T.C.
KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
GENETİK VE BİYOMÜHENDİSLİK ANA BİLİM DALI

KABAK BİTKİSİNDE ISI ŞOKU PROTEİNİ VE ISI ŞOKU FAKTÖRÜ GENLERİNİN BİYOİNFORMATİK KARAKTERİZASYONU VE FARKLI ABİYOTİK STRES KOŞULLARINDA İFADE PROFİLLERİ

KEVSER BETÜL CEYLAN

DOKTORA TEZİ

PROF. DR. MEHMET CENGİZ BALOĞLU

OCAK - 2023
KASTAMONU

TEZ ONAYI

Kevser Betül CEYLAN tarafından hazırlanan "**Kabak Bitkisinde Isı Şoku Proteini ve Isı Şoku Faktörü Genlerinin Biyoinformatik Karakterizasyonu ve Farklı Abiyotik Stres Koşullarında İfade Profilleri**" adlı tez çalışmasının savunma sınavı **09.01.2023** tarihinde yapılmış olup aşağıda verilen jüri tarafından oy birliği / oy çokluğu ile Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Genetik ve Biyomühendislik Ana Bilim Dalı Doktora Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Danışman	Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU Kastamonu Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Evren YILDIZTUGAY Selçuk Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Songül GÜREL Bolu Abant İzzet Baysal Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU Kastamonu Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Dr. Öğr. Üyesi Aslı UĞURLU BAYARSLAN Kastamonu Üniversitesi	.....

Jüri üyeleri tarafından kabul edilmiş olan bu tez Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Yönetim Kurulunca onanmıştır.

Enstitü Müdürü Doç. Dr. Osman ÇİÇEK .....

TAAHHÜTNAME

Bu tezin tasarımı, hazırlanması, yürütülmesi, araştırmalarının yapılması ve bulgularının analizlerinde bütün bilgilerin etik davranış ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduğunu; ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu çalışmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynağına eksiksiz atıf yapıldığını, bilimsel etiğe uygun olarak kaynak gösterildiğini bildirir ve taahhüt ederim.

Kevser Betül CEYLAN

ÖZET

DOKTORA TEZİ

KABAK BİTKİSİNDE ISI ŞOKU PROTEİNİ VE ISI ŞOKU FAKTÖRÜ GENLERİNİN BİYOİNFORMATİK KARAKTERİZASYONU VE FARKLI ABİYOTİK STRES KOŞULLARINDA İFADE PROFİLLERİ

KEVSER BETÜL CEYLAN

KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
GENETİK VE BİYOMÜHENDİSLİK ANA BİLİM DALI
DANIŞMAN:PROF. DR. MEHMET CENGİZ BALOĞLU

Isı şoku proteinleri (Hsp) bitkinin normal büyüme ve gelişme süreçlerinin yanında protein homeostazisini sağlayarak çevresel strese yanıt oluşum mekanizmasında görev almaktadır. Cucurbitaceae ailesi; salatalık, kavun, karpuz, bal kabağı gibi ekonomik ve besinsel değere sahip birçok bitkiyi çatısı altında bulundurur. Ülkemizde yıl boyu üretimi devam eden *Cucurbita pepo* (sakız kabağı) ise, bu ailenin ekonomik değer taşıyan bir diğer üyesidir. Seyden F1 ve Cordelia F1 iç piyasada ve ihracatta en çok tercih edilen iki kabak çeşididir. Bu çalışmada kabak genomunda 44 adet *sHsp*, 188 adet *Hsp40*, 42 adet *Hsp60*, 28 adet *Hsp70*, 10 adet *Hsp90*, 152 adet *Hsp100* ailesi üyesi olmak üzere toplam 464 adet *Hsp* geni; 77 adet ise *Hsf* geni *in silico* olarak tanımlanmıştır. Tespit edilen gen ve proteinlerin; kromozomal yerleşimi, ekzon-intron ve motif organizasyonu, aile içi filogenetik ilişkileri, ortolog ilişkileri, miRNA ve protein-protein etkileşimleri, duplikasyon olayları, tahmini üç boyutlu yapıları, gen ontolojisi analizleri ile karakteristik özellikleri ortaya konmuştur. Çalışmanın moleküler kısmında ise belirlediğimiz genlerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine streslerindeki ifade profilleri qRT-PCR yöntemi ile belirlenmiştir. Her iki varyetenin *Hsp* ve *Hsf* gen ifade seviyelerini çoğunlukla arttırarak strese yanıt verdiği gözlenmiştir. Özellikle tüm zaman dilimlerinde ve tüm stres koşullarında ifadesinde artış belirlenen *CpHsp70-20* ve *CpHsf-68* genlerinin, bitkinin strese tolerans mekanizmasında etkin rol üstlendiğini işaret etmektedir. Çalışmamızda belirlenen markör genlerin ve *in silico* etkileşim çıktılarının klonlama, ileri fonksiyonel araştırmalar ve moleküler ıslah çalışmalarında kullanılarak mahsul iyileştirilmesine katkı sağlayacağını öngörmekteyiz.

ANAHTAR KELİMELER: Kabak, *Cucurbita pepo*, Isı şoku proteini (Hsp), Isı şoku faktör (Hsf), Genom çapında tarama, Biyoinformatik analiz

Ocak 2023, 358 Sayfa

ABSTRACT

PH.D THESIS

BIOINFORMATICS CHARACTERIZATION OF HEAT SHOCK PROTEIN AND HEAT SHOCK FACTOR GENES IN ZUCCHINI AND EXPRESSION PROFILES IN DIFFERENT ABIOTIC STRESS CONDITIONS

KEVSER BETÜL CEYLAN

KASTAMONU UNIVERSITY INSTITUTE OF SCIENCE
DEPARTMENT OF GENETICS AND BIOENGINEERING
SUPERVISOR:PROF. DR. MEHMET CENGİZ BALOĞLU

Heat shock proteins (Hsps) are involved in response mechanism of the environmental stress by providing protein homeostasis as well as the normal growth and development processes of the plant. Heat shock response in plants is regulated by heat shock transcription factors (Hsfs) activating the expression of *Hsps*. The Cucurbitaceae family includes many plants with economic and nutritional value such as cucumber, melon, watermelon and pumpkin. *Cucurbita pepo* (zucchini), which is produced throughout the year in our country, is another member of this family that has economic value. Seyden F1 and Cordelia F1 are the two most preferred zucchini varieties in the domestic market and export. In this study, a total of 464 *Hsp* genes, including 44 *CpsHsp*, 188 *CpHsp40*, 42 *CpHsp60*, 28 *CpHsp70*, 10 *CpHsp90*, 152 *CpHsp100* family members and 77 *CpHsf* genes in zucchini genome have been identified *in silico*. The characteristic features of the identified genes and proteins were revealed by chromosomal location, exon-intron and motif organization, intra-familial phylogenetic relationships, orthologous relationships, miRNA and protein-protein interactions, duplication events, estimated three-dimensional structures, gene ontology analyses. Based on the heatmaps created using the stress-related transcriptome data in the literature, genes with significant changes in expression were determined for each gene family. In the molecular part of the study, the expression profiles of these genes under high temperature, drought and high temperature-drought combined stresses were evaluated by qRT-PCR for Seyden F1 and Cordelia F1 cultivars. It has been observed that both varieties respond to stress by mostly increasing the expression levels of *Hsp* and *Hsf* genes. It indicates that Hsp70-20 and Hsf-68 genes, whose expression was increased in all time periods and under all stress conditions, play an active role in the stress tolerance mechanism of the plant. We believe that the *Hsp* and *Hsf* genes and proteins, which we have characterized with the omics approach, are valuable in terms of understanding the stress response mechanism of the zucchini. We anticipate that the marker genes and *in silico* interaction outputs determined in our study will contribute to crop improvement with cloning, advanced functional research and molecular breeding studies.

KEYWORDS: Zucchini, Cucurbita pepo, Heat shock protein (Hsp), Heat shock factor (Hsf), Genome wide identification, Bioinformatic analysis

January 2023, 358 Pages

TEŞEKKÜR

Doktora çalışmam süresince akademik tecrübesini, bilgi ve deneyimini benimle cömertçe paylaşan ve yol gösteren danışmanım Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU'na; bu süreçte ilgisi, titiz çalışma prensibi ve akademik katkıları ile desteğini esirgemeyen hocam Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU'na içten teşekkürlerimi sunarım. Bu uzun yolculukta laboratuvarda birlikte çalıştığımız, tecrübelerimizi paylaştığımız, destek ve yardımlarını her zaman hissettiğim arkadaşlarım, başta Araş. Gör. Mustafa ÖÇAL, Araş. Gör. Ferhat ULU ve Erdoğan HORUZ olmak üzere tüm Plantomiks Laboratuvarı üyelerine içtenlikle teşekkür ederim. Maddi-manevi destekleri ile yanımda olan ailem ve eşimin ailesine teşekkür ederim. Tez sürecinde yanımızda bulunup, yükümüzü paylaşan, emeği benim için çok kıymetli olan anneme ve Meryem'e minnettarım. Doktora sürecime bambaşka bir boyut katan, bana ömür boyu öğrenciliğimi hatırlatan oğlum Bulut ve kızım İpek'e ve bu yolu "iyi ki" birlikte yürüdüğüm sevgili hayat arkadaşım Yusuf'a tüm kalbimle teşekkür ederim.

Kevser Betül CEYLAN

Kastamonu, 2023

İÇİNDEKİLER

Sayfa

TEZ ONAYI ..... **ii**
TAAHHÜTNAME ..... **iii**
ÖZET ..... **iv**
ABSTRACT ..... **v**
TEŞEKKÜR ..... **vi**
İÇİNDEKİLER ..... **vii**
ŞEKİLLER DİZİNİ ..... **xi**
TABLOLAR DİZİNİ ..... **xiv**
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ ..... **xv**
1. GİRİŞ **1**
2. GENEL BİLGİLER **3**
2.1 Kabak (*Cucurbita pepo* L.) 3
2.2 Bitkilerde Stres Kavramı 7
2.2.1 Yüksek Sıcaklık Stresi 8
2.2.2 Kuraklık Stresi 10
2.2.3 Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stresi 12
2.3 Isı Şoku Proteinleri (Hsp) ve Faktörleri (Hsf) 13
2.3.1 Küçük Isı Şoku Proteinleri (sHsp) 14
2.3.2 Isı şoku proteinleri 40 (Hsp40) 16
2.3.3 Isı şoku proteinleri 60 (Hsp60) 17
2.3.4 Isı şoku proteinleri 70 (Hsp70) 19
2.3.5 Isı şoku proteinleri 90 (Hsp90) 21
2.3.6 Isı şoku proteinleri 100 (Hsp100) 22
2.3.7 Isı şoku faktörü (Hsf) 24
2.4 Bitkilerde Stres Koşullarında Gen İfadesinin Düzenlenmesi ve Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler 26
2.4.1 RNA Sekanslama 28
2.4.2 Kantitatif PZR (qPZR) 29
3. LİTERATÜR ÖZETİ **31**
4. YÖNTEM **39**
4.1 Kabak Genomunda Isı Şok Protein (Hsp) ve Isı Şok Faktör (Hsf) Genlerinin Belirlenmesi 39
4.2 Kabak Genomunda Isı Şok Protein (Hsp) ve Isı Şok Faktör (Hsf) Genlerinin Kromozomal Yerleşiminin Belirlenmesi 39
4.3 Gen Duplikasyon Olaylarının Belirlenmesi 40
4.4 Filogenetik Analizler ve Motif Belirlenmesi 40
4.5 Gen Ontoloji Analizi ve Proteinlerin Homoloji Modellemesi 41
4.6 CpHsp ve CpHsf Proteinlerine ait Protein-Protein Etkileşim Analizi 41
4.7 Gen Ortologlarının Belirlenmesi (Homolog ve Homolog Olmayan Değişim Oranlarının Hesaplanması) 41
4.8 *Hsp* ve *Hsf* Genlerini Hedef Alan miRNA'ların Belirlenmesi 42
4.9 Transkriptom Verileri Kullanılarak Hsp ve Hsf Genlerinin İfade Profillerinin Çıkarılması 42
4.10 Moleküler Çalışmalarda Kullanılan Cihaz ve Sarf Malzemeler 44

4.11 Bitki Örneklerinin Yetiştirilmesi ve Stres Uygulamaları 46
4.12 RNA İzolasyonu 47
4.13 DNaz Uygulaması 48
4.14 Agaroz Jel Elektroforezi 49
4.15 Komplementer DNA (cDNA) Sentezi 49
4.16 Primer Tasarımı 50
4.17 *CpHsp* ve *CpHsf* Gen İfadelerinin qPCR ile Belirlenmesi 52
5. BULGULAR 54
5.1 Kabak Genomunda *Hsp* ve *Hsf* Genlerinin Belirlenmesi ve Proteinlerin Karakterizasyonu 54
5.2 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Kromozomal Dağılımı 55
5.3 CpHsp ve CpHsf Proteinlerinin Korunmuş Motif Yapısının İncelenmesi 64
5.4 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Ekzon-Intron Organizasyonu 75
5.5 Filogenetik Analizler 82
5.6 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Model Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 88
5.7 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması 95
5.8 CpHsp ve CpHsf Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri 97
5.9 CpHsp ve CpHsf Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi 105
5.10 CpHsp ve CpHsf Ailelerinin Protein-Protein Etkileşimleri 111
5.11 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Ontoloji Analizleri 118
5.12 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Transkriptom Analizleri 132
5.13 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi 140
6. SONUÇ VE TARTIŞMA 154
6.1 CpHsp ve CpHsf Ailelerinin Biyoinformatik Analizleri 154
6.1.1 CpsHsp Ailesinin Biyoinformatik Analizleri 154
6.1.2 CpHsp40 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri 158
6.1.3 CpHsp60 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri 163
6.1.4 CpHsp70 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri 168
6.1.5 CpHsp90 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri 172
6.1.6 CpHsp100 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri 177
6.1.7 CpHsf Ailesinin Biyoinformatik Analizleri 181
6.2 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi 185
7. SONUÇ VE ÖNERİLER 194
KAYNAKLAR 196
EKLER 226
EK 1 Kabak sHsp Protein Kataloğu 227
EK 2 Kabak Hsp40 Protein Kataloğu 229
EK 3 Kabak Hsp60 Protein Kataloğu 232
EK 4 Kabak Hsp70 Protein Kataloğu 233
EK 5 Kabak Hsp90 Protein Kataloğu 234
EK 6 Kabak Hsp100 Protein Kataloğu 235
EK 7 Kabak Hsf Protein Kataloğu 238

EK 8 Kabak *sHsp* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 240
EK 9 Kabak *sHsp* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 241
EK 10 Kabak *sHsp* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 242
EK 11 Kabak *sHsp* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 243
EK 12 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 244
Ek 13 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 246
EK 14 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 252
EK 15 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 255
EK 16 Kabak Hsp60 Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 259
EK 17 Kabak *Hsp60* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 260
EK 18 Kabak *Hsp60* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 262
EK 19 Kabak *Hsp60* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 263
EK 20 Kabak *Hsp70* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 265
EK 21 Kabak *Hsp70* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 267
EK 22 Kabak Hsp70 Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 270
EK 23 Kabak *Hsp70* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 273
EK 24 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 275
EK 25 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 276
EK 26 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 278
EK 27 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 279
EK 28 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 280
EK 29 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 282
EK 30 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 286
EK 31 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 288

EK 32 Kabak *Hsf* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 291
EK 33 Kabak *Hsf* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 292
EK 34 Kabak *Hsf* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 294
EK 35 Kabak *Hsf* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 295
EK 36 Kabak sHsp Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 296
EK 37 Kabak Hsp40 Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 297
EK 38 Kabak Hsp60 Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 299
EK 39 Kabak Hsp70 Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 300
EK 40 Kabak Hsp90 Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 301
EK 41 Kabak Hsp100 Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 302
EK 42 Kabak Hsf Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 303
EK 43 Kabak sHsp Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu 304
EK 44 Kabak Hsp40 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu..... 305
EK 45 Kabak Hsp60 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu..... 307
EK 46 Kabak Hsp70 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu..... 309
EK 47 Kabak Hsp90 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu..... 311
EK 48 Kabak Hsp100 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu..... 315
EK 49 Kabak Hsf Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu 317
EK 50 Kabak sHsp Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları..... 318
EK 51 Kabak Hsp40 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 321
EK 52 Kabak Hsp60 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 331
EK 53 Kabak Hsp70 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 335
EK 54 Kabak Hsp90 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 338
EK 55 Kabak Hsp100 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 339
EK 56 Kabak Hsf Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 350
EK 57 qPZR Çalışmalarında Kullanılan Genlere Ait Erime Eğrileri 356
ÖZGEÇMİŞ..... 357

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa

Şekil 2.1 *C. pepo* bitkisinin (a) çiçekleri ve (b) meyvesi 6
Şekil 2.2 1991-2020 yılları arasında toprak sıcaklığında meydana gelen değişim 10
Şekil 2.3 sHsp proteine ait (a) monomer yapısı, (b) dimer yapısı, (c) üç boyutlu yapı, (d) üç boyutlu yapı 16
Şekil 2.4 Tipik J-domaini içeren Hsp40 proteini (a), Hsp40 proteinini yapısal olarak sınıflandırması (b) 18
Şekil 2.5 Hsp60 proteinin yapısı (a), GroEl X-ray kristal yapısı (b) 19
Şekil 2.6 Hsp70/Hsp40 ve sHsp protein mekanizması 21
Şekil 2.7 Hsp90-ND üç boyutlu yapılarının açık (a) ve kapalı (b) halleri 23
Şekil 2.8 Hsp100 proteini alt birimleri (a), Hsp100 proteini kristal yapısı..... 25
Şekil 2.9 Domates bitkisinde örneklenen Hsf'nin temel yapısı..... 27
Şekil 2.10 RNA sekanslama basamakları 30
Şekil 2.11 SYBR Green yöntemi kullanılarak gerçek zamanlı PZR reaksiyonu ve grafiği 31
Şekil 4.1 Cordelia ve Seyden tohumlarının ekim ve yetiştirme aşamaları 47
Şekil 4.2 Yüksek sıcaklık stres uygulaması sonrası kabak bitkisi 47
Şekil 5.1 *CpsHsp* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği..... 56
Şekil 5.2 *CpsHsp* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları 57
Şekil 5.3 *CpHsp40* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği 57
Şekil 5.4 *CpHsp40* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları..... 58
Şekil 5.5 *CpHsp60* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği 59
Şekil 5.6 *CpHsp60* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları..... 59
Şekil 5.7 *CpHsp70* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği 60
Şekil 5.8 *CpHsp70* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları..... 60
Şekil 5.9 *CpHsp90* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği 61
Şekil 5.10 *CpHsp90* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları..... 61
Şekil 5.11 *CpHsp100* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği 62
Şekil 5.12 *CpHsp100* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları..... 62
Şekil 5.13 *CpHsf* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği 63
Şekil 5.14 *CpHsf* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları..... 64
Şekil 5.15 CpsHsp ailesine ait korunmuş motif organizasyonları 66
Şekil 5.16 CpHsp40 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları..... 68
Şekil 5.17 CpHsp60 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları..... 70
Şekil 5.18 CpHsp70 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları..... 71
Şekil 5.19 CpHsp90 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları..... 72
Şekil 5.20 CpHsp100 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları..... 73
Şekil 5.21 CpHsf ailesine ait korunmuş motif organizasyonları..... 74
Şekil 5.22 CpsHsp genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu..... 75
Şekil 5.23 CpHsp40 genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 76
Şekil 5.24 CpHsp60 genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 77
Şekil 5.25 CpHsp70 genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 78
Şekil 5.26 CpHsp90 genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 78
Şekil 5.27 CpHsp100 genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 80
Şekil 5.28 CpHsf genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu..... 81

Şekil 5.29 CpsHsp ailesinin filogenetik ağacı 82
Şekil 5.30 CpHsp40 ailesinin filogenetik ağacı 83
Şekil 5.31 CpHsp60 ailesinin filogenetik ağacı 84
Şekil 5.32 CpHsp70 ailesinin filogenetik ağacı 85
Şekil 5.33 CpHsp90 ailesinin filogenetik ağacı 86
Şekil 5.34 CpHsp100 ailesinin filogenetik ağacı 87
Şekil 5.35 CpHsf ailesinin filogenetik ağacı 88
Şekil 5.36 *CpsHsp* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri 89
Şekil 5.37 *CpHsp40* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri 90
Şekil 5.38 *CpHsp60* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri 91
Şekil 5.39 *CpHsp70* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri 92
Şekil 5.40 *CpHsp90* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri 93
Şekil 5.41 *CpHsp100* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri 94
Şekil 5.42 *CpHsf* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri 95
Şekil 5.44 CpsHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 98
Şekil 5.45 CpHsp40 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 100
Şekil 5.46 CpHsp60 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 102
Şekil 5.47 CpHsp70 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 103
Şekil 5.48 CpHsp90 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 103
Şekil 5.49 CpHsp100 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 104
Şekil 5.50 CpHsf proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 105
Şekil 5.51 *CpsHsp* genlerini hedef alan miRNA'lar 106
Şekil 5.52 *CpHsp40* genlerini hedef alan miRNA'lar 107
Şekil 5.53 CpHsp60 genlerini hedef alan miRNA'lar 108
Şekil 5.54 *CpHsp70* genlerini hedef alan miRNA'lar 109
Şekil 5.55 *CpHsp90* genlerini hedef alan miRNA'lar 109
Şekil 5.56 *CpHsp90* genlerini hedef alan miRNA'lar 110
Şekil 5.57 *CpHsf* genlerini hedef alan miRNA'lar 111
Şekil 5.58 CpsHsp proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 112
Şekil 5.59 CpHsp40 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 113
Şekil 5.60 CpHsp60 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 114
Şekil 5.61 CpHsp70 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 115
Şekil 5.62 CpHsp90 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 116
Şekil 5.63 CpHsp100 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 117
Şekil 5.64 CpHsf proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 118
Şekil 5.65 *CpsHsp* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları 119
Şekil 5.66 *CpHsp40* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları 121
Şekil 5.67 *CpHsp60* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları 123
Şekil 5.68 *CpHsp70* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları 125
Şekil 5.69 *CpHsp90* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları 127
Şekil 5.70 *CpHsp100* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları 129
Şekil 5.71 *CpHsf* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları 131
Şekil 5.72 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpsHsp* genlerine ait ısı haritaları 133
Şekil 5.73 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp40* genlerine ait ısı haritaları 134
Şekil 5.74 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp60* genlerine ait ısı haritaları 135

Şekil 5.75 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp70* genlerine ait ısı haritaları 136
Şekil 5.76 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp90* genlerine ait ısı haritaları 137
Şekil 5.77 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp100* genlerine ait ısı haritaları.. 138
Şekil 5.78 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsf* genlerine ait ısı haritaları 139
Şekil 5.79 *CpsHsp-08* ve *CpsHsp-21* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi 142
Şekil 5.80 *CpHsp40-27* ve *CpHsp40-36* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi 144
Şekil 5.81 *CpHsp60-29* ve *CpHsp60-34* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi 146
Şekil 5.82 *CpHsp70-20* genine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi 148
Şekil 5.83 *CpHsp90-08* genine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi 149
Şekil 5.84 *CpHsp100-26* ve *CpHsp100-101* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi 151
Şekil 5.85 *CpHsf-05* ve *CpHsf-68* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi 153

