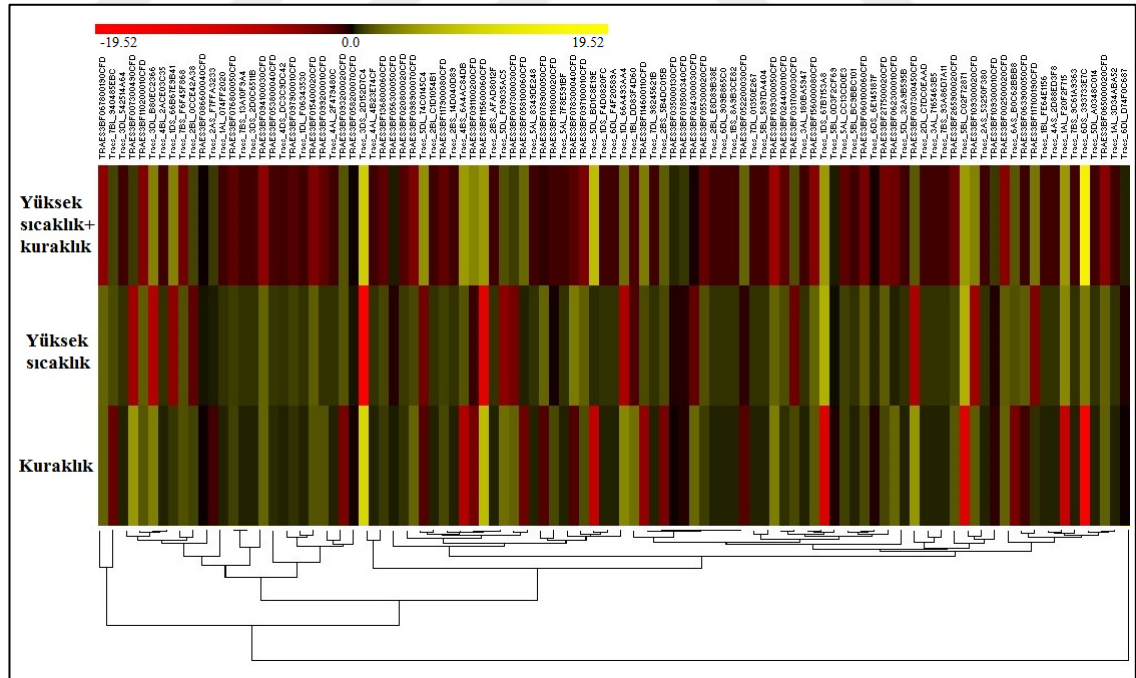
Şekil 4.7 Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresine bağlı olarak kök, yaprak ve tane örneklerinde ifade değişimi gösteren transkript sayılarının Venn diyagramı ile gösterilmesi

a. Kök dokusu, b. Yaprak dokusu, c. Tane örneği

Kök dokusunda, kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine bağlı olarak ifade seviyesi değişen 4 transkript; *Aldoz redüktaz* (Traes3bf015400020cfd), Traes3bf099200010cfd, Traes_4as_74d7d85d8, *NADH dehidrojenaz* (Traes_7al_917e4394e)'dir. Ayrıca kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ifade seviyesi değişen *İndol-2-monoksijenaz* (Traes_2as_b1e630276), Traes_3dl_b80ec2366, *Apositokrom b, cob* geni (Traes_7bs_9c61a9363) ve Traes_7dl_67fc5f6f5 transkripti, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu Traes_1bl_ee469a92d ve Traes_6dl_d9d1cb849 transkriptinin her iki grupta da ortak olduğu belirlenmiştir.

Yaprak dokusunda kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucunda ifade seviyesi değişen 5 transkript ortak olup, bunlar *Aldoz redüktaz* (Traes3bf015400020cfd), *ATP sentaz* (Traes3bf035000130cfd), Traes3bf066600010cfd, Traes3bf094100030cfd ve Traes_6dl_d9d1cb849'dur. Kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresinde ise, sadece 1 transkript (Traes_3dl_0a92a2224; PSBC-Fotosistem II CP43) ortak olup, kontrole göre her iki stres grubunda da ifade seviyesi azalmıştır. Yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucunda da her iki grupta 5 transkript Traes3bf067800190cfd, *Serin karboksipeptidaz* (Traes_5bl_e1a888bda), Traes_6bl_c06f3efd5, Traes3bf053100120cfd ve *NADH dehidrojenaz* (Traes_7dl_3e8454774) ortak olarak tespit edilmiştir. Tane örneğinde ise, ifade seviyesinde değişim gözlenen 25 transkriptin kuraklık ve yüksek sıcaklık stres grubunda, 32 transkriptin kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda, 1 transkriptin (Traes_6as_9ab1491de; *Glikozil transferaz*) ise yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ortak olduğu belirlenmiştir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucu ortak ifade olan; *Serin/treonin protein kinaz* (Traes_3dl_068aa8013), *Kalsiyum-bağımlı protein kinaz* (Traes_4as_491ef4d7f), *Lipoksijenaz*, *LOX* geni (Traes_6as_1a18ead87), *Aldehit oksidaz* (Traes_7al_3363ad1e0) transkriptlerinin her iki grupta da ifadesi artış göstermiştir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ortak ifade olan, *Glikoz-6-fosfat izomeraz* (Traes_5al_d3b6fe48e) transkriptinin ifadesinin azaldığı, *Selüloz sentaz* (Traes_1bl_7103bf3c6), Traes_5bl_368bd3275 (ARF, oksin yanıt faktörü), *Peroksidaz* (Traes3bf008800100cfd), transkriptlerinin ifadesinin arttığı belirlenmiştir.

İfadesi seviyesi değişen transkriptlerin sayısal olarak değerlendirilmesinin yanı sıra, ifade değişim yönü de büyük önem taşımaktadır. Kontrol grubu ile kıyaslanarak kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresleri sonucunda ifadesi değişen transkriptlerin, ifade düzeyinin artması ve azalmasına bağlı olarak kök, yaprak ve tane örneklerinde ortak olan transkriptlerin kat değişim (fold change) değerlerine göre sıcaklık grafikleri elde edilmiş olup, Şekil 4.8’de tane örneğine ait grafik sunulmuştur. Kök ve yaprak dokusuna ait sıcaklık grafiği EK 2’de verilmiştir. Şekil 4.8’de sunulan tane örneğine ait 106 transkriptin sıcaklık grafiğine göre, bazı transkriptleri örnek vermek gerekirse; *metiltransferaz* (Traes_1bl_dd83f4d60) transkriptinin, *UDP-glikoziltransferaz* (Traes_2bs_5b4dc015b), *RGA2 geni*, *Rho-tip GTPaz aktive edici protein* geni (Traes_5bl_c02f72871) gibi transkriptlerin ifade seviyesinde her üç stres uygulaması sonucunda negatif yönde değişim gözlenirken, *Glikoz-6-fosfat izomeraz* (Traes_5dl_bd1c8e19e) transkriptinin ifade seviyesi kuraklık ve yüksek sıcaklık stres grubunda negatif yönde, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise pozitif yönde değişim göstermektedir.



Şekil 4.8 Tane örneğinde kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ifade seviyesi değişen transkriptlerin sıcaklık grafiği

4.3.4 Stres uygulamaları sonucunda belirlenen transkripsiyon faktörleri

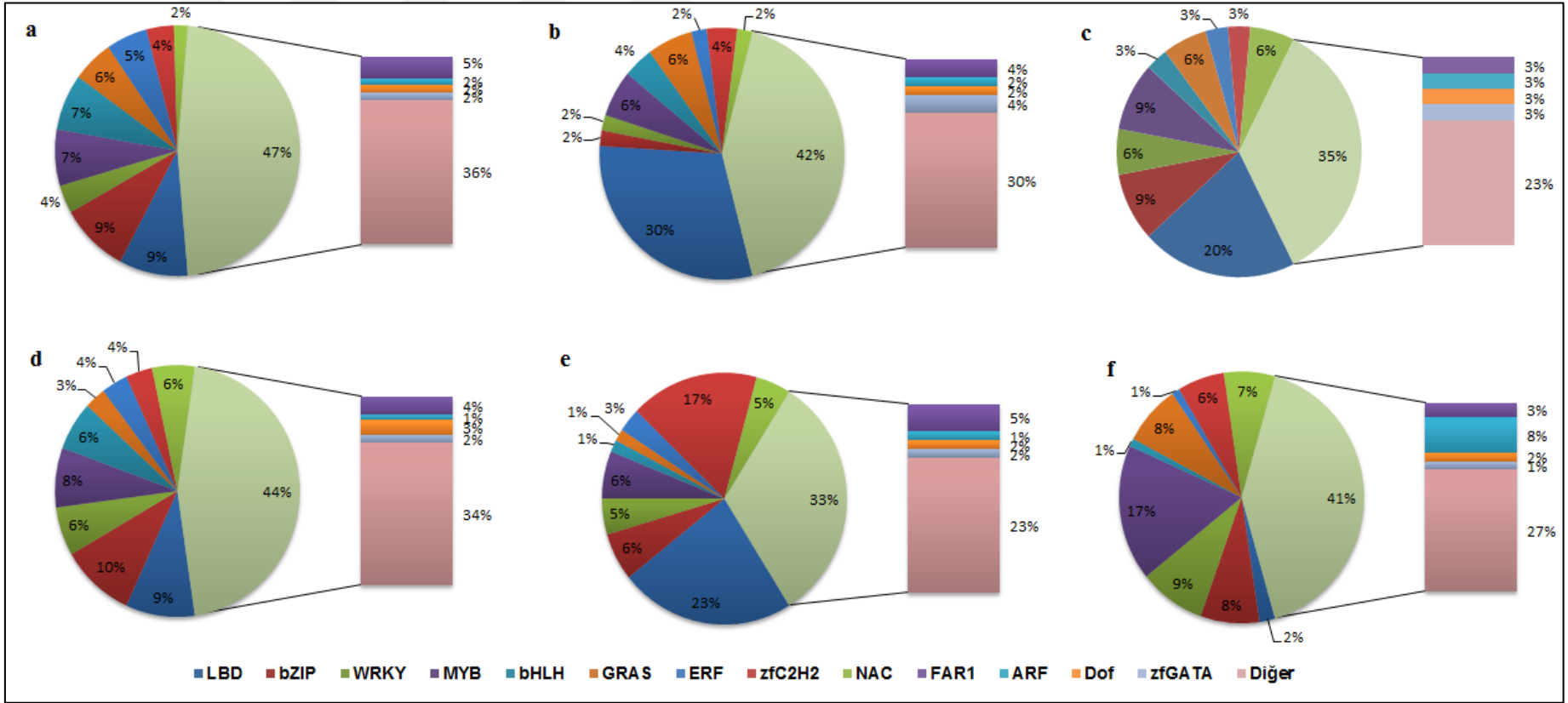
Dizileme sonrasında 12 kütüphane için transkripsiyon faktörlerini (TF) tanımlamak amacıyla tüm transkriptom verisi kullanılmıştır. Diziye özgü DNA bağlanma proteinleri olarak adlandırılan transkripsiyon faktörlerine ait tüm diziler Plant Transcription Factor Database (PlantTFDB v3.0; <http://planttfdb.cbi.edu.cn/>) veri tabanından indirildikten sonra, her bir kütüphane için oluşan query verisine BlastX 2.2.28 yapılmıştır ve sonuçlar elde edilmiştir. Analiz sonucunda, transkriptlerin hangi transkripsiyon aile proteini ile homoloji gösterdiği belirlenmiştir.

Analiz sonucuna göre, 920 transkriptin, 37 transkripsiyon faktör (TF) ailesine dağılım gösterdiği bulunmuştur. En fazla transkript içeren TF aileleri sırasıyla; miyozin ağır zincir (MYB, 132 transkript) LBD transkripsiyon faktör ailesi (125 transkript), WRKY transkripsiyon faktör ailesi (56 transkript), çinko parmak C2H2 (zfC2H2, 55 transkript), NAC domain proteini (NAM, ATAF1,2, CUC, 54 transkript), oksin yanıt faktörü (ARF, 48 transkript), GRAS transkripsiyon faktör ailesi (zfGRAS, 48 transkript), bazık-lösin fermuarlı transkripsiyon faktör ailesi (bZIP, 47 transkript), FAR1 transkripsiyon faktör ailesi (Far-Red Impaired Response1, 46 transkript), sarmal-halka-sarmal (bHLH, 42 transkript), etilen yanıt faktörü (ERF, 33 transkript), tek parmak ile DNA-bağlama proteini (Dof, 23 transkript) ve GATA transkripsiyon faktör ailesi (zfGATA, 19 transkript) olarak belirlenmiştir (Şekil 4.9 - 4.10).

Elde edilen sonuçlar; fazla sayıda transkript içeren transkripsiyon faktör ailelerinin, kontrol grupları ile kıyaslandığında abiyotik stres yanıtı olarak kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu uygulama gruplarında işlevsel olduğunu ve yüksek oranda ifade edildiğini göstermektedir. Bitkiye özgü transkripsiyonel düzenleyicilerden olan NAC proteinleri yan kök oluşumu, savunma ve abiyotik stres tepkileri gibi önemli rollere sahip olup, ifadesi kontrol grubuna göre kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök, yaprak ve tane örneklerinde artmıştır. MYB kuraklık stresine yanıta önemli rol oynayan transkripsiyon faktörlerinden birisi olup, absisik asite bağımlı olarak strese cevap vermektedir. Çalışmamızda kuraklık stresi sonucu özellikle tane örneğinde (%17), yüksek sıcaklık

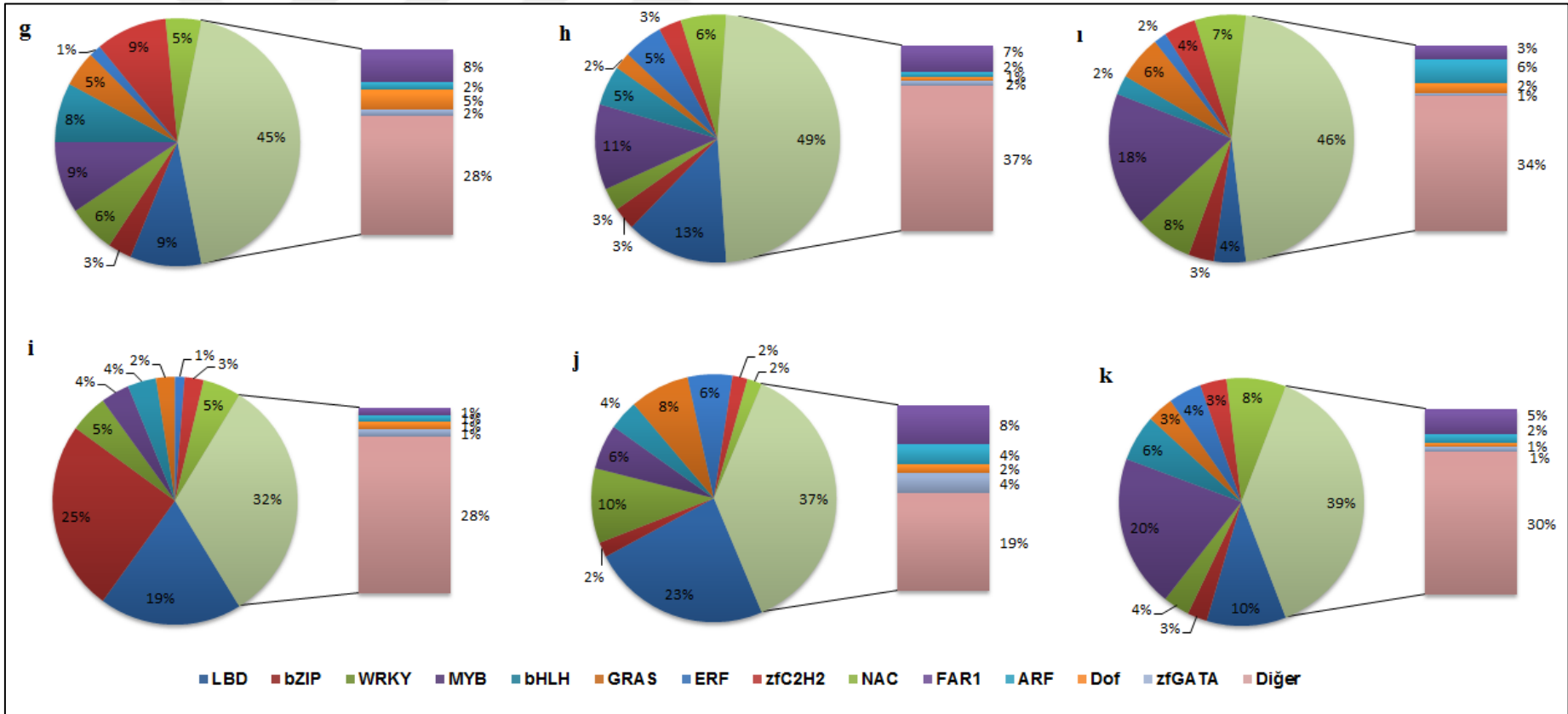
stresi sonucu yaprak (%11) ve tane örneğinde (%18), yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tanede (%20) kontrol gruplarına göre MYB transkripsiyon faktör ailesi ifadesi oldukça yüksek oranda artmıştır.

Bitkilerde kuraklık stresine adaptasyonda önemli rol oynayan çinko parmak C2H2 ifadesi, özellikle kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda ve yüksek sıcaklık stresi sonucu kök dokusunda oldukça artmıştır. Bitkilerde en kapsamlı transkripsiyon faktör ailelerinden biri olan WRKY proteinleri, abiyotik strese yanıtta ön plana çıkmakta olup, çalışmamızda kuraklık stresi sonucu kök, yaprak, tane örneklerinde; yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak dokusundaki ifadesi kontrol gruplarına kıyasla artmıştır. Absisik asit bağımlı ve abisik asit birikimi ile aktive olan bZIP transkripsiyon faktör ifadesi, kuraklık stresi sonucu kök ve yaprak dokusunda, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ise kök dokusunda kontrole göre yüksek oranda artış göstermiştir. Etilen yanıt elementleri için DNA'ya bağlanan bölgeleri içeren ERF transkripsiyon faktörlerinin ifadesi yaprak dokusunda kuraklık (%3), yüksek sıcaklık (%5) ve yüksek sıcaklık+kuraklık (%6) stresine bağlı olarak kontrol gruplarına göre artmıştır. Yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu, zfGRAS ve fitokrom A yolağında oldukça önemli anahtar rol oynayan transkripsiyon faktörlerinden FAR1 ifadesi yaprak dokusunda artmıştır. Aktive olmuş fitokrom, çekirdek içerisinde bHLH transkripsiyon faktörlerine bağlanarak transkripsiyonun düzenlenmesini sağlamaktadır. bHLH ifadesi, yüksek sıcaklık stresi sonucu kök ve yaprak dokusunda diğer gruplara göre daha yüksektir. Stres sonucu oksin sinyalizasyonunda rol oynayan oksin yanıt faktörüne (ARF) ait ifade oranı kuraklık stresi sonucu tane örneğinde (%8), yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneğinde (%6) ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda (%4) kontrol ve diğer stres uygulama gruplarına göre daha yüksektir.



Şekil 4.9 Transkripsiyon faktör ailelerinin her bir kütüphane için oransal dağılımı

a. Kontrol kök, b. Kontrol yaprak, c. Kontrol tane, d. Kuraklık kök, e. Kuraklık yaprak, f. Kuraklık tane



Şekil 4.10 Transkripsiyon faktör ailelerinin her bir kütüphane için oransal dağılımı

g. Yüksek sıcaklık kök, h. Yüksek sıcaklık yaprak, ı. Yüksek sıcaklık tane, i. Yüksek sıcaklık+kuraklık kök, j. Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak, k. Yüksek sıcaklık+kuraklık tane

Dof ve zfGATA transkripsiyon faktörlerine ait ifade seviyesi genel olarak tüm stres uygulama gruplarında benzer bir profil sergilemektedir. Ayrıca grafikler içerisinde yer almayan, transkripsiyon faktörlerine ait veriler içerisinde ısı şoku faktörleri ile ilgili sonuçlar elde edilmiştir. Isı-şok protein (HSP) genine ait promotör bölgesinde yer alan ısı şoku elementine (HSE) bağlanarak HSP genini aktif hale getiren, sıcaklık stresine özgün ısı şoku faktörlerinin (HSF) ifade seviyesi yüksek sıcaklık kök, yaprak ve tane örneği ile yüksek sıcaklık+kuraklık kök örneğinde kontrol grubuna göre artmıştır.

4.3.5 Stres uygulamaları sonucunda sentezlenmiş miRNA'lar ve miRNA'ların hedef genleri

Kodlanmayan transkriptler arasında miRNA'lar, gen ifadesinde rol oynadığı için önemli yer tutmaktadır. Transkriptom analizi sonrasında elde edilen sonuçlara göre, miRNA'ların belirlenmesi için referans genom haritalama sonrasında kütüphanelerden elde edilen '.fasta' dosyaları, miRBase (v21.0; <http://www.mirbase.org/>) veri tabanından elde edilen ve daha önce bilinen miRNA dizileri üzerine E-değeri 1e-10 baz alınarak BlastN 2.2.28 yapılmıştır.

Yapılan analizler sonucunda, kök dokusuna ait dizileme sonuçları ile 9 farklı miRNA'nın (gma-miR4995, gma-miR5368, hbr-miR6173, osa-miR6236, peu-miR2916, rgl-miR5141, tae-miR1119, osa-miR6240, osa-miR5538) homoloji gösterdiği belirlenmiştir. Her bir stres uygulama kütüphanesi kontrol grubu ile kıyaslandığında; kuraklık kök kütüphanesinde rgl-miR5141 ve tae-miR1119; yüksek sıcaklık kök kütüphanesinde osa-miR6240; yüksek sıcaklık+kuraklık kök kütüphanesinde ise osa-miR5538 ve rgl-miR5141 miRNA'larının kontrol kök kütüphanesinde olmayıp, stres uygulama kütüphanelerinde var olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.6).

Çizelge 4.6 Stres uygulamalarına göre kök dokusunda tespit edilen miRNA'lar

Kontrol kök	Kuraklık kök	Yüksek sıcaklık kök	Yüksek sıcaklık+kuraklık kök
gma-miR4995	gma-miR4995	gma-miR4995	gma-miR4995
gma-miR5368	gma-miR5368	gma-miR5368	gma-miR5368
hbr-miR6173	hbr-miR6173	hbr-miR6173	hbr-miR6173
osa-miR6236	osa-miR6236	osa-miR6236	osa-miR6236
peu-miR2916	peu-miR2916	osa-miR6240	osa-miR5538
	rgl-miR5141	peu-miR2916	peu-miR2916
	tae-miR1119		rgl-miR5141

Yaprak dokusu için elde edilen sonuçlara göre; yaprak dokusuna ait dizileme sonuçlarının 10 farklı miRNA (gma-miR4995, gma-miR5368, osa-miR6236, peu-miR2916, rgl-miR5141, bmo-miR6497, osa-miR5523, hbr-miR6173, tae-miR9773, hvu-miR6203) ile homoloji gösterdiği belirlenmiştir. Her bir stres uygulama kütüphanesi kontrol grubu ile kıyaslandığında; kuraklık yaprak kütüphanesinde bmo-miR6497, osa-miR5523; yüksek sıcaklık yaprak kütüphanesinde hbr-miR6173, tae-miR9773; yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak kütüphanesinde ise hbr-miR6173, hvu-miR6203, osa-miR5523 miRNA'larının kontrol yaprak kütüphanesinde olmayıp, stres uygulama kütüphanelerinde var olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.7).

Çizelge 4.7 Stres uygulamalarına göre yaprak dokusunda tespit edilen miRNA'lar

Kontrol yaprak	Kuraklık yaprak	Yüksek sıcaklık yaprak	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak
gma-miR4995	bmo-miR6497	gma-miR4995	gma-miR4995
gma-miR5368	gma-miR4995	gma-miR5368	gma-miR5368
osa-miR6236	gma-miR5368	hbr-miR6173	hbr-miR6173
peu-miR2916	osa-miR6236	osa-miR6236	hvu-miR6203
rgl-miR5141	osa-miR5523	peu-miR2916	osa-miR6236
	peu-miR2916	rgl-miR5141	osa-miR5523
		tae-miR9773	peu-miR2916

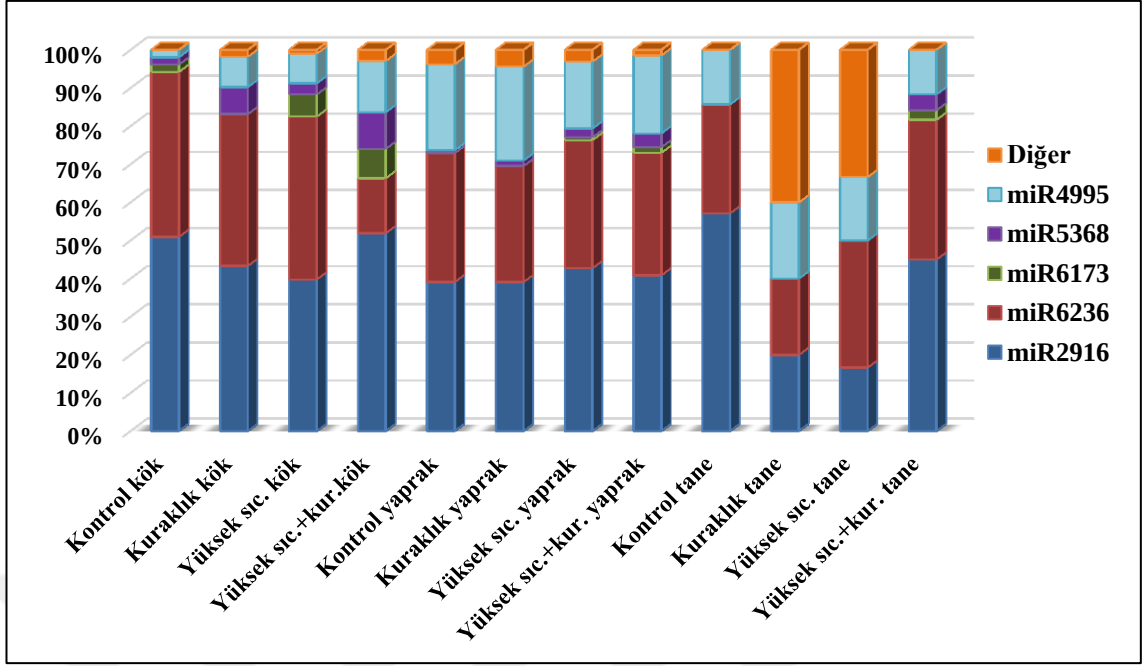
Tane örneğinde dizileme sonuçlarının 7 farklı miRNA (gma-miR4995, osa-miR6236, peu-miR2916, sbi-miR5566, hvu-miR6200, gma-miR5368, hbr-miR6173) ile homoloji gösterdiği belirlenmiştir. Her bir stres kütüphanesi kontrol grubu ile kıyaslandığında; kuraklık tane kütüphanesinde sbi-miR5566; yüksek sıcaklık tane kütüphanesinde hvu-

miR6200; yüksek sıcaklık+kuraklık tane kütüphanesinde ise gma-miR5368, hbr-miR6173 miRNA'larının kontrol tane kütüphanesinde olmayıp, stres uygulama kütüphanelerinde var olduğu gözlenmiştir (Çizelge 4.8).

Çizelge 4.8 Stres uygulamalarına göre tane örneğinde tespit edilen miRNA'lar

Kontrol tane	Kuraklık tane	Yüksek sıcaklık tane	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane
gma-miR4995	gma-miR4995	gma-miR4995	gma-miR4995
osa-miR6236	osa-miR6236	hvu-miR6200	gma-miR5368
peu-miR2916	peu-miR2916	osa-miR6236	hbr-miR6173
	sbi-miR5566	peu-miR2916	osa-miR6236
			peu-miR2916

Her bir kütüphane için bulunan miRNA'ların oransal olarak dağılımı Şekil 4.11'de verilmiştir. Genel olarak kök, yaprak, tane örneklerine ait kütüphane sonuçlarında oransal olarak osa-miR6236 ve peu-miR2916'nın yüksek olarak bulunduğu gözlenmektedir. Yüksek sıcaklık+kuraklık kök kütüphanesi, kuraklık kök ve yüksek sıcaklık kök kütüphanesi ile kıyaslandığında osa-miR6236'nın daha az, gma-miR5368'in ise daha fazla oranda ifade edildiği görülmektedir. Kuraklık yaprak kütüphanesi, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık kütüphanesi ile karşılaştırıldığında ise gma-miR4995'in daha fazla, osa-miR6236'nın daha az oranda ifade edildiği görülmektedir. Tane örneğinde ise, sbi-miR5566'nın sadece kuraklık stres grubunda, hvu-miR6200'ün sadece yüksek sıcaklık stres grubunda, gma-miR5368 ve hbr-miR6173'ün sadece yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ifade edildiği tespit edilmiştir. Ayrıca peu-miR2916'nın yüksek sıcaklık+kuraklık kütüphanesinde diğer kütüphanelere göre daha fazla oranda ifade edildiği görülmektedir.



Şekil 4.11 Belirlenen miRNA'ların 12 farklı kütüphaneye göre oransal dağılımı

Analiz sonucunda her bir kütüphane okuması ile homoloji gösteren miRNA'lar belirlendikten sonra, tespit edilen miRNA'lara ait hedef genlerin tanımlanması miRU (<http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/>) veri tabanı aracılığıyla sağlanmıştır (Çizelge 4.9). Belirlenen hedef genlerin özellikle bitkilerde kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine karşı adaptasyonda önemli genler olduğu tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık stresi sonucu sadece tane örneğinde tespit edilen hvu-miR6200'ün ve kuraklık stresi sonucu sadece kök dokusunda tespit edilen tae-miR1119'un hedef geni olan glutatyon-S-transferaz bitkilerde kuraklık ve sıcaklık stresi ile uyarılan endojen antioksidanlardır. Yüksek sıcaklık stresi sonucu sadece yaprak dokusunda ifade olan tae-miR9773'ün hedef geni elektron transferinde önemli rol oynayan oksidoredüktaz olup, abiyotik stres faktörlerine karşı önemli bir savunma elementidir. Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusunda, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ise kök dokusunda ifade olan rgl-miR5141'in hedef geni *ATP sentaz*, stres koşullarında klorofil biyosentezi ve karbon metabolizmasında önemli rol oynamaktadır. Kök, yaprak ve tane örneklerinin her üç stres grubunda da ifade olan gma-miR5368'in hedef geni *metallokarboksi peptidaz*, gma-miR4995'in hedef geni ise translasyon ürünü olan osmotik dengenin sağlanmasında önemli olan prolince-zengin protein olup, her iki hedef gen stres cevap proteinleri olarak adlandırılmaktadır. Sadece yaprak dokusunda kuraklık ve yüksek

sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ifade olan osa-miR5523'ün hedef geni oksidatif fosforilasyonda görev alan ve mitokondri zarında yerleşim gösteren bir enzim olan sitokrom c redüktaz olup, kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucu genin ifade seviyesi artmaktadır.

Çizelge 4.9 Belirlenen miRNA'ların hedef genlerine ait bilgiler

miRNA	miRNA-Hedef gen dizisi	Hedef gen	Hedef gen erişim numarası
bmo-miR6497	miRNA CUGGGCCGUGGCCGGCGUAG Hedef gen GAUCCGAUACUGGCUGCAUC	Oksin amidohidrolaz	TC368600
gma-miR4995	miRNA GGGAUUUCGGUGACGGA Hedef gen UUCUGGACGAAGCCACUGCCU	Prolince zengin protein Beta-N asetilheksozaminidaz	TC384922
gma-miR5368	miRNA GGACAGUCUCAGGUAGACA Hedef gen GAUGGCCAUUGGCGUUACAUA	Metallokarboksipeptidaz inhibitör	TC399585
hbr-miR6173	miRNA UCAUAGGUAGCAAUGCCGA Hedef gen AGUAUCCAUCGUUUACGGCU	GTP-bağlayıcı protein	TC689702
hvu-miR6200	miRNA GUAUCUAGAUAACCGGUUU Hedef gen CACAGAUCUAGAUGGCCGGA	Glutasyon-S-transferaz	TC397019
hvu-miR6203	miRNA AACGUCCAGAAGAAUUAGCAGA Hedef gen UUGCAGGUCUUCCAAUUCGUCG	DNA-bağımlı RNA polimeraz	TC409472
osa-miR6240	miRNA CCCGGAAGCGCUACGAAACC Hedef gen UGGUUUUCGUGAUGCUUUGG	Tanımlanmamış protein	TC398847
osa-miR5538	miRNA CGUCGUUCACUAACUCAAGUCA Hedef gen GGAGUUGCUGAUUGAGUUCAGU	Ubikuitin	TC433933
osa-miR5523	miRNA GAUCAUUUAUACAAGGAGGAGU Hedef gen CUAGUAAAUAUGUCCUCCUCA	Sitokrom c redüktaz	TC450118
peu-miR2916	miRNA UAUACUAGCAGAAGCUCAGGGGU Hedef gen AUCUGAUCGUCUUCGAGCCCCCA	18S rRNA gen	TC441807
rgl-miR5141	miRNA AAUAGACAGUCAGCGCAGCCCAGA Hedef gen UUAUCCGUCAGUCGCGUCGGGUCU	ATP sentaz	TC368629
sbi-miR5566	miRNA GUUGUCCCUCCACUACGACU Hedef gen AAACAGGGAGGUGAUGUUGC	ATP-bağımlı RNA helikaz	TC421783

Çizelge 4.9 Belirlenen miRNA’ların hedef genlerine ait bilgiler (devam)

tae- miR1119	miRNA UGAGUCGUAGUGCGGCACGGU Hedef gen GCUCUGCAUUAUGCCGUGCCG	Glutasyon-S-transferaz	TC415774
tae- miR9773	miRNA AAGUGUUUUAUUGUAUUUUUGUUU Hedef gen UCCACAAAAAAUAUAUAAACAAA	Oksidoredüktaz	TC433024

4.3.6 Stres uygulamaları sonucunda belirlenen retrotranspozonlar ve DNA transpozonları

Genel olarak transpozonlar, genomdaki transpozisyon mekanizmalarına göre retrotranspozonlar ve DNA transpozonları olmak üzere iki gruba ayrılır. Retrotranspozonlar, LTR (“Long Terminal Repeat” -Uzun Uç Tekrarları) dizileri ile sınırlandırılırken; DNA transpozonlarının uç kısımlarında TIR (“Terminal Inverted Repeat”) dizileri bulunur ve transpozisyonunda önemli rol oynarlar. Dizileme sonrasında kök, yaprak ve tane örneklerinin kontrol ve stres uygulama kütüphanelerine ait transpozon elementler elde edilmiştir. Dizileme sonucu her bir kütüphaneye ait okumalar Repbase veri tabanından bitkilere ait tüm transpozon element dizilerine karşı BlastN yapılmıştır. Analiz sonucunda, LTR retrotranspozonları ve TIR dizilerini içeren DNA transpozonları ile homoloji gösteren bir sonuç elde edilmiştir (Çizelge 4.10). Diğer kütüphaneler ile kıyaslandığında, en fazla kuraklık tane kütüphanesinde 1124 transkriptin, en az kontrol tane kütüphanesinde 20 transkriptin LTR retrotranspozonlarının iki farklı türü Ty1/Copia ve Ty3/Gypsy ile homoloji gösterdiği belirlenmiştir. TIR dizilerini içeren DNA transpozonlarının üç farklı sınıfı tespit edilmiş olup, bunların en fazla kuraklık tane ve yüksek sıcaklık tane kütüphanelerinde var olduğu görülmektedir. Kuraklık tane kütüphanesinde 116 transkript, yüksek sıcaklık tane kütüphanesinde 53 transkript spesifik gen kodlaması yapan CACTA hareketli elementi ile homoloji göstermiştir. Hareketleri esas itibarıyla kes-yapıştır şeklinde olan Tc1/Mariner DNA transpozonu sadece kuraklık tane ve yüksek sıcaklık tane gruplarında var olup, diğer kütüphanelerde gözlenmemiştir. PIF-Harbinger DNA transpozonu ise sadece 1 transkript ile homoloji göstermiş olup, sadece yüksek sıcaklık tane kütüphanesinde tespit edilmiştir.

Çizelge 4.10 Kök, yaprak, tane örneklerinin kontrol ve stres kütüphanelerine ait transpozon elementler

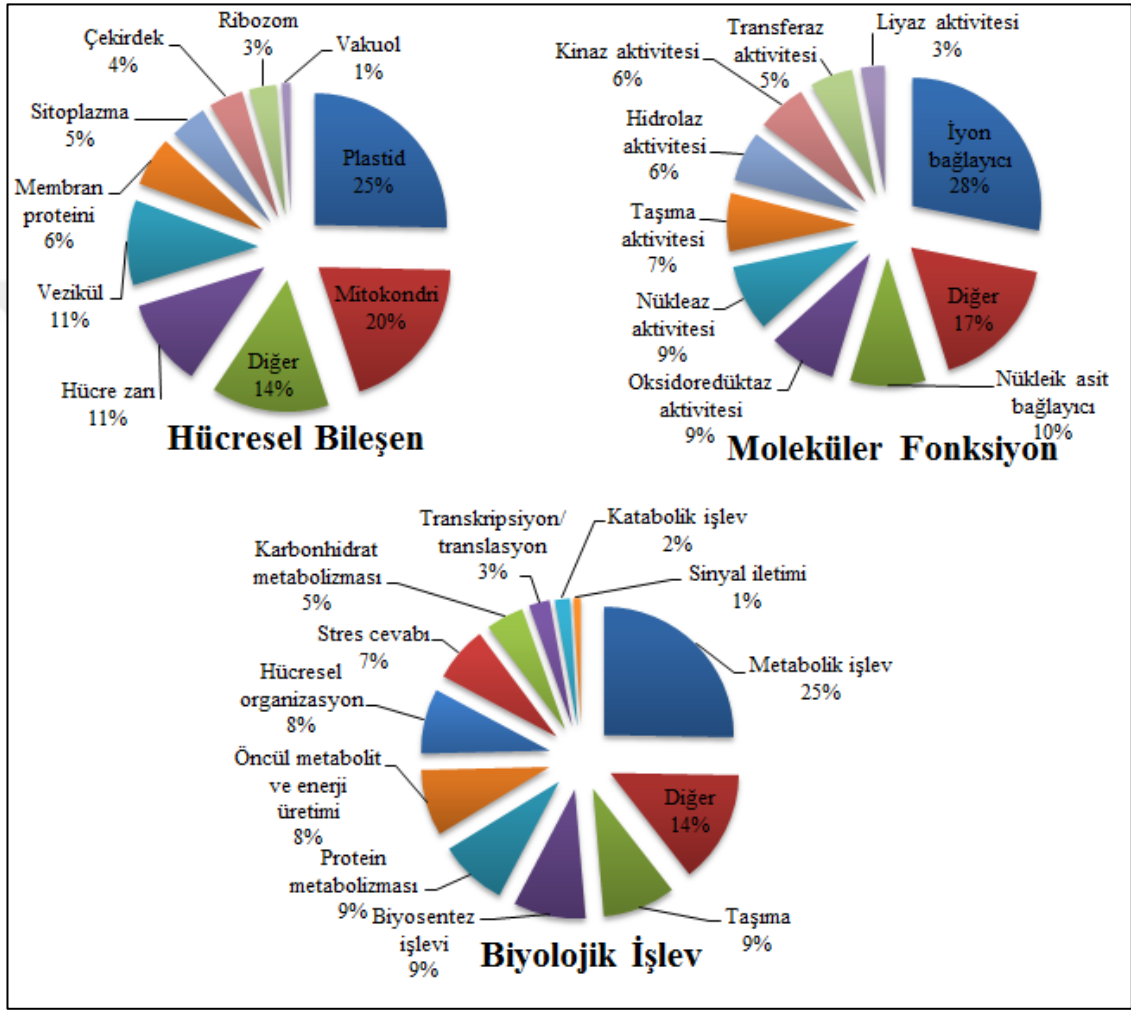
Transpozon Element	Kontrol kök	Kontrol yaprak	Kontrol tane	Kuraklık kök	Kuraklık yaprak	Kuraklık tane	Yüksek sıcaklık kök	Yüksek sıc. yaprak	Yüksek sıc. tane	Yüksek sıc.+kur. kök	Yüksek sıc.+kur. yaprak	Yüksek sıc.+kur. tane
Retrotranspozon LTR												
• Ty1/Copia	19	63	12	20	67	544	43	102	329	46	44	77
• Ty3/Gypsy	29	4	8	11	2	580	25	59	318	15	15	86
Sınıflandırılmamış	7	5	5	6	7	206	4	20	124	11	-	29
DNA transpozon TIR												
• CACTA	3	1	2	2	-	116	6	7	53	4	-	6
• Tc1/Mariner	-	-	-	-	-	2	-	-	2	-	-	-
• PIF-Harbinger	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-
Sınıflandırılmamış	-	-	-	1	-	5	-	-	4	1	-	-

4.3.7 Gen atıflandırması (Gen ontoloji) analiz bulguları

Transkriptom analizi sonucunda elde edilen transkriptlerin işlevlerine ve rol oynadıkları biyolojik görevlere ilişkin bilgi edinilmesi birincil öneme sahiptir. Gen ontoloji analizleri; kök, yaprak ve tane örneklerinde kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu biyokimyasal süreçlerin aydınlatılmasına da olanak tanıyacaktır.

Referans genom üzerine haritalandırma yapılarak oluşturulan kontiglerin dizi bilgisi kullanılarak, Blast2GO programı yardımıyla protein kodladığı belirlenen transkript dizileri ile gen ontoloji analizi gerçekleştirilmiş ve analiz sonucunda hücresel bileşen, moleküler fonksiyon ve biyolojik işlev kategorisi ile eşleşme gösteren transkriptlere özgün gen ontoloji terimleri belirlenmiştir (EK 3). Genel olarak kök, yaprak ve tane örneklerinin kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grupları kontrol grupları ile kıyaslandığında; hücresel bileşen bakımından en fazla transkript sayısının sırasıyla plastid (GO:0009536, 955 transkript), mitokondri (GO:0005739, 739 transkript), hücre zarı (GO:0016021, 409 transkript), vezikül (GO:0016023, 397 transkript), membran proteini (GO:0015934, 229 transkript), sitoplazma (GO:0009535, 171 transkript), çekirdek (GO:0016459, 158 transkript), ribozom (GO:0009523, 127 transkript) ve vakuol (GO:0005773, 41 transkript) ile ilişkili olduğu gözlenmiştir. Moleküler fonksiyon açısından bakıldığında ise bağlayıcı ve oksidoredüktaz aktivitesi öne çıkmaktadır. En fazla transkript sayısı sırasıyla iyon bağlayıcı (GO:0043167, 920 transkript), nükleik asit bağlayıcı (GO:0001071, 473 transkript), oksidoredüktaz aktivitesi (GO:0016491, 428 transkript), nükleaz aktivitesi (GO:0004518, 419 transkript), taşıma aktivitesi (GO:0005215, 366 transkript), hidrolaz aktivitesi (GO:0016787, 316 transkript), kinaz aktivitesi (GO:0016301, 311 transkript), transferaz (GO:0016765, 269 transkript) ve liyaz aktivitesi (GO:0016829, 151 transkript) ile ilişkilidir. Biyolojik işlev bakımından en fazla transkript sayısının sırasıyla metabolik işlev (GO:0008152, 927 transkript), taşıma (GO:0006810, 443 transkript), biyosentez işlevi (GO:0009058, 436 transkript), protein metabolizması (GO:0006508, 413 transkript), öncül metabolit ve enerji üretimi (GO:0006091, 403 transkript), hücresel organizasyon (GO:0030154, 395 transkript), stres cevabı (GO:0050896), 326

transkript), karbonhidrat metabolizması (GO:0005975, 229 transkript), transkripsiyon/translasyon (GO:0010467, 126 transkript), katabolik işlev (GO:0009056, 92 transkript) ve sinyal iletimi (GO:0007165, 45 transkript) ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.12).

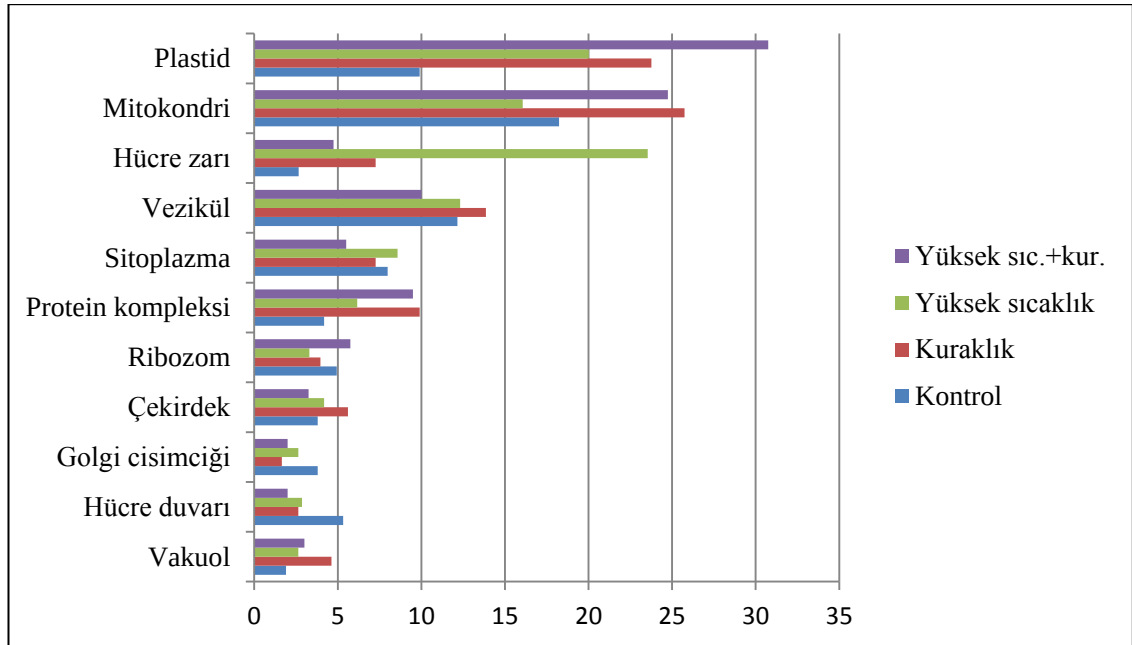


Şekil 4.12 Kök, yaprak ve tane örneğinde kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu transkriptlerin hüresel bileşen, moleküler fonksiyon ve biyolojik işlev bakımından oransal dağılımı

Kök, yaprak ve tane örnekleri bakımından bütüncül bir sonuç olarak, bitkinin abiyotik strese karşı oluşturduğu tepkide; özellikle plastidlerin (yaprak dokusunda kloroplast), mitokondri ve hücre zarının; iyon bağlayıcı, oksidoredüktaz ve nükleaz aktivitesinin; metabolik işlev, biyosentez işlevi, enerji metabolizması ve stres cevabının ön plana çıktığı görülmektedir.

Kök dokusunda stres uygulama ve kontrol gruplarının karşılaştırılması

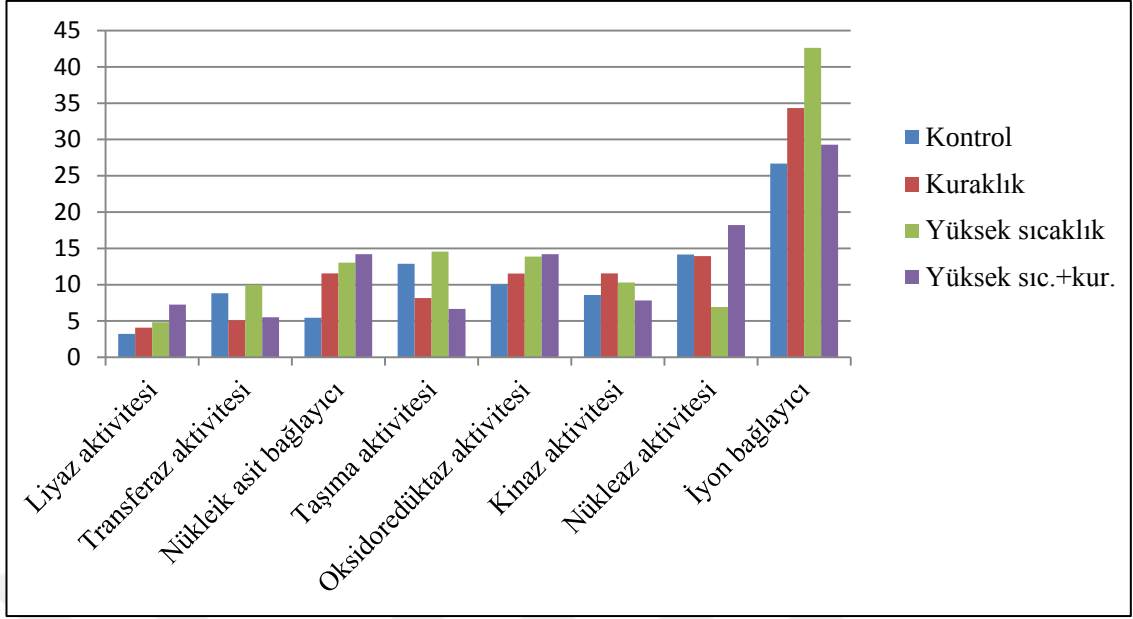
Stres sonucu kök dokusunda, hücresel kısım incelendiğinde anotasyonu yapılan transkriptlerin en fazla plastid ile ilişkili olduğu ve kontrol grubu ile karşılaştırıldığında stres gruplarının her üçünde de sayısının daha fazla olduğu görülmektedir (Şekil 4.13). Mitokondri ile ilişkili transkript sayısı her üç stres grubunda kontrole kıyasla artmış olup, kuraklık (%26) ve yüksek sıcaklık+kuraklık (%24) stres grubunda transkript sayısının daha fazla olduğu gözlenmiştir. Hücre zarı ile ilişkili transkript sayısının, kontrole göre özellikle yüksek sıcaklık stresi (%24) sonucu daha fazla olduğu belirlenmiştir. Sitoplazma ile ilişkili transkript sayısı kuraklık grubunda 22, yüksek sıcaklık grubunda 39, yüksek sıcaklık+kuraklık grubunda ise 22 olarak belirlenmiştir. Protein kompleksi ve vakuol ile ilişkili transkript sayısı stres gruplarında kontrole göre yüksektir. Hücre duvarı ile ilgili transkript sayısının kontrol grubuna (14 transkript) göre, kuraklık (8 transkript), yüksek sıcaklık (13 transkript), yüksek sıcaklık+kuraklık (8 transkript) stres grubunda düşük olduğu gözlenmiştir. Çekirdek ile ilişkili transkript sayısının kontrole nazaran, kuraklık ve yüksek sıcaklık stres grubunda fazla, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda daha az olduğu belirlenmiştir.



Şekil 4.13 Kök dokusunda hücresel bileşen ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması

Moleküler fonksiyon bakımından incelendiğinde kök dokusunda transkriptlerin, en fazla iyon bağlayıcı aktivitesine ait olduğu görülmüştür (Şekil 4.14). İyon bağlayıcı aktivitesindeki transkript sayısının kontrol grubu ile karşılaştırıldığında her üç stres grubunda da daha fazla olduğu, özellikle yüksek sıcaklık stresi sonucu bağlayıcı aktivitesinin arttığı belirlenmiştir. Kök dokusunda yüksek sıcaklık stresi sonucu kalsiyum, magnezyum ve çinko iyonlarının bağlanması ile ilişkili transkriptlerin sayısı oldukça fazladır. Ayrıca nükleik asit bağlayıcı, nükleaz aktivitesi ile ilgili transkript oranı; kontrole göre kuraklık ve yüksek sıcaklık stres grubunda az, yüksek sıcaklık+kuraklık grubunda ise fazladır. DNA ve RNA bağlanmasını içeren nükleik asit bağlayıcı ile ilişkili transkript sayısı kuraklık stres grubunda 34, yüksek sıcaklık stres grubunda 31 ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise 42 olarak belirlenmiştir.

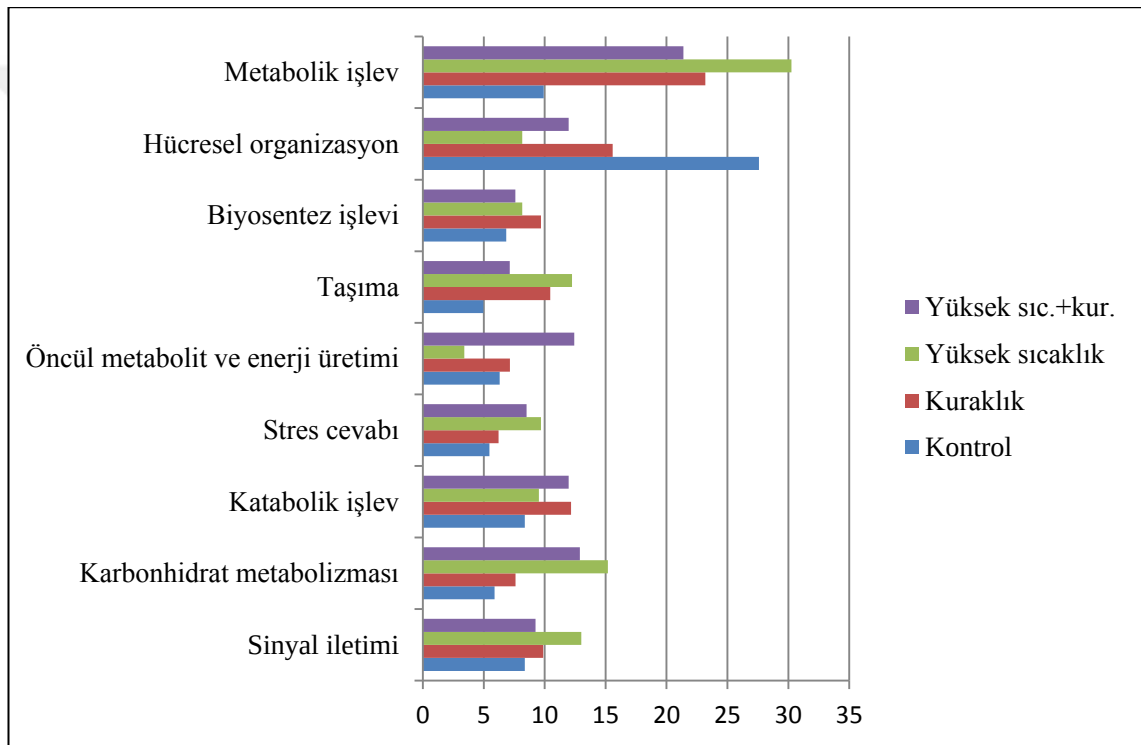
Oksidoredüktaz aktivitesi ile ilgili transkript sayısı stres gruplarında kontrole göre daha fazladır. Oksidoredüktaz ilişkili transkript sayısı kuraklık stres grubunda %11, yüksek sıcaklık stres grubunda %13 yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %14 oranında dağılım göstermiştir. Abiyotik stres cevabında oldukça önemli rol oynayan kinaz enzim grubuna ilişkin transkript sayısı kuraklık stres grubunda (34 transkript) %11, yüksek sıcaklık stres grubunda (49 transkript) %10, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda (27 transkript) %7 oranında tespit edilmiştir. Transferaz aktivitesine ait transkript sayısının kontrol grubunda 17, kuraklık stres grubunda 15, yüksek sıcaklık stres grubunda 33, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise 19 olduğu gözlenmiştir. Taşıma aktivitesi ile ilişkili transkript sayısı kontrol grubu (28 transkript) ile karşılaştırıldığında kuraklık (24 transkript) ve yüksek sıcaklık+kuraklık (23 transkript) stres grubunda daha az, yüksek sıcaklık stres grubunda ise (36 transkript) daha fazladır. Bunlara ilave olarak, hidrolaz aktivitesi kontrol grubunda tespit edilmemiş, fakat her üç stres grubunda da ilişkili transkriptler belirlenmiştir. Hidrolaz aktivitesi ile ilgili transkript sayısı kuraklık stres grubunda %5, yüksek sıcaklık stres grubunda %12, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda %4 oranında dağılım göstermektedir.



Şekil 4.14 Kök dokusunda moleküler fonksiyon ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması

Biyolojik işlev bakımından incelendiğinde, kök dokusunda stres gruplarına ait en fazla transkript sayısının metabolik işlev, hücreyel organizasyon ve katabolik işleve ait olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.15). Metabolik işleve ait özellikle hücreyel aminoasit ve nitrojen bileşimi aktivitesi, oksidasyon/redüksiyon faaliyeti ile ilgili transkript sayısı kontrol grubuna göre stres gruplarında oldukça yüksektir. Kuraklık stres grubunda (122 transkript) %23, yüksek sıcaklık stres grubunda (178 transkript) %30, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda (93 transkript) %21 oranında dağılım göstermektedir. Her üç stres grubu bakımından toplamda 182 transkripte sahip olan hücreyel organizasyon işlevi, özellikle hücre iskeleti ve hücre duvar biyogenezi ile ilişkili olup, stres gruplarında kontrol grubuna göre transkriptlerin ifade seviyesinin düştüğü tespit edilmiştir. Biyosentez işlevinde her üç stres grubundaki transkript sayısı kontrol grubuna göre daha fazladır. Özellikle lignin ve selüloz biyosentez işlevine ait transkript sayısı; kuraklık stres grubunda (51 transkript) %9, yüksek sıcaklık stres gurubunda (48 transkript) %8, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda (33 transkript) %7 oranında dağılım göstermektedir. Karbonhidrat metabolizmasında özellikle glikolitik işlev ile ilgili transkriptler ön plana çıkmış olup, stres gruplarında kontrol grubuna göre fazla sayıda transkript belirlenmiştir. Öncül metabolit ve enerji üretim metabolizmasına ait

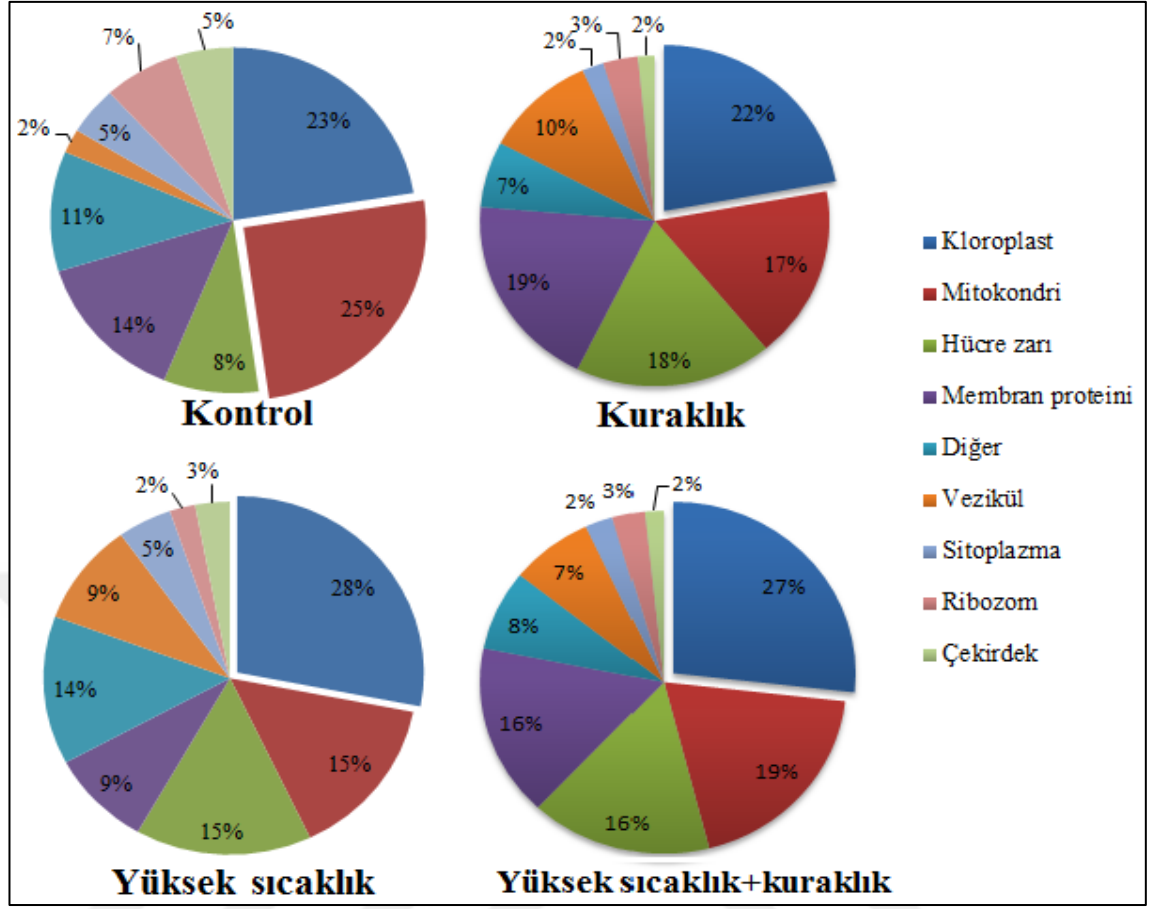
transkript sayısının kontrol grubuna göre yüksek sıcaklık stres grubunda daha az sayıda (20 transkript), kuraklık (34 transkript) ve yüksek sıcaklık+kuraklık (54 transkript) grubunda ise fazla olduğu görülmektedir. Taşıma ile ilgili transkriptlerin kuraklık stresi sonucu %10, yüksek sıcaklık stresi sonucu %12, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu %7 oranında dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Abiyotik stres faktörüne karşı stres cevabına ait transkript ifadesinin yüksek sıcaklık stres grubunda yüksek oranda olduğu gözlenmiştir. Kinaz aktivitesi ile bağlantılı olarak sinyal iletimine ait stres faktörü ile ilişkili transkript sayısında kontrol grubuna göre artış görülmektedir.



Şekil 4.15 Kök dokusunda biyolojik işlev ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması

Yaprak dokusunda stres uygulama ve kontrol gruplarının karşılaştırılması

Yaprak dokusu hücreyel bileşen bakımından incelendiğinde özellikle kloroplast ve mitokondri organellerinin ön plana çıktığı görülmektedir. Kloroplast ile ilişkili transkript sayısı en fazla yüksek sıcaklık stres grubunda olup, oransal olarak en yüksek değere sahiptir (Şekil 4.16).

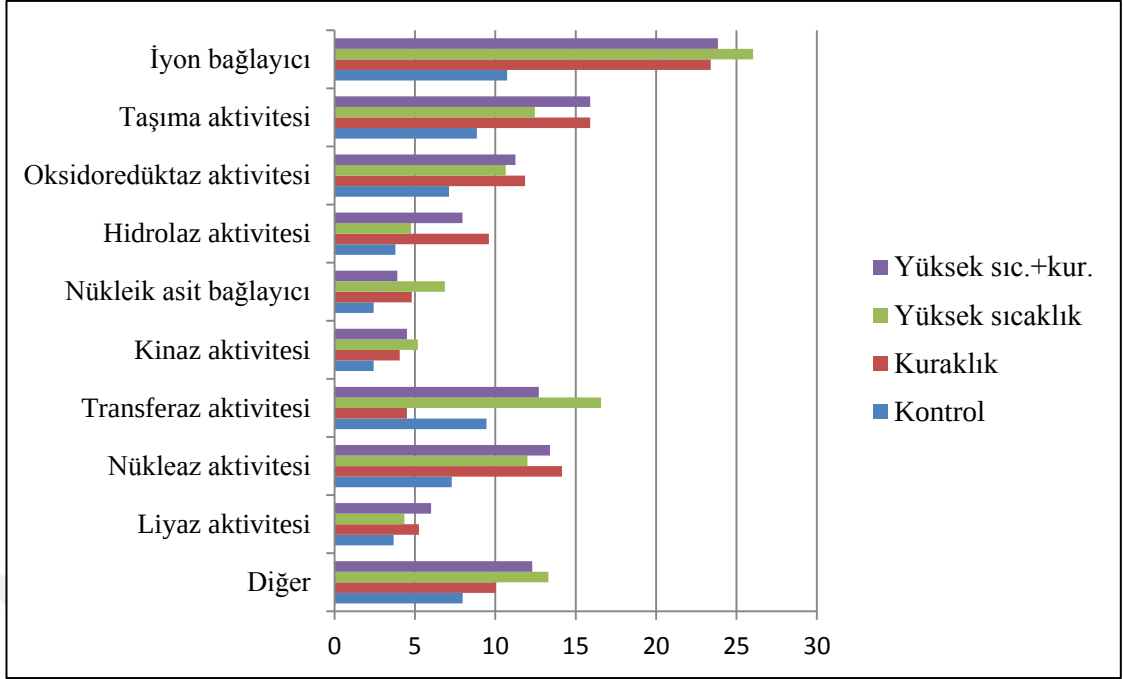


Şekil 4.16 Yaprak dokusunda hüresel bileşen ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından dağılımı

Kloroplast aktivitesi ile ilişkili olarak, kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda transkript sayısının büyük bir bölümü tilakoid zarda gerçekleşen fotosistem I ve II tepkimelerine aittir. Her üç stres grubu, kontrol grubu ile karşılaştırıldığında mitokondri ile ilgili transkript oranının en fazla yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda (125 transkript) olduğu belirlenmiştir. Hücre zarı ile ilişkili transkript oranı kuraklık stres grubunda %18 (119 transkript), yüksek sıcaklık stres grubunda %15 (117 transkript), yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %16 (104 transkript) olarak belirlenmiştir. Membran proteini ile ilişkili transkript sayısı en fazla %19 oranı ile kuraklık (124 transkript), en az %9 oranı ile yüksek sıcaklık (68 transkript) stres grubunda belirlenmiştir. Veziküle ait transkript sayısı kontrol grubuna göre, her üç stres grubunda da sayısal ve oransal bakımdan yüksektir. En yüksek oran %10 ile kuraklık stres grubunda tespit edilmiştir.

Yaprak dokusunda moleküler fonksiyon kategorisine ait en fazla transkript sayısının bağlayıcı, taşıma ve oksidoredüktaz aktivitesi ile ilişkili olduğu görülmüştür (Şekil 4.17). Bağlayıcı aktivitesi stres gruplarında özellikle iyon bağlayıcı aktivitesi olarak ön plana çıkmaktadır. Kuraklık stres grubunda özellikle metal iyonu ve çinko iyonu bağlama aktiviteleri oldukça yüksek olup %23'lik orana sahiptir. Yüksek sıcaklık stres grubunda iyon bağlayıcı aktivitesi %26'lık orana sahiptir. Kuraklık stres grubu ile benzer bir şekilde yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda da metal iyonu ve çinko iyonu bağlama aktivitelerine ait transkript sayısı fazla olup, %22'lik oransal dağılım göstermektedir. Taşıma aktivitesi ile ilgili transkript oranı kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda aynı olup, (106 transkript) yüksek sıcaklık stres grubuna göre daha fazladır.

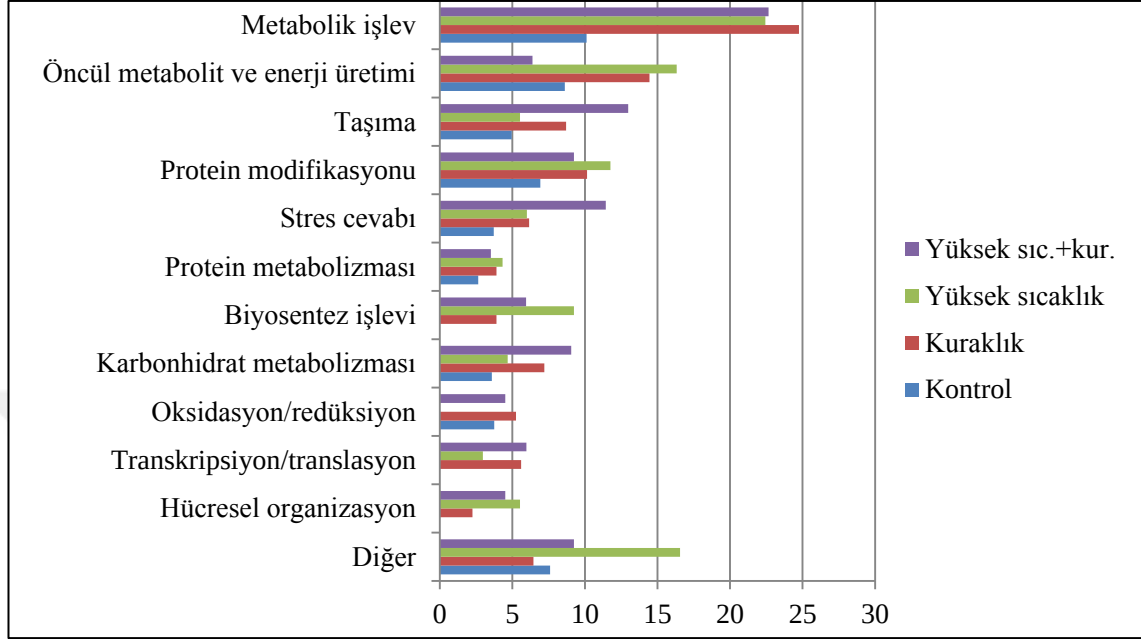
Bitkilerde stres yanıtında önemli role sahip olan oksidoredüktaz enzim aktivitesine ait sonuçlar, yaprak dokusunda belirgin olarak elde edilmiştir. Peroksidaz, glutatyon redüktaz ve sitokrom P450 varlığı ile dikkat çeken oksidoredüktaz aktivitesine ait transkriptlerin ifadesinin kontrol grubuna kıyasla stres gruplarında daha arttığı belirlenmiştir. Kuraklık stres grubunda %13 (79 transkript), yüksek sıcaklık stres grubunda %11 (72 transkript), yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %12'lik (75 transkript) oransal dağılım tespit edilmiştir. Hidrolaz ve nükleaz aktivitesi ile ilişkili transkript sayısı en fazla kuraklık stres grubunda gözlenmiştir. Kuraklık stres grubunda transkript sayısı bakımından hidrolaz aktivitesi %9, nükleaz aktivitesi %14 oranında dağılım göstermektedir. DNA ve RNA bağlayıcı aktivitesini içeren nükleik asit bağlayıcı aktivitesine ait transkript sayısı en fazla yüksek sıcaklık stres grubunda (49 transkript) olup, bunu sırasıyla kuraklık (32 transkript) ve yüksek sıcaklık+kuraklık (26 transkript) stres grubu izlemektedir. Transferaz aktivitesine ilişkin transkript sayısı da kontrol grubuna göre; kuraklık stres grubunda az, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda daha fazladır. Kinaz aktivitesi özellikle serin/treonin protein kinaz grubunu içermekte olup, stres gruplarına göre transkript sayısı oransal olarak kuraklık için %4, yüksek sıcaklık için %5, yüksek sıcaklık+kuraklık için %4 olarak belirlenmiştir. Liyaz aktivitesine ait transkript sayısı en fazla yüksek sıcaklık+sıcaklık stres grubunda (40 transkript), en az yüksek sıcaklık stres grubunda (29 transkript) tespit edilmiştir.



Şekil 4.17 Yaprak dokusunda moleküler fonksiyon ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması

Biyolojik işlev bakımından en fazla transkript sayısının metabolik işlev ve öncül metabolit ve enerji üretimi ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.18). Stres faktörüne bağlı olarak; yaprak dokusunda metabolik işlev özellikle karbon fiksasyonu, yağ metabolik işlevi, fosforilasyon ve Asetil CoA biyosentezi ile ilişkili olup, her üç stres grubunda metabolik işleve ait transkript sayısı kontrol grubuna göre yüksektir. Yüksek sıcaklık stresi sonucu öncül metabolit ve enerji üretimine ait transkript sayısı 136 olup, %16'lık bir orana sahiptir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise fotosentez, oksijenli solunum, mitokondriyal elektron taşınımı, fotorespirasyon ile ilişkilendirilen öncül metabolit ve enerji üretimine ait transkript oranı yüksektir. Taşıma fonksiyonuna ait ifadesi değişen transkript oranı; yüksek sıcaklık stres grubunda %8, kuraklık stres grubunda %5, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda %12 olarak belirlenmiştir. Yaprak dokusunda stres sonucu, protein metabolizması ile ilişkili transkript sayısı da ön plana çıkmaktadır. Özellikle proteoliz ve protein modifikasyonu ile ilgili transkript oranı kuraklık stresi sonucu %11, yüksek sıcaklık stresi sonucu %13, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu %8 olarak belirlenmiştir. Biyosentez işlevine ait transkript sayısı en fazla yüksek sıcaklık stresi sonucunda görülmekle birlikte, yüksek

sıcaklık+kuraklık stres grubunda hücresel aminoasit, karotenoid ve koenzim biyosentez işlevi ile ilişkili transkriptlerinin ifadesinin arttığı belirlenmiştir.

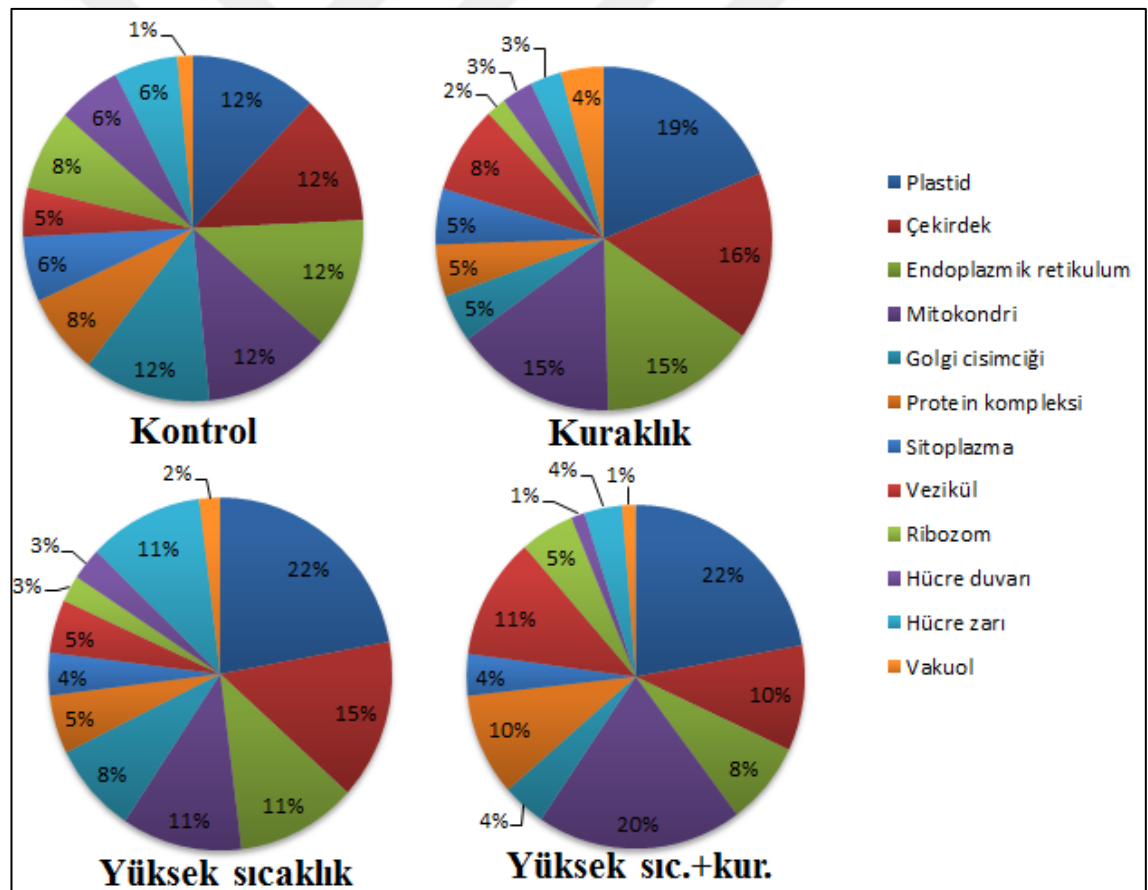


Şekil 4.18 Yaprak dokusunda biyolojik işlev ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması

Hücre duvar modifikasyonu, hücre bölünmesi ve hücre morfogenezini kapsayan hücre organizasyona ait transkript oranı kuraklık stres grubunda %2, yüksek sıcaklık stres grubunda %7, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %4'dir. Transkripsiyonel düzenleme, RNA işlenmesi ve tRNA metabolik süreçlerini içeren transkripsiyon/translasyon ilişkili transkript oranı, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda (27 transkript) daha fazla olup, yüksek sıcaklık stres grubunda (8 transkript) ise oldukça azdır. Karbonhidrat metabolizmasında kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda pentoz fosfat yolu, maltoz metabolik işlevi, glikoneogenez, glikolitik süreç ile ilişkili transkriptler ön plana çıkmıştır. Ayrıca polisakkarit katabolik işlevine ait transkriptler sadece kuraklık stres grubunda belirlenmiştir.

Tane örneğinde stres uygulama ve kontrol gruplarının karşılaştırılması

Tane örneğinde kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu özellikle metabolit seviyesinde meydana gelen değişiklikler hücresel, moleküler ve biyolojik süreçlere etki etmiştir. Hücresel bileşen bakımından incelendiğinde, anotasyonu yapılan transkriptlerin en fazla plastid, çekirdek ve endoplazmik retikulum ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.19). Kontrol grubu ile karşılaştırıldığında stres gruplarında plastid ile ilişkili transkript oranı oldukça yüksektir. Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu çekirdek ile ilişkili transkript sayısı, stresin tek başına uygulandığı kuraklık (%16) ve yüksek sıcaklık (%15) grubuna göre daha düşük olup %10'luk bir orana sahiptir.

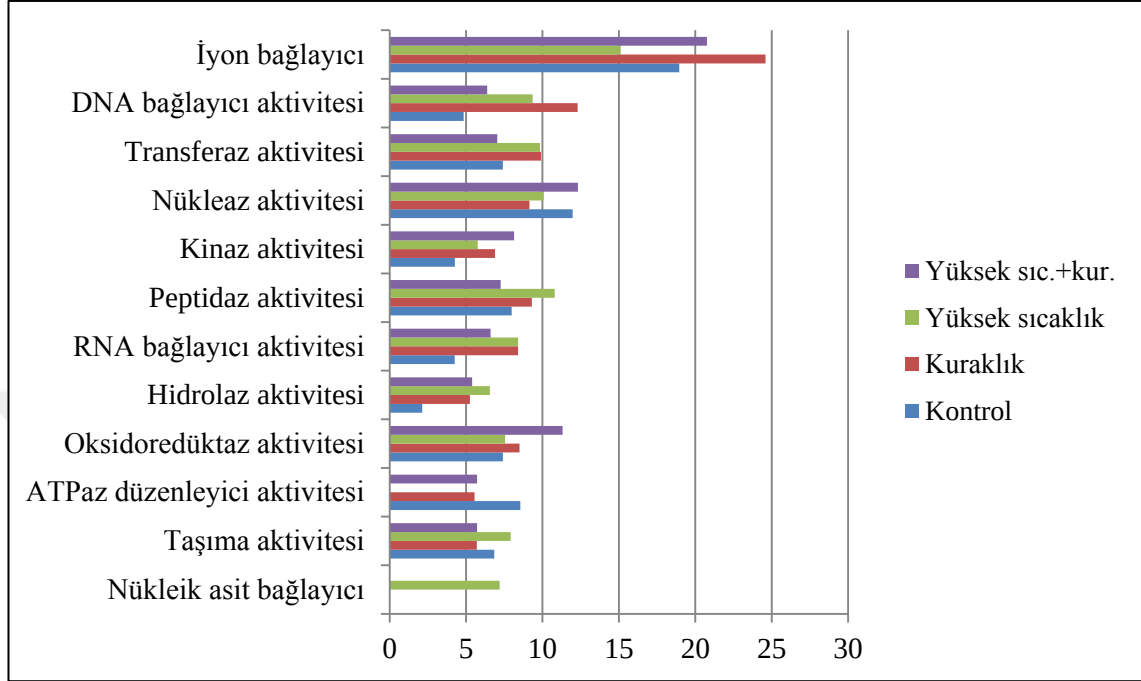


Şekil 4.19 Tane örneğinde hücresel bileşen ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından dağılımı

Protein katlanması ve taşınımı, kalsiyum depolanması gibi faaliyetlere bağlı olarak hücresel kısımda endoplazmik retikulum ile ilgili transkript oranı; kuraklık stres grubunda %15 (40 transkript), yüksek sıcaklık stres grubunda %11 (30 transkript), yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %8 (23 transkript) olarak belirlenmiştir. Mitokondri ve protein kompleksi ile ilişkili transkript oranı özellikle yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ön plana çıkmıştır. Ribozom, hücre duvarı ve vakuol ile ilgili transkript oranı her üç stres grubunda da benzerlik göstermektedir. Hücre zarı ile ilişkili transkript sayısı kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresine göre, yüksek sıcaklık stres sonucunda artış göstermiştir.

Moleküler fonksiyon bakımından incelendiğinde tane örneğinde iyon bağlayıcı aktivitesine ait transkript sayısının diğer aktivitelere göre daha yüksek olduğu görülmüştür (Şekil 4.20). İyon bağlayıcı aktivitesi ile ilişkili transkript oranı özellikle yüksek sıcaklık+kuraklık ve kuraklık stres grubunda ön plana çıkmıştır. Yüksek sıcaklık stres grubunda özellikle çinko bağlayıcı aktivitesi ile ilişkili transkript sayısı fazladır. DNA bağlayıcı aktivitesine ait ifadesi değişen transkript oranı kuraklık stres grubunda %12, yüksek sıcaklık stres grubunda %9, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %6 olarak belirlenmiştir. Kinaz aktivitesi ile ilgili transkript oranı kuraklık (%7) ve yüksek sıcaklık+kuraklık (%8) stres grubunda daha fazladır. Yüksek sıcaklık stres grubunda kinaz aktivitesine ait transkriptlerin büyük bir kısmı protein kinaz aktivitesine aittir. Peptidaz aktivitesine ait transkript oranı en yüksek yüksek sıcaklık stres sonucunda (%10), en düşük yüksek sıcaklık+kuraklık stres sonucunda (%7) elde edilmiştir. RNA bağlayıcı ile ilgili transkript sayısı kuraklık stres grubunda 45 transkript, yüksek sıcaklık stres grubunda 45 transkript, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda 34 transkript olarak belirlenmiştir. Her üç stres grubunda da özellikle helikaz aktivitesi ile ilişkilendirilen hidrolaz aktivitesine ait transkript sayısı oransal olarak yüksek sıcaklık stres grubunda fazla olup, kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise eşit değere sahiptir. Oksidoredüktaz aktivitesine ait transkript sayısı kuraklık stres grubunda 40 transkript, yüksek sıcaklık stres grubunda 28 transkript, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda 46 transkript olarak tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık stres grubunda ATPaz düzenleyici aktivitesi ile ilgili transkript yer almazken, diğer iki gruptaki

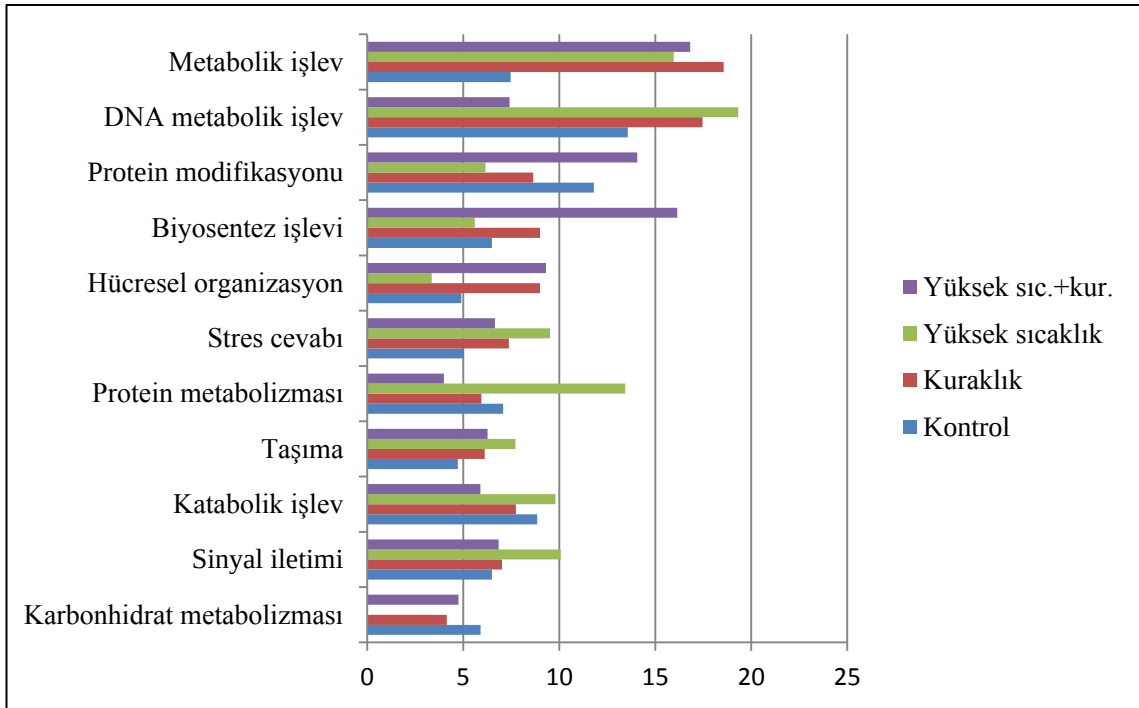
transkriptlerin oransal dağılımı benzer bir değer göstermiştir. Nükleik asit bağlayıcı ile ilişkili transkript sadece yüksek sıcaklık stres grubunda tespit edilmiştir.



Şekil 4.20 Tane örneğinde moleküler fonksiyon ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması

Biyolojik işlev bakımından her üç stres grubunda metabolik işlev, özellikle DNA metabolik işlevi ön plana çıkmıştır. Metabolik işlev ile ilişkili transkript oranı kuraklık stres grubunda %18, yüksek sıcaklık stres grubunda %15, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda %16 olarak belirlenmiştir (Şekil 4.21). Kuraklık stres grubunda DNA metabolik işlevine ait transkript sayısı, sekonder ve yağ metabolik işlevi ile ilişkili transkript sayısından daha fazladır ve toplam metabolik işlev ile ilişkili transkript sayısı içerisinde %21'lik paya sahiptir. Kuraklık stresi sonucu protein katlanması, hücrel protein modifikasyonu; yüksek sıcaklık stresi sonucu protein fosforilasyonu ve defosforilasyonunun artışına bağlı olarak protein modifikasyonu ile ilişkili transkript oranı kuraklık stres grubunda %8, yüksek sıcaklık stres grubunda %6, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %14 olarak belirlenmiştir. Nişasta, mannoz, glikolipit, yağ asidi ve aminoasit biyosentez işlevi ile ilişkili transkript sayısı oransal olarak kuraklık stresi sonucu %9, yüksek sıcaklık stresi sonucu %5, yüksek

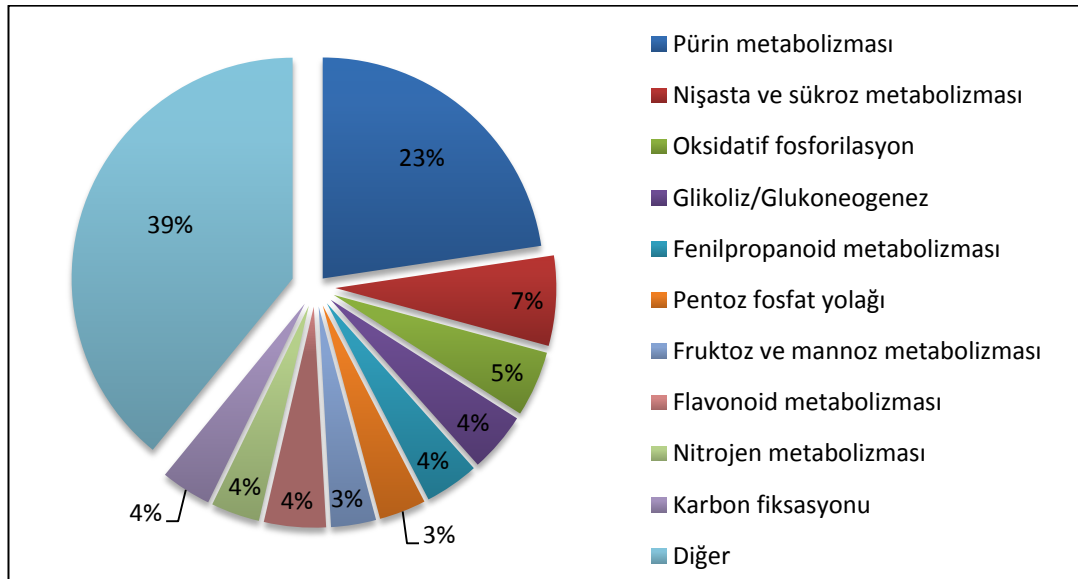
sıcaklık+kuraklık stresi sonucu %16'lık bir dağılım göstermiştir. Hücrel yapılanmaya ait transkript sayısının kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda daha fazla olduğu görülmüştür. Stres cevabı ile ilişkili transkript oranı kontrol grubuna kıyasla stres uygulama gruplarında daha yüksek değere sahiptir. Protein metabolizması ile ilişkili transkript sayısı oransal olarak kuraklık stresi sonucu %5, yüksek sıcaklık stresi sonucu %14, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu %3'lik bir dağılım göstermiştir. Taşıma aktivitesine ait transkript oranı kuraklık stres grubunda %6 (24 transkript), yüksek sıcaklık stres grubunda %8 (34 transkript), yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda ise %7 (23 transkript) olarak belirlenmiştir. Katabolik işlev sürecine ilişkin transkript sayısı yüksek sıcaklık stres grubunda daha fazla olup %9 oranında bir paya sahiptir. Sinyal iletimine ait transkript oranı ise, kuraklık stresi sonucu %7 transkript, yüksek sıcaklık stresi sonucu %10 ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu %6 olarak tespit edilmiştir ve yüksek sıcaklık stres grubunda kalsiyum bağımlı sinyal iletimine ait transkriptler ön plana çıkmıştır. Karbonhidrat metabolizmasına ilişkin transkript yüksek sıcaklık stres grubunda tespit edilememiş olup, kuraklık stres grubunda %4, yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunda %5 oranında transkript belirlenmiştir.



Şekil 4.21 Tane örneğinde biyolojik işlev ile ilişkili transkriptlerin kontrol ve stres gruplarında oransal (%) değerleri bakımından karşılaştırılması

4.3.8 Metabolik yolak analiz bulguları (KEGG analizi)

Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucunda ifadesi gerçekleşen genlerin hangi metabolik süreçlerde rol oynadığının belirlenmesi; kök, yaprak ve tane örneklerine ait işlevsel mekanizmaların anlaşılması bakımından önem taşımaktadır. Bu bağlamda, tespit edilen transkriptlerin hangi metabolik yollarda işlev gördüğü, mevcut en kapsamlı metabolik yolak veri tabanı olan KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) veri tabanı vasıtasıyla araştırılmıştır. Genel olarak incelendiğinde ifadesi gerçekleşen transkriptlerden 875 transkript, 64 farklı yolak üzerinde dağılım göstermiştir. Transkriptlerin büyük bir kısmının özellikle nişasta ve sükroz metabolizması, pürin metabolizması, oksidatif fosforilasyon, fenilpropanoid metabolizması, glikoliz/glukoneogenez, pentoz fosfat yolağı, fruktoz ve mannoz metabolizması, flavonoid ve nitrojen metabolizması, glioksilat/dikarboksilat ve galaktoz metabolizması, karbon fiksasyonu gibi metabolik süreçler içerisinde yer aldığı belirlenmiştir (Şekil 4.22). Kuraklık stresi sonucu kök dokusunda nişasta ve sükroz metabolizma yolağı, kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda glikoliz/glukoneogenez yolağı, yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusunda nitrojen metabolizması ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneğinde nişasta ve sükroz metabolizma yolağına ait haritalar EK 4’de verilmiştir.

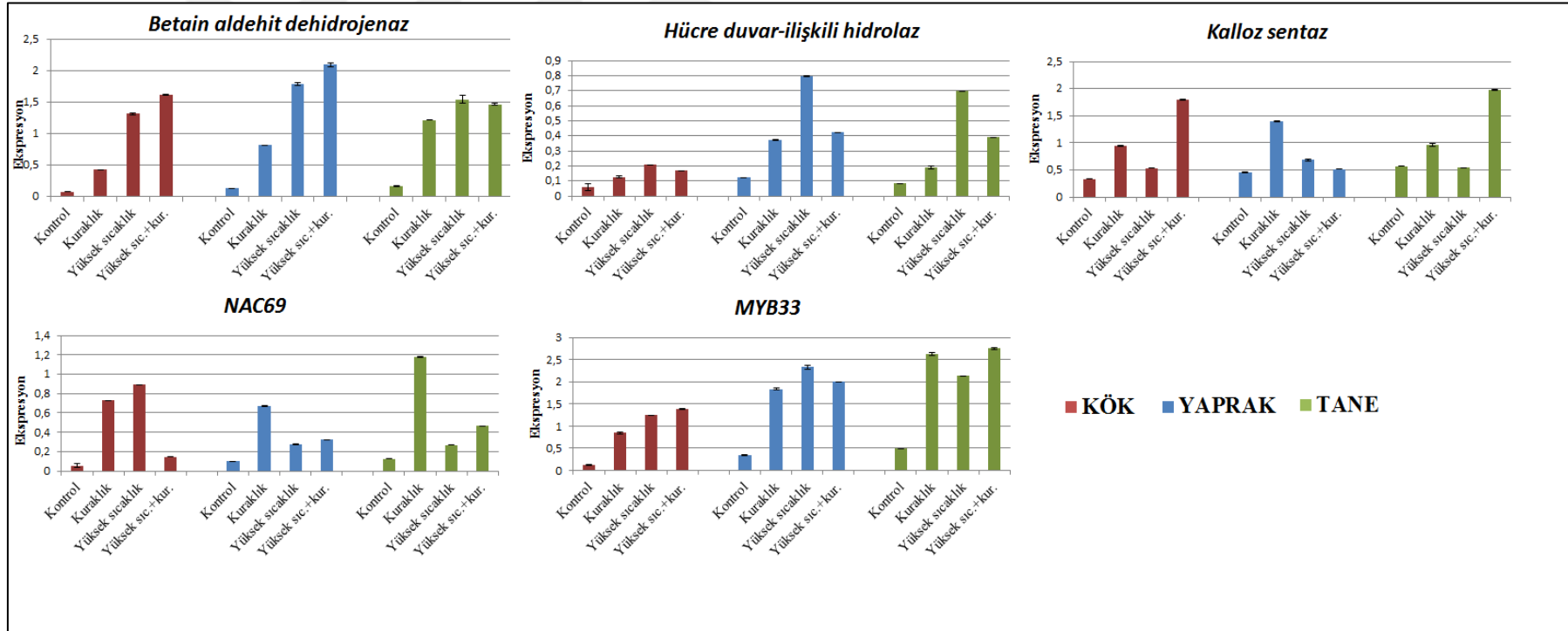


Şekil 4.22 Metabolik yollarda yer alan transkriptlerin oransal (%) dağılımı

4.4 Dizileme Sonuçlarının Eş Zamanlı PZR (qRT-PZR) İle Teyit Edilmesi

Stres uygulamaları sonucunda ifade seviyesinde değişiklik tespit edilen genler, transkriptom analizi ile belirlendikten sonra elde edilen sonuçların doğrulanması amacıyla, *betain aldehit dehidrojenaz*, *hücre duvar-ilişkili hidrolaz*, *kallos sentaz* genleri ile *NAC69* ve *MYB33* transkripsiyon faktörlerinin kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine toleranslı Zubkov ekmeklik buğday çeşitinin kök, yaprak ve tanesindeki ifade değişimleri üç farklı biyolojik tekrar kullanılarak eş zamanlı PZR ile belirlenmiştir (Şekil 4.23).

Betain aldehit dehidrojenaz osmotik koruyuculardan glisin betain miktarını arttırmaktadır. Transkriptom verileri ile uyumlu bir şekilde gen ifadesi, özellikle her iki stresin birlikte uygulanması sonucunda kök ve yaprak dokusunda önemli derecede artış göstermiştir. *Hücre duvar-ilişkili hidrolaz* geninin ifadesi yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak ve tanede kontrol gruplarına kıyasla artış göstermiş olup, kökte ise daha düşük ifade seviyesi tespit edilmiştir. *Kallos sentaz* geninin ifadesi, tane ile kökte kuraklık ve yüksek sıcaklık stresinin birlikte uygulanması sonucu, yaprak dokusunda ise kuraklık stresi sonucu artış göstermiştir. *NAC69* transkripsiyon faktörü abiyotik stres cevabında önemli role sahiptir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucunda kök, yaprak ve tane olmak üzere her üç grupta ifade seviyesinin artış gösterdiği bir profil sergilemektedir. Sonuçlar transkriptom verileri ile uyumlu olup, kuraklık stresi sonucu tanede, yüksek sıcaklık stresi sonucu kökte ifade seviyesinin artışı belirgindir. Absisik asite bağımlı olarak stres cevabında görev alan *MYB33* transkripsiyon faktör ifadesi transkriptom verileri ile paralellik göstermiştir. qRT-PZR sonuçlarına göre; *MYB33* transkripsiyon faktörünün ifade seviyesindeki artış tanede belirgin olarak görülmektedir. Kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tanede *MYB33* ifadesinde artış gözlenmiştir. Yaprak dokusunda ise, yüksek sıcaklık stresi sonucu yüksek ifade profili gözlenirken; kök dokusunda her üç stres grubunda da benzer bir profil olarak, kontrole göre *MYB33* ifade seviyesinde artış olduğu belirlenmiştir. Genel olarak qRT-PZR çalışmasının sonuçları transkriptom verilerini büyük oranda doğrulamıştır.



Şekil 4.23 Stres uygulamalarına cevap veren bazı genler ve transkripsiyon faktörlerinin ifade seviyelerinin qRT-PZR ile belirlenmesi

5. TARTIŞMA ve SONUÇ

Geniş adaptasyon yeteneğine sahip olan ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) bitkisi, genel olarak kurak ve yarı kurak bölgelerin vazgeçilmez ürünü olmasına karşın, kuraklık ve yüksek sıcaklık gibi stres faktörlerinden önemli derecede etkilenmektedir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık koşullarına bağlı olarak meydana gelen moleküler, hücresel ve fizyolojik adaptasyonun anlaşılabilmesi; bitkilerde sinyal iletim mekanizmalarının ve stres sinyallerinin algılanmasının, çok sayıda transkripsiyon faktör ve diğer düzenleyicilerin aktivasyonunun, genlerin ifade ürünlerinin açığa çıkarılması ile mümkün olmaktadır. Kuraklık ve yüksek sıcaklık stres toleransı; birçok genin katılımı ile hücre zarında yapısal ve fonksiyonel değişikliklerin, doku su içeriğinin, protein, yağ, primer ve sekonder metabolitlerin kompozisyonunun kontrol edildiği kompleks bir olaydır (Kotak vd. 2007, Barbanas vd. 2008, Huang ve Xu 2008). Bu bağlamda genomik ve moleküler analizler vasıtasıyla kuraklık, yüksek sıcaklık stres faktörü ile ilişkili genler tanımlanabilmekte ve bitkilerde adaptasyon mekanizması ile ilişkili önemli bilgiler elde edilebilmektedir (Qin vd. 2008, Aprile vd. 2009, Chauhan vd. 2011, Li vd. 2012).

Yeni nesil dizileme teknolojisinin gelişmesi ve yaygınlaşmasına paralel olarak, stres cevabına ait gen ifadesinin düzenlenmesi ve dokuların transkript kompozisyonu ile dinamiği hakkında önemli bilgiler elde edilmektedir (Grabherr vd. 2011, Duan vd. 2012, Pellny vd. 2012). Bu kapsamda ekmeklik buğdayda abiyotik stres faktörleri ile ilişkili transkriptom profilinin açıklanmasına ilişkin çeşitli çalışmalar yapılmıştır (Aprile vd. 2009, Kumar vd. 2015, Liu vd. 2015). Yeni nesil dizileme teknolojilerinden biri olan Roche 454 GS FLX platformu; güvenilir, hızlı, otonom ve kolay uygulanabilir olması nedeniyle çeşitli RNA-dizileme çalışmalarında kullanılmıştır. Bu tez çalışmasında Roche 454 GS FLX+ teknolojisi kullanılarak kuraklık ve yüksek sıcaklığa toleranslı olduğu bilinen Zubkov çeşitinde; kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresleri uygulandıktan sonra kök, yaprak dokusu ve tane için RNA-dizileme gerçekleştirilmiştir. Bu sayede, ortaya çıkan gen ifadelerindeki değişiklikler belirlenmiş, stres dayanıklılık mekanizmasında rol aldığı düşünülen genler, transkripsiyon faktörleri, transpozonlar, miRNA'lar ve bu miRNA'ların hedef genleri

tespit edilmiştir. Ayrıca belirlenen transkriptlerin moleküler ve biyolojik süreçlerdeki rolüne, metabolik yollar ile ilişkisine dair açıklayıcı bilgiler elde edilmiştir.

Kalite ve miktar yönünden dizileme işlemine uygun olarak elde edilen, 12 farklı örneğe ait (kontrol kök, kontrol yaprak, kontrol tane, kuraklık kök, kuraklık yaprak, kuraklık tane, yüksek sıcaklık kök, yüksek sıcaklık yaprak, yüksek sıcaklık tane, yüksek sıcaklık+kuraklık kök, yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak, yüksek sıcaklık+kuraklık tane) izole edilmiş RNA'lar, stabil olmayan tek zincirli doğası gereği doğrudan dizileme reaksiyonuna girememektedir. Bu nedenle RNA'ların Roche 454 GS FLX+ protokolüne uygun olarak parçalara ayrılması sağlanmış ve RNA'ların 450-1200 bp uzunlukta kütüphane kurulumu için optimum değerlerde fragmentlere ayrıldığı belirlenmiştir (Wilhelm ve Landry 2009). Uygun değerlerde fragmente olmuş RNA'lardan cDNA kütüphaneleri de Roche 454 GS FLX+ protokolüne (cDNA Rapid Library Preparation Method) uygun olarak hazırlanmış ve sentezlenen cDNA'ların, cihazın dizileme kapasitesine göre uygun olduğu belirlenmiştir. Dizileme sonucunda, 12 kütüphaneye ait 255.402 nükleotitten oluşan okuma elde edildiği ve bu okumaların toplam 117.790.028 baz içerdiği belirlenmiş olup, bu değerlerin transkriptom karakterizasyonu için uygun olduğu, fakat okuma derinliğine bağlı olarak transkript havuzunda ifade edilen transkriptleri kapsayamamasından dolayı, bazı genlerin yakalanamamış olması ihtimali düşünülmektedir. Kontrol ve stres uygulama kütüphaneleri, okuma sayıları bakımından karşılaştırıldığında, toplam okuma sayısı ve toplam okunan baz sayısı bakımından en yüksek değere; 14.431.537 ile yüksek sıcaklık tane örneğinde ulaşılmıştır. Okuma sayıları bakımından en yüksek değer yüksek sıcaklık tane kütüphanesinde elde edilmesine rağmen, emülsiyon PZR aşamasında boncuk zenginleştirme yüzde değeri bakımından ikinci sırada yer almaktadır. Bu durumun boş (negatif) boncukların sayıma katıldığı veya pipetaj, kalibrasyon hatası gibi çeşitli teknik nedenlerden kaynaklandığı söz konusudur. En önemli özelliklerinden biri okuma uzunluğu olan Roche 454 GS FLX+ platformu ile yapılan dizileme sonucunda, 12 kütüphaneye ait okuma uzunlukları 420 bp ile 510 bp arasında değişim göstermiş olup, daha önceki yapılmış çalışmalar ile uyumlu sonuçlar elde edilmiştir (Cheung vd. 2006, Gilles vd. 2011, Villar vd. 2011). Transkript uzunluğu dikkate alınarak transkriptom analizinin kalite ve güvenilirliği konusunda bilgi sağlayan N50 değeri (Trapnell vd. 2009, Roberstson vd. 2010), okuma

uzunluklarına paralel olarak 495 bp ile 550 bp arasında değişim göstermiştir. Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) bitkisine ait yaklaşık 17 Gb büyüklüğündeki genom bilgisi ilk olarak Brenchley vd. (2012) tarafından yayınlanmıştır. Dizileme sonucu kontrol, kuraklık ve yüksek sıcaklık tane kütüphaneleri hariç, her bir kütüphane için elde edilen okumalar Uluslararası Buğday Genom Dizileme Konsorsiyumu; IWGSC (<http://plants.ensembl.org>), kapsamında sunulan yaklaşık 6,6 Gb (A, B ve D genomları için) büyüklüğündeki haploid ekmeklik buğday genom dizisine haritalandırılarak transkriptler oluşturulmuştur. Aynı zamanda okuma sonuçlarının *de novo* olarak birleştirilmesi ile transkript eldesi sağlanmış, fakat referans genoma haritalama sonucunda toplam okuma ve baz sayısı ile transkript sayısının daha fazla olduğu görülmüştür. Referans genoma haritalaması yapılamayan kontrol, kuraklık ve yüksek sıcaklık tane kütüphanelerinin *de novo* birleştirilmesi sonucu elde edilen sonuçlara göre; transkript uzunluğunun kısa olduğu yani N50 değerinin daha düşük olduğu belirlenmiş, buna bağlı olarak da elde edilen kontig sayısının fazla olduğu tespit edilmiştir. Dolayısıyla hem referans genoma haritalama sonuçlarının, hem de *de novo* birleştirme sonuçlarının uyumlu ve güvenilir olduğu belirlenmiştir.

Çalışma sonucuna göre, stres uygulamaları sonrasında ifade değişimi gösteren transkriptler stres yanıtı ile ilişkili olarak belirlenmiştir. Transkriptlerin ifade değişimine bağlı olarak, stres toleransı ile sıkı bir ilişkisi olan absisik asit (Finkelstein vd. 2002), etilen veya oksin (Shakirova vd. 2002) gibi hormonlara karşı bir cevap oluşturulmasının yanı sıra antioksidan aktivite (Hong vd. 2003), osmotik ve iyonik dengenin sağlanmasında görevli metabolitlerin üretimi (He vd. 2009), fotosentez, hücre zarı ve protein modifikasyonunda görevli çeşitli genlerin (Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki 2007) ifade değişimleri gibi yanıtlar alınmıştır. Bitkilerde su içeriğinin azalması, yaprak-su potansiyelinin kısıtlanması ve turgor kaybı, stoma kapanması, hücre büyüme ve gelişmesinin azalmasıyla karakterize edilen kuraklık stresi sonucu; tanede antioksidan enzimlerden olan peroksidaz ifadesinin arttığı gözlenmiştir. He vd. (2009) tarafından yapılan çalışmada, ekmeklik buğday tanelerinin kuraklık stres şartlarına dayanıklılığı H₂O₂ muamelesi ile araştırılmıştır. H₂O₂ uygulamasının, su kullanım verimliliğini ve tanede prolin miktarını arttırdığı belirtilmiş olup, katalaz ve peroksidaz gibi antioksidan enzimlerin ifadesinde artış saptanmıştır. Metabolik yolak analizine

göre, kuraklık stresi sonucu tane örneğinde, glikozun metabolize edildiği glukuronik asit metabolik yolunda görevli glukuronik kinaz ifadesi artmıştır. Wan vd. (2008) tarafından ekmeklik buğdayın tanelerinde mikroarray teknolojisi kullanılarak yapılan transkriptom çalışmasında glukuronik asit öncüllerinin arttığı ifade edilmiştir ve elde ettiğimiz sonuç ile paralellik göstermektedir. Ayrıca kuraklık stresine bağlı olarak tanede azot metabolizmasında ve osmotik dengenin sağlanmasında önemli olan glutamat sentaz ifadesi artmış olup, mısırdaki yapılan bir çalışmada da kuraklık stresi sonucu, azot metabolizmasına katılan ve tanelerin protein içeriğinin artışı sağlayan glutamat sentaz ifadesinin arttığı bildirilmiştir (Lu vd. 2015). Kuraklık stresi yaprak dokusunda terleme, buharlaşma, fotosentez, iyon salınımı, karbonhidrat ve besin metabolizması gibi çeşitli fizyolojik ve biyokimyasal aşamaları etkileyerek bitki gelişiminde gerilemeye neden olmaktadır (Wang vd. 2000, Jaleel vd. 2008). Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda reaktif oksijen türlerinin artışı ile birlikte lipid peroksidasyonu ile ilişkili transkriptlerin ifade seviyesinde artış gözlenmiştir. Bitkilerde stresin öncelikli etkilerinden biri olarak gösterilen, hücre zarında membran bütünlüğünün bozulmasına yol açan lipid peroksidasyonu ve son ürünlerinden biri olan malondialdehit (MDA) miktarının, ekmeklik buğday yaprak dokularında kuraklık stresine bağlı olarak arttığı bildirilmiştir (Malik vd. 1992). Kuraklık stresi sonucu bitkilerden izole edilen kloroplastlarda, fotosentetik elektron transportu ve fotofosforilasyon kapasitelerinin azaldığı gösterilmiştir. Yani fotosentetik elektron zincir reaksiyonlarının inhibisyonu, fotoindirgeyici ya da fotooksidatif hasara neden olabilecek aktif oksijen türlerinin oluşumuna neden olur ve kuraklık stresi sonucu her iki fotosistemin ve özellikle de fotosistem II' nin etkilendiği bildirilmiştir (Lu ve Zhang 1999, Wang vd. 2012). Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda fotosistem II'nin etkinliğini arttıran klorofil a/b protein ifadesinin arttığı, böylece hücre metabolizmasının artan enerji ihtiyacının karşılanabileceği belirlenmiştir. Ortamdaki su miktarı yeterli olmadığında daha fazla su kaybını engellemek amacıyla stomalar kapanır ve bunun sonucunda fotosentezle fiksasyon için gerekli olan CO₂'nin alınımı sınırlandırılır. Bu durum ise NADP⁺'nin yetersiz hale gelmesine sebep olarak ferrodoksinin NADP⁺ yerine oksijeni redüklemesine ve böylece fotosistem I elektronlarının O₂'ye transferine neden olarak reaktif oksijen radikalinin oluşmasını sağlamaktadır (Tambussi vd. 2000). Bu bağlamda kuraklık stresi sonucu yaprak

dokusunda, artan oksidatif strese baęlı olarak NADH dehidrojenaz ile iliřkili transkript seviyesinde dūřuř gōzlenmiřtir. *Arabidopsis* bitkisinde yapılan alıřmada da, oksidatif strese baęlı olarak mitokondride NADH dehidrojenaz seviyesinin dūřtuęu bildirilmiřtir (Obata vd. 2011). Ayrıca bu sonular, yaprak dokusuna ait metabolik yolak analizinde oksidatif fosforilasyon ile iliřkili transkriptlerin varlıęı ile de paralellik gōstermektedir. Protein fosforilasyonundan sorumlu olan kinazlar, yaprak dokusunda kuraklık ve kuraklık stresini de ieren birok stres durumunda sinyallere cevap olarak indklenmektedir (Conley vd. 1997). Kuraklık stresi sonucunda yaprak dokusunda artan sinyal iletimi ile iliřkili olarak serin/treonin protein kinaz ifadesi artarmıřtır. Birok bitki, kurak řartlarda yařlanma srecini ve yařlı yaprakların absisyonunu hızlandırırken, kōkler ise topraęın derin katmanlarındaki suya ulařabilmek iin kōk sisteminin geliřtirilmesi řeklinde adaptasyon saęlar (Mahajan ve Tuteja 2005). Osmotik stres buęday fidelerinin kōklerinde absisik asit ve lektin miktarında artıřa neden olmaktadır (Song vd. 2014). alıřmamızda kōk dokusunda kuraklık stresi sonucu lektin reseptōr kinaz ifadesi artmıřtır. Benzer řekilde, bařka bir alıřmada yetersiz su kořullarında buęday bitkisinin kōklerinde hem absisik asit, hem de tahıllarda özel savunma mekanizması rnlerinden lektin miktarında artıř meydana geldięi ve dıřarıdan absisik asit uygulaması ile buęday lektin miktarının 2-3 saat ierisinde en st dzeye ulařtıęı bildirilmiřtir (Shakirova vd. 2013). Kalsiyum baęımlı protein kinazlar; osmotik stresin sinyal molekllerinden biri olan kalsiyum sinyalinin iletilmesini saęlar (Zhu 2002). Kōkte kuraklık stresine baęlı olarak kalsiyum baęımlı protein kinaz aktivitesi de artmıřtır.

Yksek sıcaklık stresi fotosentez, hcre ve organel zarlarının lipit bileřimi, hcredeki protein ierięi ve antioksidan enzimler zerine zararlı etkide bulunmaktadır. Bitkilerin yksek sıcaklıęa karřı toleransı; yaprak sıcaklıęını azaltmak iin terlemenin arttırılması, fotoinhibisyon ve serbest radikal hasarından kaınmak iin fotosentetik sistemin deęiřiklięe uęratılması ve ısı-řoku proteinlerinin sentezlenmesi řeklinde geliřmiřtir (Georgieva 1999). Yksek sıcaklık stresine baęlı olarak tanede, ikincil mesajcılardan cAMP ve cGMP ifade seviyelerinin yksek olduęu saptanmıř olup, bu durum stres řartlarına uyum saęlamada sinyal iletiminin nemini ortaya koymaktadır (Donaldson vd. 2004). Yksek sıcaklık stresi, bitkilerde geici olarak hcrelerin kalsiyum

seviyesinde artışa neden olmaktadır. Liu vd. (2003) tarafından ekmeklik buğdayda yapılan bir çalışmada, yüksek sıcaklık stres sinyallerinin algılanmasına bağlı olarak, kalsiyum kanallarının açılarak Ca^{+2} seviyesinin arttığını ve sinyal iletiminde önemli bir ara molekül olan kalmodulinin (CaM) Ca^{+2} 'a bağlanması ile ısı-şok proteinleri (HSP) gibi sıcaklık-ilişkili proteinleri aktive ettiğini bildirmişlerdir. Tanede ve özellikle yaprak dokusunda kalsiyum-bağlayıcı proteinler ile ilişkili transkriptlerin seviyesinde artış gözlenmiştir. Isı-şok proteinleri (HSP), sıcaklık stresi koşullarında hücreleri korumak için üretilmekte ve bitkiye stres toleransı sağlamaktadır (Chauan vd. 2011). Yüksek sıcaklık stres uygulaması sonucu tane, kök ve yaprak olmak üzere her üç grupta HSP ile ilişkili transkript seviyesi artmış olup, ekmeklik buğdayda yapılan diğer çalışmalar ile benzer sonuçlar elde edilmiştir (Kumar vd. 2015b, Xue vd. 2015). Yapraklarda fotosentezin ışık reaksiyonunun gerçekleştiği tilakoid zarlar yüksek sıcaklık stresine karşı oldukça hassastır. Yüksek sıcaklık nedeniyle lipid yapısındaki değişim, lipid-protein etkileşimini kararsız hale getirmekte ve fotosistem II'nin organizasyonu ve işlevini bozmaktadır. Fotosistem II'de meydana gelen hasar NADPH (Nikotinamid adenin dinükleotid fosfat) miktarında azalmaya neden olur ve pentoz fosfat yolunda NADPH üretiminin kontrolü glikoz-6-fosfat dehidrojenaz tarafından sağlanmaktadır (Awasthi vd. 2014). Çalışmamızda yaprak dokusunda yüksek sıcaklık stresi sonucu $NADP^{+}$ artışına bağlı olarak glikoz-6-fosfat dehidrojenaz ile ilişkili transkriptlerin ifade seviyesi artmıştır. Sıcaklık stromadaki CO_2 ve O_2 konsantrasyonunun kontrolünde büyük bir rol oynamaktadır. Yüksek sıcaklık koşullarında O_2 konsantrasyonundaki artış nedeniyle, Rubisco'nun CO_2 yerine O_2 tutma kapasitesi artmakta, net fotosentez oranı ve ribuloz 1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz aktivitesi azalmaktadır (Georgieva 1999). Yüksek sıcaklık stresine bağlı olarak özellikle yaprak dokusu ve tane örneğinde, analiz sonuçlarına göre Rubisco etkinliğinin azaldığı belirlenmiştir. Peptidil-prolil cis/trans izomeraz (FKBP) bitkilerde abiyotik strese karşı koruyucu olarak bilinmekte ve ekmeklik buğdayda yapılan bazı çalışmalarda FKBP77 ifadesinin sıcaklık stresi sonucu kök dokusunda arttığı bildirilmiştir (Dwivedi vd. 2003, Geisler ve Bailly 2007). Çalışmamızda yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök dokusunda FKBP ifadesinin arttığı gözlenmiştir. Yüksek sıcaklık oksidatif stresi uyarmaktadır ve bitkilerde oksidatif stres hasarının engellenmesi antioksidan savunma sistemleri ile gerçekleşmektedir (Breusegem vd. 2001). Yüksek sıcaklık stres gruplarında kök ve

yaprak dokusunda antioksidan askorbat peroksidaz ve glutatyon redüktaz ile ilişkili transkriptlerin ifade seviyesi artmıştır.

Bitkiler gelişim aşamalarında birden fazla abiyotik strese maruz kalabilir ve farklı sinyal iletim yolları arasındaki ilişkiler karşılıklı etkileşim veya cross-talk olarak adlandırılmaktadır (Liu vd. 2015). Yüksek sıcaklık ve kuraklık stresinin birlikte uygulanması sonucunda, bitkilerde moleküler mekanizmanın açıklanması amacıyla *Arabidopsis*, tütün (*Nicotiana tabacum* L.), sorgum (*Sorghum bicolor* L.) ve makarnalık buğdayda (*Triticum turgidum subsp. durum* L.) yapılan çalışmalara göre, kuraklık stresi ile sıcaklık stresinin bir arada uygulandığı bitkilerde, ısı-şoku proteinlerinin tek başına kuraklık veya sıcaklık stresi uygulanmış bitkilerdeki ısı-şoku proteinlerinin miktarından daha fazla olduğu bildirilmiştir. Ayrıca sıcaklık stresi sırasında sitoplazmik askorbat peroksidaz ve thioredoksin peroksidazın baskın olduğu, kuraklık stresi sırasında özellikle katalaz ve glutatyon peroksidazın uyarıldığı, sıcaklık stresi ile kuraklık stresi kombinasyonunda ise alternatif oksidaz, glutatyon redüktaz, CuZn-süperoksitdismutaz ve glutatyon-S-transferazın uyarıldığı sonuçlarını ortaya koymuşlardır (Rizhsky vd. 2002, 2004, Rampino vd. 2012, Johnson vd. 2014). Çalışmamızda yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda ve tanede antioksidan aktivitenin yüksek olduğu; glutatyon redüktaz, monodihidroaskorbat redüktaz ifadesinin arttığı gözlenmiştir. Transkriptom analizi ile yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak ve kök dokusunda ise betain aldehit dehidrojenaz (BADH) ifadesinin arttığı belirlenmiş olup, sonuçlar qRT-PZR ile doğrulanmıştır. Wang vd. (2010), transgenik ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) hatlarında kuraklık ve sıcaklık stresinin birlikte uygulanması sonucu betain aldehit dehidrojenaz aktivitesinin arttığını bildirilmişlerdir. Betain aldehit dehidrojenaz akitvasyonu ile glisin betain miktarı artmakta, stres tolerans mekanizmasına katkı sağlayarak glisin betain kloroplastlarda lokalize olmakta ve kloroplast yapısının, tilakoid membranların korunmasında önemli bir rol oynayarak fotosentetik aktivitenin ve plazma membran bütünlüğünün sürdürülmesini sağlamaktadır. Tanede olduğu gibi, kök dokusunda yüksek sıcaklık+kuraklık stresine bağlı olarak lignin ve selüloz birikimi sağlayan *kalloz sentaz* geninin ifade seviyesinde artış olduğu belirlenmiş ve qRT-PZR ile doğrulanmıştır. Ayrıca yapraklarda kinaz

aktivitesinin, serin/treonin protein kinaz ve lösince zengin tekrar reseptör kinaz ifadesinin arttığı belirlenmiştir.

Transkripsiyon faktörleri, gen ifadesinin düzenlenmesinden sorumlu regülatör proteinlerdir. Hücre tipine özgü gerçekleşen işlevlerini, hedef genlerin promotör bölgelerindeki cis-acting elementlerine özel bir biçimde bağlanarak gerçekleştirirler (Nakashima vd. 2014). Gelişmiş bitkilerde sıcaklık, kuraklık gibi abiyotik stres sinyalleri, adaptasyon ve stres cevabını sağlayan transkripsiyon faktörlerine ait genleri aktive eder (Chen vd. 2012). Kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine karşı tolerans mekanizmasında birçok transkripsiyon faktörünün rol oynadığı yapılan çalışmalar ile bildirilmiştir. Bitkiye özgü transkripsiyonel düzenleyicilerden olan NAC domain ailesi, hormonal kontrol ve stres cevabı ile sürgün apikal meristemi, çiçek organları, apikal sürgünlerin oluşumunu da içeren büyüme ve gelişme sürecinde rol alır (Olsen vd. 2005). Çalışmamızda NAC domain protein ifadesinin kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine bağlı olarak ifadesinin kök, yaprak dokusu ile tane örneklerinde arttığı gözlenmiştir. Liu vd. (2015) ekmeklik buğdayda kuraklık, yüksek sıcaklık ve her iki stresin birlikte uygulanması sonucunda, meydana gelen stres yanıtının transkriptom profillemesine ilişkin yapılan çalışmada, transkripsiyon faktörlerinin ifadesi bakımından 50 TF ailesinin tespit edildiği, bunların içerisinde NAC domain ailesinin %7 oranında yüksek seviyede ifadesinin arttığını bildirmişlerdir. Morishita vd. (2009) *Arabidopsis* bitkisinde *ANAC078*'in yüksek ışık ve sıcaklık stres yanıtında, antosiyanin birikimini sağlayarak flavonoid biyosentezinin düzenlenmesi şeklinde rol oynadığını, Nakashima vd. (2012) çeltikte (*Oryza sativa* L.) *OsNAC5* ve *OsNAC6* ifadesinin kuraklık ve yüksek sıcaklık koşullarında önemli derecede arttığını bildirmişlerdir. MYB transkripsiyon faktörleri, bitkilerde gelişim süreçlerinin düzenlenmesinde ve streste önemli rol oynayan transkripsiyon faktörlerindendir (Yanhui vd. 2006, Chen vd. 2012). Absisik asite bağımlı olarak stres yanıtında görev alan MYB transkripsiyon faktörünün ifadesi özellikle tane stres uygulama gruplarında önemli derecede artmıştır. M.Kamal vd. (2010) tarafından yapılan çalışmada; ekmeklik buğday tanelerinde kuraklık, düşük ve yüksek sıcaklık stres yanıtı ile ilişkili proteinler proteomiks tekniği ile belirlenmiştir. Yüksek sıcaklık stres yanıtında özellikle ısı-şoku proteinleri ve GTP-bağlayıcı proteinlerin ifade edildiğini; kuraklık stres cevabında ise bulduğumuz sonuç ile paralel

olarak MYB, WRKY ve diğer absisik asit bağımlı proteinlerin ifade edildiği bildirilmiştir. Chunhua vd. (2014) tarafından yapılan araştırmada ise, MYB transkripsiyon faktörlerinin bitki gelişimi, metabolizması ve stres cevaplarında rol oynadığı gösterilmiştir. Aynı zamanda MYB TF ifadesinin artışına bağlı olarak tanede selüloz sentaz genlerinin uyarıldığı ve selüloz içeriğinin arttığı bildirilmiştir. Çinko parmak C2H2 proteinleri abiyotik stres, özellikle kuraklık stres yanıtında önemli rol oynamaktadır. zfc2H2 protein ifadesinin, etilen yanıt faktörü (ERF) ilişkili amfifilik baskılama domaini içerdiği için, bitki savunmasında hem pozitif, hem de negatif etkide bulunabileceğini bildirilmiştir (Sakamoto vd. 2004, Singh vd. 2010). Sorgum (*Sorghum bicolor* L.) ve hardal otu (*Brassica juncea* L.) bitkisinde yapılan transkriptom analiz sonuçları ile uyumlu olarak çalışmamızda kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda, yüksek sıcaklık stres sonucu kök dokusunda zfc2H2 ifadesinin arttığı gözlenmiştir (Johnson vd. 2014, Bhardwaj vd. 2015). WRKY ve bZIP proteinleri bitkilerde en kapsamlı transkripsiyon faktör ailelerinden biridir ve bitki gelişimi, metabolik faaliyetler, biyotik ve abiyotik strese kadar pek çok süreçte önemli rol oynar (Rushton vd. 2010, Li vd. 2012). WRKY transkripsiyon faktörünün kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi ile ilişkili olarak yaprak dokusunda, bZIP transkripsiyon faktörünün özellikle kuraklık stresi sonucu yaprak ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök dokusunda yüksek oranda ifade edildiği gözlenmiştir. Ekmeklik buğdayda yüksek sıcaklığa toleranslı ‘TAM107’ ve hassas ‘Chinese Spring’ çeşitleri kullanılarak, sıcaklık stresine yanıtın mikroarray yöntemi ile transkriptom düzeyinde araştırıldığı çalışmada, WRKY ve bZIP transkripsiyon faktör ilişkili transkript ifade seviyesinin toleranslı çeşitte yüksek olduğu ve bu proteinlerin ekspresyonlarının yüksek sıcaklıktan etkilendiği bildirilmiştir (Qin vd. 2008). Yabani arpada tolerant ve hassas çeşitlerin kıyaslandığı kuraklık stresine bağlı olarak gelişim mekanizmasının açıklanmasına ilişkin yapılan RNA-dizileme analizi sonrası, kuraklık ilişkili transkripsiyon faktörlerinden WRKY ve bZIP ifadesinin tolerant çeşitte daha yüksek olduğu, hassas çeşitte düşük seviyelerde gözlemlendiği bildirilmiştir (Hübner vd. 2015). ERF transkripsiyon faktörleri, etilenle uyarılmış genlerin promotörlerinde etilen yanıt elementleri için özgün AP2 olarak adlandırılan DNA’ya bağlanan 70 aminoasitten oluşan korunmuş bölgeler içerir (Okamuro vd. 1997). Bitkilerde bugüne kadar tanımlanan dehidrasyondan sorumlu elemente (DRE) bağlanan tüm proteinler AP2/EREBP (ERF) transkripsiyon faktör

ailesine aittir ve DRE'ye bağlanan proteinlerden *DREB1* ve *DREB2* transkripsiyon faktörleri, DRE elementini taşıyan haberci genin transkripsiyonunu sağlar (Kizis vd. 2001). Bu çalışmada AP2/EREBP ifadesinin kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucu kök ve yaprak dokusunda arttığı tespit edilmiştir. Haake vd. (2002) tarafından yapılan çalışmada, kuraklık, tuz ve soğuk stresi toleransında dehidrasyondan sorumlu elementlere bağlanan (DREB) transkripsiyon faktörlerinin bitkilerde işlevsel olan birçok genin anlatımını kontrol ettiği ve bunlardan *DREB1* ve *DREB2* protein ailesi cis-etkili dehidrasyondan sorumlu elemente (DRE) bağlanarak stres faktör etkisinin aktif hale geldiği bildirilmiştir. Yapılan başka bir çalışmada ise, dehidrasyon uygulamasında *DREB2* gen anlatımının arttığı, fakat *DREB1* mRNA'sının belirlenemediği, düşük sıcaklık uygulamasında ise *DREB1* gen anlatımının indüklendiği fakat *DREB2* mRNA'sının tespit edilemediği bildirilmiştir (Liu vd. 1998). Yapılan çalışmalara göre GRAS transkripsiyon faktörleri, gelişmiş bitkilerde giberellin sinyal iletimi, kök ve meristem gelişimi, biyotik ve abiyotik stres yanıtında görev alan proteinler olarak tanımlanmaktadır (Bolle 2004). Xu vd. (2015) tarafından çeltikte (*Oryza sativa* L.) *OsGRAS23* transkripsiyon faktörünün kök, gövde ve yaprak dokusunda kuraklık stres yanıtının düzenlenmesinde, genlerin ifadesine katıldığını, özellikle antioksidan aktivite ve protein modifikasyonu ile ilişkili genlerin ifadesini arttırdığını bildirmişleridir. Çalışmamızda kuraklık ve yüksek sıcaklık stresinin birlikte uygulandığı yaprak dokusunda antioksidan aktivitenin artışına bağlı olarak GRAS transkripsiyon faktör ifadesinin arttığı gözlenmiştir. Isı-şoku faktörleri (HSF), bitkilerde ısı-şoku proteinlerinin (HSP) strese bağımlı ve gelişim dönemlerine bağımlı anlatımlarında merkezi bir role sahiptir. Ekmeklik buğdayda *TaHsfA6f* transkripsiyon faktörünün aşırı ifadesi sonucu sıcaklık stresine karşı koruyucu etkiye sahip HSF hedef genlerinin, Golgi anti-apoptik protein (GAAP) ve Rubisco aktivaz ifade seviyesinin arttığı, fotosistem II'nin onarılması veya korunması için kloroplast ısı-şok proteinlerinin fonksiyon gördüğü bildirilmiştir (Xue vd. 2015). Çalışmamızda Rubisco katalitik metabolizmasında yer alan, Rubisco aktivaz ifadesi kontrol grubuna göre yüksek sıcaklık stres uygulamasına bağlı artış göstermiş ve ısı-şok faktörleri ile ilişkili transkript yüksek sıcaklık ve kuraklık+yüksek sıcaklık stres grubunda kök, yaprak ve tane örneğinde tespit edilmiştir.

miRNA'lar bitkilerde gen ifadesinin önemli genetik düzenleyicileri olarak tanımlanmaktadır. Bugüne kadar yapılan çalışmalar; bitki miRNA'larının doku farklılaşmasının ve gelişiminin kontrolünde, sinyal iletiminde, abiyotik ve biyotik stres gibi çevresel etmenlere verilen cevaplarda rol oynadığını ortaya koymuştur (Khraiwesh vd. 2012, Luo vd. 2013). miR393 NaCl, soğuk, kuraklık ve ABA uygulamasıyla yüksek oranda ifade olurken; miR397b ve miR402 tüm stres uygulamalarında hafif şekilde ifade olmuş, miR319c ise soğuk stresıyla aşırı ifade olmuş, ancak kuraklık ve NaCl streslerinde bu duruma rastlanmamıştır (Yang vd. 2007). Buğday bitkisinde miR156, miR165/166, miR168 ve miR393'ün kuraklık ve sıcaklık stres yanıtında ifade edildiği; stres faktörüne bağlı olarak miR164 ve miR167'nin oksin sinyalizasyonunda görev aldığı, miR164'ün NAC proteinini hedeflerken, miR167'nin ARF proteinlerini hedef aldığı bildirilmiştir (Gupta vd. 2012, Eldem vd. 2013). Bu tez çalışmasında RNA-dizileme sonrası belirlenen miRNA'ların korunmamış miRNA grubundan olduğu ve kütüphaneler arasında farklılıkların az olduğu tespit edilmiştir. gma-miR4995, gma-miR5368, peu-miR2916 ve osa-miR6236'nın her üç stres uygulaması sonrasında kök, yaprak ve tane kütüphanelerinde ortak olduğu gözlenmiştir. Song vd. (2011) bu miRNA'lar ile ilgili olarak, gelişimsel ve hücresel süreçlerde, biyotik ve abiyotik stres yanıtında rolleri olduğunu bildirmişlerdir. Ekmeklik buğday (*Triticum aestivum* L.) bitkisinde kuraklığa toleranslı ve hassas genotiplerde, kuraklık stresi ile ilişkili miRNA'ların tanımlanması amacıyla yapılan çalışmada, yaprak dokusunda stres cevabına ait çeşitli miRNA'lar tanımlanmış olup, bunlardan gma-miR5368'in ifadesinin toleranslı genotipte (+1.89 kat) arttığı bildirilmiştir (Ma vd. 2015). Mısır (*Zea mays* L.) bitkisinde kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda miRNA ve hedef genlerinin ekspresyon profilinin açıklanması amacıyla yapılan mikroyarray analizi sonucunda, peu-miR2916 ifadesinin toleranslı çeşitte, hassas çeşite göre daha fazla arttığı belirtilmiştir (Wang vd. 2014). hbr-miR6173 ifadesinin yaprak ve tane örneklerinde yüksek sıcaklık stresi ile ilişkili olarak arttığı tespit edilmiştir. Liu vd. (2015), *Saccharina japonica* bitkisinde derinlemesine dizileme teknolojisini kullanarak yüksek sıcaklık stres yanıtında görevli korunmuş ve yeni miRNA'ların tanımlanması için yaptıkları çalışmada; 49 bilinen, 75 yeni miRNA tanımlamışlardır. Bunlar içerisinde miR6173 ifadesinin stres sonucunda, kontrol grubuna göre uygulama grubunda 1,4 kat arttığını bildirmişlerdir. Belirlenen miRNA'ların hedef gen analizleri yapılmış, kuraklık ve

yüksek sıcaklık toleransında önemli genler olduğu belirlenmiştir. rgl-miR5141'in hedef geni klorofil biyosentezi ve karbonhidrat metabolizmasında önemli rol oynayan *ATP sentaz* olup (Das 2003), sadece kuraklık stresi ile ilişkili olarak kök ve yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusunda ifadesi artmıştır. Yüksek sıcaklık stresi sonucu tanede tespit edilen hvu-miR6200, kuraklık stresi sonucu kök dokusunda tespit edilen tae-miR1119 hedef geni glutatyon-S-transferaz; kuraklık, yüksek sıcaklık stresi sonucu oluşan oksidatif etki hasarına karşı enzimatik antioksidan savunma sağlamaktadır (Rizhsky vd. 2002). Hedef geni ubiquitin proteini olarak belirlenmiş osa-miR5538 ifadesi, sadece yüksek sıcaklık+kuraklık stres grubunun kök dokusunda belirlenmiştir. Oksin sinyal iletimi 'ubiquitin proteozom yolu' tarafından yönetilir ve osa-miR5538 ifadesi strese bağlı sinyal iletimi nedeniyle kökte artmıştır (Dharmasiri ve Estelle 2004). Budak vd. tarafından (2014) yeni nesil dizileme teknolojisi kullanılarak, ekmeklik buğday miRNA'larının stres ve gelişimsel süreçteki rollerine ilişkin yapılan çalışmada, miR5523'ün kuraklık stres yanıtında ifade değişimi gösterdiğini bildirmişlerdir. Çalışmamızda hedef geni sitokrom c redüktaz olan osa-miR5523 ifadesi ise, sadece yaprak dokusunda kuraklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stres sonucu oksidatif fosforilasyon aktivitesine bağlı olarak artmıştır. Ayrıca yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusunda ifadesinin arttığı tespit edilen tae-miR9773 ile ilişkili yapılmış çalışma bulunmamakla birlikte, oksidoredüktaz hedef geni ile stres yanıtında görevli olabileceği düşünülmektedir.

Transpozonlar, genoma önemli oranda dinamizm sağlayan hareketli elementlerdir ve genomun büyük kısmını oluştururlar. Kromozomlarda yeni yerleştikleri yerlerdeki genlerin anlatımlarında önemli değişikliklere neden olurlar. Bununla birlikte replikasyonla çoğalan DNA transpozonları ve retrotranspozonlar genom büyümesine sebep olur ve insersiyon, inversiyon, delesyon, duplikasyon gibi olayları teşvik ederek mutasyonlara ve böylece yeni alellerin oluşumlarına sebep olurlar. Bu yeni oluşumlar, evrimsel süreçte yeni türlerin oluşumunda etkili bir mekanizma olması bakımından büyük önem taşımaktadır (Laudencia-Chingcuanco ve Fowler 2012, Guan vd. 2015). Stres faktörlerine maruz kalan bitkiler; stres ile ilişkili çok çeşitli proteinler, transkripsiyon faktörleri, metabolitler ve epigenetik regülasyonlar ile stres yanıtında bulunabilir (Cushman ve Bohnert 2000, Vinocur ve Altman 2005, Chinnusamy ve Zhu

2009). Epigenetik mekanizmalar, bazı koşullar altında sessiz transpozonları aktive etmektedir. Retrotranspozonlar gelişim sürecinde sessiz olup, hem biyotik, hem de abiyotik stres koşullarında etkin hale geçmektedir. Epigenetik olarak aktive edilen LTR retrotranspozonlar, bulundukları yerdeki komşu genlerin de gen anlatımını epigenetik yollarla etkilediklerinden, LTR retrotranspozonların bitki gelişim ve evriminde önemli rol oynadıkları düşünülmektedir (Mansour 2007). Çalışmamızda LTR retrotranspozonları ve TIR dizilerini içeren DNA transpozonları ile homoloji gösteren bir sonuç elde edilmiştir ve özellikle stres toleransında LTR retrotranspozonlarından, Ty1/Copia ve Ty3/Gypsy sayısının yüksek olduğu belirlenmiştir. Kütüphaneler kendi içerisinde kıyaslandığında, tespit edilen transpozon element sayısı bakımından en yüksek değerlerin kuraklık tane, yüksek sıcaklık yaprak ve tane kütüphanelerinde yer aldığı gözlenmiştir. Alzohairy vd. (2012) tarafından yapılan çalışma sonucunda, retrotranspozon elementlerinin; salisilik asit (SA), absisik asit (ABA), hidrojen peroksit (H_2O_2) gibi ajanlara ait stres sinyal molekülleri tarafından tekrar aktif hale getirilebildiği bildirilmiştir. Bununla birlikte retrotranspozonlar, bitkilerde sıcaklık stres koşullarına toleransta görev almaktadır ve Ty1/Copia benzeri bir retrotranspozon olan ONSEN'in, *Brassicaceae* familyasında ve *Arabidopsis*'te yüksek sıcaklık stresıyla aktive olduğu bulunmuştur (Ito vd. 2013, Matsunaga vd. 2015). Ayrıca ekmeklik buğdayda dört farklı genotipte çiçeklenme döneminde düşük sıcaklık uygulamasına bağlı olarak transpozon elementlerin ifade profiline ilişkin yapılan çalışmada, retrotranspozonların Ty1/Copia ve Ty3/Gypsy, DNA transpozonlarının ise CACTA ile Mariner ile temsil edildiği bildirilmiştir (Laudencia-Chingcuanco ve Fowler 2012). Yapılan çalışmalar ile uyumlu olarak kuraklık ve yüksek sıcaklık stres koşullarına tolerans mekanizmasında LTR retrotranspozonlarının (Ty1/Copia ve Ty3/Gypsy) ve DNA transpozonlarının (CACTA ile Mariner) genlerin yapısını, fonksiyonunu değiştirerek transkriptom profili üzerinde önemli bir etkisinin olduğu anlaşılmıştır.

Transkriptom analizi sonucunda; kök, yaprak ve tane örneklerinde kuraklık ve yüksek sıcaklık stres tolerans mekanizmasında elde edilen transkriptlerin işlevlerine ve biyolojik görevlerine ilişkin bilgi edinilmesi oldukça önemlidir. Kök, yaprak ve tane örnekleri bakımından bütüncül bir sonuç olarak, bitkinin kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine karşı oluşturduğu yanıtta; özellikle plastidlerin, mitokondri ve hücre zarının;

iyon bağlayıcı, oksidoredüktaz ve nükleaz aktivitesinin; metabolik işlev, biyosentez işlevi, enerji metabolizması ve stres cevabının ön plana çıktığı görülmektedir. Kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucunda kök dokusu hücresel bileşen bakımından incelendiğinde plastid ile ilişkili transkript sayısının fazla olduğu görülmüştür. Stres faktörlerine bağlı olarak, köklerde özellikle kuraklık stresi sonucu abisik asit sentezinin büyük bir kısmının plastidlerde gerçekleştiği bilinmektedir (Gray vd. 2012). Mitokondri organelinde, elektron taşıma zinciri karbon metabolizması ile yakın ilişkilidir ve artan stres koşullarında karbon metabolizması ile enerji dengesinin değiştiği bilinmekte, enerji akışındaki dengesizlik reaktif oksijen türlerinin üretiminde artışa ve dolayısıyla oksidatif strese neden olmaktadır (Anjum vd. 2011, Suzuki vd. 2012). Kök dokusunda yüksek sıcaklık ve kuraklık stresinin birlikte uygulanması sonucu, stres tolerans mekanizmasına bağlı olarak antioksidan aktivite ve mitokondri ile ilişkili transkript sayısının arttığı gözlenmiştir. Yüksek sıcaklık stresi moleküllerinin zarıdan geçişini hızlandırmakta, böylece zardaki moleküllerin kimyasal bağlarını gevşetmektedir ve hücre zarında zarara yol açmaktadır. Kök dokusunda yüksek sıcaklık stresi ile ilişkili transkript ifadesinin oldukça yüksek olduğu gözlenmiştir. Ayrıca yüksek sıcaklığa bağlı olarak zardaki proteinlerin denatürasyonu ve doymamış yağ asitlerinin artması sebebiyle, zarların çift katmanlı lipid yapısının daha akışkan olmasına neden olmaktadır (Savchenko vd. 2002). Strese bağlı olarak meydana gelen değişimler hücre zarı reseptörleri tarafından algılanarak sinyal iletimi sağlanmaktadır ve yüksek sıcaklık stresi sonucu kök, yaprak ve tane örneklerinin üçünde de hücre zarı ile ilişkili transkript sayısı fazladır. Liu vd. (2015), ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum* L.) kuraklık stresine maruz bırakılan bitkilerin yapraklarından izole edilen kloroplastlarda, fotosentetik elektron transportu ve fotofosforilasyon kapasitelerinin azaldığını, yüksek sıcaklık stresinin ise fotosentezin ışık reaksiyonlarının gerçekleştiği tilakoid zarlarda hassasiyeti arttırarak fotosistem I ve II’de olumsuz etkiler yarattığı bildirilmiştir. Yaprak dokusunda kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucu fotosentez etkinliğinin azaldığı, dolayısıyla elektron taşınımı ile ilişkili genlerin etkilendiğinin göstergesi olarak kloroplast ile ilişkili transkript sayısının fazla olduğu belirlenmiştir. Tanede ise stres yanıtında hücresel bileşen olarak endoplazmik retikulum ve vakuol dikkat çekmektedir. Karbonhidrat ve lipid metabolizmasında önemli rol oynayan endoplazmik retikulumun, hücre içi kalsiyum dengesinin ayarlanması ve homeostazinin düzenlenmesinde önemli

rol oynadığı bildirilmiştir (Ron ve Walter 2007). Sanders vd. (1999) sinyal molekülleri tarafından sitoplazmada Ca^{+2} artışının teşvik edildiğini ve bu moleküller tarafından vakuol ve veziküllerden serbest bırakıldığını, sitoplazmik Ca^{+2} artışının da kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi ile ilişkili genleri indüklediğini bildirmişlerdir.

Moleküler fonksiyon bakımından değerlendirilen stres uygulama kütüphanelerinde iyon bağlayıcı aktivitesi ön plana çıkmıştır. Kök dokusunda yüksek sıcaklık stresi sonucu kalsiyum, magnezyum ve çinko iyon bağlayıcı aktivitesi ile ilişkili transkript sayısı yüksek çıkmıştır. Kalsiyum iyonunun, kök dokusunda hücreler arası sinyal iletiminde rol oynadığı ve mitokondri, çekirdek, sitoplazma gibi organellerin zarlarında da kalsiyum sinyalini oluşturup algılayacak reseptörlerin var olduğu bildirilmiştir (Mahajan ve Tuteja 2005). Yüksek sıcaklık stresi sonucu bitki türüne ve metal tipine bağlı olarak, magnezyum ve çinko metal iyonlarının kökler tarafından simplast veya apoplast yoluyla alındığı, stres toleransında görevli antioksidan enzimlerin yapısına katıldığı bildirilmiştir (Raskin vd. 1997). Yaprak dokusunda demir iyonunun fotosentez ve solunum zincirlerinde kilit rol oynadığı ve hücrel homeostaziye sağladığı belirlenmiştir (Puniran-Hartley vd. 2014). Çalışmamızda yaprak dokusundaki iyon bağlayıcı transkriptlerin yoğunluğunun daha çok fotosistem II CP43 apoprotein, fotosistem II p680 gibi fotosentez ile ilgili genlerden oluşması, bu dokuda tespit edilen demir, çinko gibi metal iyon bağlayıcı genlerin yoğunluğunu açıklayabilir. Biyolojik membranların ve iyon kanallarının stabilitesini ve bütünlüğünü koruyan çinko iyonunun ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum* L.) karbonhidrat ve protein metabolizmasında etkin rol oynadığı bildirilmiş olup (Bharti vd. 2014), çalışmamızda yüksek sıcaklık stresi uygulanmış tane örneğinde çinko bağlayıcı aktivitesi ile ilişkili olarak aktif bölgesinde çinko iyonu içeren karbonik dehidraz transkriptleri tespit edilmiştir. Abiyotik stres cevabında rol oynayan genlerin ve sinyal iletiminin regülasyonunu sağlayan protein kinaz aktivitesi osmolit sentezinde artışa neden olmaktadır (Bartels ve Sunkar 2005). Tane örneğinde kuraklık ve yüksek sıcaklık stresinin birlikte uygulanması sonucu, protein kinaz aktivitesi ile ilişkili LEA/dehidrin tip stres genlerinin tespit edilmesi, osmolit birikimi ile tamir mekanizmasının oluşturulduğunu ve hücreyi stres hasarından koruyarak osmotik dengenin yeniden düzenlendiğini göstermektedir. Kök dokusunda kuraklık ve yüksek sıcaklık stresinin kalsiyum bağımlı protein kinaz

aktivitesini arttırdığı, yani kalsiyum sinyal transkriptlerini etkilediği görülmüştür. Kök bölgesinde strese bağlı olarak sinyal iletimi sağlayan kalsiyum miktarında artış olmakta, kalsiyum bağımlı protein kinazın (CDPK) düzenleyici bölgesine bağlanarak aktifleşmelerini sağlamakta, böylece su kaybının en az düzeye indirilmesi ve protein, zar sistemlerinin kararlılığının devamlılığı sağlanmaktadır (Xiong vd. 2002). Yaprak dokusunda ise kinaz aktivitesi ile ilişkili olarak serin/treonin protein kinaz transkripti ön plana çıkmıştır. Perrone vd. (2012) asma (*Vitis vinifera* L.) bitkisi yaprak sapında stres sonrasında metabolik değişimin belirlenmesi amacıyla yaptıkları transkriptom analizine göre, absisik asit konsantrasyonunun önemli derecede arttığını, paralel olarak absisik asit metabolizması ile bağlantılı ABA-8-hidroksilaz, serin/treonin protein kinaz transkriptlerinin ifadesinin arttığını bildirmişlerdir. Yaprak dokusunda kuraklık stresi sonucu net karbon özümlemesini azaltan önemli bir biyokimyasal olay da fotorespirasyondur. Stomaların kapanması Rubisco aktivitesini azaltırken, buna bağlı olarak da CO₂ alınması azalmakta ve fotosentez oranı düşmekte, fotorespirasyon hızlanmaktadır. Hücre içi CO₂ seviyesindeki azalma elektron taşıma sistemindeki bileşiklerin aşırı azalmasıyla sonuçlanır (Medrano vd. 2002). Çalışmamızda fotosentez aktivitesinin azalması sonucu alternatif fotorespirasyon yolunu tercih eden C3 bitkilerinden olan ekmeklik buğday bitkisi yaprak dokusunda, kuraklık ve yüksek sıcaklık stresi sonucunda; ribuloz 1,5-bifosfat karboksilaz ifadesi azalmış, fotosentez oranı düşmüştür ve fotorespirasyon ile ilişkili transkriptlerin ifade seviyesi artmıştır.