TABLOLAR DİZİNİ

Sayfa

Tablo 3.1 Kabak bitkisinin taksonomik sınıflandırması 3
Tablo 3.2 Son beş yıl içerisinde dünyada kabak üretimi 6
Tablo 3.3 Ülkemizde son beş yılda yüksek üretim yapan illerin kabak üretimi ve ekili alanlar 7
Tablo 4.1 *C. pepo* transkriptom analizi aşamasında kullanılan açık veri okumaları..... 44
Tablo 4.2 Kabak örneklerinden elde edilen RNA'lar için uygulanan DNaz reaksiyonu ve bileşenleri..... 50
Tablo 4.3 10X TAE bileşenleri ve hazırlanması..... 50
Tablo 4.4 cDNA sentezi bileşenleri ve miktarları..... 51
Tablo 4.5 Tez çalışmasında kullanılan primerler ve özellikleri..... 52
Tablo 4.6 qPZR reaksiyonu bileşenleri ve miktarları 53
Tablo 4.7 qPZR koşulları..... 53

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

α	: Alfa
β	: Beta
g	: Gram
µl	: Mikrolitre
µM	: Mikromolar
ng	: Nanogram
nm	: Nanometre
°C	: Santigrat derece
~	: Yaklaşık
%	: Yüzde

Kısaltmalar

3D	: Üç boyutlu
aa	: Aminoasit
ABA	: Absisik asit
ACD	: Alfa kristalin bölge/domain
ADP	: Adenozin difosfat
ATP	: Adenozin trifosfat
bç	: Baz çifti
CAM	: Crassulacean Asit Metabolizması
cm	: Santimetre
Cu	: Bakır
Daa	: Dekar
DAP	: Tozlaşmadan sonraki günler
DBD	: DNA bağlanma domaini
ER	: Endoplazmik retikulum
GO	: Gen ontoloji
HAT	: Histon asetil transferaz
HR	: Hidrofobik tekrar
HSE	: Isı şoku elementi
Hsf	: Isı şoku faktörü
Hsp	: Isı şoku proteini
Ka	: Homolog olmayan değişim oranı
kDa	: Kilodalton
Ks	: Homolog değişim oranı
m	: Metre
M	: Molar
mg	: Miligram
miRNA	: Mikro RNA
mM	: Milimolar
MYÖ	: Milyon yıl önce

NBD	: Nükleotid bağlanma domaini
ncRNA	: Kodlanmayan RNA
NGS	: Yeni nesil dizileme
nm	: Nanometre
PEG	: Polietilen glikol
PZR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
qPCR	: Kantitatif polimeraz zincir reaksiyonu
RNA-seq	: RNA sekanslama
sa	: saat
SA	: Salisilik asit
SNP	: Tek nükleotid polimorfizmi
Tm	: Bağlanma sıcaklığı
Zn	: Çinko

1. GİRİŞ

Yaşam döngüleri boyunca kuraklık, ekstrem sıcaklık değişimleri, aşırı yağış, tuzluluk, ağır metal gibi abiyotik stres koşullarına maruz kalan bitkiler; bu faktörlere karşı farklı savunma mekanizmaları geliştirmiştir. Bitkilerin geliştirdikleri bu savunma mekanizmaları, zor koşullar altında hayatlarını devam ettirebilecek fizyolojik ve metabolik değişimleri sağlayarak canlının adaptasyonunu sağlamaktadır. Bu mekanizmalardan en bilineni ısı şoku proteinlerinin (heat shock proteins; Hsps) sentezini aktive etmektir. Hsp'ler, prokaryot ve ökaryot tüm canlı gruplarında gözlenen yaygın bir protein ailesidir. Stres koşullarında protein katlanması, hücresel düzenlenmesi ve uygun olmayan proteinlerin hücrede birikiminin önlenmesi gibi birçok kritik süreçte görev alan moleküler şaperonlardır (Augustine, 2016; Vierling, 1991). Evrimsel süreçte fonksiyon ve yapı bakımından en fazla korunmuş genleri, ısı şoku proteinleri gen ailesi kapsamaktadır (Sørensen ve Loeschcke, 2004). Bitki ısı şoku proteinleri moleküler ağırlıklarına göre altı korunmuş aileye ayırılır: Hsp100, Hsp90, Hsp70, Hsp60, Hsp40 ve küçük Hsp (sHsps). Genellikle fizyolojik koşullar altında bitki hücrelerinde bulunmayan sHsp'ler, kuraklık, tuzluluk, okside türler ve düşük sıcaklıklar dâhil olmak üzere stres ve bitki direnci üzerine uyarılır. sHsp'ler doğal olmayan proteinleri geri katlayamaz, ancak kısmen katlanmış veya denatüre edilmiş substratlar proteinlerine bağlanarak geri dönüşü olmayan açılma veya yanlış protein agregasyonunu önleyebilir. Hsp60 sınıfı ise genellikle Rubisco gibi plastid proteinlerin desteklenmesinde önem taşıdıkları kabul edilmektedir. Hsp70, yeni sentezlenen proteinlerin agregat olarak birikimlerini engellemek ve nihai konumlarına transferleri sırasında uygun bir şekilde katlanmaları için koruyucu olarak işlev görür. Hsp90 sınıfı diğer sınıflarla birlikte rol alır. Hsp90, birçok şaperon kompleksinde Hsp70'yi bağlayabilir. Hsp100 sınıfının benzersiz bir fonksiyonu, fonksiyonel olmayan protein agregatlarının yeniden çözünmesiyle toplanmış proteinlerin yeniden aktif hale getirilmesidir (Al-Whaibi, 2011)

Bitkilerde ısı şoku cevabı, ısı şoku transkripsiyon faktörlerinin (Heat shock transcription factors; Hsfs), Hsp'lerin ifadesini aktive etmesi ile düzenlenmektedir. Bu açıdan Hsf'ler bitkileri çeşitli streslerden koruyan önemli transkripsiyon faktörleri

arasındadır. Hedef genlerin promotör bölgelerini tanıyıp bağlanarak aktif hale gelen Hsf'ler; stres koşullarının yanında çeşitli gelişimsel süreçte de rol alırlar (Rajan ve D'Silva, 2009; Waters ve Vierling, 2020). Bitkilerin adaptasyon stratejisi açısından önemli olan bu gen ailesi; elma (Giorno vd., 2012), fasulye (Lin vd., 2014), lahana (X. Song vd., 2014), pamuk (Wang vd., 2014, Çin beyaz armudu (Qiao vd., 2015), çilek (Yang Hu vd., 2015) gibi pek çok bitkide çalışılmıştır.

Cucurbitaceae ailesi; salatalık, kavun, karpuz, bal kabağı gibi ekonomik ve besinsel değere sahip birçok bitkiyi çatısı altında bulundurur. *Cucurbita pepo* (sakız kabağı) bu ailenin ekonomik değer taşıyan, tek yıllık diğer bir üyesidir (Seymen, 2020a). Ülkemizde yazlık kabak üretimi son yılarda örtü altında yapılan yetiştiricilik ile kış ayları da dâhil olmak üzere bütün yıl boyunca yapılmaktadır. Ülkemizde kabak üretimi verileri incelendiğinde 2020 yılı üretimi 2016 yılına ait yaklaşık olarak %42 oranında artış göstermiştir. Dünyada ise 26 milyon tonun üzerinde üretimi olan ve neredeyse iki milyon hektarlık alana ekilen bir sebzedir (Ön Fizibilite Raporu, 2021).

Cucurbit ailesi üyelerinden karpuz ile yapılan çalışmada; sHsp ailesine ait 39, Hsp40 ailesine ait 101, Hsp60 ailesine ait 23, Hsp70 ailesine ait 12, Hsp90 ailesine ait 6, Hsp100 ailesine ait ise 102 gen biyoinformatik araçlar ile tespit edilmiştir (Altunoğlu, Keleş, Can ve Baloğlu, 2019). Aynı aileden salatalık bitkisinde yapılan *in silico* çalışmada ise 21 *Hsf* geni tespit edilerek ve karakterizasyonu yapılmıştır (Zhou vd., 2013). Balkabağı (*Cucurbita moschata*) ile yapılan bir diğer çalışmada ise 36 Hsf geni tespit edilmiştir (Shen ve Yuan, 2020). Kabak (*Cucurbita pepo*) bitkisinin genomu dizilenmiş olmasına rağmen (Montero-Pau vd., 2018), kabak genomunda yer alan Hsf ve Hsp proteinlerinin tanımlanması ve karakterizasyonuna ait literatürde herhangi bir çalışma bulunmamaktadır. Bu çalışma kapsamında, özellikle stres koşulları altında kritik rolleri olduğu bilinen *Hsp* ve *Hsf* gen ailesi üyelerinin biyoinformatik analiz yöntemleri ile kabak genomundaki bütün üyelerinin belirlenerek, bu gen ve proteinlerin karakteristik özelliklerinin *in silico* olarak ortaya konması amaçlanmıştır. Aynı zamanda bu gen ailelerinin yüksek sıcaklık, kuraklık, yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresleri altında ifade seviyelerindeki değişim ortaya konarak, Hsp ve Hsf proteinlerinin stres cevap mekanizmasındaki rolleri anlaşılmaya çalışılmıştır.

2. GENEL BİLGİLER

2.1 Kabak (*Cucurbita pepo* L.)

Kabak bitkisi (*Cucurbita pepo* L.), karpuz (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai), kavun (*Cucumis melo* L.), hıyar (*Cucumis sativus* L.) ve luffa (*Luffa cylindrica* (L.)) gibi dünyada tüketimi yüksek seviyede olan kabakgiller (Cucurbitaceae) familyası üyelerinden olan bir tarım bitkisidir (Tablo 2.1). Cucurbitaceae familyası 134 cins ve 965 türden meydana gelmektedir (The Plant List, 2022). *Cucurbita pepo* (sakız kabağı), *Cucurbita moschata* (bal kabağı) ve *Cucurbita maxima* (kestane kabağı), *Cucurbita* cinsi içerisinde tarımı en çok yapılan türleridir (Taşkara, 2021).

Tablo 2.1 Kabak bitkisinin taksonomik sınıflandırması

Alem	**Plantae**
Şube	Magnoliophyta (Kapalı Tohumlular)
Sınıf	Magnoliopsida (Çift çenekliler)
Takım	Cucurbitales
Familya	Cucurbitaceae (Kabakgiller)
Cins	*Cucurbita*
Tür	*Cucurbita pepo* L.

C. pepo polimorfik olmasından dolayı yaygın olarak kullanılan alt türlere sahiptir. *C. pepo* spp. *pepo* yemeklik ve çerezlik olarak kullanımının yanında süs bitkisi olarak da kullanılmaktadır. Bu türün meyve rengi sarı veya krem renkte, yuvarlak ve uzun formda, meyve yüzeyi düz veya pütürlüdür. *C. pepo* spp. *ovifera* yağlık ve yemeklik olarak kullanılmaktadır ve meyve şekli oval ve armut şeklindedir. Son olarak *C. pepo* spp. *fraterna* ise yabani bir tür olup daha çok Meksika'da yetişmektedir (Ekinci, 2020).

C. pepo besin olarak kullanılmasının yanında tohumları çerez olarak kullanılmaktadır. Kabak tohumları yine kozmetik ve ilaç endüstrisinde de yaygın bir şekilde kullanılmaktır. Tohumlardan yüksek protein içeriği nedeni ile salam, mayonez, sosis, ekmek, hayvan yemi içeriği olmak üzere birçok alanda yararlanılmaktadır (Seymen,

2020). Kabağın antihelmentik, diüretik, karminatif ve anestezik olarak kullanıldığı bilinmektedir. Ayrıca serum kolesterol düşürücü ve hipotrigliseridemik etkilere de sahip olduğu raporlanmıştır (Caili, Huan ve Quanhong, 2006). Bazı Afrika ülkelerinde ve Rusya'da bu tür tedavi amacı ile kullanılmaktadır. Kabak tohumları ile yapılan çalışmalarda içeriğinde antioksidanlar sayesinde birçok kanserin meydana gelme riskini azalttığı raporlanmıştır (Goodman vd., 2004; Lelley, Loy ve Murkovic, 2009; Nesaretnam vd., 2007). Yüksek kolesterol seviyesinin düşürülmesinde ve prostat kanseri tedavisinde de kabak tohumlarının kullanıldığı bilinmektedir (Fruhwirth ve Hermetter, 2007; Gossell-Williams, Davis ve O'Connor, 2006; H. Hong, Kim ve Maeng, 2009; Thompson ve Grundy, 2005).

Kabak tohumları içerdikleri %35-50 yağ içeriği nedeni ile yağlı tohum olarak değerlendirilmekte olup, İspanya, İtalya, Çek Cumhuriyeti ve Macaristan gibi ülkelerde insan beslenmesinde yemeklik yağ olarak kabak tohumu yağları kullanılmaktadır (Seymen, 2020a, 2020b). Kabak tohumu yağı %78 oranında doymamış yağ içermenin yanında omega-3 ve omega-6 yağ asitlerini de içermektedir. Ayrıca iyi bir A, C ve E vitamin kaynağı olan kabak tohumları, demir, çinko, magnezyum, kalsiyum, fosfor ve potasyum bakımından da zengindir. Kabak tohumunda bulunan yüksek çinko elementi birçok enzimin aktivitesinde rol oynamaktadır. İhtiva ettiği yüksek mineraller nedeniyle antienflamatuar özellik gösterir, yanık tedavisinde, akne durumlarında, antiaging ürünlerde ve masaj yağı olarak kullanımları da mevcuttur (Düzeltir, 2004). Yüksek E vitamini, yağ ve β-sitosterol değerleri ile birçok ilacın bileşeni olarak yer almaktadır (Ondigi vd., 2016; Zakaria vd., 2014). B vitaminleri bakımından da zengin içeriğe sahip olan kabak tohumları, riboflavin, tiamin ve niyasin de içermektedir (Düzeltir, 2004).

C. pepo otsu ve tek yıllık bir bitkidir. Sert yapıdaki sürünücü gövdesi 50-100 cm uzunluğunda olup, dikenlidir ve üzerinde tüylere sahiptir. Kazık kök sitemine sahip olan bu bitkide, merkezde bir kazık kök bulunup etrafı saçak köklerden oluşmaktadır. Saçak köklerin yayılması 1-1,5 m'ye kadar uzanabilmektedir. Kabak bitkisine ait yapraklar oldukça uzun saplı olup tüylü bir yapıya sahiptir (Akbaş, 2020). Ayrıca parçalı veya dilimli yapıda olan yapraklar oldukça büyüktür. Monoik bir bitki olan kabakta, erkek çiçekler uzun saplı ve sarı ya da turuncu renkli iken dişi çiçekler aynı

renkte fakat kısa saplıdır (Şekil 2.1) (Moon, Meru ve Meru, 2018). Erkek çiçekler Türk mutfağında dolma yemeği için de kullanılmaktadır. Kabakların vejetasyon süresi yaklaşık olarak 100 gündür (Özdüven, 2016).



Şekil 2.1 *C. pepo* bitkisinin (a) çiçekleri ve (b) meyvesi (URL, 2022b, 2022c)

Kabak bitkisi değişik iklim koşullarında yetişebilen bir bitki olsa da sıcak iklimi seven bir bitkidir ve 10°C'nin üzerindeki koşullarda gelişim göstermekte olup en iyi gelişimi ise 20-25°C'de göstermektedir. 10°C'nin altında olan ortamlarda gelişim yavaşlamaktadır. Daha düşük sıcaklıklarda ise donma zararları meydana gelmektedir. Yine 32°C'nin üstündeki sıcaklıklarda ise kabak bitkisinin verimliliği azalır (Aslan, 2021). Kabak bitkisi gün ışığını sever ve ışık almayan bölgelerde yetiştirmek uygun değildir. Hemen hemen her türlü toprakta yetiştirilebilen kabak bitkisi, humuslu, mineral madde bakımından zengin ve orta ağırlıktaki topraklarda yetiştirilmektedir (Sali, 2014). Su tutma kapasitesi yüksek olan toprakları seven kabak gelişimi için toprak pH'ı 6-7 arasında olmalıdır (Aslan, 2021).

Kabakgillerin tarımı ekonomik olarak hem dünyada hem de ülkemizde önemli bir gelir kaynağıdır. Bitkinin tarımında Çin dünyada birinci iken ülkemiz ise sekizinci sıradadır (URL, 2022a). 2016-2020 yılları arası kabak üretimi incelendiğinde kabak üretiminin %43 oranında artış göstermesi (Tablo 2.2), kabak yetiştiriciliğinin ülkemiz için ekonomik önemini ortaya çıkarmaktadır.

Tablo 2.2 2016-2020 arasında dünyada kabak üretimi (ton cinsinden) (URL, 2022a)

	2016	**2017**	**2018**	**2019**	**2020**
Çin	7,34 milyon	7,41 milyon	7,48 milyon	7,41 milyon	7,43 milyon
Hindistan	5,06 milyon	5,11 milyon	5,14 milyon	5,10 milyon	5,11 milyon
Ukrayna	1,21 milyon	1,16 milyon	1,34 milyon	1,35 milyon	1,27 milyon
Rusya	1,20 milyon	1,17 milyon	1,19 milyon	1,20 milyon	1,14 milyon
ABD	779,32 bin	722,10 bin	698,85 bin	1,04 milyon	1,05 milyon
İspanya	678,65 bin	702,25 bin	717,65 bin	734,64 bin	775,09 bin
Meksika	677,05 bin	710,63 bin	776,07 bin	734,64 bin	775,09 bin
Türkiye	490,00 bin	580,62 bin	616,78 bin	590,41 bin	698,05 bin
Bangladeş	290,84 bin	594,68 bin	600,14 bin	634,95 bin	671,26 bin
Toplam	26,15 milyon	26,57 milyon	27,05 milyon	27,23 milyon	27,90 milyon

Kabak tohumlarının ilk defa günümüzden yaklaşık onbin yıl önce Meksika'da yaşayan Guila Naquits yerlileri tarafından yetiştirildiği ve yapılan arkeolojik kazılarda bilinen en eski mısır ve fasulye tohumlarından 4000 yıl önce dahi var oldukları tespit edilmiştir (Smith, 1997). *C. pepo* ve *C. moschata*'nın Amerika kökenli olduğu *C. maxima*'nın ise Asya kökenli olduğu bilinmektedir (Ekinci, 2020). Ülkemize ise kabak tohumlarının Yunanistan'dan girdiği ve Trakya Bölgesi üreticileri ile ülkeye yayıldığı bilinmektedir (Düzeltir, 2004; Ekinci, 2020). Günümüzde ise çerezlik kabak yetiştiriciliği Nevşehir, Kayseri, Aksaray, Ankara ve Trakya Bölgesi'nde yoğunlaşmıştır. Ülkemizde kabak üretiminin 2016-2020 yılları arası miktarı (ton) incelendiğinde Konya'da üretimin %68, Eskişehir'de %67, Nevşehir'de ise %48 oranında artış gösterdiği tespit edilmiştir (Tablo 2.3).

Tablo 2.3 Ülkemizde 2016-2020 yıllarında yüksek üretim yapan illerin kabak üretimi ve ekili alanlar (Ön Fizibilite Raporu, 2021)

		2016	2017	2018	2019	2020
Ekili Alan (daa)	Nevşehir	172,969	187,158	211,654	208,826	217,550
	Kayseri	313,101	315,896	324,520	336,888	358,625
	Konya	30,620	37,259	66,380	34,001	51,601
	Aksaray	45,960	44,950	45,051	44,763	47,050
	Eskişehir	18,926	19,212	28,352	22,793	27,937
Üretim miktarı (ton)	Nevşehir	13,513	14,270	16,403	16,673	20,064
	Kayseri	15,053	12,665	16,751	16,706	16,920
	Konya	3,928	4,600	8,982	4,468	6,617
	Aksaray	4,028	3,977	4,242	4,849	5,211
	Eskişehir	1,842	2,069	3,196	2,598	3,081

2.2 Bitkilerde Stres Kavramı

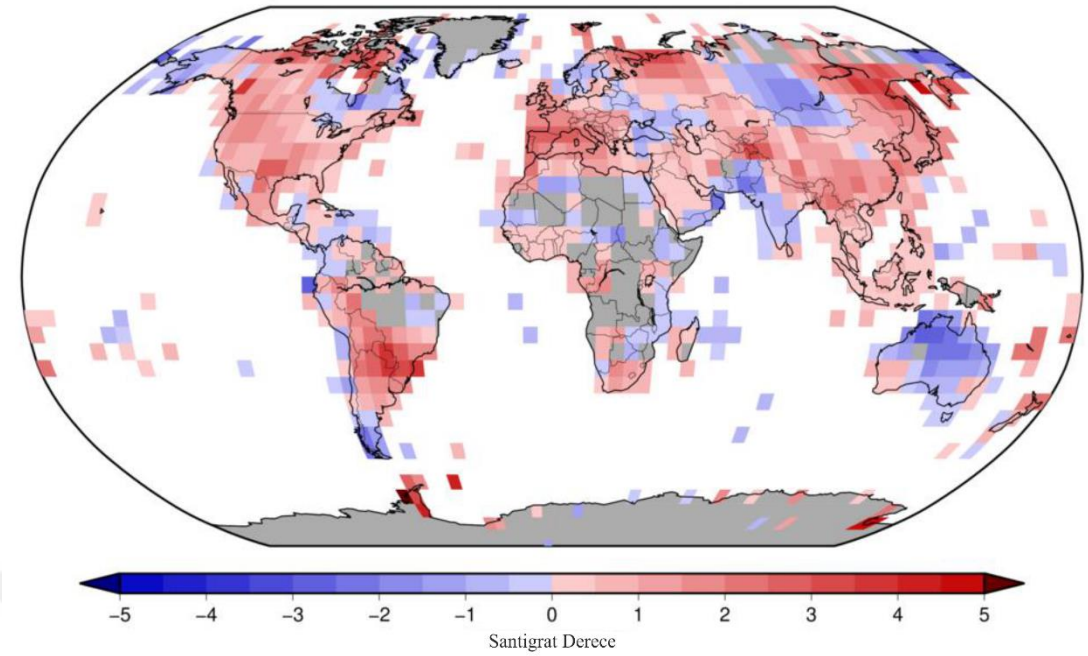
Bitkilerde stres kavramı; bitkinin büyümesini, üretkenliğini, gelişimini olumsuz etkileyerek, bitkinin fizyolojisinde ve metabolizmasında değişimlere sebep olan durumların bütünü olarak açıklanmaktadır (Umar vd., 2021; Verma, Nizam ve Verma, 2013). Sıklıkla stres faktörlerine maruz kalan bitkiler, yaşamlarını devam ettirmek için stres faktörlerinin etkinliğini azaltan önleyici mekanizmalar geliştirirler ya da stres faktörlerini tolere ederler. Bitkinin maruz kaldığı stres faktörleri gen ekspresyonunu, hücresel metabolizmayı, mahsul verimini etkilemektedir. Bir bitki stresi genellikle çevre koşullarındaki bazı ani değişiklikleri yansıtır. Bununla birlikte, strese dayanıklı bitki türlerinde, belirli bir strese maruz kalmak, zamana bağlı bir şekilde bu spesifik strese alışmaya yol açar (Umar vd., 2021; Verma vd., 2013). Bitki stresi, abiyotik stres ve biyotik stres olmak üzere iki ana kategoriye ayrılmaktadır. Bitkilere çevre tarafından uygulanan abiyotik stres yüksek sıcaklık, tuz, ışık, su, pH gibi fiziksel veya kimyasal olabilirken; virüsler, nematodlar, fungus, bakteriler, böcekler gibi bitki ile aynı ortamı paylaşan ve bitkileri etkileyen organizmalar da biyotik stres faktörlerini oluşturabilir (Umar vd., 2021). Meydana gelen stres, bitki tarafından karşılanabilir

seviyede ise bitki cevabı normalleşir ve stres geçici bir durum olarak kabul edilir. Abiyotik ve biyotik koşullara karşı bitkinin verdiği yanıt, kısa süreli fizyolojik veya evrimsel süreç sonunda gelişen mekanizmalar ile oluşan ve daha uzun dönemli ise adaptasyon şeklinde olabilir. Ancak stresin bitki tolerans kapasitesini aştığı durumlarda bitkilerde kalıcı hasarlar meydana gelebilir (Mosa, Ismail ve Helmy, 2017).