Streslere cevap olarak, selüloz, hemiselüloz, pektin, yapısal proteinler ve lignin polimerlerini kapsayan hücre çeperindeki kompleks makromoleküller, farklı hücre çeperi enzimlerinin koordinasyonu aracılığı ile dinamik değişiklikleri sağlar (Lipman vd. 2010). Mevcut proteomik çalışmalar ile köklerde hücre çeperi polisakkarit sentezi/hidrolizi ve lignin biyosentezini kapsayan kuraklık ve sıcaklık stresi cevap enzimleri tanımlanmıştır (Du vd. 2010, Manaa vd. 2011). Çalışmamızda kuraklık stresi sonucu, kök dokusunda lignin ve selüloz biyosentez aktivitesi ile ilişkili O-metiltransferaz transkript seviyesi daha fazla artış göstermiş olup, selüloz ve lignin biyosentezini sağladığı ve artan lignifikasyonun apoplastik yol aracılığı ile köklere girişine ve su akışını sağlamada yardımcı olduğu düşünülmektedir (Yeo vd. 1999). Kuraklık ve yüksek sıcaklık stresinin ayrı ayrı uygulanması sonucu kök dokusunda

ABC (ATP-Binding Cassette) taşıyıcı proteini ile ilişkili transkriptlerin sayısı artmıştır. ABC taşıyıcı protein genlerinin, membrana-bağlanan proteinleri kodladığı ve sentezlenen bu proteinlerin çok geniş aralıktaki moleküllerin hücre zarından geçirilerek taşınmasını sağladığı bilinmektedir. ABC taşıyıcı proteinleri; hormonların, lipidlerin, metal iyonlarının, sekonder metabolitlerin ve iyon kanallarının değişikliklere uyum sağlamasına katkıda bulunmaktadır (Verrier vd. 2008). Ayrıca Santelia vd. (2005) *Arabidopsis* bitkisinde *AtABC4* taşıyıcısının kökte lokalize olarak, stres yanıtının oksin hormonunu vasıtasıyla sağlandığını bildirmişlerdir. Yaprak dokusunda hücresel yapılanma işlevine ait aktin filamentleri ve mikrotübül ile ilişkili transkriptler tespit edilmiştir. Kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine bağlı olarak hücre iskeletinin, hücre turgorunun sürdürülmesi ve hücre boyutunun ayarlanmasını sağlamak için yeniden yapılandırıldığı bildirilmiştir (Li vd. 2011). Proteomik çalışmalar ile kuraklık stres faktörünün hücre iskeletinin temel bileşenleri, özellikle aktin filamentlerinin düzenlenmesi ve mikrotübüller ile diğer proteinler üzerindeki etkisinin belirlenmesi sağlanmıştır (Jiang vd. 2007, Wang vd. 2009, Zörb vd. 2010). Post-transkripsiyonel düzenleme ile birlikte protein modifikasyonu ile ilişkili transkript sayısı, yaprak dokusu ve tanede kuraklık ve yüksek sıcaklık stresinin birlikte uygulanması sonucu artmıştır. Protein sentezi; abiyotik stres adaptasyonunda önemli bir rol oynamaktadır. Farklı ribozomal proteinler, translasyon başlama faktörleri, poli(A)-bağlama proteinleri, translasyon uzama faktörleri, translasyonel olarak kontrol edilen tümör proteinleri, RNA tanıma motifi içeren proteinler ve tRNA sentezlerini içeren protein sentez mekanizmasının birçok bileşeninin, stres koşullarında ifade seviyesinde değişiklikler olduğu bildirilmiştir (Ashraf ve Harris 2013). Tane örneklerinde kuraklık ve yüksek sıcaklık stresini sonucu osmotik koruyucuların biyosentez işlevi ile ilişkili transkriptler tespit edilmiştir. Prolin, betainler, mannitol ve sorbitol tane için önemli osmotik koruyucular olarak belirlenmiş olup; subselüler yapıların korunması, serbest radikallerin uzaklaştırılması, kompleks protein ve enzimlerin dördüncül yapılarının ve membranların korunmasında etkili oldukları bildirilmiştir (Balibrea vd. 1997, Wang vd. 2000, Mani vd. 2002).

Sonuç olarak; bu tez çalışmasında ekmeklik buğday çeşitlerinden kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine toleranslı olduğu bilinen Zubkov çeşitinde, kuraklık, yüksek sıcaklık,

yüksek sıcaklık+kuraklık stresinin birlikte uygulanmasından sonra kök, yaprak dokusu ve tane örneklerine ait transkriptom profili Roche 454 GS FLX+ teknolojisi kullanılarak incelenmiştir. Stres koşullarına bağlı olarak hücresel, fizyolojik ve moleküler regülasyonlar ile bitkide stres faktörlerine karşı dirençlilik mekanizmasının var olduğu belirlenmiştir. Transkriptom analizi sonucunda belirlenen transkriptlerin; osmotik ve iyonik dengenin sağlanması, sinyal algılanması ve iletimi, yapısal ve işlevsel proteinlerin modifikasyonu, hücre zarının yapısı ve kararlılığının sağlanması, enerji ve karbonhidrat metabolizması ile ilişkili olduğu, ifade seviyesinin de doku veya uygulanan kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine göre değişiklik gösterdiği ortaya konulmuştur. Ayrıca kuraklık ve yüksek sıcaklık stresine karşı tolerans mekanizmasında kök, yaprak ve tane örneklerine özgü birçok transkripsiyon faktörü, miRNA ve transpozon element tespit edilmiştir. Elde edilen bu bilgilerin metabolik veriler ve hassas çeşitlere ait transkriptom profili ile birlikte değerlendirilmesi, abiyotik stres toleransına ait moleküler mekanizmanın belirlenmesi, ilgili genler ve moleküler markörlerin tanımlanması ile ileri bitki ıslah çalışmalarında bu markörlerin kullanılabilir olması bakımından önemli katkılar sağlayacağı düşünülmektedir.

KAYNAKLAR

- Allen, R.S., Li, J., Stahle, M.I., Dubroué, A., Gubler, F. and Millar, A.A. 2007. Genetic analysis reveals functional redundancy and the major target genes of the *Arabidopsis* miR159 family. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 104(41); 16371-16376.
- Alonso-Peral, M.M., Sun, C. and Millar, A.A. 2012. MicroRNA159 can act as a switch or tuning microRNA independently of its abundance in *Arabidopsis*. *PLoS ONE*, 7(4); e34751.
- Alzohairy, A.M., Yousef, M.A., Edris, S., Kerti, B., Gyulai, G. and Bahieldin, A. 2012. Detection of LTR Retrotransposons Reactivation induced by in vitro Environmental Stresses in Barley (*Hordeum vulgare*) via RT-qPCR. *Life Sci J*, 9(4); 5019-5026.
- Ambros, V. 2003. MicroRNA pathways in flies and worms: growth, death, fat, stress, and timing. *Cell*, 113(6); 673-6.
- Anjum, S.A., Xie, X., Wang, L., Saleem, M., Man, C. and Lei, W. 2011. Morphological, physiological and biochemical responses of plants to drought stress. *African Journal Agricultural Research*, 6(9); 2026-2032.
- Anonim. 2012. Web Sitesi: www.e-cografya.org.tr, Erişim Tarihi: 11/10/2015.
- Anonim. 2014a. Web Sitesi: www.tuik.gov.tr, Erişim Tarihi: 01/08/2015.
- Anonymous. 2014b. Web Sitesi: <http://plants.ensembl.org>, Erişim Tarihi: 29/08/2015.
- Anonymous. 2015a. Web Sitesi: <http://www.fao.org>, Erişim Tarihi: 01/08/2015.
- Anonymous. 2015b. Web Sitesi: <http://www.454.com>, Erişim Tarihi: 15/10/2015.
- Aprile, A., Mastrangelo, A.M., Leonardis, A.M., Galiba, G., Roncaglia, E., Ferrari, F., De Bellis, L., Turchi, L., Giuliano, G. and Cattivelli, L. 2009. Transcriptional profiling in response to terminal drought stress reveals differential responses along the wheat genome. *BMC Genomics*, 10(1); 1-18.
- Arumuganathan, K. and Earle, E.D. 1991. Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant Molecular Biology Reporter*, 9, 208-218.
- Ashraf, M. and Harris, P.J.C. 2013. Photosynthesis under stressful environments: An overview. *Photosynthetica*, 51(2); 163-190.
- Awasthi, R., Kaushal, N., Vadez, V., Turner, N.C., Berger, J., Siddique, K.H.M. and Nayyar, H. 2014. Individual and combined effects of transient drought and heat stress on carbon assimilation and seed filling in chickpea. *Functional Plant Biology*, 41(11); 1148-1167.

- Balibrea, M.E., Rus-Alvarez, A.M., Bolarín, M.C. and Pérez-Alfocea, F. 1997. Fast changes in soluble carbohydrates and proline contents in tomato seedlings in response to ionic and non-ionic iso-osmotic stresses. *Journal of Plant Physiology*, 151, 221-226.
- Baloglu, M.C., Eldem, V., Hajyzadeh, M. and Unver, T. 2014. Genome-Wide Analysis of the bZIP Transcription Factors in Cucumber. *PLoS ONE*, 9(4); e96014.
- Barbazuk, W.B., Emrich, S.J., Chen, H.D., Li, L. and Schnable, P.S. 2007. SNP discovery via 454 transcriptome sequencing. *Plant Journal*, 51, 910-918.
- Barnabas, B., Jager, K. and Feher, A. 2008. The effect of drought and heat stress on reproductive processes in cereals. *Plant Cell Environment*, 31,11-38.
- Bartels, D. and Sunkar, R. 2005. Drought and salt tolerance in plants. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 24, 23-58.
- Baxter, A., Mittler, R. and Suzuki, N. 2014. ROS as key players in plant stress signalling. *Journal of Experimental Botany*, 65(5); 1229-1240.
- Beck, H.E., Fettig, S., Knake, C., Hartig, K. and Bhattarai, T. 2007. Specific and unspecific responses of plants to cold and drought stress. *J Biosc*, 32(3); 501-510.
- Bedada, G., Westerbergh, A., Müller, T., Galkin, E., Bdolach, E., Moshelion, M., Fridman, E. and Schmid, K.J. 2014. Transcriptome sequencing of two wild barley (*Hordeum spontaneum* L.) ecotypes differentially adapted to drought stress reveals ecotype-specific transcripts. *BMC Genomics*, 15, 995.
- Benjamin, A.M., Nichols, M., Burke, T.W., Ginsburg, G.S. and Lucas, J.E. 2014. Comparing reference-based RNA-Seq mapping methods for non-human primate data. *BMC Genomics*, 15(1); 570-584.
- Bennetzen, J.L. 2000. Transposable element contributions to plant gene and genome evolution. *Plant Molecular Biology*, 42(1); 251-69.
- Bhardwaj, A.R., Joshi, G., Kukreja, B., Malik, V., Arora, P., Pandey, R., Shukla, R.N., Bankar, K.G., Katiyar-Agarwal, S., Goel, S., Jagannath, A., Kumar, A. and Agarwal, A. 2015. Global insights into high temperature and drought stress regulated genes by RNA-Seq in economically important oilseed crop *Brassica juncea*. *BMC Plant Biology*, 15, 9.
- Bharti, K., Pandey, N., Shankhdhar, D., Srivastava, P.C. and Shankhdhar, S.C. 2014. Effect of exogenous zinc supply on photosynthetic rate, chlorophyll content and some growth parameters in different wheat genotypes. *Cereal Research Communicaitons*, 42(4); 589-600.

- Blum, A. and Jordan, W.R. 1985. Breeding crop varieties for stress environments. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 2(3), 199-237.
- Bolle, C. 2004. The role of GRAS proteins in plant signal transduction and development. *Planta*, 218(5); 683-92.
- Bota, J., Medrano, H. and Flexas, J. 2004. Is photosynthesis limited by decreased Rubisco activity and RuBP content under progressive water stress? *New Phytologist*, 162(3); 671-681.
- Brenchley, R., Spannagl, M., Pfeifer, M., Barker, G.L.A., D'Amore, R., Allen, A.M., McKenzie, N., Kramer, M., Kerhornou, A., Bolser, D., Kay, S., Waite, D., Trick, M., Bancroft, I., Gu, Y., Huo, N., Luo, M.C., Sehgal, S., Gill, B., Kianian, S., Anderson, O., Kersey, P., Dvorak, J., McCombie, W.R., Hall, A., Mayer, K.F.X., Edwards, K.J., Bevan, M.W. and Hall, N. 2012. Analysis of the bread wheat genome using whole-genome shotgun sequencing. *Nature*, 491, 705-710.
- Breusegem, F.V., Vranová, E., Dat, J.F. and Inzé, D. 2001. The Role of Active Oxygen Species in Plant Signal Transduction. *Plant Science*, 161, 405-414.
- Budak, H., Khan, Z. and Kantar, M. 2014. History and current status of wheat miRNAs using next-generation sequencing and their roles in development and stress. *Briefings in Functional Genomics*, 14(3); 189-198.
- Bundock, P.C., Elliott, F.G., Ablett, G., Benson, A.D., Casu, R.E. and Aitken, K.S. 2009. Targeted single nucleotide polymorphism (SNP) discovery in a highly polyploid plant species using 454 sequencing. *Plant Biotechnology Journal*, 7, 347-354.
- Chaidee, A. and Pfeiffer, W. 2006. Parameters for cellular viability and membrane function in chenopodium cells show a specific response of extracellular pH to heat shock with extreme Q10. *Plant Biology*, 8(1); 42-51.
- Chantret, N., Salse, J., Sabot, F., Rahman, S., Bellec, A., Laubin, B., Dubois, I., Dossat, C., Sourdille, P. and Joudrier, P. 2005. Molecular basis of evolutionary events that shaped the hardness locus in diploid and polyploid wheat species (*Triticum* and *Aegilops*). *The Plant Cell Online*, 17, 1033-1045.
- Chauhan, H., Khurana, N., Tyagi, A.K., Khurana, J.P. and Khurana, P. 2011. Identification and characterization of high temperature stress responsive genes in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and their regulation at various stages of development. *Plant Molecular Biology*, 75, 35-51.
- Chauhan, H., Khurana, N., Nijhavan, A., Khurana, J.P. and Khurana, P. 2012. The wheat chloroplastic small heat shock protein (sHSP26) is involved in seed maturation and germination and imparts tolerance to heat stress. *Plant, Cell and Environment*, 35, 1912-1931.

- Chen, L., Song, Y., Li, S., Zhang, L., Zou, C. and Yu, D. 2012. The role of WRKY transcription factors in plant abiotic stresses. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1819, 120-128.
- Cheung, F., Haas, B.J., Goldberg, S.M.D., May, G.D., Xiao, Y. and Town, C.D. 2006. Sequencing *Medicago truncatula* expressed sequenced tags using 454 Life Sciences technology. *BMC Genomics*, 7, 272.
- Chinnusamy, V., Schumaker, K. and Zhu, J.K. 2004. Molecular genetic perspectives on cross-talk and specificity in abiotic stress signalling in plants. *Journal of Experimental Botany*, 55(395); 225-236.
- Chinnusamy, V. and Zhu, J.K. 2009. Epigenetic regulation of stress responses in plants. *Curr Opin Plant Biol*, 12, 1-7.
- Chunhua, Y., Dayong, L., Xue, L., Chengjun, J., Lili, H., Xianfeng, Z., Li, X., Chen, C., Cheng, Z. and Zhu, L. 2014. OsMYB103L, an R2R3-MYB transcription factor, influence leaf rolling and mechanical strength in rice (*Oryza sativa* L.). *BMC Plant Biology*, 14, 158.
- Cloonan, N., Forrest, A.R. and Kolle, G. 2008. Stem cell transcriptome profiling via massive-scale mRNA sequencing. *Nature Methods*, 5(7); 613-9.
- Close, T.J. 1997. Dehydrins: a commonality in the response of plants to dehydration and low temperature. *Physiol Plant*, 100, 291-296.
- Colebrook, E.H., Thomas, S.G., Phillips, A.L. and Hedden, P. 2014. The role of gibberellin signalling in plant responses to abiotic stress. *Journal of Experimental Biology*, 217, 67-75.
- Conesa, A. and Götz, S. 2008. Blast2GO: A Comprehensive Suite for Functional Analysis in Plant Genomics. *International Journal of Plant Genomics*, 2008(2008); 12.
- Conley, T.R., Sharp, R.E. and Walker, J.C. 1997. Water deficit rapidly stimulates the activity of a protein kinase in the elongation zone of the maize primary root. *Plant Physiol*, 113, 219-226.
- Cramer, G., Ergül, A., Grimplet, J., Tillett, R., Tattersall, E., Bohlman, M., Vincent, D., Sonderegger, J., Evans, J., Osborne, C., Quilici, D., Schlauch, K.A., Schooley D.A. and Cushman J.C. 2007. Water and salinity stress in grapevines: early and late changes in transcript and metabolite profiles. *Functional and Integrative Genomics*, 7(2); 111-134.
- Cushman, J.C. and Bohnert, H.J. 2000. Genomic approaches to plant stress tolerance. *Curr Opin Plant Biol*, 3, 117-124.

- Çölkesen, M. 1995. Harran ovasında buğday tarımı ve sorunları üzerine yapılan araştırma ve gözlemler. Harran Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi, 1, 117-131.
- Daron, J., Glover, N., Pingault, L., Theil, S., Jamilloux, V., Paux, E., Barbe, V., Mangenot, S., Alberti, A., Wincker, P., Quesneville, H., Feuillet, C. and Choulet, F. 2014. Organization and evolution of transposable elements along the bread wheat chromosome 3B. *Genome Biology*, 15, 546.
- Das, A.M. 2003. Regulation of the Mitochondrial ATP-Synthase in Health and Disease. *Molecular Genetics and Metabolism*, 79, 71-82.
- Das, R. and Pandey, G.K. 2010. Expressional Analysis and Role of Calcium Regulated Kinases in Abiotic Stress Signaling. *Current Genomics*, 11, 2-13.
- Davey, J.W., Hohenlohe, P.A., Etter, P.D., Boone, J.Q., Catchen, J.M. and Blaxter, M.L. 2011. Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. *Nature Reviews*, 12, 499-510.
- Dharmasiri, N. and Estelle, M. 2004. Auxin signaling and regulated protein degradation. *Trends in Plant Science*, 9(6); 302-308.
- Dohm, J.C., Minoche, A.E., Holtgrawe, D., Capella-Gutierrez, S., Zakrzewski, F., Tafer, H., Rupp, O., Sorensen, T.R., Stracke, R. and Reinhardt, R. 2014. The genome of the recently domesticated crop plant sugar beet (*Beta vulgaris* L.). *Nature*, 505, 546-549.
- Donaldson, L., Ludidi, N., Knight, M.R., Gehring, C. and Denby, K. 2004. Salt and osmotic stress cause rapid increases in *Arabidopsis thaliana* cGMP levels. *FEBS Letters*, 569, 317-320.
- Du, C.X., Fan, H.F., Guo, S.R., Tezuka, T. and Li, J. 2010. Proteomic Analysis of Cucumber Seedling Roots Subjected to Salt Stress. *Phytochemistry*, 71, 1450-1459.
- Duan, J., Xia, C., Zhao, G., Jia, J. and Kong, X. 2012. Optimizing de novo common wheat transcriptome assembly using short-read RNA-Seq data. *BMC Genomics*, 13, 392.
- Dwivedi, R.S., Breiman, A. and Herman, E.M. 2003. Differential distribution of the cognate and heat-stress-induced isoforms of high Mr cisterns prolyl peptidyl isomerase (FKBP) in the cytoplasm and nucleoplasm. *Journal Experimental Botany*, 54, 2679-2689.
- Eldem, V., Okay, S. and Unver, T. 2013. Plant microRNAs: New players in functional genomics. *Turkish J Agr and Forestry*, 37, 1-21.

- Ergen, N.Z., Thimmapuram, J., Bohnert, H.J. and Budak, H. 2009. Transcriptome pathways unique to dehydration tolerant relatives of modern wheat. *Functional&Integrative Genomics*, 9(3); 377-396.
- Farooq, M., Bramley, H., Palta, J.A. and Siddique, K.H.M. 2011. Heat Stress in Wheat during Reproductive and Grain-Filling Phases. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 30, 491-507.
- Feng, B., Liu, P., Li, G., Dong, S.T., Wang, F.H., Kong, A. and Zhang, J.W. 2014. Effect of Heat Stress on the Photosynthetic Characteristics in Flag Leaves at the Grain-Filling Stage of Different Heat-Resistant Winter Wheat Varieties. *Journal of Agronomy and Crop Science*, 200(2);143-155.
- Field, D., Tiwari, B., Booth, T., Houten, S., Swan, D., Bertrand, N., Thurston, M. 2006. Open software for biologists: from famine to feast. *Nature Biotechnology*, 24, 801-803.
- Finkelstein, R.R., Gampala Srinivas, S.L. and Rock, C.D. 2002. Absciscic Acid Signaling in Seeds and Seedlings, *The Plant Cell*, 14, 15-45.
- Flavell, R.B. and Smith, D.B. 1976. Nucleotide sequence organisation in the wheat genome. *Heredity : an International Journal of Genetics*, 37, 231-252.
- Frazier, T., Sun, G., Burklew, C. and Zhang, B. 2011. Salt and Drought Stresses Induce the Aberrant Expression of microRNA Genes in Tobacco. *Molecular Biotechnology*, 49(2); 159-65.
- Galla, G., Vogel, H., Sharbel, T.F. and Barcaccia, G. 2015. De novo sequencing of the *Hypericum perforatum* L. flower transcriptome to identify potential genes that are related to plant reproduction sensu lato. *BMC Genomics*, 16, 254.
- Garber, M., Grabherr, M.G., Guttman, M. and Trapnell, C. 2011. Computational methods for transcriptome annotation and quantification using RNA-seq. *Nature Methods*, 8, 469-477.
- Garcia-Mas, J. 2010. The Shotgun Sequence of the Melon Genome, a New Tool for Melon Breeding, *28th International Horticultural Congress*, Abstracts, August 22-27, Lisbon.
- Gazzarrini, S. and McCourt, P. 2001. Genetic interactions between ABA, ethylene and sugar signaling pathways. *Current Opinion Plant Biology*, 4, 387-391.
- Geisler M. and Bailly, A. 2007. Tete-a-tete: the function of FKBP in plant development. *Trends Plant Sci*, 12, 465-473.
- George, M.P. 2014. The Role of Hydrogen Peroxide in Controlling Plant Cell-Signaling and Gene-Expression Patterns Related to Stress and Defense Responses. *Student Pulse*, 6(06); 1-3.

- Georgieva, K. 1999. Some Mechanisms of Damage and Acclimation of the Photosynthetic Apparatus due to High Temperature. *Bulg J Plant Physiol*, 25, 89-99.
- Gilles, A., Megléc, E., Pech, N., Ferreira, S., Malausa, T. and Martin, J.F. 2011. Accuracy and quality assessment of 454 GS-FLX Titanium pyrosequencing. *BMC Genomics*, 12, 245.
- Goodwin, S., Gurtowski, J., Ethe-Sayers, S., Deshpande, P., Schatz, M. and McCombie, W.R. 2015. Oxford Nanopore sequencing and de novo assembly of a eukaryotic genome *BioRxiv*, doi:10.1101/013490.
- Grabherr, M.G., Haas, B.J., Yassour, M., Levin, J.Z., Thompson, D.A., Amit, I., Adiconis, X., Fan, L., Raychowdhury, R. and Zeng, Q. 2011. Full-length transcriptome assembly from RNA-Seq data without a reference genome. *Nature Biotechnology*, 29(7); 644-652.
- Gray, J.C., Hansen, M.R., Shaw, D.J., Graham, K., Dale, R., Smallman, P., Natesan, S.K.A. and Newell, C.A. 2012. Plastid stromules are induced by stress treatments acting through abscisic acid. *The Plant Journal*, 69, 387-398.
- Gregersen, P.L. and Holm, P.B. 2007. Transcriptome analysis of senescence in the flag leaf of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Biotechnology Journal*, 5, 192-206.
- Griffiths-Jones, S., Kaur Saini, H., Dongen, S. and Enright, A. 2008. miRBase: tools for microRNA genomics. *Nucleic Acids Research*, 36(1); 154-158.
- Guan, W., Ferry, N., Edwards, M.G., Bell, H.A., Othman, H., Gatehouse, J.A. and Gatehouse, A.M.R. 2015. Proteomic analysis shows that stress response proteins are significantly up-regulated in resistant diploid wheat (*Triticum monococcum*) in response to attack by the grain aphid (*Sitobion avenae*). *Mol Breeding*, 35, 57.
- Guo, S., Liu, J., Zheng, Y., Huang, M., Zhang, H., Gong, G., He, H., Ren, Y., Zhong, S., Fei, Z. and Xu, Y. 2011. Characterization of transcriptome dynamics during watermelon fruit development: sequencing, assembly, annotation and gene expression profiles. *BMC Genomics*, 12, 454.
- Gupta, O.P., Permar, V., Koundal, V., Singh, U.D. and Praveen, S. 2012. MicroRNA regulated defense responses in *Triticum aestivum* L. during *Puccinia graminis* f. sp. tritici infection. *Mol Biol Rep*, 39, 817-824.
- Haake, V., Cook, D., Riechmann, J.L., Pineda, O., Thomashow, M.F. and Zhang, J.Z. 2002. Transcription factor CBF4 is a regulator of drought adaptation in Arabidopsis. *Plant Physiology*, 130, 1-10.
- Haas, B.J. and Zody, M.C. 2010. Advancing RNA-Seq analysis. *Nature Biotechnology*, 28, 421-423.

- Hawkins, R.D., Hon, G.C. and Ren, B. 2010. Next-generation genomics: An integrative approach. *Nature Rev Genet*, 11, 476-486.
- He, L., Gao, Z. and Li, R. 2009. Pretreatment of seed with H₂O₂ enhances drought tolerance of wheat (*Triticum aestivum* L.) seedlings. *African Journal of Biotechnology*, 8 (22); 6151-6157.
- Hong, S.W., Lee, U. and Vierling, E. 2003. Arabidopsis *hot* Mutants Define Multiple Functions Required for Acclimation to High Temperatures. *Plant Physiology*, 132, 757-767.
- Huang, B. and Xu, C. 2008. Identification and characterization of proteins associated with plant tolerance to heat stress. *J Int Plant Biol*, 50, 1230-1237.
- Huang, Y., Niu, B., Gao, Y., Fu, L. and Li, W. 2010. CD-HIT Suite: a web server for clustering and comparing biological sequences. *Bioinformatics*, 26(5); 680-682.
- Hui, P. 2014. Next generation sequencing: chemistry, technology and applications, Chemical Diagnostics. In: Tang and Poon (ed.), Chapter 1, Springer, Berlin, Germany, ISBN: 978-3-642-39942-8, 1-18.
- Hübner, S., Korol, A.B. and Schmid, K.J. 2015. RNA-Seq analysis identifies genes associated with differential reproductive success under drought-stress in accessions of wild barley *Hordeum spontaneum*. *BMC Plant Biology*, 15, 134.
- Imelfort, M., Duran, C., Batley, J. and Edwards, D. 2009. Discovering genetic polymorphisms in next-generation sequencing data. *J Plant Biotechnol*, 7, 312-317.
- Ito, H., Yoshida, T., Tsukahara, S. and Kawabe, A. 2013. Evolution of the ONSEN retrotransposon family activated upon heat stress in Brassicaceae. *Gene*, 518, 256-261.
- Jaleel, C.A., Gopi, R., Sankar, B., Gomathinayagam, M. and Panneerselvam, R. 2008. Differential responses in water use efficiency in two varieties of *Catharanthus roseus* under drought stress. *Comp Rend Biol*, 331, 42-47.
- Jalmi, S.K. and Sinha, A.K. 2015. ROS mediated MAPK signaling in abiotic and biotic stress- striking similarities and differences. *Frontiers in Plant Science*, 6, 769.
- Jia, J., Zhao, S., Kong, X., Li, Y., Zhao, G., He, W., Appels, R., Pfeifer, M., Tao, Y. and Zhang, X. 2013. *Aegilops tauschii* draft genome sequence reveals a gene repertoire for wheat adaptation. *Nature*, 496, 91-95.
- Jiang, Y., Yang, B., Harris, N.S. and Deyholos, M.K. 2007. Comparative Proteomic Analysis of NaCl Stress-Responsive Proteins in *Arabidopsis* Roots. *Journal of Experimental Botany*, 58, 3591-3607.

- Johnson, S.M., Lim, F.L., Finkler, A., Fromm, H., Slabas, A.R. and Knight, M.R. 2014. Transcriptomic analysis of *Sorghum bicolor* responding to combined heat and drought stress. *BMC Genomics*, 15, 456.
- Jonak, C., Kiegerl, S., Ligterink, W., Siligan, C., Baudouin, E., Beyerly, J., Cardinale, F., Hausl, C., Zwerger, K., Meskiene, I. and Hirt, H. 2000. MAP kinases in plant signal transduction: versatile tools for signaling stress, cell cycle and more, In Cherry, J.H., Ryther, A., Locy, R.D (ed.), *Plant Tolerance to Abiotic Stresses in Agriculture : Role of Genetic Engineering*, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 67-76, Netherlands.
- Jurka, J., Kapitonov, V.V., Pavlicek, A., Klonowski, P., Kohany, O. and Walichiewicz, J. 2005. Repbase update, a database of eukaryotic repetitive elements. *Cytogenetics and Genome Research*, 110, 462-467.
- Jurka, J. 2008. Conserved eukaryotic transposable elements and the evolution of gene regulation. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 65(2); 201-204.
- Kalefetoğlu, T. and Ekmekçi, Y. 2005. The effects of drought on plants and tolerance mechanisms. *G.U. Journal of Science*, 18(4); 723-740.
- Keskin, B.C., Memon, A.R., Topal Sarıkaya, A. and Yüksel, B. 2010. Absciscic Acid Induced Gene Expression in Bread Wheat (*T.aestivum*). *Australian Journal of Crop Science*, 4(8); 617-625.
- Khraiwesh, B., Zhu, J. K. and Zhu, J. 2012. Role of miRNAs and siRNAs in biotic and abiotic stress responses of plants. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1819, 137-148.
- Kızılaslan, H. 2004. Dünya’da ve Türkiye’de Buğday Üretimi ve Uygulanan Politikaların Karşılaştırılması. *GOÜ. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 21(2); 23-38.
- Kizis, D., Lumberras, V. and Pagès, M. 2001. Role of AP2/EREBP transcription factors in gene regulation during abiotic stress. *FEBS Letters*, 498, 187-189.
- Koboldt, D.C., Steinberg, K.M., Larson, D.E., Wilson, R. K. and Mardis, E.R. 2013. The Next-Generation Sequencing Revolution and Its Impact on Genomics. *Cell*, 15(1); 27-38.
- Korpelainen, E., Tuimala, J., Somervuo, P., Huss, M. and Wong, G. 2014. *RNA-seq Data Analysis: A Practical Approach*: CRC Press, 287 pp, Finland.
- Kotak, S., Larkindale, J., Lee, U., Koskull-Döring, P., Vierling, E. and Scharf, KD. 2007. Complexity of the heat stress response in plants. *Current Opinion in Plant Biology*, 10, 310-316.

- Kumar, R.R., Goswami, S., Gupta, R., Verma, P., Singh, K., Singh, J.P., Kumar, M., Sharma, S.K., Pathak, H. and Rai, R.D. 2015a. The Stress of Suicide: Temporal and Spatial Expression of Putative Heat Shock Protein 70 Protect the Cells from Heat Injury in Wheat (*Triticum aestivum*). J Plant Growth Regul, 1-18, doi: 10.1007/s00344-015-9508-7.
- Kumar, R.R., Goswami, S., Sharma, S.K., Kala, Y.K., Rai, G.K., Mishra, D.C., Grover, M., Singh, G.P., Pathak, H., Rai, A., Chinnusamy, V. and Rai, R.D. 2015b. Harnessing Next Generation Sequencing in Climate Change: RNA-Seq Analysis of Heat Stress-Responsive Genes in Wheat (*Triticum aestivum* L.). OMICS: A Journal of Integrative Biology, In Press, doi:10.1089/omi.2015.0097.
- Lata, C., Yadav, A. and Prasad, M. 2011. Role of plant transcription factors in abiotic stress tolerance. Intech Open Access Publisher, 358, Croatia.
- Laudencia-Chingcuanco, D. and Fowler, D.B. 2012. Genotype-dependent Burst of Transposable Element Expression in Crowns of Hexaploid Wheat (*Triticum aestivum* L.) during Cold Acclimation. International Journal of Genomics, doi:10.1155/2012/232530.
- Lawlor, D.W. and Cornic, G. 2002. Photosynthetic carbon assimilation and associated metabolism in relation to water deficits in higher plants. Plant Cell Environment, 25(2); 275-294.
- Lawrence, B.S., William, A.M., Kimberly, D.C. and Alan, B.B. 2001. MIP Genes are Down-regulated Under Drought Stress in *Nicotiana glauca*. Plant Cell Physiology, 42(7); 686-693.
- Leckie, C.P., Maainsh, M.R., Allen, G.J., Sanders, D. and Hetherington, A.M. 1998. Absciscic acid-induced stomatal closure mediated by cyclic ADP-ribose. Proceedings of the National Academy of Sciences, 95(26); 15837-15842.
- Li, Y., Sun, C., Luo, H., Li, X., Niu, Y. and Chen, S. 2010. Transcriptome characterization for *Salvia miltiorrhiza* using 454 GS FLX. Yao Xue Xue Bao, 45(4); 524-529.
- Li, W., Zhang, C.Y., Lu, Q.T., Wen, X.G. and Lu, C.M. 2011. The Combined Effect of Salt Stress and Heat Shock on Proteome Profiling in *Suaeda salsa*. Journal of Plant Physiology, 168, 1743-1752.
- Li, Y.C., Meng, F.R., Zhang, C.Y., Zhang, N., Sun, M.S. and Ren, J.P. 2012. Comparative analysis of water stress-responsive transcriptomes in drought-susceptible and -tolerant wheat (*Triticum aestivum* L.). Journal Plant Biology, 55, 349-60.
- Liepmann, A.H., Wightman, R., Geshe, N., Turner, S.R. and Scheller, H.V. 2010. *Arabidopsis*-A Powerful Model System for Plant Cell Wall Research. Plant Journal, 61, 1107-1121.

- Liu, Q., Kasuga, M., Sakuma, Y., Abe, H., Miura, S., Yamaguchi-Shinozaki, K. and Shinozaki, K. 1998. Two Transcription Factors, DREB1 and DREB2, with an EREBP/AP2 DNA Binding Domain Separate Two Cellular Signal Transduction Pathways in Drought- and Low- Temperature-Responsive Gene Expression, Respectively, in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 10, 1391-1406.
- Liu, H.T., Li, B., Shang, Z.L., Li, X.Z., Mu, R.L., Sun, D.Y. and Zhou, R.G. 2003. Calmodulin Is Involved in Heat Shock Signal Transduction in Wheat. *Plant Physiol*, 132(3); 1186-95.
- Liu, H.H., Tian, X., Li, Y.J., Wu, C.A. and Zheng, C.C. 2008. Microarray-based analysis of stress-regulated microRNAs in *Arabidopsis thaliana*. *RNA*, 14, 836-43.
- Liu, L., Li, Y., Li, S., Hu, N., He, Y., Pong, R., Lin, D., Lu, L. and Law, M. 2012. Comparison of Next-Generation Sequencing Systems. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, 2012(2012); 1-11.
- Liu, F., Wang, W., Sun, X., Liang, Z. and Wang, F. 2015. Conserved and novel heat stress-responsive microRNAs were identified by deep sequencing in *Saccharina japonica* (Laminariales, Phaeophyta). *Plant Cell&Environment*, 38(7); 1357-1367.
- Liu, Z., Xin, M., Qin, J., Peng, H., Ni, Z., Yao, Y. and Sun, Q. 2015. Temporal transcriptome profiling reveals expression partitioning of homeologous genes contributing to heat and drought acclimation in wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Plant Biology*, 15(1); 152.
- Lopes, F.R., Jjing, D., da Silva, C.R., Andrade, A.C., Marraccini, P., Teixeira, J.B., Carazzolle, M.F., Pereira, G.A., Pereira, L.F.P. and Vanzela, A.L. 2013. Transcriptional Activity, Chromosomal Distribution and Expression Effects of Transposable Elements in *Coffea* Genomes. *PLoS ONE*, 8(11); e78931.
- Lu, C. and Zhang, J. 1999. Effect of water stress on photosystem II photochemistry and its thermostability in wheat plants. *Journal of Experimental Botany*, 336, 1199-1206.
- Lu, D., Cai, X., Zhao, J., Shen, X. and Lu, W. 2015. Effects of drought after pollination on grain yield and quality of fresh waxy maize. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 95, 210-215.
- Luo, Y., Guo, Z. and Li, L. 2013. Evolutionary conservation of microRNA regulatory programs in plant flower development. *Developmental Biology*, 380, 133-144.
- Ma, X., Xin, Z., Wang, Z., Yang, Q., Guo, S., Guo, X., Cao, L. and Lin, T. 2015. Identification and comparative analysis of differentially expressed miRNAs in leaves of two wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes during dehydration stress. *BMC Plant Biology*, 15, 21.

- Mahajan, S. and Tuteja, N. 2005. Cold, salinity and drought stresses: An overview. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 444, 139-158.
- Makarevitch, I., Waters, A.J., West, P.T., Stitzer, M., Hirsch, C.N., Ross-Ibarra, J. and Springer, N.M. 2015. Transposable Elements Contribute to Activation of Maize Genes in Response to Abiotic Stress. *PLoS Genet*, 11(1); e100491.
- Malik, D., Sbeoran, I.S. and Singh, R. 1992. Carbon metabolism of cadmium treated wheat seedlings. *Plant Physiol Bioch*, 30(2); 223-9.
- Manaa, A., Ben Ahmed, H., Valot, B., Bouchet, J.P., Aschi-Smiti, S., Causse, M. and Faurobert, M. 2011. Salt and Genotype Impact on Plant Physiology and Root Proteome Variations in Tomato. *Journal of Experimental Botany*, 62, 2797-2813.
- Mani, S., Van de Cotte, B., Montagu, M.V. and Verbruggen, N. 2002. Altered levels of proline dehydrogenase cause hypersensitivity to proline and its analogs in *Arabidopsis*. *Plant Physiology*, 128, 73-83.
- Mansour, A. 2007. Epigenetic activation of genomic retrotransposons. *Journal of Cell and Molecular Biology*, 6(2); 99-107.
- Mao, H., Wang, H., Liu, S., Li, Z., Yang, X., Yan, J., Li, J., Phan Tran, L.S. and Qin, F. 2015. A transposable element in a NAC gene is associated with drought tolerance in maize seedlings. *Nature Communications*, 6, 8326.
- Mardis, E.R. 2008. Next-Generation DNA Sequencing Methods. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 9, 387-402.
- Margulies, M., Egholm, M., Altman, W.E., Attiya, S., Bader, J.S., Bemben, L.A., Berka, J., Braverman, M.S., Chen, Y.J., Chen, Z., Dewell, S.B., Du, L., Fierro, J.M., Gomes, X.V., Godwin, B.C., He, W., Helgesen, S., Ho, C.H., Irzyk, G.P., Jando, S.C., Alenquer, M.L.I., Jarvie, T.P., Jirage, K.P., Kim, J.P., Knight, J.R., Lanza, JR., Leamon, JH., Lefkowitz, SM., Lei, M., Li, J., Lohman, KL., Lu, H.L., Makhijani, V.B., McDade, K.E., McKenna, M.P., Myers, E.W., Nickerson, E., Nobile, J.R., Plant, R., Puc, B.P., Ronan, M.T., Roth, G.T., Sarkis, G.J., Simons, J.F., Simpson, J.W., Srinivasan, M., Tartaro, K.R., Tomasz, A., Vogt, K.A., Volkmer, G.A., Wang, S.A., Wang, S., Weiner, M.P., Yu, P., Begley, R.F. and Rothberg, R.M. 2005. Genom sequencing in microfabricated high-density picolitre reactors. *Nature*, 437, 376-380.
- Matsunaga, W., Ohama, N., Tanabe, N., Masuta, Y., Masuda, S., Mitani, N., Yamaguchi-Shinozaki, K., Ma, J.F., Kato, A. and Ito, H. 2015. A small RNA mediated regulation of a stress-activated retrotransposon and the tissue specific transposition during the reproductive period in *Arabidopsis*. *Frontiers in Plant Science*, 6(48); 1-12.

- Maughan, P.J., Yourstone, S.M., Jellen, E.N. and Udall, J.A. 2009. SNP discovery via genomic reduction, barcoding, and 454 pyrosequencing in amaranth. *Plant Genome*, 2, 260-270.
- Medrano, H., Escalona, J.M., Bota, J., Gulías, J. and Flexas, J. 2002. Regulation of Photosynthesis of C3 Plants in Response to Progressive Drought: Stomatal Conductance as a Reference Parameter. *Annals of Botany*, 89(7); 895-905.
- Mehmood, Z., Ashiq, M., Noorka, I.R., Ali, A., Tabasum, S. and Iqbal, M.S. 2014. Chemical Control of Monocot Weeds in Wheat (*Triticum aestivum* L.). *American Journal of Plant Sciences*, 5,1272-1276.
- Metzker, M.L. 2010. Sequencing technologies - the next generation. *Nature Reviews Genetics*, 11(1); 31-46.
- Mitra, J. 2001. Genetics and genetic improvement of drought resistance in crop plants. *Current Science*, 80(6); 758-764.
- Morishita, T., Maruta, K.T., Nishizawa-Yokoi, A., Yabuta, Y. and Shigeoka, S. 2009. Arabidopsis NAC transcription factor, ANAC078, regulates flavonoid biosynthesis under high-light. *Plant Cell Physiol*, 50, 2210-2222.
- Mornkham, T., Wangsomnuk, P.P., Fu, Y.B., Wangsomnuk, P., Jogloy, S. and Patanothai, A. 2013. Extractions of High Quality RNA from the Seeds of Jerusalem Artichoke and Other Plant Species with High Levels of Starch and Lipid. *Plants*, 2, 302-316.
- Morozova, O. and Marra, M.A. 2008. Applications of next-generation sequencing technologies in functional genomics. *Genomics*, 92, 255-264.
- Mortazavi, A., Williams, B.A., McCue, K., Schaeffer, L. and Wold, B. 2008. Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq. *Nature Methods*, 5(7); 621-628.
- Mostafa Kamal, A.H., Kim, K.H., Shin, K.H., Choi, J.S., Baik, B.K., Tsujimoto, H., Heo, H.Y., Park, C.S. and Woo, S.H. 2010. Abiotic stress responsive proteins of wheat grain determined using proteomics technique. *Australian Journal of Crop Science*, 4(3); 196-208.
- Moustafa, K., AbuQamar, S., Jarrar, M., Al-Rajab, A. and Trémouillaux-Guiller, J. 2014. MAPK cascades and major abiotic stresses. *Plant Cell Reports*, 33(8); 1217-1225.
- Nakashima, K., Takasaki, H., Mizoi, J., Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozaki, K. 2012. NAC transcription factors in plant abiotic stress responses. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1819, 97-103.

- Nakashima, K., Yamaguchi-Shinozaki, K. and Shinozaki, K. 2014. The transcriptional regulatory network in the drought response and its crosstalk in abiotic stress responses including drought, cold, and heat. *Frontiers in Plant Science*, 5, 1-7.
- Natarajan, P. and Parani, M. 2011. *De novo* assembly and transcriptome analysis of five major tissues of *Jatropha curcas* L. using GS FLX titanium platform of 454 pyrosequencing. *BMC Genomics*, 12, 191.
- Novaes, E., Drost, D.R., Farmerie, W.G., Pappas J.R, G.J., Grattapaglia, D., Sederoff, R.R. and Kirst, M. 2008. High-throughput gene and SNP discovery in *Eucalyptus grandis*, an uncharacterized genome, *BMC Genomics*, 9, 312-326.
- Obata, T., Matthes, A., Koszior, S., Lehmann, M., Araújo, W.L., Bock, R., Sweetlove, L.J. and Fernie, A.R. 2011. Alteration of mitochondrial protein complexes in relation to metabolic regulation under short-term oxidative stress in *Arabidopsis* seedlings. *Phytochemistry*, 72(10); 1081-1091.
- Okamuro, J., Szeto, W., Lotys-Prass C. and Jofuku D. 1997. Photo and hormonal control of meristem identity in the *Arabidopsis* flower mutants *apetala2* and *apetala1*. *Plant Cell*, 9, 37-47.
- Olsen, A.N., Ernst, H.A., Leggio, L.L. and Skriver, K. 2005. NAC transcription factors: structurally distinct, functionally diverse. *Trends in Plant Science*, 10(2); 79-87.
- Özcan, S., Gürel, E. ve Babaoğlu, M. 2001. Bitki Biyoteknolojisi-II, Selçuk Üniversitesi Yayınları, 308-313, Konya.
- Park, E.J., Jeknic, Z., Sakamoto, A., Denoma, J., Yuwansiri, R., Murata, N. and Chen, T.H. 2004. Genetic engineering of glycinebetaine synthesis in tomato protects seeds, plants, and flowers from chilling damage. *Plant Journal*, 40, 474-487.
- Pellny, T.K., Lovegrove, A., Freeman, J., Tosi, P., Love, C.G., Knox, J.P., Shewry, P.R. and Mitchell, R.A. 2012. Cell walls of developing wheat starchy endosperm: comparison of composition and RNA-Seq transcriptome. *Plant Physiol*, 158(2); 612-627.
- Perrone, I., Pagliarini, C., Lovisolo, C., Chitarra, W., Roman, F. and Schubert, A. 2012. Recovery from water stress affects grape leaf petiole transcriptome. *Planta*. 235(6); 1383-1396.
- Pradhan, G.P., Prasad, P.V., Fritz, A.K., Kirkham, M.B. and Gill, B.S. 2012. Effects of drought and high temperature stress on synthetic hexaploid wheat. *Functional Plant Biology*, 39(3); 190-198.
- Puniran-Hartley, N., Hartley, J., Shabala, L. and Shabala, S. 2014. Salinity-induced accumulation of organic osmolytes in barley and wheat leaves correlates with increased oxidative stress tolerance: *In planta* evidence for cross-tolerance. *Plant Physiology and Biochemistry*, 83, 32-39.

- Qin, D., Wu, H., Peng, H., Yao, Y., Ni, Z., Li, Z., Zhou, C. and Sun, Q. 2008. Heat stress-responsive transcriptome analysis in heat susceptible and tolerant wheat (*Triticum aestivum* L.) by using Wheat Genome Array. *BMC Genomics*, 9, 432.
- Rahaie, M., Xue, G.P., Naghavi, M.R., Alizadeh, H. and Schenk, P.M. 2010. A MYB gene from wheat (*Triticum aestivum* L.) is up-regulated during salt and drought stresses and differentially regulated between salt-tolerant and sensitive genotypes. *Plant Cell Reports*, 29(8); 835-844.
- Rampino, P., Mita, G., Fasano, P., Borrelli, G.M., Aprile, A. and Dalessandro, G. 2012. Novel durum wheat genes up-regulated in response to a combination of heat and drought stress. *Plant Physiol Biochem*, 56, 72-78.
- Rang, Z.W., Jagadish, S.V.K., Zhou, Q.M., Craufurd, P.Q. and Heuer, S. 2011. Effect of high temperature and water stress on pollen germination and spikelet fertility in rice. *Environmental and Experimental Botany*, 70(1); 58–65.
- Raskin, I., Smith, R.D. and Salt, D.E. 1997. Phytoremediation of Metals: Using Plants to Remove Pollutants From the Environment. *Current Opinion in Biotechnology*, 8, 221-226.
- Reyes, J.L. and Chua, N.M. 2007. ABA induction of miR159 controls transcript levels of two MYB factors during Arabidopsis seed germination. *The Plant Journal*, 49, 592-606.
- Rizhsky, L., Liang, H. and Mittler, R. 2002. The Combined Effect of Drought Stress and Heat Shock on Gene Expression in Tobacco. *Plant Physiology*, 130, 1143-1151.
- Rizhsky, L., Liang, H., Shuman, J., Shulaev, V., Davletova, S. and Mittler, R. 2004. When defense pathways collide. The response of Arabidopsis to a combination of drought and heat stress. *Plant Physiology*, 134, 1683-96.
- Robertson, G., Schein, J., Chiu, R., Corbett, R., Field, M., Jackman, S.D., Mungall, K., Lee, S., Okada, H.M., Qian, J.Q., Griffith, M., Raymond, A., Thiessen, N., Cezard, T., Butterfield, Y.S., Newsome, R., Chan, S.K., She, R., Varhol, R., Kamoh, B., Prabhu, A.L., Tam, A., Zhao, Y.J., Moore, R.A., Hirst, M., Marra, M.A., Jones, S.J.M., Hoodless, P.A. and Birol, I. 2010. De novo assembly and analysis of RNA-seq data. *Nature Methods*, 7(11); 909-12.
- Ron, D. and Walter, P. 2007. Signal integration in the endoplasmic reticulum unfolded protein response. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 8, 519-529.
- Rontein, D., Basset, G. and Hanson, A.D. 2002. Metabolic engineering of osmoprotectant accumulation in plants. *Metabolite Engineering*, 4, 49-56.

- Ruelland, E., Kravets, V., Derevyanchuk, M., Martinec, J., Zachowskil, A. and Pokotylo, I. 2015. Role of phospholipid signalling in plant environmental responses, *Environmental and Experimental Botany*, 114, 129-143.
- Rushton, P.J., Somssich, I.E., Ringler, P. And Shen, Q.J. 2010. WRKY transcription factors. *Trends in Plant Science*, 15(5); 247-258.
- Sakamoto, H., Maruyama, K., Sakuma, Y., Meshi, T., Iwabuchi, M., Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozaki, K. 2004. Arabidopsis Cys2/His2-type zinc-finger proteins function as transcription repressors under drought, cold, and high-salinity stress conditions. *Plant Physiology*, 136(1); 2734-46.
- Sanders, D., Brownlee, C. and Harper, J.F. 1999. Communicating with calcium. *Plant Cell*, 11, 691-706.
- Santelia, D., Vincenzetti, V., Azzarello, E., Bovet, L., Fukao, Y., Dachtig, P., Mancuso, S., Martinoia, E. and Geisler, M. 2005. MDR-like ABC transporter AtPGP4 is involved in auxin-mediated lateral root and root hair development. *FEBS Letters*, 579(24); 5399-5406.
- Savchenko, G.E., Klyuchareva, E.A., Abrabchik, L.M. and Serdyuchenko, E.V. 2002. Effect of Periodic Heat Shock on The Membrane System of Etioplasts. *Russian Journal Plant Physiology*, 49, 349-359.
- Scharf, K.D., Berberich, T., Ebersberger, I. and Nover, L. 2012. The plant heat stress transcription factor (Hsf) family: Structure, function and evolution. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1819, 104-119.
- Schulz, M.H., Zerbino, D.R., Vingron, M. and Birney, E. 2012. Oases: robust de novo RNA-seq assembly across the dynamic range of expression levels. *Bioinformatics*, 28(8); 1086-1092.
- Schulz, P., Herde, M. and Romeis, T. 2013. Calcium-Dependent Protein Kinases: Hubs in Plant Stress Signaling and Development. *Plant Physiology*, 163, 523-530.
- Schuppler, U., He, P.H., John, P.C.L. and Munnus, R. 1998. Effect of water stress on cell division and cdk2-like cell cycle kinase activity in wheat leaves. *Plant Physiology*, 117, 667-678.
- Schuster, S.C. 2007. Next-generation sequencing transforms today's biology. *Nature*, 200(8); 16-18.
- Seki, M., Kamei, A., Yamaguchi-Shinozaki, K. and Shinozaki, K. 2003. Molecular responses to drought, salinity, and frost: common and different paths for plant protection. *Current Opin Plant Biotechnol*, 14, 194-199.
- Shakirova, F.M., Aval'Baev, A.M., Chemeris, A.V. and Vakhitov, V.A. 2002. Hormonal transcription regulation in plants. *Molecular Biology*, 36(4); 456-461.

- Shakirova, F.M., Bezrukova, M.V., Yuldashev, R.A., Fatkhutdinova, R.A. and Murzabaev, A.R. 2013. Involvement of Lectin in the Salicylic Acid–Induced Wheat Tolerance to Cadmium and the Role of Endogenous ABA in the Regulation of Its Level. *Doklady Biological Sciences*, 448, 49-51.
- Sharma, A.D., Thakur, M., Rana, M. and Singh, K. 2004. Effect of plant growth hormones and abiotic stresses on germination, growth and phosphatase activities in *Sorghum bicolor* (L.) Moench seeds. *African Journal of Biotechnology*, 3(6); 308-312.
- Shaw, L.M., McIntyre, C.L., Gresshoff, P.M. and Xue, G.P. 2009. Members of the Dof transcription factor family in *Triticum aestivum* are associated with light-mediated gene regulation. *Functional & Integrative Genomics*, 9(4); 485-498.
- Shendure, J. and Ji, H. 2008. Next-generation DNA sequencing. *Nature Biotechnology*, 26, 1135-1145.
- Shinozaki, K., Yamaguchi-Shinozaki, K. and Seki, M. 2003. Regulatory network of gene expression in the drought and cold stress responses. *Current Opinion in Plant Biology*, 6, 410-417.
- Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozaki, K. 2007. Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of Experimental Botany*, 58(2); 221-22.
- Shiriga, K., Sharma, R., Kumar, K., Yadav, SK., Hossain, F. and Thirunavukkarasu, N. 2014. Genome-wide identification and expression pattern of drought-responsive members of the NAC family in maize. *Meta Gene*, 2, 407-417.
- Singh, A., Giri, J., Kapoor, S., Tyagi, A.K. and Pandey, G.K. 2010. Protein phosphatase complement in rice: genome-wide identification and transcriptional analysis under abiotic stress conditions and reproductive development. *BMC Genomics*, 11, 435.
- Singh, A., Bhatnagar, N., Pandey, A. and Pandey, G.K. 2015. Plant phospholipase C family: Regulation and functional role in lipid signaling. *Cell Calcium*, 58(2); 139-146.
- Sinha, A.K., Jaggi, M., Raghuram, B. and Tuteja, N. 2011. Mitogen-activated protein kinase signaling in plants under abiotic stress. *Plant Signaling & Behavior*, 6(2); 196-203.
- Song, Q., Liu, Y., Hu, X., Zhang, W., Ma, B., Chen, S. and Zhang, J. 2011. Identification of microRNAs and their target genes in developing soybean seeds by deep sequencing. *BMC Plant Biology*, 11, 5.
- Song, M., Xu, W., Xiang, Y., Jia, H., Zhang, L. and Ma, Z. 2014. Association of jacalin-related lectins with wheat responses to stresses revealed by transcriptional profiling. *Plant Molecular Biology*, 84(1); 95-110.

- Sumesh, K.V., Sharma-Natu, P. and Ghildyal, M.C. 2008. Starch synthase activity and heat shock protein in relation to thermal tolerance of developing wheat grains. *Biologia Plant*, 52(4); 749-753.
- Sun, F., Guo, G., Du, J., Guo, W., Peng, H., Ni, Z., Sun, Q. and Yao, Y. 2014. Whole-genome discovery of miRNAs and their targets in wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Plant Biology*, 14(1); 142.
- Sunkar, R., Li, Y.F. and Jagadeeswaran, G. 2012. Functions of microRNAs in plant stress responses. *Trends in Plant Science*, 17(4); 196-203.
- Suzuki, N., Koussevitzky, S., Mittler, R. and Miller, G. 2012. ROS and redox signalling in the response of plants to abiotic stress. *Plant Cell Environmt*, 35, 259-270.
- Tambussi, E.A., Bartoli, C.G., Beltrano, J., Guiamet, J.J. and Araus, J.L. 2000. Oxidative damage to thylakoid proteins in water-stressed leaves of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Physiologia Plantarum*, 108, 398-404.
- Todaka, D., Shinozaki, K. and Yamaguchi-Shinozak, K. 2015. Recent advances in the dissection of drought-stress regulatory networks and strategies for development of drought-tolerant transgenic rice plants. *Frontiers in Plant Science*, 6, 84.
- Trapnell, C., Williams, B.A., Pertea, G., Mortazavi, A., Kwan, G., Van Baren, M.J. and Pachter, L. 2010. Transcript assembly and quantification by RNA-Seq reveals unannotated transcripts and isoform switching during cell differentiation, *Nature Biotechnology*, 28(5); 511-515.
- Türktaş, M., Kurtoğlu, K.Y., Dorado, G., Zhang, B., Hernandez, P. and Ünver, T. 2015. Sequencing of plant genomes - A review. *Turk J Agric For*, 39, 361-376.
- Ünver, T. 2008. Detection and characterization of plant genes involved in various biotic and abiotic stress conditions using DDRT-PCR and isolation of interacting proteins. *Doktora Tezi, Orta Doğu Teknik Üniversitesi, Fen Bilimleri Enstitüsü, Biyoteknoloji Anabilim Dalı*, 204, Ankara.
- Üstek, D., Abacı, N., Sırma, S. and Çakiris, A. 2011. Yeni Nesil DNA Dizileme (New Generation DNA Sequencing). *Deneysel Tıp Araştırma Enstitüsü Dergisi*, 1(1); 11-18.
- Van Dijk, E.L., Auger, H., Jaszczyszyn, Y. and Thermes, C. 2014. Ten years of next-generation sequencing technology. *Trends in Genetics*, 30(9); 418-426.
- Verelst, W., Bertolini, E., De Bodt, S., Vandepoele, K., Demeulenaere, M., Enrico Pè, M. and Inzé, D. 2013. Molecular and Physiological Analysis of Growth-Limiting Drought Stress in *Brachypodium distachyon* Leaves. *Molecular Plant*, 6(2); 311-322.

- Verrier, P.J., Bird, D., Burla, B., Dassa, E., Forestier, C., Geisler, M., Klein, M., Kolukısaoglu, Ü., Lee, Y., Martinoia, E., Murphy, A., Rea, P.A., Samuels, L., Schulz, B., Spalding, E.J., Yazaki, K. and Theodoulou, F.L., 2008. Plant ABC Proteins – a Unified Nomenclature and Updated Inventory. *Trends in Plant Science*, 13(4); 151-159.
- Villar, E., Klopp, C., Noirot, C., Novaes, E., Kirst, M., Plomion, C. and Gion, JM. 2011. RNA-Seq reveals genotype-specific molecular responses to water deficit in *Eucalyptus*. *BMC Genomics*, 12, 538.
- Vinocur, B. and Altman, A. 2005. Recent advances in engineering plant tolerance to abiotic stress: achievements and limitations. *Current Opinion in Biotechnology*, 16(2); 123-132.
- Volkov, R.A., Panchuk, I.I., Mullineaux P.M. and Schöffl, F. 2006. Heat Stress-induced H₂O₂ is Required for Effective Expression of Heat Shock Genes in *Arabidopsis*. *Plant Mol Biol*, 61, 733-746.
- Wan, Y., Poole, R.L., Huttly, A.K., Toscano-Underwood, C., Feeney, K., Welham, S., Gooding, M.J., Mills, C., Edwards, K.J., Shewry, P.R. and Mitchell, R.A.C. 2008. Transcriptome analysis of grain development in hexaploid wheat. *BMC Genomics*, 9,121.
- Wang, HL., Lee, P.D., Chen, W.L., Huang, D.J. and Su, J.C. 2000. Osmotic stress-induced changes of sucrose metabolism in cultured sweet potato cells. *Journal of Experimental Botany*, 51, 1991-1999.
- Wang, W., Vinocur, B. and Altman, A. 2003. Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta*, 218(1); 1-14.
- Wang, W., Vinocur, B., Shoseyov, O. and Altman, A. 2004. A role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in abiotic stress response. *Trends Plant Sci*, 9, 244-252.
- Wang, X.C, Fan, P.X., Song, H.M., Chen, X.Y., Li, X.F. and Li, Y.X. 2009. Comparative Proteomic Analysis of Differentially Expressed Proteins in Shoots of *Salicornia europaea* under Different Salinity. *Journal of Proteome Research*, 8, 3331-3345.
- Wang, Z., Gerstein, M. and Snyder, M. 2009. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nature Review Genetics*, 10, 57-63.
- Wang, G., Zhang, X., Li, F., Luo, Y. and Wang, W. 2010. Overaccumulation of glycine betaine enhances tolerance to drought and heat stress in wheat leaves in the protection of photosynthesis. *Photosynthetica*, 48(1); 117-126.

- Wang, K., Wang, Z., Li, F., Ye, W., Wang, J., Song, G., Yue, Z., Cong, L., Shang, H. and Zhu, S. 2012. The draft genome of a diploid cotton *Gossypium raimondii*. *Nature Genetics*, 44, 1098-1103.
- Wang, Z.X., Chen, L., Ai, J., Qin, H.Y., Liu, Y.X., Xu, P.L., Jiao, Z.Q., Zhao, Y. and Zhang, Q.T. 2012. Photosynthesis and activity of photosystem II in response to drought stress in Amur Grape (*Vitis amurensis* Rupr.). *Photosynthetica*, 50(2); 189-196.
- Wang, Y.G., An, M., Zhou, S.F., She, Y.H., Li, W.C. and Fu, F.L. 2014. Expression Profile of Maize MicroRNAs Corresponding to Their Genes Under Drought Stress. *Biochem Genet*, 52, 474-493.
- Wilhelm, B.T. and Landry, J.R. 2009. RNA-Seq-quantitative measurement of expression through massively parallel RNA-sequencing. *Methods*, 48(3); 249-257.
- Wu, Q., Sun, C., Luo, H., Li, Y., Niu, Y., Sun, Y., Lu, A. and Chen, S. 2011. Transcriptome Analysis of *Taxus cuspidata* Needles Based on 454 Pyrosequencing. *Planta Med*, 77, 394-400.
- Xie, Y., Wu, G., Tang, J., Luo, R., Patterson, J., Liu, S. and Wang, J. 2014. SOAPdenovo-Trans: de novo transcriptome assembly with short RNA-Seq reads, *Bioinformatics*, 30(12); 1660-1666.
- Xin, M. W.Y., Yao, Y., Song, N., Hu, Z., Qin, D., Xie, C., Peng, H., Ni, Z. and Sun, Q. 2011. Identification and characterization of wheat long non-protein coding RNAs responsive to powdery mildew infection and heat stress by using microarray analysis and SBS sequencing. *BMC Plant Biology*, 7, 11.
- Xiong, L., Ishitani, M. and Zhu, J.K. 1999. Interaction of low temperature, osmotic stress and abscisic acid in the regulation of gene expression in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Physiology*, 119, 205-211.
- Xiong, L., Schumaker, K. and Zhu, J.K. 2002. Cell signaling during cold, drought and salt stress, *The Plant Cell*, 14, 165-183.
- Xu, Z.S., Xia, L.Q., Chen, M., Cheng, X.G., Zhang, R.Y., Li, L.C., Zhao, Y.X., Lu, Y. and Ni, Z.Y. 2007. Isolation and molecular characterization of the *Triticum aestivum* L. ethylene-responsive factor 1 (*TaERF1*) that increases multiple stress tolerance. *Plant Molecular Biology*, 65(6); 719-732.
- Xu, K., Chen, S., Li, T., Ma, X., Liang, X., Ding, X., Liu, H. and Luo, L. 2015. OsGRAS23, a rice GRAS transcription factor gene, is involved in drought stress response through regulating expression of stress-responsive genes. *BMC Plant Biology*, 15, 141.

- Xue, L.J., Zhang, J.J. and Xue, H.W. 2009. Characterization and expression profiles of miRNAs in rice seeds. *Nucleic Acids Research*, 37(3); 916-930.
- Xue, G.P., Drenth, J. and McIntyre, C.L. 2015. TaHsfA6f is a transcriptional activator that regulates a suite of heat stress protection genes in wheat (*Triticum aestivum* L.) including previously unknown Hsf targets. *Journal of Experimental Botany*, 66(3); 1025-1039.
- Yamaguchi-Shinozaki, K. and Shinozaki, K. 1994. A novel cis-acting element in an Arabidopsis gene is involved in responsiveness to drought, low-temperature, or high-salt stress. *Plant Cell*, 6(2); 251-264.
- Yang, T., Xue, L. and An, L. 2007. Functional diversity of miRNA in plants. *Plant Science*, 172(3); 423-32.
- Yanhui, C., Xiaoyuan, Y., Kun, H., Meihua, L., Jigang, L., Zhaofeng, G., Zhiqiang, L., Yunfei Z., Xiaoxiao W., Xiaoming Q., Yunping, S., Zhang, L., Xiaohui, D., Jingchu, L., Xing-Wang, D., Zhangliang, C., Hongya, G. and Li-Jia, Q. 2006. The MYB transcription factor superfamily of Arabidopsis: expression analysis and phylogenetic comparison with the rice MYB family. *Plant Molecular Biology*, 60(1); 107-124.
- Yanik, H., Türktas, M., Hernandez, P., Dorado, G., Dundar, E. and Unver, T. 2013. Genome-wide identification of alternate bearing-associated miRNA in the olive tree (*Olea europaea* L.). *BMC Plant Biology*, 15, 13.
- Yeo, A.R., Flowers, S.A., Rao, G., Welfare, K., Senanayake, N. and Flower, T.J. 1999. Silicon Reduces Sodium Uptake in Rice (*Oryza sativa* L.) in Saline Conditions and This is Accounted for by a Reduction in the Transpirational Bypass Flow. *Plant Cell and Environment*, 22, 559-565.
- Zhang, Y. 2005. miRU: an automated plant miRNA target prediction server. *Nucleic Acids Research*, 33, 701-704.
- Zhang, L., Zhao, G., Xia, C., Jia, J., Liu, X. and Kong, X. 2012. A wheat R2R3-MYB gene, *TaMYB30-B*, improves drought stress tolerance in transgenic *Arabidopsis*. *Journal of Experimental Botany*, 63(16); 5873-5885.
- Zhang, M., Lv, D., Ge, P., Bian, Y., Chen, G., Zhu, G. and Li, X. 2014. Phosphoproteome analysis reveals new drought response and defense mechanisms of seedling leaves in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Journal of Proteomics*, 109, 290-308.
- Zheng, Y., Zhao, L., Gao, J. and Fei, Z. 2011. *iAssembler*: a package for de novo assembly of Roche-454/Sanger transcriptome sequences. *BMC Bioinformatics*, 12(1); 453.

- Zhu, J.K. 2002. Salt and drought stress signal transduction in plants. *Annual Review of Plant Biology*, 53, 247-273.
- Zhu, M., Chen, G., Zhang, J., Zhang, Y., Xie, Q., Zhao, Z., Pan, Y. and Hu, Z. 2014. The abiotic stress-responsive NAC-type transcription factor SINAC4 regulates salt and drought tolerance and stress-related genes in tomato (*Solanum lycopersicum*). *Plant Cell Reports*, 33(11); 1851-1863.
- Zohary, D. and Hopf, M. 1994. The origin and spread of cultivated plants in West Asia; Europe, and the Nile valley. *Domestication of plants in the Old World*, 2nd Edition Oxford University Press, New York, USA.
- Zörb, C., Schmitt, S. and Muhling, K.H. 2010. Proteomic Changes in Maize Roots after Short-Term Adjustment to Saline Growth Conditions. *Proteomics*, 10, 4441-4449.
- Zytnicki, M., Akhunov, E. and Quesneville, H. 2014. Tedna: a Transposable Element De Novo Assembler. *Bioinformatics*, doi:10.1093/bioinformatics/btu365.