Abiyotik stresler; bitkinin büyümesini, üremesini veya yaşamını etkileyen, çoğunlukla çevresel veya beslenme gibi biyolojik olmayan faktörlerdeki değişikliklerin sonucudur. Yüksek sıcaklık, kuraklık, tuz ve düşük sıcaklık abiyotik stresler arasında en yaygın görülen streslerdendir. Meydana gelen stres koşulları bitkilerde morfolojik, fizyolojik ve moleküler değişikliklere neden olmaktadır. Bitkiler bu gibi durumlarda tepki geliştirir ve bu tepkiler stresten etkilenen dokuya bağlı değişiklik gösterebilmektedir. Örneğin, kuraklık stresi köklerde ve yapraklarda farklı tepkilere neden olmaktadır. Transkripsiyonel yanıt dokulara ve hatta hücrelere özgüdür (Cramer vd., 2011). Bitki büyümesinde azalma, çimlenmede zorluklar, hücrelerde senesencing, verimde düşüş, bitki gelişiminde; fotosentezde, su alınımında ve azot asimilasyonunda azalma, metabolizmada toksik atıkların birikmesi, solunumda ve terlemede değişiklik bitki fizyolojisinde; enzim aktivitesinde ve protein sentezinde düşüş, zar sistemlerinde ve makro moleküllerde düzensizlik, gen ifadesinde meydana gelen değişimler moleküler seviyede bitkinin strese karşı oluşturduğu tepkiler olarak belirlenmiştir (Mosa, Ismail ve Helmy, 2017).

2.2.1 Yüksek Sıcaklık Stresi

Küresel ısınma nedeni ile ciddi boyuta ulaşan yüksek sıcaklık stresi tarım alanlarının yapısını da değiştirmektedir (Connor, Schwabe, King ve Knapp, 2012). Dünya genelinde meydana gelen sıcaklık artışı (Şekil 2.2), bitkilerin büyümesi ve özellikle mahsul veren tarım bitkilerinin verimliliği konusunda endişe yaratacak noktaya gelmiştir. 21. yüzyılın ilk yarısında meydana gelmesi öngörülen sıcaklık artışı (1-2°C) ve yağışların azalmasının tarım alanlarını olumsuz etkileyeceği raporlanmıştır (Connor vd., 2012; Francesco N. Tubiello, Soussana ve Howden, 2007; Francesco Nicola Tubiello ve Rosenzweig, 2008).



Şekil 2.2 1991-2020 yılları arasında toprak sıcaklığında meydana gelen değişim (NOAA, 2022)

Bitkiler yaşamlarını devam ettirebilecekleri sıcaklıklara göre sınıflandırılmıştır: Psikrofiller 15-20 °C, mezofiller 35-45 °C ve termofiller 45 °C üzeri sıcaklıklarda yaşayabilen bitki grupları olarak tanımlanmıştır (Levitt, 1980). Yüksek sıcaklık stresine maruz kalan bitkiler aşırı solunumdan ve bunun sonucu olarak yüksek enerji harcamalarından dolayı çok zorlanmaktadır. Günlük ya da mevsimsel olarak yüksek sıcaklık stresine maruz kalabilen bitkiler, uzun süreli orta derece sıcaklıklara maruz kalmaya dayanabilir ancak yüksek sıcaklığa karşı direnç mekanizması farklı olabilmektedir (Saunders, 1991).

Yüksek sıcaklık stresi, bitkilerin gelişiminde geri dönüşü olamayan hasarlara neden olabilir. Ayrıca yüksek sıcaklık stresine maruz kalan bitkilerde fotosentezin meyve veya tohum üretimine katkıda bulunma süresini kısaltan üreme gelişiminin hızını artırabilir. Bitkiler, yüksek gündüz veya yüksek gece sıcaklıklarından ve yüksek hava veya yüksek toprak sıcaklıklarından farklı şekillerde zarar görebilir (Hall, 2022). Sıcaklık stresi, sıcaklığın yoğunluğu, stresin süreleri ve sıcaklıktaki artış hızı bitkiyi ve bitkinin stres yanıtını değiştirmektedir. Özellikle yüksek toprak sıcaklığı, çimlenme ve vejatatif büyümeyi engellemektedir. Vejetatif aşamada yüksek sıcaklık stresi, fotosentezin bileşenlerine zarar verebilir ve karbondioksit asimilasyon oranlarını

azaltabilir (Al-Khatib ve Paulsen, 1999; Hall, 2022). Yüksek sıcaklığa maruz kalan ve adapte olan pirinç ve incir darısı bitkilerinde fotosistem II sisteminde ısıya daha duyarlılık tespit edilmiştir. Aşırı sıcağa maruz kalan yaprak dokusunda elektrolit sızıntısı belirlenmiş ve bitkinin erken ölümüne neden olabileceği bildirilmiştir (Al-Khatib ve Paulsen, 1999; Blum, Klueva ve Nguyen, 2001). Fakat yüksek sıcaklığa maruz kalan ve yüksek sıcaklıklara adapte olan pirinç ve incir darısı bitkilerinde fotosistem II sisteminde ısıya daha duyarlılık tespit edilmiştir (Al-Khatib ve Paulsen, 1999). Yüksek sıcaklıkta yetişen bitkilerde üreme organlarında zarar meydana geldiği ve erkek kısırlığına da neden olduğu belirlenmiştir (Nielsen ve Hall, 1985). Bitkiler yüksek sıcaklık stresine karşı büyük oranda düşük moleküler ağırlıklı ısı şoku proteinleri sentezler. Yüksek sıcaklık stresine maruz bırakılan mısır bitkisinde ifade edilen genlerin ısı şoku proteini genleri ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (Jorgensen ve Nguyen, 1994).

2.2.2 Kuraklık Stresi

Kuraklık uzun bir dönem yağışın olmadığı ve topraktaki suyun bitkilerin gelişimine katkıda yetersiz kaldığı dönemdir. Yağış almayan dönemde seyreden kuraklık; toprağın su kapasitesi, toprakta meydana gelen buharlaşma, yağışsızlığın süresi, sıcaklığın derecesi, yüksek nem, şiddetli rüzgâr ve sıcak günlerin uzunluğu gibi faktörlere göre değişiklik göstermekte ve etkisi de değişmektedir (Gürel ve Avcıoğlu, 2001; Örs ve Ekinci, 2015; Öztürk, 2002; Partigöç ve Soğancı, 2019). Şiddetli güneşlenme ve şiddetli rüzgâr nedeni ile hızlı nem düşüşü akut kuraklığa ve bitkilerde ani gelişen su kayıplarına neden olur. Bitki sürgünlerinde kuruma başlar, verim azalır, büyüme yavaşlar ve durur. Solgunlaşma noktası aşılmazsa bitki su aldığında meydana gelen solmalar giderilebilir (Çırak ve Esendal, 2006; Partigöç ve Soğancı, 2019). Yer altı su seviyesinin düşmesi sonucu meydana gelen kronik kuraklık neticesinde önce bitkilerde solgunluk daha sonra kuruma meydana gelir. Bitkide aşırı su kaybı ile hücre ve enzim yapıları bozulur. Dayanıksızlaşan bitki, zararlılara ve hastalıklara karşı hassas hale gelir (Kalefetoğlu ve Ekmekçi, 2010). Farklı nedenlerden dolayı bitkinin topraktaki yeterli suyu alamaması durumuna ise fizyolojik kuraklık denmektedir. Fizyolojik kuraklık nedenlerinden biri toprakta tuz seviyesinin yüksek olmasıdır. Bu

durumda toprağın su tutma kapasitesinin yüksek olmasından dolayı bitki suyu kullanamaz ve sudan yararlanamaz (Çırak ve Esendal, 2006).

Kuraklık stresi, bitkilerde fizyolojik ve metabolik etkilere neden olmaktadır. Bitkide su kaybı başlar, bitki öz suyu konsantrasyonu azalması ile hücrelerde plazmoliz gerçekleşir ve turgor basıncı düşerek fizyolojik stres başlar (Gökkaya, 2016). Azalan turgor basıncı ile bitkide kalıcı hasarlar başlar ve büyüme yavaşlar. Hücre içerisinde azalan su nedeni ile biriken iyonlar ve amino asitlerin su ile etkileşimleri bozularak proteinlerin yapısını ve membran bütünlüğünün bozulmasına sebep olmaktadır. Protein denatürasyonu, DNA ve RNA'da degredasyon gibi metabolik yıkımlar meydana gelmektedir (Gökkaya, 2016; Kalefetoğlu ve Ekmekçi, 2010). Kuraklık stresi koşullarında birçok morfolojik değişim de meydana gelmektedir. Bitkide fotosentez hızında azalma ve filiz gelişiminde gerileme meydana gelir. Kuraklık sürecinde fotosentez ürünleri kök bölgesine taşınır ve kök gelişimi artar. Su kaybını engellemek amacı ile bitki yaprak dökerek yüzey alanını küçültür. Kuraklık stresinde bitki yüzeyleri tüylerle kaplanır ve bu tüyler sıcaklığı birkaç derece azaltmaktadır. Bitkiler ayrıca kütikula tabakası oluşturarak su kaybının önüne geçmeye çalışır (Göksoy ve Turan, 1991). Kuraklık stresine maruz kalan bitkide nükleik asit (NA) metabolizmasında bozulma ve NA sentezinde azalma meydana geldiği tespit edilmiştir (Çırak ve Esendal, 2006). Kuraklık stresine maruz kalan bitkilerde hormonal dengelerde de bazı değişimler meydana gelmektedir. Absisik asit (ABA) stomaların kapanmasını sağlar ve karbondioksit (CO_2) absorbsiyonu azalır böylelikle bitkide su kaybının önüne geçilmeye çalışılmaktadır (Peltzer, Dreyer ve Polle, 2002). Kuraklık stresi ile karşılaşan bitkinin CO_2 özümsemesini azaltması ile beraber kloroplastta süperoksit (O_2^-), hidrojen peroksit (H_2O_2), hidroksil (OH^-), singlet oksijen ($^1O_2$) ve nitrik oksit (NO) gibi reaktif oksijen türlerinde (ROT) artış meydana getirmektedir (Gökkaya, 2016; Peltzer vd., 2002).

Kuraklığa maruz kalan bitkilerde, kuraklığa duyarlı genlerin ifadesi için çeşitli sinyal iletim yolları önemli rol oynar. Kuraklık stresine duyarlı olan genlerin ifadesi sonucunda protein kinaz, protein fosfataz ve transkripsiyon faktörleri gibi transkripsiyon düzenlemede rol alan faktörler, mRNA bağlanma proteinleri, antifiriz proteinleri, osmotin, geç embriyogenez proteinleri ve ısı şoku proteinleri gibi bitki

savunmasında rol oynayan sinyal iletim ağları aktifleştirilir (Kaur ve Asthir, 2016; Nakashima vd., 2014).

2.2.3 Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stresi

Bitkilerin abiyotik stres koşulları üzerine yapılan çalışmalarda genellikle tek stres faktörünün etkilerine yoğunlaşılmaktadır. Fakat doğal ortamında bitkiler birden fazla stres kombinasyonuna maruz kalmaktadırlar. Kuraklık, tuz, yüksek sıcaklık, düşük sıcaklık gibi abiyotik stres faktörleri mahsul verimliliğini kısıtlamanın yanında ekonomik ve sosyolojik etkilere neden olmaktadır. Bitkiler sabit organizmalar olmaları nedeni ile elverişsiz koşullarda büyüme ve gelişmelerini düzenlemek zorundadırlar. Bu zor koşullara karşı mücadele etmek amacı ile moleküler, hücresel ve fizyolojik mekanizmalar geliştirilmiştir. Stres kombinasyonlarına tolerans, farklı sinyal iletim yolları arasında çoklu yolaklar gibi birçok etmeni içermektedir (Peleg ve Smith, 2022).

Kuraklık ve yüksek sıcaklık stres kombinasyonunun, streslerin ayrı ayrı uygulandığı durumlara kıyasla bitki büyümesi ve üretkenliğine olan olumsuz etkisinin daha yüksek oranda olduğu raporlanmıştır (Barnabás, Jäger ve Fehér, 2008; Keleş ve Öncel, 2002; Zandalinas, Balfagón, vd., 2016a; Zandalinas vd., 2018). Buğday, semizotu, Arabidopsis, arpa, tütün ve narenciye bitkilerinde yüksek sıcaklık-kuraklık stres koşullarında genel olarak benzer fizyolojik tepkiler görüldüğü fakat streslerin ayrı ayrı uygulanmasına kıyasla bitkilerde daha ciddi hasara yol açtığı belirtilmiştir (Jin, Wang, Liu, Gou ve Chan, 2015; Rizhsky vd., 2004; Rizhsky, Liang ve Mittler, 2002; Rollins vd., 2013; Zandalinas vd., 2016b; Zandalinas, vd., 2016). Bitkilerin stres koşullarına vermiş oldukları tepkiler gelişim evrelerine bağlı olarak değişim göstermektedir. Örneğin, yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine maruz bırakılan buğdayda, yüksek sıcaklık polen verimliliği ve tane sayısına; kuraklık ise tane ağırlığına, çiçek gelişimine ve ovül işevlerine olumsuz etki etmiştir. Her iki stres beraber uygulandığında ise üreme dokuları ve mahsul veriminin olumsuz yönde etkilendiği raporlanmıştır (Prasad, 2011).

Yüksek sıcaklık-kuraklık stresinin kombine ve ayrı ayrı uygulandığı bitkilere ait transkriptom analizi sonuçları incelendiğinde kombine stresin yeni ve farklı bir transkript profili ile sonuçlandığı görülmüştür. *A. thaliana*, tütün, durum buğdayı ve sorgumda yüksek sıcaklık-kuraklık stres kombinasyonunda farklı bir transkriptom sonucu verdiği belirlenmiştir (Blumwald, 2010; Johnson vd., 2014; Pandey, Ramegowda ve Senthil-Kumar, 2015; Prasad vd., 2011; Rampino vd., 2012; Rizhsky vd., 2004, 2002). Yüksek sıcaklık-kuraklık stresi koşullarında yetiştirilen *A. thaliana* bitkisine ait transkript analizinde, farklı ısı şoku proteinleri, MYB transkripsiyon faktörleri, protein kinaz proteinlerini kodlayan 770'den fazla transkript ifadesinin değiştirdiği raporlanmıştır (Rizhsky vd., 2004). Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres altında yetiştirilen tütün bitkilerinde, özellikle sHsp, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100, fenilalanin amonyak liyaz (PAL) proteinlerini, WRKY transkripsiyon faktörlerini ve etilen transkripsiyonal ko-aktivatörlerini kodlayan genlere ait transkriptlerin yüksek ifade edildiği görülmüştür (Rizhsky vd., 2002).

2.3 Isı Şoku Proteinleri (Hsp) ve Faktörleri (Hsf)

Isı şoku proteinleri (Hsp) İtalyan bilim insanı F. Ritossa'nın, *Drosophila melanogaster* model organizmasını yüksek sıcaklık stresine maruz bıraktıktan sonra gen ifadesinde bir atış görmesi ile keşfedilmiş (Ritossa, 1962) ve bu proteinler daha sonra Hsp olarak adlandırılmıştır (Tissiéres, Mitchell ve Tracy, 1974). Isı şoku proteinleri yüksek sıcaklık stresi ile karşılaşılan durumlarda sinyal mekanizmasını tetikleyerek savunma mekanizmasında rol aldıkları belirtilmiştir (Augustine, 2016; Shinozaki, Yamaguchi-Shinozaki ve Landes Compan, 1999). Yüksek sıcaklık stresi altında ifadesi artan *Hsp* genlerinin, diğer abiyotik stres faktörleri ile de ifade seviyesinde artış gözlenmiştir (Boston, Viitanen ve Vierling, 1996; Shinozaki vd., 1999). *Hsp* genleri promotör bölgelerinin ısı şoku faktörlerince (Hsf) aktive edilmesi ile ifade edilmektedir. Hsp'ler yaklaşık moleküler ağırlıklarına göre sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 olmak üzere 6 grupta sınıflandırılmıştır (A. Kumar vd., 2020).

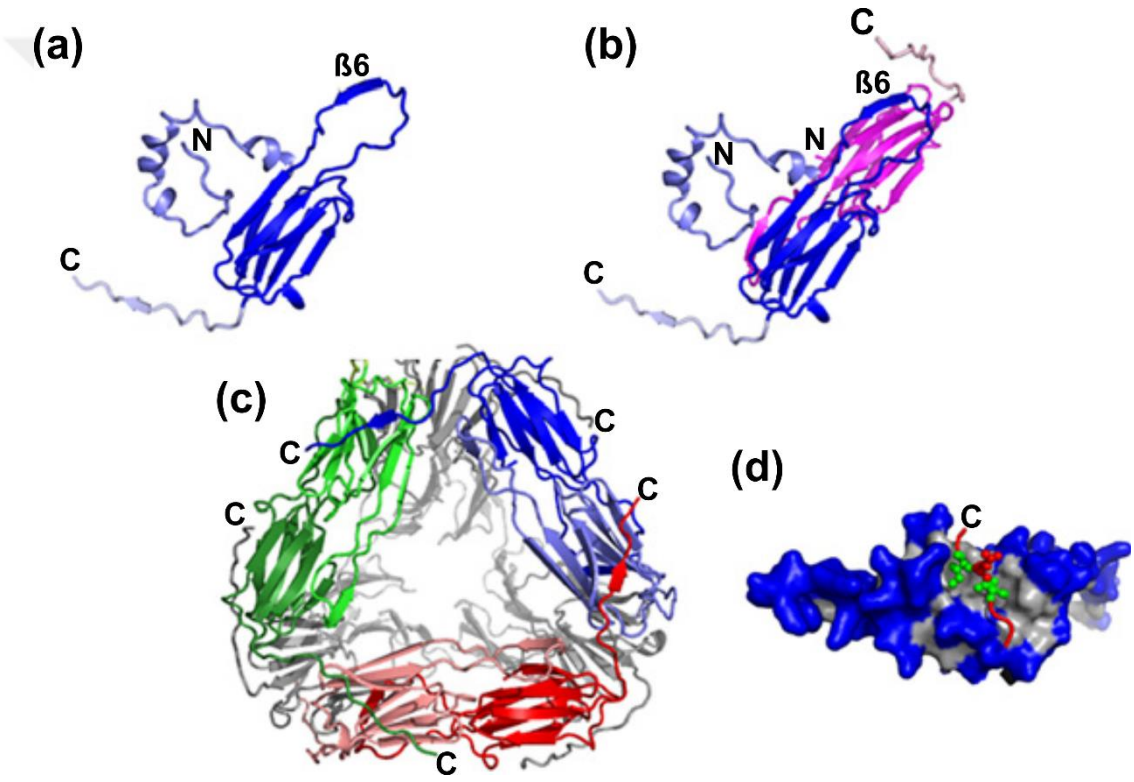
Hücre içerisinde proteinlerin fonksiyonu üç boyutlu yapılara katlanmaları ile belirlenmektedir. Hsp'ler çoğunlukla sitozolik proteinler olup, yüksek sıcaklık ve diğer stres koşullarında indüklenirler ve hücre içerisinde önemli fonksiyonlara sahip

olan diğer proteinlerin katlanmasında, kümelenmesinin engellenmesinde ve yapısı bozulan proteinlerin tekrar normal hallerini almasında kritik roller üstlenirler. *Hsp*'lerin ifadesindeki artış her ne kadar stres koşullarında gözlense de, normal hücresel süreçte proteinlerin katlanmasında, translokasyonunda, birleştirilmesinde ve parçalanmasında da aktif olarak görev almaktadırlar. Ayrıca Hsp'ler, proteinlerin ve zar yapılarının stabilizasyonundan da sorumludur. Yüksek sıcaklık, kuraklık gibi abiyotik stres koşulları proteinlerin üçüncül yapılarının oluşturmasını zorlaştırır ve hatta üçüncül, dördüncül yapıdaki protein yapılarının açılmasına neden olmaktadır. Bu durum proteinlerde kümeleşmeler meydana getirir ve sonunda hücre ölümüne yol açabilir. Hsp'ler bu tür problemleri aşmak amacı ile yüksek seviyede ifade edilirler (W. Wang, Vinocur, Shoseyov ve Altman, 2004). Bunun yanında Hsp'lerin kuraklık stresine uyum sürecinde gerçekleşen biyokimyasal olayların değiştirilmesinde de rol oynadığı rapor edilmiştir (W. Wang vd., 2004).

2.3.1 Küçük Isı Şoku Proteinleri (sHsp)

Küçük ısı şoku proteinleri (sHsp), hücre içerisinde geniş bir dağılım gösteren moleküler şaperonlardır ve moleküler ağırlıkları 12 ila 42 kDa arasındadır. sHsp'lerin ortak yapısında karboksil ucunda 80-100 amino asit uzunluğunda alfa kristalin bölge (alpha crystallin domain, ACD) bulunmaktadır (Seo, Lee, Park ve Lee, 2006). Bitkilere ait sHsp'nin amino uçlarında ise kloroplast, endoplazmik retikulum (ER) ve mitokondri için organel hedefleyen ve lokalize olan diziler mevcuttur (Waters, Lee ve Vierling, 1996; Waters ve Vierling, 1999). sHsp'leri diğer Hsp protein gruplarından ayıran en önemli özelliklerinden bir tanesi yanlış katlanan proteinlerin parçalanmasını sağlamalarıdır. sHsp'lerin bir diğer ayırt edici özelliği ise, ATP'den bağımsız olarak aktivite gösterebilmeleridir (Miernyk, 1999). sHsp'ler proteinlerin katlanmasında direkt görev üstlenmemekle birlikte (Şekil 2.3), Hsp70 ile birleşerek denatüre olmuş proteinlerin onarımına yardımcı olabilmektedir (G. J. Lee ve Vierling, 2000; van Montfort, Basha, Friedrich, Slingsby ve Vierling, 2001). *Pisum sativum* ve *Synechocystis* spp. türlerinde yapılan çalışmalarda, Hsp70/Hsp100 kompleksleri tarafından yeniden katlanmış proteinlerin inşasında sHsp 16.6'nın rol aldığı görülmüştür (Mogk vd., 2003). Ayrıca sHsp'ler membranın kontrolünde önemli bir rol oynayarak stres koşullarında membran bütünlüğünü korumaktadır (Nakamoto ve

Vígh, 2006). Domateste yapılan çalışmada özellikle stres koşullarında sHsp'lerin membran kontrolünde önemli bir rol oynadığı ve membran bütünlüğünün korunmasında potansiyel katkı sunduğuna dair sonuçlar sunulmuştur (Snyman ve Cronjé, 2008). Yüksek sıcaklık (Jaya, Garcia ve Vierling, 2009; Volkov, Panchuk, Mullineaux ve Schöffl, 2006), kuraklık (Sato ve Yokoya, 2008), oksidatif stres (Neta-Sharir, Isaacson, Lurie ve Weiss, 2005; Volkov vd., 2006), düşük sıcaklık (Guo, Zhou, Zhang, Li ve Meng, 2007), tuz (W. Sun, Bernard, van Cotte, van Montagu ve Verbruggen, 2001) ve ABA (Zahur vd., 2009) uygulamasına maruz bırakılan bitkilerde sHsp miktarının önemli bir artış gösterdiği belirlenmiştir.



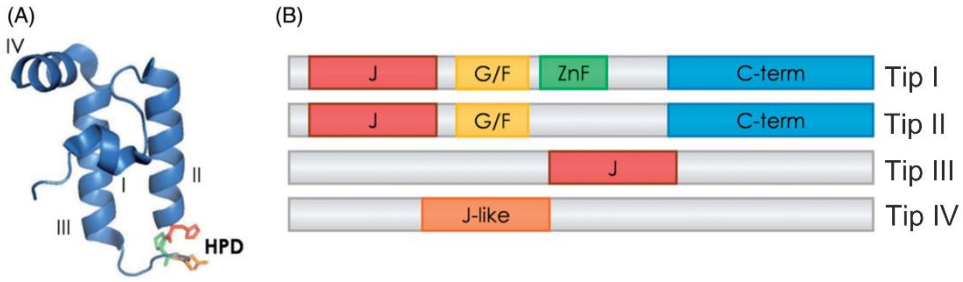
Şekil 2.3 sHsp proteine ait (a) monomer yapısı, (b) dimer yapısı, (c) üç boyutlu yapı, (d) üç boyutlu yapı (Waters ve Vierling, 2020)

sHsp'ler çoğunlukla sitozolde yerleşim göstermektedir bununla beraber hücresel bölümlendirme, dizi hizalamaları ve immünolojik çapraz reaktivitelerine göre altı sınıfa ayrılmaktadırlar: Üç sınıf sitoplazma veya çekirdekte, diğer üç grup ise kloroplast, endoplazmik retikulum ve mitokondride lokalize olmuştur (Helm, Petersen ve Abernethy, 1989; Jaya vd., 2009). C3, C4, CAM, monokotiledon ve dikotiledon türler olmak üzere altı farklı kapalı tohumlu bitki yüksek sıcaklık stresi koşullarında

bırakılmış ve sHsp'nin plastidlerde miktarının artış gösterdiği tespit edilmiştir (Downs ve Heckathorn, 1998). Farklı sHsp üyeleri amino asit düzeyinde yüksek sekans homolojisi paylaşırlar, aynı filogenetik sınıfın üyelerine ait farklı bitki türleri arasında sHsp'ler homologdur; ancak farklı sınıflardan gelen sHsps'ler düşük sekans benzerliklerini paylaşır (W. Sun, van Montagu ve Verbruggen, 2002).

2.3.2 Isı şoku proteinleri 40 (Hsp40)

DnaJ olarak da bilinen Hsp40 protein ailesi bakterilerden yüksek bitkilere kadar hemen hemen tüm organizmalarda ifade edilen proteinlerdir. Bu proteinler Hsp70 proteinlerinin işlevinde önemli roller üstlenmektedir ve hücre içerisinde Hsp40 proteinleri, Hsp70 proteinlerinden daha fazla yüksek yapısal ve dizi farklıkları göstermektedir. Hsp40 proteinleri sadece bu aileye özgü olan ve yaklaşık olarak 70 amino asit uzunluğundaki α sarmal bölge olan J domainine sahiptir (R. K. Singh, Gupta ve Prasad, 2019). J domanini yüksek oranda korunmuştur ve işlevsel olarak önemli olan HPD motifi içermektedir (Şekil 2.4). Hsp40 proteinleri Hsp70 ile J domaininde etkileşim kurar ve HPD tripeptidi, ATPaz aktivitesinin düzenlenmesini sağlamaktadır (C.-Y. Fan, Lee ve Cyr, 2003; Walsh, Bursać, Law, Cyr ve Lithgow, 2004). Hsp40 proteinlerinin içerebileceği korunmuş domainler arasında J domaini, glisin/fenilalanin bakımından zengin içeriğe sahip olan G/F bölgesi, çinko parmak motifi ve C-terminal bulunmaktadır. G/F bölgesi, Hsp40 proteinlerinin Hsp70 ile etkileşiminin kararlılığını sağlayan bağlayıcı bölge görevini görmektedir (Rajan ve D'Silva, 2009; Walsh vd., 2004). Çinko parmak motif bölgesi sistein açısından zengin bir bölgedir. Bu bölge denatüre olan peptitlerin izole edilmesi ve Hsp70 proteinleri ile modüle edilmesi için önemlidir (Walsh vd., 2004). C-terminal bölgesi ise nispeten daha az korunmaktadır, şaperon işlevleri ve dimerizasyon fonksiyonları için gereklidir. Hsp40 proteinleri etki alanlarının organizasyonları bakımından dört gruba ayrılmaktadır. Grup I J domaini, G/F bölgesi, çinko parmak alanı ve C-terminal alanlarının tamamını içermektedir. Grup II proteinlerinde çinko parmak motifi içermemektedir. Grup III proteinlerinde ise hem G/F bölgesi hem de çinko parmak motifi bulunmamaktadır. Grup IV proteinleri Grup III proteinlerine benzerlik gösterirken, HPD motifi yerine daha az korunmuş bir DKE motifi içermektedir (Rajan ve D'Silva, 2009).



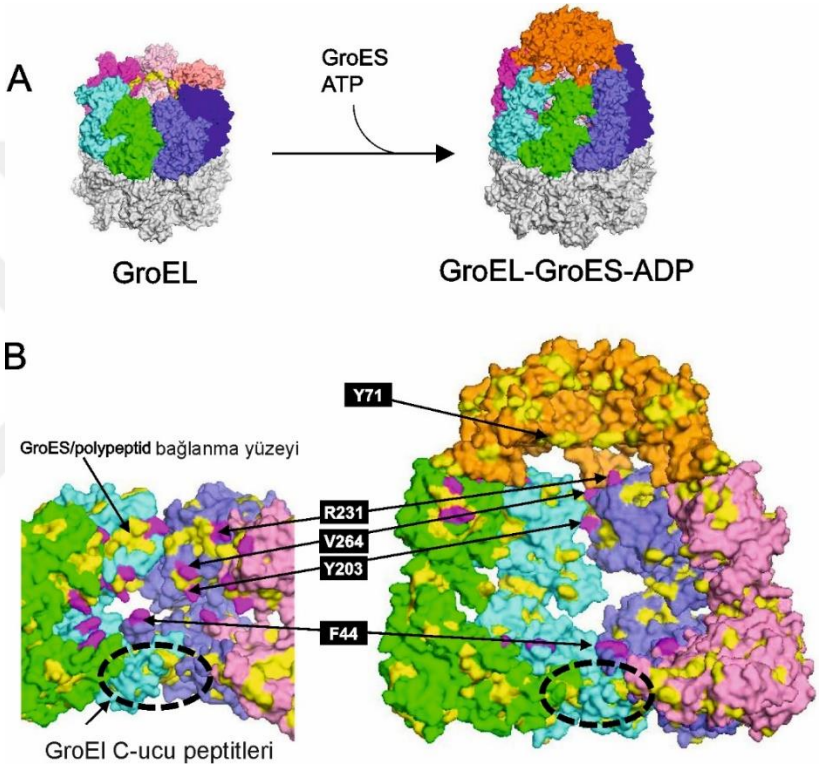
Şekil 2.4 Tipik J-domaini içeren Hsp40 proteini (a), Hsp40 proteinini yapısal olarak sınıflandırması (b) (A. K. Verma vd., 2019)

Hsp40, GrpE ile Hsp70'in koşaperonu olarak da adlandırılmaktadır. Hsp70 proteinin housekeeping ve strese cevap ile ilgili işlevlerinin düzenlenmesine yardımcı olan bu proteinler; ATP hidrolizi ve J domanine bağlanmayı sağlamaktadır. Bu fonksiyonlarının yanında proteinlerin kümeleşmesini önlemek için yanlış katlanan ya da katlanmayan substrat peptitleri ile aktif olarak birleşmektedir (Han ve Christen, 2004). Katlanmamış polipeptitler J domaini ile etkileşim kurar ve bu etkileşim Hsp70'in ATPaz aktivitesini uyarır. Hsp70-J proteini şaperon döngüsünde, Hsp70 ATP ya da ADP nükleotidlerine bağlı durumda bulunmaktadır. ATP hidrolizi sonucu Hsp70'in işleyeceği polipeptit ile ilişkisini dengede tutan ADP'ye bağlı duruma dönüşür. Nükleotid değişim faktörleri (nucleotide exchange factor, NEF) ADP ile ATP'yi değiştirerek bağlı substratın ayrışmasını sağlar ve dolayısı ile Hsp70'i başka bir döngü için harekete geçirmiş olur. Hsp70'in ilişkili koşaperonları olan Hsp40 ile tekrarlanan döngüsü, substrat proteininin uygun şekilde katlanarak ayrıştırılmasını sağlar, bu da Hsp40'ın hücre içi fizyolojik süreçlerde önemli bir rol oynadığı göstermektedir (Craig, Huang, Aron ve Andrew, 2006).

2.3.3 Isı şoku proteinleri 60 (Hsp60)

Hsp60 *E. coli* bakterisinde hem genetik hem de biyokimyasal çalışmalar doğrultusunda tanımlanan ilk şaperondur. Bu aile aynı zamanda şapeoronin 60 (cpn60) olarak da bilinmektedir (Hemmingsen vd., 1988; Vierling, 1991). En iyi karakterize edilen HSP60 proteini, *E. coli*'de keşfedilen GroEL'dir (Şekil 2.5). GroEL benzeri HSP60 homologları, bitki hücrelerinin mitokondri ve kloroplastlarında bulunmuş, ancak sitozolde bulunmamıştır (Hartl, 1996; Hemmingsen vd., 1988). Bitki kloroplast şaperonları, %50 amino asit özdeşliğine sahip Cpn60a ve Cpn60b olmak üzere iki

farklı polipeptit grubuna sahiptir. Hsp60 proteininin kloroplastta olan homologu başlangıçta ribuloz bisfosfat karboksilaz (Rubisko) bağlayıcı protein olarak tanımlanmıştır. Daha sonra ise Rubisko gibi plastid proteinlerine yardımcı olmak için önemli bir role sahip olduğu belirlenmiştir. Hsp60, proteinlere transkripsiyon sonrası ve katlanmadan önce bağlanarak, proteinlerin çökmesini engellemektedir (Jackson-Constan, Akita ve Keegstra, 2001; Parsell ve Lindquist, 1993; W. Wang, Vinocur, Shoseyov ve Altman, 2004).

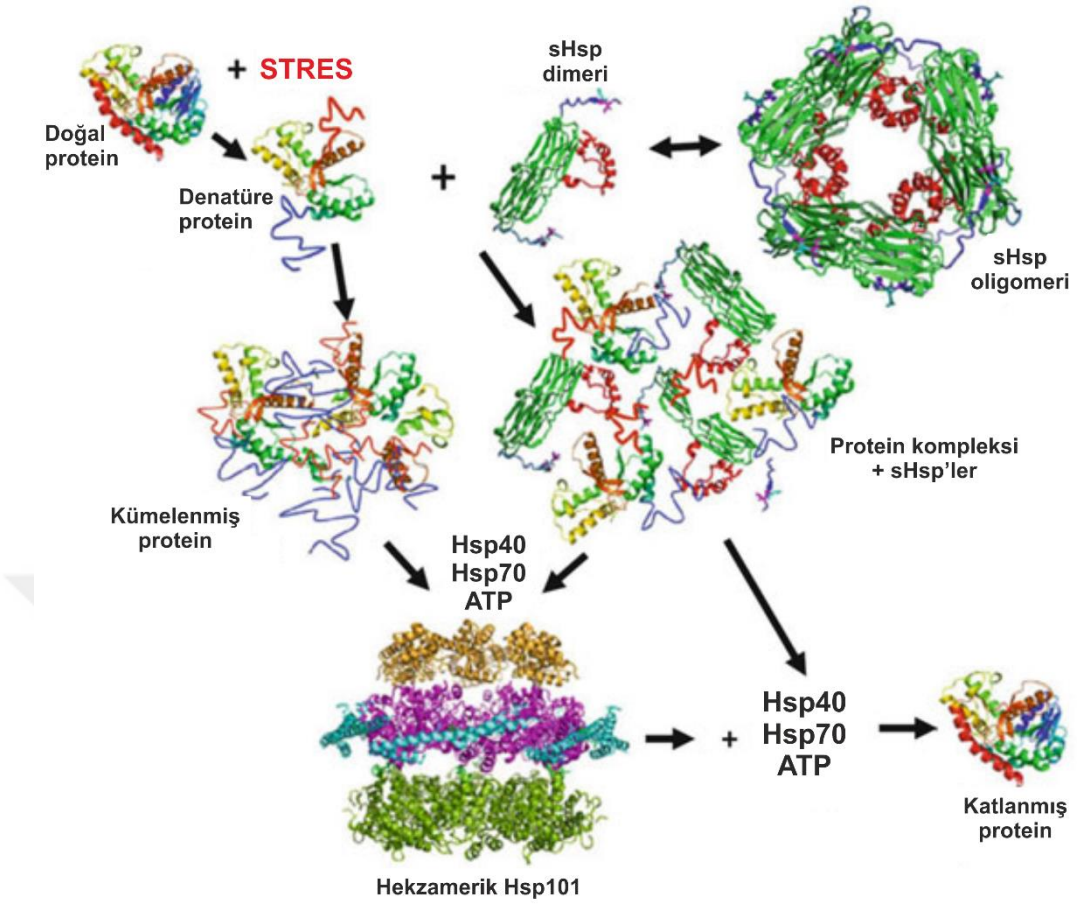


Şekil 2.5 Hsp60 proteinin yapısı (a), GroEl X-ray kristal yapısı (b) (Asea ve Kaur, 2018)

Mısır fidelerinde yapılan çalışmada yüksek sıcaklık stresi koşullarında mitokondriyal Hsp'lerin, proteinleri korumada önemli roller üstlendiği görülmüştür. Arabidopsis bitkisinde Cpn60 proteininde meydana gelen mutasyon sonucunda bitki embriyosunun ve fidenin gelişiminde kusurlar meydana geldiği gözlemlenmiştir (de Klerk ve Pumisutapon, 2008). Aynı zamanda HSP60'ın, RNA metabolizmasında, RNA'nın korunmasında ve işlenmesinde de önemli bir rol oynadığı rapor edilmiştir (Hsu vd., 2019; Ruggero, 1998).

2.3.4 Isı şoku proteinleri 70 (Hsp70)

Hemen hemen tüm organizmalarda bulunan ve yüksek oranda korunmuş moleküler şaperon ailelerinden biri olan Hsp70 proteinlerinin moleküler ağırlıkları 68 ila 110 kDa arasında değişmektedir. Hsp70 proteinlerinin iki ana domaini mevcuttur; N (amino) ucunda 44 kDa'lık bir ATPaz domaini ve C (karboksil) ucunda 25 kDa'lık bir peptit bağlayıcı domain bulunmaktadır (Boorstein vd., 1994; Reddy vd., 2010). Substrat bağlama domaini, peptit bağlama yarığının bulunduğu ve β tabakalardan oluşan bir sandviçten meydana gelmektedir. C terminalinde ise substrat bağlanması ve salınması sırasında meydana gelen konformasyonel değişiklikten sorumlu olan α heliks yapıları bulunmaktadır (Reddy vd., 2010). Ökaryotik hücrelere ait Hsp70 proteinlerinin ATP bağlayıcı proteinlerden meydana geldiği ve baz benzerliğinin ise %60-80 arasında olduğu görülmüştür (Boorstein vd., 1994; Boston, Viitanen ve Vierling, 1996). Bitki Hsp70 proteinlerinin C ucunda proteinin hücre altı konumunu ayırt edebilmek için tanımlanabilen ve bitki Hsp70'lerine özgü amino asit motifi bulunmaktadır. EEVD motifi sitozole, HDEL motifi endoplazmik retikuluma, PEAEYEEAKK motifi plastide ve PEGDVIDADFTDSK motifi ise mitokondriye özgü motiflerdir (Guy ve Li, 1998; Reddy vd., 2010).



Şekil 2.6 Hsp70/Hsp40 ve sHsp protein mekanizması (K. Wang, Zhang ve Ervin, 2016)

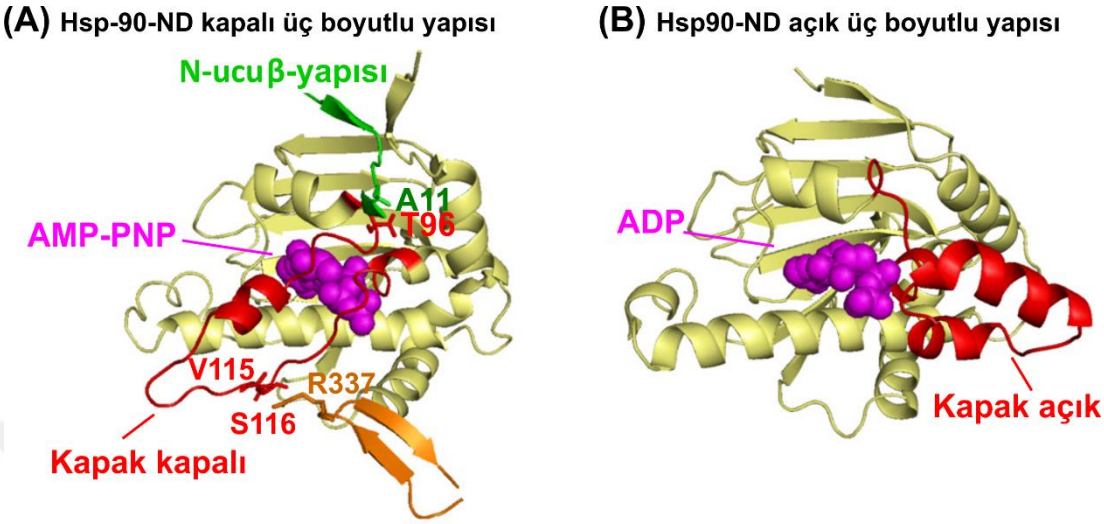
Hsp70 proteinleri hem normal koşullarda hem de stres koşulları altında proteinlerin yapılandırılmasında ve proteinlerin kümelenmesinin önlenmesinde önemli işlevlere sahiptir. Ayrıca Hsp70 proteinleri, proteinlerin taşınmasında, yer değiştirmesinde ve kararsız proteinlerin lizozomlar veya proteazomlar ile bozunmasını kolaylaştırma aşamalarında da yer almaktadır. Proteinlerin mitokondri ve endoplazmik retikuluma taşınmasında, organel ve salgı proteinlerinin membran translokasyonunda rol oynadıkları da bilinmektedir. Stresle indüklenen Hsp70'ler dışında, bazı Hsp70 homologları olarak isimlendirilen ısı şoku kökenli 70 proteinleri (HSC70), sitozolde yapısal olarak ifade edilir ve ribozomlardan salınan yeni oluşmuş proteinleri dengede tutarak, polipeptit zincirlerinin yanlış katlanmasının ve proteinlerin kümeleşmesini engellemektedir. Hsp70 proteinleri, J domain protein (JDP) ailesinin yardımcı şaperonları ile etkileşim kurarak proteinlerin kümelenmesini engellemektedir (Şekil 2.6) (Boston vd., 1996; Fink, 1999).

Stres koşulları dışında ise housekeeping faaliyetlerinde de kritik rollere sahip olduğu bilinmektedir. Hsp70'lerin redoks sinyalleşmesinde, kloroplast gelişiminde ve kloroplast ve mitokondriye protein translokasyonunda rol oynadıkları tespit edilmiştir. Arabidopsis'te yapılan bir çalışmada çimlenen tohumların farklılaşmasında ve kloroplastın stromasında yüksek sıcaklığa toleransın sağlanabilmesi için Hsp70 proteinine ihtiyaç olduğu görülmüştür (Kelley, 1999; Mayer ve Bukau, 2005).

2.3.5 Isı şoku proteinleri 90 (Hsp90)

Isı şoku proteini 90 (Hsp90) moleküler ağırlığı 82 ila 96 kDa arasında değişiklik göstermektedir. Hsp90 proteinleri diğer moleküler şaperonlardan farklı olup, bilinen substratların çoğu, sinyal kinazlar ve steroid hormon reseptörleri gibi sinyal transdüksiyon proteinleridir (Young, Moarefi ve Ulrich Hartl, 2001). Hücre içerisinde toplam proteinlerin %1-2'si olan ve en çok bulunan proteinlerden olan Hsp90 proteinleri, işlevlerini yapabilmek için ATP'ye ihtiyaç duymaktadır (Şekil 2.7). Hsp90 proteinlerinin ana rolü protein katlanmasını yönetmek olup, sinyal iletim ağlarında, hücre döngüsü kontrolünde, proteinlerin yıkımında ve protein trafiğinde önemli bir rol oynamaktadır (Pratt, Krishna ve Olsen, 2001; Young vd., 2001). Arkea hariç prokaryotlardan ökaryotlara kadar çok çeşitli organizmalar tarafından ifade edilen Hsp90 proteinleri, sinyal iletim yollarında ve transkripsiyon düzenlenmesinde yer alan iyi katlanmış proteinler ile etkileşime girmektedir (Johnson ve Brown, 2009; Young vd., 2001). Ökaryotik organizmalarda sitozolik Hsp90, indüklenebilir α-formu ve yapısal ß-formu olmak üzere iki izoformda bulunur ve bu izoformlardan en az biri, organizmanın hayatta kalması için işlevsel olarak gereklidir. Hsp90 proteinleri Hsp70 ve Hsp40 ile çoklu koşaperonlar oluşturarak protein komplekslerinin oluşumuna yardımcı olmaktadır (Sangster ve Queitsch, 2005). Hsp90 proteinleri çoğunlukla sitozol, endoplazmik retikulum ve plastitte lokalize olmuştur. Hsp90 şaperonlarının hem prokaryotlarda hem de ökaryotlarda çoğunlukla stres koşullarında ifadesi artmaktadır. Maya ve hayvan kaynaklı Hsp90 proteinleri %63-71 amino asit benzerliği göstermektedir. Arabidopsis bitkisine ait Hsp90 proteinlerinin ifadesinin gelişimsel olarak, düşük ve yüksek sıcaklıkta, ağır metal, tuz stresleri altında değiştiği raporlanmıştır. Hsp90'ın ayrıca gelişim ve morfogenezin sinyal yolaklarına katılan

mutasyona uğramış proteinlerin işlevlerine de yardımcı olduğunu belirtilmiştir (Johnson ve Brown, 2009; Pratt vd., 2001; Young vd., 2001; Zhao vd., 2005).



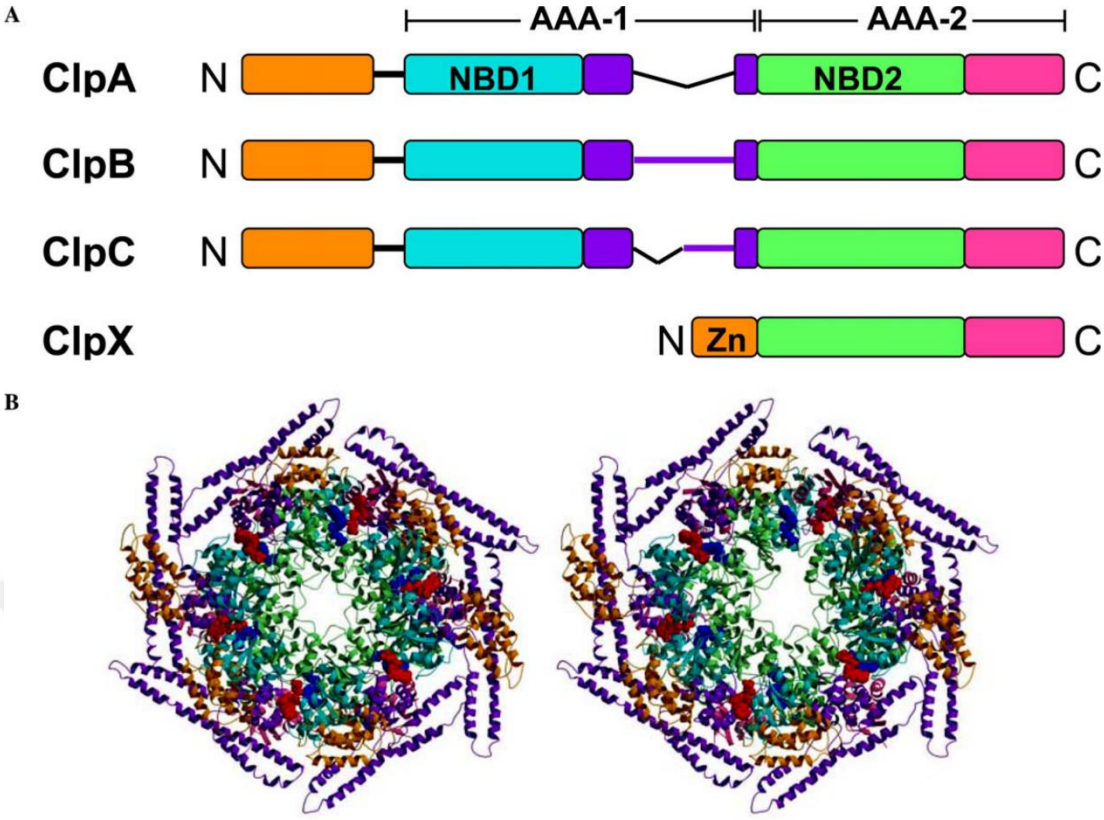
Şekil 2.7 Hsp90-ND üç boyutlu yapılarının açık (a) ve kapalı (b) halleri (Kadota ve Shirasu, 2012a)

Hsp90 ailesi çoğunlukla üç modüler yapısal alana sahip bir homodimer olarak ortaya çıkmaktadır. N-ucu, Hsp90'nın ATPaz aktivitesinden sorumlu ATP bağlanma bölgesini içermektedir. Merkez domain hidrofobik özelliktedir ve ATP hidrolizi için elzemdir. C-ucu ise tetratrikopeptit (TPR) tekrar domaini içeren ve ko-şaperonlar ile etkileşiminden sorumlu MEEVD motifi içermektedir. Hsp90 gen ailesinin amino asit dizi analizi, hücre altı lokalizasyonuna yön vermektedir. C-terminali MEEVD penta-peptid motifi sitozole özgü Hsp90 izoformları; HDEL motifi endoplazmik retikulum için imza amino asit motifleri olarak belirlenmiştir. Hsp90'lar ayrıca morfolojik evrim için bir belirteç olarak kabul edilmektedir (Sangster ve Queitsch, 2005).