EKLER

- EK 1** Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane, yaprak ve kök örneğinde ifade değişimi gösteren transkriptlerin RPKM değerleri ve BlastN sonuçları
- EK 2** Kök ve yaprak dokusuna ait sıcaklık grafiği
- EK 3** Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök, yaprak ve tane örneğine ait gen atıflandırması (GO) sonuçları
- EK 4** Metabolik yolak analizleri sonucunda elde edilen haritalar

EK 1 Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane, yaprak ve kök örneğinde ifade değişimi gösteren transkriptlerin RPKM değerleri ve BlastN sonuçları

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
TRAES3BF109300050CFD	Tanımlanmamış	9,71	178,08	1728,77
TRAES3BF094100030CFD	Tanımlanmamış	7,46	46,40	346,01
TRAES3BF099200010CFD	Beta-glikozidaz	4,88	228,28	1116,06
TRAES3BF098900070CFD	Subtilizin-like proteaz	4,15	130,74	542,83
TRAES3BF118000020CFD	Tanımlanmamış	3,56	385,46	1375,01
TRAES3BF055300020CFD	Membran-ilişkili kinaz	3,055	871,40	2662,58
TRAES3BF265900020CFD	Kumaroil transferaz	2,92	249,87	730,62
TRAES3BF060100060CFD	Fosfoinozitol-pentakisfosfat kinaz	2,80	64,38	180,73
Traes_7BS_F6F45F868	Glutamat reseptör	2,80	314,79	883,63
TRAES3BF002500020CFD	Tanımlanmamış	2,71	344,46	934,66
TRAES3BF047400060CFD	Tanımlanmamış	2,33	95,05	222,34
TRAES3BF117900080CFD	SCAR protein	1,92	191,60	369,76
TRAES3BF015400020CFD	Aldolaz redüktaz	1,91	362,59	692,02
TRAES3BF020800020CFD	Serin/Treonin protein kinaz	1,90	443,98	845,67
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	1,69	537,83	912,89
TRAES3BF097100010CFD	Kloroplast, sitokrom b	1,65	252,42	417,01
TRAES3BF078300040CFD	Asetil CoA dehidrogenaz	1,63	956,56	1566,29
TRAES3BF086300010CFD	Tanımlanmamış	1,57	120,77	190,697
TRAES3BF053800040CFD	Tanımlanmamış	1,56	1370,07	2139,21
Traes_5AL_CC13CD0E3	<i>Glikozil fosfatidilinozitol</i>	1,52	80,99	123,14
TRAES3BF277500020CFD	<i>RABC1 protein</i>	1,46	222,49	325,28
TRAES3BF076800050CFD	Tanımlanmamış	1,46	203,308	297,23
TRAES3BF136800060CFD	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz	1,40	726,35	1019,43
TRAES3BF110200010CFD	Kloroplast, genom	1,35	1272,25	1722,952
TRAES3BF031700030CFD	Tanımlanmamış	1,34	1075,11	1446,03
TRAES3BF024300030CFD	Lösin-rich repeat protein kinaz	1,140	333,25	380,019
Traes_5BL_OD3F2CF69	Asit fosfataz	1,08	247,28	267,52
TRAES3BF062300010CFD	Tanımlanmamış	1,06	250,00	265,59
TRAES3BF024400010CFD	Light-mediated development protein	1,05	56,99	59,99
TRAES3BF097900010CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-1,09	926,92	845,60
TRAES3BF086600040CFD	Tanımlanmamış	-1,15	2690,24	2333,61
TRAES3BF056300050CFD	Tanımlanmamış	-1,17	863,61	732,29
TRAES3BF058200070CFD	Tanımlanmamış	-1,2042	2550,92	2118,28
TRAES3BF063900050CFD	Tanımlanmamış	-1,315	196,519	149,39

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_6DS_6E145187F	İyon kanal protein	-1,315	168,192	127,86
Traes_6DL_D74F0C687	Tanımlanmamış	-1,425	103,34	72,5198
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz	-1,46	3659,56	2493,64
TRAES3BF052200030CFD	Tanımlanmamış	-2,13	590,45	276,233
TRAES3BF078500340CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-2,13	235,046	109,96
TRAES3BF078900050CFD	PP2C protein fosfataz	-2,13	312,68	146,28
TRAES3BF109300010CFD	<i>BTR1-A gen</i>	-2,35	1257,50	534,81
Traes_2AS_F7FFA3233	Tanımlanmamış	-2,85	116,99	41,05
TRAES3BF109300020CFD	Tanımlanmamış	-2,850	141,716	49,72
TRAES3BF117100190CFD	SCAR	-3,420	574,87	168,08
Traes_7BL_940485EBC	Tanımlanmamış	-4,275	97,89	22,89
TRAES3BF058100060CFD	Tanımlanmamış	-5,700	510,18	89,50
Traes_2BS_5B4DC015B	UDP-Glikoziltransferaz	-5,71	503,77	88,38
Traes_6AS_B0C62BBB8	Protein transport, Sec1a protein	-5,70	74,11	13,01
TRAES3BF093200020CFD	Nükleobaz askorbat taşıyıcı (NAT)	-5,70	148,95	26,13
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	-6,10	1436,77	235,25
TRAES3BF114600110CFD	Tanımlanmamış	-8,55	2231,63	261,00
TRAES3BF090000010CFD	Prolamin gen	-8,55	90,31	10,56
Traes_5BL_C02F72871	RGA2 protein	-17,100	367,03	21,463
Traes_1DS_67B7153A8	Prolamin gen	-17,10	2127,39	124,40
Traes_6DS_393733E7C	BEACH domain-containing protein	-34,21	288,27	8,428
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-51,30	683,80	13,329
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	-102,60	38293,14	373,22
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	-188,10	42721,12	227,11
Traes_1AL_F20F2F715	Metiltransferaz, PMT7	-196,65	8029,99	40,83
Traes_3DL_044EF9E7B	LRR protein	-∞	387,472	0
Traes_3DL_542514A64	Glutamin sentetaz	-∞	354,065	0
Traes_3DL_8E801362A	Tanımlanmamış	-∞	1209,41	0
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	-∞	12054,18	0
Traes_3DS_2D0C6511B	Tanımlanmamış	-∞	3578,58	0
Traes_3DS_2D152D7C4	Peptidil-prolil cis/trans izomeraz	-∞	1513,22	0
Traes_4AL_4B23E74CF	Tanımlanmamış	-∞	294,8805	0
Traes_4AS_2D88ED3F8	Tanımlanmamış	-∞	2985,11	0
Traes_4AS_B3AE0219F	Tanımlanmamış	-∞	653,41	0
Traes_4BL_2ACE03C35	Tanımlanmamış	-∞	2719,14	0
Traes_4BL_F8C1990BA	Mitokondriyal peptidaz	-∞	433,018	0
Traes_4BS_C1259053D	Kloroplast, genom	-∞	3883,73	0
Traes_4DL_94CE22808	Tanımlanmamış	-∞	2242,45	0

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_5AL_7F8E591BF	Palmitoil-protein tiyoesteraz	-∞	643,54	0
Traes_5AL_8349DE248	Ornitin minotransferaz	-∞	442,1	0
Traes_5AL_D3B6FE48E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-∞	323,80	0
Traes_5BL_5897DA404	EF-1 alpha	-∞	407,070	0
Traes_5BL_BC9BBC101	Tanımlanmamış	-∞	1726,10	0
Traes_5BS_805D85BDE	Lektin domain protein kinaz	-∞	294,70	0
Traes_5BS_E05E49806	Metiltransferaz	-∞	260,76	0
Traes_5DL_32A9B595B	Tanımlanmamış	-∞	15344,62	0
Traes_5DL_A0348C014	Tanımlanmamış	-∞	421,63	0
Traes_5DL_A986ED9BC	Tanımlanmamış	-∞	428,66	0
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz,	-∞	496,90	0
Traes_6BL_5979B5341	Kloroplast, genom	-∞	6910,37	0
Traes_6DL_909B865C0	Tanımlanmamış	-∞	359,33	0
Traes_6DL_E22794AD7	Serin/treonin protein kinaz	-∞	287,76	0
Traes_6DL_F4F20589A	Tanımlanmamış	-∞	992,57	0
Traes_6DS_8E81EA463	Tanımlanmamış	-∞	130,32	0
Traes_6DS_8FE68061D	Tanımlanmamış	-∞	401,76	0
Traes_7AL_B3B78EE36	CPP TF	-∞	403,54	0
Traes_7AL_E70AC6C0C	Sülfat taşıyıcı	-∞	495,98	0
Traes_7AS_928423256	Mitokondri DNA, complete genom	-∞	3553,21	0
Traes_7BS_13A10F9A4	bHLH TF	-∞	311,374	0
Traes_7BS_93A86D7A11	Fosfatidil inozitol-4-kinaz	-∞	314,55	0
TRAES3BF007300030CFD	Kloroplast, genom	-∞	889,48	0
TRAES3BF007300450CFD	Kloroplast, genom	-∞	108550,4	0
TRAES3BF007300490CFD	Mitokondri DNA, complete genom	-∞	26123,01	0
TRAES3BF037300030CFD	Mitokondri DNA, complete genom	-∞	42547,95	0
TRAES3BF045900030CFD	Kloroplast, genom	-∞	5301,60	0
TRAES3BF080500070CFD	Glikoziltransferaz	-∞	1292,07	0
TRAES3BF092600030CFD	Tanımlanmamış	-∞	1000,01	0
TRAES3BF094000050CFD	Tanımlanmamış	-∞	1000,01	0
TRAES3BF115600060CFD	Mitokondri DNA, complete genom	-∞	14927,43	0
TRAES3BF117700030CFD	Tanımlanmamış	-∞	1487,75	0

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
TRAES3BF160400010CFD	Tanımlanmamış	-∞	2311,42	0
Traes_1AL_074FF2020	Tanımlanmamış	-∞	289,59	0
Traes_1AL_3D34ABA52	GTP-bağlanma proteini	-∞	4015,15	0
Traes_1BL_7103BF3C6	Selüloz sentaz	-∞	549,19	0
Traes_1BL_725F481D9	Oksisterol bağlanma proteini	-∞	386,72	0
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz	-∞	8906,71	0
Traes_1BL_FE64E1156	Tanımlanmamış	-∞	355,06	0
Traes_1BS_8A9B3CE82	CPP gen	-∞	448,02	0
Traes_1DL_66A493AA4	Metiltransferaz	-∞	740,16	0
Traes_1DL_F06343530	AMP-deaminaz	-∞	501,817	0
Traes_1DS_66B67E9B41	LMW-GS gen	-∞	3411,07	0
Traes_1DS_F4D0820FC	Tanımlanmamış	-∞	245,89	0
Traes_2AL_55644CC39	60s ribozomal protein	-∞	1036,19	0
Traes_2AS_53250F380	NADH dehidrojenaz	-∞	2615,06	0
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	-∞	1679,80	0
Traes_2BL_4AEA2109C	Plazma zarı ATPaz	-∞	639,54	0
Traes_2BL_C1D1054B1	Tanımlanmamış	-∞	727,93	0
Traes_2BL_E8D89B38E	ETO-1 protein	-∞	257,12	0
Traes_2BS_14D040D89	Tanımlanmamış	-∞	6892,54	0
Traes_2BS_72223D34B	sitokrom-c redüktaz	-∞	193,84	0
Traes_2BS_AFAD8012F	UDP-glikozil transferaz	-∞	4151,95	0
Traes_2BS_E574A08EF	Tanımlanmamış	-∞	659,57	0
Traes_2DL_9CF61DF21	Tanımlanmamış	-∞	378,04	0
Traes_2DL_C7DC0EAAD	N-alfa-asetiltransferaz	-∞	471,08	0
Traes_3AL_180BA5947	Tanımlanmamış	-∞	577,85	0
Traes_3AL_7165463B5	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	475,33	0
Traes_7BS_9C61A9363	Apositkrom b gen	-∞	1678,39	0
Traes_7DL_01350E267	LRR aile protein	-∞	393,25	0
Traes_7DL_98245621B	Tanımlanmamış	-∞	195,51	0
Traes_3AL_7391E6FD4	Fosfatidilinozitol transfer protein	+∞	0	28,95
Traes_3AL_888210166	Hekzokinaz gen	+∞	0	35,513
Traes_3AL_960841AED	Tanımlanmamış	+∞	0	110,77
Traes_3AL_A4DBE19F1	Tanımlanmamış	+∞	0	56,94
Traes_3AL_C729D25F8	MYB aile proteini	+∞	0	32,82
Traes_3AL_C85706CCD	Pseudoürüdin sentaz	+∞	0	47,58

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_3AL_CA6B6A8CE	Histon-lizin-N- metiltransferaz	+∞	0	84,79
Traes_3AL_D23DC53CB	HSP protein	+∞	0	50,38
Traes_3AL_DF5E3B023	Tanımlanmamış	+∞	0	22,58
Traes_3AL_E268D61E4	Tanımlanmamış	+∞	0	46,74
Traes_3AL_F7D4CB2D6	Embriyogenez-ilişkili protein	+∞	0	20,53
Traes_3AS_102EBF3DD	CCAAT TF	+∞	0	32,79
Traes_3AS_3155D0980	60S ribozomal protein	+∞	0	52,69
Traes_3AS_4310A2281	Tanımlanmamış	+∞	0	33,89
Traes_3AS_8C9A71217	Tanımlanmamış	+∞	0	31,01
Traes_3AS_CFF1B48E8	Tanımlanmamış	+∞	0	52,86
Traes_3AS_F0293A3A9	RLG gen	+∞	0	23,88
Traes_3AS_F4917FFB1	Potasyum-taşıyıcı 2	+∞	0	21,46
Traes_3DL_068AA8013	Tanımlanmamış	+∞	0	80,24
Traes_3DL_068AA80131	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	30,09
Traes_3DL_1D86669CA	Oksin yanıt faktörü	+∞	0	25,30
Traes_3DL_1FC3735D9	Tanımlanmamış	+∞	0	30,29
Traes_3DL_2DC78B18A	Tanımlanmamış	+∞	0	13,28
Traes_3DL_47CD28500	Tanımlanmamış	+∞	0	28,82
Traes_3DL_4BB74E4D6	Kalmodulin-bağlanma protein	+∞	0	18,04
Traes_3DL_663081CEA	Mannan sentaz	+∞	0	20,21
Traes_3DL_7D692A7FF	Tanımlanmamış	+∞	0	21,67
Traes_3DL_AE21424BF	Tanımlanmamış	+∞	0	6,73
Traes_3DL_E30A3F848	Tanımlanmamış	+∞	0	80,15
Traes_3DL_EA7C7F622	Tanımlanmamış	+∞	0	30,17
Traes_3DS_7180FD0FE	Tanımlanmamış	+∞	0	21,937
Traes_3DS_FC42D772D	Sitokin oksidaz/dehidrojenaz	+∞	0	45,073
Traes_4AL_273FA87E7	Çinko parmak süperail proteini	+∞	0	49,78
Traes_4AL_27B9F9512	Tanımlanmamış	+∞	0	15,72
Traes_4AL_2F479480C	Tanımlanmamış	+∞	0	68,82
Traes_4AL_31A9169D8	Tanımlanmamış	+∞	0	41,17
Traes_4AL_328B98F9F	Reseptör kinaz protein	+∞	0	13,08
Traes_4AL_4628E2B0C	Tanımlanmamış	+∞	0	9,867
Traes_4AL_5C7A4DA54	Karbonhidrat/Şeker taşıyıcı protein	+∞	0	15,81
Traes_4AL_5D769AED8	Tanımlanmamış	+∞	0	8,432

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_4AL_5EE7ECC8A	ATP-bağımlı DNA helikaz	+∞	0	18,12
Traes_4AL_84E91F1EC	Tanımlanmamış	+∞	0	30,76
Traes_4AL_8D58DA2DE	Prohibitin	+∞	0	9,16
Traes_4AL_8E903F7A9	LRR-reseptör protein kinaz	+∞	0	27,68
Traes_4AL_9056DB0D1	Tanımlanmamış	+∞	0	11,64
Traes_4AL_99A60A9FC	Kloroplast, genom	+∞	0	242,88
Traes_4AL_A080D61DB	Tanımlanmamış	+∞	0	12,72
Traes_4AL_A63352E3A	Etanolamin-fosfat citidililtransferaz	+∞	0	11,64
Traes_4AL_A74AC2EDC	RPP-13 protein gen	+∞	0	40,56
Traes_4AL_B90EB7EDB	Poli (ADP-riboz) glikohidrolaz	+∞	0	25,77
Traes_4AL_BA88ED79E	Tanımlanmamış	+∞	0	6,13
Traes_4AL_BBCC88533	MATE aile proteini	+∞	0	23,85
Traes_4AL_BC704AB76	Tanımlanmamış	+∞	0	33,72
Traes_4AL_C36A3933F	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	9,46
Traes_4AL_C428C4DF6	Serin karboksipeptidaz	+∞	0	9,17
Traes_4AL_EEF97B9DB	Tanımlanmamış	+∞	0	95,58
Traes_4AS_0C9282F0B	Tanımlanmamış	+∞	0	30,67
Traes_4AS_0D2D3EC13	Tanımlanmamış	+∞	0	29,19
Traes_4AS_188F2E3D8	Tanımlanmamış	+∞	0	81,94
Traes_4AS_189C692A4	Tanımlanmamış	+∞	0	17,35
Traes_4AS_276C3C522	CASP-benzeri protein	+∞	0	20,86
Traes_4AS_491EF4D7F	CDPK gen	+∞	0	21,91
Traes_4AS_501676A91	Çinko parmak domain	+∞	0	37,31
Traes_4AS_93E2E2D19	Protein disülfid izomeraz	+∞	0	15,73
Traes_4AS_9B8749CEB	Tanımlanmamış	+∞	0	29,32
Traes_4AS_AC5746DFA	Tanımlanmamış	+∞	0	37,417
Traes_4AS_B1C8CC7AD	Tanımlanmamış	+∞	0	14,6
Traes_4AS_BC5510ABB	Pektin esterase	+∞	0	58,62
Traes_4AS_BD5824F0C	SCAR	+∞	0	18,22
Traes_4AS_D5BE8C983	Tanımlanmamış	+∞	0	8,966
Traes_4AS_D9959802D	LEA protein	+∞	0	61,39
Traes_4AS_DEFEE6768	Tanımlanmamış	+∞	0	36,23
Traes_4AS_EF5C93EB5	Tanımlanmamış	+∞	0	21,24
Traes_4AS_F11702AE2	WRKY TF	+∞	0	18,55

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_4AS_F1B3DEB2E	Kasyon/proton değiştirici	+∞	0	39,379
Traes_4BL_4196F5469	Tanımlanmamış	+∞	0	25,08
Traes_4BL_96E75B0BD	Tanımlanmamış	+∞	0	32,84
Traes_4BL_C53429782	Tanımlanmamış	+∞	0	29,7
Traes_4BL_D8532AAB6	GDAP2 transkript	+∞	0	25,97
Traes_4BL_DA7D30615	Tanımlanmamış	+∞	0	34,76
Traes_4BL_ECB2A1411	Sülfat taşıyıcı, sülfat permeaz	+∞	0	32,59
Traes_4BS_0530D2E9D	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	113,33
Traes_4BS_18D43D3ED	Metal tolerans protein	+∞	0	29,23
Traes_4BS_1DCF82CB7	Karbonhidrat/Şeker taşıyıcı protein	+∞	0	11,25
Traes_4BS_1F365B23B	Beta-glikozidaz	+∞	0	42,44
Traes_4BS_205361E4F	Tanımlanmamış	+∞	0	67,12
Traes_4BS_29B89BEFF	1,4-dihidroksi tiyoesteraz	+∞	0	80,65
Traes_4BS_2B6A67E9F	1-aminosiklopropan-1-karboksilat oksidaz	+∞	0	48,38
Traes_4BS_3A8709BF2	MATE aile proteini	+∞	0	36,59
Traes_4BS_64C1860C6	Tanımlanmamış	+∞	0	11,36
Traes_4BS_64FB912EE	Ksiloglikan endotransglikozilaz	+∞	0	35,89
Traes_4BS_674C570B5	Tanımlanmamış	+∞	0	23,65
Traes_4BS_7BD8F662C	Tanımlanmamış	+∞	0	45,71
Traes_4BS_8A9AB17E3	Tanımlanmamış	+∞	0	21,65
Traes_4BS_8D99FAB9A	Tanımlanmamış	+∞	0	14,58
Traes_4BS_9BDCDFB99	Okzalit oksidaz gen	+∞	0	50,91
Traes_4BS_A2EE12A55	Asetil CoA bağlanma protein	+∞	0	16,88
Traes_4BS_AE99ED765	Tanımlanmamış	+∞	0	240,65
Traes_4BS_BD520ACFE	Kalmodulin gen	+∞	0	48,16
Traes_4BS_C65A1237F	Çinko parmak protein	+∞	0	21,63
Traes_4BS_D1279A1BC	Tanımlanmamış	+∞	0	15,43
Traes_4BS_D325D8F34	Tanımlanmamış	+∞	0	9,55
Traes_4BS_E367B8791	Lizin-spesifik dimetilaz	+∞	0	14,67
Traes_4BS_E6A1E95AC	NHX1 gen	+∞	0	16,23
Traes_4BS_E811DB673	NHX1 gen	+∞	0	18,01
Traes_4BS_EA294F807	ATP-NAD kinaz	+∞	0	10,03
Traes_4BS_EE6F1A2F8	Tanımlanmamış	+∞	0	8,07
Traes_4DL_4488A7886	3-okzoaçil sentaz	+∞	0	5,713

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_4DL_44AB91D93	Tanımlanmamış	+∞	0	8,92
Traes_4DL_9022C4AAB	Peptid-N-asparajin amidaz	+∞	0	61,06
Traes_4DL_9C9094BE1	Tanımlanmamış	+∞	0	79,56
Traes_4DL_CE24009DC	4-kumarat CoA ligaz	+∞	0	24,67
Traes_4DL_ED5D1D412	Tanımlanmamış	+∞	0	30,41
Traes_4DL_F8D79DD70	Tanımlanmamış	+∞	0	23,49
Traes_4DS_0338DC118	Fruktoz-6-fosfat aminotransferaz	+∞	0	22,34
Traes_4DS_0583E4A30	Tanımlanmamış	+∞	0	51,78
Traes_4DS_234713A1E	Prolamin gen	+∞	0	75,315
Traes_4DS_29B7D0F80	Prolin/LRR-reseptör protein kinaz	+∞	0	13,11
Traes_4DS_499BFBA36	Tanımlanmamış	+∞	0	13,88
Traes_4DS_7A128315E	Tanımlanmamış	+∞	0	22,66
Traes_4DS_9DA500BBC	DNA polimeraz katalitik alt ünitesi	+∞	0	8,74
Traes_4DS_B8B299754	Tanımlanmamış	+∞	0	31,98
Traes_4DS_D9E0AFEFD	Tanımlanmamış	+∞	0	36,59
Traes_4DS_DABE1C8C9	Tanımlanmamış	+∞	0	21,84
Traes_4DS_DBE824AE7	NBS-LRR protein	+∞	0	68,76
Traes_4DS_DC3C9DC42	WRKY TF	+∞	0	59,83
Traes_5AL_180BD7F29	Nerolidol sentaz	+∞	0	52,86
Traes_5AL_45BEDB1DF	Aminopeptidaz	+∞	0	84,78
Traes_5AL_B598F5A0D	Glutamat-reseptör	+∞	0	23,92
Traes_5AL_D5A6761A8	ADP-ribozilasyon faktör,GTPaz	+∞	0	12,11
Traes_5AL_ED21C722B	1,4-glikan fosforilaz	+∞	0	17,87
Traes_5AS_BD279FFF4	Tanımlanmamış	+∞	0	24,87
Traes_5AS_CA58D7F4B	Tanımlanmamış	+∞	0	10,71
Traes_5AS_EA4DD51011	Tanımlanmamış	+∞	0	12,55
Traes_5BL_05936B1FB	Sarkozin oksidaz	+∞	0	68,93
Traes_5BL_0B6F4D56C	Çinko metalloproteinaz	+∞	0	15,79
Traes_5BL_0E5D3382F	Tanımlanmamış	+∞	0	37,63
Traes_5BL_18D3F8F38	Lipid fosfataz	+∞	0	38,12
Traes_5BL_19F383CC71	Tanımlanmamış	+∞	0	103,71
Traes_5BL_1AE458202	MYB-ilişkili protein	+∞	0	41,062
Traes_5BL_32B427727	Tanımlanmamış	+∞	0	12,67
Traes_5BL_3B94337F4	Karbonil redüktaz	+∞	0	26,45
Traes_5BL_3DC0729AB	Hücre duvar ilişkili reseptör kinaz	+∞	0	20,342

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_5BL_3EDC2B2CE	Tanımlanmamış	+∞	0	30,305
Traes_5BL_4986C55FA	Tanımlanmamış	+∞	0	25,40
Traes_5BL_58CAE6F7B	Tanımlanmamış	+∞	0	8,309
Traes_5BL_5BEFAFA3B	Tanımlanmamış	+∞	0	215,82
Traes_5BL_6634A5AD6	Tanımlanmamış	+∞	0	22,01
Traes_5BL_685CE90DD	Tanımlanmamış	+∞	0	35,59
Traes_5BL_70BAAC7DE	Tanımlanmamış	+∞	0	20,02
Traes_5BL_8FDB9221C	bZIP TF	+∞	0	111,08
Traes_5BL_9C9CDAC7C	Tanımlanmamış	+∞	0	48,72
Traes_5BL_AAA14A11B	Sitokrom c	+∞	0	13,79
Traes_5BL_AABE48ABF	Sinamoil CoA redüktaz	+∞	0	9,854
Traes_5BL_ACECBE2EB	Lipid fosfataz	+∞	0	44,29
Traes_5BL_B04F686A8	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	32,78
Traes_5BL_B5E4588E5	Tanımlanmamış	+∞	0	28,71
Traes_5BL_B7BBD43E1	Tanımlanmamış	+∞	0	20,49
Traes_5BL_B8AB7C000	Tanımlanmamış	+∞	0	35,45
Traes_5BL_BA0980957	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	39,32
Traes_5BL_BEE0B65AC	İndol-3-gliserol fosfat liyaz	+∞	0	7,19
Traes_5BL_C94A0F1D4	Tanımlanmamış	+∞	0	59,57
Traes_5BL_D558B7306	Etilen reseptör (ETR3)	+∞	0	18,22
Traes_5BL_D693571C1	Çinko metalloproteinaz	+∞	0	39,051
Traes_5BL_D708F80491	Tanımlanmamış	+∞	0	30,67
Traes_5BL_E254CEA26	Kalsinörin fosfoesteraz	+∞	0	54,73
Traes_5BL_F5F93898F	MYB TF	+∞	0	55,62
Traes_5BL_F8DD28285	IAA-aminoasit hidrolaz	+∞	0	167,41
Traes_5BS_138B56F09	Tanımlanmamış	+∞	0	11,49
Traes_5BS_18A2B81B6	Büyüme düzenleyici faktör (GRF-1)	+∞	0	15,4261
Traes_5BS_32C0484DF	DNA tamir proteini	+∞	0	11,51
Traes_5BS_4AD5BD777	Tanımlanmamış	+∞	0	14,18
Traes_5BS_6BA4CE580	Lektin domain reseptör kinaz	+∞	0	61,38
Traes_5BS_736E9D9B4	Tanımlanmamış	+∞	0	25,11
Traes_5BS_F1D5DF2F2	Tanımlanmamış	+∞	0	19,51
Traes_5BS_F5AFB24CD	Tanımlanmamış	+∞	0	39,34
Traes_5DL_02D649D6E	Tanımlanmamış	+∞	0	118,05

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_5DL_034FFFB0B	Glikan 1,3-beta glikozidaz	+∞	0	52,64
Traes_5DL_0DD5BCE63	Aspartil aminopeptidaz	+∞	0	39,49
Traes_5DL_167F3C3CA	HatB1 gen, Histon asetiltransferaz	+∞	0	24,51
Traes_5DL_B413FD022	Ubikuitin protein kinaz	+∞	0	17,69
Traes_5DL_C92E862A2	Histon lizin-N-metiltransferaz	+∞	0	27,18
Traes_5DL_F01094904	Purin permeaz	+∞	0	15,76
Traes_5DL_F86DF1028	Çinko-bağımlı alkol dehidrojenaz	+∞	0	6,631
Traes_5DS_1121EE05F	Kalmodulin binding protein	+∞	0	25,10
Traes_5DS_3FC58EDF4	Tanımlanmamış	+∞	0	12,62
Traes_5DS_42DD4A630	3-beta hidroksi dehidrojenaz	+∞	0	52,98
Traes_5DS_471DBE96B	Ubikuitin protein kinaz	+∞	0	10,23
Traes_5DS_4C0377EDE	Tanımlanmamış	+∞	0	6,15
Traes_5DS_6E95737EE	Ubikuitin karboksil-terminal hidrolaz	+∞	0	13,38
Traes_5DS_9F4A5AE9F	Tanımlanmamış	+∞	0	87,85
Traes_5DS_A4C9A4476	Peroksidaz (Prx gen)	+∞	0	62,03
Traes_5DS_E6F70A971	Fosfatidilserin dekarboksilaz	+∞	0	9,27
Traes_5DS_E87A63ACD	Tanımlanmamış	+∞	0	29,15
Traes_5DS_E9025A862	Tanımlanmamış	+∞	0	28,50
Traes_5DS_EC160B45F	Tanımlanmamış	+∞	0	181,98
Traes_6AL_391580249	Tanımlanmamış	+∞	0	18,569
Traes_6AL_55386E4BB	Kondensin kompleks ünitesi	+∞	0	14,24
Traes_6AL_8262406D3	Protein translokaz	+∞	0	22,79
Traes_6AL_A846FC781	Siklik nükleotid iyon kanal	+∞	0	10,27
Traes_6AL_D40EB960A	ADP-ribozilasyon faktör, GTPaz	+∞	0	8,32
Traes_6AL_EB1C8B1D7	Mitokondri DNA, genom	+∞	0	394,58
Traes_6AL_FFB09C712	Tanımlanmamış	+∞	0	9,57
Traes_6AS_1A18EAD87	Lipoksijenaz	-∞	51,74	0
Traes_6AS_354D660A2	Magnezyum taşıyıcı	+∞	0	4,9344
Traes_6AS_3BAEA231B1	Metal-nikotinamin taşıyıcı	+∞	0	48,64
Traes_6AS_76E9EE813	Tanımlanmamış	+∞	0	82,06

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_6AS_CEE4B273F	Tanımlanmamış	+∞	0	12,95
Traes_6AS_E48EF5A7A	ERF1 gen	+∞	0	106,15
Traes_6AS_EA383369C1	Tanımlanmamış	+∞	0	34,64
Traes_6AS_F8DD3F06A	Glukuronik kinaz	+∞	0	21,63
Traes_6BL_1F1B6E7F8	Tanımlanmamış	+∞	0	27,47
Traes_6BL_B0DF8AAC2	Tanımlanmamış	+∞	0	14,81
Traes_6BL_C06F3EFD5	ATP sentaz CF-1 gen	+∞	0	62,5
Traes_6BS_1F8620694	Tanımlanmamış	+∞	0	95,43
Traes_6BS_5C281F303	TUB TF	+∞	0	71,677
Traes_6BS_940574472	Tanımlanmamış	+∞	0	28,51
Traes_6BS_99338C360	Tanımlanmamış	+∞	0	22,36
Traes_6BS_E0E44D3D8	RPP-13 protein gen	+∞	0	83,23
Traes_6BS_FAD6FC517	Tanımlanmamış	+∞	0	79,18
Traes_6DL_136DE13FB	TCP aile protein, TF	+∞	0	64,14
Traes_6DL_18E00F8E4	Çinko parmak domain	+∞	0	68,57
Traes_6DL_3374D6905	Tanımlanmamış	+∞	0	12,16
Traes_6DL_97E0EF6C6	Piro-fosfat bağımlı fosfofruktokinaz (PFP)	+∞	0	19,42
Traes_6DL_B3D45CAE0	Tanımlanmamış	+∞	0	47,33
Traes_6DL_BE21A689C	HSP protein	+∞	0	13,32
Traes_6DL_C998EE8BE	Tanımlanmamış	+∞	0	9,502
Traes_6DL_CE3BC00AB	60S ribozomal protein	+∞	0	70,05
Traes_6DS_02AD99F41	CCCH domain protein	+∞	0	22,18
Traes_6DS_03416621F	LRR-reseptör kinaz	+∞	0	34,972
Traes_6DS_0C91D05C0	Reseptör kinaz gen	+∞	0	38,76
Traes_6DS_8F05AE571	MYB-TF	+∞	0	55,48
Traes_6DS_91E3FEAEC	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	17,53
Traes_6DS_AFF0E5FF2	Fosfatidilserin dekarboksilaz	+∞	0	283,07
Traes_6DS_B7901A2D31	Siklik-nükleotid/iyon kanal protein	+∞	0	57,02
Traes_6DS_C3A6999AE	Tanımlanmamış	+∞	0	17,45
Traes_6DS_CA3F3EEF0	Siklik-nükleotid/iyon kanal protein	+∞	0	19,77
Traes_7AL_0CC1128B6	NF-X1 tip çinko parmak protein	+∞	0	84,73
Traes_7AL_28C9FA3AC	Tanımlanmamış	+∞	0	93,30
Traes_7AL_3363AD1E0	Aldehit oksidaz	+∞	0	7,908
Traes_7AL_520F78984	Tanımlanmamış	+∞	0	20,34
Traes_7AS_2E71FF758	Tanımlanmamış	+∞	0	16,09

Çizelge 1.1 Kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Kuraklık tane RPKM değeri
Traes_7AS_5A393AF17	ABC taşıyıcı	+∞	0	24,907
Traes_7AS_72C627AB6	Ubikuitin protein ligaz	+∞	0	17,32
Traes_7AS_B4593FBFF	Tanımlanmamış	+∞	0	49,573
Traes_7AS_C3138D7E5	Tanımlanmamış	+∞	0	261,6
Traes_7AS_FF757AF79	NBS-LRR protein	+∞	0	45,09
Traes_7BL_0459A249B	HSP protein	+∞	0	22,36
Traes_7BL_57F31555F	Tanımlanmamış	+∞	0	46,97
Traes_7BL_8C8697452	CCHC domain protein	+∞	0	57,13
Traes_7BS_653B8F9781	ERF1 gen	+∞	0	32,99
Traes_7BS_710049DFE	Tanımlanmamış	+∞	0	244,15
Traes_7BS_937CB56CF	Tanımlanmamış	+∞	0	15,91

Çizelge 1.2 Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_1AL_4207C2DCC	Tanımlanmamış	4,249	1097,78	4665,44
Traes_2AL_55644CC39	Tanımlanmamış	3,54	656,17	2323,87
Traes_5BL_DBC5D12AB	Klorofil a-b bağlanma protein	3,54	904,51	3203,40
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	3,541	4726,38	16738,85
Traes_6BS_27AAE5E2A	Kloroplast, genom	2,065	5162,17	10664,63
TRAES3BF007300490CFD	Tanımlanmamış	1,99	18905,55	37662,41
TRAES3BF007300510CFD	Tanımlanmamış	1,77	3646,65	6457,44
Traes_5BS_D51370B32	Ubikuitin protein ligaz	1,772	93,919	166,310
TRAES3BF053100120CFD	NADH dehidrojenaz	1,777	211,29	374,15
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	1,77	805,73	1426,78
Traes_2BL_OCCE42A38	Tanımlanmamış	1,82	151,96	269,09
Traes_3DS_2D152D7C4	Peptidil-prolil cis/trans izomeraz	1,77	319,41	565,61
Traes_5DL_0EB8336E9	Prolamin gen	1,76	440,63	780,27
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	1,74	142643,52	248236,21
Traes_7DL_CFEA482EE	Lizozomal Pro-X karboksipeptidaz	1,328	415,39	551,68
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	1,29	3366,38	4350,02
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	1,16	565812,02	658412,65
TRAES3BF007300030CFD	Kloroplast, genom	1,011	7885,70	7979,37
Traes_5AL_D3B6FE48E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-1,129	1640,37	1452,37
TRAES3BF037300030CFD	Tanımlanmamış	-1,317	18860,40	14313,31

Çizelge 1.2 Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-1,471	12413,22	8434,63
TRAES3BF007300450CFD	Tanımlanmamış	-1,48	306683,58	205992,50
Traes_2DL_559BABFD8	Tanımlanmamış	-1,61	4237,88	2626,53
Traes_1AL_F20F2F715	Tanımlanmamış	-1,69	1989,77	1174,49
Traes_4AS_491EF4D7F	CPK9 gen	-1,69	712,01	420,27
Traes_4BL_282E515551.1	Rubisco	-1,694	7089,583	4184,713
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	-1,72	116407,77	67584,69
TRAES_5DS_282E51555	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz	-3,38	8782,25	2591,91
Traes_2AS_B1E630276	İndol-2-monooksijenaz	-3,39	4310,33	1272,11
TRAES_3DL_0A92A2224	Fotosistem II CP43	-8,47	26772,90	3160,61
TRAES3BF003200030CF	Mitokondri DNA, genom	-∞	74,66232	0
TRAES3BF007300200CFD	Kloroplast, genom	-∞	1891,26	0
TRAES3BF007300220CFD	Kloroplast, genom	-∞	2417,211	0
TRAES3BF007300320CFD	Kloroplast, genom	-∞	13015,75	0
TRAES3BF012800030CFD	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	6605,85
TRAES3BF015400020CFD	Aldoz redüktaz	+∞	0	73,92
TRAES3BF024100140CFD	Tanımlanmamış	-∞	1498,27	0
TRAES3BF024700180CFD	Mitokondri DNA	-∞	10754,54	0
TRAES3BF024700240CFD	Mitokondri DNA	-∞	3384,09	0
TRAES3BF026000070CFD	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	1190,81
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz (atp1)	+∞	0	178,41
TRAES3BF037300020CFD	Mitokondri DNA	-∞	858,03	0
TRAES3BF037300040CFD	Tanımlanmamış	-∞	8968,44	0
TRAES3BF044200260CFD	Kloroplast, genom	+∞	0	448,45
TRAES3BF045900030CFD	Tanımlanmamış	-∞	3357,23	0
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	37,97
TRAES3BF066600010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	175,79
TRAES3BF074200130CFD	Kloroplast, genom	-∞	347,49	0
TRAES3BF091500080CFD	Kloroplast, genom	-∞	5287,68	0
TRAES3BF092500080CFD	Tanımlanmamış	-∞	113,07	0
TRAES3BF092700080CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	298,55
TRAES3BF094100030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	26,018
TRAES3BF096900160CFD	Kloroplast, genom	-∞	392,76	0
TRAES3BF099200010CFD	Beta-glikozidaz	+∞	0	102,39
TRAES3BF103800010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	87,405
TRAES3BF104200100CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	908,69

Çizelge 1.2 Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Kuraklık yaprak RPKM değeri
TRAES3BF109300010CFD	Tanımlanmamış	-∞	72,39	0
TRAES3BF178200070CFD	Mitokondri DNA	-∞	6609,56	0
Traes_1AL_A37AB3144	Kolin/etanolamin kinaz	-∞	315,13	0
Traes_1AS_B7AB828CB	MYB-like protein	-∞	645,49	0
Traes_1BL_432BBE427	Karbonil redüktaz	-∞	581,06	0
Traes_1BL_871946EC0	Mitokondri DNA	+∞	0	4567,46
Traes_1BL_A0A187E85	Glikozil transferaz	-∞	195,25	0
Traes_1BL_A7A180B22	Alkol dehidrojenaz	-∞	1739,59	0
Traes_1BL_EE469A92D	Tanımlanmamış	-∞	613,65	0
Traes_1BS_19899B6B7	Tanımlanmamış	-∞	451,45	0
Traes_1BS_2B4731927	Tanımlanmamış	+∞	0	154,42
Traes_1BS_76F5D4D2D	Glikojen sentaz kinaz	-∞	308,01	0
Traes_1BS_B2B5394E5	Glikozil transferaz	-∞	587,24	0
Traes_1DL_22FEED7F1	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	233,79	0
Traes_1DL_66A493AA4	Metiltransferaz, PMT7	-∞	234,35	0
Traes_1DL_73AAC8631	MAPK	-∞	282,01	0
Traes_1DL_84DBF561A	Tanımlanmamış	-∞	201,16	0
Traes_1DL_AD1D08A18	Tanımlanmamış	+∞	0	427,71
Traes_1DS_3FED9FC1C	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	175,57
Traes_1DS_66B67E9B41	LMW-GS gen	-∞	1080,03	0
Traes_1DS_9256376AB	Ubikuitin protein	-∞	1008,77	0
Traes_2AL_264BF03F4	Tanımlanmamış	-∞	712,94	0
Traes_2AL_2AA0872A7	Tanımlanmamış	-∞	324,06	0
Traes_2AL_8CBEE2F6B	Tanımlanmamış	+∞	0	1800,63
Traes_2AL_EB27BEF91	Tanımlanmamış	+∞	0	1279,72
Traes_2AS_0287FED2F	Tanımlanmamış	+∞	0	258,59
Traes_2AS_3F30521B9	Tanımlanmamış	-∞	596,07	0
Traes_2AS_6C86821B1	Glikozil transferaz	-∞	292,13	0
Traes_2BL_232323148	Ksiloglikozil transferaz	-∞	285,81	0
Traes_2BL_7713B3533	Tanımlanmamış	-∞	786,42	0
Traes_2BL_D48F61FF3	Ubikuitin protein	-∞	153,52	0
Traes_2BL_E14BABA16	Peroksizomal CoA sentaz	-∞	1182,97	0
Traes_2BS_6FC2B14A6	Lösin-tRNA ligaz	-∞	410,89	0
Traes_2BS_8281050F1	Tanımlanmamış	-∞	491,68	0
Traes_2BS_EE56B3887	Tanımlanmamış	-∞	1456,98	0
Traes_2DS_DC26EB88F	Tanımlanmamış	-∞	592,45	0
Traes_3AL_66A5CCFDB	Ubikuitin protein	-∞	121,84	0

Çizelge 1.2 Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_3AL_66B3C6DAF	MATE aile proteini	+∞	0	3840,09
Traes_3AL_97B4C8AC7	Tanımlanmamış	+∞	0	1414,67
Traes_3AL_D23DC53CB	HSP protein	-∞	545,58	0
Traes_3AS_57977E87E	Çinko parmak süperaile proteini	-∞	248,68	0
Traes_3DL_6324D70F2	Tanımlanmamış	-∞	369,87	0
Traes_3DL_714316B91	Beta-glikozidaz	+∞	0	3005,87
Traes_3DL_9DC1B5230	Kloroplast, genom	-∞	4708,85	0
Traes_3DL_B7E220606	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	244,02	0
Traes_3DS_9C173AB38	Triozfosfat izomeraz	-∞	392,64	0
Traes_4AL_99A60A9FC	psbC ve trnS gen	-∞	11835,56	0
Traes_4BL_1F7EA23DE	Sitokrom c oksidaz	+∞	0	8549,87
Traes_4BL_51CB77408	Kloroplast, genom	-∞	3467,31	0
Traes_4BL_664DEFDB8	Tanımlanmamış	-∞	362,27	0
Traes_4BL_7CFBDAD7B	Tanımlanmamış	+∞	0	2211,80
Traes_4BS_4040DC3F8	Tanımlanmamış	+∞	0	442,09
Traes_4BS_83E7A4E49	Tanımlanmamış	-∞	79,03	0
Traes_4BS_C20EA4DD0	Tanımlanmamış	+∞	0	233,11
Traes_4BS_DEACD7F0B	Glutasyon peroksidaz	-∞	81,77	0
Traes_4DL_FFD22A8D7	Glisin-RNA bağlanma proteini	-∞	883,72	0
Traes_4DS_3D34E7E83	GATA TF	-∞	406,61	0
Traes_4DS_77170C64A	Tanımlanmamış	-∞	323,73	0
Traes_4DS_DBC85DE54	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	566,53	0
Traes_5AL_0C84C364B	Tanımlanmamış	-∞	373,79	0
Traes_5AL_26DF5A2AA	Tanımlanmamış	+∞	0	486,82
Traes_5AL_33293FD90	Tanımlanmamış	-∞	213,03	0
Traes_5AL_3A60F49E5	Tanımlanmamış	-∞	439,11	0
Traes_5AL_669973CCB	Çinko parmak CCCH domain proteini	+∞	0	1554,43
Traes_5AL_6F523B4281	ARO-1 like protein	-∞	914,94	0
Traes_5AL_779F9BB3C	Ubikuitin-protein ligaz	-∞	93,77	0
Traes_5AL_8309AC091	Tanımlanmamış	-∞	372,58	0
Traes_5AL_EB683A676	Kloroplast, genom	-∞	4918,74	0
Traes_5BL_0F4F3F17F	Tanımlanmamış	-∞	626,37	0
Traes_5BL_24CF61E6A	Tanımlanmamış	+∞	0	665,04
Traes_5BL_2B62E8D38	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	828,31
Traes_5BL_5775485E4	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	1645,89

Çizelge 1.2 Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_5BL_623FB9090	Kloroplast, genom	-∞	247,27	0
Traes_5BL_93141D73E	EF-1 alpha	+∞	0	1810,79
Traes_5BL_B941CAFAE	Transmembran aile proteini	-∞	930,03	0
Traes_5BL_C44BF8BB6	Tanımlanmamış	-∞	423,57	0
Traes_5BL_C471B0521	Tanımlanmamış	-∞	264,10	0
Traes_5BS_017F8702A	Fruktoz-bifosfat aldolaz	+∞	0	1120,79
Traes_5BS_B86FEC403	Tanımlanmamış	+∞	0	2213,98
Traes_5DL_7681AF6A4	Tanımlanmamış	+∞	0	349,53
Traes_5DL_869343C81	F-box protein	-∞	83,57	0
Traes_5DL_997810D13	Kloroplast, genom	-∞	883,11	0
Traes_5DL_9B33FEEAA	Alkol dehidrojenaz	+∞	0	745,02
Traes_5DL_D893E1D80	Tanımlanmamış	-∞	1434,58	0
Traes_5DL_E5A482675	Tanımlanmamış	-∞	1697,70	0
Traes_5DL_E7DBBB54A	EF-1 alpha	-∞	345,12	0
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz	-∞	314,66	0
Traes_5DS_5E3A31B4B	Kloroplast, genom	+∞	0	38087,98
Traes_5DS_E0688C1DF	HSP protein	-∞	445,51	0
Traes_5DS_F020FB507	Kloroplast, genom	-∞	243,71	0
Traes_6AL_100118C24	Tanımlanmamış	+∞	0	377,23
Traes_6AL_13895C140	ERF-TF	-∞	135,66	0
Traes_6AL_461C9D776	Tanımlanmamış	-∞	0	403,66
Traes_6AL_746FA1E5E	Tanımlanmamış	-∞	213,71	0
Traes_6AL_E9BC69ADC	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	942,81
Traes_6BL_5979B5341	Kloroplast, genom	-∞	157535,4	0
Traes_6BS_EF51D2D2C	Tanımlanmamış	-∞	883,11	0
Traes_6DL_244C908B5	Çinko parmak protein	-∞	0	253,94
Traes_6DL_502CF6461	Senesens ilişkili protein	-∞	631,36	0
Traes_6DL_55B96A9DC	Omega-6 yağ asiti desaturaz	-∞	726,41	0
Traes_6DL_D9D1CB849	Kloroplast, genom	+∞	0	3665,89
Traes_7AL_8931B66EC	Tanımlanmamış	+∞	0	337,21
Traes_7AL_B3B78EE36	CPP TF	-∞	1022,17	0
Traes_7AS_34D476D5D1	EIL 1 gen	-∞	398,06	0
Traes_7AS_5E7A92F55	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	132,45	0
Traes_7AS_C0111D6A6	Mitokondri DNA, genom	-∞	1755,23	0
Traes_7BL_F8D5E60B1	Tanımlanmamış	+∞	0	278,80

Çizelge 1.2 Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_7DL_123407C04	Tanımlanmamış	+∞	0	735,09
Traes_7DL_3E8454774	NADH dehidrojenaz	-∞	678,26	0
Traes_7DL_59AF4BEE7	Sitokrom P450	-∞	313,96	0
Traes_7DL_67FC5F6F5	atpA&atp9 gen	-∞	8936,87	0
Traes_7DL_9100E37EC	Tanımlanmamış	-∞	166,86	0
Traes_7DL_B5E92D587	Tanımlanmamış	-∞	898,11	0
Traes_7DL_C0E245B1B	Tanımlanmamış	-∞	224,44	0
Traes_7DS_9DF85403B	HSP protein	-∞	249,71	0
Traes_7DS_D0A2F92D0	Tanımlanmamış	-∞	207,46	0

Çizelge 1.3 Kuraklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Kuraklık kök RPKM değeri
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	7,23	9958,27	72018,68
TRAES3BF007300450CFD	Tanımlanmamış	3,099	22281,63	69060,77
Traes_5DL_A51C04BEB	TaHSP	3,099	5297,26	16418,60
TRAES3BF109300050CFD	Tanımlanmamış	2,066	475,21	981,93
TRAES3BF062300010CFD	Prolamin gen	1,033	55,59	57,43
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	1,034	90,35	93,35
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	1,0345	35,879	37,069
Traes_1DS_9256376AB	Ubikuitin protein	1,0331	4250,86	4391,78
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	1,355	11692,82	15844,72
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	1,03	383,39	396,10
Traes_1AL_F20F2F715	Tanımlanmamış	-1,01	19564,36	19250,38
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-1,106	4865,87	4398,77
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	-1,21	51817,76	42828,38
TRAES3BF007300320CFD	Kloroplast, genom	-1,935	54847,11	28332,62
TRAES3BF007300490CFD	Tanımlanmamış	-1,93	59749,64	30865,15
TRAES3BF055300020CFD	Membran-iliskili kinaz	-1,94	2325,29	1201,18
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz	-7,74	5303,83	684,95
TRAES3BF013700020CFD	Subtilizin proteaz	-∞	5379,87	0
TRAES3BF015400020CFD	Aldoz redüktaz	+∞	0	151,46
TRAES3BF018900010CFD	Oksin responsive protein	+∞	0	5940,71
TRAES3BF020100160CFD	NAC TF	+∞	0	2751,42
TRAES3BF023700030CFD	Tanımlanmamış	-∞	572,17	0
TRAES3BF024700240CFD	Tanımlanmamış	-∞	14260,25	0
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz (atp1)	-∞	424,58	0

Çizelge 1.3 Kuraklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Kuraklık kök RPKM değeri
TRAES3BF037300020CFD	ATP sentaz; atpA&atp9 gen	-∞	3615,68	0
TRAES3BF045900030CFD	Kloroplast, genom	-∞	34061,11	0
TRAES3BF037300040CFD	Tanımlanmamış	-∞	18896,09	0
TRAES3BF045900030CFD	Kloroplast, genom	+∞	0	14616,04
TRAES3BF046300200CFD	Tanımlanmamış	-∞	550,95	0
TRAES3BF053800040CFD	Tanımlanmamış	-∞	365,59	0
TRAES3BF054300010CFD	Tanımlanmamış	-∞	4368,94	0
TRAES3BF054400020CFD	Tanımlanmamış	-∞	4368,94	0
TRAES3BF055800010CFD	Glikozil fosfatidilinozitol	+∞	0	1606,99
TRAES3BF061300030CFD	Tanımlanmamış	-∞	3650,23	0
TRAES3BF074200010CFD	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	188,61
TRAES3BF078500340CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	627,21	0
TRAES3BF089000150CFD	Kalsiyum-binding protein	-∞	9332,62	0
TRAES3BF098800150CFD	sitokrom c oksidaz	-∞	2667,12	0
TRAES3BF099200010CFD	Laktaz-florizin hidrolaz	+∞	0	125,87
TRAES3BF108600020CFD	Aquopirin TIP 1, Tonoplast protein	+∞	0	6416,79
TRAES3BF109300010CFD	BTR1-A gen	-∞	1220,21	0
TRAES3BF114000090CFD	Glutamik asit, lizin-rich protein	-∞	7655,82	0
TRAES3BF156000080CFD	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	204,92
TRAES3BF178200070CFD	Mitokondri DNA, genom	+∞	0	28775,32
TRAES3BF277500020CFD	RABC1	-∞	989,52	0
Traes_1AL_047E5779D	LCB-kinaz	-∞	1487,51	0
Traes_1AL_4A48DFED8	Sistein proteinaz	+∞	0	1600,94
Traes_1AL_AE0660A78	1,3-beta glikozidaz	+∞	0	1338,06
Traes_1AL_B4D55A0CE	Tanımlanmamış	-∞	821,56	0
Traes_1AS_787535721	Açıl-koenzim A oksidaz	-∞	2511,78	0
Traes_1BL_8F261F085	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	2566,12
Traes_1BL_903736130	Tanımlanmamış	+∞	0	1050,35
Traes_1BS_4BA296C26	TIR protein	-∞	2200,65	0
Traes_1BS_4D360B279	Tanımlanmamış	+∞	0	2695,05
Traes_1BS_716EA1208	Açıl-koenzim A oksidaz	-∞	1307,81	0
Traes_1BS_C012FD5DC	Kalmodulin-binding protein	-∞	1476,82	0

Çizelge 1.3 Kuraklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Kuraklık kök RPKM değeri
Traes_1DL_2FC3C0384	Ubikuitin protein	-∞	1022,87	0
Traes_1DL_A17D0D20B	Tanımlanmamış	-∞	1437,52	0
Traes_2AL_10BB42A37	GTP siklohidrolaz	+∞	0	1229,38
Traes_2AL_13660C467	Tanımlanmamış	-∞	880,26	0
Traes_2AL_2C4546D2D	Aldehit oksidaz 2 gen	+∞	0	542,29
Traes_2AL_438C50B63	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	704,43
Traes_2AL_AEC4712D0	Oksin-regülatör geni	+∞	0	2888,06
Traes_2AS_656B68D08	Kalmodulin gen	-∞	923,27	0
Traes_2AS_B1E630276	İndol-2-monooksijenaz	+∞	0	1563,78
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	-∞	1280,71	0
Traes_2BL_11A4F903B	Stearoil-ACP desaturaz	-∞	1026,21	0
Traes_2BL_36B344F6B	Tanımlanmamış	+∞	0	981,84
Traes_2BL_4E383EF28	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	2335,10
Traes_2BL_5A02DC176	Tanımlanmamış	-∞	647,33	0
Traes_2BL_5D736B4B7	Selüloz-sentaz	+∞	0	1541,10
Traes_2BL_9D4244027	ATP-bağımlı Clp proteaz	+∞	0	708,67
Traes_2BL_A6E213603	TaHSP	-∞	1266,60	0
Traes_2BL_C2D2837C1	BEACH domain-containing protein	-∞	2681,39	0
Traes_2BS_3DBC04D39	Na/H anti taşıyıcı gen	+∞	0	1227,74
Traes_2BS_ACFDA6B43	Aspartik proteaz	+∞	0	860,70
Traes_2DL_0C93B5995	Tanımlanmamış	-∞	1885,61	0
Traes_2DL_1EA41EBF9	Tanımlanmamış	-∞	2417,53	0
Traes_2DL_559BABFD8	Tanımlanmamış	+∞	0	922,50
Traes_2DL_615C1AD51	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	5073,34
Traes_2DL_8F04980F0	Stearoil-ACP desaturaz	-∞	5462,31	0
Traes_2DS_101D8A18B	CDPK gen	+∞	0	807,02
Traes_2DS_647E76847	ATP sentaz (atp1)	+∞	0	4783,43
Traes_2DS_6C633F436	SNF-1 ilişkili protein kinaz	+∞	0	1150,29
Traes_2DS_BA429F6E1	Tanımlanmamış	-∞	1652,02	0
Traes_2DS_C8CA39D44	Tanımlanmamış	-∞	2015,67	0
Traes_3AL_2C5D1D5D0	Mitokondri DNA, genom	+∞	0	1225,56
Traes_3AL_516137588	Tanımlanmamış	-∞	3789,93	0
Traes_3DL_1EDCAAD64	Tanımlanmamış	+∞	0	1602,33
Traes_3DL_2B0CC0C15	Tanımlanmamış	+∞	0	2104,71
Traes_3DL_2BC4CDDAA	40S ribozomal RNA	-∞	2912,63	0

Çizelge 1.3 Kuraklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Kuraklık kök RPKM değeri
Traes_3DL_A537E5B02	Tanımlanmamış	-∞	1070,48	0
Traes_3DL_AD4084371	Tanımlanmamış	+∞	0	633,80
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	+∞	0	33232,25
Traes_3DL_FAAC17C77	Potasyum-taşıyıcı 2	-∞	833,60	0
Traes_4AL_F46203719	Fitokrom A gen	-∞	1399,34	0
Traes_4AL_F76A240AC	Tanımlanmamış	-∞	8576,73	0
Traes_4AL_F7B454B53	Tanımlanmamış	-∞	1536,22	0
Traes_4AS_16202D672	Tanımlanmamış	+∞	0	1175,50
Traes_4AS_45B3A61CD	UDP-3-O-N-asetilglikozamin deasetilaz	-∞	288,24	0
Traes_4AS_491EF4D7F	CDPK gen	+∞	0	1033,27
Traes_4AS_74D7D85D8	Metiltransferaz, PMT7	+∞	0	2831,08
Traes_4AS_93108583B	Lizin-spesifik demetilaz	-∞	1332,56	0
Traes_4AS_F99AF4A66	Ksiloglikozil transferaz	-∞	1345,30	0
Traes_4BL_148FF45FB	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	1486,77
Traes_4BL_1F7EA23DE	Sitokrom c oksidaz	-∞	6781,98	0
Traes_4BL_335FA152B	Tanımlanmamış	+∞	0	2917,03
Traes_4BL_51CB77408	Kloroplast, genom	-∞	14610,91	0
Traes_4BL_C62EB55A7	EIL 1 gen	+∞	0	5036,33
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	-∞	51091,66	0
Traes_4BS_6F7B95E38	Tanımlanmamış	-∞	1278,71	0
Traes_4BS_A834E1175	Tanımlanmamış	-∞	664,46	0
Traes_4BS_F30EEB99D	Tanımlanmamış	+∞	0	1133,77
Traes_4DL_0F92D6E2B	Tanımlanmamış	+∞	0	822,88
Traes_4DL_38A330258	Tanımlanmamış	+∞	0	1055,97
Traes_4DL_5C688784F	Patojen-iliskili protein	-∞	4250,86	0
Traes_4DL_64508CBF1	Tanımlanmamış	+∞	0	2277,35
Traes_4DL_DBA53B48C	Tanımlanmamış	-∞	2352,65	0
Traes_4DS_EB7A5C35C	HC1 gen	+∞	0	625,47
Traes_5AL_2DF2D40C9	S-açıl transferaz	-∞	1185,71	0
Traes_5AL_51BC20B3D	Tanımlanmamış	+∞	0	1976,69
Traes_5AL_66D8F6463	ATP-sülfürlaz	-∞	2066,31	0
Traes_5AL_CC12189FF	Tanımlanmamış	+∞	0	1680,822
Traes_5BL_04BDEB5D8	GRAS TF	-∞	588,2941	0
Traes_5BL_06F9CDF0F	Tanımlanmamış	+∞	0	1907,09
Traes_5BL_0B6F4D56C	Tanımlanmamış	-∞	720,61	0
Traes_5BL_679C187B0	Sistein proteinaz	+∞	0	1797,28

Çizelge 1.3 Kuraklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Kuraklık kök RPKM değeri
Traes_5BL_82697AC2F	Tanımlanmamış	-∞	4711,53	0
Traes_5BL_907ADD45D	Oksin-transport protein	+∞	0	1088,85
Traes_5BL_93141D73E	Tanımlanmamış	+∞	0	4451,94
Traes_5BL_CF5A8348D	Tanımlanmamış	-∞	3608,36	0
Traes_5BL_EC6277E0E	Tanımlanmamış	-∞	2396,94	0
Traes_5BS_DFCC9863A	TaHSP	-∞	1294,81	0
Traes_5BS_F7BD8AF61	Tanımlanmamış	+∞	0	2709,26
Traes_5DL_154741703	Aldehit oksidaz, İndol aetaldehit oksidaz	-∞	3143,79	0
Traes_5DL_61509ABD3	Tanımlanmamış	+∞	0	1489,18
Traes_5DL_738F45D75	Tanımlanmamış	+∞	0	1068,01
Traes_5DL_BC355967A	Yağ asiti-dioksijenaz	+∞	0	647,24
Traes_5DL_D893E1D80	Tanımlanmamış	-∞	2418,08	0
Traes_5DS_669F20907	Tanımlanmamış	+∞	0	357,71
Traes_5DS_955830536	Kalsiyum-taşıyıcı ATPaz	+∞	0	2089,19
Traes_5DS_A0D62F2C4	Tanımlanmamış	-∞	362,45	0
Traes_6AL_362B70E63	bZIP protein gen	-∞	472,19	0
Traes_6AL_746FA1E5E	Tanımlanmamış	+∞	0	930,42
Traes_6AS_42E1FB04C	Tanımlanmamış	+∞	0	499,49
Traes_6AS_68F131CA5	Tanımlanmamış	+∞	0	1507,05
Traes_6AS_D0CD3E6F6	GPI-anchor transamidaz	-∞	737,09	0
Traes_6BL_5979B5341	Kloroplast, genom	+∞	0	38102,5
Traes_6BL_C06F3EFD5	Kloroplast, genom	+∞	0	5896,33
Traes_6BL_F9C5225EC	Tanımlanmamış	-∞	4437,88	0
Traes_6DL_24A8AB125	Glutamin sentetaz	-∞	1564,08	0
Traes_6DL_502CF6461	Senesens-ilişkili protein	-∞	2660,49	0
Traes_6DL_804FB7F75	AGO1 protein	-∞	641,12	0
Traes_6DS_11E957F4D	Sinnoil CoA redüktaz	+∞	0	606,06
Traes_6DS_5029722FE	Metil-CpG proteini	+∞	0	357,38
Traes_7AL_078EA92F5	Mitokondri DNA	+∞	0	13409,86
Traes_7AL_28BE3C9DC	Tanımlanmamış	+∞	0	91212,34
Traes_7AL_917E4394E	NADH dehidrojenaz	+∞	0	2204,654
Traes_7AL_9519EF0FE	Triasilgliserol lipaz	-∞	1411,34	0
Traes_7AL_ADAC59D80	Tanımlanmamış	-∞	1002,36	0
Traes_7AS_45F0BB787	Lektin reseptör kinaz, Sitokrom P450 gen	+∞	0	9185,14

Çizelge 1.3 Kuraklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Kuraklık kök RPKM değeri
Traes_7BL_870E640C5	TaHSP	$+\infty$	0	496,39
Traes_7BL_9A17AF54E	S-açıl transferaz	$+\infty$	0	973,37
Traes_7BS_9C61A9363	Apositokrom b	$+\infty$	0	4627,18
Traes_7BS_BC0866ABB	Glutamat 1-semialdehit amintransferaz	$+\infty$	0	3098,63
Traes_7BS_DCB54C292	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	1056,58
Traes_7DL_32EEA9748	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	547,82
Traes_7DL_67FC5F6F5	Mitokondri DNA, genom	$+\infty$	0	6484,58
Traes_7DS_8E2BD8C64	Kloroplast, genom	$-\infty$	36627,35	0

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
TRAES3BF109300050CFD	Tanımlanmamış	8,35	178,08	1488,46
TRAES3BF094100030CFD	Tanımlanmamış	7,16	46,406	332,457
TRAES3BF078300040CFD	Asetil CoA dehidrogenaz	5,77	956,56	5520,43
TRAES3BF099200010CFD	Beta-glikozidaz	3,68	228,29	840,45
TRAES3BF055300020CFD	Membran-ilişkili kinaz	3,25	871,40	2839,61
TRAES3BF060100060CFD	Fosfoinozitol-pentakisfosfat kinaz	3,18	64,38	205,01
TRAES3BF098900070CFD	Subtilizin-like proteaz	2,88	130,74	377,26
TRAES3BF156000080CFD	Tanımlanmamış	2,71	297,33	806,18
Traes_7BS_F6F45F868	Glutamat reseptör	2,487	314,79	783,07
TRAES3BF002500020CFD	Tanımlanmamış	2,22	344,46	767,74
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	2,19	372,47	818,72
TRAES3BF015400020CFD	Aldolaz redüktaz	1,99	362,59	722,66
TRAES3BF118000020CFD	Tanımlanmamış	1,99	385,46	767,07
TRAES3BF265900020CFD	Kumaroil transferaz	1,98	249,87	497,26
TRAES3BF097100010CFD	Kloroplast, sitokrom b	1,95	252,42	489,77
TRAES3BF277500020CFD	<i>RABC1</i>	1,824	222,49	405,87
TRAES3BF020800020CFD	Serin/Treonin protein kinaz	1,705	443,92	757,31
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	1,51	537,83	816,11
TRAES3BF053800040CFD	Tanımlanmamış	1,502	1370,08	2058,42
TRAES3BF024400010CFD	Light-mediated development protein	1,49	56,99	85,06
TRAES3BF047400060CFD	Tanımlanmamış	1,39	95,053	132,41
TRAES3BF117900080CFD	SCAR	1,393	191,60	266,911
TRAES3BF136800060CFD	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz	1,393	726,353	1011,82

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_5AL_CC13CD0E3	<i>Glikozil fosfatidilinozitol</i>	1,194	80,99	96,707
TRAES3BF076800050CFD	Tanımlanmamış	1,09	203,30	222,52
TRAES3BF086300010CFD	Tanımlanmamış	1,045	120,77	126,18
Traes_5BL_0D3F2CF69	Asit fosfataz	1,047	247,28	258,35
TRAES3BF063900050CFD	Tanımlanmamış	1,043	196,52	205,316
Traes_6DS_6E145187F	Siklik-nükleotid/iyon kanal protein	-1,01	168,19	167,35
TRAES3BF097900010CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-1,06	926,92	866,96
TRAES3BF062300010CFD	Tanımlanmamış	-1,11	250,00	225,95
Traes_7BL_940485EBC	Tanımlanmamış	-1,25	97,89	77,921
TRAES3BF086600040CFD	Tanımlanmamış	-1,31	2690,24	2052,23
TRAES3BF058200070CFD	Tanımlanmamış	-1,32	2550,92	1929,03
TRAES3BF052200030CFD	Tanımlanmamış	-1,43	590,45	411,25
TRAES3BF093200020CFD	Nükleobaz askorbat taşıyıcı	-1,436	148,95	103,74
Traes_6AS_B0C62BBB8	Protein transport	-1,67	74,1	44,24
TRAES3BF056300050CFD	Tanımlanmamış	-2,01	863,61	429,65
Traes_2AS_F7FFA3233	Tanımlanmamış	-2,12	116,99	58,20
Traes_2BS_5B4DC015B	UDP-Glikoziltransferaz	-2,02	503,77	250,63
Traes_6DL_D74F0C687	Tanımlanmamış	-2,01	103,34	51,41
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz (atp1)	-2,04	3659,56	1788,99
TRAES3BF109300010CFD	<i>BTR1-A gen</i>	-2,40	1257,50	523,24
TRAES3BF078500340CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-2,512	235,04	93,549
TRAES3BF031700030CFD	Tanımlanmamış	-2,51	1075,11	427,91
TRAES3BF078900050CFD	PP2C protein fosfataz	-2,87	312,68	108,89
TRAES3BF058100060CFD	Tanımlanmamış	-3,35	510,18	152,29
TRAES3BF114600110CFD	Tanımlanmamış	-3,35	2231,63	666,15
TRAES3BF024300030CFD	Lösın-rich repeat protein kinaz	-3,35	333,25	99,47
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-4,31	683,81	158,75
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	-4,36	1436,77	328,81
TRAES_3DL_0A92A2224	Fotosistem II CP43, klorofil apoprotein	-5,02	1409,28	280,45
TRAES3BF007300030CFD	Kloroplast, genom	-5,03	889,48	177,01
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz, EGY1 gen	-6,700	496,90	74,163
TRAES3BF117100190CFD	SCAR (Suppressor of cAMP Receptor) protein	-7,55	574,87	76,26
Traes_1DL_66A493AA4	Metiltransferaz; PMT7	-10,05	740,1692	73,64
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	-10,05	12054,18	1199,41
TRAES3BF007300490CFD	Tanımlanmamış	-10,05	26123,01	2599,27
TRAES3BF109300020CFD	Tanımlanmamış	-10,05	141,7161	14,11
TRAES3BF007300450CFD	Tanımlanmamış	-10,88	108550,4	9970,08

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_6DS_393733E7C	BEACH domain protein	-13,41	288,27	21,51
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	-20,10	14927,43	742,65
Traes_1DS_66B67E9B41	LMW-GS gen	-20,10	3411,07	169,71
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	-27,63	42721,1	1545,75
Traes_1AL_F20F2F715	Metiltransferaz, PMT7	-28,89	8029,99	277,91
Traes_3DS_2D152D7C4	Peptidil-prolil cis/trans izomeraz	-30,15	1513,22	50,189
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	-30,15	38293,15	1270,07
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	-35,17	1679,8	47,75
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	-42,21	8906,71	211,01
TRAES3BF037300030CFD	Tanımlanmamış	-100,51	42547,94	423,35
Traes_1AL_074FF2020	Tanımlanmamış	-∞	289,59	0
Traes_1AL_0BE456AC0	HD-ZIP protein	+∞	0	18,92
Traes_1AL_3D34ABA52	GTP-bağlanma proteini	+∞	0	54,78
Traes_1AS_4C784AA40	Kloroplast, genom	+∞	0	22,95
Traes_1AS_7DC2CB902	Tanımlanmamış	+∞	0	25,34
Traes_1AS_858D1842B	DNA glikozilaz (DME-5A gen)	+∞	0	14,87
Traes_1AS_9EB5D8230	Tanımlanmamış	+∞	0	23,69
Traes_1AS_A3DCEEB591	Tanımlanmamış	+∞	0	20,58
Traes_1BL_12E87565E	<i>RABC1</i>	+∞	0	20,01
Traes_1BL_132A7A5C3	Tanımlanmamış	+∞	0	47,01
Traes_1BL_4DAEB4A34	Giberellin 2-oksidad	+∞	0	61,91
Traes_1BL_FE64E1156	Tanımlanmamış	-∞	355,	0
Traes_1BS_0A4CE3B63	CENP-E kinetokor protein gen	+∞	0	43,49
Traes_1BS_2B4731927	Tanımlanmamış	+∞	0	41,11
Traes_1BS_51DD23078	LRR protein	+∞	0	16,78
Traes_1BS_55E55FB50	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	22,65
Traes_1BS_8A9B3CE82	CPP gen	-∞	448,02	0
Traes_1BS_F348B884F	Tanımlanmamış	+∞	0	18,57
Traes_1DL_13B9E0A10	Kloroplast, genom	+∞	0	478,18
Traes_1DL_DC1094068	N-asetiltransferaz	+∞	0	24,56
Traes_1DL_EBC2C25C9	Lizin-spesik dimetilaz	+∞	0	32,27
Traes_1DL_F06343530	AMP-deaminaz	-∞	501,81	0
Traes_1DS_047DA63CE	Fosfolipaz D aile protein	+∞	0	63,64
Traes_1DS_3CC12E215	Tanımlanmamış	+∞	0	25,6
Traes_1DS_475F92381	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	23,91

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_1DS_497F94DE1	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	19,61
Traes_1DS_5833EEE5F	GDSL estera/lipaz	$+\infty$	0	50,43
Traes_1DS_67B7153A8	Prolamin gen	$-\infty$	2127,397	0
Traes_1DS_6A34418EB	Fosfopantetenil transferaz	$+\infty$	0	25,71
Traes_1DS_D2009AEB8	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	20,84
Traes_1DS_F06412EB7	Büyüme faktör-beta reseptör ilişkili protein	$+\infty$	0	33,82
Traes_1DS_F4D0820FC	Tanımlanmamış	$-\infty$	245,89	0
Traes_2AL_078F7275E	Tirozin-tRNA ligaz	$+\infty$	0	72,65
Traes_2AL_0C6D6F7EA	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	69,24
Traes_2AL_3335311FF	LRR-reseptör protein kinaz	$+\infty$	0	36,91
Traes_2AL_F10646267	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	19,31
Traes_2AL_F9980AFB2	RG2 protein	$+\infty$	0	26,16
Traes_2AS_36F44A53A	5'-adenilsülfat redüktaz	$+\infty$	0	70,96
Traes_2AS_3FC833539	UDP-Glikozil transferaz	$+\infty$	0	162,24
Traes_2AS_53250F380	NADH dehidrojenaz	$-\infty$	2615,06	0
Traes_2AS_E826C62BB	Aktin 1 gen (ACT-1)	$+\infty$	0	391,75
Traes_2AS_EB431B6B5	Apiraz (APY) gen	$+\infty$	0	49,29
Traes_2AS_F37A49C29	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	344,98
Traes_2BL_0E331E237	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	81,72
Traes_2BL_1B972CFFE	DDRGK domain protein	$+\infty$	0	70,73
Traes_2BL_2ECC216F7	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	58,81
Traes_2BL_B2072238F	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	170,86
Traes_2BL_C1D1054B1	Tanımlanmamış	$-\infty$	727,93	0
Traes_2BL_C3040D730	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	17,31
Traes_2BL_C6263F179	GHLK ATPaz	$+\infty$	0	14,06
Traes_2BL_D825E747B	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	211,02
Traes_2BL_E00099FCE	Gama-tubulin protein	$+\infty$	0	8,75
Traes_2BL_E8D89B38E	ETO-1 protein (ethylene-over production protein)	$-\infty$	257,12	0
Traes_2BL_F218041E9	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	58,13
Traes_2BL_F58ADB135	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	24,78
Traes_2BS_0A54709E9	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	12,26
Traes_2BS_0EFFAAE28	RPP-13 protein gen	$+\infty$	0	39,95
Traes_2BS_1296C983D	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	30,66
Traes_2BS_14D040D89	Tanımlanmamış	$-\infty$	6892,54	0
Traes_2BS_167A31F21	Piruvat kinaz, sitozolik izoenzim	$+\infty$	0	65,87

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_2BS_86D242824	Stres-ilişkili protein	$+\infty$	0	94,19
Traes_2BS_8B17AED86	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	70,79
Traes_2BS_8D135783E	Serin/treonin protein kinaz	$+\infty$	0	25,61
Traes_2BS_93216D5CB	NHX1 gen, Na/H taşıyıcı	$+\infty$	0	17,35
Traes_2BS_AFAD8012F	UDP-glikozil transferaz	$-\infty$	4151,95	0
Traes_2BS_B43819585	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	13,31
Traes_2BS_B622FB073	RGA-4 (disease resistance protein)	$+\infty$	0	35,83
Traes_2BS_F9AB13B26	ATP-bağımlı fosfofruktokinaz	$+\infty$	0	42,33
Traes_2DL_33C671012	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	53,81
Traes_2DL_39B7D31D4	Serin/treonin fosfataz	$+\infty$	0	26,26
Traes_2DL_4669E54E1	Serin/treonin fosfataz	$+\infty$	0	33,02
Traes_2DL_C7DC0EAAD	N-alfa-asetiltransferaz	$-\infty$	471,08	0
Traes_2DL_E616642B6	Ubikuitin protein	$+\infty$	0	35,67
Traes_2DL_FC9E2C07B	Sitokrom P450	$+\infty$	0	23,97
Traes_2DS_0F2C6A075	Sistein-rich reseptör protein kinaz	$+\infty$	0	59,79
Traes_2DS_1E247C42B	ABC taşıyıcı	$+\infty$	0	23,56
Traes_2DS_76C394849	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	98,32
Traes_2DS_CC183DA5C	Serin/treonin protein kinaz	$+\infty$	0	128,06
Traes_2DS_D37817094	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	126,24
Traes_3AL_180BA5947	Tanımlanmamış	$-\infty$	577,85	0
Traes_3AL_361B88403	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	52,82
Traes_3AL_63E53F065	Çinko parmak CHY domain protein	$+\infty$	0	77,33
Traes_3AL_66E3B2DBE	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	130,41
Traes_3AL_7165463B5	ATP-bağımlı RNA helikaz	$-\infty$	475,33	0
Traes_3DL_04A6DAE87	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	286,08
Traes_3DL_068AA80131	Serin/treonin protein kinaz	$+\infty$	0	51,19
Traes_3DL_068AA80131	Serin/treonin protein kinaz	$+\infty$	0	68,26
Traes_3DL_2BA54361D	Şikimat dehidrojenaz	$+\infty$	0	12,89
Traes_3DL_4E3B33975	Karbon katabolit protein kinaz	$+\infty$	0	63,22
Traes_3DL_542514A64	Glutamin sentetaz	$-\infty$	354,06	0
Traes_3DL_98A98C06F1	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	158,63

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_3DL_D2A9689A9	Mikrotübül ilişkili protein	+∞	0	59,04
Traes_3DL_ED2167268	Fosfatidilinozitol protein	+∞	0	189,36
Traes_3DL_FF8D531BA	Tanımlanmamış	+∞	0	74,71
Traes_3DS_2D0C6511B	Tanımlanmamış	-∞	3578,58	0
Traes_3DS_3BCB7698D	Tanımlanmamış	+∞	0	177,08
Traes_3DS_525C27691	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	51,49
Traes_3DS_6B271B570	Tanımlanmamış	+∞	0	27,59
Traes_3DS_A9E79CB5F	Ubikuitin protein-ligaz	+∞	0	50,11
Traes_4AL_03D0B9AAA	Kloroplast, genom	+∞	0	31,08
Traes_4AL_073B58EAA	Oligopeptid taşıyıcı	+∞	0	20,28
Traes_4AL_27B9F9512	Tanımlanmamış	+∞	0	53,51
Traes_4AL_2F479480C	Tanımlanmamış	+∞	0	39,03
Traes_4AL_38AADA33F	Tanımlanmamış	+∞	0	91,55
Traes_4AL_4B23E74CF	Tanımlanmamış	-∞	294,88	0
Traes_4AL_5ACF4B16A	Klorit kanal protein	+∞	0	49,98
Traes_4AS_0C9282F0B	Tanımlanmamış	+∞	0	104,37
Traes_4AS_151E507DC	CAS1 domain protein	+∞	0	21,64
Traes_4AS_1843B1EFB	Yağ asiti alfa-dioksijenaz	+∞	0	78,56
Traes_4AS_188F2E3D8	Tanımlanmamış	+∞	0	69,71
Traes_4AS_2D88ED3F8	Tanımlanmamış	-∞	2985,11	0
Traes_4AS_491EF4D7F	CDPK gen	+∞	0	37,29
Traes_4AS_4935EA969	Tanımlanmamış	+∞	0	119,83
Traes_4AS_F1B3DEB2E	Katyon/proton değiştirici	+∞	0	89,33
Traes_4BL_042C2D5EC	Tanımlanmamış	+∞	0	34,84
Traes_4BL_1A996E4B5	Glutamil endopeptidaz	+∞	0	29,89
Traes_4BL_1F7EA23DE	Sitokrom c oksidaz	+∞	0	252,88
Traes_4BL_1F987A0241	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	78,62
Traes_4BL_2ACE03C35	Tanımlanmamış	-∞	2719,14	0
Traes_4BL_5910480FE	Karnon-katabolit protein kinaz	+∞	0	24,45
Traes_4BL_760B2B3C8	Tanımlanmamış	+∞	0	47,33
Traes_4BL_7FE25C6A2	Potasyum taşıyıcı	+∞	0	63,99
Traes_4BS_1A326AD19	Tanımlanmamış	+∞	0	97,74
Traes_4BS_8ECA5CA30	Tanımlanmamış	+∞	0	11,11
Traes_4BS_EE6F1A2F8	Tanımlanmamış	+∞	0	27,48
Traes_4DL_021634BC0	Yağ asiti CoA-redüktaz	+∞	0	33,98