2.3.6 Isı şoku proteinleri 100 (Hsp100)

AAA+ ATPaz süper ailesinin üyesi olan ısı şoku proteini 100 (Hsp100) ATP'ye bağımlı çalışan moleküler şaperonlardandır (Keeler vd., 2000; Neuwald vd., 1999; Schirmer vd., 1996). Hsp100 ilk olarak düzenleyici ATPaz/şaperonlar (ClpA ve ClpX gibi) ve proteolitik (ClpP) alt birimlerinden oluşan iki alt birimli bakteriyel Clp proteaz sisteminin bileşenleri olarak tanımlanmıştır (Şekil 2.8). Hsp100 ailesi iki ana sınıfa ve sekiz ayrı alt aileye ayrılmıştır. Birinci sınıfın (A-D) üyeleri iki nükleotid bağlama

alanı (ATP bağlama alanı olarak da adlandırılır) içerirken, ikinci sınıftakiler (M, N, X, Y) yalnızca bir nükleotit bağlama alanına sahiptirler (Keeler vd., 2000; Schirmer vd., 1996). Hsp100 proteinleri hücresel homeostazı korumak için yanlış katlanmış, kümelenmiş, işlevsel olmayan polipeptitlerin uzaklaştırılmasında önemli rol oynamaktadır. Protein agregasyonunu ve yanlış katlanmayı önlemeye yönelik şaperon işlevinin aksine, Hsp100/Clp ailesinin protein ayrışmasında ve/veya protein bozulmasında işlevsel bir rolü vardır (Hong ve Vierling, 2001; Queitsch vd., 2000). Hsp100 ailesinin, Hsp101, Hsp104 ve ClpB üyeleri protein yıkımı görevlerinde rol oynamamaktadır. Proteinleri kümeleşmeden kurtarma fonksiyonunda ATP'ye bağımlı başka bir şaperon sistemi olan Hsp70'in iş birliğini de içerir. Hsp100/Clp ailesi, kümelenmiş proteini çözündürür ve Hsp70 sisteminin yardımıyla yeniden katlanabilecek bir duruma getirir (Goloubinoff vd., 1999). Hsp100/Clp şaperonları genellikle bitkilerde yapısal olarak eksprese edilir, ancak ekspresyonları gelişimsel olarak düzenlenir ve yüksek, düşük sıcaklık, dehidrasyon ve yüksek tuz veya karanlık kaynaklı etiolasyon gibi farklı çevresel faktörler tarafından indüklenmektedir (Boston, Viitanen ve Vierling, 1996; Queitsch vd., 2000). Hsp100 protein ailesinin sitoplazmik yerleşim gösteren üyeleri hem yüksek sıcaklık stresi koşulları için hem de bitki çimlenmesi ve büyümesi için önemli rollere sahiptir. Yüksek sıcaklık stresine maruz kalan hücrelerde ifadesi artan Hsp100 proteinlerinin normal koşullara geçişte süreci kolaylaştırdığı öne sürülmüştür (Glover ve Lindquist, 1998). Lima fasulyesinde, Hsp100'lerin sıcaklık stresine maruz kaldığında sitozol ve kloroplastlarda ifade seviyesinin arttığı rapor edilmiştir (Lee vd., 2007).

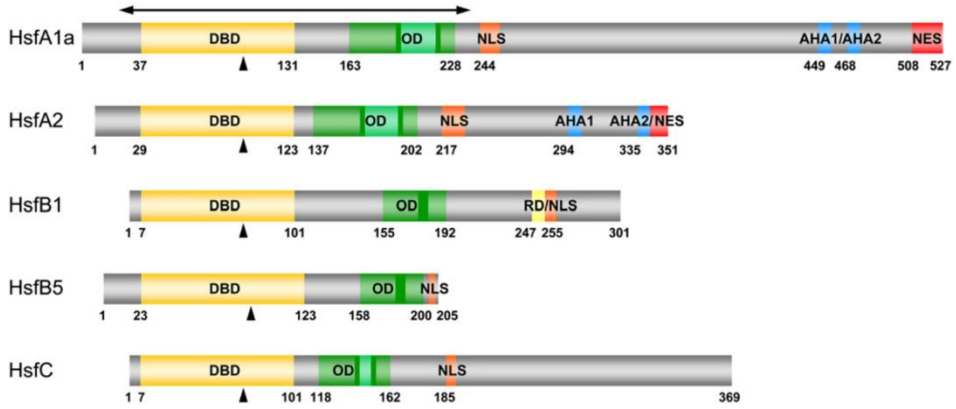


Şekil 2.8 Hsp100 proteini alt birimleri (a), Hsp100 proteini kristal yapısı (b) (S. Lee, Sowa, Choi ve Tsai, 2004)

2.3.7 Isı şoku faktörü (Hsf)

Isı şoku faktörleri (Hsf) ilk defa maya hücrelerinde, *Hsp* genlerinin promotör bölgelerine bağlanan diziye özgü transkripsiyon faktörü olarak keşfedilmiştir (Fujimoto vd., 2010; M. Kumar vd., 2009). Bitki genomunda kodlama yapan genlerin yaklaşık olarak %7'si transkripsiyon faktörlerinden oluşmaktadır. Hsf'ler, hayvan ve maya genomuna kıyasla bitki genomunda en fazla bulunan gen ailelerindendir. Bitkiler olumsuz koşullara karşı hayatta kalabilmek amacıyla diğer sistemlere kıyasla daha faza sayıda Hsf'ye sahiptir (Hasanuzzaman, Nahar, Alam, Roychowdhury ve Fujita, 2013). Bitkilerde *Hsf* geninin fazla olmasının nedeni evrimsel süreçte farklı zamanlarda gen kayıpları, tam genom kopyaları ve geniş gen kayıpları nedeniyle olduğu düşünülmektedir (Nover vd., 2001). Bitki Hsf genleri evrimsel süreçte çok iyi korunmuştur. HSF'lerin tipik yapısı, DNA bağlama domaini (DBD), oligomerizasyon domaini, nükleer lokalizasyon sinyali, nükleer çıkış sinyali ve aktivasyon domaininden oluşur (Şekil 2.9). Genlerin amino uçlarında, dört iplikli antiparalel β-tabaka ve üçlü

helikal bir demet yapısında olan ve ısı stres promotör elementleri ile spesifik bağlanmayı sağlayan korunmuş DBD yer almaktadır (Scharf, Berberich, Ebersberger ve Nover, 2012). Oligomerizasyon domaininde yer alan hidrofobik tekrar (HR A/B bölgeleri) yapılarına göre bitki *Hsf* genleri A, B ve C olmak üzere 3 sınıfa ayrılır. Karboksil ucunda aktivatör görevi için önemli olan kısa AHA motiflerinin varlığı A sınıfının karakteristik özelliğidir. B sınıfı Hsf proteinlerde ise C ucunda LFGV motifi gözlenmektedir. Ayrıca HR-A/B bölgesi, A ve C sınıfı Hsf'lerde sırasıyla 21 ve 7 amino asidin eklenmesiyle genişlemiştir, ancak B sınıfı Hsf'ler, herhangi bir ekleme olmaksızın kompakt bir HR-A/B bölgesine sahiptir. *Hsf* genlerinin promotör bölgelerinde bu genlerin transkripsiyonunu arttıran korunmuş ısı şoku elementleri (HSE) yer almaktadır. HSE'ler ısı şoku transkripsiyonu faktörleri için tanıma ve bağlanma yeri olarak görev yapan palindromik nükleoit dizisinden (5-AGANTTCT-3) meydana gelmektedirler (Xin vd., 2010). Hsf'lerin *Hsp* genlerini düzenlediğinin açık olduğu gibi, *Hsf* gen indüksiyon sistemi, Hsp seviyelerini transgenik yaklaşımla manipüle etmek için güçlü bir hedef olarak kullanılmaktadır. Araştırmacılar tarafından yapılan çalışmalarda, Arabidopsiste *HsfB4*'ün aşırı ekspresyonu, kök gelişiminin değişmesine ve endodermis hücrelerinin erken duplikasyonuna neden olurken, *HsfC1b* geni baskılanan çeltik bitkilerinde büyümede bozulma gözlenmiştir (Zhu vd., 2006). Diğer bir çalışmada ise Arabidopsiste, *AtHsf1,* transkripsiyon faktöründe meydana getirilen bir değişiklik ile Hsp ifadesi değiştirilmiş olup, Arabidopsis sıcaklık stresine dayanıklı hale getirilmiştir. Domates bitkisinde yapılan bir çalışmada ise domates *HsfA1* geninin artan termotolerans gösterdiğini, transgenin birlikte bastırma nedeniyle susturulduğu transgenik hatların ısıya duyarlı olduğunu ortaya koyduğu belirlenmiştir (J. H. Lee, Hübel ve Schöffl, 1995).



Şekil 2.9 Domates bitkisinde örneklenen Hsf'nin temel yapısı. Oklar ile korunmuş intron bölgesi gösterilmiştir. DBD: DNA bağlanma alanı; OD: Oligomerizasyon alanı (HR-A/B); NLS: Nükleer lokalizasyon sinyali, AHA: Etkinleştirici motif (Asea ve Kaur, 2018)

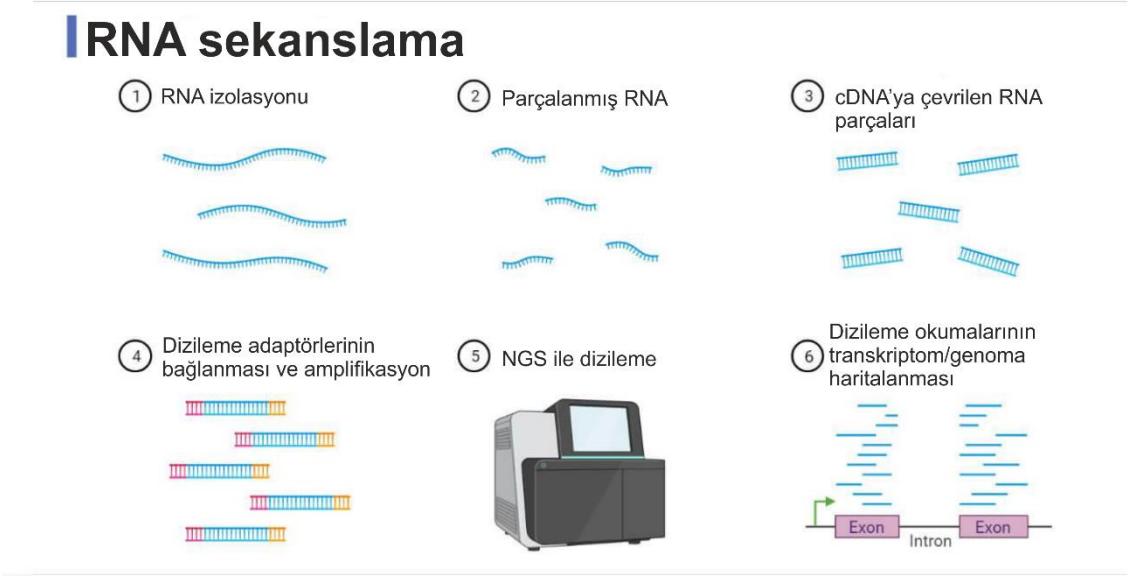
2.4 Bitkilerde Stres Koşullarında Gen İfadesinin Düzenlenmesi ve Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler

Bitkiler hayvanlardan farklı olarak tuz, kuraklık, yüksek sıcaklık, soğuk gibi olumsuz çevresel koşullardan uzaklaşamazlar. Bu nedenle hayatta kalmak için strese duyarlı gen ekspresyonu ile düzenlenen fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler düzeyde adaptasyon mekanizmaları geliştirirler. Transkripsiyon faktörleri (TF'ler), çevresel abiyotik streslere yanıt olarak gen ekspresyonunun düzenlenmesinde önemli roller oynar. Bitki TF'lerinin farklı aileleri, Absisik Asit (ABA) Tepki Elemanları (ABRE'ler), Kuraklıkla Reaksiyona Giren Eleman Bağlayıcı proteinler (DREB'ler), Temel Bölge/lösin Fermuarı (bZIP), Etilen gibi DNA-bağlanma alanlarına (DBD'ler) dayalı Yanıt Faktörleri (ERF'ler) ve WRKY olarak tanımlanmıştır (Nakashima vd., 2014; Yamasaki vd., 2013). Stresle ilgili birkaç gen, bitkiler strese maruz kaldığında üretilen bir fitohormon olan ABA tarafından indüklenebilir ve düzenlenebilir; bu hormon, su eksikliği koşullarında su kaybını önlemek için stomaların sıkılaşmasına yardımcı olur. Ancak, stres kaynaklı genlerin tümü ABA tarafından tetiklenmez (Shinozaki vd., 2003). ABA ayrıca endojen bir haberci görevi görür, ikincil bir sinyal molekülü olarak üretilir ve bitki su dengesi düzenlemesi ve ozmotik stres toleransının temel bir aracısı olarak kabul edilir (Negin ve Moshelion 2016). Bitkide artan ABA seviyeleri, yaprak stomalarının kapanmasına neden olduğu için su stresine tepkiyi arttırır; gaz alışverişinde rol oynayan mikroskobik gözeneklerdir (Daszkowska-Golec ve Szarejko 2013). Stoma kapanması, terleme yoluyla su kaybının azalmasına ve

dolayısıyla fotosentez hızının azalmasına neden olur (Mittler ve Blumwald, 2015). Bu değişikliklerin kısa vadeli etkisi vardır ve bitkinin su kullanım verimliliğini artırır. Çeltik, arpa, soya fasulyesi, domates, pamuk ve yonca dahil bu ABA tarafından düzenlenen stres tolerans mekanizmasını kullanan farklı bitkiler rapor edilmiştir (Sah vd., 2016). Bu ABA reaksiyonu tersine çevrilebilir; ABA seviyesi düştüğünde, su tekrar mevcut olduğunda stomalar yeniden açılır (Tuteja, 2007). Ozmotik strese yanıt gen ekspresyonunun düzenlenmesinin iki ABA yolu tarafından sürdürüldüğü iyi bilinmektedir; ilki, ABA'ya Duyarlı Element (ABRE), ABRE-Binding (AREB) proteinleri veya ABRE-Binding Factors (ABF'ler) ile cis-etkili elementlerin ana oyuncular olduğu ABA'ya bağımlı bir yoldur. Ayrıca, bitkiye özgü serin/treonin kinazların Sakkaroz Fermente Olmayan 1-İlgili Kinaz 2 (SnRK2) ailesinin üyeleri, farklı proteinlerin fosforilasyonu yoluyla ABA'ya bağımlı yolu ve ekspresyonunu modüle eden AREB/ABF'ler gibi transkripsiyon faktörlerini ve strese duyarlı genleri düzenler (Kulik vd., 2011; Yoshida vd., 2014). Ozmotik strese tepki gen ekspresyonunda yer alan ikinci yol, tersine ABA'dan bağımsızdır; burada büyük oyuncular olarak (Dehidrasyona Duyarlı Eleman/C-Tekrar (DRE/CRT), DRE-/CRT-Bağlayıcı protein 2 (DREB2) transkripsiyon faktörleri ve cis-elementleri bulunur (Yoshida vd., 2014). Abiyotik stres altında gen ekspresyonunun düzenlenmesinde bir diğer önemli oyuncu, bitki hücrelerinde termotolerans reaksiyonlarında önemli bir rol oynayan Isı Şok Proteinleri (HSP'ler) ailesidir. HSP'lerin protein kalite kontrolünde moleküler şaperonlar olarak hareket etmeleri önerilmektedir. Isı Şok Genleri (HSG'ler) tarafından kodlanan birkaç HSP'nin ısı stresi tarafından yukarı regüle edildiği rapor edilmiştir (Hasanuzzaman vd., 2013). Birkaç çalışma, HSP'lerin termotoleransa dahil olduğunu göstermiştir, ancak bu HSP'ler tarafından kullanılan tam işlev ve mekanizmaların tam bir resmi hala eksiktir (Ohama vd., 2016). İlginç bir şekilde, HSP'lerin tuz ve kuraklık stresi sinyal yollarında da yer aldığı gösterilmiştir (Jacob vd., 2016). Buna karşılık, DREB2A transkripsiyon faktörünün kuraklık stresine yanıt veren genlerin ve ilginç bir şekilde ısı stresine yanıt veren genlerin düzenlenmesi ve ifadesinde önemli bir rol oynadığı bildirilmiştir (Yoshida vd., 2008).

2.4.1 RNA Sekanslama

RNA sekanslama (RNA-seq) mikrodiziler veya dizileme yöntemleri kullanarak, sürekli değişen hücresel transkriptomu analiz eden ve belirli koşullar altında ifade edilen genlerin tanımlanmasını sağlayan bir yöntemdir. Yeni nesil dizilemeyi (NGS) kullanan bu teknik transkriptomik (mRNA, ncRNA) verilerini ölçmeyi ve belirlemeyi amaçlamaktadır. Transkript verileri doğrultusunda bilinmeyen genler de ortaya çıkarılabilmektedir. RNA-seq verileri kullanılarak, deney tasarımı, haritalama ve ifade analizi gerçekleştirilmektedir. Bunun yanında alternatif gen eklenmiş transkriptleri, transkripsiyon sonrası modifikasyonları, gen füzyonlarını, mutasyonları/SNP'leri ve zaman içerisinde değişen gen ifadeleri incelemek amacı ile de kullanılmaktadır. RNA-seq yöntemi kullanılarak mRNA transkriptlerinin yanında toplam RNA, miRNA ve tRNA gibi küçük RNA'ları da profillemede kullanılmaktadır. Son yıllarda biyoinformatikte kullanılan algoritmaların gelişmesi ile birlikte yeni antijenlerin varlığı, transpozonların varlığı ve mikrobiyal kontaminasyonun keşfedilmesinde de RNA-seq kullanılmaktadır. Bu yöntemden önce hibridizasyona dayalı mikrodiziler ile gen ifadesi çalışmaları yapılmaktaydı. Fakat hibridizasyon analizinde çapraz hibridizasyon ürünleri, düşük ve yüksek oranda ifade edilen genlerin zayıf ölçümü ve dizinin önceden bilinmesi ihtiyacı tekniğin büyük dezavantajları arasında yer almaktaydı. Bu problemler nedeni ile transkriptomik dizilemeye dayalı yöntemlere geçişi hızlanmıştır (Chu ve Corey, 2012; Kukurba ve Montgomery, 2015; Thind vd., 2021; Z. Wang, Gerstein ve Snyder, 2009).



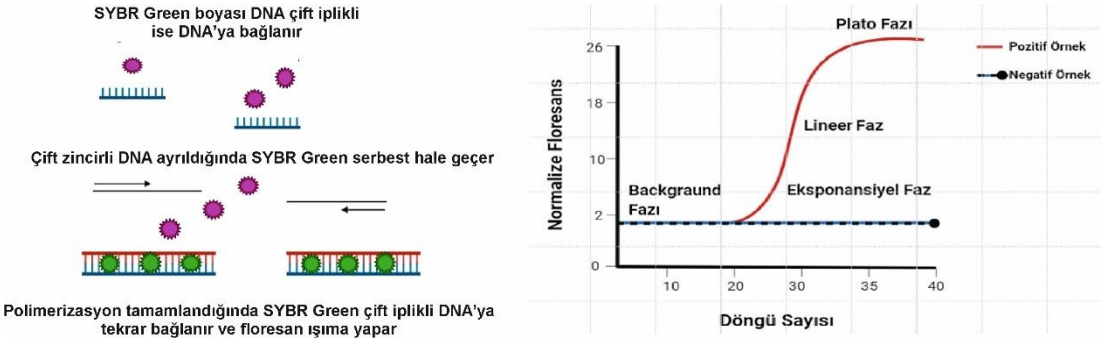
Şekil 2.10 RNA sekanslama basamakları (M. Gupta, 2022)

2.4.2 Kantitatif PZR (qPZR)

Gerçek zamanlı kantitatif PZR (RT-qPZR) yönteminde, ters transkripsiyon yöntemi ile mRNA'dan elde edilen cDNA ve florokrom içeren bir prob ile, gene özgü primerleri kullanarak, amplifiye edilmiş PZR ürünü elde edilir ve ürün işlem esnasında ölçülmektedir. Analiz edilmek istenen örneklerin kıyaslanabilmesi için referans proba ihtiyaç duyulmaktadır. Gen ifade analizleri dışında DNA kopya sayısının ölçümünde, alellik ayrımında, mikroarray verilerinin doğrulanmasında da kullanılmaktadır. Az miktarda total RNA'ya ihtiyaç duyması, yüksek doğruluğa sahip olması ve PZR sonrası ek işlemlere ihtiyaç duymaması yöntemin avantajları arasındadır (Nolan, Hands ve Bustin, 2006; Wilhelm ve Pingoud, 2003).

SYBR Green PZR zincir reaksiyonu sonucu oluşan çift zincirli DNA oluşumunda, içerdiği floresan boyaların ışıma yapması ile sonuç veren bir metottur. Asimetrik bir siyanin boyasını olan SYBR Green I, çift iplikli DNA'ya diziden bağımsız olarak bağlanır ve reaksiyon verir. Reaksiyon yükselme, yüksek farklılık ve sonlanma fazları olmak üzere üç basamaktan oluşmaktadır. Gen ifadesinin ölçülmesinde hücrelerde temel işlev gören gen, referans gen olarak kullanılmaktadır. Eşik döngüsü "Ct", yüksek

farklılık fazına geçmek için gereken döngü sayısıdır. Gen ifadesi kontrol edilen gen ile referans gen arasında karşılaştırmalı olarak $2^{-\Delta\Delta Ct}$ formülü ile hesaplanmaktadır.



Şekil 2.11 SYBR Green yöntemi kullanılarak gerçek zamanlı PZR reaksiyonu ve grafiği (Wilhelm ve Pingoud, 2003)

3. LİTERATÜR ÖZETİ

Abiyotik stres koşulları, bitkide hücresel homeostaziyi bozarak özellikle tarla bitkilerinde mahsul potansiyelini düşürmektedir. Hsp ve Hsf proteinleri; bitkinin abiyotik stres faktörlerine karşı oluşturduğu yanıt mekanizmasında, sinyal iletiminde ve protein homeostazisinin yeniden sağlanmasında önemli roller üstlenmektedir. Tütün bitkisinde NtHSP70-1 proteininin yüksek sıcaklık stresi altında nükleer DNA'nın degrede olmasını ve fragmentasyonunu engelleyerek bitkiyi sıcaklık stresine karşı koruduğu ve kuraklık stresine karşı toleransını arttırdığı rapor edilmiştir (Cho ve Choi, 2009). Çeltikte tanımlanan bir sHsp proteini olan OsMSR3, *Arabidopsis*'in kadmiyum (Cui vd., 2013) ve bakır (Cui vd., 2019) streslerine karşı oluşturduğu toleransta önemli bir rol üstlenmiştir. *OsMSR3* geni taşıyan transgenik Arabidopsis'in yabani hatta kıyasla daha yüksek biyomasa, kök uzunluğuna, su içeriğine, klorofil miktarına, karetonoide ve hayatta kalma oranına sahip olduğu tespit edilmiştir. OsMSR3 proteinin bitkilerde Cu toleransını düzenlemede önemli bir rol oynadığı ve antioksidan savunma mekanizmalarının gelişmiş aktivasyonu ve ABA'ya yanıt veren gen ifadesini pozitif düzenlenmesi yoluyla Cu stresine toleransı geliştirdiği ifade edilmiştir (Cui vd., 2019).

Literatürde daha önce patates (P. Zhao vd., 2018); arpa (J. Li ve Liu, 2019); sorgum (Nagaraju vd., 2020); kavak (Yer, Baloglu ve Ayan, 2018; Zhang vd., 2015); marul (Kim vd., 2021); buğday (A. Kumar vd., 2020); pamuk (Rehman vd., 2021) olmak üzere pek çok bitkide *Hsp* ve *Hsf* gen aileleri biyoinformatik araçlar kullanılarak genom çapında analiz edilmiştir. Cin darısında yapılan kapsamlı *in silico* çalışma ile *Hsp* gen ve proteinlerinin karakterizasyonu yapılmış ve qRT-PCR analizi ile çeşitli abiyotik stres koşullarında (tuzluluk, kuraklık, yüksek/düşük sıcaklık) gen ifade profili incelenmiştir. Stres çalışmasında strese duyarlı ve dayanıklı cin darısı çeşidinde gövde ve yaprak örneklerinde stres uygulamasından sonra 1., 6. ve 24. saatlerde alınan örnekler değerlendirilmiştir. Biyoinformatik analizler sonucunda *HSP100, HSP90, HSP70, HSP60* ve *sHSP* gen ailelerine ait sırası ile 20, 9, 27, 20 ve 37 gen tespit edilmiştir. Kuraklık stresi altında genlerin çoğunun ifade seviyelerinin 24. saatte maksimuma ulaştığı ve gövdede yaprağa kıyasla daha fazla genin kuraklık stresi ile

indüklendiği belirtilmiştir. Yüksek sıcaklık stresinde ise dayanıklı çeşitte hem yaprak hem de gövde dokusunda pek çok genin ifadesinin arttığı görülmüştür. Yüksek sıcaklık stresi altında *SisHSP-27* geninin ifadesi dayanıklı çeşitte duyarlıya kıyasla belirgin bir şekilde artış göstermiştir. Çalışmanın devamında *SisHSP-27* geni mayada aşırı ifade edilmiş ve transforme edilen maya hücrelerinin sıcaklık, kuraklık ve tuz streslerine toleransının arttığı saptanmıştır (R. K. Singh vd., 2016).

Patlıcan genomunda yapılan çalışmada, biyoinformatik araçlar kullanılarak *sHsp, Hsp60, Hsp70* ve *Hsp100* gen ailelerini içeren toplam 117 adet *Hsp* ve 24 adet *Hsf* geni tespit edilmiştir. Her aileye ait belirlenen gen sayılarının Arabidopsis, çeltik ve domateste tespit edilen gen sayıları ile uyumlu olduğu görülmüştür. Aileler içindeki gen yapısı ve motif kompozisyonun nispeten kararlı olduğu ve evrimsel süreçte belirli ölçüde korunduğu saptanmıştır. Genlerin ifade profilleri ısıya duyarlı ve dayanıklı iki patlıcan hattında RNA-seq ve qRT-PCR analizleri ile değerlendirilmiştir. *SmHsf* ve *SmHsp* genlerinin sıcaklık stresine karşı oluşturulan yanıtta görev aldığı hipotezi, çoğu genin ifade seviyesinin yüksek sıcaklıkla artması bulgusu ile desteklenmiştir. Gen ifade seviyesindeki artışın ısıya dayanıklı hatta daha belirgin olduğu ifade edilmiş ve ısıya karşı oluşturulan toleransın bu genler ile ilişki olabileceği sonucuna varılmıştır (Gong vd., 2021).

Arpada yapılan genom boyu çalışmada *Hsp70, Hsp90* ve *Hsp100* gen aileleri biyoinfomatik ve moleküler yönden araştırılmıştır. Büyük genom boyutuna rağmen arpada 13 adet *Hsp70* (*Hsp110* alt-ailesine ait 4 üye), 6 adet *Hsp90* ve 8 adet *Hsp100* geni tespit edilmiştir. Tanımlanan gen sayısının az olması, arpa genomunda gerçekleşen duplikasyon olaylarının azlığı ile ilişkilendirilmiştir. *Hsp* genlerinin arpanın 7 kromozomunun tamamına dağıldığı ve kodlanmış protein üyelerinin hücrede sitozol, mitokondri, kloroplast ve ER gibi organellerde yerleşim gösterdiği tahmin edilmiştir. Çalışmada gen ifade profili farklı abiyotik stresler, dokular ve gelişim aşamalarını kapsayacak şekilde ele alınmış ve qRT-PCR analizi ile değerlendirilmiştir. Yüksek sıcaklık stresi (30 dakika ve 2 saat için), yüksek sıcaklık stresi sonrasında iyileşme, tuz, kuraklık, $CdCl_2$, $CaCl_2$, salisilik asit (SA), brassinostreoid (BR) uygulamalarının her biri için kök ve sürgün dokularında ifade modeli incelenmiştir. Ayrıca yüksek sıcaklık stresinin farklı gelişim aşamalarında (3 DAP, 7 DAP, 14 DAP,

21 DAP, 28 DAP; DAP: Tozlaşmadan sonraki günler) tohum ve döllenmemiş çiçekte *Hsp* gen ifadesindeki etkisi araştırılmıştır. İncelenen 32 farklı doku ve gelişim aşamasına bağlı olarak gen ifade profilinin değişiklik gösterdiği sonucuna varılmıştır. *HvHspc70-4, HvHsp70Mt70-2, HvHspc70-5a, HvHspc70-5b, HvHspc70-N1, HvHspc70-N2, HvHsp110-3, HvHsp90-1, HvHsp100-1* ve *HvHsp100-2* gen ifade seviyelerinde yüksek sıcaklık stresi ile artış belirlenmiştir. Bununla birlikte ağır metal, tuz ve kuraklık stresi için gen ifadesindeki artışın dokuya özgü meydana geldiği bildirilmiştir (Chaudhary vd., 2019).

Çin'de ekonomik öneme sahip bir süs bitkisi olan *Prunus mume*'de (Çin eriği/Japon kayısısı) 18 adet *Hsf* ve 24 adet *sHsp* geni biyoinformatik araçlarla tespit etmiştir (Wan vd., 2019). *Hsf* genlerinin çoğunlukla 8. kromozomda; *sHsp* genlerinin ise 1. kromozomda yer aldığı görülmüştür. Hsf ve sHsp proteinlerinin filogenetik ilişkileri ve genlerin ekzon-intron yapıları *Arabidopsis*'le kıyaslanarak analiz edilmiştir. Filogenetik analizler sonucu sHsp ailesi üyeleri; sitoplazmik/nüklear (CI, CII ve CIII), plastid (P), ER, mitokondriyal (M), sitoplazma ilişkili ve plastid ilişkili (Clr ve Pr) alt-aileler olarak sınıflandırılmıştır. Ekzon-intron yapısı incelendiğinde *PmsHsp* genlerinin çoğunlukla intronsuz ya da tek intronlu; *PmHsf* genlerinin ise tamamının tek intronlu olduğu belirlenmiştir. *Prunus mume* bitkisine ait yaprak örneklerine yüksek sıcaklık stresi uygulanarak qRT-PCR analizi ile 1., 2., 4., 8., ve 12. saatlerde ifade seviyeleri değerlendirilmiştir. Sıcaklık stresine karşı genlerin değişen transkripsiyonel seviyelerde cevap oluşturduğu saptanmıştır. Bununla birlikte çoğu *PmsHsp* geninin stresle birlikte ifadesinde artış belirlenmiştir. *PmHsf* genleri ise ağırlıkla yüksek sıcaklık stresine erken dönemde (1. saatte) cevap verecek şekilde ifade seviyesi artmıştır.

Literatürde, Cucurbitaceae familyası üyelerinden balkabağında (*Cucurbita moschata*) (Davoudi, Chen ve Lou, 2022; Hu vd., 2021; Shen ve Yuan, 2020; Zhu vd., 2021); salatalıkta (Chen vd., 2021; Ünel, 2018; Zhang vd., 2021) ve karpuzda (Altunoğlu vd., 2019; He, Fan, Sun ve Li, 2018) *Hsp* ve *Hsf* ailelerinin genom çapında karakterize edildiği ve çeşitli stres koşullarında etkilerinin ele alındığı çalışmalar mevcuttur. Davoudi vd. (2022) çalışmasında balkabağında 21 adet *CmoHsp70* geni tanımlamış ve bu genlerin *in silico* analizini filogenetik ilişkiler, motif, domain ve gen yapısı analizi,

promotör analizi, gen duplikasyon olayları açısından ele almıştır. Aynı çalışmada ksilem dokusuna ait örnekler kuraklık stresine maruz bırakılmış ve *CmoHsp70*'lerin ifade seviyelerindeki değişim 4., 6. ve 11. günler için tespit edilmiştir. Bir grup genin ifade seviyesinin zamanla birlikte artış gösterdiği; bir kısmının ifadesinde 6. günde keskin bir artış olduğu sert stres koşulunda ifadenin azaldığı ve diğer bir grubun ifade seviyesinin ise tüm zaman dilimlerinde düşük olduğu belirtilmiştir (Davoudi vd., 2022). Hu vd. (2021) balkabağında 33 adet *CmoHsp20* geni keşfetmiş ve bu genlerin balkabağı genomunda 13 kromozoma dağıldığını belirlemiştir. Korunmuş motif ve gen yapısı analizleri ile örtüşen filogenetik analizde CmoHSP20 proteinleri 9 alt-aileye ayrılmıştır. Balkabağının salatalıkla 19; kavun ile 18 genin sintenik ilişki kurduğu ve *Arabidopsis* ve çeltiğe nazaran daha fazla gen çifti paylaştıkları bildirilmiştir. Aynı çalışmada yapılan yüksek sıcaklık stresi altında kök ve yaprak örneklerinde *Hsp* gen ifadesinin değişimi değerlendirilmiş ve 24 saatlik uygulamada gen ifade seviyesinin zamana göre değişkenlik gösterdiği belirlenmiştir. Yaprakta tespit edilen *Hsp* gen ifadesinin köke kıyasla daha yüksek olduğu ve erken stres koşulları altında (3. saatte) özellikle 6 *CmoHsp20* geninin ifadesinin kontrole göre belirgin oranda (yaklaşık 300 kat) artış gösterdiği kaydedilmiştir (Hu vd., 2021).

Shen ve Yuan (2021) çalışmasında balkabağında *Hsf* genlerini genom çapında tanımlamış ve genlerin *in silico* karakterizasyonu yapmıştır. *CmHsf* genlerinin ifade analizi; bitkinin farklı dokularında (kök, gövde, kotiledon ve yaprak), farklı stres koşullarında (yüksek sıcaklık, düşük sıcaklık) ve MeJa (metil jasmonat), ABA (absisik asit) ve SA (salisilik asit) uygulamalarına karşı değerlendirilmiştir. *CmHsf* genlerinin dokuya özgü ifade profili çizdiği; her bir genin en az bir dokuda ifadesinin yüksek olduğu sonucuna varılmıştır. Bununla birlikte tespit edilen *CmHsf* genlerinin ağırlıkla bitkinin kotiledon ve yaprak dokularında ifade seviyesinin yüksek olduğu görülmüştür. Stres koşullarında ise yüksek sıcaklık altında *CmHsf* genlerinin %66'sının; düşük sıcaklıkta ise %44'ünün ifade seviyesinde anlamlı bir artış olduğu belirlenmiştir. Hormon uygulamaları sonucunda; tüm *CmHsf* genlerinin SA uygulamasına cevap verdiği, 31 genin MeJa uygulamasına karşılık değişen oranlarda ifade edildiği not edilmiştir. ABA uygulamasında ise 21 genin ifade seviyesinde artış, 15 genin ifadesinde ise düşüş yönünde cevap oluştuğu bildirilmiştir. *CmHsf* genlerinin

bitkinin çeşitli stres koşulları ve olumsuz çevresel şartlara cevap oluşumunda rol üstlenebileceği sonucuna varılmıştır (Shen ve Yuan, 2020).

Chen vd., (2021) çalışmasında salatalık genomunda 23 adet *Hsf* ve 72 adet *Hsp* genini biyoinformatik analizler aracılığı ile tanımlamıştır. Gen yapısı ve motif kompozisyonunun filogenetik ağacın her bir alt ailesinde nispeten korunduğu tespit edilmiştir. *CsHsf* ve *CsHsp* genlerinin duplikasyon olayları incelendiğinde, sadece *CsHsp20* genlerinin tandem duplikasyona katıldığı; bunun dışında 13 adet segmental duplikasyon olayının bulunduğu not edilmiştir. *Cis*-element analizinde, *CsHsf* ve *CsHsp* promotorlarının en az bir hormon veya stres yanıtına ait cis-elementini içerdiği tespit edilmiştir. *CsHsf* ve *CsHsp* genlerinin yüksek sıcaklık, tuz ve tüylü küf (downy mildew-mildiyö) stresine karşı oluşturdukları cevap RNA-seq analizi ile değerlendirilmiştir. Çoğunlukla genlerin yüksek sıcaklık stresine duyarlı olduğu ve yüksek sıcaklık ve tuz stresleri karşısında ifadesi artan genlerin çoğunlukla ortak olduğu vurgulanmıştır (Chen vd., 2021). Salatalık genomunda tüm *Hsp* genlerini tanımlamaya yönelik diğer bir çalışmada; 36 *sHsp*, 100 *Hsp40*, 28 *Hsp60*, 14 *Hsp70*, 7 *Hsp90* ve 17 adet *Hsp100* olmak üzere toplamda 202 adet *Hsp* geni tespit edilmiş ve farklı biyoinformatik araçlar kullanılarak genlerin ve proteinlerin karakterizasyonu sağlanmıştır (Ünel, 2018). Salatalığın çeşitli dokularına ait RNA-seq verilerinden elde edilen ısı haritalarındaki gen ifadesi değişim oranından hareketle qPCR ile ifade seviyesi araştırılacak genler seçilmiştir. Seçilen genlerin çeşitli abiyotik stres koşullarında (yüksek-düşük sıcaklık, kuraklık, tuzluluk, ABA uygulaması) ifade düzeyleri incelenmiş ve ifadesi artan *CssHsp-08, CsHsp40-70 ve CsHsp70-06* genlerinin stres cevabı ve direnç geliştirilmesinde önemli rol oynayabileceği sonucuna varılmıştır. Zhang vd. (2021), salatalıkta yalnızca Hsp90 genlerini karakterize etmiş ve salatalığın 5 kromozomuna dağılım gösteren 6 adet *CsaHsp90* geni tanımlamıştır. Tespit edilen genler filogenetik ağaçta 2 alt grupta kümelenmiştir. *CsaHsp90* gen ailesinde segmental duplikasyona rastlanamazken; 1 adet tandem duplikasyon belirlenmiştir. Promotor analizi sonucunda *CsaHsp90* genlerinin promotor kısımlarında hormon, stres ve gelişimle ilişkili *cis* elementler içerdiği görülmüştür. Dokuya özgü ifade seviyeleri kök, gövde, yaprak, filiz, erkek ve dişi çiçek ve ovaryum dokuları için transkriptom analizi ile belirlenmiş; çoğu *Hsp90* geninin tüm dokularda ifade edildiği ortaya konmuştur. Bunun yanında *CsaHsp90* genleri ifade seviyelerinin,

sıcaklık ve fotoperiyot, gibberellin (GA), tüylü küf (mildiyö) ve külleme uyaranları tarafından farklı şekilde indüklendiği ifade edilmiştir (K. Zhang vd., 2021). Wang vd. (2021) salatalık, kavun ve karpuz genomunda *HSP20* genlerini biyoinformatik araçlar kullanarak tanımlamış ve karakterize etmiştir. Salatalıkta 47 *CsHSP20*, kavunda 45 *CmHSP20* ve karpuzda 47 *ClHSP20* geni tanımlanmıştır. Bu üç Cucurbit türüne ait Hsp20 proteinlerinin filogenetik ilişkileri ile tahmini hücre altı lokalizasyonu ilişkilendirilmiş ve buna göre 8 alt aileye (CI-CIV, M, CP, ER ve PX) gruplanmıştır. RNA-seq analizi ile gen ontoloji ve cis-element analizleri birlikte ele alındığında CsHSP20'lerin soğutma, sıcaklık ve fotoperiyot, yüksek sıcaklık-yüksek nem kombine ve tuzluluk dahil olmak üzere pek çok abiyotik stres koşulunda cevap oluşturduğu ifade edilmiştir (X. Wang vd., 2021). Karpuzda genom çapında yapılan çalışmada, 283 adet *Hsp* geni *in silico* araçlar ile tanımlanmıştır. 101 üyesi olan *Hsp40* ve 102 üyesi olan *Hsp100* aileleri en geniş grupları oluştururken, 6 gen içeren *Hsp90* ailesinin en küçük grup olduğu kaydedilmiştir. Ortolog ilişkileri incelendiğinde *ClaHsp* genlerinin en fazla soya ve kavak ile ilişki kurduğu belirlenmiştir. Aynı çalışmada *ClaHsp* genlerinin yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında farklı dokulardaki (yaprak, kök, gövde ve sürgün) ifade seviyeleri incelenmiş ve neredeyse tüm dokularda ilk 30 dakikada ifade seviyesinde artış gözlenmiştir (Altunoğlu vd., 2019). He vd., (2019), karpuzda 44 adet *Hsp20* geni tanımlamış ve gen yapısı, kromozomal dağılımı, filogenetik ilişkileri, korunmuş domain analizleri ile tanımlanan genlerin karakterizasyonu yapılmıştır. Bunun yanında; ABA ve melatonin (MT) uygulamaları ve yüksek sıcaklık ile biyotik (Salatalık yeşil benekli mozaik virüsü-CGMMV) streslerinin her biri için *ClHsp20* genlerinin ifade profilleri değerlendirilmiştir. İncelenen genlerin ağırlıkla ABA, MT ve CGMMV uygulaması ile baskılandığı not edilmiştir. Ayrıca incelenen 30 *ClHsp20* geninden 11 tanesinin yüksek sıcaklık karışında ifadesinde artış olduğu ifade edilmiştir (He vd., 2018).

Cucurbitaceae ailesi üyelerinde daha önce *bZIP, LEA, MLO, YABBY, CAMTA, ACS, VQ, ekspansin* gen ailelerine ait genom boyu çalışmalar literatürde yer almaktadır. Baloğlu vd. (2014) salatalıkta *bZIP* transkripsiyon faktör ailesinin genom boyu tanımlanması yapmış ve *CsbZIP* genlerinin kuraklık stresinde kök ve yaprak dokularında ifade profili qPCR analizi ile ortaya konmuştur. Seçilen *CsbZIP* genlerinin ifade seviyelerinin 24 saatlik uygulamayla kökte artarken, yaprak

dokusunda azaldığı belirtilmiştir (Baloglu, Eldem, Hajyzadeh ve Unver, 2014). Karpuz ve kavunda yapılan genom çapında çalışmada *LEA* (Late embryogenesis abundant) genleri tanımlanmış ve karpuzda 73 adet *ClLEA* ve kavunda *CmLEA* geni tespit edilmiştir. Çalışmada *in silico* karakterizasyonu tamamlanan genlerin dokuya özgü ve kuraklık stresi altındaki ifade profilleri RNA-seq ve qPCR analizleri ile belirlenmiştir. Kuraklık stresinde *ClLEA-12-17-46* ve *CmLEA-42-43* ifade seviyelerinde hem kök hem de yaprakta artış gözlenmiş ve bu genlerin strese karşı erken cevap oluşumunda etkin olabileceği bildirilmiştir (Çelik Altunoglu, Baloglu, Baloglu, Yer ve Kara, 2017). Cucurbit türlerinde sık rastlanan külleme hastalığına karşı stres cevabının oluşmasında görev alan *MLO* (Mildew Locus O) gen ailesi balkabağı, sakız kabağı ve kestane kabağı türlerinde tanımlanmıştır (L. Zhu vd., 2021). Aralarında sakız kabağının da bulunduğu 8 farklı Cucurbit türünde, çinko parmak protein süper ailesinin bir üyesi olan, bitkilere özgü bir transkripsiyon faktörü *YABBY* ailesinin genom çapında tanımlanması ve karakterizasyonu yapılmıştır (Yin vd., 2022). *C. maxima* ve *C. moschata* türlerinde *CAMTA* (calmodulin-binding transcription activator) gen ailesinin *in silico* tanımlanması genlerinin sayısını, dağılımını, sınıflandırmasını, gen ve protein yapısını, duplikasyon olaylarını kapsayacak şekilde ele alınmıştır. Ayrıca *CAMTA* genlerinin tuz stresi altındaki işlevini doğrulamak için RNA-seq ve qRT-PCR analizleri yapılmıştır (Yuan vd., 2021). ACS (1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase) etilen biyosentez yolağında ve dolayısıyla bitkinin cinsiyet belirleme sürecinde rol alan bir enzimdir. *C. maxima*'da *ACS* genlerinin yapısını, filogenetik ilişkilerini, kromozomal dağılımını, korunmuş motiflerini ve *cis*-düzenleyici elementlerini biyoinformatik araçlar kullanarak karakterize etmiştir. Ayrıca çalışmada farklı dokularda (kök, gövde, yaprak, erkek ve dişi çiçek); çiçekte farklı gelişim aşamalarında, fitohormon (Ethephon, IAA) ve etilen inhibitör (AVG, $AgNO_3$) uygulamaları için *ACS* gen ifade düzeyindeki değişim araştırılmıştır (C. Wang vd., 2022). İçerdiği VQ motiflerinden isim alan VQ proteinleri, özellikle WRKY transkripsiyon faktörleri ile etkileşime girerek bitkinin büyüme ve gelişme evrelerini düzenlemede görev almaktadır. VQ transkripsiyon faktörlerinin, normal gelişimin yanında bitkinin biyotik ve abiyotik strese karşı korunmasında önemli rol üstlendikleri bilinmektedir. Xu ve Wang (2022) çalışmasında, sakız kabağında *CpVQ* genlerini filogeni, gen yapısı, kromozomal dağılım ve kolliner ilişkiler açısından değerlendirerek tanımlamış ve sınıflandırmıştır.