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_4DL_1A94A55AA	ABC taşıyıcı	$+\infty$	0	61,91
Traes_4DL_2FB4B910F	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	78,38
Traes_4DL_390017592	Poliol taşıyıcı	$+\infty$	0	216,51
Traes_4DL_3E52FD9F4	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	31,89
Traes_4DL_453E3B607	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	55,46
Traes_4DL_52DE58ED5	RPS-2 gen	$+\infty$	0	38,71
Traes_4DS_35269C392	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	34,69
Traes_4DS_41A31690D	MAPK	$+\infty$	0	26,01
Traes_4DS_499BFBA36	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	23,62
Traes_4DS_6DA6135AA	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	19,24
Traes_4DS_BEE8271EE	Sistein-reseptör protein kinaz	$+\infty$	0	14,21
Traes_4DS_C4873CB9E	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	20,36
Traes_4DS_DC3C9DC42	WRKY TF	$+\infty$	0	92,55
Traes_4DS_EF6AEA8A0	Ubikuitin protein ligaz	$+\infty$	0	31,83
Traes_5AL_3FE725FD4	Lektin-domain reseptör kinaz	$+\infty$	0	23,78
Traes_5AL_45BEDB1DF	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	28,85
Traes_5AL_505D61E58	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	169,27
Traes_5AL_720FE71E5	ABC taşıyıcı	$+\infty$	0	17,25
Traes_5AL_78644A5C4	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	63,41
Traes_5AL_7F8E591BF	Palmitoil-protein tiyoesteraz	$-\infty$	643,54	0
Traes_5AL_8349DE248	Ornitin aminotransferaz	$-\infty$	442,19	0
Traes_5AS_EA4DD51011	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	106,84
Traes_5BL_0194534D9	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	203,26
Traes_5BL_0B6F4D56C	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	80,61
Traes_5BL_0F1D60826	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	76,94
Traes_5BL_10BF821D1	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	42,04
Traes_5BL_1187EA2151	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	188,47
Traes_5BL_14259A602	SDR aile proteini, tropinon redüktaz	$+\infty$	0	19,72
Traes_5BL_1A9D2AC10	Fosfataz (PP2C9)	$+\infty$	0	75,44
Traes_5BL_1CCC2E0A4	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	103,05
Traes_5BL_2218E73E9	CTP sentaz	$+\infty$	0	37,07
Traes_5BL_2C0EE3A83	tRNA deaminaz/sitidin deaminaz (CDA-1)	$+\infty$	0	73,52
Traes_5BL_2D977C074	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	75,67
Traes_5BL_2F6B306DD	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	156,51
Traes_5BL_57FAA23EE	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	49,76

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_5BL_5897DA404	Transkripsiyon elongation faktör (TFIIS)	-∞	407,07	0
Traes_5BL_60921CDDDB	Serin/treonin protein fosfataz	+∞	0	26,81
Traes_5BL_6634A5AD6	Tanımlanmamış	+∞	0	12,48
Traes_5BL_6CEB4802B	Tanımlanmamış	+∞	0	49,516
Traes_5BL_79B6BC941	Çinko parmak MYND domain protein	+∞	0	61,14
Traes_5BL_882CFC7EB	Glutamat reseptör protein	+∞	0	9,98
Traes_5BL_94F42F9A7	Tanımlanmamış	+∞	0	32,21
Traes_5BL_9F5869751	Ubikuitin protein ligaz	+∞	0	72,35
Traes_5BL_ACECBE2EB	Lipid fosfataz	+∞	0	75,35
Traes_5BL_B4DB3EBE0	Açıl-ACP-desaturaz	+∞	0	118,83
Traes_5BL_BC9BBC101	Tanımlanmamış	+∞	1726,11	0
Traes_5BL_BEE0B65AC	indol-3-gliserol fosfat liyaz	+∞	0	12,24
Traes_5BL_BF6BA47D7	RGA2 protein (disease resistance protein)	+∞	0	6,61
Traes_5BL_C02F72871	RGA2 protein (disease resistance protein)	-∞	367,03	0
Traes_5BL_CBFAD4B59	bHLH aile proteini	+∞	0	89,49
Traes_5BL_F5F93898F	MYB TF	+∞	0	47,32
Traes_5BS_18A2B81B6	Büyüme düzenleyici faktör (GRF-1)	+∞	0	26,24
Traes_5BS_21DB8A725	Tanımlanmamış	+∞	0	76,72
Traes_5DL_02D649D6E	Tanımlanmamış	+∞	0	114,78
Traes_5DL_130F4D1F9	ATP-bağımlı DNA helikaz	+∞	0	66,46
Traes_5DL_27372150C	ATP-bağımlı-6-fosfofruktokinaz	+∞	0	31,11
Traes_5DL_29477E0B9	Tanımlanmamış	+∞	0	51,29
Traes_5DL_32A9B595B	Tanımlanmamış	-∞	15344,62	0
Traes_5DL_48DAFB39D	Mitokondri DNA	+∞	0	334,01
Traes_5DL_547BB972E	Tanımlanmamış	+∞	0	949,53
Traes_5DL_5B0D1B92A	Tanımlanmamış	+∞	0	43,01
Traes_5DL_5DAC58E1F	Beta-glikozidaz	+∞	0	9,471
Traes_5DL_9E57D5944	Poligalakturonat-4-alfa-galakturonoziltransferaz	+∞	0	45,72
Traes_5DL_A0348C014	Tanımlanmamış	-∞	421,63	0
Traes_5DL_A07C14C07	RNA polimeraz II transkripsiyon faktör altünitesi	+∞	0	20,42423

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_5DL_FF0D44409	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	15,52248
Traes_5DS_B6B90C7CA	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	42,69
Traes_5DS_CC0F3E08B	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	20,84
Traes_5DS_E56D65703	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	34,94
Traes_5DS_EC160B45F	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	309,63
Traes_5DS_F020FB507	Kloroplast, genom	$+\infty$	0	38,29
Traes_6AL_4DD40E478	Kloroplastik tilakoid lümen proteini	$+\infty$	0	36,9
Traes_6AL_6AA673AB6	Lektin-domain reseptör kinaz	$+\infty$	0	69,021
Traes_6AL_7E0CFDC3C	TATA-bağlanma protein	$+\infty$	0	50,28
Traes_6AL_8BA1FF8B2	NAC TF	$+\infty$	0	46,16
Traes_6AL_8E2E9F090	Peptidil-prolil izomeraz	$+\infty$	0	72,64
Traes_6AL_8F3214B28	GDSL esteraz/lipaz	$+\infty$	0	115,52
Traes_6AL_B57DC279C	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	46,85
Traes_6AL_BE615A01E1	mTRF12 geni	$+\infty$	0	39,03
Traes_6AL_C141DEE3A	RNA bağlanma protein	$+\infty$	0	17,82
Traes_6AL_DDE511CE5	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	75,35
Traes_6AS_0947AE44C	L-aspartat oksidaz	$+\infty$	0	27,81
Traes_6AS_118612103	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	16,73
Traes_6AS_1A18EAD87	Lipoksijenaz 3, (LOX3)	$+\infty$	0	176,09
Traes_6AS_2E6F75FB3	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	30,44
Traes_6AS_354D660A2	Magnezyum taşıyıcı	$+\infty$	0	33,58
Traes_6AS_3DD96BAE3	Epitelyal splicing faktör, RNA bağlanma protein	$+\infty$	0	70,43
Traes_6AS_490614BBC	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	112,72
Traes_6AS_880AC0266	ATP-bağımlı helikaz	$+\infty$	0	17,01
Traes_6AS_9AB1491DE	Glikoziltransferaz	$+\infty$	0	11,18
Traes_6AS_BE1BED843	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	34,14
Traes_6AS_D000E8364	Metil-CpG bağlanma protein	$+\infty$	0	13,26
Traes_6AS_DF6C22BF3	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	39,72
Traes_6AS_EA383369C1	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	29,47
Traes_6BL_CCB1F6874	Kloroplast, genom	$+\infty$	0	1107,78
Traes_6BL_F8CC1424D	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	37,81
Traes_6BS_A04459F9F	Nerolidol sentaz (TPS6)	$+\infty$	0	39,02
Traes_6BS_AD9956B94	Fosfatidilserin dekarboksilaz	$+\infty$	0	428,82

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_6DL_09B11D518	Potasyum taşıyıcı (HAK1 gen)	$+\infty$	0	32,01
Traes_6DL_136DE13FB	TCP aile protein, TF	$+\infty$	0	109,14
Traes_6DL_8FC5F9D66	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	177,87
Traes_6DL_909B865C0	Tanımlanmamış	$-\infty$	359,33	0
Traes_6DL_92A0F4993	(GER6 geni)	$+\infty$	0	152,44
Traes_6DL_96565C346	translasyon başlama faktörü (eIF-2B)	$+\infty$	0	34,51
Traes_6DL_9853FE3E5	Beta-1,3 glikoziltransferaz	$+\infty$	0	72,98
Traes_6DL_9CC066885	Çinko parmak protein	$+\infty$	0	126,21
Traes_6DL_B43123E8D	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	107,91
Traes_6DL_EBDB16530	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	28,94
Traes_6DL_F154FC1FA	Nükleobaz-askorbat taşıyıcı (NAT)	$+\infty$	0	32,22
Traes_6DL_F4F20589A	Tanımlanmamış	$-\infty$	992,57	0
Traes_6DS_0FAE9FEEF	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	236,11
Traes_6DS_146800223	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	60,811
Traes_6DS_19F453BF1	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	33,74
Traes_6DS_2AA316581	Disülfid oksidoredüktaz taşıyıcı	$+\infty$	0	47,54
Traes_6DS_5F1004AAF	Gliseraldehit-3-fosfat dehidrojenaz	$+\infty$	0	18,15
Traes_6DS_B72174801	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	25,04
Traes_6DS_B7901A2D31	Siklik-nükleotid/iyon kanal protein	$+\infty$	0	41,58
Traes_6DS_BF2C8D0EE	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	55,42
Traes_6DS_D08295389	ABC taşıyıcı	$+\infty$	0	106,9752
Traes_6DS_DBAD2D828	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	77,71
Traes_6DS_E0FD61378	Ubikuitin protein ligaz	$+\infty$	0	29,87
Traes_7AL_0AA2FF9F0	RNA-bağlanma protein	$+\infty$	0	63,38
Traes_7AL_17EF1FF01	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	42,29
Traes_7AL_3363AD1E0	Aldehit oksidaz	$+\infty$	0	13,45
Traes_7AL_6E7A07EE9	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	181,11
Traes_7AL_937E660E3	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	72,37
Traes_7AL_954A63205	ATP-bağımlı helikaz	$+\infty$	0	14,02
Traes_7AL_9651E2360	DUF21 domain protein	$+\infty$	0	21,17
Traes_7AL_A33076690	Subtilizin proteaz (SBT)	$+\infty$	0	49,63
Traes_7BL_040B5C4F5	Tanımlanmamış	$+\infty$	0	184,29

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_7BL_041308E74	Kadmiyum/çinko taşıyıcı ATPaz	+∞	0	52,81
Traes_7BL_055941583	Subtilizin proteaz (SBT)	+∞	0	43,38
Traes_7BL_0665E8707	RG2 protein (disease resistance protein)	+∞	0	41,31
Traes_7BL_7F59424FF	Histon-lizin N-metiltransferaz	+∞	0	16,45
Traes_7BL_9DB6525AE	Tanımlanmamış	+∞	0	35,83
Traes_7BS_13A10F9A4	bHLH TF	+∞	0	311,37
Traes_7BS_28CCE56BC	ABC taşıyıcı	+∞	0	32,46
Traes_7BS_39A9F4AEC	Çinko parmak protein	+∞	0	28,32
Traes_7BS_545DF0A7B	Kloroplast geni	+∞	0	33,13
Traes_7BS_5A8D77686	Tanımlanmamış	+∞	0	25,91
Traes_7BS_5ABB5EF22	Lipaz/Serin esteraz	+∞	0	48,56
Traes_7BS_8B223DC9D	Tanımlanmamış	+∞	0	70,1
Traes_7BS_93A86D7A11	LRR reseptör protein,	-∞	314,56	0
Traes_7BS_9B2A4DBEA	Tanımlanmamış	+∞	0	9,517
Traes_7BS_9C61A9363	Apositokrom b (cob) gen	-∞	1678,39	0
Traes_7BS_A38FF94BD	ABC taşıyıcı	+∞	0	39,872
Traes_7BS_A42F893FC	Ribonükleaz E/G protein	+∞	0	19,55
Traes_7BS_DDA39EAFE	Tanımlanmamış	+∞	0	47,25
Traes_7BS_DFBCA4DDF	Piruvat dehidrojenaz	+∞	0	30,51
Traes_7BS_E62CB7EA9	Kloroplast, genom	+∞	0	89,78
Traes_7DL_01350E267	LRR protein	-∞	393,25	0
Traes_7DL_04379C790	Tanımlanmamış	+∞	0	42,26
Traes_7DL_10C7EFF0D	Tanımlanmamış	+∞	0	21,21
Traes_7DL_25BFFB161	Tanımlanmamış	+∞	0	31,7
Traes_7DL_6F6E91869	Tanımlanmamış	+∞	0	14,42
Traes_7DL_76227125D	Tanımlanmamış	+∞	0	91,42
Traes_7DL_7AB1032F2	Tanımlanmamış	+∞	0	30,01
Traes_7DL_8594B960E	Glikan 1,3-beta glikozidaz	+∞	0	41,75
Traes_7DL_98245621B	Tanımlanmamış	-∞	195,51	0
Traes_7DL_B63590FDE	60S ribozomal protein	+∞	0	71,75
Traes_7DL_B9A1E2886	Sistein reseptör protein kinaz	+∞	0	35,05
Traes_7DL_C2B1A1776	Tanımlanmamış	+∞	0	72,29
Traes_7DL_CCE27DF79	ABC taşıyıcı	+∞	0	25,81
Traes_7DS_010E3817D	Tanımlanmamış	+∞	0	51,83
Traes_7DS_04DBC98E0	Reseptör protein kinaz	+∞	0	47,78

Çizelge 1.4 Yüksek sıcaklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık tane RPKM değeri
Traes_7DS_09D44907D	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	66,13
Traes_7DS_48B1388C5	Prolamin gen	+∞	0	62,61
Traes_7DS_4AF5C695F	MADS TF	+∞	0	56,74
Traes_7DS_9EEB5C26C	Mitokondri DNA	+∞	0	32,55
Traes_7DS_BDA64D2D2	NBS-LRR protein	+∞	0	21,69
Traes_7DS_EF948225F	ABC taşıyıcı	+∞	0	78,38

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	6,99	151,96	1063,46
Traes_5BS_D51370B32	Ubikuitin protein ligaz	4,198	93,91	394,36
RAES3BF007300510CFD	Tanımlanmamış	2,79	3646,65	10208,03
TRAES3BF024700240CFD	Tanımlanmamış	2,78	3384,094	9473,06
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	2,79	4726,38	13230,53
Traes_5DL_0EB8336E9	Prolamin gen	2,099	440,63	925,11
Traes_5AL_EB683A676	Kloroplast, genom	2,098	4918,742	10326,73
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	1,86	805,73	1503,66
Traes_6BS_27AAE5E2A	Kloroplast, genom	1,63	5162,17	8429,41
TRAES3BF037300030CFD	Tanımlanmamış	1,599	18860,41	30168,98
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	1,447	142643,52	206534,75
TRAES3BF007300220CFD	Tanımlanmamış	1,399	2417,21	3383,23
TRAES3BF053100120CFD	NADH dehidrojenaz	1,398	211,29	295,73
TRAES3BF178200070CFD	18S rRNA gen	1,39	6609,56	9251,03
Traes_2BS_8281050F1	UNC-93 protein, iyon kanal regülatör protein	1,399	491,68	688,18
Traes_3DS_2D152D7C4	Peptidil-prolil cis/trans izomeraz	1,398	319,41	447,06
Traes_7DL_CFEA482EE	Lizozomal Pro-X karboksipeptidaz	1,39	415,35	581,41
TRAES3BF007300200CFD	Mitokondri DNA	1,36	1891,26	2647,09
TRAES3BF045900030CFD	Kloroplast, genom	1,399	3357,23	4698,93
Traes_5AL_33293FD90	N-asetilglukozamil-fosfotidilinozitol	1,399	213,03	298,17
Traes_7DL_67FC5F6F5	atpA&atp9 gen	1,16	8936,86	10423,70
Traes_1AL_F20F2F715	Metiltransferaz, PMT7	-1,071	1989,77	1856,65
Traes_4AL_99A60A9FC	Kloroplast, genom	-1,072	11835,56	11043,72
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	-1,21	116407,77	96155,13
TRAES3BF007300030CFD	Kloroplast, genom	-1,25	7885,71	6306,96
TRAES3BF007300450CFD	Tanımlanmamış	-1,381	306683,58	222024,86

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
TRAES3BF037300040CFD	Tanımlanmamış	-1,42	8968,44	6276,32
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	-1,69	565812,02	333744,38
Traes_1AL_4207C2DCC	Tanımlanmamış	-1,78	1097,78	614,61
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-1,807	12413,22	6868,83
TRAES3BF007300490CFD	Tanımlanmamış	-1,905	18905,55	9922,89
TRAES3BF024700180CFD	Mitokondri DNA, genom	-2,143	10754,53	5017,51
TRAES_3DL_0A92A2224	Fotosistem II CP43, klorofil apoprotein	-2,381	26772,90	11241,76
Traes_2AS_B1E630276	İndol-2-monooksijenaz	-2,857	4310,33	1508,23
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	-3,776	3366,38	891,41
Traes_6BL_5979B5341	Kloroplast, genom	-4,28	157535,44	36748,94
TRAES_5DS_282E51555	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz	-4,29	8782,25	2048,67
Traes_2DL_559BABFD8	Tanımlanmamış	-4,76	4237,88	889,73
Traes_5AL_D3B6FE48E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-5,71	1640,37	286,99
Traes_4BL_282E515551.1	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz	-6,43	7089,58	1102,54
TRAES3BF003200030CF	Mitokondri DNA	-∞	74,66232	0
TRAES3BF007300320CFD	Kloroplast, genom	-∞	13015,75	0
TRAES3BF008700010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	878,87
TRAES3BF013000020CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1805,08
TRAES3BF015400020CFD	Aldoz redüktaz	+∞	0	38,95
TRAES3BF020800020CFD	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	56,21
TRAES3BF024100140CFD	Tanımlanmamış	-∞	1498,27	0
TRAES3BF034600110CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1305,06
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz (atp1)	+∞	0	141,024
TRAES3BF037300020CFD	ATP sentaz; atpA&atp9 gen	-∞	858,03	0
TRAES3BF048200040CFD	Fosfolipaz D alfa-1 gen	+∞	0	2166,09
TRAES3BF053800040CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	121,43
TRAES3BF054800020CFD	UDP-glikozil transferaz	+∞	0	2466,94
TRAES3BF055300020CFD	Membran-ilişkili kinaz	+∞	0	193,08
TRAES3BF057900160CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	494,34
TRAES3BF063900050CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	87,08
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	120,04
TRAES3BF066600010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	34,73
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	131,09
TRAES3BF074200010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	60,63

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
TRAES3BF074200130CFD	Kloroplast, genom	-∞	347,49	0
TRAES3BF079100090CFD	Ubikuitin protein	+∞	0	178,17
TRAES3BF088700010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	157,33
TRAES3BF090000010CFD	Prolamin gen	+∞	0	80,053
TRAES3BF091500080CFD	Kloroplast, genom	-∞	5287,64	0
TRAES3BF092500080CFD	Tanımlanmamış	-∞	113,07	0
TRAES3BF094100030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	20,56
TRAES3BF096900150CFD	NADH-plastokinon oksidoredüktaz	+∞	0	810,67
TRAES3BF096900160CFD	Kloroplast, genom	-∞	392,76	0
TRAES3BF097100010CFD	Kloroplast, sitokrom b-559, genom	+∞	0	111,86
TRAES3BF097300060CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	3677,43
TRAES3BF098900070CFD	Subtilizin-like proteaz	+∞	0	115,87
TRAES3BF109300010CFD	<i>BTR1-A gen</i>	-∞	72,39	0
TRAES3BF109300050CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	789,21
TRAES3BF110200010CFD	Kloroplast, genom	+∞	0	118,69
TRAES3BF117700030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	5274,53
TRAES3BF156000080CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	65,88
TRAES3BF265900020CFD	Kumaroil transferaz	+∞	0	110,73
TRAES3BF268900010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	407,29
TRAES3BF277500020CFD	<i>RABC1</i>	+∞	0	131,46
Traes_1AL_2CFFBD60E	Tanımlanmamış	+∞	0	236,98
Traes_1AL_A37AB3144	Kolin/etanolamin kinaz	-∞	315,13	0
Traes_1AS_9B0D36106	Peroksidaz gen	+∞	0	1280,60
Traes_1AS_B7AB828CB	MYB-like protein	-∞	645,49	0
Traes_1BL_432BBE427	Karbonil redüktaz	-∞	581,06	0
Traes_1BL_471B5805D	PMM-B2 gen	+∞	0	160,59
Traes_1BL_73EBB04B5	Alfa-glikozidaz gen	+∞	0	262,55
Traes_1BL_A0A187E85	Glikozil transferaz	-∞	195,25	0
Traes_1BL_A7A180B22	Alkol dehidrojenaz	-∞	1739,59	0
Traes_1BL_B562B51D9	Alfa beta-hidrolaz gen	+∞	0	827,67
Traes_1BL_CC47D67B51	Ubikuitin protein	+∞	0	411,63
Traes_1BL_EE469A92D	Tanımlanmamış	-∞	613,65	0
Traes_1BS_19899B6B7	Tanımlanmamış	-∞	451,45	0
Traes_1BS_76F5D4D2D	Glikojen sentaz kinaz	-∞	308,01	0
Traes_1BS_B2B5394E5	Glikoz-6-fosfat dehidrojenaz	+∞	0	587,24

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
Traes_1DL_22FEEB7F1	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	233,79	0
Traes_1DL_66A493AA4	Metiltransferaz, PMT7	-∞	234,35	0
Traes_1DL_73AAC8631	MAPK	-∞	282,01	0
Traes_1DL_84DBF561A	Tanımlanmamış	-∞	201,16	0
Traes_1DL_EA4169E0A	NADH-plastokinon oksidoredüktaz gen	+∞	0	1073,88
Traes_1DL_EEEB77E83	Tanımlanmamış	+∞	0	238,48
Traes_1DS_18CC58683	Tanımlanmamış	+∞	0	119,44
Traes_1DS_66B67E9B41	LMW-GS gen	-∞	1080,03	0
Traes_1DS_9256376AB	Ubikuitin protein	-∞	1008,77	0
Traes_1DS_A20A4E400	Çinko parmak domain proteini	+∞	0	416,06
Traes_1DS_D08902BD6	RLK-R1 gen	+∞	0	499,77
Traes_2AL_002B271A1	Tanımlanmamış	+∞	0	2150,36
Traes_2AL_1E2B26B7F	2-okzoglutarat dehidrojenaz	+∞	0	269,12
Traes_2AL_264BF03F4	Tanımlanmamış	-∞	712,94	0
Traes_2AL_2A0CFEF95	Glikoz-6-fosfat dehidrojenaz	+∞	0	211,61
Traes_2AL_2AA0872A7	Tanımlanmamış	-∞	324,06	0
Traes_2AL_34D7DEF5C	Mitokondri DNA	+∞	0	7249,79
Traes_2AL_55644CC39	Tanımlanmamış	-∞	656,17	0
Traes_2AL_84A07997A	atpA&atp9 gen	+∞	0	3307,63
Traes_2AL_97C8E5772	Ksiloglikozil trasnferaz	+∞	0	761,33
Traes_2AL_A1F33894A	Asetil glikozamin transferaz	+∞	0	358,24
Traes_2AS_04CAF5838	Tanımlanmamış	+∞	0	163,55
Traes_2AS_3F30521B9	Tanımlanmamış	-∞	596,07	0
Traes_2AS_5A5258192	Asetil koenzim karboksilaz	+∞	0	255,12
Traes_2AS_6C86821B1	Glikozil transferaz	-∞	292,13	0
Traes_2AS_C407071E4	WRKY 06 TF gen	+∞	0	238,48
Traes_2BL_232323148	Ksiloglikozil trasnferaz	-∞	285,81	0
Traes_2BL_3BC8EA38A	Tanımlanmamış	+∞	0	5766,88
Traes_2BL_7713B3533	Tanımlanmamış	-∞	786,42	0
Traes_2BL_D48F61FF3	Ubikuitin protein	-∞	153,51	0
Traes_2BL_E14BABA16	Peroksizomal CoA sentaz	-∞	1182,97	0
Traes_2BL_F6A39F5FE	Tanımlanmamış	+∞	0	252,58
Traes_2BS_6FC2B14A6	Lösın-tRNA ligaz	-∞	410,89	0

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
Traes_2BS_A4DCE06CE	Tanımlanmamış	+∞	0	175,61
Traes_2BS_BA1828698	Tanımlanmamış	+∞	0	391,06
Traes_2BS_EE56B3887	Tanımlanmamış	-∞	1456,97	0
Traes_2BS_F1130380B	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	416,75
Traes_2DL_8787DCFD7	Çinko parmak domain proteini	+∞	0	162,44
Traes_2DL_8CBB9B56F	Tanımlanmamış	+∞	0	238,67
Traes_2DL_9A5C3A2A2	Poliadenilat-bağlanma protein gen	+∞	0	375,27
Traes_2DS_18DAEBA49	ARF GTPaz aktivatör	+∞	0	327,53
Traes_2DS_573D41BEB	Tanımlanmamış	+∞	0	417,92
Traes_2DS_5AA2EEDB7	Askorbat peroksidaz	+∞	0	389,64
Traes_2DS_7FA2B76541	Tanımlanmamış	+∞	0	1803,24
Traes_2DS_DC26EB88F	Tanımlanmamış	-∞	592,45	0
Traes_2DS_F7E8E6B22	Tanımlanmamış	+∞	0	161,75
Traes_3AL_444A840CE	Tanımlanmamış	+∞	0	946,29
Traes_3AL_66A5CCFDB	Ubikuitin protein	-∞	121,84	0
Traes_3AL_D23DC53CB	HSP protein	-∞	545,58	0
Traes_3AS_57977E87E	Çinko parmak proteini	-∞	248,68	0
Traes_3DL_304126AEE	Tanımlanmamış	+∞	0	389,68
Traes_3DL_6324D70F2	Tanımlanmamış	-∞	369,87	0
Traes_3DL_64BF1EBCA	Çinko parmak proteini	+∞	0	296,82
Traes_3DL_9DC1B5230	Kloroplast, genom	-∞	4708,85	0
Traes_3DL_B7E220606	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	244,02	0
Traes_3DS_85F94992D	CENP-E kinetokor protein gen	+∞	0	413,45
Traes_3DS_9C173AB38	Triozofosfat izomeraz	-∞	392,64	0
Traes_4AL_3193F9838	Klorofil b redüktaz	+∞	0	1785,12
Traes_4AL_5C7A4DA54	Tanımlanmamış	+∞	0	119,81
Traes_4AS_491EF4D7F	CDPK gen	-∞	712,01	0
Traes_4AS_71B1DAAE4	ATP sentaz	+∞	0	1532,52
Traes_4AS_AAE5BFA0B	Tanımlanmamış	+∞	0	204,53
Traes_4BL_1F7EA23DE	Sitokrom c oksidaz	+∞	0	1126,31
Traes_4BL_21039FDC5	Tanımlanmamış	+∞	0	848,77
Traes_4BL_51CB77408	Kloroplast, genom	+∞	3467,31	0
Traes_4BL_56CAC194E	Tanımlanmamış	+∞	0	494,91
Traes_4BL_664DEFDB8	Tanımlanmamış	+∞	362,27	0
Traes_4BS_500933268	Tanımlanmamış	+∞	0	570,5747

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
Traes_4BS_83E7A4E49	Tanımlanmamış	+∞	79,03	0
Traes_4BS_9928BD91A	NAC TF gen	+∞	0	782,81
Traes_4BS_DEACD7F0B	Glutasyon peroksidaz	+∞	0	81,77
Traes_4BS_EA294F807	ATP-NAD kinaz	+∞	0	304,11
Traes_4DL_14327AF39	ABC-taşıyıcı	+∞	0	231,94
Traes_4DL_93102E03D	Clp-P proteaz	+∞	0	345,22
Traes_4DL_9F92DF06F	Tanımlanmamış	+∞	0	1566,31
Traes_4DL_FB686D109	Tanımlanmamış	+∞	0	575,38
Traes_4DL_FFD22A8D7	Glisin-RNA bağlanma proteini	-∞	883,72	0
Traes_4DS_3D34E7E83	GATA TF	-∞	406,61	0
Traes_4DS_5E7318465	Ubikuitin aktive edici enzim geni (UBA1gen)	+∞	0	302,84
Traes_4DS_77170C64A	Tanımlanmamış	+∞	323,73	0
Traes_4DS_BC66FFD46	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	761,01
Traes_4DS_DBC85DE54	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	566,53	0
Traes_5AL_0C84C364B	Tanımlanmamış	-∞	373,79	0
Traes_5AL_1F4EF559C	Tanımlanmamış	+∞	0	337,10
Traes_5AL_3A60F49E5	Tanımlanmamış	+∞	439,11	0
Traes_5AL_45BEDB1DF	Tanımlanmamış	+∞	0	128,49
Traes_5AL_6F523B4281	ARO-1 like protein	+∞	914,95	0
Traes_5AL_779F9BB3C	Ubikuitin-protein ligaz	-∞	93,77	0
Traes_5AL_8309AC091	Tanımlanmamış	-∞	372,58	0
Traes_5AS_BD279FFF4	Tanımlanmamış	+∞	0	377,07
Traes_5BL_0E631C9F8	Okzoglutarik transaminaz	+∞	0	440,31
Traes_5BL_0F4F3F17F	Tanımlanmamış	-∞	626,37	0
Traes_5BL_5A648D29D	Tanımlanmamış	+∞	0	326,56
Traes_5BL_623FB9090	Kloroplast, genom	+∞	247,27	0
Traes_5BL_B941CAFAE	Transmembran aile proteini	-∞	930,03	0
Traes_5BL_C44BF8BB6	Tanımlanmamış	-∞	423,57	0
Traes_5BL_C471B0521	Tanımlanmamış	-∞	264,10	0
Traes_5BL_DBC5D12AB	Klorofil a-b bağlanma protein	+∞	904,51	0
Traes_5BL_E1A888BDA	Serin karboksipeptidaz	+∞	0	666,24
Traes_5BL_F6BC648F3	Fosfolipaz C4	+∞	0	1258,82
Traes_5DL_52B952D4F	Tanımlanmamış	+∞	0	139,61
Traes_5DL_5E35DBD92	Açiltransferaz	+∞	0	552,31

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
Traes_5DL_6E2DD80321	Tanımlanmamış	+∞	0	609,33
Traes_5DL_869343C81	F-box protein	-∞	83,57	0
Traes_5DL_997810D13	Kloroplast, genom	-∞	883,11	0
Traes_5DL_A51C04BEB	TaHSP (heat shock protein)	+∞	0	879,74
Traes_5DL_C51E9ECBB	Kloroplast, genom	+∞	0	1318,63
Traes_5DL_D4DB081FF	GTP-difosfokinaz	+∞	0	791,53
Traes_5DL_D893E1D80	Tanımlanmamış	-∞	1434,58	0
Traes_5DL_E5A482675	Tanımlanmamış	-∞	1697,71	0
Traes_5DL_E7DBBB54A	EF-1 alpha (Elongation faktör 1)	-∞	345,12	0
Traes_5DL_F00582A78	Tanımlanmamış	+∞	0	122,23
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz	+∞	314,66	0
Traes_5DS_1BE0927E1	5'-Adenilsülfat redüktaz	+∞	0	222,86
Traes_5DS_773FD6EC3	ARF protein gen	+∞	0	223,87
Traes_5DS_E0688C1DF	HSP protein	+∞	0	445,51
Traes_5DS_F020FB507	Kloroplast, genom	-∞	243,71	0
Traes_6AL_13895C140	ERF-TF	-∞	135,66	0
Traes_6AL_746FA1E5E	Tanımlanmamış	-∞	213,71	0
Traes_6AL_AC4D1A67F	Tanımlanmamış	+∞	0	310,31
Traes_6AL_F9F1D2DC0	Tanımlanmamış	+∞	0	202,41
Traes_6AS_00A6CF44E	Mitokondri DNA	+∞	0	2837,37
Traes_6AS_4BFFE9576	Tanımlanmamış	+∞	0	249,88
Traes_6AS_BBAFF4FEC	Tanımlanmamış	+∞	0	369,73
Traes_6AS_C2EFD6D28	RPP-13 protein gen	+∞	0	92,82
Traes_6BL_0E385CD32	Tanımlanmamış	+∞	0	279,93
Traes_6BL_82AE2FF80	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	463,27
Traes_6BL_ACE5A7934	Ribuloz 1,5-difosfat karboksilaz	+∞	0	7034,45
Traes_6BL_C06F3EFD5	Kloroplast, genom	+∞	0	1895,62
Traes_6BS_C731E68C0	Tanımlanmamış	+∞	0	5060,39
Traes_6BS_EF51D2D2C	Tanımlanmamış	-∞	883,11	0
Traes_6DL_3A44079B9	Tanımlanmamış	+∞	0	364,42
Traes_6DL_502CF6461	Senesens ilişkili protein	+∞	631,36	0
Traes_6DL_55B96A9DC	Omega-6 yağ asiti desatüraz	-∞	726,44	0
Traes_6DL_D9D1CB849	Kloroplast, genom	+∞	0	1931,70
Traes_6DS_92189B3A8	Tanımlanmamış	+∞	0	365,69

Çizelge 1.5 Yüksek sıcaklık stresi sonucu yaprak dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık yaprak RPKM değeri
Traes_6DS_C2E0F7B0F	Tanımlanmamış	+∞	0	379,12
Traes_6DS_C9D764516	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	1806,91
Traes_7AL_B3B78EE36	CPP TF	-∞	1022,17	0
Traes_7AS_0EA301557	Tanımlanmamış	+∞	0	1112,90
Traes_7AS_34D476D5D1	EIL 1 gen	+∞	398,06	0
Traes_7AS_5E7A92F55	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	132,45	0
Traes_7AS_7B1FD153A	Açıl koenzim A oksidaz	+∞	0	1078,77
Traes_7AS_7E46CDBE9	Tanımlanmamış	+∞	0	135,58
Traes_7AS_9247AE885	Tanımlanmamış	+∞	0	219,44
Traes_7AS_C0111D6A6	Mitokondri DNA	-∞	1755,23	0
Traes_7AS_FCA03D0CB	Açıl koenzim A oksidaz	+∞	0	417,73
Traes_7BL_33D89470B	ATP sentaz	+∞	0	1224,54
Traes_7BL_8E2627E0A	Tanımlanmamış	+∞	0	11046,85
Traes_7BL_B00181304	Tanımlanmamış	+∞	0	3723,68
Traes_7BL_D90A3700B	DNA-topoizomeraz-1 gen	+∞	0	311,61
Traes_7BS_9C61A9363	Apositokrom b	+∞	0	1487,61
Traes_7BS_B1A811DD9	Tanımlanmamış	+∞	0	307,88
Traes_7BS_E33F966E2	26S proteaz regülatör	+∞	0	650,86
Traes_7DL_3E8454774	NADH dehidrojenaz	-∞	678,26	0
Traes_7DL_59AF4BEE7	Sitokrom P450	-∞	313,96	0
Traes_7DL_7AB1032F2	ABC-taşıyıcı	+∞	0	267,29
Traes_7DL_85F15FD45	Tanımlanmamış	+∞	0	967,16
Traes_7DL_8DD408E17	Tanımlanmamış	+∞	0	114,71
Traes_7DL_9100E37EC	Tanımlanmamış	-∞	166,86	0
Traes_7DL_B5E92D587	Tanımlanmamış	-∞	898,11	0
Traes_7DL_C0E245B1B	Tanımlanmamış	-∞	224,44	0
Traes_7DS_9DF85403B	HSP protein	+∞	0	249,71
Traes_7DS_D0A2F92D0	Tanımlanmamış	-∞	207,46	0

Çizelge 1.6 Yüksek sıcaklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık kök RPKM değeri
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	5,22	9958,27	52016,68
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	3,134	35,879	112,45
TRAES3BF098800150CFD	sitokrom c oksidaz2	3,14	2667,12	8358,99
Traes_1DS_9256376AB	Ubikuitin protein	2,089	4250,86	8881,70
TRAES3BF037300030CFD	Tanımlanmamış	1,392	34061,10	47444,51
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	1,253	51817,76	64960,37
TRAES3BF007300450CFD	Tanımlanmamış	1,045	22281,63	23277,46
TRAES3BF053800040CFD	Tanımlanmamış	1,04	365,59	381,93
TRAES3BF109300050CFD	Tanımlanmamış	1,051	475,22	496,45
TRAES3BF007300490CFD	Tanımlanmamış	-1,148	59749,64	52016,68
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-1,9144	4865,87	2541,67
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	-1,92	2418,08	17791,69
TRAES3BF055300020CFD	Tanımlanmamış	-2,8716	51091,65	607,30
TRAES3BF277500020CFD	RBAC1	-3,828	2325,29	206,75
Traes_1AL_F20F2F715	Tanımlanmamış	4,78	989,52	3893,09
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	-5,025	19564,36	1182,34
TRAES3BF011100100CFD	Tanımlanmamış	-13,41	15844,72	2787,72
TRAES3BF007300320CFD	Kloroplast, genom	-∞	54847,11	0
TRAES3BF011100100CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	2787,72
TRAES3BF013700020CFD	Subtilizin proteaz	-∞	5379,87	0
TRAES3BF015400020CFD	Aldoz redüktaz	+∞	0	122,52
TRAES3BF020800020CFD	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	176,81
TRAES3BF023700030CFD	Tanımlanmamış	-∞	572,17	0
TRAES3BF024700240CFD	Tanımlanmamış	-∞	14260,25	0
TRAES3BF030400040CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1592,52
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz (atp1)	-∞	424,58	0
TRAES3BF037300020CFD	ATP sentaz; atpA&atp9 gen	-∞	3615,68	0
TRAES3BF037300040CFD	Tanımlanmamış	-∞	18896,09	0
TRAES3BF046300200CFD	Tanımlanmamış	-∞	550,95	0
TRAES3BF054300010CFD	Tanımlanmamış	-∞	4368,94	0
TRAES3BF054400020CFD	Tanımlanmamış	-∞	4368,94	0
TRAES3BF058100060CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1422,24
TRAES3BF061300030CFD	Tanımlanmamış	-∞	3650,23	0
TRAES3BF062300010CFD	Tanımlanmamış	-∞	55,59	0
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	-∞	90,356	0
TRAES3BF066600010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	109,26
TRAES3BF067200020CFD	ATP sentaz	+∞	0	2379,29
TRAES3BF077700040CFD	CCCH-domain protein	+∞	0	4853,68
TRAES3BF078500270CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1849,86

Çizelge 1.6 Yüksek sıcaklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık kök RPKM değeri
TRAES3BF078500340CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	627,21	0
TRAES3BF078900050CFD	PP2C protein fosfataz	+∞	0	217,91
TRAES3BF079100090CFD	Ubikuitin protein	+∞	0	560,39
TRAES3BF089000150CFD	Kalsiyum-binding protein	+∞	0	9332,62
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	-∞	383,39	0
TRAES3BF091200140CFD	ATP-bağımlı RNA helikaz	+∞	0	935,62
TRAES3BF091500080CFD	Kloroplast, genom	+∞	0	23277,47
TRAES3BF094100030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	129,36
TRAES3BF097100010CFD	Kloroplast, sitokrom b-559, genom	+∞	0	175,92
TRAES3BF099200010CFD	Laktaz-florizin hidrolaz	+∞	0	381,84
TRAES3BF109300010CFD	BTR1-A gen	-∞	1220,21	0
TRAES3BF110900030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	2952,74
TRAES3BF114000090CFD	Glutamik asit, lizin-rich protein	-∞	7655,82	0
TRAES3BF117700030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	4147,43
TRAES3BF117900080CFD	SCAR	+∞	0	534,14
TRAES3BF127400010CFD	LRR-reseptör protein kinaz	+∞	0	509,63
Traes_1AL_047E5779D	LCB-kinaz	-∞	1487,51	0
Traes_1AL_7FE24229E	Kalsiyum-bağımlı protein kinaz	+∞	0	860,26
Traes_1AL_B4D55A0CE	Tanımlanmamış	-∞	821,56	0
Traes_1AS_0B9295A68	PAL3	+∞	0	655,318
Traes_1AS_651A2A839	GDSL lipaz/esteraz	+∞	0	1291,69
Traes_1AS_787535721	Açıl-koenzim A oksidaz	-∞	2511,78	0
Traes_1AS_D2C38EEF3	Tanımlanmamış	+∞	0	1418,99
Traes_1BL_9CFA90539	Tanımlanmamış	+∞	0	11051,62
Traes_1BL_A043C812A	Glikozil transferaz	+∞	0	2212,51
Traes_1BL_EE469A92D	Tanımlanmamış	+∞	0	5402,89
Traes_1BS_1E67F5AE2	Selülaz containing protein	+∞	0	845,428
Traes_1BS_4BA296C26	TIR protein	-∞	2200,65	0
Traes_1BS_716EA1208	Açıl-koenzim A oksidaz	-∞	1307,81	0
Traes_1BS_C012FD5DC	Kalmodulin-binding protein	-∞	1476,82	0
Traes_1DL_2FC3C0384	Ubikuitin protein	-∞	1022,87	0

Çizelge 1.6 Yüksek sıcaklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık kök RPKM değeri
Traes_1DL_A17D0D20B	Tanımlanmamış	-∞	1437,52	0
Traes_1DS_43DAC7A7F	PAL3 gen	+∞	0	3953,71
Traes_1DS_47E2D90AC1	MYB TF protein	+∞	0	5413,36
Traes_2AL_13660C467	Tanımlanmamış	-∞	880,26	0
Traes_2AL_9D78F85E2	PAL3 gen	+∞	0	2027,81
Traes_2AL_D6A978561	Tanımlanmamış	+∞	0	1239,53
Traes_2AL_D6D188AA7	Piruvat kinaz, sitozolik izoenzim	+∞	0	1344,54
Traes_2AS_621B8FE92	İzoflavon redüktaz	+∞	0	3226,44
Traes_2AS_656B68D08	Kalmodulin gen	+∞	0	923,27
Traes_2AS_67EFE0FAE	TaHSP	+∞	0	1656,26
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	-∞	1280,71	0
Traes_2BL_11A4F903B	Stearoil-ACP desaturaz	-∞	1026,23	0
Traes_2BL_5A02DC176	Tanımlanmamış	-∞	647,33	0
Traes_2BL_80A16ECFD	3-fosfoglisarat dehidrojenaz	+∞	0	2294,28
Traes_2BL_A6E213603	TaHSP	-∞	1266,61	0
Traes_2BL_C051606EA	PAL3 gen	+∞	0	1978,25
Traes_2BL_C2D2837C1	BEACH domainprotein	-∞	2681,39	0
Traes_2BL_D48F61FF3	Ubikuitin protein	+∞	0	675,77
Traes_2BL_FB766A312	Peroksizomal 2- hidroksiasit oksidaz	+∞	0	758,84
Traes_2BS_167A31F21	Piruvat kinaz, sitozolik izoenzim	+∞	0	369,14
Traes_2BS_5497C0A63	Tanımlanmamış	+∞	0	5417,86
Traes_2BS_6F32A6AF5	Tanımlanmamış	+∞	0	1095,19
Traes_2BS_93E49A2FF	Tanımlanmamış	+∞	0	632,68
Traes_2DL_03E388B44	PAL3 gen	+∞	0	11203,06
Traes_2DL_0C93B5995	Tanımlanmamış	-∞	1885,61	0
Traes_2DL_1EA41EBF9	Tanımlanmamış	-∞	2417,53	0
Traes_2DL_8F04980F0	Stearil-ACP-desaturaz	-∞	5462,31	0
Traes_2DL_B18351047	Tanımlanmamış	+∞	0	392,2342
Traes_2DL_F1CC5BD18	MAPK	+∞	0	800,2567
Traes_2DS_BA429F6E1	Tanımlanmamış	+∞	1652,021	0
Traes_2DS_C8CA39D44	Tanımlanmamış	-∞	2015,678	0
Traes_3AL_516137588	Tanımlanmamış	-∞	3789,932	0
Traes_3AS_6948DD852	Tanımlanmamış	+∞	0	4487,22
Traes_3AS_A3CE60E4F	Tanımlanmamış	+∞	0	2909,68
Traes_3DL_2BC4CDDAA	40S ribozomal RNA	-∞	2912,63	0
Traes_3DL_64BF1EBCA	Çinko parmak proteini	+∞	0	933,58

Çizelge 1.6 Yüksek sıcaklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık kök RPKM değeri
Traes_3DL_A537E5B02	Tanımlanmamış	-∞	1070,48	0
Traes_3DL_E433109EB	<i>RABC1</i>	+∞	0	29010,49
Traes_3DL_FAAC17C77	Potasyum-taşıyıcı 2	-∞	833,61	0
Traes_3DS_116082A6F	Pirüvat kinaz,sitozolik izoenzim	+∞	0	1208,17
Traes_4AL_F46203719	Fitokrom A gen	-∞	1399,34	0
Traes_4AL_F76A240AC	Tanımlanmamış	-∞	8576,73	0
Traes_4AL_F7B454B53	Tanımlanmamış	-∞	1536,22	0
Traes_4AS_45B3A61CD	UDP-3-O-N- asetilglikozamin deasetilaz	-∞	288,23	0
Traes_4AS_74D7D85D8	Tanımlanmamış	+∞	0	7156,79
Traes_4AS_7A955D191	Metiltransferaz	+∞	0	836,19
Traes_4AS_93108583B	Lizin-spesifik demetilaz	-∞	1332,56	0
Traes_4AS_F99AF4A66	Ksiloglikozil transferaz	-∞	1345,31	0
Traes_4BL_1F7EA23DE	Sitokrom c oksidaz	-∞	6781,98	0
Traes_4BL_2E125A702	TaHSP	+∞	0	2033,71
Traes_4BL_51CB77408	Kloroplast, genom	-∞	14610,91	0
Traes_4BL_8A499EBA9	Tanımlanmamış	+∞	0	1243,95
Traes_4BL_98B3C3F2F	Tanımlanmamış	+∞	0	901,35
Traes_4BS_3C044B05F	Glikozil transferaz	+∞	0	2275,59
Traes_4BS_6F7B95E38	Tanımlanmamış	-∞	1278,71	0
Traes_4BS_A834E1175	Tanımlanmamış	-∞	664,46	0
Traes_4DL_5C688784F	Patojen-ilişkili protein	-∞	4250,86	0
Traes_4DL_CDD5E13E	Adenil süksinat sentaz	+∞	0	1722,66
Traes_4DL_D05A7012F	Ubikuitin-konjugasyon enzim	+∞	0	2811,57
Traes_4DL_DBA53B48C	Tanımlanmamış	-∞	2352,65	0
Traes_4DS_E26C06477	Ubikuitin-protein ligaz	+∞	0	2016,82
Traes_5AL_2DF2D40C9	S-açıl transferaz	-∞	1185,71	0
Traes_5AL_66D8F6463	ATP-sülfürilaz	-∞	2066,31	0
Traes_5BL_03B778722	Çinko parmak domain protein	+∞	0	984,7686
Traes_5BL_04BDEB5D8	GRAS TF	-∞	588,2941	0
Traes_5BL_09BEC72B6	S-açıl transferaz	+∞	0	956,61
Traes_5BL_0B6F4D56C	Tanımlanmamış	-∞	720,6028	0
Traes_5BL_5343EFE77	Prolil hidroksilaz	+∞	0	2148,68
Traes_5BL_82697AC2F	Tanımlanmamış	-∞	4711,53	0
Traes_5BL_865C43111	Tanımlanmamış	+∞	0	1483,42

Çizelge 1.6 Yüksek sıcaklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık kök RPKM değeri
Traes_5BL_A0350B6AB	Alfa-2-tübilin gen	+∞	0	3487,26
Traes_5BL_CF5A8348D	Tanımlanmamış	-∞	3608,36	0
Traes_5BL_E9DE35F831	Tanımlanmamış	+∞	0	2693,63
Traes_5BL_EC6277E0E	Tanımlanmamış	-∞	2396,94	0
Traes_5BS_9B355628D	Poliamin taşıyıcı gen	+∞	0	2710,62
Traes_5BS_DFCC9863A	TaHSP	-∞	1294,81	0
Traes_5DL_154741703	Aldehit oksidaz, İndol asetaldehit oksidaz	-∞	3143,79	0
Traes_5DL_3AFB7B7CF	İndol asetald. oksidaz	+∞	0	6763,42
Traes_5DL_3CE28EBD4	Asetil-CoA bağlanma proteini	+∞	0	837,82
Traes_5DL_548E591F2	Tanımlanmamış	+∞	0	3114,05
Traes_5DL_736BC1383	Tanımlanmamış	+∞	0	4023,47
Traes_5DL_A51C04BEB	TaHSP	-∞	5297,27	0
Traes_5DL_D1D0CA79E	NAC domain TF	+∞	0	3242,36
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz	-∞	5303,83	0
Traes_5DL_F657BF165	Nükleobaz-askorbat taşıyıcı	+∞	0	2451,87
Traes_5DS_A0D62F2C4	Tanımlanmamış	+∞	0	3179,62
Traes_6AL_3366820511	Tanımlanmamış	+∞	0	961,382
Traes_6AL_362B70E63	bZIP protein gen	-∞	472,19	0
Traes_6AL_BC88BF232	Tanımlanmamış	+∞	0	1793,44
Traes_6AS_72FE2B9F4	Tanımlanmamış	+∞	0	5330,71
Traes_6AS_75A558486	Tanımlanmamış	+∞	0	13144,92
Traes_6AS_99102B19F	4-kumarat CoA ligaz	+∞	0	1583,95
Traes_6AS_D0CD3E6F6	GPI-anchor transamidaz	-∞	737,09	0
Traes_6BL_F9C5225EC	Tanımlanmamış	-∞	4437,83	0
Traes_6DL_24A8AB125	Glutamin sentetaz	-∞	1564,08	0
Traes_6DL_502CF6461	Senesens-ilişkili protein	-∞	2660,49	0
Traes_6DL_597CC218D	Askorbat-spesifik transmembran elektron taşıyıcı	+∞	0	2304,7
Traes_6DL_5E51A202E	Tanımlanmamış	+∞	0	1419,71
Traes_6DL_804FB7F75	AGO1 protein	-∞	641,12	0
Traes_6DL_9F263A3BF	Tanımlanmamış	+∞	0	1147,38
Traes_6DL_D9D1CB849	Kloroplast, genom	+∞	0	1518,92
Traes_6DS_3522B8EF6	Katalaz (CAT)	+∞	0	6235,03

Çizelge 1.6 Yüksek sıcaklık stresi sonucu kök dokusu için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık kök RPKM değeri
Traes_7AL_11C6103D7	ATP-bağımlı çinko metalloproteinaz	+∞	0	1429,52
Traes_7AL_917E4394E	NADH dehidrojenaz	+∞	0	2229,28
Traes_7AL_9519EF0FE	Triasilgliserol lipaz	-∞	1411,34	0
Traes_7AL_ADAC59D80	Tanımlanmamış	-∞	1002,36	0
Traes_7AL_B88F6A3D3	Çinko parmak domain protein	+∞	0	2837,27
Traes_7AS_3DBC344D8	26S proteaz regülatör gen	+∞	0	2077,57
Traes_7BS_199D586AF	GDSL esteraz/lipaz	+∞	0	3052,78
Traes_7BS_D5A80962B	Gliserol-3-fosfataz	+∞	0	1239,81
Traes_7BS_DB9D64BC5	Tanımlanmamış	+∞	0	2621,52
Traes_7DL_3E7FAB7C0	ABC taşıyıcı	+∞	0	1597,99
Traes_7DL_8DFE5AF5E	Tanımlanmamış	+∞	0	899,17
Traes_7DL_961822B36	Gliseraldehit-3-fosfat dehidrojenaz	+∞	0	1528,06
Traes_7DL_D0318AEC6	Tanımlanmamış	+∞	0	2987,48
Traes_7DS_104AEA5CD	Tanımlanmamış	+∞	0	770,56
Traes_7DS_8B6859102	Sitokinin oksidaz/dehidrojenaz	+∞	0	2897,61
Traes_7DS_8E2BD8C64	Kloroplast, genom	-∞	36627,35	0
Traes_7DS_E373FDD65	Sükroz: fruktan 6-fruktoziltransferaz	+∞	0	3034,54

Çizelge 1.7 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane RPKM değeri
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	6,06	683,81	4146,76
Traes_6BL_5979B5341	Kloroplast, genom	5,19	6910,37	35919,54
Traes_1DS_66B67E9B41	LMW-GS gen	3,89	3411,07	13297,87
TRAES3BF078300040CFD	Asetil-CoA dehidrojenaz	2,59	956,56	2486,07
TRAES3BF090000010CFD	Tanımlanmamış	2,49	90,31	234,73
TRAES3BF094100030CFD	Tanımlanmamış	2,61	46,41	120,61
TRAES3BF099200010CFD	Laktaz-florizin hidrolaz	2,59	228,28	593,312
TRAES3BF109300050CFD	Tanımlanmamış	2,59	178,08	462,83
TRAES3BF118000020CFD	Tanımlanmamış	2,59	385,46	1001,79
TRAES3BF031700030CFD	Tanımlanmamış	2,59	1075,11	2794,17
TRAES3BF052200030CFD	Tanımlanmamış	2,598	590,45	1534,57

Çizelge 1.7 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane RPKM değeri
Traes_5BL_0D3F2CF69	Asit fosfataz	2,59	247,28	642,68
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	1,739	38293,14	66348,19
TRAES3BF053800040CFD	Tanımlanmamış	1,31	1370,07	1780,34
TRAES3BF055300020CFD	Membran-ilişkili kinaz	1,29	871,40	1132,36
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	1,29	1436,77	1867,05
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	1,29	12054,18	15664,16
TRAES3BF020800020CFD	Serin/Treonin protein kinaz	1,113	443,98	494,52
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	1,113	1679,81	1871,03
TRAES3BF277500020CFD	<i>RABC1</i>	-1,154	222,49	192,75
Traes_1AL_F20F2F715	Metiltransferaz, PMT7	-1,47	8029,98	5444,25
TRAES3BF097100010CFD	Kloroplast, sitokrom b	-1,54	252,42	164,01
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	-1,54	14927,43	9698,94
TRAES3BF156000080CFD	Tanımlanmamış	-1,539	297,33	193,18
TRAES3BF015400020CFD	Aldoz redüktaz	-1,587	362,59	228,45
TRAES3BF007300450CFD	Kloroplast, genom	-1,667	108550,43	65104,16
TRAES3BF097900010CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-1,92	926,92	481,81
TRAES3BF002500020CFD	Tanımlanmamış	-1,93	344,46	179,04
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	-2,11	372,47	176,01
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz (atp1)	-2,21	3659,56	1654,09
TRAES3BF062300010CFD	Tanımlanmamış	-2,308	250,01	108,29
TRAES3BF110200010CFD	Kloroplast, genom	-2,43	1272,25	522,08
TRAES3BF007300490CFD	Tanımlanmamış	-2,693	26123,01	9698,94
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	-2,69	8906,70	3306,87
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	-3,078	537,83	174,72
TRAES3BF037300030CFD	Tanımlanmamış	-3,847	42547,94	11058,03
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	-4,23	42721,11	10093,66
TRAES3BF002600070CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	534,41
TRAES3BF007300030CFD	Kloroplast, genom	-∞	889,48	0
TRAES3BF008800100CFD	Peroksidaz gen	+∞	0	383,13
TRAES3BF014100050CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	3091,61
TRAES3BF016000010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1191,29
TRAES3BF024300030CFD	Lösin-rich repeat protein kinaz	-∞	333,25	0
TRAES3BF024400010CFD	Light-mediated development protein, DET1	-∞	56,99	0
TRAES3BF024700240CFD	Mitokondri DNA	+∞	0	27777,78
TRAES3BF030400040CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1484,71
TRAES3BF037300040CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	55212,01
TRAES3BF038300010CFD	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	862,87
TRAES3BF045900030CFD	Kloroplast, genom	-∞	5301,6	0

Çizelge 1.7 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane RPKM değeri
TRAES3BF046700040CFD	CBL-etkileşim protein kinaz	+∞	0	243,35
TRAES3BF047400060CFD	Tanımlanmamış	-∞	95,053	0
TRAES3BF052300040CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1839,75
TRAES3BF056300050CFD	Tanımlanmamış	-∞	863,61	0
TRAES3BF058100060CFD	Tanımlanmamış	-∞	510,18	0
TRAES3BF058200070CFD	Tanımlanmamış	-∞	2550,92	0
TRAES3BF060100060CFD	Fosfoinozitol-pentakisfosfat kinaz	-∞	64,387	0
TRAES3BF063900050CFD	Tanımlanmamış	-∞	196,51	0
TRAES3BF068500160CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	938,94
TRAES3BF076800050CFD	Tanımlanmamış	-∞	203,321	0
TRAES3BF078500340CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	235,04	0
TRAES3BF078900050CFD	PP2C protein fosfataz	-∞	312,68	0
TRAES3BF080500070CFD	Glikoziltransferaz	-∞	1292,07	0
TRAES3BF086300010CFD	Serin/treonin kinaz	-∞	120,77	0
TRAES3BF086300010CFD	Tanımlanmamış	-∞	2690,24	0
TRAES3BF092600030CFD	Tanımlanmamış	-∞	1000,01	0
TRAES3BF093200020CFD	Nükleobaz askorbat taşıyıcı	-∞	148,952	0
TRAES3BF093600170CFD	Sitozolik Asetil CoA karboksilaz	+∞	0	675,61
TRAES3BF094000050CFD	Tanımlanmamış	-∞	1000,01	0
TRAES3BF098900070CFD	Subtilizin-like proteaz	-∞	130,74	0
TRAES3BF109300010CFD	<i>BTR1-A gen</i>	-∞	1257,51	0
TRAES3BF109300020CFD	Tanımlanmamış	-∞	141,71	0
TRAES3BF114600110CFD	Tanımlanmamış	-∞	2231,63	0
TRAES3BF117100190CFD	SCAR	-∞	574,87	0
TRAES3BF117700030CFD	Tanımlanmamış	-∞	1487,75	0
TRAES3BF117900080CFD	SCAR	-∞	191,61	0
TRAES3BF118400050CFD	Giberellin 2-beta dioksijenaz	+∞	0	4627,57
TRAES3BF136800060CFD	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz	-∞	726,35	0
TRAES3BF160400010CFD	Tanımlanmamış	-∞	2311,42	0
TRAES3BF265900020CFD	Kumaroil transferaz	-∞	249,87	0
Traes_1AL_074FF2020	Tanımlanmamış	-∞	289,59	0
Traes_1AL_3D34ABA52	GTP-bağlanma proteini	-∞	4015,15	0
Traes_1AL_82AAF3E95	Tanımlanmamış	+∞	0	8280,32
Traes_1BL_1D76EAF00	Tanımlanmamış	+∞	0	2500,41

Çizelge 1.7 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane RPKM değeri
Traes_1BL_7103BF3C6	Selüloz sentaz	-∞	549,19	0
Traes_1BL_725F481D9	Oksisterol bağlanma proteini	-∞	386,72	0
Traes_1BL_FE64E1156	Tanımlanmamış	-∞	355,06	0
Traes_1BS_8A9B3CE82	CPP gen	-∞	448,02	0
Traes_1BS_E0A52650C	Tanımlanmamış	+∞	0	436,39
Traes_1DL_66A493AA4	Metiltransferaz	-∞	740,16	0
Traes_1DL_757719220	Globulin (Glo2) gen	+∞	0	951,81
Traes_1DL_F06343530	AMP-deaminaz	-∞	501,81	0
Traes_1DS_67B7153A8	Prolamin gen	-∞	2127,39	0
Traes_1DS_F4D0820FC	Tanımlanmamış	-∞	245,89	0
Traes_2AL_264BF03F4	Tanımlanmamış	+∞	0	2926,03
Traes_2AL_3FEA70BB9	Tanımlanmamış	+∞	0	2580,93
Traes_2AL_55644CC39	60S ribozomal protein	-∞	1036,19	0
Traes_2AL_C743B8664	Tanımlanmamış	+∞	0	486,53
Traes_2AL_E34A4C731	LRR-reseptör protein kinaz	+∞	0	2879,12
Traes_2AS_53250F380	NADH dehidrojenaz	-∞	2615,06	0
Traes_2AS_B1E630276	İndol-2-monooksijenaz	+∞	0	2948,39
Traes_2AS_F7FFA3233	Tanımlanmamış	-∞	116,99	0
Traes_2BL_4AEA2109C	Plazma zarı ATPaz	-∞	639,54	0
Traes_2BL_582B3F993	NADPH-Sitokrom P450 redüktaz	+∞	0	744,47
Traes_2BL_78B69AD87	MAPK	+∞	0	642,76
Traes_2BL_C1D1054B1	Tanımlanmamış	-∞	727,93	0
Traes_2BL_D80441793	S-adenozil metiyonin dekarboksilaz	+∞	0	1870,13
Traes_2BL_E8D89B38E	ETO-1 protein	-∞	257,1	0
Traes_2BS_14D040D89	Tanımlanmamış	-∞	6892,54	0
Traes_2BS_5B4DC015B	UDP-Glikoziltransferaz	-∞	503,77	0
Traes_2BS_72223D34B	sitokrom-c redüktaz	-∞	193,84	0
Traes_2BS_AFAD8012F	UDP-glikozil transferaz	-∞	4151,95	0
Traes_2BS_E574A08EF	Tanımlanmamış	-∞	659,57	0
Traes_2DL_9CF61DF21	Tanımlanmamış	-∞	378,04	0
Traes_2DL_C7DC0EAAD	N-alfa-asetiltransferaz	-∞	471,08	0
Traes_2DS_FE62DB7F5	bHLH TF	+∞	0	2124,11
Traes_3AL_180BA5947	Tanımlanmamış	-∞	577,85	0

Çizelge 1.7 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane RPKM değeri
Traes_3AL_7165463B5	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	475,33	0
Traes_3AS_5FD0F7DCD	Triasil gliserol lipaz	+∞	0	3235,66
Traes_3DL_044EF9E7B	LRR protein	-∞	387,47	0
Traes_3DL_542514A64	Glutamin sentetaz	-∞	354,06	0
Traes_3DL_8E801362A	Tanımlanmamış	-∞	1209,41	0
Traes_3DL_979B9B32C	Tanımlanmamış	+∞	0	1680,65
Traes_3DL_D7B41386D	Tanımlanmamış	+∞	0	1403,11
Traes_3DS_2D0C6511B	Tanımlanmamış	-∞	3578,58	0
Traes_3DS_2D152D7C4	Peptidil-prolil cis/trans izomeraz	-∞	1513,22	0
Traes_4AL_2F479480C	Tanımlanmamış	+∞	0	509,7713
Traes_4AL_4B23E74CF	Tanımlanmamış	-∞	294,88	0
Traes_4AL_4BB1E1432	Tanımlanmamış	+∞	0	1424,21
Traes_4AL_6770A8F27	CCH-domain protein	+∞	0	670,14
Traes_4AL_99A60A9FC	Kloroplast, genom	+∞	0	10794,47
Traes_4AL_C6ADF44E1	Monodihidroaskorbat redüktaz	+∞	0	1206,19
Traes_4AL_F7D193897	GTPaz aktive protein	+∞	0	591,18
Traes_4AS_2D88ED3F8	Tanımlanmamış	-∞	2985,11	0
Traes_4AS_B3AE0219F	Tanımlanmamış	-∞	653,41	0
Traes_4BL_2ACE03C35	Tanımlanmamış	-∞	2719,14	0
Traes_4BL_51CB77408	Kloroplast, genom	+∞	0	14230,42
Traes_4BL_F8C1990BA	Mitokondriyal peptidaz	-∞	433,01	0
Traes_4BS_753D60475	Mitokondri DNA	+∞	0	9333,93
Traes_4BS_C1259053D	Kloroplast, genom	-∞	3883,73	0
Traes_4BS_C6D5E25DA	Tanımlanmamış	+∞	0	1371,33
Traes_4DL_26C60E33B	40S ribozomal protein	+∞	0	2466,06
Traes_4DL_447CDBB85	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	1101,12
Traes_4DL_8C6108857	Tanımlanmamış	+∞	0	2218,21
Traes_4DL_94CE22808	Tanımlanmamış	-∞	2242,45	0
Traes_4DS_DC3C9DC42	WRKY TF	+∞	0	241,75
Traes_5AL_1C01224F9	Tanımlanmamış	+∞	0	3296,41
Traes_5AL_7F8E591BF	Palmitoil-protein tiyoesteraz	-∞	643,54	0
Traes_5AL_8349DE248	Ornitin aminotransferaz	-∞	442,19	0
Traes_5AL_C51215890	Tanımlanmamış	+∞	0	1573,99
Traes_5AL_CC13CD0E3	Glikozil fosfatidilinozitol	-∞	80,99	0

Çizelge 1.7 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane RPKM değeri
Traes_5AL_D3B6FE48E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-∞	323,81	0
Traes_5AL_E2D1A33AC	EF-1 alpha	+∞	0	3587,01
Traes_5BL_05819E27A	Tetrahidrofolat redüktaz	+∞	0	1707,09
Traes_5BL_0D0ED345E	Tanımlanmamış	+∞	0	572,03
Traes_5BL_368BD3275	Oksin yanıt faktörü	+∞	0	1972,85
Traes_5BL_5897DA404	EF-1 alpha	-∞	407,07	0
Traes_5BL_BC9BBC101	Tanımlanmamış	-∞	1726,11	0
Traes_5BL_C02F72871	RGA2 protein	-∞	367,03	0
Traes_5BS_805D85BDE	Lektin domain protein kinaz	-∞	294,71	0
Traes_5BS_E05E49806	Metiltransferaz	-∞	260,76	0
Traes_5DL_32A9B595B	Tanımlanmamış	-∞	15344,62	0
Traes_5DL_A0348C014	Tanımlanmamış	-∞	421,63	0
Traes_5DL_A986ED9BC	Tanımlanmamış	-∞	428,66	0
Traes_5DL_CC411EC59	Tanımlanmamış	+∞	0	1173,31
Traes_5DL_CF14C84B5	Beta-hidroksisteroid dehidrojenaz	+∞	0	1040,41
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz	-∞	496,91	0
Traes_5DS_BDF5CCD6F	CCD1 gen	+∞	0	760,56
Traes_6AS_115900EE0	Kaloz sentaz	+∞	0	415,56
Traes_6AS_428546CD6	Çinko parmak protein	+∞	0	12525,05
Traes_6AS_9AB1491DE	Glikoziltransferaz	+∞	0	292,045
Traes_6AS_B0C62BBB8	Protein transport	-∞	74,11	0
Traes_6AS_C1BA35408	Fosfoenol piruvat karboksilaz	+∞	0	1317,23
Traes_6BS_27AAE5E2A	Kloroplast, genom	+∞	0	7062,14
Traes_6BS_9B80698D3	Tanımlanmamış	+∞	0	1458,71
Traes_6DL_909B865C0	Tanımlanmamış	-∞	359,33	0
Traes_6DL_D74F0C687	Tanımlanmamış	-∞	103,34	0
Traes_6DL_D9D1CB849	Kloroplast, genom	+∞	0	5664,31
Traes_6DL_E22794AD7	Serin/treonin protein kinaz	-∞	287,76	0
Traes_6DL_E56964DA7	Beta-D-ksilozidaz	+∞	0	3094,67
Traes_6DL_F4F20589A	Tanımlanmamış	-∞	992,57	0
Traes_6DS_393733E7C	BEACH domain-containing protein	-∞	288,27	0
Traes_6DS_6E145187F	Siklik-nükleotid/iyon kanal protein	-∞	168,19	0

Çizelge 1.7 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu tane örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol tane RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık tane RPKM değeri
Traes_6DS_8E81EA463	Tanımlanmamış	-∞	130,32	0
Traes_6DS_8FE68061D	Tanımlanmamış	-∞	401,76	0
Traes_6DS_E0A326AEE	GTPaz aktive protein	+∞	0	1558,91
Traes_7AL_8D721316C	Tanımlanmamış	+∞	0	535,09
Traes_7AL_B3B78EE36	CPP TF	-∞	403,54	0
Traes_7AL_E70AC6C0C	Sülfat taşıyıcı	-∞	495,98	0
Traes_7AS_8257B2226	Tanımlanmamış	+∞	0	506,45
Traes_7AS_928423256	Mitokondri DNA	-∞	3553,21	0
Traes_7BL_940485EBC	Tanımlanmamış	-∞	97,89	0
Traes_7BS_13A10F9A4	bHLH TF	+∞	0	311,37
Traes_7BS_1A4EAC2F8	Ubikuitin protein	+∞	0	1096,49
Traes_7BS_5BD5329A6	GTP-bağlanma proteini	+∞	0	1647,16
Traes_7BS_93A86D7A11	Fosfatidil inozitol-4-kinaz	-∞	314,55	0
Traes_7BS_9C61A9363	Apositrom b gen	-∞	1678,39	0
Traes_7BS_BC0866ABB	Glutamat 1-semialdehit amintransferaz	+∞	0	2921,11
Traes_7BS_F6F45F868	Glutamat reseptör	-∞	314,79	0
Traes_7DL_01350E267	LRR aile protein	-∞	393,25	0
Traes_7DL_3F49AF0E1	Riboflavin biyosentez protein	+∞	0	2735,46
Traes_7DL_98245621B	Tanımlanmamış	-∞	195,51	0
Traes_7DS_8908B158C	Tanımlanmamış	+∞	0	2369,03
Traes_7DS_9B463F375	Çinko parmak protein	+∞	0	1119,11

Çizelge 1.8 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	5,549	151,96	843,28
TRAES3BF037300020CFD	ATP sentaz; atpA&atp9 gen	3,71	858,03	3174,33
Traes_1DL_66A493AA4	Metiltransferaz; PMT7	3,69	234,35	867,01
Traes_6DL_55B96A9DC	FAD2 gen	3,69	726,41	2687,37
Traes_1AL_4207C2DCC	Tanımlanmamış	2,95	1097,78	3249,02
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	2,77	4726,38	13114,07
TRAES3BF024700240CFD	Tanımlanmamış	1,84	3384,09	6259,78
TRAES3BF053100120CFD	NADH dehidrojenaz	1,84	211,29	390,84

Çizelge 1.8 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_5AL_33293FD90	N-asetilglukozamil-fosfotidilinozitol biyosentetik protein	1,85	213,032	394,06
Traes_5BL_0F4F3F17F	Leg-5 gen; Vakuolar proses	1,84	626,374	1158,64
TRAES3BF037300040CFD	Tanımlanmamış	1,85	8968,44	16589,53
Traes_1DS_66B67E9B41	LMW-GS gen	1,849	1080,03	1997,802
Traes_3DS_2D152D7C4	Peptidil-prolil cis/trans izomeraz	1,84	319,41	590,84
Traes_5AL_EB683A676	Kloroplast, genom	1,84	4918,74	9098,51
Traes_6BS_27AAE5E2A	Kloroplast, genom	1,54	5162,17	7957,34
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	1,49	142643,53	213815,2
TRAES3BF024700180CFD	Mitokondri DNA, genom	1,23	10754,53	13262,25
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	1,23	805,73	993,61
Traes_4BS_6A4AC84DB	Kloroplast, genom	1,17	565812,02	665350,9
Traes_1AL_F20F2F715	Metiltransferaz, PMT7	1,028	1989,77	2044,78
TRAES3BF007300450CFD	Tanımlanmamış	1,021	306683,59	312989,0
TRAES3BF007300490CFD	Tanımlanmamış	-1,08	18905,55	17485,42
Traes_5DL_0EB8336E9	Prolamin gen	-1,08	440,6	407,53
Traes_7DL_CFEA482EE	Lizozomal Pro-X karboksipeptidaz	-1,081	415,39	384,19
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	-1,11	3366,38	3029,36
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-1,162	12413,22	10679,79
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	-1,49	116407,77	77658,94
Traes_2AS_B1E630276	İndol-2-monooksijenaz	-1,62	4310,33	2657,71
Traes_4AS_491EF4D7F	CPK9, DREB2 gen	-1,62	712,01	439,02
Traes_6BL_5979B5341	Kloroplast, genom	-2,162	157535,45	72850,9
Traes_2DL_559BABFD8	Tanımlanmamış	-2,162	4237,88	1959,77
Traes_5AL_D3B6FE48E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	-2,168	1640,37	758,577
Traes_4BL_282E515551.1	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz (RBCl gen)	-2,43	7089,58	2914,23
TRAES3BF007300030CFD	Kloroplast, genom	-2,52	7885,70	3125,72
TRAES_5DS_282E51555	Ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz	-3,24	8782,25	2707,51
TRAES_3DL_0A92A2224	Fotosistem II CP43, klorofil apoprotein	-4,054	26772,91	6603,14
Traes_4AL_99A60A9FC	Kloroplast, genom	-4,86	11835,56	2432,55
TRAES3BF003200030CF	Mitokondri DNA	-∞	74,66	0
TRAES3BF007300200CFD	Kloroplast, genom	-∞	1891,26	0
TRAES3BF007300220CFD	Kloroplast, genom	-∞	2417,21	0
TRAES3BF007300320CFD	Kloroplast, genom	-∞	13015,75	0

Çizelge 1.8 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak RPKM değeri
TRAES3BF007300510CFD	Tanımlanmamış	-∞	3646,65	0
TRAES3BF023700030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	251,16
TRAES3BF024100140CFD	Tanımlanmamış	-∞	1498,27	0
TRAES3BF033900080CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	705,99
TRAES3BF037300030CFD	Tanımlanmamış	-∞	18860,4	0
TRAES3BF045900030CFD	Tanımlanmamış	-∞	3357,23	0
TRAES3BF050900090CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	323,64
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	39,66
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	141,75
TRAES3BF074200130CFD	Kloroplast, genom	-∞	347,49	0
TRAES3BF091500080CFD	Kloroplast, genom	-∞	5287,64	0
TRAES3BF092500080CFD	Tanımlanmamış	-∞	113,074	0
TRAES3BF096900160CFD	Kloroplast, genom	-∞	392,76	0
TRAES3BF109300010CFD	<i>BTR1-A gen</i>	-∞	72,39	0
TRAES3BF178200070CFD	Mitokondri DNA, genom	-∞	6609,56	0
Traes_1AL_6E5BA9C6F	Klorofil a-b bağlanma proteini	+∞	0	1520,34
Traes_1AL_A37AB3144	Kolin/etanolamin kinaz	-∞	315,13	0
Traes_1AL_B685D719F	LRR-tekrar protein	+∞	0	358,22
Traes_1AL_BB3D071F8	NADPH-protoklorofil oksidoredüktaz gen	+∞	0	1193,4
Traes_1AS_1A8023A17	Aspartik asit proteaz	+∞	0	538,02
Traes_1AS_B7AB828CB	MYB-like protein	-∞	645,49	0
Traes_1BL_241A3B9EF	Ubikuitin protein	+∞	0	310,54
Traes_1BL_432BBE427	Karbonil redüktaz	-∞	581,06	0
Traes_1BL_7CD8883D4	Tanımlanmamış	+∞	0	366,49
Traes_1BL_858B71505	Diaçil gliserol kinaz	+∞	0	494,40
Traes_1BL_A0A187E85	Glikozil transferaz	-∞	195,25	0
Traes_1BL_A7A180B22	Alkol dehidrojenaz	-∞	1739,59	0
Traes_1BL_EE469A92D	Tanımlanmamış	-∞	613,65	0
Traes_1BS_19899B6B7	Tanımlanmamış	-∞	451,45	0
Traes_1BS_76F5D4D2D	Glikojen sentaz kinaz	-∞	308,018	0
Traes_1BS_B2B5394E5	Glikozil transferaz	-∞	587,24	0
Traes_1DL_22FEEB7F1	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	233,79	0
Traes_1DL_73AAC8631	MAPK	-∞	282,01	0
Traes_1DL_84DBF561A	Tanımlanmamış	-∞	201,16	0
Traes_1DL_E6D796F07	Tanımlanmamış	+∞	0	1116,22

Çizelge 1.8 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_1DS_9256376AB	Ubikuitin protein	-∞	1008,77	0
Traes_2AL_264BF03F4	Tanımlanmamış	-∞	712,94	0
Traes_2AL_2AA0872A7	Tanımlanmamış	-∞	324,06	0
Traes_2AL_4D0085951	CCCH domain proteini	+∞	0	242,21
Traes_2AL_55644CC39	Tanımlanmamış	-∞	656,17	0
Traes_2AL_6C08D8E87	Aktin (ACT-1) gen	+∞	0	369,32
Traes_2AL_783CF383F	Gliseraldehit-3-fosfat dehidrojenaz	+∞	0	1170,78
Traes_2AL_FA773418C	Sistein proteinaz	+∞	0	737,94
Traes_2AS_3F30521B9	Tanımlanmamış	-∞	596,07	0
Traes_2AS_49D6010DA1	Tanımlanmamış	+∞	0	307,53
Traes_2AS_6C86821B1	Glikozil transferaz	-∞	292,13	0
Traes_2BL_232323148	Ksiloglikozil transferaz	-∞	285,81	0
Traes_2BL_7713B3533	Tanımlanmamış	-∞	786,42	0
Traes_2BL_A687959FB	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	139,14
Traes_2BL_C2AFAED96	Tanımlanmamış	+∞	0	1054,16
Traes_2BL_D48F61FF3	Ubikuitin protein	-∞	153,51	0
Traes_2BL_E14BABA16	Peroksizomal CoA sentaz	-∞	1182,97	0
Traes_2BS_6FC2B14A6	Lösün-tRNA ligaz	-∞	410,89	0
Traes_2BS_8281050F1	Tanımlanmamış	-∞	491,68	0
Traes_2BS_EE56B3887	Tanımlanmamış	-∞	1456,98	0
Traes_2DL_0C93B5995	Tanımlanmamış	+∞	0	827,72
Traes_2DL_DCC450559	Tanımlanmamış	+∞	0	466,22
Traes_2DS_820352BAD	Çinko metalloproteinaz	+∞	0	1636,97
Traes_2DS_DC26EB88F	Tanımlanmamış	-∞	592,45	0
Traes_3AL_66A5CCFDB	Ubikuitin protein	-∞	121,84	0
Traes_3AL_D23DC53CB	HSP protein	+∞	0	545,58
Traes_3AS_57977E87E	Çinko parmak süperail proteinini	-∞	248,68	0
Traes_3DL_6324D70F2	Tanımlanmamış	-∞	369,87	0
Traes_3DL_647542868	Tanımlanmamış	+∞	0	252,08
Traes_3DL_979B9B32C	Tanımlanmamış	+∞	0	3787,38
Traes_3DL_9DC1B5230	Kloroplast, genom	-∞	4708,85	0
Traes_3DL_B7E220606	ATP-bağımlı RNA helikaz	-∞	244,02	0
Traes_3DS_9C173AB38	Triozofosfat izomeraz	-∞	392,64	0
Traes_4AS_894CED0DA	HSP protein	+∞	0	4498,69

Çizelge 1.8 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_4BL_1F7EA23DE	Sitokrom c oksidaz	+∞	0	2977,06
Traes_4BL_51CB77408	Kloroplast, genom	-∞	3467,31	0
Traes_4BL_5370E1E38	GTPaz aktivasyon protein	+∞	0	738,18
Traes_4BL_664DEFDB8	Tanımlanmamış	-∞	362,27	0
Traes_4BL_72AC318FB	Fosfat metabolizma protein	+∞	0	1047,02
Traes_4BS_25A1B3A9A	Tanımlanmamış	+∞	0	1410,71
Traes_4BS_83E7A4E49	Tanımlanmamış	-∞	79,03	0
Traes_4BS_B0275259F	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	464,01
Traes_4BS_DEACD7F0B	Glutasyon peroksidaz	-∞	81,77	0
Traes_4DL_777D39DE0	Tanımlanmamış	+∞	0	427,11
Traes_4DL_77B06F84B	Mitokondri DNA	+∞	0	4096,71
Traes_4DL_FFD22A8D7	Betain aldehit dehidrojenaz	+∞	0	883,72
Traes_4DS_3D34E7E83	GATA TF	-∞	406,61	0
Traes_4DS_77170C64A	Tanımlanmamış	-∞	323,73	0
Traes_4DS_DBC85DE54	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	566,53	0
Traes_5AL_0C84C364B	Tanımlanmamış	-∞	373,79	0
Traes_5AL_230C2A244	Tanımlanmamış	+∞	0	702,39
Traes_5AL_3A60F49E5	Tanımlanmamış	-∞	439,11	0
Traes_5AL_6F523B4281	ARO-1 like protein	-∞	914,95	0
Traes_5AL_779F9BB3C	Ubikuitin-protein ligaz	-∞	93,77	0
Traes_5AL_8309AC091	Tanımlanmamış	-∞	372,58	0
Traes_5AL_CC13CD0E3	Tanımlanmamış	+∞	0	94,87
Traes_5BL_09BEC72B6	S-açıl transferaz	+∞	0	1607,82
Traes_5BL_0B6F4D56C	Betain aldehit dehidrojenaz	+∞	0	316,32
Traes_5BL_4D65B66E2	AP2/EREBP TF	+∞	0	1070,41
Traes_5BL_623FB9090	Kloroplast, genom	-∞	247,27	0
Traes_5BL_B941CAFAE	Transmembran aile proteini	-∞	930,03	0
Traes_5BL_C44BF8BB6	Tanımlanmamış	-∞	423,57	0
Traes_5BL_C44BF8BB6	Tanımlanmamış	-∞	264,11	0
Traes_5BL_DBC5D12AB	Klorofil a-b bağlama protein	-∞	904,51	0
Traes_5BL_E1A888BDA	Serin karboksipeptidaz	+∞	0	2641,51
Traes_5BS_D51370B32	Ubikuitin protein ligaz	-∞	93,91	0
Traes_5DL_05EE63E0B	Betain aldehit dehidrojenaz	+∞	0	460,09

Çizelge 1.8 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_5DL_86102CD25	Tanımlanmamış	+∞	0	658,27
Traes_5DL_869343C81	F-box protein	-∞	83,57	0
Traes_5DL_997810D13	Kloroplast, genom	-∞	883,11	0
Traes_5DL_D893E1D80	Tanımlanmamış	-∞	1434,58	0
Traes_5DL_E5A482675	Tanımlanmamış	-∞	1697,71	0
Traes_5DL_E7DBBB54A	EF-1 alpha	-∞	345,12	0
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz	-∞	314,66	0
Traes_5DS_54E3C6084	Aktin (ACT-1) gen	+∞	0	1336,03
Traes_5DS_BDF5CCD6F	CCD1 gen	+∞	0	342,78
Traes_5DS_E0688C1DF	HSP protein	+∞	0	445,51
Traes_5DS_F020FB507	Kloroplast, genom	-∞	243,71	0
Traes_6AL_13895C140	ERF-TF	-∞	135,66	0
Traes_6AL_746FA1E5E	Tanımlanmamış	-∞	213,71	0
Traes_6AS_1A94E971B	Fruktan 1-ekzohidrolaz	+∞	0	172,96
Traes_6AS_68F131CA5	Patojen-ilişkili protein	+∞	0	640,32
Traes_6AS_99C6A3B0B	SBP (Squamosa binding protein)	+∞	0	392,08
Traes_6BL_C06F3EFD5	Kloroplast, genom	+∞	0	1252,62
Traes_6BS_C198E6AE4	Tanımlanmamış	+∞	0	1286,25
Traes_6BS_DFFD8D207	LRR-reseptör protein kinaz	+∞	0	678,44
Traes_6BS_EF51D2D2C	Tanımlanmamış	-∞	883,11	0
Traes_6DL_502CF6461	Senesens ilişkili protein	-∞	631,36	0
Traes_6DL_B345D3963	Dihidropirimidin dehidrojenaz	+∞	0	1150,69
Traes_6DL_E84B04F49	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	425,79
Traes_7AL_B3B78EE36	CPP TF	-∞	1022,17	0
Traes_7AS_34D476D5D1	EIL 1 gen	-∞	398,06	0
Traes_7AS_5E7A92F55	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	132,45	0
Traes_7AS_5F16EEFFD	Tanımlanmamış	+∞	0	3856,12
Traes_7AS_C0111D6A6	Mitokondri DNA	-∞	1755,23	0
Traes_7AS_E4C25B838	Beta-1,2-ksilozil transferaz	+∞	0	468,92
Traes_7BL_4D796D920	Kloroplast, genom	+∞	0	11478,82
Traes_7BL_C7C7E06B6	Tanımlanmamış	+∞	0	863,17
Traes_7BS_E62CB7EA9	Kloroplast, genom	+∞	0	2113,83
Traes_7DL_3E8454774	NADH dehidrojenaz	-∞	678,26	0

Çizelge 1.8 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu yaprak örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol yaprak RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık yaprak RPKM değeri
Traes_7DL_59AF4BEE7	Sitokrom P450	-∞	313,96	0
Traes_7DL_67FC5F6F5	atpA&atp9 gen	-∞	8936,87	0
Traes_7DL_9100E37EC	Tanımlanmamış	-∞	166,86	0
Traes_7DL_B5E92D587	Tanımlanmamış	-∞	898,11	0
Traes_7DL_C0E245B1B	Tanımlanmamış	-∞	224,44	0
Traes_7DS_30D2DA7DA	MYB domain protein	+∞	0	1210,95
Traes_7DS_9DF85403B	HSP protein	+∞	0	249,71
Traes_7DS_A5FF031DF	GAMYB-bağlanma proteini	+∞	0	323,38
Traes_7DS_D0A2F92D0	Tanımlanmamış	-∞	207,46	0

Çizelge 1.9 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+kuraklık kök RPKM değeri
TRAES3BF007300450CFD	Tanımlanmamış	5,41	4865,87	13550,22
Traes_5DL_BD1C8E19E	Glikoz-6-fosfat izomeraz	2,78	35,87	96,88
TRAES3BF067800190CFD	Tanımlanmamış	2,71	383,395	1035,30
TRAES3BF091100200CFD	Geranil difosfat redüktaz	2,71	59749,65	141177,4
TRAES3BF007300490CFD	TRAES3BF007300490 CFD	2,36	51817,77	118937,76
Traes_5DL_74C0145C4	Kloroplast, genom	2,29	4250,86	8609,16
Traes_1DS_9256376AB	Ubikuitin protein	2,03	18896,09	25513,13
TRAES3BF037300040CFD	Mitokondri DNA, genom	1,35	6781,98	6867,67
Traes_4BL_1F7EA23DE	sitokrom c oksidaz	1,012	51091,66	45988,64
Traes_4BS_6A4AC84DB	TaHSP	1,48	9626,95	14260,25
TRAES3BF035000130CFD	ATP sentaz (atp1)	-1,48	55,59	37,53
TRAES3BF062300010CFD	Prolamin gen	-1,48	90,35	60,99
TRAES3BF065000020CFD	Tanımlanmamış	-1,48	1280,71	864,59
Traes_2BL_0CCE42A38	Tanımlanmamış	-1,48	5297,27	3576,13
Traes_5DL_A51C04BEB	Kloroplast, genom	-1,11	424,58	286,63
TRAES3BF024700240CFD	Tanımlanmamış	-1,48	19564,37	10063,02
Traes_1AL_F20F2F715	Tanımlanmamış	-1,94	54847,11	18513,38
TRAES3BF007300320CFD	Kloroplast, genom	-2,96	1220,21	411,87
TRAES3BF109300010CFD	BTR1-A gen	-2,96	5303,83	1790,28

Çizelge 1.9 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+ kuraklık kök RPKM değeri
Traes_5DL_F09035AC5	Çinko metalloproteinaz, EGY1 gen	-2,96	2325,29	392,44
TRAES3BF055300020CFD	Tanımlanmamış	-5,92	2325,29	392,44
TRAES3BF002500020CFD	Betain aldehit dehidrojenaz	+∞	0	124,11
TRAES3BF002800020CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1410,75
TRAES3BF007300030CFD	Kloroplast, genom	+∞	0	1602,35
TRAES3BF007300230CFD	Kloroplast, genom	+∞	0	1727,32
TRAES3BF013700010CFD	Subtilizin proteaz	+∞	0	1768,79
TRAES3BF013700020CFD	Subtilizin proteaz	-∞	5379,87	0
TRAES3BF013900010CFD	Subtilizin proteaz	+∞	0	2154,64
TRAES3BF023700030CFD	Tanımlanmamış	-∞	572,17	0
TRAES3BF027700230CFD	NBS-LRR gen	+∞	0	2152,71
TRAES3BF033900070CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	4200,24
TRAES3BF037300020CFD	ATP sentaz; atpA&atp9 gen	-∞	3615,68	0
TRAES3BF037300030CFD	Tanımlanmamış	-∞	34061,11	0
TRAES3BF043700010CFD	Betain aldehit dehidrojenaz	+∞	0	3389,77
TRAES3BF046300200CFD	Tanımlanmamış	-∞	550,95	0
TRAES3BF047400060CFD	Betain aldehit dehidrojenaz	+∞	0	171,23
TRAES3BF053800040CFD	Tanımlanmamış	-∞	365,59	0
TRAES3BF054300010CFD	Tanımlanmamış	-∞	4368,94	0
TRAES3BF054400020CFD	Tanımlanmamış	-∞	4368,94	0
TRAES3BF061300030CFD	Tanımlanmamış	-∞	3650,23	0
TRAES3BF078300040CFD	Asetil CoA dehidrojenaz	+∞	0	1723,21
TRAES3BF078500340CFD	Serin/Treonin protein kinaz	-∞	627,21	0
TRAES3BF089000150CFD	Kalsiyum-binding protein	-∞	9332,62	0
TRAES3BF090000010CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	162,71
TRAES3BF091400290CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	2606,57
TRAES3BF092200030CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1275,21
TRAES3BF093800020CFD	CCCH domain protein	+∞	0	1039,17
TRAES3BF098800150CFD	sitokrom c oksidaz2	-∞	2667,12	0
TRAES3BF108200050CFD	CCCH domain protein	+∞	0	2341,69
TRAES3BF109300020CFD	Betain aldehit dehidrojenaz	+∞	0	255,29
TRAES3BF109300050CFD	Tanımlanmamış	-∞	475,21	0

Çizelge 1.9 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+ kuraklık kök RPKM değeri
TRAES3BF114000090CFD	Glutamik asit, lizin-rich protein	-∞	7655,82	0
TRAES3BF115000180CFD	Tanımlanmamış	+∞	0	1113,88
TRAES3BF115600060CFD	Tanımlanmamış	-∞	9958,27	0
TRAES3BF184200020CFD	Glutamat-tRNA ligaz	+∞	0	1081,51
TRAES3BF277500020CFD	<i>RABC1</i>	-∞	989,52	0
Traes_1AL_047E5779D	LCB-kinaz	-∞	1487,51	0
Traes_1AL_4207C2DCC	Tanımlanmamış	+∞	0	1249,172
Traes_1AL_B4D55A0CE	Tanımlanmamış	-∞	821,56	0
Traes_1AS_0C27DAB0B	SUMO-protein ligaz	+∞	0	8086,85
Traes_1AS_29E6D9863	İndol-2-monooksijenaz	+∞	0	1746,54
Traes_1AS_787535721	Açıl-koenzim A oksidaz	-∞	2511,78	0
Traes_1AS_AAC8F7A54	UDP-glikoziltransferaz	+∞	0	2249,28
Traes_1AS_FD1738367	Tanımlanmamış	+∞	0	3471,25
Traes_1BL_4734A3E40	Tanımlanmamış	+∞	0	1286,11
Traes_1BL_C26C09D3C	Tanımlanmamış	+∞	0	1144,25
Traes_1BL_DCCBC427D	Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	1313,24
Traes_1BL_DD83F4D60	Metiltransferaz, PMT7	-∞	15844,72	0
Traes_1BL_EE469A92D	Tanımlanmamış	+∞	0	1745,7
Traes_1BS_282C4747C	Tanımlanmamış	+∞	0	497,94
Traes_1BS_2E766829E	Peroksidaz	+∞	0	886,56
Traes_1BS_4BA296C26	TIR protein	-∞	2200,65	0
Traes_1BS_716EA1208	Açıl-koenzim A oksidaz	-∞	1307,81	0
Traes_1BS_C012FD5DC	Kalmodulin-binding protein	-∞	1476,82	0
Traes_1DL_2FC3C0384	Ubikuitin protein	-∞	1022,87	0
Traes_1DL_38415F71A	Tanımlanmamış	+∞	0	248,81
Traes_1DL_A17D0D20B	Tanımlanmamış	-∞	1437,52	0
Traes_2AL_01E6C08C0	GATA TF protein	+∞	0	788,41
Traes_2AL_13660C467	Tanımlanmamış	-∞	880,26	0
Traes_2AL_3525D321A	Tanımlanmamış	+∞	0	489,31
Traes_2AS_4C3C5E990	Aquaporin (PIP2) gen Serin/Treonin protein kinaz	+∞	0	7747,01
Traes_2AS_656B68D08	Kalmodulin gen,	-∞	923,27	0
Traes_2AS_B1E630276	İndol-2-monooksijenaz	+∞	0	1021,82

Çizelge 1.9 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+ kuraklık kök RPKM değeri
Traes_2AS_EF55AF9DD	Adenil süksinat sentaz	+∞	0	616,79
Traes_2AS_FEBDEF579	Tanımlanmamış	+∞	0	4694,54
Traes_2BL_004C94397	Çinko parmak C3HC4	+∞	0	519,44
Traes_2BL_11A4F903B	Stearoil-ACP desaturaz	-∞	1026,21	0
Traes_2BL_5A02DC176	Tanımlanmamış	-∞	647,33	0
Traes_2BL_A6E213603	TaHSP	+∞	0	1266,61
Traes_2BL_C2D2837C1	BEACH domain-containing protein	-∞	2681,39	0
Traes_2BL_F867CF2D2	Tanımlanmamış	+∞	0	699,91
Traes_2BS_D8EC76A3B	Aquaporin PIP1	+∞	0	2170,84
Traes_2DL_0C93B5995	Tanımlanmamış	-∞	1885,61	0
Traes_2DL_1EA41EBF9	Tanımlanmamış	-∞	2417,53	0
Traes_2DL_740F1CDC4	Tanımlanmamış	+∞	0	905,69
Traes_2DL_8F04980F0	Stearoil-ACP desaturaz	-∞	5462,31	0
Traes_2DS_BA429F6E1	Tanımlanmamış	-∞	1652,02	0
Traes_2DS_C8CA39D44	Tanımlanmamış	-∞	2015,67	0
Traes_3AL_0F5E2E1BD	Serin/treonin protein kinaz	+∞	0	458,83
Traes_3AL_1F6FFB489	Mitokondri DNA	+∞	0	4891,74
Traes_3AL_516137588	Tanımlanmamış	-∞	3789,93	0
Traes_3AL_C79DC8EEC	Tanımlanmamış	+∞	0	4844,15
Traes_3DL_2BC4CDDAA	40S ribozomal RNA	-∞	2912,63	0
Traes_3DL_76A92F4FD	Tanımlanmamış	+∞	0	1050,67
Traes_3DL_A537E5B02	Tanımlanmamış	-∞	1070,48	0
Traes_3DL_B80EC2366	Kloroplast, genom	+∞	0	38001,14
Traes_3DL_DB4F4CB29	Histidin kinaz	+∞	0	1004,21
Traes_3DL_FAAC17C77	Potasyum-taşıyıcı 2	-∞	833,61	0
Traes_3DS_2D152D7C4	Peptidil-prolil cis-trans izomeraz	+∞	0	908,66
Traes_3DS_75E0846BF	Mitokondri DNA	+∞	0	6202,93
Traes_3DS_F679AA5F5	Tanımlanmamış	+∞	0	1997,86
Traes_4AL_DFB6AF6AA	Guanin nükleotid bağlama proteini	+∞	0	1775,75
Traes_4AL_F46203719	Fitokrom A gen	-∞	1399,34	0
Traes_4AL_F76A240AC	Tanımlanmamış	-∞	8576,73	0
Traes_4AL_F7B454B53	Tanımlanmamış	-∞	1536,22	0
Traes_4AS_18B1C3691	Tanımlanmamış	+∞	0	1250,47
Traes_4AS_45B3A61CD	UDP-3-O-N-acetilglukozamin deasetilaz	-∞	288,23	0

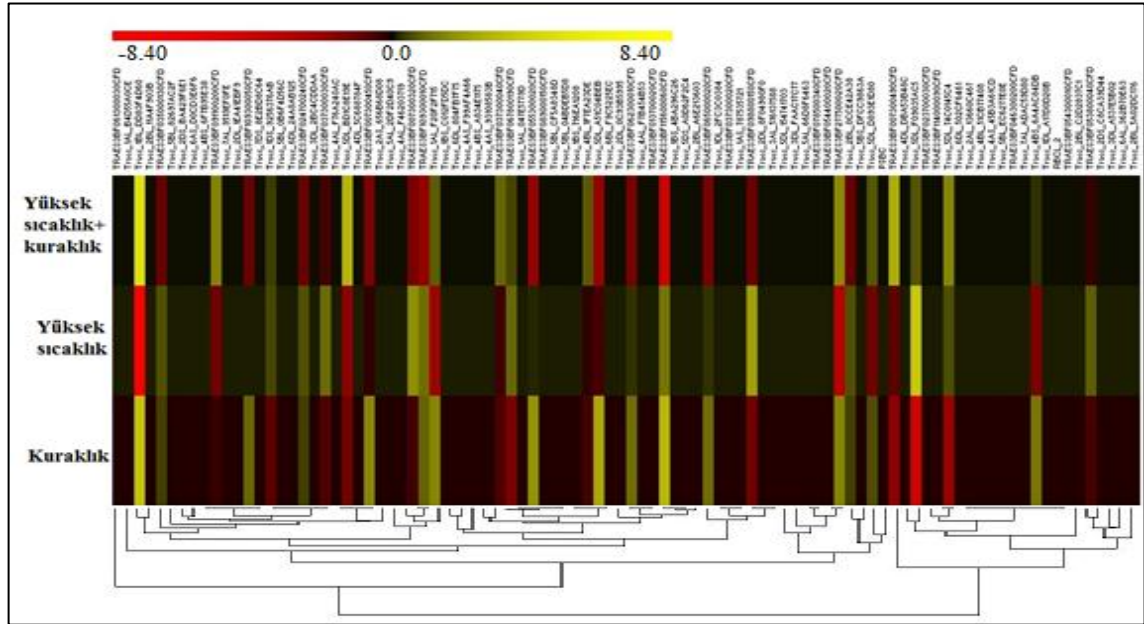
Çizelge 1.9 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+ kuraklık kök RPKM değeri
Traes_4AS_93108583B	Lizin-spesifik demetilaz	-∞	1332,56	0
Traes_4AS_F99AF4A66	Ksiloglikozil transferaz	-∞	1345,31	0
Traes_4BL_0940FC4BA	UDP-glikozil transferaz	+∞	0	2785,57
Traes_4BL_51CB77408	Kloroplast, genom	-∞	14610,91	0
Traes_4BS_4248F8A2B	ATPaz AAA domain protein	+∞	0	669,15
Traes_4BS_6F7B95E38	Tanımlanmamış	-∞	1278,71	0
Traes_4BS_A834E1175	Tanımlanmamış	-∞	664,46	0
Traes_4BS_CBBA8D8D1	Tanımlanmamış	+∞	0	1347,05
Traes_4DL_5C688784F	Patojen-ilişkili protein	-∞	4250,86	0
Traes_4DL_D89FD9F31	Tanımlanmamış	+∞	0	1335,09
Traes_4DL_DBA53B48C	Tanımlanmamış	-∞	2352,65	0
Traes_4DS_093764887	Tanımlanmamış	+∞	0	3975,89
Traes_5AL_0C2D144B0	TaHSP	+∞	0	1115,26
Traes_5AL_2DF2D40C9	S-açıl transferaz	-∞	1185,71	0
Traes_5AL_45BEDB1DF	Puromisin duyarlı peptidaz	+∞	0	261,16
Traes_5AL_66D8F6463	ATP-sülfürilaz	-∞	2066,31	0
Traes_5AL_83E515188	GRAS TF	+∞	0	3532,39
Traes_5AL_9AE0ED26A	Tanımlanmamış	+∞	0	6481,34
Traes_5BL_00424D5AB	Translasyon başlama faktörü	+∞	0	507,75
Traes_5BL_04BDEB5D8	GRAS TF	-∞	588,29	0
Traes_5BL_0B6F4D56C	Tanımlanmamış	-∞	720,61	0
Traes_5BL_59BE4EDC4	mRNA splicing faktör	+∞	0	323,51
Traes_5BL_5CFD958FC	Tanımlanmamış	+∞	0	562,58
Traes_5BL_82697AC2F	Tanımlanmamış	-∞	4711,53	0
Traes_5BL_CF5A8348D	Tanımlanmamış	-∞	3608,36	0
Traes_5BL_EC6277E0E	Tanımlanmamış	-∞	2396,94	0
Traes_5BS_DFCC9863A	TaHSP	+∞	0	1294,81
Traes_5DL_02D649D6E	Tanımlanmamış	+∞	0	173,17
Traes_5DL_0EB8336E9	Kloroplast, genom	+∞	0	626,75
Traes_5DL_154741703	Aldehit oksidaz, İndol asetaldehit oksidaz	-∞	3143,79	0
Traes_5DL_D893E1D80	Tanımlanmamış	-∞	2418,08	0
Traes_5DL_FC9E6D3F7	Translasyon başlama faktörü	+∞	0	353,06
Traes_5DS_A0D62F2C4	Tanımlanmamış	-∞	362,45	0

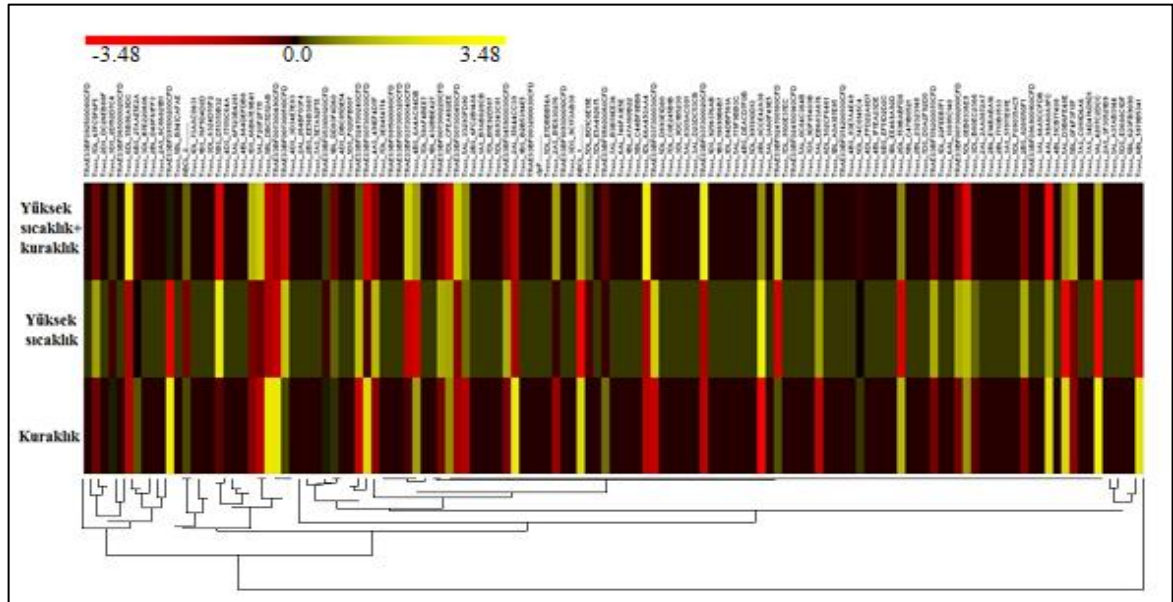
Çizelge 1.9 Yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök örneği için RPKM değerleri ve ifade değişimi gösteren transkriptlerin BlastN sonuçları (devam)

TRANSKRİPT	BlastN sonucu	Kat değişimi (Kontrol/ Stres)	Kontrol kök RPKM değeri	Yüksek sıcaklık+ kuraklık kök RPKM değeri
Traes_6AL_362B70E63	bZIP protein gen	-∞	472,19	0
Traes_6AL_592B4210A	UDP-N-asetilglikozamin transferaz	+∞	0	5750,11
Traes_6AL_6A363ED85	Kazein kinaz	+∞	0	231,55
Traes_6AS_D0CD3E6F6	GPI-anchor transamidaz	-∞	737,09	0
Traes_6BL_88E2FBDC9	Siklin bağımlı kinaz	+∞	0	1123,24
Traes_6BL_A93DF2D98	Tanımlanmamış	+∞	0	2045,38
Traes_6BL_F9C5225EC	Tanımlanmamış	-∞	4437,83	0
Traes_6DL_24A8AB125	Glutamin sentetaz	-∞	1564,08	0
Traes_6DL_27D4FA76F	1,3-glikoziltransferaz	+∞	0	4154,32
Traes_6DL_502CF6461	Senesens ilişkili protein	-∞	2660,49	0
Traes_6DL_804FB7F75	AGO1 protein	-∞	641,12	0
Traes_6DL_BC96FBEE2	Tanımlanmamış	+∞	0	1510,51
Traes_6DL_D9D1CB849	Kloroplast, genom	+∞	0	2944,62
Traes_6DS_725915348	Tanımlanmamış	+∞	0	441,98
Traes_7AL_9519EF0FE	Triasilgliserol lipaz	-∞	1411,34	0
Traes_7AL_ADAC59D80	Tanımlanmamış	-∞	1002,36	0
Traes_7BL_5442745DF	Fosfatidilinozitol-3-fosfat 5-kinaz	+∞	0	1020,23
Traes_7BS_9C61A9363	Apositokrom b gen	+∞	0	3023,54
Traes_7DL_11C20FC1B	Fosfolipid taşıyıcı-ATPaz	+∞	0	1907,08
Traes_7DL_42BBAEBA5	Tanımlanmamış	+∞	0	2652,54
Traes_7DL_54B2A4017	Tanımlanmamış	+∞	0	1042,78
Traes_7DL_67FC5F6F5	atpA&atp9 gen	+∞	0	8474,43
Traes_7DS_2C02E0FAC	Tanımlanmamış	+∞	0	1451,59
Traes_7DS_5C822647D	Tanımlanmamış	+∞	0	801,35
Traes_7DS_8E2BD8C64	Kloroplast, genom	-∞	36627,35	0
Traes_7DS_9FBF54244	NAC transkripsiyon faktör	+∞	0	545,25

EK 2 Kök ve yaprak dokusuna ait sıcaklık grafiği



Şekil 2.1 Kök dokusunda kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ifade seviyesi değişen transkriptlerin sıcaklık grafiği



Şekil 2.2 Yaprak dokusunda kuraklık, yüksek sıcaklık, yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu ifade seviyesi değişen transkriptlerin sıcaklık grafiği

EK 3 Kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık+kuraklık stresi sonucu kök, yaprak ve tane örneğine ait gen atıflandırması (GO) grafiği

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00003	Sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00006	metal taşıyıcı	Mitokondri	--	--
c_00012	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00013	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	Moleküler fonksiyon	Taşıma
c_00014	Sitokrom oksidaz alt ünite	Mitokondri	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00014	Sitokrom oksidaz alt ünite	Plazma membranı	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00015	Hücre duvarı-ilişkili hidrolase	Plastid	Moleküler fonksiyon	hücre duvar ilişkili hidrolaz
c_00017	glutasyon s-transferaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00018	Retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00019	Ribuloz bifosfat karboksilaz	Mitokondri	Liyaz aktivitesi	--
c_00020	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı	--
c_00020	23s ribozomal rna	--	Liyaz aktivitesi	--
c_00028	atpaz f1 alfa	Protein kompleksi	ATPaz aktivitesi, Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi, Metabolik işlev
c_00030	Fotosistem II	Plastid	Moleküler fonksiyon	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00032	Oksin yanıt faktörü 8	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi
c_00033	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Moleküler fonksiyon	Taşıma
c_00034	Ribuloz- - bifosfatkarboksilaz oxygenase	Plastid	Liyaz aktivitesi, Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi, Karbonhidrat metabolizması
c_00042	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	--	--
c_00053	Fotosistem II protein	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon, Öncül metabolit ve enerji üretimi, Stres cevabı
c_00070	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00077	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00080	yaşlanma ilişkili protein	--	--	Nükleaz aktivitesi
c_00084	Mitokondriyal protein	Mitokondri	--	--
c_00085	serin açıltrasferaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00088	Hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00089	RNAaz	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00093	Fotosistem II protein d1	Plastid, Protein kompleksi,Tilakoid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon, Öncül metabolit ve enerji üretimi, Stres cevabı
c_00094	Hücre duvarı-ilişkili hydrolase	Mitokondri	Moleküler fonksiyon	--
c_00096	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	--	--
c_00097	Yaşlanma-ilişkili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00100	Glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00103	23s ribozomal RNA	Plastid,Ribozom	Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00104	metal taşıyıcı	Plastid	--	--
c_00108	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00110	serin asetiltransferaz	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00111	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00114	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00115	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00120	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	--	Biyolojik işlev
c_00123	yaşlanma ilişkili protein	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00126	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	--	Biyolojik işlev
c_00131	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00132	23s ribozomal rna	Plastid,Ribozom	Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00134	NAC domain-containing protein 2-like	Mitokondri	--	--
c_00135	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00147	yaşlanma ilişkili protein	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00148	Hücre duvarı-ilişkili hydrolase	Tilakoid	--	--
c_00152	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00165	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00180	23s ribozomal rna	Ribozom	Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon,Liyaz aktivitesi
c_00184	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00197	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00218	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00232	yaşlanma ilişkili protein	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00235	rrna intron-encoded homing	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00238	Glikoziltransferaz	Mitokondri	--	--
c_00240	beach domain-containing protein lvsc	İntrasellüler	Lipit bağlayıcı	Taşıma
c_00241	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	--	Biyolojik işlev
c_00253	yaşlanma ilişkili protein	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00271	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	--	Biyolojik işlev
c_00273	glikozil transferaz	--	--	Biyolojik işlev
c_00280	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	--	Biyolojik işlev
c_00302	pg1	--	Kinaz aktivitesi	--
c_00312	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00313	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00333	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00344	Oksin-indüklenmiş protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00359	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	--	--
c_00363	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00376	Hücre duvarı-ilişkili hydrolase	Vezikül	--	--
c_00377	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	Metiltransferaz aktivitesi	Diğer
c_00338	lösin karboksil metiltransferaz	--	Metiltransferaz aktivitesi	Diğer
c_00344	oksin-induced protein 5ng4	--	Taşıma aktivitesi	--
c_00362	yaşlanma ilişkili protein	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00376	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00381	Kalsiyum bağımlı protein kinaz	Plastid	Kinaz aktivitesi	--
c_00407	--	--	--	Biyolojik işlev
c_00411	--	--	--	Biyolojik işlev
c_00414	--	--	--	Biyolojik işlev
c_00423	fdcp 6 homolog	Hücre duvarı	--	--
c_00424	ph domain protein	Hücre duvarı	--	--
c_00425	ph domain protein	Hücre duvarı	--	--
c_00426	Kalsiyum-bağımlı protein kinaz	--	Kinaz aktivitesi	--
c_00428	Fotosistem II protein d1	Protein kompleksi	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00428	Fotosistem II protein d1	Tilakoid	Stres cevabı	--
c_00431	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	--	Biyolojik işlev
c_00433	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	Kinaz aktivitesi	--
c_00441	Pleiotropik drug rezistans protein 5	Hücresel bileşen	ATPaz aktivitesi	--
c_00442	e3 ubiquitin-protein ligaz upl1	--	--	--
c_00443	sitokrom c oksidaz	Vezikül Mitokondri Plazma membranı	Taşıma aktivitesi, Metabolik işlev	Öncül metabolit ve enerji üretimi, Biyolojik işlev
c_00447	Yaşlanma-ilişkili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00459	Reseptör kinaz	Hücresel bileşen	--	--
c_00463	Sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00465	Ribuloz bifosfat karboksilaz	Mitokondri	Liyaz aktivitesi	--
c_00470	Ribuloz bifosfat karboksilaz	Mitokondri	--	--
c_00473	Sitokrom c oksidaz alt ünite 2	Mitokondri, Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi, Metabolik işlev	Öncül metabolit ve enerji üretimi, Metabolik işlev
c_00483	katepsin b	--	Peptidaz aktivitesi	--
c_00485	Koatomer alt ünite gamma	Golgi cisimciği, Protein kompleksi	Ribozom yapısal bileşeni	Biyosentez işlevi, taşıma
c_00487	Kallos sentaz	Plazma membranı, Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi, Karbonhidrat metabolizması
c_00492	lipaz member	--	--	Metabolik işlev
c_00493	lipaz member	--	--	Metabolik işlev
c_00497	40s ribozomal protein s7	Ribozom	Ribozom yapısal bileşeni	Translasyon

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00498	40s ribozomal protein s7	Sitozol, Ribozom	Ribozom yapısal bileşeni	Ribozom biyogenezi, Translasyon
c_00498	40s ribozomal protein s7	--	--	--
c_00500	Açıl-koenzim a oksidaz	Hücreiçi	--	Katabolik işlev, Embriyo gelişimi, Protein metabolizması, Metabolik işlev, taşıma
c_00504	LRR protein kinaz	Plazma membranı	Enzim bağlayıcı, Sinyal iletim aktivitesi	--
c_00507	fosfatidil inozitol fosfataz	--	Peptidaz aktivitesi	--
c_00511	atp sülfirilaz	--	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00512	Kallos sentaz	Plazma membranı, Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi, Karbonhidrat metabolizması
c_00514	sumo-conjugating enzim	Çekirdek	Ligaz aktivitesi	--
c_00515	sumo-conjugating enzim	Çekirdek	Ligaz aktivitesi	--
c_00519	stearoil acp desaturaz	--	--	Metabolik işlev
c_00520	Flavin-içeren monoksijenaz	Çekirdek	--	Hücresel organizasyon
c_00522	elongator kompleks protein 3	Sitozol Nüklear kromozom Protein kompleksi	Diğer Hücresel organizasyon Büyüme Protein metabolizması Sinyal iletimi Translasyon	--
c_00523	elongator kompleks protein 3	Sitozol Nüklear kromozom Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	Diğer Hücresel organizasyon Büyüme Protein metabolizması Sinyal iletimi Translasyon
c_00524	Plazma membran	Plazma membranı	ATPaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00525	plazmalemma h+-atpaz	--	ATPaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00526	plazma membran atpaz	--	ATPaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00542	Kullin-ilışkili nedd8-dissociated protein 1	Hücre duvarı Sitozol	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Embriyo gelişimi Protein metabolizması Üreme Stres cevabı Sinyal iletimi
c_00543	Kullin-ilışkili nedd8-dissociated protein 1	Hücre duvarı Sitozol	--	Diğer Hücresel organizasyon Metabolik işlev Embriyo gelişimi Protein metabolizması Üreme Stres cevabı Sinyal iletimi
c_00544	Transmembran 9 süperaile üyesi	Hücresel bileşen	--	--
c_00548	ribonuclease h protein	--	Taşıma aktivitesi	--
c_00550	ferrodoksin	--	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00551	aldehit oksidaz	--	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00552	Sitozolik ısı şok 70 protein	--	Enzim bağlayıcı	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması Stres cevabı Metabolik işlev
c_00553	Katalaz izoenzim	Çekirdekçik Ribozom	Oksidoredüktaz aktivitesi	Katabolik işlev Stres cevabı
c_00555	Ubikuitin	Vakuol Mitokondri	--	--
c_00556	Fruktoz 6-fosfat-fosfotransferaz	Peroksizom	--	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Metabolik işlev
c_00557	60s ribozomal protein l6	Vezikül Çekirdek Sitoplazma	Ribozom yapısal bileşeni	Translasyon
c_00558	60s ribozomal protein l6	Ribozom	Ribozom yapısal bileşeni	Translasyon
c_00559	60s ribozomal protein l6	Ribozom	Ribozom yapısal bileşeni	Translasyon

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00563	protein ruptured pollen grain 1	Ribozom	--	--
c_00566	Profilin protein	Plazma membranı Sitoplazma	ATPaz aktivitesi	--
c_00569	RNA-bağlayıcı protein	--	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00570	pumilio homolog 5-like	--	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00571	pumilio homolog 5-like	--	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00572	pumilio homolog 5-like	--	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00579	at4g21150-like	Hücre iskeleti	Taşıma aktivitesi	--
c_00580	Protein glikoziltransferaz ünite 2	Vakuol Hücre duvarı Endoplazmik retikulum Golgi cisimciği Mitokondri	Taşıma aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Hücresel organizasyon Ribozom biyogenezi
c_00580	Protein glikoziltransferaz alt ünitesi 2	Protein kompleksi	--	--
c_00584	Lipoksijenaz	Vakuol Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Embriyo gelişimi Öncül metabolit ve enerji üretimi Metabolik işlev Hücresel organizasyon Protein metabolizması Ribozom biyogenezi Metabolik işlev
c_00586	protein arginin n-metiltransferaz 5	Sitozol	Enzim bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Embriyo gelişimi Taşıma Üreme Stres cevabı Sinyal iletimi Metabolik işlev
c_00588	basic lösin zipper 34	--	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00590	ap-2 kompleks alt ünite mu-like	Sitozol	--	--
c_00591	ap-2 kompleks alt ünite mu	Sitozol Plazma membranı Protein kompleksi	--	--
c_00592	lizin spesifik demetilaz	--	Metiltransferaz aktivitesi	--
c_00593	lizin spesifik demetilaz	--	Metiltransferaz aktivitesi	--
c_00596	Ksiloziltransferaz	Hücresel bileşen	Taşıma aktivitesi	--

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00597	Peroksidaz n-like	Hücreiçi	--	--
c_00598	Peroksidaz n-like	Hücre dışı bölge Çekirdek	Oksidoredüktaz aktivitesi	Katabolik işlev Stres cevabı
c_00601	Metal taşıyıcı	Hücresel bileşen		Taşıma
c_00603	kemosiyanin öncülü	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00605	Fitokrom a	Çekirdek plazması	Sinyal iletim aktivitesi	Hücresel organizasyon Translasyon
c_00606	proteasome alt ünite beta type-5-a-like	Sitoplazma Çekirdek Protein kompleksi	Peptidaz aktivitesi	Katabolik işlev
c_00612	yaşlanma ilişkili protein	--	Taşıma aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00619	Yaşlanma-iliskili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00620	Yaşlanma-iliskili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00623	Yaşlanma-iliskili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00624	rrna intron-encoded homing	--	Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev
c_00627	Dejenerat transpozaz	Mitokondri	--	--
c_00632	Serin treonin protein kinaz	Hücreiçi Protein kompleksi	Enzim bağlayıcı	Sinyal iletimi
c_00633	Serin treonin protein kinaz	Hücreiçi Protein kompleksi	Enzim bağlayıcı	Sinyal iletimi
c_00643	bZIP transkripsiyon faktör	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00644	bZIP transkripsiyon faktör	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00651	5 –adeniltransferaz redüktaz kloroplastik	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Homeostatik işlev Metabolik işlev
c_00652	5 –adeniltransferaz redüktaz kloroplastik	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Homeostatik işlev Metabolik işlev
c_00655	oryzain alfa zincir	Vezikül Hücre dışı bölge Lizozom	Peptidaz aktivitesi	Katabolik işlev
c_00657	oryzain alfa zincir	Vezikül Hücre dışı bölge Lizozom	Peptidaz aktivitesi	Katabolik işlev

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00658	Isı şok protein 70-1 izoform	Hücre duvarı Sitozol Hücre dışı bölge Golgi cisimciği Çekirdekçik Plazma membranı Plastid Ribozom Vakuol	Enzim bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması Stres cevabı Metabolik işlev
c_00664	elongation faktör 2	--	Enzim bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00665	Aktin	Sitoplazma	--	--
c_00665	Aktin	Hücre iskeleti	--	--
c_00668	Yaşlanma-ilişkili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00679	protein	Vezikül	--	--
c_00681	Yaşlanma-ilişkili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00685	Kalmodulin-bağlama proteini	Sitoplazma	Moleküler fonksiyon	Hücresel organizasyon Homeostatik işlev Metabolik işlev Stres cevabı Sinyal iletimi Metabolik işlev Taşıma
c_00686	Yaşlanma-ilişkili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00699	Sitokrom oksidaz alt ünite	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Metabolik işlev
c_00705	Fotosistem II 32 kda	Plastid	Moleküler fonksiyon	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00706	apoptotic chromatin condensation inducer	Sitozol	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Homeostatik işlev Üreme Stres cevabı
c_00707	yaşlanma ilişkili protein	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00709	serin treonin-protein kinaz	Plastid	--	Hücresel organizasyon
c_00711	protein translation faktör sui1	--	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00713	serin treonin-protein kinaz oxi1-like	Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00714	serin treonin-protein kinaz oxi1-like	Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00719	subtilisin-like protease	Vezikül	Peptidaz aktivitesi	--

Çizelge 3.1 Kontrol kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00721	Plastid glutamin sentaz 2	Sitozol Hücre dışı bölge Plastid Ribozom Tilakoid	Ligaz aktivitesi	Yaşlanma Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Kofaktör metabolik işlevi Öncül metabolit ve enerji üretimi Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma
c_00722	plazma membran h ⁺ -atpaz	Plazma membranı	ATPaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00724	plazma membran atpaz	Plazma membranı	ATPaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00725	signal anchor, putative	Plastid	--	--
c_00727	serin treonin-protein kinaz ht1	--	Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00728	serin treonin-protein kinaz ht1	--	Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00736	subtilisin-like proteaz	--	Peptidaz aktivitesi	--
c_00737	DREB4 protein	Plazma membranı	--	Biyolojik işlev
c_00738	aquaporin tip4-1	Plazma membranı	Taşıma aktivitesi	Homeostatik işlev
c_00738	aquaporin tip4-1	Vakuol	--	--
c_00741	v-type proton atpaz alt ünite c 2	Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	--
c_00743	vakuolar atp sentaz21 kda proteolipid alt ünite	Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	--
c_00746	aquaporin tip1-2	Plazma membranı Vakuol	Taşıma aktivitesi	Homeostatik işlev
c_00750	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00751	hücre duvar ilişkili hidrolaz domain protein	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00759	hücre duvar ilişkili hidrolaz	--	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev
c_00761	ap-4 kompleks alt ünite epsilon	Protein kompleksi	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon
c_00764	glutasyon s-transferaz 3	--	Taşıma aktivitesi	--
c_00765	glutasyon transferaz	--	Taşıma aktivitesi	--
c_00770	Beta-glukanaz	Sitoplazma	Enzim bağlayıcı	Stres cevabı

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00002	Fitosistem II protein	Kloroplast	--	Taşıma
c_00003	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00004	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00009	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00010	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00011	Fitosistem II cp47	Tilakoid membran	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00012	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00013	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00014	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00015	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00016	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00017	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00023	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00025	sitokrom p450 monoksijenaz	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00026	metal taşıyıcı nramp5	Taşıma	--	Taşıma
c_00031	Fitosistem I assembly protein ycf4	Tilakoid membran membran integral bileşeni Membran	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00032	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Taşıma	--
c_00034	atp sentaz	Mitokondri		Taşıma
c_00035	atpaz	Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00037	sitokrom b6	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00038	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Taşıma
c_00040	ubikuitin protein ligaz	--	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00041	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00045	ribuloz bifosfat karboksilaz	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00043	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00044	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00045	Ribuloz bifosfatkarboksilaz	Mitokondri	--	--
c_00048	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00049	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00050	metal taşıyıcı nramp5	Membran	Taşıma	Taşıma
c_00052	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00053	Fitosistem I assembly protein ycf4	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00056	hücre duvar-ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00057	hücre duvar-ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00058	ribuloz bifosfatkarboksilaz/oksijenaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/reduksiyo n Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00059	Ribuloz bifosfat karboksilaz	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00061	atp sentaz	Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi	Taşıma
c_00065	Fitosistem II cp47 apoprotein	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00066	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00067	Fitosistem II protein	Kloroplast Membran integral bileşeni Membran	Metal iyon bağlayıcı	Taşıma

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00068	Fitosistem II protein	Kloroplast	Taşıma	Taşıma
c_00069	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00070	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00074	atp sentaz	Tilakoid membran Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma Taşıma
c_00075	ribuloz bifosfat karboksilaz		Metabolik işlev	
c_00079	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00082	atpaz	Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00174	Fitosistem II protein d2	Tilakoid membran Membran	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00175	23s ribozomal rna	Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00180	hücre duvar-ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	
c_00185	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00187	nadh-ubiquinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00188	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00190	Fitosistem I p700 apoprotein a1	Kloroplast Membran	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00192	digalaktozil diaçilgliserol sentaz		Metabolik işlev	

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00200	23s ribozomal rna	Ribozom	--	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00205	gliseraldehit-3-fosfat	--	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Oksidasyon/reduksiyon Protein modifikasyonu
c_00206	gliseraldehit-3-fosfat dehidrojenaz	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Oksidasyon/reduksiyon	--
c_00207	Fitosistem I p700 apoprotein a2	Tilakoid membran Membran	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/reduksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00209	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00215	amin oksidaz	Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/reduksiyon
c_00216	ribozomal protein l22	Kloroplast Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/ translasyon
c_00224	atp sentazcf0 subunit Iii	Tilakoid membran Protein kompleksi	Taşıma	Taşıma
c_00226	23s ribozomal rna	Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00230	23s ribozomal rna	Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00233	sinyal iletimi	Kloroplast	--	--
c_00234	Fitosistem I p700 apoprotein a2	Tilakoid membran Membran	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/reduksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00239	Fitosistem II protein d2	Tilakoid membran Membran	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00240	Fitosistem II protein z	Tilakoid membran	--	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00259	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran Membran	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00260	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran Membran	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00261	Fitosistem I p700 apoprotein a2	Kloroplast Membran	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00263	yaşlanma-iliskili protein	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00265	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00266	p700 a-apoprotein	Membran	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00268	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran Membran	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00271	apoptokrom b	Mitokondri Protein kompleksi	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00279	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00281	23s ribozomal rna	Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00282	metal taşıyıcı nramp5	Membran	Taşıma	Taşıma
c_00285	membran protein	Membran integral bileşeni	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00286	Fitosistem II cp43 apoprotein	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00289	yaşlanma-iliskili protein	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00290	Fitosistem I p700 apoprotein	Kloroplast Membran integral bileşeni	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00291	Fitosistem I p700 apoprotein a2	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Ribozom	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Transkripsiyon/translasyon
c_00292	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00293	atp sentaz	Tilakoid membran Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00294	Fitosistem I p700 a apoprotein	Tilakoid membran	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00295	Fitosistem I p700 apoprotein a1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00296	Fitosistem II protein d2	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00297	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00300	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00305	Ribuloz- - bifosfatkarboksilaz/oksijenaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00306	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00307	Fitosistem I p700 apoprotein a1	Kloroplast Membran integral bileşeni Membran	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00310	yaşlanma-ilişkili protein	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00313	Fitosistem I p700 apoprotein a1	Kloroplast Membran	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00314	reseptör protein kinaz	Membran Plazmodesma	Bağlayıcı aktivitesi Transferaz aktivitesi	Protein metabolizması

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00316	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00325	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00327	kolin kinaz	--	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00328	Fitosistem II protein n	Tilakoid membran Vezikül Membran integral bileşeni Membran	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00330	Fitosistem II 47 kda protein	Tilakoid membran Membran integral bileşeni Membran	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00333	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap	--
c_00336	Ribuloz- - bifosfatkarboksilaz/oksijenaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00341	RNA polimeraz	--	--	Transkripsiyon/translasyon
c_00345	adenilosüksinaz	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00346	adenilosüksinaz	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00347	sitokrom b6	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00348	Fitosistem I assembly protein ycf4	Membran Plazmodesma	--	--

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00364	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00365	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00366	elektron transfer oksidoredüktaz	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon /redüksiyon	--
c_00367	ubikuinon	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00374	metal taşıyıcı nramp5	Membran	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00376	Fitosistem II protein d2	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00380	Fitosistem II protein d2	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00377	HSP90	--	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00381	Fitosistem I p700 a	Kloroplast Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00382	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00386	sitokrom b6	Kloroplast Membran integral bileşeni	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00390	Fitosistem I p700 apoprotein a2	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00391	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00396	endonükleaz	--	--	Metabolik işlev
c_00397	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00398	histon protein	Çekirdek	--	--

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00386	sitokrom b6	--	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	--
c_00390	fotosistem I p700 apoprotein	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	--	--
c_00395	endoplazmin protein	--	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00396	endonüklez	--	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00398	histon proteini	--	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00401	ribuloz bifosfat karboksilaz	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00413	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00414	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00415	Fitosistem II cp43 apoprotein	Tilakoid membran	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00416	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran	--	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00434	ubikuitin protein ligaz	--	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00436	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00440	sitokrom c biogenez	Membran	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00449	Fitosistem II d1	Kloroplast	--	Taşıma
c_00457	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00460	Ribuloz bifosfatkarboksilaz	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00462	Fitosistem II d2 protein	Kloroplast	--	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00474	sitokrom b6 f kompleks subunit iv	Tilakoid membran	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00480	sitokrom c biogenez	--	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00486	yaşlanma-ilişkili protein	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00487	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00490	Fitosistem II cp43 apoprotein	Tilakoid membran	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00492	çinko taşıyıcı 11	Membran	--	Taşıma
c_00495	endoplazmin homolog protein	Apoplast Kloroplast Endoplazmik retikulum Mitokondri Çekirdek Membran Plazmodesma	Bağlayıcı aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00493	yaşlanma-ilişkili protein	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00496	endoplazmin homolog protein	Apoplast Endoplazmik retikulum Mitokondri Çekirdek Membran Plazmodesma	Bağlayıcı aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00497	endoplazmin homolog protein	Apoplast Kloroplast Endoplazmik retikulum Mitokondri Çekirdek Membran Plazmodesma	Bağlayıcı aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00499	sükroz taşıyıcı	Membran	Taşıma	Taşıma
c_00500	ubikuitin protein ligaz	--	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00501	ribuloz bifosfatkarboksilaz/oksijenaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Metabolik işlev Oksidasyon/reduksiyon

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00502	Ribuloz- - bifosfatkarboksilaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon /redüksiyon
c_00503	Fitosistem II 47 kda protein	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00509	atp sentaz	Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi	Taşıma
c_00510	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00512	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00513	Fitosistem I p700 apoprotein	Kloroplast Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00515	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00516	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00517	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00518	Fitosistem II protein d2	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00523	Ribuloz- - bifosfatkarboksilaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00524	Fitosistem II 47 kda protein	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00526	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00527	serin/treonin protein kinaz	Bağlayıcı aktivitesi Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00532	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--

Çizelge 3.2 Kontrol yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00533	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Taşıma
c_00536	nadh dehidrojenaz	Membran integral bileşeni Protein kompleksi	Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00537	atp sentaz	Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi	Taşıma

Çizelge 3.3 Kontrol tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00014	Sitokrom oksidaz alt ünite	Mitokondri	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00014	Sitokrom oksidaz alt ünite	Plazma membranı	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00015	Hücre duvarı-ilişkili hydrolase	Plastid	Moleküler fonksiyon	hücre duvar ilişkili hidrolaz
c_00017	glutatyon s-transferaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00018	Retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00019	Ribuloz bifosfat karboksilaz	Mitokondri	Liyaz aktivitesi	--
c_00020	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı	--
c_00020	23s ribozomal rna	Liyaz aktivitesi	--	--
c_00028	atpaz f1 alpha	Protein kompleksi	ATPaz aktivitesi, Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi, Metabolik işlev
c_00029	protein	Vezikül	--	--
c_00030	Fotosistem II	Plastid	Moleküler fonksiyon	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00032	Oksin yanıt faktörü 8	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi
c_00033	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Moleküler fonksiyon	Taşıma
c_00034	Ribuloz- - bifosfatkarboksilaz oxygenase	Plastid	Liyaz aktivitesi, Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi, Karbonhidrat metabolizması
c_00042	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	--	--

Çizelge 3.3 Kontrol tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00053	Fotosistem II protein	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon, Öncül metabolit ve enerji üretimi, Stres cevabı
c_00070	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00077	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00080	yaşlanma ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00084	Mitokondriyal protein	Mitokondri	--	--
c_00085	serin açiltransferaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00088	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	--	--
c_00089	rnaase	--	Moleküler fonksiyon	--
c_00093	Fotosistem II protein d1	Plastid, Protein kompleksi, Tilakoid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon, Öncül metabolit ve enerji üretimi, Stres cevabı
c_00094	Hücre duvarı-ilişkili hydrolase	Mitokondri	Moleküler fonksiyon	--
c_00096	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	--	--
c_00097	Yaşlanma-ilişkili protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00100	Glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00103	23s ribozomal rna	Plastid, Ribozom	Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00104	metal taşıyıcı	Plastid	--	--
c_00108	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	--	--
c_00110	serin asetiltransferaz	Moleküler fonksiyon	--	--
c_00111	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	--	--
c_00114	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00115	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00120	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Biyolojik işlev	--	--
c_00123	yaşlanma ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00126	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Biyolojik işlev	--	--
c_00131	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--

Çizelge 3.3 Kontrol tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00132	23s ribozomal rna	Plastid,Ribozom	Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00134	NAC domain-containing protein 2-like	Mitokondri	--	--
c_00135	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00147	yaşlanma ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00148	Hücre duvarı-ilişkili hydrolase	Tilakoid	--	--
c_00152	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00165	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00180	23s ribozomal rna	Ribozom	Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon,Liyaz aktivitesi
c_00184	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00197	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00218	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00232	yaşlanma ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00235	rrna intron-encoded homing	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00238	Glikoziltransferaz	Mitokondri	--	--
c_00240	beach domain-containing protein lvsc	İntrasellüler	Lipit bağlayıcı	Taşıma
c_00241	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Biyolojik işlev	--	--
c_00253	yaşlanma ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00271	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Biyolojik işlev	--	--
c_00273	glikozil transferaz	--	Biyolojik işlev	--
c_00280	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Biyolojik işlev	--	--
c_00302	pg1	--	Kinaz aktivitesi	--
c_00312	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00313	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	--	--
c_00333	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00344	Oksin-indüklenmiş protein	Hücresel bileşen	--	--
c_00359	Sitokrom P450 monooksijenaz	Vezikül	--	--
c_00363	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00376	Hücre duvarı-ilişkili hydrolase	Vezikül	--	--

Çizelge 3.3 Kontrol tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00377	Yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	Metiltransferaz aktivitesi	Diğer
c_00338	lösin karboksil metiltransferaz	Metiltransferaz aktivitesi	Diğer	--
c_00344	oksin-induced protein 5ng4	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00362	yaşlanma ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	---
c_00376	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Moleküler fonksiyon	Biyolojik işlev	--
c_00396	endonükleaz	--	Metabolik işlev	--
c_00397	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00398	histon protein	Çekirdek	--	--
c_00386	sitokrom b6	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	--	--
c_00390	fotosistem I p700 apoprotein	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	--	--
c_00395	endoplazmin protein	Metal iyon bağlayıcı		--
c_00396	endonüklez	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00398	histon proteini	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00401	ribuloz bifosfat karboksilaz	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00413	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00414	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00415	Fitosistem II cp43 apoprotein	Tilakoid membran	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00416	Fitosistem II cp43	Tilakoid membran	Protein modifikasyonu Taşıma	--

Çizelge 3.3 Kontrol tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00434	ubikuitin protein ligaz	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00436	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00440	sitokrom c biogenez	Membran	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00449	Fitosistem II d1	Kloroplast	Taşıma	--
c_00457	nadh-plastokinon oksidoredüktaz	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00460	Ribuloz bifosfatkarboksilaz	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00462	Fitosistem II d2 protein	Kloroplast	Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00474	sitokrom b6 f kompleks subunit iv	Tilakoid membran	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00480	sitokrom c biogenez	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00486	yaşlanma-ilişkili protein	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00487	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00490	Fitosistem II cp43 apoprotein	Tilakoid membran	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00492	çinko taşıyıcı 11	Membran	Taşıma	--
c_00495	endoplazmin homolog protein	Apoplast Kloroplast Endoplazmik retikulum Mitokondri Çekirdek Membran Plazmodesma	Bağlayıcı aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00493	yaşlanma-ilişkili protein	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00496	endoplazmin homolog protein	Apoplast Endoplazmik retikulum Mitokondri Çekirdek Membran Plazmodesma	Bağlayıcı aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap

Çizelge 3.3 Kontrol tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00497	endoplazmin homolog protein	Apoplast Kloroplast Endoplazmik retikulum Mitokondri Çekirdek Membran Plazmodesma	Bağlayıcı aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00499	sükroz taşıyıcı	Membran	Taşıma	Taşıma
c_00500	ubikuitin protein ligaz	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00501	ribuloz bifosfatkarboksilaz/oksijenaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00502	Ribuloz- -bifosfatkarboksilaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00503	Fitosistem II 47 kda protein	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00509	atp sentaz	Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi	Taşıma
c_00510	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00512	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00513	Fitosistem I p700 apoprotein	Kloroplast Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00515	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00516	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00517	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00518	Fitosistem II protein d2	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00523	Ribuloz- -bifosfatkarboksilaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon

Çizelge 3.3 Kontrol tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00524	Fitosistem II 47 kda protein	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00526	Fitosistem II protein d1	Tilakoid membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma Uyarılara cevap
c_00527	serin/treonin protein kinaz	Bağlayıcı aktivitesi Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00532	hücre duvar ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00002	sitokrom b redüktaz	Mitokondri	--	--
c_00006	atp sentaz	Mitokondri Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00007	fotosistem I protein	Plastid, Protein kompleksi	--	--
c_00012	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00013	metal taşıyıcı	Mitokondri	--	Taşıma
c_00017	ribuloz bifosfat karboksilaz	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00018	sitokrom b redüktaz	Mitokondri	--	--
c_00019	ribuloz bifosfat karboksilaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00025	ribuloz bifosfat karboksilaz	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00028	ribuloz bifosfat karboksilaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00029	metal taşıyıcı	Plastid	--	Taşıma
c_00030	fotosistem II protein	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00033	şaperon protein	Plastid	İyon bağlayıcı	--
c_00034	metal taşıyıcı	Mitokondri	--	--
c_00036	metal taşıyıcı	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00037	fotosistem II protein	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00052	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00065	protein kinase	--	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00066	metal taşıyıcı nramp7	--	Taşıma	--
c_00067	lipoprotein	Plastid	--	--
c_00069	sitokrom p451	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00096	metal taşıyıcı	Mitokondri	--	Taşıma
c_00102	23s ribozomal rna	Mitokondri Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00119	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00122	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00128	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00129	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00132	retrotranspozon ty1-copia	--	Metabolik işlev	--
c_00133	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00135	sitokrom c oksidaz	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00142	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00143	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00151	çinko parmak CCCH domain protein	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00152	çinko parmak CCCH domain protein	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00155	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00161	nac domain protein	Mitokondri	--	--
c_00163	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00166	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00167	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00168	sitokrom p452	Vezikül	--	--
c_00172	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00173	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00178	protein tar1	Mitokondri	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00185	protein tar1	Mitokondri	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00192	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00198	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00205	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00214	sellüloz sentaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması	--
c_00216	atp sentaz alfa altünite	Mitokondri Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00217	atp sentaz	Plastid Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00223	glukozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00236	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00239	ubikuitin protein ligaz	İyon bağlayıcı	Taşıma	--
c_00243	tiyol proteaz aleuron	Vakuol Vezikül	--	--
c_00244	tiyol proteaz aleuron	Vakuol Vezikül	--	--
c_00247	iki-bileşenli cevap regülatör arr12	Sinyal iletimi	--	--
c_00281	askorbat peroksidaz	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00298	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00311	sitokrom c biyogenez	Mitokondri Vezikül	Protein metabolizması Taşıma	--
c_00326	glutamat dehidrojenaz	Vakuol	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Taşıma
c_00327	glutamat dehidrojenaz	Vakuol	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Taşıma

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00334	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	Nükleaz aktivitesi	--
c_00332	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Metabolik işlev	--	--
c_00338	glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00339	ribozomal protein	Mitokondri Ribozom	--	---
c_00343	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00352	retrotranspozon protein	--	Hücresel organizasyon	--
c_00360	serin/treonin protein kinaz	Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00362	fotosistem II protein	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00363	fotosistem II protein	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00364	fotosistem II protein	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00367	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00377	sitokrom c biyogenez	Mitokondri Vezikül	Protein metabolizması Taşıma	--
c_00379	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00380	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00398	vezikül-ilişkili protein	Sitoplazma	--	--
c_00405	glutamat dehidrojenaz	Plastid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00406	sitokrom b6	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00408	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	--	--
c_00409	serin/treonin protein fosfataz	Çekirdek	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Sinyal iletimi
c_00411	sükroz fosfat sentaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması	--
c_00417	katyonik peroksidaz	Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Katabolik işlev Stres cevabı
c_00418	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00430	aktin-iliskili protein	Protein kompleksi Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein metabolizması
c_00431	aktin-iliskili protein	Protein kompleksi Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein metabolizması
c_00432	aktin-iliskili protein	Protein kompleksi Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein metabolizması
c_00435	kohezin altünitesi	Çekirdek Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00436	kohezin altünitesi	Çekirdek Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00437	kardeş kromatid kohezyon protein	Çekirdek Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00441	İrr reseptör serin treonin-protein kinaz	Hücresel organizasyon Stres cevabı	--	--
c_00442	atp bağlayıcı protein	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00443	atp bağlayıcı protein	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Stres cevabı	--
c_00444	atp bağlayıcı protein	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Stres cevabı	--
c_00446	endoplazmin protein	Çekirdek Membran Mitokondri Plastid Vakuol Vezikül	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması Stres cevabı Taşıma

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00448	iki-bileşenli cevap regülatör prr73	Sinyal iletimi	--	--
c_00450	atp sentaz alfa altünite	Mitokondri Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00451	atp sentaz	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00452	metil bağlayıcı protein	Çekirdek	İyon bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00456	atp sentaz beta altünite	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00457	sitokrom c oksidaz	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00460	yaşlanma-ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00466	fotosistem II protein	Plastid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00467	asetil karboksilaz	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00468	asetil karboksilaz	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00469	asetil karboksilaz	İyon bağlayıcı	--	--
c_00472	sistein reseptör protein kinaz 41	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Stres cevabı	--
c_00473	sistein reseptör protein kinaz 26	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Stres cevabı	--
c_00481	HSP70	--	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00482	HSP70	--	İyon bağlayıcı	--
c_00483	peroksidaz	Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma
c_00487	oksin taşıyıcı protein	Sitoplazma Vezikül	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Sinyal iletimi Taşıma

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00496	fotosistem II protein	Mitokondri Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00499	atp sentaz beta altünite	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00500	hücre duvar-ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00501	fotosistem I protein	Plastid Protein kompleksi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı	--
c_00509	nadh dehidrojenaz	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00516	ribuloz bifosfat karboksilaz	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--	--
c_00517	ribuloz bifosfat karboksilaz	Plastid	İyon bağlayıcı	--
c_00518	serin/treonin protein fosfataz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon
c_00519	serin/treonin protein fosfataz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon
c_00522	piruvat dehidrojenaz	Kinaz aktivitesi	--	--
c_00523	piruvat dehidrojenaz	--	Hücresel organizasyon Taşıma	--
c_00527	rna bağlayıcı protein	İyon bağlayıcı		--
c_00529	duvar-ilişkili reseptör kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00530	duvar-ilişkili reseptör kinaz	Mitokondri Vezikül	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00537	sitokrom b6	Plastid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00542	glikoz-6-fosfat izomeraz	Plastid Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00550	kalsiyum-bağımlı protein kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00551	kalsiyum bağımlı protein kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00552	sitokrom b	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00553	apositokrom protein	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00554	sikloartenol sentaz	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00557	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00572	sitokrom p453	Vezikül	--	--
c_00577	suve protein kloroplastik mitokondriyal	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev	--	--
c_00579	kalsiyum-taşıyıcı atpaz	Membran	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	--
c_00580	hücre duvar-ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00585	serin/treonin protein fosfataz	Çekirdek	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Sinyal iletimi
c_00586	serin treonin protein fosfotaz bsl3 izoform	Hücresel organizasyon Sinyal iletimi	--	--
c_00587	serin/treonin protein kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00588	serin/treonin protein kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00593	askorbat peroksidaz	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00594	hücre duvar-ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00597	u-box domain-içeren protein 35	--	Hücresel organizasyon Stres cevabı	--
c_00600	chd3-tip kromatin yeniden modelleyici faktör	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--	--
c_00602	udp-arabinoz 4-epimeraz	Golgi cisimciği Mitokondri	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev	--

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00603	udp-arabinoz 4-epimeraz	Golgi cisimciği Mitokondri	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev	--
c_00604	plastid glikoz taşıyıcı	Membran	--	--
c_00605	plastid glikoz taşıyıcı	Membran	--	--
c_00607	serin/treonin protein kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00608	serin/treonin protein kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00609	ubikuitin protein ligaz	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00610	ubikuitin protein ligaz	İyon bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00618	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00612	sınıflandırılmış mitokondri protein	Metabolik işlev	--	--
c_00624	sükroz fosfat sentaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması	--
c_00625	sükroz fosfat sentaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması	--
c_00626	sükroz fosfat sentaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması	--
c_00627	sükroz fosfat sentaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması	--
c_00628	atp sentaz beta altünite	Membran Mitokondri Plastid Vezikül	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00634	kalmodulin bağlayıcı protein	--	Stres cevabı	--
c_00635	kalmodulin bağlayıcı protein	--	Stres cevabı	--
c_00637	serin treonin zengin antijen	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00638	fotosistem II protein	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00645	hücre duvar-ilişkili hidrolaz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00646	sitokrom b redüktaz	Mitokondri Plastid	--	--
c_00647	60s ribozomal protein	Ribozom	--	Taşıma Translasyon
c_00648	ribozomal protein	Ribozom	--	Taşıma Translasyon

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00654	rrna intron-kodlanmış	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00656	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00671	mavi ışık fotoreseptör	Ribozom	Liyaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Stres cevabı Translasyon
c_00687	yağ asiti beta-oksidaz	Vezikül	---	Metabolik işlev
c_00688	glioksamal yağ asidi beta-oksidasyon çoklu fonksiyonel protein mfp-a	Metabolik işlev	--	--
c_00691	O-glikozil transferaz	Vezikül	--	Karbonhidrat metabolizması
c_00698	sükroz sentaz	Mitokondri Vezikül	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması
c_00699	sükroz sentaz	Vezikül	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması
c_00700	sükroz sentaz	Vezikül	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması
c_00701	metal taşıyıcı	Plastid	--	Taşıma
c_00708	aldehit oksidaz	Plastid Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Katabolik işlev Metabolik işlev
c_00710	HD-ZIP protein	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00711	HD-ZIP protein	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00723	serin/treonin protein kinaz	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00724	gtp siklohidrolaz	Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00725	oryzain alfa zincir	--	Taşıma	
c_00726	sistein proteaz	Vezikül	--	Katabolik işlev
c_00728	sitokrom p450	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00732	oksin taşıyıcı protein	Vezikül	--	Hücresel organizasyon Taşıma
c_00741	hidroksiaçil glutatyon hidrolaz	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00742	gliokzalaz	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00744	f-box lrr protein	Mitokondri Plastid	--	--
c_00763	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00774	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Metabolik işlev	--	--
c_00776	translasyon başlatıcı faktör	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00796	yaşlanma-ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00783	etilen duyarsız 3 protein	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00797	glukoz-6-fosfat izomeraz	Plastid Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00804	ras-ilişkili protein rabb1c	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein metabolizması Sinyal iletimi Taşıma	--
c_00810	programlanmış hücre ölüm protein	Sitoplazma	--	--
c_00811	programlanmış hücre ölüm protein	Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00812	20s rna birikim protein 4	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00813	transkripsiyon faktör tga4	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00816	mikrotübül ilişkili protein	Çekirdek	--	Hücresel organizasyon
c_00820	nac domain protein	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Taşıma
c_00825	60s ribozomal protein	Mitokondri Ribozom	Translasyon	--
c_00830	oksin yanıt protein	Çekirdek	--	Sinyal iletimi Translasyon
c_00831	oksin yanıt protein	Çekirdek	--	Sinyal iletimi Translasyon