Seçilen 15 *VQ* geninin kök, gövde ve yaprakta ifade seviyeleri analiz edilmiş ve çoğunlukla kökte yüksek ifade düzeyine ulaşıldığı belirlenmiştir. Aynı çalışmada külleme stresinin *VQ* gen ifadesine etkisi RNA-seq analizi ile değerlendirilmiş ve çeşitli abiyotik stres (düşük sıcaklık, kuraklık, tuzluluk ve su basması) koşullarında seçilen *VQ* genlerinin ifadesi incelenmiştir. Kuraklık stresinde tüm *VQ* genlerinin ifadesinin farklı zaman dilimlerinde; düşük sıcaklıkta çoğunlukla 24. saatte ve tuz stresinde erken dönemde artış gösterdiği belirlenmiştir (K. Xu ve Wang, 2022). Arslan vd. (2021) salatalık ve sakız kabağı bitkilerinde hücre duvarı modifikasyonunda görev alan ekspansin süper ailesi genlerini biyoinformatik araçlar aracılığı ile tespit etmiştir. Çalışmada sakız kabağında 49; salatalıkta 41 adet ekspansin geni tanımlanmıştır. Yaprak ve kök örneklerinde ABA, yüksek ve düşük sıcaklık, kuraklık, tuzluluk stres koşullarında ekspansin gen ifade seviyesi qPCR analizi ile belirlenmiştir. *CsEXPB-04, CsEXPA-11, CpEXPA-20* ve *CpEXPLA-14* genlerinin transkriptom verileri ile uyumlu olarak abiyotik strese karşı oluşturulan cevapta önemli rol üstlendiği ifade edilmiştir (Arslan vd., 2021).

Kabak genomu 2018 yılında yayınlanmasına (Montero-Pau vd., 2018) rağmen literatürde kabak genomunda *Hsp* ve *Hsf* ailelerinin genom çapında tanımlanması ve karakterizasyonuna dair henüz herhangi bir çalışmaya rastlanmamıştır. Bu tez çalışmasında *Hsp* ve *Hsf* gen ve proteinlerinin karakteristik özellikleri biyoinformatik araçlar kullanılarak ortaya konmuştur. Çalışmanın *in silico* kısmında gen ailelerinin yapısı, korunmuş motif analizi, filogenetik ilişkileri, ortolog ilişkisi, miRNA analizi, proteinlerin tahmini üç boyutlu yapı analizi, duplikasyon olayları, gen ontoloji ve protein-protein etkileşim analizleri açısından kapsamlı bir şekilde ele alınmıştır. Çalışmanın moleküler kısmında ise, erişime açık veri tabanından alınan RNA-seq verileri kullanılarak ısı haritaları oluşturulmuş ve ısı haritalarında ifade seviyelerinde değişim gözlenen potansiyel genler seçilmiştir. Seçilen bu genlerin ifade seviyeleri yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresleri altında yaprak örneklerinde qPCR yöntemi ile analiz edilmiştir.

4. YÖNTEM

4.1 Kabak Genomunda Isı Şok Protein (Hsp) ve Isı Şok Faktör (Hsf) Genlerinin Belirlenmesi

Kabak bitkisine ait genom verileri Cucurbit Genomics Database (CuGenDB, http://cucurbitgenomics.org/organism/14) veri tabanından elde edilmiştir. Daha sonra bugüne kadar tanımlanmış; sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 ısı şoku protein ailelerine ait peptit dizileri Heat Shock Protein Information Resource (HSPIR, http://pdslab.biochem.iisc.ernet.in/hspir/index.php) veri tabanından elde edilmiştir (R. Vd., 2012). Tanımlanmış ısı şoku faktör dizilerine ise Plant Transcription Factor Database (http://planttfdb.gao-lab.org) veri tabanından ulaşılmıştır. Tüm bu veriler CLC Workbench platformuna kaydedilerek BLASTP işlemi ile dizilerin benzerlikleri karşılaştırılmıştır. Sorgu sonucu $\geq e^{-60}$ beklenti değerine sahip ve ≥%60 benzerlik koşullarını sağlayan eşleşmeler anlamlı eşleşme olarak kabul edilmiştir. Yine CLC Workbench platformu üzerinden Pfam (https://pfam.xfam.org) veri tabanında yer alan ısı şoku proteinleri ile ilişkili korunmuş bölgeler, kabak genomunda kodlanan tüm proteinler ile kıyaslanmıştır. Tekrar eden diziler elenerek, kabağa ait muhtemel ısı şoku protein (*Hsp*) ve transkripsiyon faktör (*Hsf*) genleri belirlenmiştir.

Elde edilen muhtemel ısı şoku protein ve transkripsiyon faktörlerinin molekül ağırlığı, teorik izoelektronik noktası, kararlılık indeksi, amino asit uzunluğu gibi karakteristik parametreleri Expasy ProtParam (https://web.expasy.org/protparam/) aracı ile saptanmıştır.

4.2 Kabak Genomunda Isı Şok Protein (Hsp) ve Isı Şok Faktör (Hsf) Genlerinin Kromozomal Yerleşiminin Belirlenmesi

Hsp ve *Hsf* genlerinin kabak genomundaki kromozomal yerleşimi Cucurbit Genomics veri tabanından elde edilen veriler doğrultusunda belirlenmiş ve kromozomlar üzerindeki dağılımı MapChart yazılımı ile görselleştirilmiştir (Voorrips, 2002).

Gen organizasyonunu ortaya koymak amacı ile Gene Structure Display Server (http://gsds.gao-lab.org) programı kullanılmış ve genlerin ekzon-intron bölgeleri gösterilmiştir (B. Hu vd., 2015).

4.3 Gen Duplikasyon Olaylarının Belirlenmesi

CpHsp ve *CpHsf* genlerinin evrimsel süreçte dâhil oldukları duplikasyon olayları analiz etmek amacıyla çevrimiçi Ka/Ks hesaplama aracı (Ka/Ks calculation tool, http://services.cbu.uib.no/tools/kaks) kullanılmıştır. Bu amaçla genlere ait cds dizileri araca yüklenmiş ve analiz sonucu nod verileri, gen çiftleri ile filogenetik ağaç kontrol edilerek tablolar oluşturulmuştur. Aynı kromozom üzerinde yer alan duplikasyonlar tandem; aynı grupta (kladda) olup farklı kromozomlar üzerinde yerleşim gösteren genlerin kopyalanması ise segmental duplikasyon olarak ifade edilmiştir. Gen çiftlerinin ayrılma zamanları T(MYÖ) = $Ks/(2*6{,}56*10^{-9})*10^{-6}$ formülü ile hesaplanmıştır (He vd., 2016).

4.4 Filogenetik Analizler ve Motif Belirlenmesi

Kabak bitkisine ait Hsp ve Hsf proteinlerinin filogenetik analizleri Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGAX) yazılımı üzerinden değerlendirilmiştir (S. Kumar, Stecher, Li, Knyaz ve Tamura, 2018). Genlere ait aminoasit dizilerine ClustalW algoritması ile çoklu dizi hizalaması uygulanmış ve hizalanan dizilere maksimum benzerlik metodu (Maximum Likelihood) ile filogenetik ağaçlar çizilmiştir. Filogenetik ağaçların görsel düzenlemeleri iTOL (https://itol.embl.de) aracında yapılmıştır.

Proteinlerin korunmuş motif yapısı Multiple Em for Motif Elicitation (MEME Suite, https://meme-suite.org/meme/index.html) çevrimiçi aracı ile belirlenmiştir (Bailey vd., 2009).

4.5 Gen Ontoloji Analizi ve Proteinlerin Homoloji Modellemesi

Hsp ve Hsf proteinlerine ait tahmini biyolojik işlevler, bu proteinlerin hücresel yerleşimleri ve moleküler fonksiyon verileri Omicsbox programında Blast2GO analizi ile elde edilmiştir (Conesa ve Götz, 2008).

Hsp ve Hsf proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları Phyre2 (http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/~phyre2/html/page.cgi?id=index) çevrimiçi aracında homoloji modellemesi yapılarak belirlenmiştir (L. A. Kelley, Mezulis, Yates, Wass ve Sternberg, 2015).

4.6 CpHsp ve CpHsf Proteinlerine ait Protein-Protein Etkileşim Analizi

CpHsp ve CpHsf proteinlerinin kendi aralarında ve farklı organizmalardaki proteinler ile etkileşimi STRING (https://string-db.org/cgi/input?sessionId=bztca4fzCHJU&input_page_show_search=on) veri tabanı aracılığı ile analiz edilmiştir (Mering, 2003). Bu amaçla proteinlere ait aminoasit dizileri veri tabanına yüklenmiş ve veri tabanında kabak verisi mevcut olmadığı için yine Cucurbitaceae ailesinde bulunan salatalık (*Cucumis sativus*) seçilerek proteinlerin birbiri ile tahmini ilişkileri belirlenmiştir.

4.7 Gen Ortologlarının Belirlenmesi (Homolog ve Homolog Olmayan Değişim Oranlarının Hesaplanması)

Kabak bitkisine ait Hsp ve Hsf proteinleri ile Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*), çeltik (*Oryza sativa*), kavak (*Populus trichocarpa*) ve soya (*Glycine max*) bitki genomlarına ait proteinlerin ortolog ilişkileri araştırılmıştır. Bu amaçla BlastP karşılaştırılması yapılarak, $\geq e^{-70}$ beklenti değeri ve ≥%70 benzerlik parametrelerine uygun olan proteinler ortolog olarak listelenmiştir.

Gen ortologlarına ClustalOmega (https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/) programında çoklu hizalama uygulanmış (Sievers vd., 2011) ve PAL2NAL (http://www.bork.embl.de/pal2nal/) programında kodon hizalaması sonucu homolog

(Ks) ve homolog olmayan (Ka) değişim oranları hesaplanmıştır (Suyama, Torrents ve Bork, 2006).

Ortolog gen çiftlerinin evrimsel süreçte birbirinden ayrılma zamanları (MYÖ, milyon yıl önce) T(MYÖ)=Ks/2λ (λ=6.5x10^{-9}) formülü ile hesaplanmıştır (Lynch ve Conery, 2000).

4.8 *Hsp* ve *Hsf* Genlerini Hedef Alan miRNA'ların Belirlenmesi

CpHsp ve CpHsf transkriptlerini hedef alan miRNA'ları belirlemek amacı ile öncelikle miRBase (https://www.mirbase.org/index.shtml) veri tabanından bitkilere ait tanımlanmış tüm miRNA dizileri kaydedilmiştir (Kozomara, Birgaoanu ve Griffiths-Jones, 2019). Plant Small RNA Target Analysis Server (psRNATarget, https://www.zhaolab.org/psRNATarget/) aracı kullanılarak, elde edilen bu miRNA'ların hedeflediği *CpHsp* ve *CpHsf* transkriptleri tespit edilmiştir (Dai, Zhuang ve Zhao, 2018).

4.9 Transkriptom Verileri Kullanılarak Hsp ve Hsf Genlerinin İfade Profillerinin Çıkarılması

CpHsp ve *CpHsf* genlerinin RNA- seq analizlerini yapmak amacı ile kabak bitkisine ait transkriptom verilerine (Illumina HiSeq okumaları) Sequence Read Archive (SRA, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra) veri tabanından ulaşılmıştır (Tablo 4.1). ".sra" formatında indirilen ham dizi okuma verileri NCBI SRA Toolkit ile "fastq" formatına dönüştürülmüştür. FASTQC yazılımı ile elde edilen okumaların kalite kontrolü sağlanmış ve düşük kalitedeki okumalar çıkartılmıştır. Tüm okumaların normalizasyon ve dönüşüm (transform) işlemleri CLC Genomics Workbench v11 programında gerçekleştirilmiştir. Elde edilen gen ifade düzey tabloları Permut Matrix yazılımında kullanılarak ısı haritaları (heatmap) oluşturulmuştur (Caraux ve Pinloche, 2005). qPCR çalışmalarında çalışılacak genlerin seçiminde gen ifade düzey tabloları ve ısı haritalarından yararlanılmıştır.

Tablo 4.1 *C. pepo* transkriptom analizi aşamasında kullanılan açık veri okumaları

Proje Numarası	SRA Numaraları	Açıklama
SRP136062	SRR6868824	Kontrol 24 saat, C24, biyolojik tekrar 1
	SRR6868816	Kontrol 24 saat, C24, biyolojik tekrar 2
	SRR6868829	Kontrol 24 saat, C24, biyolojik tekrar 3
	SRR6868826	Kontrol 48 saat, C48, biyolojik tekrar 1
	SRR6868827	Kontrol 48 saat, C48, biyolojik tekrar 2
	SRR6868832	Kontrol 48 saat, C48, biyolojik tekrar 3
	SRR6868833	Kontrol 96 saat, C96, biyolojik tekrar 1
	SRR6868830	Kontrol 96 saat, C96, biyolojik tekrar 2
	SRR6868831	Kontrol 96 saat, C96, biyolojik tekrar 3
	SRR6868828	*A. gossypii* ile muamele 24 saat, A24, biyolojik tekrar 1
	SRR6868818	*A. gossypii* ile muamele 24 saat, A24, biyolojik tekrar 2
	SRR6868825	*A. gossypii* ile muamele 24 saat, A24, biyolojik tekrar 3
	SRR6868823	*A. gossypii* ile muamele 48 saat, A48, biyolojik tekrar 1
	SRR6868819	*A. gossypii* ile muamele 48 saat, A48, biyolojik tekrar 2
	SRR6868817	*A. gossypii* ile muamele 48 saat, A48, biyolojik tekrar 3
	SRR6868821	*A. gossypii* ile muamele 96 saat, A96, biyolojik tekrar 1
	SRR6868820	*A. gossypii* ile muamele 96 saat, A96, biyolojik tekrar 2
	SRR6868822	*A. gossypii* ile muamele 96 saat, A96, biyolojik tekrar 3
SRP134937	SRR6825636	Çiçek açılmasından 24 saat önce, dişi ön salgılama-1
	SRR6825637	
	SRR6825638	
	SRR6825639	Çiçek açılmasından 15 saat önce, dişi ön salgılama-2
	SRR6825640	
	SRR6825641	Çiçek açılması sırasında, dişi salgılama
	SRR6825642	
	SRR6825643	
	SRR6825644	Çiçek açılmasından 12 saat sonra, dişi salgılama sonrası
	SRR6825645	
	SRR6825646	
	SRR6825647	Çiçek açılmasından 24 saat önce, erkek ön salgılama-1
	SRR6825648	
	SRR6825649	
	SRR6825650	Çiçek açılmasından 15 saat önce, erkek ön salgılama-2
	SRR6825651	
	SRR6825652	
	SRR6825653	Çiçek açılması sırasında, erkek salgılama
	SRR6825654	
	SRR6825655	
	SRR6825656	Çiçek açılmasından 12 saat sonra, erkek salgılama sonrası
	SRR6825657	
	SRR6825658	
SRP082555	SRR4048763	5 günlük meyve, tekrar 1
	SRR4048764	5 günlük meyve, tekrar 2
	SRR4048775	5 günlük meyve, tekrar 3
	SRR4048819	10 günlük meyve, tekrar 1
	SRR4048820	10 günlük meyve, tekrar 2
	SRR4048821	10 günlük meyve, tekrar 3
	SRR4048767	15 günlük meyve, tekrar 1
	SRR4048768	15 günlük meyve, tekrar 2
	SRR4048769	15 günlük meyve, tekrar 3
	SRR4048773	20 günlük meyve, tekrar 1
	SRR4048774	20 günlük meyve, tekrar 2
	SRR4048776	20 günlük meyve, tekrar 3
	SRR4048780	40 günlük meyve, tekrar 1
	SRR4048781	40 günlük meyve, tekrar 2
	SRR4048782	40 günlük meyve, tekrar 3

4.10 Moleküler Çalışmalarda Kullanılan Cihaz ve Sarf Malzemeler

Çalışmanın bitki büyütme, stres uygulama, RNA izolasyonu, DNaz uygulaması, cDNA sentezi, jel elektroforezi ve qPCR deney aşamalarında kullanılan cihaz ve sarf malzemeler aşağıda verilmiştir:

- Buz makinesi (Hoshizaki, Europe Limited)
- Derin Dondurucu -20 °C, Buzdolabı +4 (Arçelik 4252N, Türkiye)
- Derin Dondurucu -82 °C (Glacier Nuaıre Nu-9668E, Meksika)
- Distile Su Cihazı (Protek Lab, Türkiye)
- Elektroforez (Thermo Scientific EC1000XL2 ve EC300XL2, ABD)
- Hassas Terazi (Presica 350-8519, İsviçre)
- Jel görüntüleme sistemi ECX-F20.M (Vilber lourmat, Fransa)
- Jel görüntüleme sistemi Quantum ST5 (Vilber lourmat, Fransa)
- Manyetik Karıştırıcı (Wisd Laboratory MSH-20A, Kore)
- Mikrodalga Fırın (Arçelik, Türkiye)
- Mikropipet (Thermo, ABD)
- Mikrosantrifüj (N2631-0007 Star Lab, Kore)
- Otoklav (Nüve, Türkiye)
- pH metre (Jenco Quality Instruments, Çin)

- Realtime PCR Cihazı (Rotor-Gene® SYBR® Green PCR Qiagen, Almanya)
- Spektrofotometre Nano Drop (Thermo Sci. Multiskan go, Finlandiya)
- Soğutmalı Santrifüj (Hetrich Micro 220/220R, Almanya)
- Steril kabin Class II (Tezsan)
- Bitki büyütme kabini (Protek Lab, Türkiye)
- Thermal Cycler Isı bloğu (Thermo, ABD)
- Thermo-Shaker (Biosan Ts-100, Letonya)
- UV Table Manuel (Prizma, Fransa)
- Vorteks (Wisd Laboratory Instruments, Kore)

Kullanılan sarf malzemeler:

- Agaroz (Applichem, Almanya)
- DNA Yükleme Boyası (6X) (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- DNaseI (Rnase-free, Thermo Scientific, ABD)
- EDTA (Applichem, Almanya)
- Etanol (Kimetsan, Türkiye)
- Hoagland (Phyto Techology Laboratories, ABD)
- İzopropanol (Applichem, Almanya)

- Kloroform (Applichem, Almanya)
- Markör, GeneRuler 100 bp (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- Polietilen Glikol 6000 (PEG) (Applichem, Almanya)
- PCR reaksiyon tüpü (Greiner bio-one, ABD)
- RedSafe™ (Intron Biotechology, Güney Kore)
- RiboEx Toplam RNA Reaktifi (GeneAll, Güney Kore)
- Sıvı azot

4.11 Bitki Örneklerinin Yetiştirilmesi ve Stres Uygulamaları

Seyden F1 ve Cordelia F1 çeşit kabak tohumları sırası ile Monsanto Gıda ve Tarım Tic. Ltd. Şti. (Antalya) ve Syngenta Tarım San. ve Tic. A.Ş.'den temin edilmiştir. Cordelia F1 çeşidi ilkbaharda yetişmeye uygun iken; Seyden F1 çeşidi örtü altı ve açık alanda bahar ve güz yetiştiriciliğine uygundur. Her iki çeşit de hasat sırasında çizilmelere dayanıklıdır, yüksek meyve kalitesine sahip ve oldukça verimli bitkilerdir (Anonim, 2023a, 2023b).

Vermikülit içeren plastik saksılara ekilen tohumlar, Hoagland solüsyonu ile düzenli aralıklarla sulanmıştır (Hoagland & Arnon, 1950).Tüm bitkiler, bitki büyütme kabininde 24 ± 2 °C ve 16 saat ışık ve 8 saat karanlık fotoperiyotta 400 μmol m^{-2} s^{-1} ışık şiddetinde üç yaprak seviyesine gelinceye kadar 21 gün boyunca yetiştirilmiştir (Şekil 4.1). Çalışmamızda bitkilere kuraklık, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresleri uygulanmıştır. Kuraklık stresi oluşturmak amacı ile gelişen bitkiler %20 PEG içeren Hoagland çözeltisi ile sulanmıştır. Sıcaklık stresi için bitkiler 50 °C'ye maruz bırakılmıştır. Kombine streste ise %20 PEG içeren Hoagland çözeltisi verilen bitkiler 50 °C'deki bitki büyütme kabinine kaldırılmıştır (Altunoğlu ve diğerleri, 2019). Stres uygulanan bitkilerin yaprak kısımlarından 0. (kontrol grubu),

30.dk., 1. saat ve 2. saatlerde örnekler toplanarak (Şekil 4.2) ileri analizlerin yapılması için -80°C'ye kaldırılmıştır.



Şekil 4.1 Cordelia ve Seyden tohumlarının ekim ve yetiştirme aşamaları



Şekil 4.2 Yüksek sıcaklık stres uygulaması sonrası kabak bitkisi

4.12 RNA İzolasyonu

Kabak bitkisi yaprak örneklerinden RNA izolasyonu RiboEx (Trizol) reaktifi kullanılarak yapılmıştır. RNA izolasyonunda izlenen basamaklar aşağıda verilmiştir:

1. Steril edilmiş ve soğutulmuş havanlara 100 mg yaprak örneği alınarak toz haline gelen kadar sıvı azot yardımı ile ezilmiştir.

2. Toz haldeki örneklerin üzerine 1000 µL Trizol reaktifi konularak homojen hale gelene kadar vortekslenmiştir.
3. Örnekler Thermal Shakerda 1200 rpm'de 20 dakika inkübasyona bırakılmıştır.
4. İnkübasyon sonunda örnekler 21000 g'de 10 dakika santrifüj edilmiştir.
5. Santrifüj sonunda üst faz yeni bir tüpe alınarak üzerine 200 µL kloroform ilave edilmiş ve 5-6 dakika oda sıcaklığında inkübe edilmiştir.
6. Ardından örnekler 4 °C'de 21000 g'de 20 dakika santrifüj edilerek faz ayrımı sağlanmıştır.
7. Santrifüj sonunda üst renksiz faz yeni bir tüpe aktarılarak üzerine 1:1 oranında soğuk izopropanol eklenmiş ve tüpler alt üst edildikten sonra -20 °C'de 30 dakika inkübasyona bırakılmıştır.
8. Daha sonra örnekler 25 °C'de 21000 g'de 10 dakika santrifüj edilmiş ve santrifüj sonunda süpernatant atılarak RNA pelletine ulaşılmıştır.
9. Pellet 1000 µL %70'lik EtOH ile yıkanmış ve ardından 25 °C'de 21000 g'de 5 dakika santrifüj edilmiştir.
10. Santrifüj sonrası alkolün tamamen uzaklaşması sağlanmış ve elde edilen RNA pelletleri 20 µL nükleaz içermeyen dH_2O'da çözünmüştür.
11. RNA saflığı ve konsantrasyonu; spektrofotometrede A_{260}/A_{280} oranına bakılarak kontrol edilmiştir.

4.13 DNaz Uygulaması

Elde edilen RNA örneklerindeki DNA bulaşkanlarını tamamen uzaklaştırmak için DNaseI enzimiyle muamele yapılmıştır. Reaksiyon bileşenleri ve koşulları Tablo 4.2'de verilmiştir. DNaz uygulaması sonrası örneklerin konsantrasyonu spektrofotometrede ölçülmüş ve kalitesi agaroz jel elektroforezinde kontrol edilmiştir.

Tablo 4.2 Kabak örneklerinden elde edilen RNA'lar için uygulanan DNaz reaksiyonu ve bileşenleri

Bileşenler	**Miktar**
RNA	1 µg
10X Reaksiyon Tamponu	1 µL
DNaz I	1 µL (1 U)
Nükleaz içermeyen dH_2O	Reaksiyon son hacmi 10 µL olacak şekilde tamamlanır.
37 °C'de 30 dakika inkübasyona bırakılır.	
50 mM EDTA	1 µL
65 °C'de 10 dakika inkübasyona bırakılır.	

4.14 Agaroz Jel Elektroforezi

Dnaz uygulaması sonucu elde edilen ürünün kalitesi agaroz jel elektroforezi ile kontrol edilmiştir. Bu amaçla %1 konsantrasyonda agaroz jel hazırlanmış ve son hacim 1X Tris-asetik asit-EDTA (TAE) (Tablo 4.3) ile tamamlanmıştır. Agarozun çözünerek homojen hale gelmesi için mikrodalga fırında ısıtılan çözeltiye ılık duruma gelince Redsafe boyasından eklenmiştir. Ilık formdaki jel, taraklar yerleştirilen jel tankına hava kabarcığı bırakmamaya özen gösterilerek dökülmüş ve üzerine 1X TAE tamponu eklenmiştir. Örnekleri jele yükleme basamağında; 6X DNA jel yükleme boyası (Loading dye) 1X konsantrasyona, örnek ve dH_2O ile seyreltilerek getirilmiş ve ilk kuyucuğa GeneRuler 100 bç DNA markörü gelecek şekilde yükleme yapılmıştır. Örnekler 100 voltta 40 dakika yürütülmüş ve jel görüntüleme sistemi ile fotoğraflanmıştır.