Çizelge 3.4 Kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00833	tom1 protein 2	--	Taşıma	--
c_00834	tom1 protein 2	--	Taşıma	--
c_00838	duvar-ilişkili reseptör kinaz	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00842	retrotranspozon ty3-gypsy	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00847	sitokrom c oksidaz	Membran Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00848	fosfatidil inozitol fosfataz	Protein kompleksi Sitoplazma	--	--
c_00854	aquaporin tip 1-2	Membran Vakuol	--	--
c_00862	myb-ilişkili protein	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00871	lizinin transferaz	Plastid	--	Metabolik işlev

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00001	zeaksantin (7)- bölünme kromoplast	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/reduksiyon	--
c_00002	atp-bağımlı clp proteaz proteolitik altgrup	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00004	sitokrom c oksidaz altgrup 2	Membran integral bileşeni Protein kompleksi Vezikül	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00005	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00006	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00007	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00010	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00011	retrotranspozon protein	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00012	kloroplast dış membran protein	Kloroplast Membran integral bileşeni	Taşıma	Taşıma
c_00013	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00014	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00015	kloroplast dış membran protein	Kloroplast Membran integral bileşeni	Taşıma	Taşıma
c_00016	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00017	sitokrom oksidaz altgrup	Membran integral bileşeni Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00019	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00021	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00022	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00026	fotosistem ii cp47 klorofill apoprotein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00027	sitokrom c oksidaz altgrup 1	Membran integral bileşeni Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00028	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00029	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00030	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00033	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00034	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00038	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00039	retrotranspozon protein	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00040	metal taşıyıcı nramp5	Membran	Taşıma	Taşıma
c_00041	sitokrom c oksidaz altgrup 2	Membran integral bileşeni Protein kompleksi Vezikül	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00045	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00046	nadh-plastoquinonin oksidoredüktaz 6	Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Taşıma
c_00047	sitokrom c oksidaz altgrup 2	Membran integral bileşeni Protein kompleksi Vezikül	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00048	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00050	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00051	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00053	sitokrom c oksidaz altgrup 1	Membran Membran integral bileşeni Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00054	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00055	ribozomal protein l2	Kloroplast Mitokondri Ribozom Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı Taşıma Transferaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Transkripsiyon/translasyo n

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00057	fotosistem ii d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00058	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00059	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00061	treoninredoksin kloroplastik	Kloroplast	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00062	treoninredoksin kloroplastik	Kloroplast	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00063	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00064	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Kloroplast	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00065	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00066	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00067	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00069	halka çinko parmak domain protein	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00070	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00071	fotosistem ii 47 kda protein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00072	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00073	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00075	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00077	fotosistem ii p680 protein	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00078	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00079	stromal 70 kda ısı şok ilişkili kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00080	70 kda ısı şok protein	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00081	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00082	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00083	nac domain içeren protein 2	Mitokondri	--	--
c_00085	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00086	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00087	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00089	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00090	daz-iliskili protein 1	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00091	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00094	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00095	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00099	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00103	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00104	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00105	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00106	t02955 sitokrom p450 monooksijenaz	Membran integral bileşeni Vezikül	--	--
c_00109	sitokrom c biyogenezis fc	Membran Mitokondri	--	--
c_00115	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00117	mitokondriyal protein	Mitokondri	--	--
c_00121	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00122	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00123	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00127	t02955sitokrom p450 monooksijenaz	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00129	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00135	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Kloroplast Membran Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Metabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma
c_00136	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00140	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00142	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00143	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00144	fotosistem ii cp43 klorofil	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00145	fotosistem i p700 apoprotein a2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00146	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00148	nac domain içeren protein 2	Mitokondri	--	--
c_00149	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00151	fotosistem ii cp47 klorofil apoprotein	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00155	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00156	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00158	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00159	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00160	maaz	Kloroplast	--	--
c_00164	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00167	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00169	fotosistem i p700 apoprotein	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00170	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00176	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00177	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00178	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00179	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00180	abc-tip taşıyıcı sistem	Bağlayıcı aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma	

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00182	korunmuş protein kuraklık indüklenabilir askorbat peroksidaz	Metabolik işlev	--	--
c_00183	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00185	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00186	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00188	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00189	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00190	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00192	fotosistem ii d2	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi-
c_00193	protein tar1	Mitokondri	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00200	rrna promotör bağlayıcı protein	Bağlayıcı aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon	--
c_00201	alfa-l1 nikotinik asetil kolin reseptör	Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon	--
c_00207	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00208	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00210	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00212	fotosistem ii protein d2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00213	fotosistem i p700 apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00216	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00218	rnaaz	Kloroplast	--	--
c_00219	atp sentaz cf1 alfa altgrup	Mitokondri Protein kompleksi Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Taşıma	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00220	fotosistem i p700 apoprotein	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00221	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00222	sitokrom c oksidaz altgrup 2	Membran integral bileşeni Protein kompleksi Vezikül	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00225	imp biyosentezis protein	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00226	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00227	kuraklık uyarıcı aksoibat peroksidaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00229	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00230	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00231	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00232	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00233	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00239	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00240	fotosistem ii protein d1	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00241	fotosistem i p700 klorofil a apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00242	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00246	fotosistem ii d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00251	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni		
c_00252	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00253	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00254	fotosistem i p700 apoprotein a2	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi	--
c_00255	fotosistem i p700 apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi, Protein modifikasyonu
c_00256	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00258	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00263	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi, Protein modifikasyonu
c_00266	fotosistem ii m protein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00267	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00268	ribozomal protein s7	Kloroplast Mitokondri Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/ translasyon
c_00271	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Kloroplast	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00272	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Kloroplast	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00276	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00277	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00278	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00279	beta-glucosidaz 6	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00281	beta-glukosidaz 31	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00282	fotosistem i p700 apoprotein a2	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00283	fotosistem i p700 klorofil a	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00284	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00286	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00291	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00292	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00293	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00297	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00298	fotosistem ii cp43 klorofil	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00299	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00301	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00302	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00304	kuraklık uyarıcı aksoibat peroksidaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00305	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00307	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00308	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00309	fotosistem ii d2	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00310	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00311	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00312	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00313	protein kinaz	--	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00316	glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00317	fotosistem i p700 apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00321	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00322	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00323	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00324	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00325	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00327	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00328	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00329	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00330	lisin-ketoglutarat redüktaz sakkaropin dehidrogenaz 1	Sitoplazma	Oksidoredüktaz aktivitesi	Büyüme ve gelişme Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00333	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma
c_00336	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00337	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00340	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00341	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00342	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00346	fotosistem ii protein d1	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00348	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00349	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00351	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00354	protein tar1	Tilakoid	--	--
c_00355	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00359	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00361	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00365	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00366	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00368	taşıyıcı membran protein 205	Membran integral bileşeni Vezikül	--	--
c_00369	taşıyıcı membran protein 205	Membran Vezikül	--	--
c_00370	taşıyıcı membran protein 205	Membran Vezikül	--	--
c_00371	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00374	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00378	sitokrom oksidaz altgrup	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00379	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00380	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00382	fotosistem ii 47 kda protein	Membran Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00383	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00386	oksilin ilişkili protein 2	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon
c_00387	fotosistem ii protein d1	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00394	t02955sitokrom p450 monooksigenaz	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00397	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00400	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00401	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00402	sitokrom c oksidaz altgrup 2	Membran integral bileşeni Protein kompleksi Vezikül	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00407	sitokrom c oksidaz altgrup 2	Protein kompleksi	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00409	udp-n-asetilglukozamin--peptid n-asetilglukozamintransferaz sec	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00410	udp-n-asetilglukozamin--peptid n-asetilglukozamintransferaz sec	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00413	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00415	atp sentaz cf0 b altgrup	Membran Membran integral bileşeni Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Metabolik işlev

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00416	atp sentaz cf0 b altgrup	Membran Membran integral bileşeni Protein kompleksi Tilakoid	Taşıma	Metabolik işlev
c_00418	dipeptidil peptidaz 9	Membran Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00419	dipeptidil peptidaz 9	Membran Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00420	klatriin ağır zincir 1	Vezikül	--	Taşıma
c_00422	orf108a	Mitokondri	--	--
c_00423	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00424	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00425	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00426	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00427	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00428	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00429	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00431	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00432	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00433	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00434	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00435	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00436	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00439	fotosistem ii d2	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Taşıma Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00443	fotosistem ii cp47 klorofill apoprotein	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00444	trna (adenin-n -)-metiltransferaz non-katalitik altgrup trm6	Protein kompleksi	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00445	sitokrom b6	Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00449	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00451	protein tic kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00453	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi		Metabolik işlev
c_00454	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00457	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00459	ribozomal protein s2	Kloroplast Ribozom	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Taşıma Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon
c_00460	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00461	ribozomal protein l2	Kloroplast Mitokondri Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Transkripsiyon/translasyon
c_00464	fotosistem ii d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00465	ribozomal protein s14	Kloroplast Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00469	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Kinaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Büyüme ve gelişme Metabolik işlev Oksidasyon /redüksiyon Protein modifikasyonu Taşıma
c_00478	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00481	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00482	fotosistem ii protein d2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00484	hidroksizourat hidrolaz	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00485	spermatogenezis-ilişkili protein 20	Kloroplast	Katalitik aktivite	Metabolik işlev
c_00486	spermatogenezis-ilişkili protein 20	Kloroplast	Katalitik aktivite	Metabolik işlev
c_00489	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00491	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00494	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Bağlayıcı aktivitesi	--	--
c_00496	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma
c_00498	lipoprotein	Kloroplast	--	--
c_00499	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00500	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00502	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00503	myb dna-bağlayıcı domain	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon	--

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00504	priuvat dehidrogenaz e1 bileşen	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Oksidasyon/reduksiyon
c_00505	priuvat dehidrogenaz e1 bileşen	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Oksidasyon/reduksiyon
c_00506	erd1 kloroplastik	Bağlayıcı aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00507	şaperon protein kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Protein metabolizması Uyarılara cevap
c_00508	çinko parmak ccch domain protein 44	Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Protein modifikasyonu Transkripsiyon translasyon	--
c_00510	uzama faktörü 1-alfa	Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon translasyon
c_00512	fotosistem i p700 klorofil a apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/reduksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00516	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00518	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00519	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00525	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00529	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00530	yaşlılık ilişkili protein	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00536	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/reduksiyon
c_00538	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00540	atpaz altgrup 9	Membran integral bileşeni Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Taşıma	Metabolik işlev

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00541	fosfomannomutaz fosfoglukomutaz	Transferaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması	--
c_00542	klorofil a-b bağlayıcı protein 4	Kloroplast Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Taşıma
c_00547	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00549	aldehit dehidrogenaz ailesi 7 üye a1	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Uyarılara cevap
c_00550	aldehit dehidrogenaz ailesi 7 üye a2	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Uyarılara cevap
c_00555	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00557	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00561	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00562	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00565	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00569	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00570	çinko parmak protein magpie	Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon translasyon	-
c_00571	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00572	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00573	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Endonükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00577	betain aldehit	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Uyarılara cevap	--
c_00582	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00585	hastalık dirençli protein rga3	Bağlayıcı aktivitesi	--	--
c_00586	40s ribozomal protein s30	Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon translasyon
c_00589	protein düşük psii birikim kloroplastik	Kloroplast	--	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00595	rna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00597	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00592	protein mon2 homolog	--	Taşıma	--
c_00598	kuraklık uyarıcı aksorbat peroksidaz	Kloroplast	--	Oksidasyon/redüksiyon
c_00601	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00602	serin treonin protein kinaz ctr1	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00603	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00606	adp-glukoz pirofosforilaz ailesi protein izoform 1	Sitoplazma	Transferaz aktivitesi	--
c_00607	pgl homoloji Homo sapiens	Kloroplast	--	--
c_00609	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00612	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Vezikül	Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00613	40s ribozomal protein s28	Membran Ribozom	Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon translasyon

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00614	40s ribozomal protein s27	Ribozom	Metal iyon bağlayıcı	Transkripsiyon Translasyon
c_00616	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00618	spastin	--	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	--
c_00620	ribuloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Kloroplast Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00625	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00627	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00630	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00632	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00634	lrr reseptör serin treonin-protein kinaz	Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00636	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00637	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00641	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00642	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00647	atp sentaz cf0 b altgrup	Membran Membran integral bileşeni Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	Taşıma	Metabolik işlev
c_00649	allantoat kloroplastik	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00652	ftsh proteaz 1 isoform 2	Kloroplast Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması
c_00653	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00654	rex1 dna onarıcı aile protein	Protein kompleksi	--	Metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon
c_00658	60s ribozomal protein l10-3	Ribozom	Metal iyon bağlayıcı	Transkripsiyon /translasyon

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00659	glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00662	atpaz altgrup 10	Membran integral bileşeni Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Taşıma	Metabolik işlev
c_00666	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00667	çinko parmak ccch domain protein 32	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Büyüme ve gelişme Protein modifikasyonu Transkripsiyon translasyon	--
c_00669	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Metabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma
c_00670	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00672	dna-bağlantılı rna polimeraz ii altgrup 1	Protein kompleksi	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Transkripsiyon translasyon
c_00678	fotosistem ii 47 kda protein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00679	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma
c_00680	mikrotubul ilişkili protein tortifolia1	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00684	e3 ubiquitin protein ligaz upl1	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00686	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00688	sistein proteaz 3	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00689	tiol proteaz aleurain	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00690	fruktoz-bifosfat kloroplast	Kloroplast Mitokondri	Liyaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00691	uzun zincirli açıl sentetaz 8	Kloroplast	--	--
c_00692	uzun zincirli açıl sentetaz 8	Kloroplast	--	Metabolik işlev
c_00693	uzun zincirli açıl sentetaz 8	Kloroplast	--	Metabolik işlev

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00694	uzun zincirli açıl sentetaz 8	Kloroplast	--	--
c_00695	ubiquitin-aktifleyici enzim	Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Katalitik aktivite	Protein modifikasyonu
c_00696	klorofil a-b bağlayıcı protein 4	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Taşıma
c_00697	31 kda kloroplastik	Kloroplast Protein kompleksi	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00700	alfa n-terminal protein metiltransferaz 1	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00710	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00712	rrna intron-kodlanan	Endonükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00719	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00723	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00725	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00727	sitokrom c biyogenezis fc	Membran Mitokondri	--	--
c_00730	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00738	aspartik proteaz orizasin-1	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00739	aspartik proteaz orizasin-1	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Protein metabolizması
c_00747	ribozom biyogenezis protein bms1	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon	--
c_00749	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap
c_00750	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Uyarılara cevap

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00751	atp sentaz altgrup b kloroplastik	Kloroplast Membran integral bileşeni Protein kompleksi Tilakoid	Nükleik asit bağlayıcı Taşıma	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Transkripsiyon/translasyon Uyarılara cevap
c_00752	23s ribozomal rna	Kinaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00758	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00764	metal taşıyıcı nramp5	Membran	Taşıma	Taşıma
c_00765	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00769	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00772	koatomer altgrup beta -2	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00773	fotosistem i reaksiyon merkezi	Kloroplast Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma Transkripsiyon translasyon	--
c_00774	metakaspaz-1		Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00775	metakaspaz-1		Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00777	sitokrom b redüktaz l	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00778	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00782	miyozin-j ağır zincir	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.5 Kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00783	miyozin -j ağır zincir	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00788	sgt1	Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi	Uyarılara cevap
c_00791	fosfoethanolamin n-metiltransferaz 1	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00796	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00003	Oksilin ilişkili protein 2	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücresel organizasyon
c_00009	anlamsız transkriptler düzenleyici 1 protein	Membran Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Sinyal iletimi Stres cevabı
c_00018	glutamat dehidrojenaz 2	Vakuol	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma
c_00019	replikasyon faktörü c altgrup 5	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu	--
c_00023	retrotranspozon protein	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücresel organizasyon
c_00034	histon h2a	Çekirdek Protein kompleksi	Nükleik asit bağlayıcı	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00036	wd tekrar içerikli protein 6	Plastid	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00038	sistein reseptör protein kinaz 26	Kinaz aktivitesi	--	--
c_00043	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	--	DNA metabolik işlev	--
c_00051	tip i inositol- - trisfosfat 5-fosfataz cvp2	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00052	transpozondan retrovirus- ilişkili pol poliprotein tnt 1-94	Çekirdek	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Taşıma aktivitesi Protein metabolizması	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Katabolik işlev Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00054	kinaz benzeri protein tmkl1	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00055	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00056	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00061	anlamsız transkriptler düzenleyici 1 protein	Membran Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Sinyal iletimi Stres cevabı
c_00070	lesitin- kolesterol açıltransferaz 1	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi	--
c_00071	kalloz sintaz 1	Membran Sitoplazma	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması
c_00076	tip i inositol- - trisfosfat 5-fosfataz cvp2	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00080	atp-bağlayıcı dna helikaz q5	İyon bağlayıcı	--	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00081	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00084	metal-nikotianamin taşıyıcı ysl6	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00099	poliglutamin-bağlayıcı protein 1	--	Metabolik işlev Protein metabolizması Sinyal iletimi Taşıma	--
c_00127	tryptophanil-trna sitoplazmik	Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00139	psd protein	--	Nükleaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00158	Far1	--	--	Biyosentez işlevi
c_00161	Far1	--	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00177	galaktinol--sükroz galaktoziltransferaz 2	Hidrolaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	--	--
c_00185	diasilgliserol kinaz	Çekirdek	Kinaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücrel organizasyon Metabolik işlev Hücrel organizasyon Stres cevabı
c_00187	diasilgliserol kinaz	Çekirdek	Kinaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücrel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00189	Aktin ilişkili protein 6	Çekirdek	Kinaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücrel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı Protein modifikasyonu Sinyal iletimi
c_00191	diasilgliserol kinaz	Kinaz aktivitesi	Stres cevabı	--
c_00199	apositokrom f	--	İyon bağlayıcı	--
c_00200	apositokrom f	--	İyon bağlayıcı	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00203	apoptozom f	--	İyon bağlayıcı	
c_00205	purin permaz 3	--	--	Taşıma
c_00216	hastalık direnç protein rga4	İyon bağlayıcı	--	--
c_00221	hastalık direnç protein rga4	İyon bağlayıcı	--	--
c_00222	gliserol-3-fosfat asiltransferaz 8	Sitoplazma	--	--
c_00227	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı DNA metabolik işlev	--	--
c_00228	transpozon sınıflandırılmamış	Plastid	Nükleaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00229	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00232	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 40	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00230	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00233	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Metabolik işlev	--	--
c_00234	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Plastid	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00235	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00236	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 40	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00237	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Nükleaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00240	sinaptik araç 2- ilişkili protein	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00242	sinaptik araç 2- ilişkili protein	Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	---	--
c_00248	ap-2 kompleks alt birim sigma	Membran Protein kompleksi Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00252	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma
c_00261	fosforibozilfor milglisinamidin	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00269	aspartik proteinaz nepenthesin-2	Peptidaz aktivitesi	--	--
c_00270	aspartik proteinaz nepenthesin-2	Peptidaz aktivitesi	--	--
c_00275	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Metabolik işlev	--	--
c_00279	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Metabolik işlev	--	--
c_00280	l-askorbat oksidaz protein	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00282	ATP-bağımlı DNA helikaz q5	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücre sel organizasyon Protein modifikasyonu
c_00285	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Hücre sel organizasyon	--
c_00287	ATP-bağımlı DNA helikaz q5	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücre sel organizasyon Stres cevabı
c_00288	atp-bağımlı dna helikaz q5	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev Hücre sel organizasyon Stres cevabı	--
c_00289	ATP-bağımlı DNA helikaz q5	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücre sel organizasyon
c_00292	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00294	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	--	DNA metabolik işlev	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00295	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Karbonhidrat metabolizması Stres cevabı	--
c_00305	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00308	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Plastid	--	--
c_00314	hastalık direnç protein rpm1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00311	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00317	hastalık direnç protein rpm1	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00318	transposable element	İyon bağlayıcı	--	--
c_00326	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00327	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00328	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Plastid	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00330	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00331	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00335	poliglutamin-bağlayıcı protein 1	Diğer	--	--
c_00339	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek Mitokondri	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00332	gag-pol öncüsü	--	--	DNA metabolik işlev

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00335	poliglutamin-bağlayıcı protein 1	--	Metabolik işlev Protein metabolizması Sinyal iletimi Taşıma	--
c_00340	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00341	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00342	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00343	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00344	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek Mitokondri	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00363	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00364	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00365	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00366	rna-bağımlı dna polimeraz homolog	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00367	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00368	ters transkriptaz	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00369	protein iq-domain 32	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Metiltransferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Protein modifikasyonu Taşıma	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00372	retrovirus-ilişkili pol poli protein hat-1	Çekirdek Membran Mitokondri Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Metiltransferaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00375	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı	--	--
c_00388	l-tip lektin-domain içeren reseptör kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00390	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00392	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00393	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00394	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00395	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00397	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00398	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00415	l-tip lektin-domain içeren reseptör kinaz	İyon bağlayıcı	Protein modifikasyonu	--
c_00420	peroksidaz 5	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Stres cevabı

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00432	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Hidrolaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev	--
c_00433	gag poliprotein	İyon bağlayıcı	--	--
c_00434	transpozondan retrovirus- ilişkili pol poliprotein tnt 1-97	İyon bağlayıcı	--	--
c_00440	opie3 pol protein	Mitokondri	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00441	gag poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00443	gag-pol poliprotein	Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00444	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00451	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Hidrolaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev	--
c_00452	endoglukanaz 3	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev	--
c_00453	dna uyumsuz onarıcı protein mlh1	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev	--
c_00454	transpozon sınıflandırılmamış	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev	--
c_00466	katalaz izozim 2	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Katabolik işlev Stres cevabı	--
c_00469	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00471	retrotranspozon protein	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Hücre sel organizasyon	--
c_00474	sitokrom p450 71c4	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00504	gag poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00510	copia-tip pol poliprotein	Mitokondri	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00511	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	--	DNA metabolik işlev	--
c_00512	opie1 pol protein	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00515	ters transkriptaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00517	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma
c_00518	duvar ilişkili reseptör kinaz 3	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Stres cevabı
c_00519	retrotranspozon protein	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Hücrel organizasyon Protein metabolizması	--
c_00522	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 50	Plastid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı
c_00528	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00530	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Stres cevabı	--
c_00533	çinko taşıyıcı 6	--	Taşıma aktivitesi	--
c_00537	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00538	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00539	gag-pol öncüsü	--	--	Metabolik işlev
c_00546	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00549	tbc1 domain aile üyesi 15	Çekirdek Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00550	hastalık direnç protein rpm1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00561	nitrat klorat taşıyıcı	--	Taşıma	--
c_00562	nitrat klorat taşıyıcı	--	Taşıma	--
c_00570	inhibitör olmayan serpin-10	Çekirdek Plastid Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Protein modifikasyonu
c_00576	gliserol-3-fosfat asiltransferaz 8	Sitoplazma	Transferaz aktivitesi	--
c_00578	hastalık direnç protein rga4	İyon bağlayıcı	--	--
c_00582	gag poliprotein	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00589	protein fosfataz 2c 64	--	Protein modifikasyonu	--
c_00594	glutamat dehidrojenaz 2	Vakuol	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Taşıma
c_00619	nbs-tip direnç		Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	--
c_00606	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00623	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00625	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00628	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00629	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00634	subtilisin proteaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Stres cevabı	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00645	flavon o-metiltransferaz 1	İyon bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00646	replikasyon faktörü c altgrup 5	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00647	protein fosfataz 2c 58	İyon bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00648	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00649	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00650	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması	--
c_00651	transpozondan retrovirus-ilişkili pol poliprotein tnt 1-94	Çekirdek	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu
c_00652	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00653	transpozondan retrovirus-ilişkili pol poliprotein tnt 1-99	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00654	transpozon sınıflandırılmamış	Nükleaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00655	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00656	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri Plastid	DNA metabolik işlev	--
c_00666	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00667	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı	--	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00668	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00669	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00670	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	--	DNA metabolik işlev	--
c_00671	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00672	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00673	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00674	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	--	--
c_00678	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00679	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00680	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00684	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00686	transpozon sınıflandırılmamış	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00687	miyozin-j ağır zincir	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00688	miyozin-j ağır zincir	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00689	gag-pol poliprotein	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00690	kabul edilen poliprotein	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00700	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00712	protein saydam testa 12	Çekirdek Protein kompleksi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Hücresel organizasyon Protein modifikasyonu Sinyal iletimi Stres cevabı	--
c_00723	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00724	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00725	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00733	hastalık direnç protein rpp13	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	--	--
c_00735	vakuolar-sınıflandırma reseptör 1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00736	vakuolar-sınıflandırma reseptör 1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00737	vakuolar-sınıflandırma reseptör 1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00746	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Plastid	Nükleaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00748	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00750	gag-pol poliprotein	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00752	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00753	fotosistem q protein		Katabolik işlev	--
c_00754	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00755	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00757	retrotranspozon sınıflandırılmamış	DNA metabolik işlev	--	--
c_00759	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--
c_00763	triptofan aminotransferaz 1	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00769	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00771	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00772	retrotranspozon sınıflandırılmamış	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00773	duvar ilişkili reseptör kinaz 5	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00777	hastalık direnç protein rga4	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	--	--
c_00778	nükleoporin seh1	Çekirdek	--	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı
c_00779	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma
c_00780	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00782	protein fosfataz 2c 64	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Protein modifikasyonu Sinyal iletimi	--
c_00783	vakuolar-süreç enzimi beta-izozim	Çekirdek	Peptidaz aktivitesi	--
c_00785	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00788	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	DNA metabolik işlev	--	--
c_00789	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00791	gata transkripsiyon faktörü 5	Çekirdek	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu Sinyal iletimi Taşıma
c_00795	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Plastid	--	DNA metabolik işlev
c_00798	fosfotidat cytidyltransferaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00803	ribüloz bifosfat karboksilaz uzun zincir	Mitokondri Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00807	histon-lizin n h3 lizine 9 belirli bir suvh1	Çekirdek	İyon bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Hücresel organizasyon Protein modifikasyonu
c_00808	glutamat dehidrojenaz 2	Vakuol	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Taşıma
c_00810	l-tip lektin-domain içeren reseptör kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00812	gag-pol polipeptin	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00813	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00818	katalaz izozim 2	Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Taşıma	--
c_00823	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	--	DNA metabolik işlev
c_00826	duvar ilişkili reseptör kinaz 20	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00827	subtilisin proteaz	Çekirdek	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00838	transpozon en spm alt sınıf	Plastid	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00839	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00846	subtilisin proteaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma	--
c_00849	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Sitoplazma	Metiltransferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Katabolik işlev
c_00856	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek Mitokondri Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00857	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Metabolik işlev	--	--
c_00859	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri	--	Taşıma
c_00860	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev
c_00862	subtilisin proteaz	Çekirdek Membran Protein kompleksi Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00863	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri Vezikül	--	--
c_00867	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00871	kıyı domain-içeren protein lvsc	--	Taşıma aktivitesi	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00875	subtilisin proteaz	Çekirdek	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00876	glutamat dehidrojenaz 2	Vakuol	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma
c_00884	transpozondan retrovirus- ilişkili pol poliprotein tnt 1-100	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00880	deoskiuridin 5 - trifosfat nükleotithidrolaz	Metabolik işlev	--	--
c_00887	histon-lizin n-h3 lizin-9 spesifik suvh1 inhibitör olmayan serpin-10	Metiltransferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Protein modifikasyonu	--
c_00889	inhibitör olmayan serpin-10	Plastid	Hidrolaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması
c_00893	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma
c_00894	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Mitokondri Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00902	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Metabolik işlev	--	--
c_00904	tbc1 domain aile üyesi 15	Çekirdek Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00909	koatomer alt birim gamma-2	Protein kompleksi Sitoplazma	Taşıma	--
c_00912	siyanohidrin beta-glukoziltransferaz	Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Taşıma	--
c_00913	kalsiyum-bağlayıcı protein cml19	İyon bağlayıcı	Taşıma	--
c_00914	gag-pol poliprotein	Vezikül	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00918	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Plastid	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev
c_00919	subtilisin proteaz	Peptidaz aktivitesi	--	--
c_00924	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Sitoplazma	--	--
c_00928	apositokrom f		İyon bağlayıcı	--
c_00929	subtilisin proteaz	Çekirdek	Oksidoredüktaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00931	beta-galaktosidaz 12	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması	--
c_00932	sistein reseptör protein kinaz 7	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00935	inhibitör olmayan serpin-10	Çekirdek Plastid Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu
c_00936	opie3 pol protein	Mitokondri	İyon bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00942	retrovirus-ilişkili pol poli protein hat-1	Çekirdek Membran Protein kompleksi Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu Sinyal iletimi Taşıma
c_00945	omega-6 yağ asidi endoplazmik retikulum izozim 2	Çekirdek	--	Taşıma
c_00951	protein fosfataz 2c 64	Peptidaz aktivitesi	--	--
c_00953	transpozon en spm alt sınıf	Çekirdek	--	--
c_00956	nac domain-içeren protein 21 22	Peptidaz aktivitesi	--	--
c_00962	hastalık direnç protein rpm1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00968	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	--	DNA metabolik işlev	--
c_00974	flavon o-metiltransferaz 1	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma	--

Çizelge 3.6 Kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00972	protein ninrin			Metabolik işlev
c_00978	sistein reseptör protein kinaz 7	İyon bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00980	tirozin aminotransferaz	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00981	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Sitoplazma	--	--
c_00983	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev	--
c_00996	fodfat taşıyıcı mitokodriyal	Plastid	İyon bağlayıcı Metiltransferaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Taşıma
c_01006	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	--	--
c_01008	l-gulonolakton oksidaz	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00003	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00006	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00008	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00010	ribuloz bisfosfat karboksilaz uzun zincir	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00013	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Plastid	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00015	yaşlılık- ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00016	fenil alanin ammonia-liyaz	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00018	e3 ubikutin-protein ligaz lin-1 zoform x1	Plastid	Transferaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00020	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00021	ribuloz bisfosfat karboksilaz uzun zincir	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00025	ısı stres transkripsiyon faktör a-2c	Çekirdek Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı Transkripsiyon/translasyon
c_00026	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı	Protein metabolizması Taşıma
c_00028	fenil alanin ammonia-liyaz	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev
c_00030	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00031	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00033	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00035	ısı şok faktör	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Stres cevabı Transkripsiyon translasyon
c_00036	fotosistem ii d1	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00038	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00039	retrotranspozon ty1-copia altsınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00040	fotosistem ii 32 kda	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00047	yaşlılık- ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00048	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00051	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00052	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00056	fotosistem ii 32 kda	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00057	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Plastid	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00058	çinko parmak a20 ve an1 alanı içeren stres ilişkili protein 8	İyon bağlayıcı	--	--
c_00059	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	--
c_00065	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00071	serin asetiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00073	metal taşıyıcı nramp5	Membran Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00075	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00076	t02955 sitokrom p450 monooksijenaz	Membran Vezikül	--	--
c_00081	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00082	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00084	serin treonin-protein kinaz afc1	Plastid Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00087	fotosistem ii protein d1	Membran Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Protein metabolizması Stres cevabı Taşıma
c_00091	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00096	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00098	fenilalanin ammonia-	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev
c_00099	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00100	zar proteini		Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00113	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00104	serin asetiltransferaz	Mitokondri	--	--
c_00114	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00124	serin asetiltransferaz	Mitokondri	--	--
c_00125	yaşlılık- ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00127	ribuloz bisfosfat karboksilaz uzun zincir	Membran Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Taşıma
c_00128	metal taşıyıcı nramp5	MembranMitokondri	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00131	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	--
c_00135	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00140	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00141	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00148	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00155	serin asetiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00167	fotosistem ii d1	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00169	serin asetiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00170	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00171	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00177	nadh dehidrogenaz altgrup 2	Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00178	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00180	atp sentaz f0 altgrup 1	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Taşıma
c_00181	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00184	yaşlılık- ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00190	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00193	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00198	serin asetiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00201	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00202	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00206	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00204	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00209	patojenezis-ilşkili protein 1-7	Vezikül	--	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00210	yaşlılık- ilişkili protein	Membran	--	--
c_00218	pg1 homology Homo sapiens	Plastid	--	--
c_00220	lösün tekrarlı reseptör protein kinaz	Membran Mitokondri Vezikül	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması Sinyal iletimi
c_00222	lösün tekrarlı reseptör protein kinaz	Membran Mitokondri Vezikül	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması Sinyal iletimi
c_00224	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00235	yaşlılık- ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00236	metal taşıyıcı nramp5	Membran Plastid	--	--
c_00238	trans-cinnamat 4-monooksijenaz	Golgi cisimciği Membran Vezikül	--	--
c_00229	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00232	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00234	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00235	yaşlanmayla ilişkili protein	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00236	metal taşıyıcı nramp5	Taşıma aktivitesi	Taşıma	--
c_00238	trans-sinamattan 4-monooksijenaz	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Stres cevabı	--
c_00241	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00251	pg1 protein	--	Kinaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00252	CHK1 denetleme noktası	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00266	CHK1 denetleme noktası	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00268	alfa-l1 nikotinik asetilkolin reseptörü	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00280	ornitin		Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00281	CHK1 denetleme noktası	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00286	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00285	protein tar1	Membran	--	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00288	60s ribozomal protein l10-2	Ribozom	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Transkripsiyon /translasyon
c_00291	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00292	glycozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00293	lipoprotein	Plastid	--	--
c_00293	lipoprotein	Vezikül	--	--
c_00309	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00310	tiol proteaz aleurain	Vakuol Vezikül	--	Protein metabolizması
c_00311	tiol proteaz aleurain	Vakuol Vezikül	--	Protein metabolizması
c_00312	erken yaprak yaşlanmasında birikimli sistein proteaz aile protein	Vakuol Vezikül	--	Protein metabolizması
c_00316	fotosistem ii 32 kda	Membran Plastid Vezikül	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00317	sistein bakımından zengin reseptör benzeri protein kinaz 25	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00319	aquaporin tip4-2	Membran	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00324	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00326	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00334	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00343	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00344	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00353	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00354	rnaaz	--	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00361	nbs-tip direnç	Membran	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00363	yaşlılık- ilişkili protein	Membran	--	--
c_00364	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00365	wat1-iliskili protein at5g07050	Membran Mitokondri	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00375	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00394	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00397	abc taşıyıcı f aile üyesi 1	Plastid	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Taşıma
c_00398	çok yukarı element bağlayıcı protein 2	İyon bağlayıcı	--	--
c_00400	1-deoksi-d-selüloz-5-fosfat	Plastid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00401	1-deoksi-D-ksiluloz-5-fosfat kısmı	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00408	nac domain-içeren protein 2	Mitokondri	--	--
c_00409	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00411	yaşlılık- ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00413	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00417	gdsl esterase, lipaz at1g09390	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00420	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00422	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00423	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00425	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00429	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00430	lipoprotein	Plastid	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00431	fosfat taşıyıcı pho1-2	Golgi cisimciği Membran	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Stres cevabı Taşıma
c_00432	fosfat taşıyıcı pho1-2	Golgi cisimciği Membran	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Stres cevabı Taşıma
c_00433	fosfat taşıyıcı pho1-2	Golgi cisimciği Membran	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Stres cevabı Taşıma
c_00434	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00437	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00438	CHK1 denetleme noktası	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00442	poliamin taşıyıcı at3g19553	Membran	Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Taşıma
c_00443	sükroz taşıyıcı	Golgi cisimciği Membran	Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Taşıma
c_00445	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00446	protein tar1	Membran	--	--
c_00447	yaşlılık- ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00448	demir-sülfür birleştirici mitokondriyal	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00452	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00453	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00454	triptofan sentazı 1	Plastid	--	Biyosentez işlevi
c_00455	triptofan sentazı 1	Plastid	--	Biyosentez işlevi
c_00456	rnaaz	--	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00457	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00461	kalsiyum kalmodulin bağımlı protein kinaz	Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00463	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00465	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00469	fosfogliserat mutaz benzeri protein 4	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00473	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00476	alternatif ekleme regülatörü	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00477	ayrıca arjinin serin 6	Membran Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00478	fotosistem ii 32 kda	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00479	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00481	CHK1 denetleme noktası	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00483	yaşlılık-ilişkili protein	Membran	--	--
c_00489	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00493	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00505	gdsl esteraz lipaz at5g45910	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00506	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00508	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00509	yaşlılık-ilişkili protein	Membran	--	--
c_00515	bowman-birk tip tripsin inhibitör	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00516	fotosistem ii 32 kda	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00518	subtilisin proteaz	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00519	subtilisin proteaz	Mitokondri Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00520	ribuloz bisfosfat karboksilaz uzun zincir	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00521	malat sitoplazmik	Sitoplazma	Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00522	sitosolik malat	Membran Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00523	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00529	myb-ilişkili protein mybas1	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00537	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00541	fotosistem ii d1	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00544	pre-rna-süreci protein tsr1 homolog	Çekirdek	--	Biyosentez işlevi

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00545	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00548	gliseraldehit-3-fosfat	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00550	gliseraldehit-3-fosfat	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00552	endoplazmin homolog	Çekirdek Membran Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması Stres cevabı Taşıma
c_00553	fenilalanin ammonia-	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev
c_00554	serin treonin-protein kinaz pbs1	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00555	serin treonin-protein kinaz pbs1	Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması Stres cevabı
c_00556	çinko c3hc4 tip ailesi	Mitokondri	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00557	kitin elisitör-bağlayıcı protein	Membran Vezikül	Kinaz aktivitesi	--
c_00560	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00561	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00562	yaşlılık- ilişkili protein	Membran	--	--
c_00563	yaşlılık- ilişkili	Vezikül	--	--
c_00564	fotosistem ii d1	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00568	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00570	ısı şok protein 90	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Protein metabolizması Stres cevabı
c_00572	rna polimeraz ii transkripsiyon 37F	İyon bağlayıcı	--	--
c_00573	mavi bakır proteini	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00575	sitokrom b561	Membran Mitokondri Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00579	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00586	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00591	sitokrom c oksidaz altgrup 2	Membran Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00592	4-koumarat ligaz	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00594	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00596	pg1 homology Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00603	orf120	Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00604	Duvar ilişkili reseptör kinaz 5	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00605	e3 ubiquitin-protein ligaz ubr2	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Stres cevabı	--
c_00609	d-mannoz bağlayıcı lektin aile protein	Membran Vezikül	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Protein metabolizması
c_00611	adenilsüksinat sentetaz aile protein	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi
c_00612	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00617	piruvat sitozolik izoenzim	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması	--
c_00620	ras-ilişkili protein ric2	Membran	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Sinyal iletimi Stres cevabı Taşıma
c_00622	transkripsiyon başlatma faktörü TFIID	Çekirdek	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon /translasyon
c_00623	transkripsiyon başlatma faktörü TFIID	Çekirdek	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon /translasyon

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00624	transkripsiyon başlatma faktörü TFIID	Çekirdek	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon /translasyon
c_00626	transkripsiyon başlatma faktörü TFIID	Çekirdek	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon/ translasyon
c_00627	fenil alanin ammonia- liyaz	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev
c_00628	fenilalanin ammonia-	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev
c_00629	20s proteazon beta2	Çekirdek Protein kompleksi Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi	Katabolik işlev
c_00630	proteazom altgrup beta tip 7-a öncüsü	Çekirdek Protein kompleksi Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması Stres cevabı
c_00637	imp biyosentez protein	Plastid	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00638	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00641	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00642	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00646	translasyon başlangıç faktör 5a	Mitokondri	İyon bağlayıcı	Transkripsiyon translasyon
c_00647	translasyon başlatma	İyon bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon	--
c_00648	ökaryotik translasyon başlatma faktörü	İyon bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon	--
c_00650	mitojen-aktiflenmiş protein kinaz yoda	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Protein metabolizması Sinyal iletimi

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00652	anlamsız transkript 3a regülatör	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00653	anlamsız transkript 3a regülatör	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00654	abc taşıyıcı c aile üyesi 2	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Taşıma
c_00656	abc taşıyıcı c aile üyesi 2	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Taşıma
c_00662	yaşlılık-ilişkili protein	Membran	--	--
c_00665	yaşlılık-ilişkili protein	Membran	--	--
c_00669	yaşlılık-ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00678	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00670	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00685	nac domain transkripsiyon faktör	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Stres cevabı Transkripsiyon translasyon
c_00688	nitril-belirteç protein 5	Plastid	--	--
c_00690	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00696	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00699	scarecrow-protein 21	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması Stres cevabı Transkripsiyon/translasyon	--
c_00701	aldehit oksidaz 3	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00702	açıl bağlayıcı domain-içeren protein 4	İyon bağlayıcı	--	--
c_00706	katalaz	Mitokondri Vezikül	İyon bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev Stres cevabı
c_00710	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00711	transmembran 9 süper ailesinin elemanı	Membran	--	--
c_00711	transmembran 9 süper ailesinin elemanı	Vezikül	--	--
c_00722	açıl taşıyıcı protein mitokondriyal	Mitokondri	--	Biyosentez işlevi Stres cevabı
c_00725	pleiotropik ilaç direnci protein 4	Membran Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Taşıma
c_00727	pleiotropik ilaç direnci protein 4	Membran Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Taşıma
c_00728	poliubikutin	Çekirdek Vakuol Vezikül	Katabolik işlev Protein metabolizması Taşıma	--
c_00729	atp-bağımlı çinko metaloproteaz ftsh	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein metabolizması
c_00732	40s ribozomal protein s5-1	Ribozom	İyon bağlayıcı	Transkripsiyon/ translasyon
c_00736	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Mitokondri	--	--
c_00741	kas m-hat birleştirici protein unc-89	Plastid Sitoplazma	Hücresel organizasyon	--
c_00743	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00749	antranilat sentaz bileşeni i- kloroplastik	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00752	nükleotit-bağlayıcı protein 1	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	--
c_00753	heterodimerik geranilgeranil pirofosfat sentaz küçük kloroplastik	Plastid	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00755	fotosistem ii d1	Membran Plastid	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00759	dna (sitozin-5)-metiltransferaz cmt2	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00764	sükroz:fruktan 6-fruktoziltransferaz	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00766	5 -amp-aktiflenmiş protein kinaz	Membran Mitokondri	--	--
c_00768	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00774	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00780	yaşlılık- ilişkili protein	Membran	--	--
c_00782	Kromo domain-içeren protein lhp1	Çekirdek Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı Transkripsiyon/translasyon
c_00783	gliseraldehid-3-fosfat kısmı	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00785	gliseraldehit-3-fosfat	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00786	gliseraldehit-3-fosfat dehidrogenaz	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00787	kafeik asit o-metiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı	--
c_00789	yaşlılık- ilişkili protein	Membran	--	--
c_00792	nac domain-içeren protein 2	Mitokondri	--	--
c_00793	yaşlılık- ilişkili protein	Membran	--	--
c_00797	yardımcı şaperon protein sba1	Membran Sitoplazma	--	--
c_00798	p23 yardımcı şaperon	Membran Sitoplazma	--	--
c_00802	major sentromer otoantijen b	Plastid	--	--
c_00804	sitokrom p450		İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00805	sitokrom p450	Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00807	delta -sterol redüktaz	Membran	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Stres cevabı
c_00808	fenil alanin ammonia-liyaz	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev
c_00811	glukan -beta- glukosidaz a	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması	--
c_00812	glukan -beta- glukosidaz	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması	--
c_00813	glukan -beta- glukosidaz a	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması	--
c_00816	lösün tekrarlı reseptör protein kinaz	Membran Mitokondri Vezikül	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması Sinyal iletimi
c_00818	gdsl esteraz lipaz at5g45910	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00823	izoflavon redüktaz homolog	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00824	izoflavon redüktaz homolog	Mitokondri	--	--
c_00828	fenil alanin ammonia-liyaz	Sitoplazma	Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev
c_00831	pirüvat sitosolik izozim	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00833	wrky transkripsiyon faktör 39	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon
c_00834	WRKY transkripsiyon faktörü 74	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon	--
c_00835	peptidil-prolil cis-trans izomeraz fkbp42	Biyosentez işlevi Protein metabolizması Taşıma	--	--
c_00836	peptidil-prolil cis-trans izomeraz fkbp42	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma	--

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00841	gdp-mannoz - epimeraz 1	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi
c_00842	gdp-mannoz - epimeraz 2	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi
c_00843	gdp-mannoz - epimeraz	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi
c_00846	transkripsiyon el baskılayıcı Leunig	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Protein metabolizması Sinyal iletimi Stres cevabı Taşıma
c_00847	Prenile rab reseptör 2	Membran	--	--
c_00849	alfa-	Membran Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00850	o- açıltransferaz wsd1	Membran	Transferaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein metabolizması
c_00851	prolil 4- hidroksilaz altgrup alfa-1	Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00852	Hastalık direnç proteini rpp13	İyon bağlayıcı	--	--
c_00862	retrotranspozon sınıflandırılmış	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00857	yaşlılık- ilişkili protein	Membran	--	--
c_00866	t02955 sitokrom p450 monooksigenaz	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00869	protein arabidillo 1	Sitoplazma	Kinaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00879	40s ribozomal protein s23	Ribozom	İyon bağlayıcı	Transkripsiyon/traslasyon
c_00880	40s ribozomal protein s23	Ribozom	İyon bağlayıcı	Transkripsiyon/traslasyon
c_00881	40s ribozomal protein s23	Ribozom	İyon bağlayıcı	Transkripsiyon/traslasyon
c_00884	retrotranspozon ty3-gypsy altsınıf	Vakuol	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Protein metabolizması

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00885	glycozil transferaz ago61	Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00887	retikülün oksidaz benzeri protein	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00888	Hastalık direnç proteini rga4	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00891	translasyon kontrol tümör proteini	Sitoplazma	--	--
c_00892	translasyon kontrol tümör proteini	Sitoplazma	--	--
c_00893	tersine çevrilebilir glikosile polipeptidi	Golgi cisimciği Sitoplazma	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması
c_00896	fotosistem ii 32 kda	Plastid	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00897	ısı stres transkripsiyon faktör a-2c	Çekirdek Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı Transkripsiyon/translasyon
c_00898	hücre sayısı regülatörü 6	Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi	--
c_00900	hücre sayısı regülatörü 6	Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi	--
c_00901	ksilanaz inhibitör proteini 1	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00902	yaşlanmayla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00904	retikülün oksidaz benzeri protein	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00908	histon-lizin n-metiltransferaz suvr4	Çekirdek	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00910	vakuoler protein ayırma ilişkili protein 11	Membran	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Stres cevabı Taşıma

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00911	importin-5 izoform x1	Membran	İyon bağlayıcı	Taşıma
c_00913	bakır taşıyıcı atpaz hma5	Membran Plastid	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Stres cevabı Taşıma
c_00914	bakır-taşıyıcı atpaz 3	Membran Plastid	İyon bağlayıcı	Stres cevabı Taşıma
c_00915	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon	--
c_00916	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00917	d-3-fosfoglisarat dehidrogenaz kloroplastik	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00919	Protein saydam testa 1	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00921	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 37	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00922	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 37	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	---	--
c_00923	Hastalık direnç protein rpp13-protein 2	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00924	ef eli aile protein kalsiyum-bağlayıcı	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00925	Olası kalsiyum bağlayıcı protein cml20	İyon bağlayıcı	--	--
c_00926	ölüm kutusu atp-bağımlı rna helikaz 40	Vakuol	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00932	hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Plastid	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00933	pg1 protein		Kinaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması

Çizelge 3.7 Yüksek sıcaklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00935	inhibitör olmayan serpin-10	Çekirdek Plastid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00940	dentin sialofosfo	Plastid	--	Metabolik işlev
c_00941	dentin sialofosfo	Plastid	--	--
c_00942	dentin sialofosfo	Plastid	--	--
c_00944	peptidil-trna hidrolaz	Mitokondri	--	--
c_00945	ras-ilişkili protein ric2	Membran	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Sinyal iletimi Stres cevabı Taşıma
c_00946	ras-ilişkili protein raba2a	Membran Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Sinyal iletimi Taşıma
c_00952	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00958	sinnamat 4-	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00959	protein gpr107	Membran Vezikül	--	--
c_00962	glutathionin-düzenleyici potasyum-akış sistem protein kefb	Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Protein metabolizması Taşıma
c_00966	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00967	DNA-bağımlı RNA polimeraza iii	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon	--
c_00969	DNA-bağımlı RNA polimeraza iii	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00123	urasil-dna glikozilaz hidrolaz	Vezikül	--	--
c_00124	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00126	gag-pol poliprotein	Çekirdek Sitoplazma Nükleik asit bağlayıcı	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00129	dirençile ilgili reseptör-benzeri kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00131	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00132	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00133	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00135	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00138	yaşlılıkla ilişkili protein	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00140	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00141	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00144	fotosistem i P700 apoprotein a2	Mitokondri Plastid Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00145	fotosistem i P700 apoprotein a1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00150	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	Taşıma
c_00157	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00158	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00164	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00167	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00169	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00170	serin bakımından zengin protein	Plastid	--	--
c_00171	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00173	Proteazom aktivatör alt birimi 4	Protein kompleksi	--	--
c_00174	proteazom aktive eden protein 200 izoform 1	Protein kompleksi	--	--
c_00175	Proteazom aktivatör alt birimi 4	Protein kompleksi	--	--
c_00185	fotosistem i P700 apoprotein a1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00186	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00187	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00189	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00191	magnezyum çelataz alt birim kloroplastik	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00192	magnezyum çelataz alt birim kloroplastik	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00195	rnaaz	Plastid	--	--
c_00202	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00206	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00207	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00208	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	Kinaz aktivitesi	--
c_00216	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00219	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	---	--
c_00220	fotosistem i P700 apoprotein a1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00221	btb poz protein etki içeren at2g13690	Mitokondri	--	--
c_00224	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00226	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00231	NADH dehidrogenaz	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00232	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00233	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00234	fotosistem i birleştirici protein ycf4	Protein kompleksi Tilakoid Plastid	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00235	30s ribozomal protein s16	Mitokondri Plastid Ribozom	Stres cevabı Transkripsiyon/ translasyon	--
c_00236	30s ribozomal protein s16	Mitokondri Plastid Ribozom	Stres cevabı Transkripsiyon /translasyon	--
c_00238	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00247	alfa-l1 nikotinik asetilkolin reseptörü	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00250	protein tar1	Mitokondri	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00255	alfa-l1 nikotinik asetilkolin reseptörü	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00260	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00267	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00270	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00271	kaleozin 2	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00272	peroksigenaz 3 izoform x1	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı
c_00275	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00277	rnaaz	Plastid	--	--
c_00278	atp sentaz cf0 altbirim i	Membran Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00285	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Mitokondri	--	--
c_00281	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00288	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00290	fotosistem ii protein d2	Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00301	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00303	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00306	aktin ilişkili protein	Plastid	--	--
c_00314	e3 ubikuitin-protein ligaz upl1	Çekirdek Plastid Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00313	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00315	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00316	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00319	protein ycf45	Plastid	İyon bağlayıcı	

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00320	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00321	fotosistem II 47 kDa proteini	Tilakoid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00338	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00340	eksiloglukan endotransglukosilaz hidrolaz proteini 13	Hidrolaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Hücre sel organizasyon Karbonhidrat metabolizması	--
c_00341	eksiloglukan endotransglukosilaz hidrolaz proteini 13	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması	--
c_00346	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00347	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00349	fotosistem i P700 apoprotein a1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00356	fotosistem ii cp43	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00361	ubikuitin-ilişkili protein	İyon bağlayıcı	Protein metabolizması	--
c_00363	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00366	plastide fosfat translocator protein1	Vezikül	--	--
c_00367	atp sentaz cf1 epsilon altbirim	Membran Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00370	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00371	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu stres cevabı

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00373	alfa, beta-hidrolaz	Plastid Tilakoid	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması
c_00374	a44803pg1 proteini - İnsan	Mitokondri	--	--
c_00375	süksinat dehidrojenaz	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00376	süksinat dehidrojenaz	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00377	sitokrom b6	Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücre sel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00385	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00386	yaşlılıkla ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00387	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00388	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00389	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00390	NADH dehidrojenaz altbirim 5	Mitokondri Protein kompleksi	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00391	NADH dehidrojenaz altbirim 5	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00396	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00398	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Biyosentez işlevi

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00399	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	--	--
c_00401	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00402	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00403	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00404	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00406	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00409	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00410	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00412	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00413	fotosistem ii protein d2	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00418	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00419	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00420	fotosistem i P700 apoprotein a1	Mitokondri Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00421	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00423	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00424	cap-bağlayıcı protein	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00425	ökaryotik translasyon başlatma faktörü ncbp	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00426	NADH-plastokinon oksidoredüktazı	Membran Plastid Tilakoid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00428	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00429	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00430	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00433	26s olmayan ATPaz düzenleyici alt birimini 13 proteazom	Protein kompleksi	--	--
c_00434	26s olmayan ATPaz düzenleyici alt birimini 13 proteazom	Protein kompleksi	--	--
c_00437	Sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri Plastid	--	--
c_00438	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00439	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00442	suksinil- ligaz	Mitokondri	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması Stres cevabı
c_00443	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00444	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00446	fch domain protein 1	Membran Plastid	--	--
c_00450	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00451	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00452	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00454	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00455	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00460	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00462	pentatricopeptit tekrar içeren protein	Mitokondri	--	Metabolik işlev
c_00465	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00466	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00472	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00475	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00476	atp sentezi alfa	Mitokondri Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00477	atp sentezi alfa	Mitokondri Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00478	importin altbirim alfa-1	Çekirdek Sitoplazma	Taşıma	Protein metabolizması Taşıma
c_00479	Importin alfa izoformu 2	Çekirdek Sitoplazma	Taşıma	Protein metabolizması Taşıma
c_00480	importin altbirim alfa-1b	Çekirdek Sitoplazma	Taşıma	Protein metabolizması Taşıma
c_00481	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00486	fotosistem ii protein d2	Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00487	ısı şok protein	--	İyon bağlayıcı	--
c_00489	sitokrom oksidaz alt-birimi	Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00490	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00491	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00492	globulin-1 s allel	--	Stres cevabı	--
c_00493	globulin-	Vezikül	--	Stres cevabı

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00494	CAS1 etki alanı içeren protein 1	Vezikül	--	--
c_00495	CAS1 etki alanı içeren protein 1	Vezikül	--	--
c_00496	hücre bölünmesi kontrol proteini 48	Çekirdek Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Taşıma
c_00497	atp ssentaz cf1 alfa altbirim	Membran Mitokondri Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00498	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00500	isco aktifleyici küçük izoform habercisi	Plastid Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00501	Kinürenin - oksoglutarat transaminaz	Plastid	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	Biyosentez işlevi
c_00502	abc taşıyıcı b ailesi üyesi 20	Hidrolaz aktivitesi	İyon bağlayıcı Taşıma	--
c_00503	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00504	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	--	Metabolik işlev	--
c_00505	af466203_10 gag-pol öncüsü -orf1	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma	--
c_00510	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00513	fotosistem i P700 apoprotein a2	Mitokondri Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00515	fotosistem ii cp47 klorofil apoprotein	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00517	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00520	Protein translokaz alt birimi kloroplastik	Plastid	İyon bağlayıcı	Protein metabolizması
c_00521	Protein translokaz alt birimi kloroplastik	Plastid	İyon bağlayıcı	Protein metabolizması

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00523	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00526	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00528	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00530	sitoplazmik tRNA 2-thiolation proteini 2	Sitoplazma	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00531	sitoplazmik tRNA 2-thiolation proteini 2	Çekirdek	--	Hücre sel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00532	DNA-bağımlı RNA polimeraz	Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Transkripsiyon/tr anslasyon
c_00541	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00545	transkripsiyon başlatma faktörü TFIID alt birimi 2	Nükleik asit bağlayıcı Taşıma	--	--
c_00546	26S olmayan ATPaz alt-birimi 11 homolog düzenleyici proteazom	Çekirdek Mitokondri Protein kompleksi Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücre sel organizasyon Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı	--
c_00547	e3 ubiquitin-protein ligaz upl1	--	Protein modifikasyonu	
c_00548	ribuloz- -bifosfat karboksilaz oksijenaz	Plastid	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00549	ribuloz- -bifosfat karboksilaz oksijenaz	Plastid	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00552	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00555	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00556	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00558	yaşlılıkla ilişkili	Vezikül	--	--
c_00560	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00561	fotosistem ii protein d2	Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00562	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00563	Plastid asetil karboksilaz	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00564	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00565	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00566	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00567	Sinyal tanıma Partikül 54 kDa	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein metabolizması
c_00568	Sinyal tanıma Partikül 54 kDa	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein metabolizması
c_00569	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00570	sitokrom b6	Plastid Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00573	atpaz altbirim 1	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00575	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Çekirdek Mitokondri Plastid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma Oksidoredüktaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı Transkripsiyon/translasyon
c_00576	lösin bakımından zengin	Membran Plastid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00577	LRR reseptör benzeri serin, treonin-kinaz	Sitoplazma	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00578	LRR reseptör benzeri serin, treonin-kinaz	Vezikül	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00579	atp bağımlı clp proteaz proteolitik alt birimi	Plastid	--	--
c_00581	fotosistem ii d2 proteini	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00582	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00583	RNA yönlendirmeli DNA polimeraz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Taşıma Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Taşıma
c_00584	oksin taşıyıcı büyük protein	Sitoplazma Vezikül	İyon bağlayıcı	Hücre sel organizasyon Taşıma
c_00585	oksin taşıyıcı büyük protein	Sitoplazma Vezikül	İyon bağlayıcı	Hücre sel organizasyon Taşıma
c_00588	glukosiltransferaz	Mitokondri	--	--
c_00589	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00594	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00595	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00599	NADH dehidrogenaz altbirim 7	Mitokondri Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00600	NADH dehidrogenaz altbirim 7	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00602	fotosistem i P700 apoprotein a1	Mitokondri Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00605	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00606	atp sentezi beta	--	Taşıma	--
c_00608	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	
c_00610	NADH-plastokinon oksidoredüktazı	Membran Plastid Tilakoid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00612	sülfat taşıyıcı	--	Taşıma	--
c_00613	sülfat taşıyıcı	--	Taşıma	--
c_00619	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00620	LRR reseptör benzeri serin, treonin-kinaz	Membran	Bağlayıcı aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00621	gag-pol öncüsü	--	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00622	protein sel-1 homolog 2	Mitokondri Vezikül	--	--
c_00623	protein sel-1 homolog 2	Mitokondri Vezikül	--	--
c_00624	protein kloroplastik	Plastid Protein kompleksi	Protein metabolizması Taşıma	--
c_00625	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri Plastid	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00626	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	--	Metabolik işlev	--
c_00627	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Plastid	--	--
c_00629	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00631	atp sentezi beta	İyon bağlayıcı	--	--
c_00632	atp sentaz altbirim	Mitokondri Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00633	atp sentaz altbirim	Mitokondri Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00634	atp sentaz altbirim mitokondriyal	Mitokondri Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00638	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00639	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00642	fotosistem i P700 apoprotein a1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00645	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Vezikül	Taşıma	--
c_00646	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00651	kuraklık indüklenebilir askorbat peroksidaz	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00652	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00653	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00654	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00655	piruvat sitozolik izoenzim	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00657	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00658	gag-pol öncüsü	--	--	Metabolik işlev
c_00659	helikaz protein mom1 izoform x1	Çekirdek Plastid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Stres cevabı
c_00661	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	--	Metabolik işlev	--
c_00660	fotosistem ii d1	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00664	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00667	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00668	Calvin döngüsü protein cp12- kloroplastik	Plastid	--	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00670	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00671	askorbat peroksidaz	Oksidoredüktaz aktivitesi	Stres cevabı	--
c_00674	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00676	dicer protein 4	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı Transkripsiyon/translasyon
c_00678	Piroglutamil-peptidaz 1 protein	Sitoplazma	--	--
c_00679	pirolidon karboksilat peptidaz	Sitoplazma	--	--
c_00680	pirolidon karboksilat peptidaz	Sitoplazma	--	--
c_00682	poliadenilat bağlayıcı protein 2	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00684	ADP-faktör proteini agd5 GTPaz aktive edici	Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Protein modifikasyonu
c_00685	e3 ubikuitin-protein ligaz trim33	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	--	--
c_00689	ribuloz- -bifosfat karboksilaz oksijenaz	Plastid	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00691	sitokrom b6	Plastid Ribozom Tilakoid	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Transkripsiyon/translasyon
c_00695	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00702	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00705	yaşlılıkla ilişkili protein	Vezikül	--	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00708	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00709	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00712	yaşlılıkla ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00713	yaşlılıkla ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00714	ubikuitin-aktive enzim e1 2	Vezikül	İyon bağlayıcı	Protein modifikasyonu
c_00715	klorofil a-b bağlayıcı protein 4	Mitokondri Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Taşıma
c_00716	gtp difosfokinaz kloroplastik	Plastid Vezikül	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00717	ribozomal protein s12	Mitokondri Plastid Ribozom Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/tr anslasyon
c_00718	histidin ihtiva eden fosfotransfer protein 1	Çekirdek Sitoplazma	--	--
c_00719	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00722	gpi inositol-Deaçilaz pgap1 protein	Vezikül	--	Metabolik işlev Taşıma
c_00725	uzama faktörü ts	Plastid	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00727	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00731	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	---
c_00732	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	--
c_00733	fotosistem ii 32 kDa	Plastid Vezikül	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00736	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00737	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00742	opie3 pol protein	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00743	gag-pol poliprotein	--	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00747	DNA-bağımlı RNA polimeraz i	Çekirdek Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00748	DNA-bağımlı RNA polimeraz i	Çekirdek Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_00749	ısı şok faktörü	Çekirdek Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı
c_00750	nitrat redüktaz	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00751	nitrat redüktaz	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00756	übikitin	Çekirdek Sitoplazma	--	--
c_00757	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00758	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri Plastid	--	--
c_00764	sitosolik glutamin sentetaz izoform	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	
c_00765	glutamin sentetaz	Vezikül	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00766	imp biyosentezis protein	Plastid	--	--
c_00768	birleştirme arginin serin 7	İyon bağlayıcı	--	--
c_00773	aldehit dehidrogenaz aile üyesi 2	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00774	sperm-iliskili antijen 6	Membran Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması	--
c_00775	dynamin-2a izoform x1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00776	dynamin-	--	İyon bağlayıcı	--
c_00777	izoflavon redüktaz benzeri protein	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00778	izoflavon redüktaz benzeri protein	Mitokondri	--	--
c_00780	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00782	Sitokrom c biyogenezi c	Mitokondri Vezikül	Protein metabolizması Taşıma	--
c_00784	tbcc etki alanı içeren protein 2	Bağlayıcı aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00785	tbcc etki alanı içeren protein 1	Bağlayıcı aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00788	reseptör protein kinaz	Vezikül	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00789	reseptör benzeri protein kinaz	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00792	vaküoler tipi h + - ATPaz altbirim b3	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Taşıma	Metabolik işlev
c_00801	a44803pg1 proteini - İnsan	Mitokondri Vezikül	--	--
c_00805	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00806	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00809	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00811	glutamin sentetaz	Vezikül	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00812	sitosolik glutamin sentetaz izoform	İyon bağlayıcı	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00814	adenin nükleotid yer değiştiricisi	Mitokondri	--	Taşıma
c_00816	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00824	fimbrin protein 2	Bağlayıcı aktivitesi	--	--
c_00825	nbs tipi direnç	--	Taşıma Transferaz aktivitesi	--
c_00826	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00832	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00839	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00842	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00844	klorofil b redüktaz kloroplastik	Plastid Tilakoid	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00845	Metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00846	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00849	klorofil b redüktaz kloroplastik	Plastid Tilakoid	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00850	elektron transferi flavoprotein altbirim mitokondrial	İyon bağlayıcı	--	--
c_00851	elektron transferi flavoprotein altbirim	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00852	elektron transferi flavoprotein altbirim	Mitokondri	İyon bağlayıcı Taşıma	--
c_00858	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00862	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00864	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00875	retikulon protein b2	Sitoplazma	--	--
c_00876	retikulon protein b2	Sitoplazma	--	--
c_00881	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00883	tiamin tiazol kloroplastik	Mitokondri Plastid Tilakoid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00884	tiamin tiazol sentaz kloroplastik	Plastid Tilakoid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00888	poliadenilat bağlayıcı protein 2-b	--	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Transkripsiyon /translasyon	--
c_00890	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00891	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00892	transmembran protein 53	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı	--
c_00893	4-hidroksifenilasetaldehit oksim monooksigenaz	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00894	atp sentaz altbirim mitokondriyal	Çekirdek Mitokondri Plastid Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı
c_00895	atp sentaz altbirim mitokondriyal	Çekirdek Mitokondri Plastid Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı
c_00896	atp sentaz altbirim mitokondriyal	Çekirdek Mitokondri Plastid Protein kompleksi	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı
c_00901	Fosfolipid-taşıma ATPaz 3	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein metabolizması Stres cevabı Taşıma
c_00902	fotosistem ii fosfoprotein	Plastid Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00903	peroksidaz 5		İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Stres cevabı
c_00906	atpaz altbirim 1	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	Biyosentez işlevi Metabolik işlev

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00913	düzenleyici Partikül üçlü bir 1a	Protein kompleksi Sitoplazma	İyon bağlayıcı	--
c_00914	Metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00916	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00917	pg1 homolog Homo sapiens	Plastid	--	--
c_00919	ekzosist kompleksi bileşeni sec8	Membran Protein kompleksi Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Taşıma	--
c_00920	ekzosist kompleksi bileşeni sec8	Membran Protein kompleksi Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Taşıma	--
c_00921	ekzosist kompleksi bileşeni sec8	Membran Protein kompleksi Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Taşıma	--
c_00923	uridin nukleosidaz 1	Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00924	uridin nukleosidaz 1	Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00925	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	--	Metabolik işlev	--
c_00926	dna topoizomeraz 1	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00929	uzama faktörü 1-gamma 3	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00930	adagio protein 1	Çekirdek	--	Protein modifikasyonu
c_00932	V-tipi proton ATPaz katalitik alt-birimi a	Membran Plastid Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi Taşıma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı Taşıma
c_00937	Protein-l-isoaspartat o-metiltransferaz	Plastid	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00938	Protein-l-isoaspartat o-metiltransferaz	Plastid	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00940	2-oksooglutarat mitokondrial	Mitokondri Protein kompleksi Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00941	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Tilakoid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00946	Metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00950	WRKY transkripsiyon faktörü 20	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı	--
c_00951	WRKY transkripsiyon faktörü 20	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Stres cevabı	--
c_00952	ferrodoksin bağımlı glutamat kloroplastik	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00953	ferrodoksin bağımlı glutamat kloroplastik	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00954	ferrodoksin bağımlı glutamat sintaz	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00956	kalmmodulin bağlayıcı proteine 60	--	Stres cevabı	--
c_00957	kalmmodulin bağlayıcı proteine 60	--	Stres cevabı	--
c_00958	kalmmodulin bağlayıcı proteine 60	--	Stres cevabı	--
c_00959	Duvar ilişkili reseptör kinaz 3	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00960	beta-mannozil-glikoprotein 4-beta-n-asetilglukosaminiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu	--
c_00964	çoğaltma faktörü c altbirim 5	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00965	e3 ubikuitin-protein ligaz upl1	--	Protein modifikasyonu	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00966	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00967	20 kda kloroplastik	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Protein modifikasyonu
c_00968	23 kda kloroplastik	Plastid	İyon bağlayıcı	Protein modifikasyonu
c_00969	21 kda kloroplastik	Mitokondri Plastid Tilakoid	İyon bağlayıcı	Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00975	serin karboksipeptidaz 18	Vezikül	Transferaz aktivitesi	--
c_00976	Protein saydam testa 12	Taşıma	--	--
c_00977	sistein proteinaz 1	Vezikül	--	--
c_00978	sistein proteinaz 1	Vezikül	--	--
c_00983	BnaUnng00860D	Plastid	--	--
c_00986	Metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00992	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00994	rapamisin hedefi	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücre sel organizasyon Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu	--
c_00997	Transpozon TNT 1-94 den retrovirüs ile ilgili pol poliprotein	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_01003	yaşlılıkla ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_01008	protein fosfataz 2c 64		Protein modifikasyonu	--
c_01010	retrotranspozon sınıflandırılmamış	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi	--
c_01014	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_01021	fotosistem i P700 apoprotein a2	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_01023	fotosistem i P700 apoprotein a2	Mitokondri Protein kompleksi Tilakoid Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_01025	fosfatidilinositol 4-kinaz alfa 1	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_01026	tpa: nac transkripsiyon faktörü	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_01030	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_01031	retrotranspozon hat alt sınıfı	Mitokondri Plastid	Metabolik işlev	
c_01032	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi Tilakoid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_01035	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_01037	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_01038	serin treonin-protein kinaz at5g01020	Membran Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_01040	alkali nötr invertaz	Plastid	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_01041	alkali nötr invertaz cinv1	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması	--
c_01042	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_01048	myosin-10 izoform	İyon bağlayıcı	--	--
c_01050	Kalsiyum taşıma ATPaz plazma membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	--	--
c_01052	Kalsiyum taşıma ATPaz plazma membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Taşıma	--	--
c_01054	Plastid glutamin sentetaz 2	Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Taşıma
c_01055	Plastid glutamin sentetaz 2	Plastid Ribozom Sitoplazma Tilakoid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı Taşıma

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_01056	antosiyanın 5 aromatik asiltransferaz	Transferaz aktivitesi	--	--
c_01067	siyanidin 3-o-rutinosid 5-o-glikoziltransferaz benzeri	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev	--
c_01068	at3g15730	Çekirdek Membran Mitokondri Plastid Sitoplazma Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi İyon bağlayıcı	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma
c_01070	ölü kutu atp-bağımlı rna helikaz 37	İyon bağlayıcı	--	--
c_01073	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_01074	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_01075	Hemeritrin hhe katyon bağlanma domain alt ailesi	Plastid	--	--
c_01078	tom1 protein 2	--	--	Taşıma
c_01079	tom1 protein 2	--	--	Taşıma
c_01088	magnezyum protoporfirin IX, monometil ester	Plastid Tilakoid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması
c_01090	tahmin edilen protein	Vezikül	--	Metabolik işlev Protein metabolizması Taşıma
c_01094	a44803pg1 proteini - İnsan	Mitokondri	--	--
c_01101	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Çekirdek Mitokondri	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_01102	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev	--

Çizelge 3.8 Yüksek sıcaklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_01103	ters	Vezikül	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_01108	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_01110	reseptör kinaz içeren l-tipi lektin alanı	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_01113	protein gpr107	Vezikül	--	--
c_01116	pumilio protein 1	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_01123	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi	--
			Metabolik işlev	--
c_01124	serin treonin protein kinaz reseptörü	Membran	Bağlayıcı aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_01125	Protein disülfid izomeraz 1-4	Vezikül	--	Protein modifikasyonu
c_01126	Protein disülfid izomeraz 1-4	Vezikül	--	Protein modifikasyonu

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00001	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Protein modifikasyonu Sinyal iletimi Stres cevabı Taşıma	--
c_00005	glutasyon-bağımlı potasyum-akış sistemi proteini kefb	Hücresel organizasyon Taşıma		
c_00007	deoksipuzin sintaz		Protein metabolizması	
c_00009	Hastalık direnç proteini rga2	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu	
c_00011	retrotranspozon protein	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00013	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Hücresel organizasyon Protein modifikasyonu Taşıma
c_00016	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00017	ATP-bağımlı DNA helikaz q5	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00025	sistein bakımından zengin reseptör benzeri protein kinaz 7	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Protein modifikasyonu	--
c_00026	çoğaltma faktörü c altbirim 5	Membran	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Hücresel organizasyon Katabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma
c_00027	sistein bakımından zengin reseptör benzeri protein kinaz 7	Kinaz aktivitesi	--	--
c_00033	apoptozom f	Metabolik işlev	--	--
c_00042	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00043	apoptozom f	Membran	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	--
c_00052	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00053	retrotranspozon protein	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon
c_00055	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00062	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00068	t02955 dayanan sitokrom P450 monooksijenazı - mısır	Vezikül	--	--
c_00069	rRNA intron kodlu homing	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00079	glutamat dehidrojenaz 2	Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma
c_00082	histon h2a	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Protein metabolizması Stres cevabı Transkripsiyon/translasyon
c_00086	glutamat dehidrojenaz 2	Membran	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Taşıma
c_00091	aspartik proteinaz nepenthesin-2	Peptidaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00095	aspartik proteinaz nepenthesin-2	Peptidaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00100	kalsiyum bağlayıcı protein cml19	İyon bağlayıcı	--	--
c_00103	purin permaz 3	Membran	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00114	af378034_1 ters	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	
c_00115	retropepsin domain	Membran	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00116	sinaptik vezikül 2-ilişkili protein	Membran	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00117	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00119	sinaptik vezikül 2-ilişkili protein	Membran	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00122	diacilgliserol kinaz	Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev Stres cevabı	--
c_00123	diacilgliserol kinaz	Çekirdek Membran	Kinaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma Transkripsiyon/translasyon
c_00124	glutamil tRNA-amidotransferaz a	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00126	nbs-tip dirençlilik	Membran	Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Taşıma

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00128	26S proteaz düzenleyici alt birim 4 protein	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Katabolik işlev Protein metabolizması
c_00131	26S proteaz düzenleyici alt birim 4 protein	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Katabolik işlev Protein metabolizması
c_00149	Far1	Membran	Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Transkripsiyon/translasyon
c_00152	poliglutamin-bağlayıcı protein 1	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Sinyal iletimi	--	--
c_00156	gag-pol poliprotein	Çekirdek Sitoplazma	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00163	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon
c_00175	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00176	subtilisin proteaz	Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00180	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 40	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı
c_00181	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu
c_00184	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 40	Vakuol	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı
c_00203	poligalakturonaz	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00212	ras-ilişkili protein rabc1	--	Sinyal iletimi Taşıma	--
c_00215	transpozon en spm alt sınıf	Plastid	Nükleik asit bağlayıcı	--

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00218	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri Plastid	--	--
c_00230	poliglutamin-bağlayıcı protein 1	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Sinyal iletimi	--	--
c_00233	poliglutamin-bağlayıcı protein 1	Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Sinyal iletimi	--	--
c_00238	sodyuma bağımlı taşıyıcı yocs	Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Sinyal iletimi
c_00239	gag-pol poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00241	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00244	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran Mitokondri	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00245	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00246	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00247	3-ketoaçıl-sintaz 9	Membran	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi
c_00248	fosforibozilformilgl isinamidin	--	Biyosentez işlevi	--
c_00252	triptofan aminotransferaz 1	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00254	triptofan aminotransferaz 1	--	Biyosentez işlevi	--
c_00255	gag-pol poliprotein	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev
c_00258	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00268	Hastalık direnç proteini rpm1	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00269	tbc1 domain aile üyesi 15	Çekirdek Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/tr anslasyon
c_00270	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 37	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00273	reseptör kinaz içeren l-tipi lektin alanı	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Protein modifikasyonu	--
c_00301	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı	--	--
c_00319	Transpozon TNT 1-94 den retrovirüs ile ilgili pol poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00330	Transpozon TNT 1-94 den retrovirüs ile ilgili pol poliprotein	İyon bağlayıcı	--	--
c_00339	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması
c_00340	ters transkriptaz	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev
c_00341	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00342	gag-pol öncüsü	--	Metabolik işlev	--
c_00343	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev
c_00344	gag-pol öncüsü	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00349	protein fosfataz 2c 64	--	Protein modifikasyonu	--
c_00357	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00358	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00364	gag-pol öncüsü	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00365	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri	--	Metabolik işlev
c_00369	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00371	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri Plastid	Metabolik işlev	--
c_00405	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Mitokondri	--	--
c_00407	transpozon en spm alt sınıf	Mitokondri	Nükleik asit bağlayıcı	Protein metabolizması
c_00408	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00412	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00413	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00414	gag-pol poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00415	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Transkripsiyon/translasyon
c_00417	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi DNA metabolik işlev Katabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00418	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00420	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Metabolik işlev	--	--
c_00423	gag-pol poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00425	subtilisin proteaz	Peptidaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00426	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Metiltransferaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00429	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00434	transpozon en spm alt sınıf	Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Stres cevabı
c_00442	e3 ubikuitin-protein ligaz sina 10	Çekirdek	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00447	galaktinol - sakaroz galaktosiltransferaz 2	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00449	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00452	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00453	nükleaz harbi1	Membran	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00454	atp-bağlayıcı dna helikaz q5	Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon
c_00455	protein fosfataz 2c64	Peptidaz aktivitesi	Protein metabolizması Protein modifikasyonu	--
c_00457	poliglutamin-bağlayıcı protein 1	Hücre sel organizasyon Katabolik işlev Stres cevabı	--	--
c_00459	myb-ilişkili protein zm1	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00460	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00466	Hastalık direnç proteini rpm1	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00469	o-acyltransferaz wsd1	Kloroplast	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Taşıma
c_00470	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Plastid	--	Metabolik işlev
c_00471	copia-tip pol poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00472	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Sitoplazma	--	--
c_00473	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Mitokondri	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması
c_00478	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00481	retrotranspozon sınıflandırılmamış	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00485	WRKY transkripsiyon faktör 70	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Hücre sel organizasyon Protein modifikasyonu Transkripsiyon/translasyon	--

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00486	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00490	abc taşıyıcı c aile üyesi 10	Çekirdek Membran	Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Taşıma
c_00492	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Plastid	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev Metabolik işlev
c_00496	b3 domain-içeren protein	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	Stres cevabı Transkripsiyon/tr anslasyon
c_00499	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev	--
c_00501	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Plastid	Nükleik asit bağlayıcı	DNA metabolik işlev
c_00507	nitrat klorat taşıyıcı	Membran	Nükleik asit bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Taşıma
c_00510	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Protein modifikasyonu
c_00516	serrate rna efektör molekülü	İyon bağlayıcı	--	--
c_00522	Far1	--	--	Transkripsiyon/tr anslasyon
c_00525	çekirdek gözenek kompleks protein	Çekirdek Membran	Metiltransferaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Taşıma
c_00530	Hastalık direnç proteini rpm1	Çekirdek Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00532	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri Plastid	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev
c_00535	nac domain-içeren protein 21 22	Peptidaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00537	Ölü kutu atp bağımlı rna helikaz 37	Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00539	nudiks hidrolaz 9	Sitoplazma	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Hücre sel organizasyon Metabolik işlev
c_00542	mfs taşıyıcı	--	--	Transkripsiyon/tr anslasyon
c_00548	prolil endopeptidaz	Peptidaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00549	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Çekirdek Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Protein metabolizması

Çizelge 3.9 Yüksek sıcaklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00552	sistein bakımından zengin reseptör benzeri protein kinaz 7	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Metiltransferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00553	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Mitokondri Plastid	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	DNA metabolik işlev Metabolik işlev Protein modifikasyonu

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00002	ribozomal protein s11	Plastid Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Translasyon
c_00005	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00006	protein kinaz	Mitokondri	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00008	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	Taşıma
c_00011	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00013	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00014	sitokrom c oksidaz alt birimi	Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00017	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00023	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00026	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00027	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00034	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00035	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	--
c_00036	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücrel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücrel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00037	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00039	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	Taşıma
c_00042	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücrel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00043	fotosistem ii 32 kDa	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücrel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00045	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00047	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00048	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--	--
c_00049	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücrel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00053	retrotranspozon	İyon bağlayıcı	Hücrel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00055	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	-	--
c_00059	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00061	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00062	boi ilişkili e3 ubiquitin-protein ligaz 3	Çekirdek	İyon bağlayıcı	Hücrel organizasyon Stres cevabı
c_00063	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00066	fotosistem ii protein d1	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00068	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	Taşıma
c_00071	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00082	glukoz-6-fosfat izomeraz	Plastid Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00083	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00084	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00085	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00087	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00092	fotosistem i reaksiyon merkezi altbirim ix	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00099	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00101	nac domain-içeren protein 2	Mitokondri	--	--
c_00109	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	Taşıma
c_00111	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	--
c_00114	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00118	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00121	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00122	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00129	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Taşıma
c_00139	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00142	transkripsiyon uzatma faktör spt6	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00147	NADH dehidrogenaz altbirim 7	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00149	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00151	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00152	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00154	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00155	yüksek afiniteli potasyum taşıyıcı	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00156	potasyum taşıyıcı 7	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00172	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00174	endonükleaz 2	--	Nükleaz aktivitesi	--
c_00177	ribozomal protein mitokondrial	Mitokondri	---	--
c_00184	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00188	d1	Plastid rotein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00189	orf108a	Mitokondri Plastid	--	--
c_00190	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00191	glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00198	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00200	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00201	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00202	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	--	--
c_00203	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00213	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00222	protein tar1	Mitokondri	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00225	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00228	protein tar1	Mitokondri	--	--
c_00246	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00252	af378034_1 ters	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00256	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00261	apositokrome b	Membran Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00262	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00263	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00270	orf16-lacZ füzyon	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi	--
c_00274	2-oksoisovalerat dehidrojenaz	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00275	2-oksoisovalerat dehidrojenaz	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00280	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00286	fotosistem ii d1	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00305	orf16-lacZ füzyon	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması	--
c_00309	ubikuitin-bağlayıcı enzim E2D 4	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon	--
c_00316	orf16-lacZ füzyon	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi	--
c_00314	ribozomal protein mitokondrial	Mitokondri	--	--
c_00325	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00326	ribozomal protein l2	Mitokondri Plastid Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Translasyon
c_00327	rnaaz	Plastid	--	--
c_00328	pg1 homolog Homo sapiens	Kinaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması	--
c_00341	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00342	23s ribozomal rna	Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00354	urasil-dna glikozilaz hücre duvarı ilişkili hidrolaz	Vezikül	--	--
c_00356	ribuloz- -bifosfat karboksilaz oksijenaz	Plastid	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00360	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00363	ADP-faktör proteini agd14 GTPaz aktive edici	Çekirdek Vezikül	--	Stres cevabı
c_00370	plazma zarı ATPaz 1	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00371	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00373	fotosistem i P700 apoprotein a2	Mitokondri Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00375	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00377	ribozomal protein s3	Mitokondri Plastid Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Translasyon
c_00379	glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00380	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00385	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00387	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00388	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Plastid	İyon bağlayıcı	--
c_00389	Spastin	Plastid	İyon bağlayıcı	--
c_00390	NADPH-bağımlı kodeinon redüktaz 1-2	İyon bağlayıcı	--	--
c_00391	Spastin	--	İyon bağlayıcı	--
c_00396	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00400	scarecrow protein 21	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00401	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00407	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00408	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00410	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00414	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00413	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00418	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00419	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00423	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00428	fotosistem ii 32 kDa protein	Plastid	--	--
c_00429	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00430	sitokrom c oksidaz alt birimi 3	Mitokondri Protein kompleksi	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00431	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00433	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00434	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00441	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00444	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00445	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00447	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00458	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00459	atpaz altbirim 1	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00462	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00461	endoglukanaz 10	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev	--	--
c_00467	iyon kanal		Taşıma aktivitesi	--
c_00468	dmi1 protein	Çekirdek Plastid	Taşıma aktivitesi	--
c_00469	histon	Çekirdek Protein kompleksi	Nükleik asit bağlayıcı	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00471	sitokrom c oksidaz alt birimi	Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00472	sitokrom b6-f kompleks alt-birimi 4	Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00474	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00476	ORF58e	Plastid Ribozom	--	Translasyon
c_00478	sikline bağlı kinaz g-1	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon	--
c_00481	apositokrome b	Membran Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00488	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00489	atp sentaz f0 altbirim 6	Mitokondri Protein kompleksi	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00490	atp sentaz altbirim 6	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00492	cbl etkileşen protein kinaz 23	Çekirdek Plastid Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Sinyal iletimi Stres cevabı Taşıma
c_00494	yüksek amonyak taşıyıcısı	--	Taşıma	--
c_00496	sitokrom c oksidaz alt birimi	Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00499	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00500	poli polimeraz katalitik domaini	Transferaz aktivitesi	--	--
c_00501	inaktif poli	--	Transferaz aktivitesi	--
c_00502	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00506	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00509	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	--
c_00510	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	--
c_00513	lipoprotein	Plastid	--	--
c_00516	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	--
c_00517	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00518	apositokrome b	Membran Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00522	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00523	antosiyanınidin 3-o-glikoziltransferaz 2	Vezikül	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev
c_00525	fotosistem ii 32 kDa	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00530	oksin taşıma büyük protein	Sitoplazma Vezikül	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Sinyal iletimi Taşıma
c_00531	oksin taşıma büyük protein	Sitoplazma Vezikül	İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Sinyal iletimi Taşıma
c_00533	NADH dehidrogenaz altbirim 4	Mitokondri Protein kompleksi	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00537	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00539	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00540	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00541	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00544	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00545	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00546	NADH dehidrogenaz altbirim 9	Mitokondri Protein kompleksi	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00547	NADH dehidrogenaz altbirim 9	Mitokondri Protein kompleksi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00552	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00554	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00555	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00556	NADH dehidrogenaz altbirim 1	Vezikül	--	--
c_00565	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri Vezikül	Kinaz aktivitesi	--
c_00566	NADH dehidrogenaz altbirim 7	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00567	NADH dehidrogenaz altbirim 7	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00570	transmembran 9 süper aile üye 3	Vezikül	--	--
c_00573	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00577	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00580	protein yls7	Mitokondri	--	--
c_00582	histidin kinaz 3	Membran Mitokondri	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı Taşıma	--
c_00584	ankyrin protein	Plastid	--	--
c_00588	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00591	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00593	ısı şok protein 90	İyon bağlayıcı	Protein metabolizması Stres cevabı	--
c_00594	ısı şok protein 90	İyon bağlayıcı	Protein metabolizması Stres cevabı	--
c_00597	Hastalık direnç proteini rpp13	İyon bağlayıcı	--	--
c_00598	fotosistem ii d2 proteini	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00600	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00601	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00605	Klatrin interaktör epsin 1	Golgi cisimciği Protein kompleksi	Protein metabolizması Taşıma	--
c_00606	apoptokrome	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00607	apoptokrome	Vezikül	--	--
c_00611	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00613	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	--	--
c_00615	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00620	alfa-11 nikotinik asetilkolin reseptörü	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00623	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00625	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00626	rab gdp ayrışma	--	Taşıma	--
c_00627	rab gdp ayrışma	--	Taşıma	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00631	imp biyosentezis protein	Plastid	--	--
c_00632	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	--	Taşıma
c_00633	fotosistem ii protein d1	Mitokondri Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00635	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00639	ısı şok protein 70	İyon bağlayıcı	--	--
c_00640	uzama faktörü 2	İyon bağlayıcı	--	--
c_00641	Protein yırtılmış polen tane 1	Membran Vezikül	Taşıma aktivitesi	--
c_00642	übikitin	Çekirdek Vezikül	--	--
c_00643	dolisi pirofosfat glc1man9 C2 alfa - glukoziltransferaz	Plastid	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı
c_00644	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00653	pirofosfat enerjisiz vakuoler membran proton pompası	Golgi cisimciği Mitokondri Plastid Vakuol	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Stres cevabı
c_00655	NADH dehidrogenaz altbirim 9	Mitokondri Protein kompleksi	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00658	miyozin-j ağır zincir	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00659	miyozin-j ağır zincir	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00660	oligomerik golgi kompleksi altbirim 1	Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon
c_00661	oligomerik golgi kompleksi altbirim 1	Sitoplazma	--	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon
c_00667	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00669	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00672	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00675	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	--	Metabolik işlev	--
c_00682	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00683	pg1 homolog Homo sapiens	Plastid	--	--
c_00684	BnaUnng00860D	İyon bağlayıcı	--	--
c_00687	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00688	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00690	protein kılıcı isoform	Vezikül	--	--
c_00691	protein kılıcı isoform	Vezikül	--	--
c_00695	guanin protein alfa-2 alt biriminin nükleotid-bağlayıcı	İyon bağlayıcı	--	--
c_00696	glutasyon S-transferaz gstu6	Transferaz aktivitesi	--	--
c_00697	glutasyon S-transferaz gstu6	Transferaz aktivitesi	--	--
c_00701	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00705	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00707	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00724	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00728	nac domain-içeren protein 78	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00730	ribozomal protein 114	Plastid Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Translasyon
c_00731	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00732	fosfatidat cytidyliltransferaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00734	çekirdek gözenek kompleks protein	Çekirdek Plastid	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00735	çekirdek gözenek kompleks protein	Çekirdek Plastid	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00737	protein kloroplastik	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein metabolizması Taşıma

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00738	protein kloroplastik	Plastid Protein kompleksi	Protein metabolizması Taşıma	--
c_00739	miyozin-j ağır zincir	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	--
c_00742	sitokrom p450	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00745	sülfidril oksidaz 1-izofom x1	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00746	sülfidril oksidaz 1-izofom x1	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00750	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00751	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00754	apositokrome	Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00755	retrotranspozon ty1-copia alt sınıf	Membran	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00757	2-oksoglutarat dehidrojenaz kompleksi dihidrolipolilizin-tortu suksiniltransferaz bileşeni mitokondriyal benzeri	Mitokondri Protein kompleksi	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00758	aquaporin pip2-6	Membran Vakuol	Taşıma aktivitesi	
c_00761	gata transkripsiyon faktörü 26	Plastid	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması Stres cevabı Translasyon
c_00762	retrotranspozon sınıflandırılmış	Plastid	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00763	40s ribozomal protein s14	Ribozom	--	Translasyon
c_00767	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00770	tiamin pirofosfokinaz 1	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00771	Hastalık direnç proteini rpp13	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00779	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00780	pre-mRNA işleme-yapıştırma faktörü 8	Çekirdek Vezikül	Nükleik asit bağlayıcı	Stres cevabı
c_00782	sinyal peptidaz ailesi ifadesi	Plastid	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00788	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00790	selüloz sintaz katalitik alt birim 5	Membran	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması
c_00791	selüloz sintaz katalitik alt birim 5	Membran	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması
c_00795	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00801	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00802	myb DNA-bağlanma domaini süper ailesi proteini	Çekirdek Mitokondri	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00804	peroksidaz 2	Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Katabolik işlev Stres cevabı
c_00817	fosfoinositid fosfataz sac7	--	Hücresel organizasyon	--
c_00822	metalotionein protein 1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00824	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00831	70 kDa peptidil-prolil izomeraz	--	Hücresel organizasyon Protein metabolizması	--
c_00832	peptidil-prolil cis-trans izomeraz fkbp62	Protein metabolizması	--	--
c_00834	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00835	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00836	pdi protein	Vezikül	--	Protein metabolizması Stres cevabı

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00837	pdi protein	Vezikül	--	Protein metabolizması Stres cevabı
c_00838	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00839	aquaporin pip2-6	Membran Vakuol	Taşıma aktivitesi	--
c_00841	rna metiltransferaz at5g10620 izoform x1	Plastid	--	Metabolik işlev Stres cevabı
c_00844	plazma zarı ATPaz	Membran	İyon bağlayıcı Taşıma aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00846	sacsin	--	İyon bağlayıcı	--
c_00849	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Hücresel organizasyon
c_00852	fruktoz-bifosfat aldolaz kloroplastik	Mitokondri Plastid	Liyaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00853	fruktoz-bifosfat aldolaz kloroplastik	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı Liyaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı
c_00855	kraniofasyal gelişme protein 2	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma	--
c_00857	e3 ubikuitin-protein ligaz prt6	İyon bağlayıcı	Katabolik işlev Metabolik işlev	--
c_00859	sülfotransferaz 17	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	--	--
c_00861	NADH-sitokrom b5 redüktaz protein	Golgi cisimciği Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı Taşıma
c_00863	multiprotein-köprüleme faktör 1a	Nükleik asit bağlayıcı	--	--

Çizelge 3.10 Yüksek sıcaklık ve kuraklık kök örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00865	apostokrom b	--	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00867	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00869	Kanca motifi içeren		Hücresel organizasyon Metabolik işlev	--
c_00871	glutamil-tRNA sitoplazmik	Plastid	İyon bağlayıcı	Metabolik işlev Translasyon
c_00872	udp-glukuronat 4- epimeraz 6	İyon bağlayıcı	Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev	--
c_00876	apostokrom f	--	İyon bağlayıcı	--
c_00884	NADP-bağımlı malik enzim	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00885	NADP-bağımlı malik enzim	Sitoplazma	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00890	Hastalık direnç proteini rga4	Vezikül	İyon bağlayıcı	--
c_00891	ADP-faktör proteini agd14 GTPaz aktive edici	Çekirdek Vezikül	--	Stres cevabı
c_00893	f-box proteini at5g07610	Mitokondri	--	--
c_00895	seramid glikoziltransferaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00900	tetraspanin-18 izoform	Mitokondri	--	--
c_00901	tetraspanin-18 izoform	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00001	oligopeptid taşıyıcı	Membran Vezikül	Taşıma	Taşıma
c_00003	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00004	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00006	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00007	retrotranspozon protein	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00008	fotosistem ii cp47	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00009	Sitokrom b redüktaz	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00010	rna polimeraz ii transkripsiyon 37c	Çekirdek Kloroplast Membran Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı Transkripsiyon/ translasyon
c_00011	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00013	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00014	protoklorofil kloroplastik	Kloroplast	Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00015	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00016	sitokrom b6 f kompleks alt birim iv	Membran Membran integral bileşeni	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00018	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00020	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00021	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma
c_00022	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00025	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00026	omega-6 yağ asidi endoplazmik retikulum	Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Oksidasyon /redüksiyon
c_00028	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00029	sitokrom b redüktaz	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00030	sitokrom f	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Oksidasyon/redüksi yon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00032	NADH dehidrogenaz altbirim	Kloroplast Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00033	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00035	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00037	fotosistem ii d1	Kloroplast	Taşıma	Taşıma
c_00038	retrotranspozon protein	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00041	ribuloz -bisfosfat karboksilaz oksijenaz	Kloroplast	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Oksidasyon/redüksi yon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00042	protein tar1	Membran integral bileşeni	--	--
c_00043	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00044	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00045	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Mitokondri	--	--
c_00046	atp sentezi alfa	Mitokondri Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00047	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00048	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00049	fotosistem ii protein d1	Kloroplast Membran Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksi yon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00050	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00051	fotosistem ii d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00052	cox viia protein	Membran	Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00054	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00056	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00058	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	--
c_00059	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00061	fotosistem II 47 kDa proteinini	Membran Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00062	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma
c_00064	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	--	Oksidasyon/redüksiyon
c_00066	d1	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Taşıma
c_00067	şaperon protein kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00069	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00072	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00073	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00074	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00076	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00078	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00079	stromal 70 kDa ısı şoku ilgili kloroplastik	Plastid	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00080	70 kDa ısı şok protein	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi	Protein modifikasyonu

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00081	ribuloz -bisfosfat karboksilaz oksijenaz	Kloroplast	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Oksidasyon redüksiyon
c_00083	BnaUnng00860D	Kloroplast	Katalitik aktivite Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00084	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00085	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00086	23s ribosomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00088	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00089	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00090	fotosistem ii d1	Kloroplast	Taşıma	Taşıma
c_00093	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00094	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00095	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00096	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00098	fotosistem II 47 kDa proteini	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00101	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00104	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00108	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00110	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00111	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00115	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00116	fotosistem ii protein	Kloroplast	Taşıma	Taşıma

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00120	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Kloroplast Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00121	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00126	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Metabolik işlev Taşıma
c_00128	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00130	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Taşıma
c_00131	serin asetiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00136	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00137	Squamosa-promotör bağlayıcı proteini 3	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00138	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00139	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00141	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00142	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00146	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00147	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00148	fotosistem ii protein d2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00152	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00153	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00161	fotosistem ii protein d1	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00162	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00166	NADH dehidrogenaz altbirim 7	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon /redüksiyon

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00167	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00168	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00169	protein tar1	Membran integral bileşeni	--	--
c_00171	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00172	glisin - tRNA ligaz mitokondrial	Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi	--
c_00173	glisin - tRNA ligaz mitokondrial	Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi	--
c_00174	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00175	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	--	--
c_00176	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Metabolik işlev Taşıma
c_00180	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00181	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00182	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00184	fotosistem ii protein d2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00195	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00200	tioredoksin m kloroplastik	Kloroplast	Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon
c_00201	tioredoksin m kloroplastik	Kloroplast	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Taşıma
c_00202	gliseraldehid-3-fosfat dehidrojenaz	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Oksidasyon /redüksiyon
c_00203	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00206	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00208	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00210	rnaaz	Kloroplast	--	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00211	fotosistem ii cp43 klorofil apoprotein	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00212	fotosistem i P700 apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00214	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00216	glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00217	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00219	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00224	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00225	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00226	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00228	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00229	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00230	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00231	2-oksoisovalerat dehidrojenaz	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00232	2-oksoisovalerat dehidrojenaz	Mitokondri	Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00234	fotosistem II proteini i	Kloroplast Tilakoid	--	--
c_00237	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00238	sitokrom oksidaz alt-birimi	Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00239	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00240	fotosistem i P700 apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00245	fotosistem ii d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00246	kloroplastik protein şaperon protein	Membran Plastid	Metabolik işlev	--
c_00247	fotosistem II 47 kDa proteini	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00248	fotosistem ii protein t	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00251	lipoyl mitokondrial	Metal iyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi	--
c_00253	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00255	Klorofil ab bağlayıcı protein kloroplast	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00259	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00260	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00266	anlamsız transkript 1 düzenleyici	Membran Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Stres cevabı Transkripsiyon/traslasyon
c_00267	anlamsız transkript regülatör 1 protein	Membran Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev Stres cevabı Transkripsiyon/traslasyon
c_00269	atp sentezi beta	Membran Protein kompleksi	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00273	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00276	BnaCnng12640D	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00278	glukoz-6-fosfat izomeras	Kloroplast Sitoplazma	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması	--
c_00280	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00281	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00282	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00283	protein tar1	Membran integral bileşeni	--	--
c_00284	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00285	İntegrin-bağlı protein kinaz ailesi proteini	Membran integral bileşeni Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00287	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00288	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00289	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00291	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00292	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00295	kuraklık indüklenabilir askorbat peroksidaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Oksidasyon /redüksiyon
c_00296	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00297	ADP-faktör proteini agd6 GTPaz aktive edici	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00298	aspartik proteinaz	Vakuol Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi	Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00299	fotosistem ii d1	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Taşıma
c_00300	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00301	ribozomal protein s1	Mitokondri Ribozom Vezikül	--	--
c_00304	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00302	ribozomal protein s2	Mitokondri Ribozom	--	--
c_00303	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00306	fotosistem ii protein d2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00308	düşük molekül ağırlıklı glutenin alt birimi	Vezikül	--	--
c_00310	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00311	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00313	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00314	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00315	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00316	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00317	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00318	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00320	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00321	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00323	potasyum taşıyıcı 15 izoform x1	Membran Membran integral bileşeni Vakuol	Taşıma	Taşıma
c_00324	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00325	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00326	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00330	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00331	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00332	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00336	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00337	fotosistem ii 32 kDa	Kloroplast	Taşıma	Taşıma
c_00338	eşleştirilmiş amfipatik sarmal protein sin3	Protein modifikasyonu Transkripsiyon/translasyon	--	--

Cizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00339	eşleştirilmiş amfipatik sarmal protein sin3	Protein modifikasyonu Transkripsiyon/translasyon	--	--
c_00340	düşük kaliteli protein: taşıyıcı mch1	Çekirdek Membran integral bileşeni Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev Taşıma
c_00341	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00342	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00343	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00345	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00346	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00350	protein tar1	Membran integral bileşeni	--	--
c_00351	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00356	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00357	kalmodülin	--	Bağlayıcı aktivitesi	--
c_00359	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00363	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00364	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00365	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00369	fotosistem ii d2	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Taşıma
c_00370	sitokrom c oksidaz alt birimi 1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00371	fotosistem ii d1	Kloroplast	Taşıma	Taşıma
c_00374	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00376	orf108a	Mitokondri		
c_00378	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00382	CBS etki alanı içeren protein kloroplastik	Kloroplast	--	Hücresel organizasyon
c_00384	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00385	fotosistem ii protein d2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00390	fotosistem i apoprotein a1 klorofil P700	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00391	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00393	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00396	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00398	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00399	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00400	prolil-tRNA sentetaz	Kloroplast Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Transkripsiyon/traslasyon
c_00401	prolil-tRNA sentetaz	Kloroplast Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi	Hücresel organizasyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Transkripsiyon/traslasyon
c_00407	katalaz	--	Bağlayıcı aktivitesi Katalitik aktivite Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Stres cevabı
c_00408	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00410	sitokrom f	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00411	ısı şok aynı kökenli 70 kDa protein 2	Bağlayıcı aktivitesi	--	--
c_00416	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00417	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00418	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00419	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00420	protein tar1	Membran integral bileşeni	--	--
c_00421	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00422	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00423	aaa-tipi ATPaz ailesi ifade	Plastid	Bağlayıcı aktivitesi	--
c_00424	aaa-tipi ATPaz ailesi ifade	Plastid	Bağlayıcı aktivitesi	--
c_00425	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00426	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00427	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00428	sitokrom b6	Membran Membran integral bileşeni Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma
c_00429	fotosistem II 47 kDa proteinini	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00430	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00431	sitokrom b6 f kompleks alt birim iv	Membran Membran integral bileşeni	Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00434	DNA giraz alt birimi	Çekirdek Kloroplast Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00435	DNA giraz alt birimi kloroplastik mitokondriyal	Çekirdek Kloroplast Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00436	DNA giraz alt birimi	Çekirdek Kloroplast Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon
c_00440	fotosistem ii cp43 proteini	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00441	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00442	orf16-lacZ füzyon proteini	Mitokondri	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi
c_00443	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00444	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00447	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00448	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00455	fotosistem i P700 apoprotein a1	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00457	fotosistem ii protein d1	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma	--
c_00458	fotosistem ii d2 proteini	Taşıma	Taşıma	--
c_00449	Sitokrom c biyogenesis fc	Mitokondri	--	--
c_00450	Sitokrom c biyogenesis fc	Membran	--	--
c_00450	Sitokrom c biyogenesis fc	Mitokondri	--	--
c_00450	Sitokrom c biyogenesis fc	Vezikül	--	--
c_00455	fotosistem i P700 apoprotein a1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	--	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00457	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	--	--
c_00458	fotosistem ii d2 proteini	Kloroplast	--	--
c_00460	atp sentez cf0 b alt birimi	Membran Membran integral bileşeni Protein kompleksi Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Taşıma	Taşıma
c_00461	fotosistem i apoprotein klorofil P700	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00464	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00465	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00477	Protein far1 ilgili sekans 5	Metal iyon bağlayıcı	Transkripsiyon/translasyon	--
c_00478	Protein far1 ilgili sekans 5	Bağlayıcı aktivitesi	--	--
c_00479	duf309 domain protein	Mitokondri Plastid	--	--
c_00481	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00482	fenilalanin - tRNA ligaz beta alt birimi	Plastid	--	--
c_00486	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00487	fotosistem ii protein d2	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Taşıma
c_00488	Genel transkripsiyon faktörü polipeptidi	Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00489	abc taşıyıcı d aile üyesi 1	Membran integral bileşeni Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev Taşıma
c_00490	dehidroaskorbat redüktaz	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Oksidasyon/reduksi yon Transkripsiyon/translasyon
c_00491	dehidroaskorbat redüktaz	Çekirdek Plastid	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Oksidasyon/reduksi yon Transkripsiyon/translasyon

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00493	ksantin dehidrogenaz	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon	--
c_00497	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00498	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00499	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00501	retrotranspozon protein	Mitokondri	--	--
c_00502	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00504	glutamil tRNA-amidotransferaz	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00505	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00507	protein	--	Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon
c_00508	çinko peroksizomal	Plastid	Katalitik aktivite Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00509	mitokondrial alma, iç zarı translokaz altbirim tim17 tim22 tim23 aile proteini	Membran integral bileşeni Mitokondri	--	--
c_00510	sam domain aile protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00511	sam domain aile protein	Membran integral bileşeni Mitokondri	--	--
c_00515	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00520	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00523	yaşlılık ilişkili protein	Mitokondri	--	--
c_00525	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00529	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00531	allen oksit sintaz	Kloroplast Membran Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Protein metabolizması Stres cevabı

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00532	allen oksit sentaz kloroplastik	Kloroplast Membran Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Oksidasyon/redüksiyon Protein metabolizması Stres cevabı
c_00533	serin-treonin kinaz reseptör ile bağlantılı	Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00534	serin-treonin kinaz reseptör ile bağlantılı protein	Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00535	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00538	serin karboksipeptidaz 18	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00539	serin karboksipeptidaz 18	Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması	--
c_00540	şaperon protein kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması Stres cevabı
c_00541	şaperon protein kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması Stres cevabı
c_00542	şaperon protein kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi	Protein metabolizması Stres cevabı
c_00543	lipoprotein	Kloroplast	--	Oksidasyon/redüksiyon
c_00545	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00549	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00550	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00553	antranilat sentaz alfa 1	Kloroplast Mitokondri	Nükleik asit bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00554	nac domain transkripsiyon faktör süper ailesi proteini	Vezikül	--	--
c_00558	tiyosülfat 3-merkaptopiruvat mitokondriyal benzeri sulfurtransferase	Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00559	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00561	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast	--	--
c_00562	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00563	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00564	triptofanil-tRNA sitoplazmik	Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi	Biyosentez işlevi Transkripsiyon/translation
c_00567	gag-pol poliprotein	Mitokondri Plastid	Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00568	gag-pol poliprotein	Plastid	Metal iyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00570	fotosistem II, 10 kDa polipeptidi	Kloroplast Tilakoid	Biyosentez işlevi Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı Taşıma	--
c_00571	akonitat sitoplazmik	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00572	akonitat sitoplazmik	Mitokondri Plastid	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00576	klorür kanal proteini clc-f	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00578	Graves hastalığı taşıyıcı protein	Membran Membran integral bileşeni	Taşıma	Taşıma
c_00579	Graves hastalığı taşıyıcı protein	Membran Membran integral bileşeni	Taşıma	Taşıma
c_00580	mitokondriyal alt tabaka taşıyıcı ailesi proteini p	Membran Membran integral bileşeni	Taşıma	Taşıma
c_00583	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00586	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00587	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00589	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00592	kaseinolitik peptidaz B proteini homolog	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00597	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00598	peroksidaz p7-like	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Oksidasyon/ redüksiyon Stres cevabı
c_00599	hidroksimetilbütencil 4-difosfat sintaz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Oksidasyon /redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein metabolizması Stres cevabı Taşıma Transkripsiyon/ translasyon
c_00601	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00603	glutamin sentetaz	Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi	Biyosentez işlevi
c_00604	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00608	imp biyosentezis protein	Kloroplast	----	--
c_00610	lipoprotein	Kloroplast		--
c_00611	kuraklık indüklenbilir askorbat peroksidaz	Kloroplast	Oksidasyon/redüksiyon	--
c_00613	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00615	metal taşıyıcı nramp5	Membran	Taşıma	Taşıma
c_00616	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00618	kathepsin b	--	--	Protein metabolizması
c_00620	TPA: ARGONAUTE ailesi proteini	Nükleik asit bağlayıcı	--	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00622	su kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu
c_00623	su kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu
c_00625	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00629	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00630	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00637	fotosistem ii protein	Taşıma	Taşıma	--
c_00639	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00640	dna onarıcı protein rad23	Çekirdek	Bağlayıcı aktivitesi	--
c_00644	transmembran protein 18	Membran integral bileşeni	--	--
c_00645	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00647	aminotransferaz y4ub	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00648	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00651	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00652	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00653	glukoz-1-fosfat, küçük kloroplastik adeniltransferaz	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi Stres cevabı Taşıma
c_00654	adp-glikoz pirofosforilaz küçük yaprakları	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00656	tiazol biyosentetik enzimi thi4 aile	Kloroplast Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00657	tiamin tiazol sentaz kloroplastik	Kloroplast Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00663	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00665	tiorredoksin protein 4a	Sitoplazma	--	Hücresel organizasyon Protein metabolizması Taşıma
c_00668	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00669	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00671	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00672	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma
c_00682	abc taşıyıcı g aile üyesi 11	Membran	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Taşıma	Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma
c_00683	abc taşıyıcı g aile üyesi 11	Membran	Bağlayıcı aktivitesi Hidrolaz aktivitesi Taşıma	Metabolik işlev Stres cevabı Taşıma
c_00684	gliseraldehid-3-fosfat dehidrojenaz	Kloroplast Membran Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi Oksidoredüktaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma Transkripsiyon/translasyon
c_00685	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00686	sistein proteinaz 1	Vezikül	--	Protein metabolizması
c_00687	beta çözünmez izoenzimi 7	Karbonhidrat metabolizması	--	--
c_00688	fruktan 6-ekzohidrolaz	Karbonhidrat metabolizması	--	--
c_00689	dj-1 aile protein	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Protein metabolizması
c_00691	sitokrom p450 94c1	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Oksidasyon/redüksiyon	--
c_00693	mRNA ciro proteini homolog	Sitoplazma	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Transkripsiyon/translasyon
c_00694	protein tic kloroplastik	Kloroplast Membran	Transferaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Transkripsiyon/translasyon
c_00695	protein tic kloroplastik	Kloroplast	--	Metabolik işlev
c_00699	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Taşıma	Taşıma
c_00702	BnaUnng00860D	Kloroplast	--	--
c_00703	metal taşıyıcı nramp5	Membran Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Metabolik işlev Protein modifikasyonu Taşıma
c_00705	histon h1	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00707	magnezyum celataz alt birim kloroplastik	Kloroplast	Bağlayıcı aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00714	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00719	sitokrom b6	Membran Membran integral bileşeni	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00724	yaşlılık ilişkili protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00728	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00729	diacilglicerol kinaz 1 izoform x1	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein metabolizması	--
c_00732	yaşlılık ilişkili protein	Membran integral bileşeni	--	--
c_00737	en inaktif lösin-zengini tekrar alıcı benzeri protein kinaz at5g48380	Membran Membran integral bileşeni Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein metabolizması Protein modifikasyonu
c_00738	fotosistem i P700 apoprotein a2	Membran Membran integral bileşeni Ribozom Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Oksidasyon /redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Transkripsiyon /translasyon
c_00739	fotosistem i apoprotein klorofil P700	Kloroplast Membran integral bileşeni Tilakoid	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00740	sitokrom f	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00741	sitokrom f	Membran Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Taşıma	Oksidasyon /redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00744	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00745	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00746	cipk protein ifade	Mitokondri	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00747	katalitik hidrolaz	Hidrolaz aktivitesi	Metabolik işlev	--
c_00748	mavi bakır proteini	Vezikül	Taşıma	--
c_00749	ribuloz -bisfosfat karboksilaz oksijenaz	Kloroplast	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması Oksidasyon/redüksiyon Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00750	yaşlılık ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00752	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00753	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Mitokondri	--	--
c_00758	glukuronosiltransferaz pgsip8	Membran	Transferaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00759	glukuronosiltransferaz pgsip8	Membran Vezikül	Transferaz aktivitesi	Protein metabolizması
c_00761	fotosistem ii protein d1	Membran Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Bağlayıcı aktivitesi Metal iyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma	Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00762	nükleaz s1	--	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00763	, siklik nükleotid-kapılı iyon kanalı 5	Membran integral bileşeni	Taşıma	--
c_00764	, siklik nükleotid-kapılı iyon kanalı 5	Membran integral bileşeni	Taşıma	--
c_00766	metal taşıyıcı nramp5	Kloroplast Membran	Taşıma	Taşıma
c_00768	23s ribozomal rna	Kloroplast Ribozom	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00770	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	Liyaz aktivitesi Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00774	pg1	Mitokondri	--	--
c_00780	heparan-alfa-n-asetiltransferaz glukozaminid	Membran	Transferaz aktivitesi	Transkripsiyon /translasyon
c_00782	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	Metal iyon bağlayıcı	--
c_00784	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Kloroplast Mitokondri	--	--
c_00787	fotosistem i apoprotein P700	Kloroplast Membran integral bileşeni Mitokondri Tilakoid	Metal iyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00789	miyozin-2 ağır zincir	Sitoplazma	Bağlayıcı aktivitesi Kinaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı

Çizelge 3.11 Yüksek sıcaklık ve kuraklık yaprak örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00792	kondensin kompleks alt birim 2	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--	--
c_00793	kondensin kompleks alt birim 2	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--	--
c_00795	karbonik anhidraz	Kloroplast	Metal iyon bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00796	Nifu n-terminal alanı içeren protein	Metal iyon bağlayıcı	--	--
c_00798	v tipi proton ATPaz altbirim a1	Membran Protein kompleksi Vakuol	Hücresel organizasyon Taşıma	--
c_00799	vakuolar ATPaz proton a3 protein	Membran Membran integral bileşeni Vakuol	Taşıma	Taşıma
c_00800	v tipi proton ATPaz altbirim a1	Membran Membran integral bileşeni Vakuol	Taşıma	Taşıma
c_00801	ürat oksidaz	Mitokondri	--	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Oksidasyon /redüksiyon
c_00803	kalretikulin-3 öncüsü	Membran Vezikül	Bağlayıcı aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00805	alternatif ekleme ürünleri olan	Protein metabolizması	--	--
c_00806	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıf	Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00002	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri	--	--
c_00003	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00005	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00007	retrotranspozon	Mitokondri	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00008	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00009	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00013	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00015	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00017	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00018	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00019	NADH dehidrogenaz altbirim 2	Membran Mitokondri Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi Taşıma
c_00020	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00021	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri	--	--
c_00025	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Mitokondri Plastid	İyon bağlayıcı	--
c_00028	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00029	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	Taşıma	--
c_00030	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00031	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00032	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00033	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	Taşıma	--
c_00034	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00036	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri		--
c_00037	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00038	fotosistem ii protein d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu Stres cevabı

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00044	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00047	mitokondriyal protein	Mitokondri	--	--
c_00048	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00049	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00050	hücre bölünmesi döngüsü proteini 48	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Hücresel organizasyon	--
c_00051	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00054	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	Stres cevabı
c_00057	tip 1 spesifik olmayan lipid transfer protein habercisi	Vezikül	--	Taşıma
c_00060	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri Plastid	--	--
c_00063	Transpozon TNT 1-94 den retrovirüs ile ilgili pol poliprotein	Çekirdek Membran	Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00064	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00066	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00067	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00068	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00069	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül	--	--
c_00085	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	İyon bağlayıcı	--	--
c_00088	ribozomal protein s12	Ribozom	--	--
c_00097	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00100	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00101	yaşlılık ilişkili	Çekirdek	--	--
c_00105	fotosistem ii d1	Plastid	--	Protein metabolizması
c_00107	fitosulfokin reseptörü 1 gibi	Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00108	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00109	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00111	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00115	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00116	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00119	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00120	a44803pg1 protein - insan	Mitokondri	--	--
c_00121	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00126	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00129	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00132	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00139	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00142	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00144	t02955 sitokrom P450 monooksijenazı	Vezikül Mitokondri	--	--
c_00143	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00145	metal taşıyıcı nramp5	Taşıma	--	--
c_00146	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00148	e3 ubikuitin-protein ligaz rglg2 benzeri	İyon bağlayıcı	--	--
c_00152	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00157	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00162	rRNA promotörü bağlayıcı protein	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00164	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00174	alfa-l1 nikotinik asetilkolin reseptörü	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00178	alfa-l1 nikotinik asetilkolin reseptörü	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00181	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00184	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00187	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00188	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıfı	Plastid	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00189	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00193	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00194	fotosistem ii protein d2	Plastid Protein kompleksi Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00197	sitokrom b redüktaz 1	Mitokondri	--	--
c_00202	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00203	Protein far1 ilişkili sekansı 5-benzeri	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00209	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıfı	Çekirdek Mitokondri	İyon bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00212	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00219	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00224	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00234	glikozil transferaz	Mitokondri	--	--
c_00242	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00243	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00245	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00248	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Mitokondri	--	--
c_00249	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00250	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00251	protein	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00254	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00255	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00257	serpin 1	Vezikül	--	--
c_00259	e3 ubiquitin-protein ligaz hip1 izoform x1	İyon bağlayıcı	--	--
c_00261	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00262	retrotranspozon ty1-copia alt sınıfı	Membran Mitokondri	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00263	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00265	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00269	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00271	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00273	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00274	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00276	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00277	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00278	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00281	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00283	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00284	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00285	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00290	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00291	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00296	fotosistem ii 32 kDa	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00298	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00299	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00305	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00308	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00311	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00316	kuraklık indüklenebilir askorbat peroksidaz	Plastid	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00321	nac domain-içeren protein 2	Mitokondri	--	--
c_00322	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00323	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00328	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00329	Nükleolar GTP bağlayıcı protein 1	Çekirdek	İyon bağlayıcı	Hücre sel organizasyon
c_00330	format - tetrahidrofolat ligaz	Membran Plastid Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00333	Kasyon taşıma ATPaz	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Stres cevabı Taşıma
c_00334	manganez taşınması ATPaz pdr2	Membran	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Stres cevabı Taşıma
c_00336	betain aldehid	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00337	betain aldehid	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00338	Glutamat-1-semialdehit - kloroplastik	Plastid	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00341	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00345	Protein üstsüz gibi izoform x1	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--	--
c_00346	Protein üstsüz gibi izoform x1	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--	--
c_00348	vakuoler protein ayırma ilişkili protein 11	Protein kompleksi Vakuol	İyon bağlayıcı	Stres cevabı Taşıma
c_00349	vakuoler protein ayırma ilişkili protein 11	Vakuol	İyon bağlayıcı	Stres cevabı Taşıma
c_00352	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00356	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00359	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00364	serin, treonin-kinaz eksprese protein	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00366	guanin nükleotid-bağlayıcı kısmı	Çekirdek	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev
c_00367	guanin nükleotid-bağlayıcı nsn1	Çekirdek	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00368	kalsiyum bağımlı protein kinaz 3	Membran Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Sinyal iletimi
c_00369	kalsiyum bağımlı protein kinaz 3	Membran Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Sinyal iletimi
c_00370	kalsiyum bağımlı protein kinaz 3	Membran Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Sinyal iletimi
c_00371	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00378	fumarilasetoasetat hidrolaz protein 1	Vezikül	--	--
c_00379	fumarilasetoasetat hidrolaz protein 1	Mitokondri Vezikül	--	--
c_00384	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00387	yaşlılık ilişkili	Vezikül	--	--
c_00388	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00381	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00385	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00389	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00391	fotosistem II 47 kDa proteini	Plastid Protein kompleksi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00392	fotosistem ii cp47 klorofil apoprotein	Plastid Protein kompleksi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00393	apositokrom b	Membran Mitokondri	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Taşıma aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00394	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri	--	--
c_00396	fotosistem ii cp47 klorofil apoprotein	Plastid Protein kompleksi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu	--
c_00397	çinko parmak protein CCCH 13 domain içeren	Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon
c_00398	pg1 homolog Homo sapiens	Mitokondri Vezikül	--	--
c_00400	serin kurucu	Plastid	--	Protein metabolizması Taşıma

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00401	serin kurucu	Plastid	--	Protein metabolizması Taşıma
c_00407	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00408	metal taşıyıcı nramp5		Taşıma	
c_00409	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00410	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00411	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00412	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	İyon bağlayıcı	--
c_00413	d1 32 kd fotosistem ii proteini	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00418	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00419	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	--
c_00423	sinaptik vezikül 2-iliskili protein	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00431	serin asetiltransferaz	Mitokondri	--	--
c_00435	Bitki mud21-2 proteini	Mitokondri Plastid	--	--
c_00437	Protein disülfid izomeraz	Vezikül	--	Protein modifikasyonu
c_00438	Protein disülfid izomeraz	Vezikül	--	Protein modifikasyonu
c_00439	mor asit fosfataz 3	Vezikül	Peptidaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00440	mor asit fosfataz 3	Vezikül	Peptidaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00441	mor asit fosfataz 3	Vezikül	Peptidaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00444	ankirin tekrar aile protein izoformu 1	Sitoplazma	--	--
c_00445	brca1 ilişkili halka domain protein 1	Sitoplazma	--	--
c_00448	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00452	ribuloz bisfosfat karboksilaz büyük zincir	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00456	scarecrow protein 9	--	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00457	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00458	retrovirus-ilişkili pol poliprotein hat-1	Çekirdek Membran Protein kompleksi Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı Taşıma
c_00459	orf16-lacz füzyon protein	Mitokondri	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi
c_00460	ras-ilişkili protein rab11d	Vezikül	İyon bağlayıcı	Sinyal iletimi Taşıma
c_00461	transpozon sınıflandırılmamış	Plastid	Nükleaz aktivitesi	Metabolik işlev
c_00476	subtilisin proteaz	Çekirdek	Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00478	transmembran 9 super aile üyesi 4	Vezikül	--	--
c_00479	fotosistem ii protein d2	Plastid Protein kompleksi Vezikül	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00480	uzama faktörü 1-alfa	Sitoplazma	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00481	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00482	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00483	amelogenin öncüsü gibi protein	Çekirdek	--	--
c_00492	ribuloz- -bifosfat karboksilaz büyük oksijenaz	Plastid	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00493	ribuloz- -bifosfat karboksilaz büyük oksijenaz	Plastid	İyon bağlayıcı	--
c_00496	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00500	yaşlılıkla ilişkili protein	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00503	yaşlılık ilişkili	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00504	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00512	sitokrom p450	Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00516	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi		--
c_00521	retrotranspozon ty1-copia alt sınıfı	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Katabolik işlev Protein modifikasyonu Sinyal iletimi Stres cevabı Taşıma	--
c_00523	Protein fosfataz 2c 57	Çekirdek Plastid Sitoplazma	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi	Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00527	fotosistem ii d1	Plastid	--	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00529	23s ribozomal rna	Mitokondri Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00533	bölünme stimülasyon faktörü alt birimi 1	Taşıma	--	--
c_00537	11-beta-hidroksi steroid dehidrojenaz 1b	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Taşıma
c_00538	monomerik alfa-amilaz inhibitörü	Stres cevabı	--	--
c_00541	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Peptidaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	--	--
c_00546	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00547	Protein fosfataz 2c 64	Peptidaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00549	ADP-faktörü GTPaz aktive edici protein agd12	İyon bağlayıcı	--	--

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00550	proteaz yapıcı 7	Plastid Sitoplazma	Peptidaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00551	proteaz yapıcı 7	Plastid Sitoplazma	Peptidaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Öncül metabolit ve enerji üretimi Protein modifikasyonu
c_00553	beta-d-ksilosidaz 7	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Karbonhidrat metabolizması
c_00560	selenoprotein o	Plastid	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00566	14-3-3 protein	Çekirdek Protein kompleksi Sitoplazma	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Katabolik işlev Metabolik işlev Protein metabolizması Protein modifikasyonu Sinyal iletimi
c_00574	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00575	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00586	çinko parmak a20 ve an1 domainleri içeren protein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Hücreyel organizasyon	--
c_00603	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Plastid	--	--
c_00604	imp biyosentezis protein	Plastid	--	--
c_00605	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00614	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00618	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00621	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00633	çinko parmak protein sabitleri gibi 9	İyon bağlayıcı	--	--
c_00640	ribonükleaz e g kloroplastik	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00641	ribonükleaz e g kloroplastik	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı	--	--
c_00644	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00645	40s ribozomal protein s3-3	Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00646	40s ribozomal protein s3	Ribozom	Nükleik asit bağlayıcı	--
c_00651	çift işlevli riboflavin biyosentez proteini riba kloroplastik	Plastid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00652	lisin özgü demetilaz 5b	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00653	lisin özgü demetilaz 5b	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu
c_00654	lisin özgü demetilaz 5b	Çekirdek	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00655	kallos sintaz 3	Membran Protein kompleksi	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması
c_00656	kallos sentaz 3	Membran Protein kompleksi	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması
c_00657	hücre duvarı ile ilişkili hidrolaz	Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00658	Sınıf ii kitinaz	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Hücre sel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Stres cevabı
c_00659	Sınıf ii kitinaz	Vezikül	Hidrolaz aktivitesi	Hücre sel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Katabolik işlev Stres cevabı
c_00667	pr17c öncüsü	Plastid	--	--
c_00668	mannozil-oligosakkarit - alfa-manosidaz mns3	Hidrolaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00669	mannozil-oligosakkarit - alfa-manosidaz mns3	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00674	globulin 1	Vezikül	--	--
c_00679	phd parmak protein Rhinoceros	İyon bağlayıcı	--	--
c_00680	phd parmak protein Rhinoceros	İyon bağlayıcı	--	--
c_00681	origin recognition complex subunit 1-like	İyon bağlayıcı	--	--
c_00682	23s ribozomal rna	Plastid Ribozom	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00683	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri Plastid	Taşıma	--
c_00689	erad ilişkili e3 ubiquitin-protein ligaz hrd1	İyon bağlayıcı	--	--

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00690	erad ilişkili e3 ubiquitin-protein ligaz hrd1	Vezikül	İyon bağlayıcı	Protein modifikasyonu
c_00695	oksijen-çıkarıcı güçlendirici proteini	Plastid Protein kompleksi Vezikül	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00698	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıfı	Plastid	Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00701	metal taşıyıcı nramp5	Plastid	--	Taşıma
c_00702	Mitotik denetleme noktası serin, treonin-kinaz bub1 protein	Çekirdek Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Protein modifikasyon
c_00703	Mitotik denetleme noktası serin, treonin-kinaz bub1 protein	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00704	Mitotik denetleme noktası serin, treonin-kinaz bub1 protein	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00705	Mitotik denetleme noktası serin, treonin-kinaz bub1 protein	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Katabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00708	retrotranspozon	İyon bağlayıcı	--	--
c_00713	Protein fosfataz 2c 64	Peptidaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00714	homosistein s-metiltransferaz 3	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00715	homosistein s-metiltransferaz 3	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00716	homosistein s-metiltransferaz 3	İyon bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00719	Protein oksin cevabı 4	Mitokondri Vakuol	Taşıma	--
c_00720	retrotranspozon ty1-copia alt sınıfı	Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev

Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücrel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücrel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00721	retrotranspozon ty1-copia alt sınıfı	Vezikül	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev
c_00723	nbs-lrr tip protein	İyon bağlayıcı	--	--
c_00727	af378034_1 ters	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00732	inhibitör olmayan serpin-10	Plastid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Hücrel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu
c_00733	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi	--	--
c_00739	gag-pol	Mitokondri Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev
c_00749	sitokrom p450	Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	--
c_00770	monodehidroaskorbat redüktaz	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00772	pentatricopeptide tekrar- içeren protein	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı	--	--
c_00773	mitojen-aktif protein kinaz 1	Kinaz aktivitesi	--	--
c_00777	fumarat hidrataz mitokondrial	Mitokondri Protein kompleksi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00778	fumarat hidrataz mitokondrial	Mitokondri Protein kompleksi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00779	fumarat hidrataz mitokondrial	Mitokondri Protein kompleksi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi	--
c_00784	Protein disülfid izomeraz	Vezikül	--	Protein modifikasyonu
c_00785	Protein disülfid izomeraz	Vezikül	--	Protein modifikasyonu
c_00788	fotosistem ii d1	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00792	rRNA intron kodlu	Nükleaz aktivitesi Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--

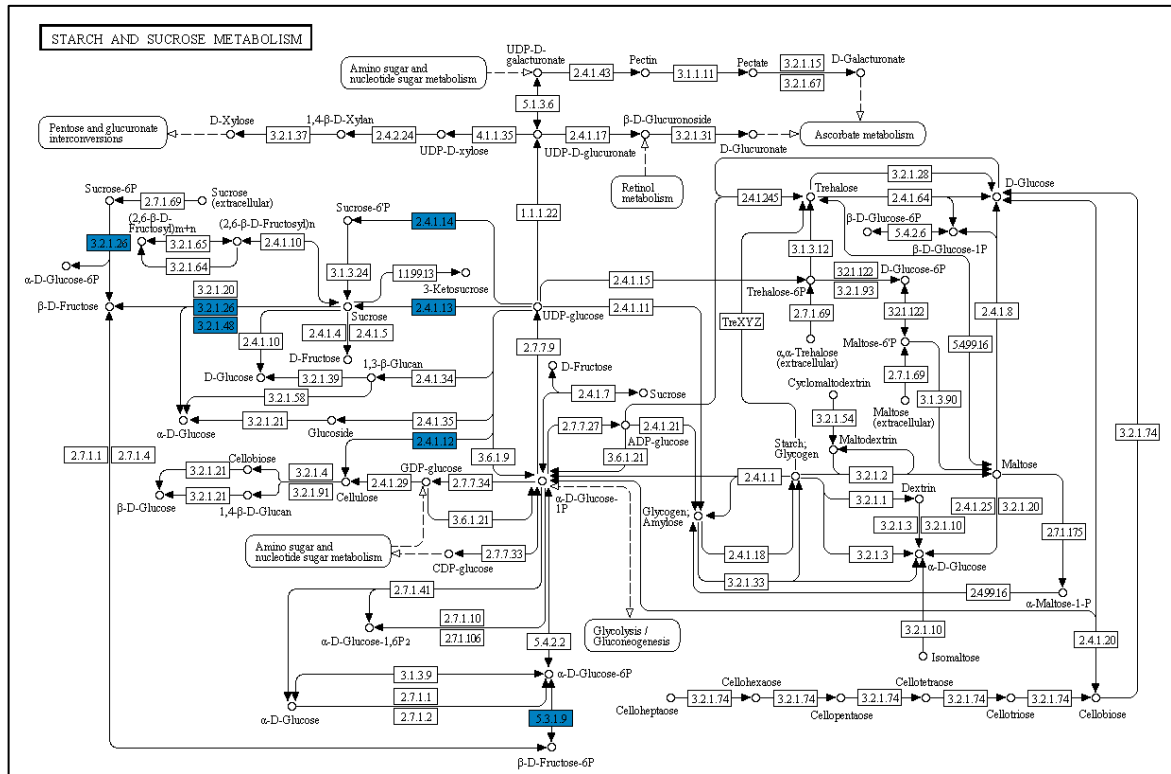
Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00794	mitojen-aktif protein kinaz Yoda	Plastid	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Stres cevabı
c_00795	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıfı	Nükleaz aktivitesi Nükleik asit bağlayıcı Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00796	galaktinol - sukroz galaktosiltransferaz 2	Hidrolaz aktivitesi	--	--
c_00798	s-adenosilmetionin dekarboksilaz	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--	--
c_00799	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Plastid	--	Metabolik işlev
c_00800	kasein kinaz II alt-birimi beta-4	Protein kompleksi	Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00801	kasein kinaz II alt-birimi beta-4	Çekirdek Protein kompleksi	Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu
c_00803	Duvar ilişkili reseptör kinaz 3	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	--	--
c_00807	metal taşıyıcı nramp5	Mitokondri	--	Taşıma
c_00813	NSP-etkileşimli protein kinaz 3	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi	Protein modifikasyonu	--
c_00817	Transpozon TNT 1-94 den retrovirüs ile ilgili pol poliprotein	İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Metabolik işlev	--
c_00819	NADH dehidrogenaz altbirim	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00820	NADH dehidrogenaz altbirim 5	Mitokondri Protein kompleksi Vezikül	Oksidoredüktaz aktivitesi	Metabolik işlev Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00828	lipoprotein	Plastid Protein kompleksi	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	Öncül metabolit ve enerji üretimi
c_00830	gibberellin 2-beta-dioksijenaz	İyon bağlayıcı Oksidoredüktaz aktivitesi	--	--
c_00832	retrotranspozon	Çekirdek Mitokondri Plastid	Hidrolaz aktivitesi İyon bağlayıcı Nükleik asit bağlayıcı	Hücresel organizasyon Metabolik işlev Protein modifikasyonu

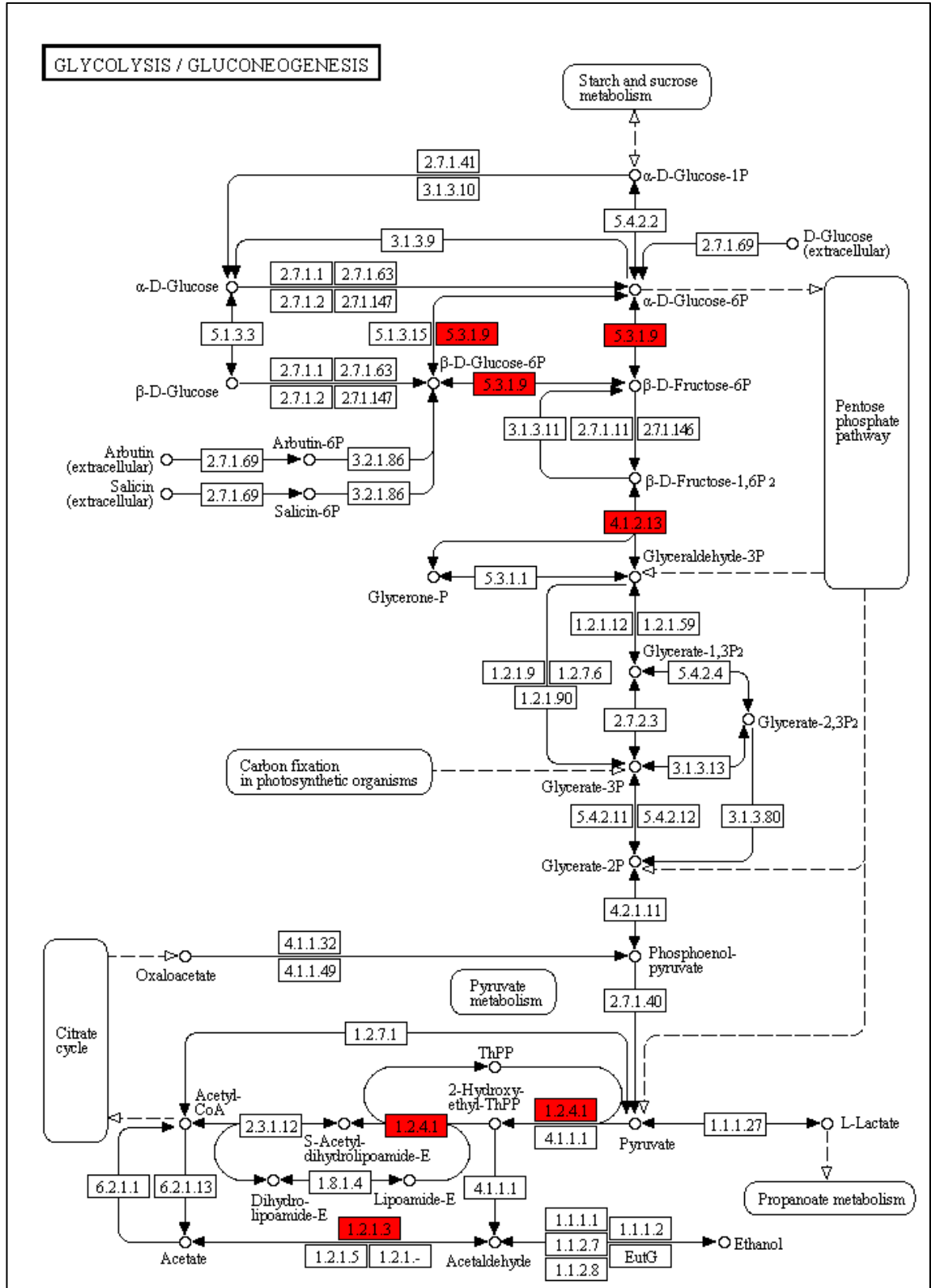
Çizelge 3.12 Yüksek sıcaklık ve kuraklık tane örneğinde tespit edilen transkriptlerin hücresel bileşen, moleküler fonksiyon, biyolojik işlev bakımından sınıflandırılması (devam)

Sekans ID	Sekans Tanımlaması	Hücresel Bileşen	Moleküler Fonksiyon	Biyolojik İşlev
c_00841	retrotranspozon sınıflandırılmamış	Metabolik işlev	--	--
c_00847	tohumun olgunlaşmasının proteini pm41	Plastid	--	--
c_00848	demir-sülfür sınıf birleştirme protein 1	Mitokondri	İyon bağlayıcı	Biyosentez işlevi Metabolik işlev Protein metabolizması
c_00859	vamp protein ykt62	Çekirdek Protein kompleksi Sitoplazma	--	--
c_00850	fosfoetanolamin n-metiltransferaz	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Metabolik işlev	--
c_00854	Protein Saydam testa 12	Taşıma aktivitesi	--	--
c_00858	retrotranspozon ty3-gypsy alt sınıfı	Metabolik işlev	--	--
c_00859	vamp protein ykt62	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma	--
c_00860	vamp protein ykt61	Çekirdek Protein kompleksi Sitoplazma	Nükleik asit bağlayıcı Peptidaz aktivitesi	Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Protein modifikasyonu Taşıma
c_00861	retrotranspozon ty1-copia alt sınıfı	İyon bağlayıcı Kinaz aktivitesi Peptidaz aktivitesi	Metabolik işlev Protein modifikasyonu	--
c_00863	dolicil-difosfooligosakkarit - protein glikosiltransferaz altbirim 2	Membran Mitokondri Vakuol Vezikül	Transferaz aktivitesi	Biyosentez işlevi Hücresel organizasyon Karbonhidrat metabolizması Metabolik işlev Protein modifikasyonu

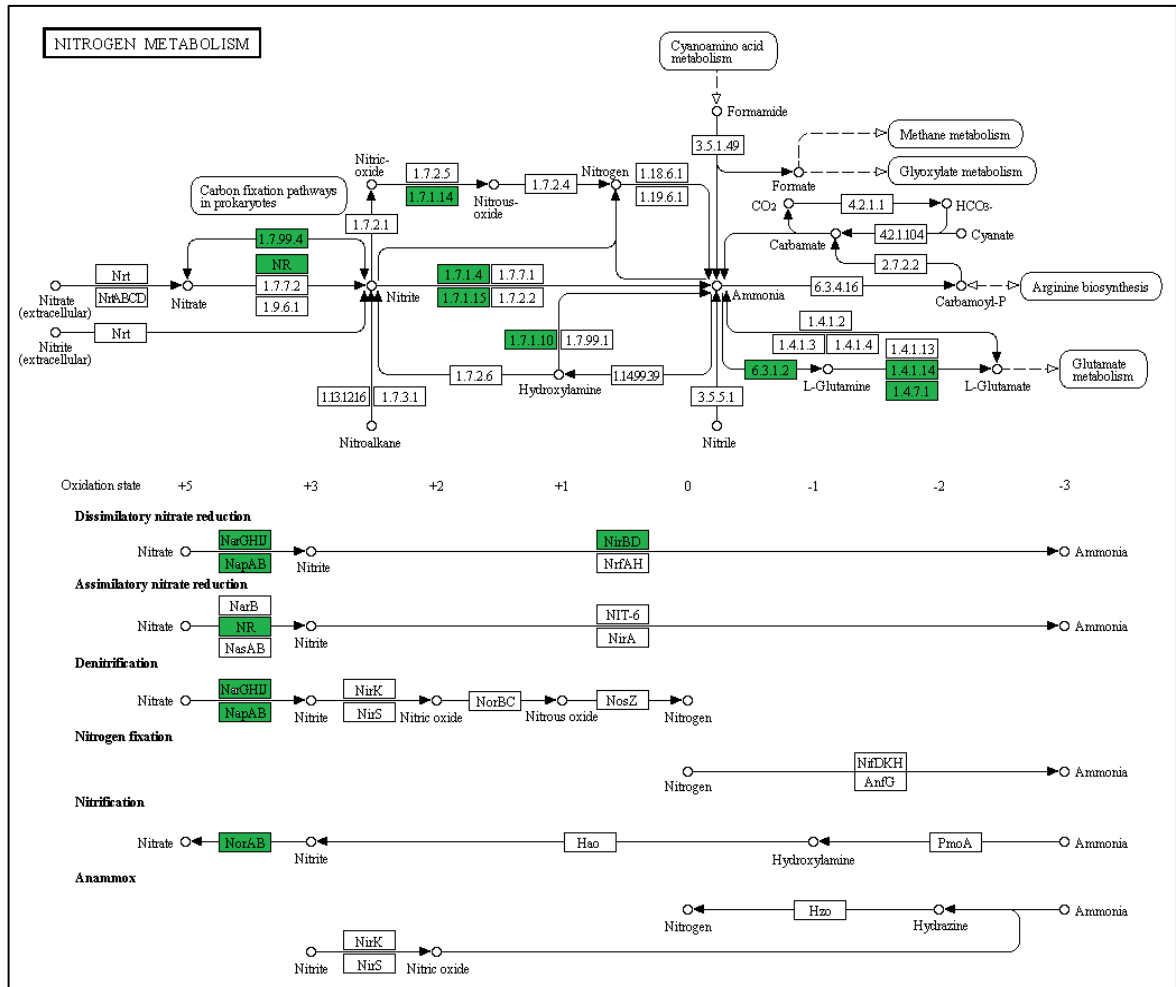
EK 4 Metabolik yolak analizleri sonucunda elde edilen haritalar

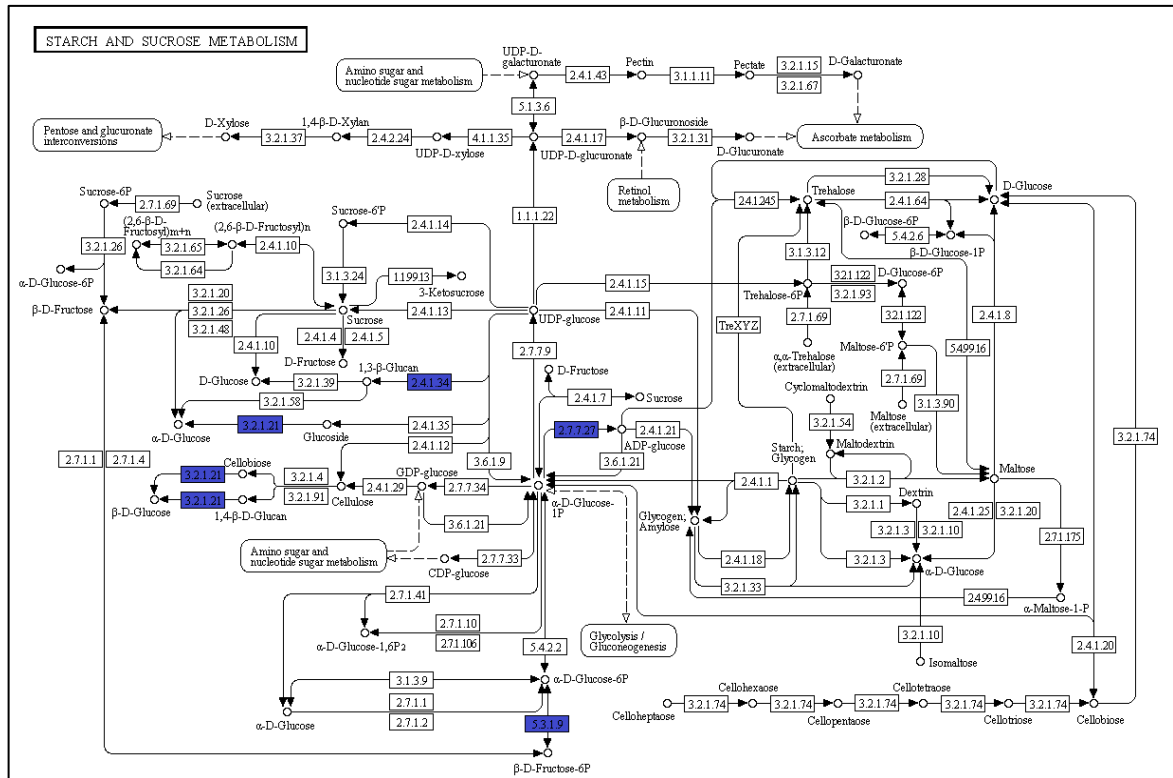


Şekil 4.1 Kuraklık stresi sonucu kök dokusunda nişasta ve sükröz metabolizma yolağı



Şekil 4.2 Kuraklık stresi sonucu yaprak dokusunda glikoliz/glukoneogenez yolağı





ÖZGEÇMİŞ

Adı Soyadı : Ebru DERELLİ TÜFEKÇİ

Doğum Yeri : Çankırı

Doğum Tarihi : 22/11/1984

Medeni Hali : Evli

Yabancı Dili : İngilizce

Eğitim Durumu

Lise : Çankırı Anadolu Lisesi (2002)

Lisans : Gazi Üniversitesi Fen-Edebiyat Fakültesi Biyoloji Bölümü (2007)

Yüksek Lisans : Ankara Üniversitesi Fen Fakültesi Biyoloji Bölümü
(2010)

Doktora : Ankara Üniversitesi Ziraat Fakültesi Tarla Bitkileri Anabilim Dalı
(Eylül 2010-Ocak 2016)

Çalıştığı Kurum ve Yıl

Çankırı Karatekin Üniversitesi Kızılırmak Meslek Yüksekokulu (2010-devam ediyor)

Yayınlar

SCI, SSCI, AHCI indekslerine giren dergilerde yayınlanan makaleler

1) Okay, S., **Derelli, E.**, Unver, T. 2014. Transcriptome-wide identification of bread wheat WRKY transcription factors in response to drought stress. Mol Genet Genomics, 298:765-781

2) Akdogan, G., **Derelli Tufekci, E.**, Uranbey, S., Unver, T. 2015. miRNA-based drought regulation in wheat. Functional & Integrative Genomics, 1-13, doi: 10.1007/s10142-015-0452-1

Hakemli dergilerde yayınlanan makaleler

1) **Derelli, E.**, Vaziri, P., Mirzapour, M. ve Yıldız, M. 2012. Dokuda Su Eksikliğinin Neden Olduğu Stresin In Vitro Şartlar Altında Keten (Linum usitatissimum L.) Hipokotil Eksplantlarından Sürgün Rejenerasyonu Üzerine Etkisi. Tarım Bilimleri Araştırma Dergisi 5 (1): 153-156.

Ulusal kongrelerde sunulan sözlü ve poster bildirileri

- 1) **Ebru Derelli Tüfekçi**, Güray Akdoğan, Turgay Ünver. miRNome Analizi ile Ekmeklik Buğdayda Kuraklık Stresi ile İlişkili miRNA'ların Profillenmesi. IV. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, 21-24 Ağustos 2015, Afyon. (Sözlü)
- 2) Turgay Ünver, Mine Türктаş, Behçet İnal, Tuğba Gürkök, Esmâ Özhüner, **Ebru Derelli Tüfekçi**, Yağız Alagöz, Yusuf Pekmezci, Ummügülsüm Zıplar Tanman, Günseli Babaoğlu, Emine Açar, Yeliz Özden. Bitki Biyoteknolojisi İçin Genomik ve Transkriptomik Yaklaşımlar. IV. Ulusal Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi, 21-24 Ağustos 2015, Afyon. (Sözlü)
- 3) Gökhan İpek, Arif İpek, Fatih Gül, Belgin Coşge Şenkal, Ali Rıza Tüfekçi, **Ebru Derelli Tüfekçi**, M. Ümit Bingöl. Ülkemiz Florasında Endemik Olan *Salvia freyniana*'nın Uçucu Yağ Bileşenlerinin Belirlenmesi. 11. Tarla Bitkileri Kongresi, 7-10 Eylül 2015, Çanakkale. (Poster)
- 4) Arif İpek, Merve Demirci, Belgin Coşge Şenkal, Ali Rıza Tüfekçi, **Ebru Derelli**, Gökhan İpek, M. Ümit Bingöl. Türkiye'ye Endemik *Origanum minutiflorum*'un Uçucu Yağ Bileşenlerinin Farklı Yöntemler İle Belirlenmesi. II. Tıbbi ve Aromatik Bitkiler Sempozyumu, 23-25 Eylül 2014, Yalova. (Poster)
- 5) Arif İpek, Serkan Uranbey, Gökhan İpek, M. Ümit Bingöl, Mikail Çalışkan, **Ebru Derelli**. *Crocus speciosus* Bieb. subsp. *Speciosus* Türünü Tohumdan Çoğaltma Çalışmaları. II. Tıbbi ve Aromatik Bitkiler Sempozyumu, 23-25 Eylül 2014, Yalova. (Poster)
- 6) Parizad Allahverdikhan Vaziri, **Ebru Derelli**, Serkan Uranbey, Cengiz Sancak. Geofitlerde *in vitro* Mikroçoğaltım. Tıbbi ve Aromatik Bitkiler Sempozyumu, 13-15 Eylül 2012, Tokat. (Poster)
- 7) Kiarash Afshar Pour Rezaeieh, Ehsan Khadem Arabbaghi, **Ebru Derelli**, Mina Shidfar. Seed Priming Techniques For Medicinal Plants. 2012. Tıbbi ve Aromatik Bitkiler Sempozyumu, 13-15 Eylül 2012, Tokat. (Poster)