Tablo 4.3 10X TAE bileşenleri ve hazırlanması

Bileşenler	**Miktar**
TRİS	48,5 g
Glasiyel Asetik asit	11,4 ml
EDTA	20 ml (0,5 M) pH 8.0
dH_2O	Toplam hacim 1000 ml'ye tamamlanmıştır.

4.15 Komplementer DNA (cDNA) Sentezi

DNaz uygulaması yapılan RNA örneklerinden komplementer DNA (cDNA) sentezlemek amacı ile iScript^{TM} cDNA Sentez Kiti (Bio-Rad, ABD) kullanılmıştır. Kit içeriğindeki protokole göre toplam hacim 20 µL olacak şekilde deney tasarlanmış ve reaksiyon bileşenleri Tablo 4.4'de verilmiştir.

Tablo 4.4 cDNA sentezi bileşenleri ve miktarları

Bileşenler	Miktar
5x iScript Reaksiyon Karışımı	4 µL
iScript Ters Transkriptaz	1 µL
RNA	1 µg
Nükleaz içermeyen su	20 µL'ye tamamlanır.

Reaksiyon karışımı thermal cyclerda (Techne Prime) 5 dk 25 °C'de, 20 dk 46 °C'de, 1 dk 92 °C'de inkübe edilmiştir.

4.16 Primer Tasarımı

Daha önceden yapılan transkriptom analizlerine bakılarak, her gen ailesinden ifadesinde değişim görülen belli genler seçilmiş ve bu genlere özgü primerler tasarlanmıştır. qPCR deneylerinde kullanılan bu primerlerin tasarımında NCBI Primer-BLAST (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/index.cgi?LINK_LOC=BlastHome) ve Beacon DesignerTM (http://www.premierbiosoft.com/qOligo/Oligo.jsp;jsessionid=D5ADD485B2DBE8D63D2EFB5AC251CC5D?PID=1) çevrimiçi araçları kullanılmıştır. qPCR deneylerinde referans olarak 18S rRNA (GenBank ID: X51542.1) ve TUA (Tubulin alpha chain) (GeneID: XM_004149597) genleri kullanılmıştır (Baloglu vd., 2014; Kong vd., 2014). Tasarlanan primerler Tablo 4.5'te gösterilmiştir.

Tablo 4.5 Tez çalışmasında kullanılan primerler ve özellikleri

Gen ailesi	Gen adı	Primer yönü	Primer dizisi (5'3')	Primer uzunluğu (bç)	GC oranı (%)	Optimize edilen bağlanma sıcaklığı (Tm °C)	Amplikon uzunluğu (bç)
sHsp	*CpsHsp-8*	İleri	AAACAGAGCGATCACTGGCA	20	50	58	128
		Geri	GTCACCGTGAGAACCCCATT	20	55	58	
	CpsHsp-21	İleri	TCGACGCTCGTTCGACAAAT	20	50	58	177
		Geri	GCATCGGCAGTCTCCTTGAA	20	55	58	
Hsp40	*CpHsp40-27*	İleri	TTTCCGGTGCTTCCTACCAC	21	55	58	201
		Geri	GAGGAAACATTGGGCGAGGA	20	55	58	
	CpHsp40-36	İleri	TCTTCGGATTCAACCTGGCG	20	55	58	116
		Geri	GATGAAACTGCACGCCACAA	20	50	58	
Hsp60	*CpHsp60-29*	İleri	GCTGGAGTGAACGCTATGGA	20	55	58	273
		Geri	GAAACCCCTGTCCAGCTTCA	20	55	58	
	CpHsp60-34	İleri	CTGCTACTGTGGTTGCTCCA	20	55	58	144
		Geri	CCTCCCCACCTTGAGGTTTC	20	60	58	
Hsp70	*CpHsp70-20*	İleri	TTCTGCGGAGGACAAAACCA	20	50	58	226
		Geri	TGCAAGTTTACCACCGATCTT	21	42,86	58	
Hsp90	*CpHsp90-08*	İleri	GGCCGAGAAGGTGATTGTGA	20	55	58	128
		Geri	TCTTGGTACCCCTTCCGAGT	20	55	58	
Hsp100	*CpHsp100-26*	İleri	TGTCAACCGAGACCAAGTCG	20	55	58	287
		Geri	CACACTCCCCTACAACCACC	20	60	58	
	CpHsp100-101	İleri	GTTGGGAGACAGAGAGGCAC	20	60	58	218
		Geri	TCTCTCCCTCTCACGTCAGG	20	60	58	

Tablo 4.5'in devamı

Hsf	*CpHsf-05*	İleri	CCATCGACGAAAAA CCGCTC	20	55	58	248
		Geri	TGTTGTTGCTTCGAC GGAGA	20	50	58	
	CpHsf-68	İleri	AGTTTGGTCTCCTGC GGAAT	20	50	58	82
		Geri	CTGGCGAATGAAGC TAGAGA	20	50	58	

4.17 *CpHsp* ve *CpHsf* Gen İfadelerinin qPCR ile Belirlenmesi

CpHsp ve *CpHsf* genlerinin ifade seviyelerini belirlemek amacıyla qPCR analizi yapışmıştır. iTaq™ Universal SYBR® Green Supermix kiti (Tablo 4.6) kullanılarak oluşturulan reaksiyonlar, Qiagen Rotor Gene 6000 cihazında gerçekleştirilmiştir.

Tablo 4.6 qPCR reaksiyonu bileşenleri ve miktarları

Bileşenler	Miktar	Son konsantrasyon
cDNA	1 µl	50 ng
İleri ve geri primerler	0,5 µl	500 nM
SYBR Green Mix	5 µl	1 X
Nükleaz içermeyen dH_2O	3 µl	---

Analizi yapılacak her bir gen için reaksiyonlar, üç biyolojik ve iki teknik tekrarla çalışılmıştır. Reaksiyon koşulları Tablo 4.7'de verilmiştir. Sybr Green boyası ile 530 nm dalga boyunda okumalar yapılarak erime eğrisi verileri elde edilmiştir. Erime eğrisi ile çoğaltılan gen bölgesinin doğruluğu 65°C'den 95°C'ye kadar her bir 0,5°C artışta okumalar yaparak kontrol edilmiştir.

Tablo 4.7 qPCR koşulları

PCR Aşamaları	Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Başlangıç denatürasyonu	95°C	5 dk	1
Denatürasyon	95°C	10 sn	45
Bağlanma	60°C	20 sn	
Uzama	72°C	10 sn	
Erime I	95°C	5 sn	1
Erime II	65°C	60 sn	
Erime III	97°C	-	
Soğutma	4°C	10 sn	1

Bağıl gen ifadesini değerlendirmek amacıyla Ct değerleri (Cycle Threshold) belirlenmiş ve ΔCT ve ΔΔCT değerleri *TUA* ve *18S rRNA* referans genleri dikkate alınarak aşağıdaki formüle göre hesaplanmıştır:

$$\Delta CT = CT_{örnek} - CT_{referans}$$

$$\Delta\Delta CT = \Delta CT_{örnek} - \Delta CT_{kontrol}$$

Gen ifade seviyeleri arasındaki fark $2^{-\Delta\Delta CT}$ formülü ile belirtilmiştir (Livak ve Schmittgen, 2001). Elde edilen sonuçların istatistiksel analizinde Tek Yönlü-ANOVA testi kullanılmış ve p değeri <0,05 "*" olan sonuçlar anlamlı olarak kabul edilmiştir.

5. BULGULAR

5.1 Kabak Genomunda *Hsp* ve *Hsf* Genlerinin Belirlenmesi ve Proteinlerin Karakterizasyonu

Yapılan biyoinformatik analizler sonucunda kabak genomunda ısı şoku proteini ve ısı şoku transkripsiyon faktörü kodlayan genler tespit edilmiştir. Belirlenen genlere, kabak bitkisinin latince adının (*Cucurbita pepo*) baş harfleri ön ek olarak eklenmiş ve her aileye ait genler kromozom yerleşimine göre sırası ile isimlendirilmiştir. Isı şoku proteini kodlayan 44 adet *CpsHsp*, 188 adet *CpHsp40*, 42 adet *CpHsp60*, 28 adet *CpHsp70*, 10 adet *CpHsp90*, 152 adet *CpHsp100* geni ve ısı şoku transkripsiyon faktörü kodlayan 77 adet *CpHsf* geni belirlenmiştir. CpHsp proteinlerinin biyokimyasal özellikleri moleküler ağırlık, teorik izoelektrik nokta, kararlılık indeksi açısından ele alınmıştır.

CpsHsp proteinlerinin büyüklüklerinin 68 aminoasit (CpsHsp-07) ile 1200 aminoasit (CpsHsp-01) arasında değişkenlik gösterdiği bununla birlikte moleküler ağırlıklarının 7,4-134,5 kDa aralığında olduğu tespit edilmiştir. 12 adet CpsHsp proteinin teorik izoelektrik noktasının bazik skalada (7,62-9,83) olduğu gözlenirken; teorik izoelektrik noktası 4,67-6,96 arasında değişen 32 adet protein kaydedilmiştir. Bu protein grubunun 39 üyesinin kararsız, yalnızca 5 üyesinin kararlı yapıda olduğu belirlenmiştir (EK 1).

CpHsp40 proteinlerinin peptid dizisi uzunlukları 64-2638 aminoasit arasında değişmektedir. Proteinlerin moleküler ağırlıkları ise 6,9-288,9 kDa (CpHsp40-89 ve CpHsp40-162) arasında değişmektedir. Teorik izoelektrik noktası incelendiğinde 105 adet proteinin pH ≥ 7 (7,02-10,10) ve 83 adet CpHsp40 proteinin ise pH ≤ 7 (4,43-6,94) aralığında olduğu bulunmuştur. CpHsp40 proteinlerin çoğunlukla (135 protein) kararsız özellikte olduğu tespit edilmiştir (EK 2).

Hsp60 proteinlerinin moleküler ağırlıkları 10,6-228,4 kDa aralığındadır. Proteinlerin peptid dizisi uzunlukları 97-2067 aminoasit arasında değişiklik göstermektedir. *CpHsp60* gen ailesi ürünlerinin teorik izoelektrik noktası çoğunlukla (33 protein)

asidik skalada (5,09-6,85) yer almaktadır. Bununla birlikte 29 adet CpHsp60 proteini kararlı özellik göstermektedir (EK 3).

CpHsp70 proteinlerinin peptid uzunlukları 413-1654 aminoasit arasında değişmektedir. En küçük proteinin (CpHsp70-19) moleküler ağırlığı 45,4 kDa olup; en uzun peptid dizisine sahip protein (CpHsp70-27) 184,8 kDa büyüklüğündedir. Hsp70 grubundaki proteinlerin 23 tanesi asidik pH'da teorik izoelektrik noktaya sahiptir ve 15 tanesinin kararlı yapıda olduğu bulunmuştur (EK 4).

CpHsp90 gen ailesi ürünlerinin 220-1383 aminoasit uzunluğunda değişen proteinlerden oluştuğu görülmüştür. Proteinlerin moleküler ağırlıkları 25-156,6 kDa arasında farklılık göstermektedir. 10 adet Hsp90 proteininden 4 tanesi kararsız, 6'sı ise kararlı yapıdadır. Yalnızca CpHsp90-02 ve CpHsp90-10 proteinlerinin teorik izoelektrik noktası pH>7 olup; diğer üyeler asidik karaktere sahiptir (EK 5).

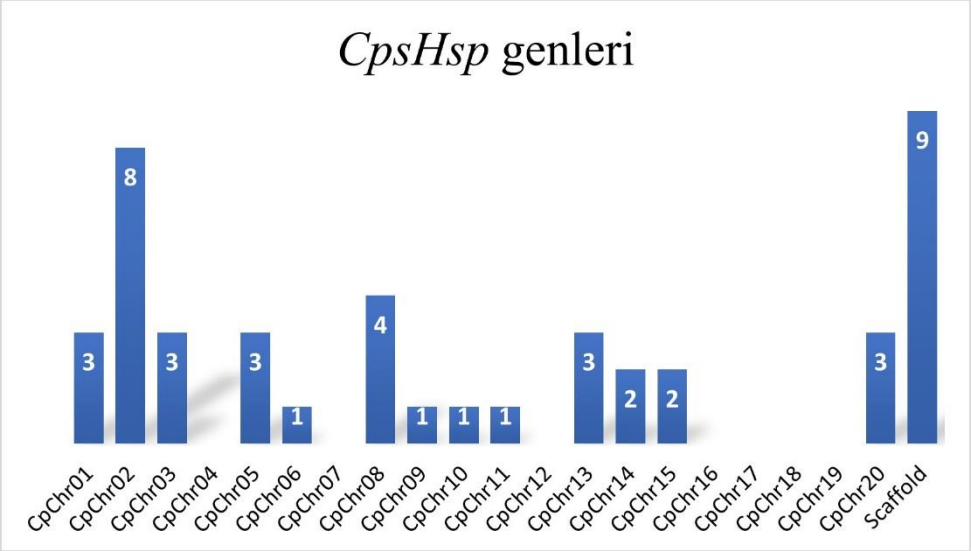
Hsp100 proteinlerinin peptid dizisi uzunlukları 234-2067 aminoasit arasında; molekül ağırlıkları ise 25,6 kDa ile 236,8 kDa arasında değişmektedir. 152 CpHsp100 üyesinden 92 tanesinin izoelektrik noktası asidik pH'ta iken (4,68-6,93); 60 adet proteinin bazik pH'ta (7,02-9,85) bulunmaktadır. CpHsp100 üyelerinin çoğunluğunun (102 adet) kararsız yapıda olduğu tespit edilmiştir (EK 6).

CpHsf proteinlerinin moleküler ağırlıklarının 8,4 kDa ile 207,9 kDa değiştiği belirlenmiştir. Proteinlerin peptid dizisi uzunlukları 72 ile 1865 aminoasit arasında değişmektedir. 77 protein içeren CpHsf ailesinin üyeleri çoğunlukla (61 protein) kararsız yapıdadır. Hsf proteinleri teorik izoelektrik noktaları açısından incelendiğinde 52 adet proteinin pH 4,73 ile 6,86 arasında; 25 proteinin ise pH 7,05 ile 10,48 arasında değişen değerlere sahip olduğu saptanmıştır (EK 7).

5.2 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Kromozomal Dağılımı

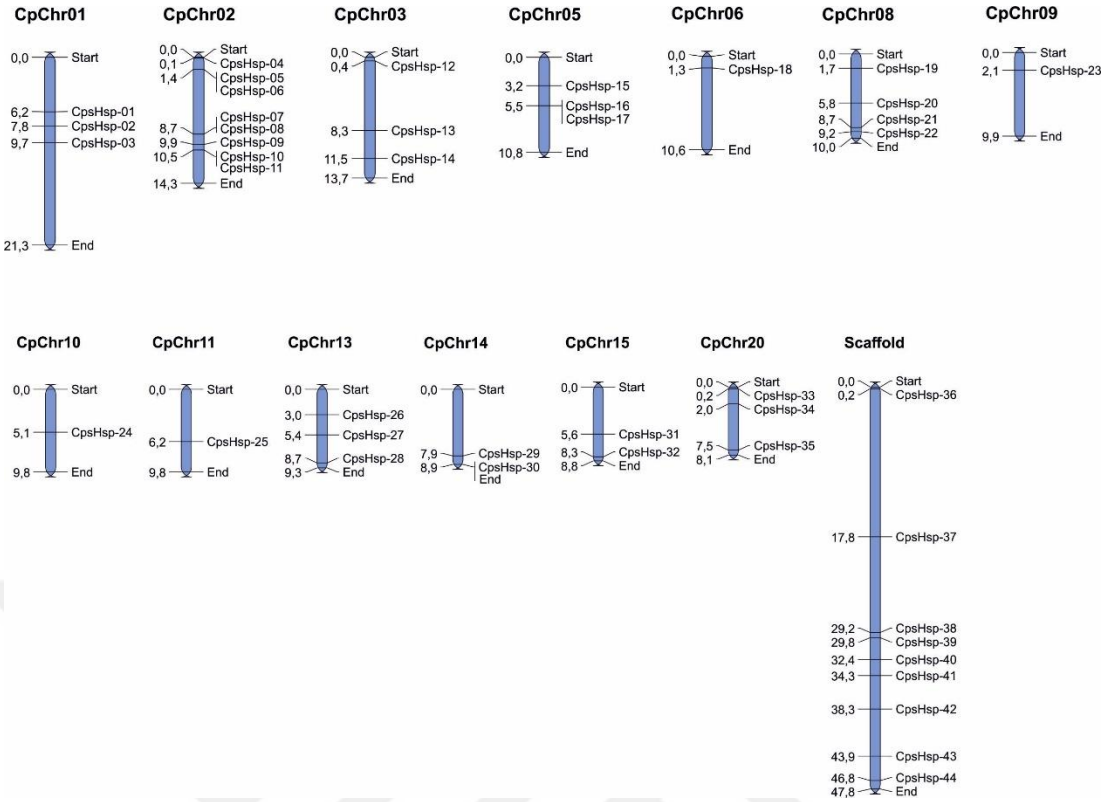
Belirlenen 464 adet *CpHsp* ve 77 adet *CpHsf* geninin kabak bitkisinin 20 kromozomu üzerindeki dağılımı MapChart programı ile belirlenmiştir. *CpHsp* genlerinin çoğunlukla 1., 2. (38 gen) ve 5. (30 gen) kromozomlar üzerinde yerleşim gösterdiği tespit edilmiştir. Bununla birlikte 32 adet *CpHsp* geni scaffold seviyesinde kalmıştır.

15. ve 16. kromozomların ise en az *Hsp* geni içeren (13 gen) kromozomlar olduğu belirlenmiştir.



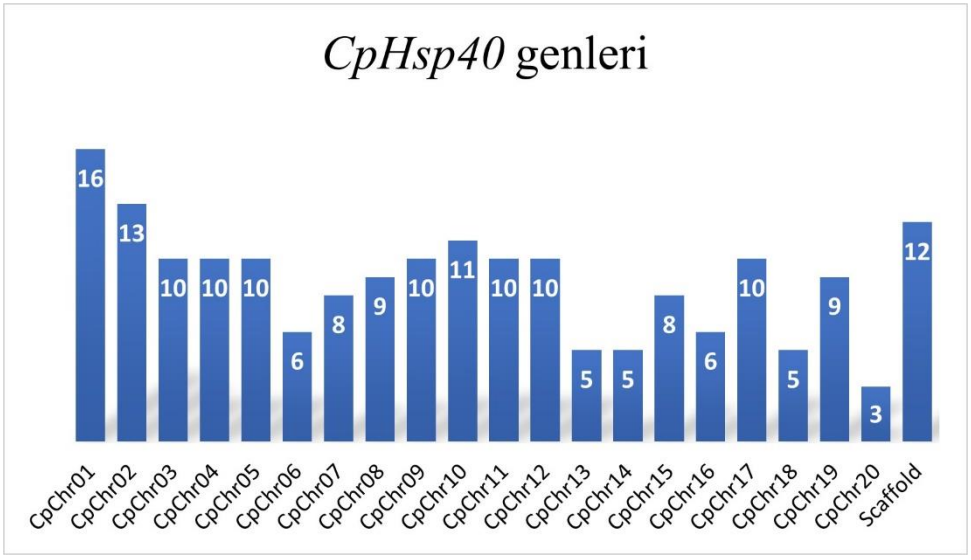
Şekil 5.1 *CpsHsp* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği

CpsHsp genleri çoğunlukla (8 gen) 2. kromozom üzerinde yoğunlaşmıştır. 9 adet s*Hsp* geni scaffold düzeyinde kalmıştır. 4., 7., 12., 16., 17., 18. ve 19. kromozomlar üzerinde hiçbir *CpsHsp* geninin yer almadığı tespit edilmiştir (Şekil 5.1, Şekil 5.2).

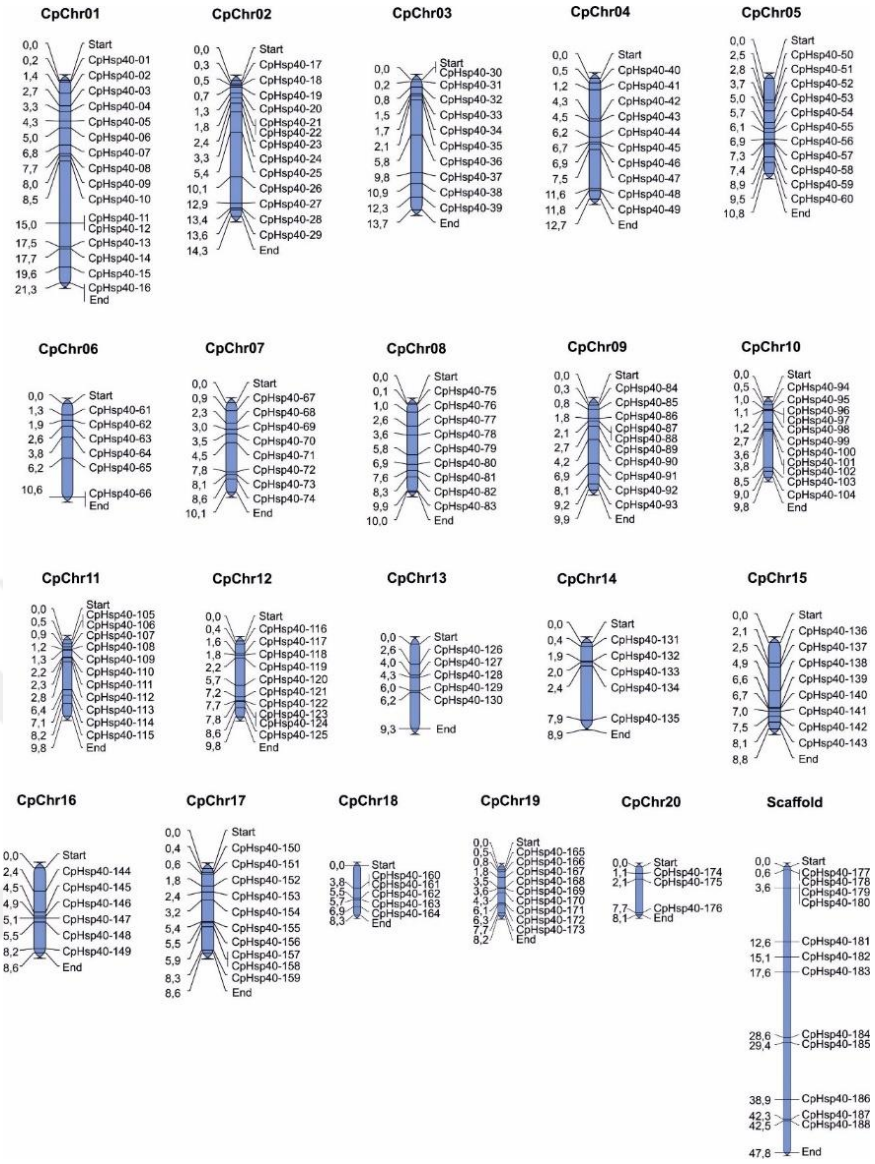


Şekil 5.2 *CpsHsp* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları

CpHsp40 genlerinin kromozomal dağılımı incelendiğinde, en fazla yerleşimin16 gen ile 1. kromozom üzerinde, ardından 13 gen ile 2. kromozom üzerinde yer aldığı görülmüştür. En az sayıda *Hsp40* genini 3 gen ile 20. kromozomun taşıdığı belirlenmiştir (Şekil 5.3, Şekil 5.4).

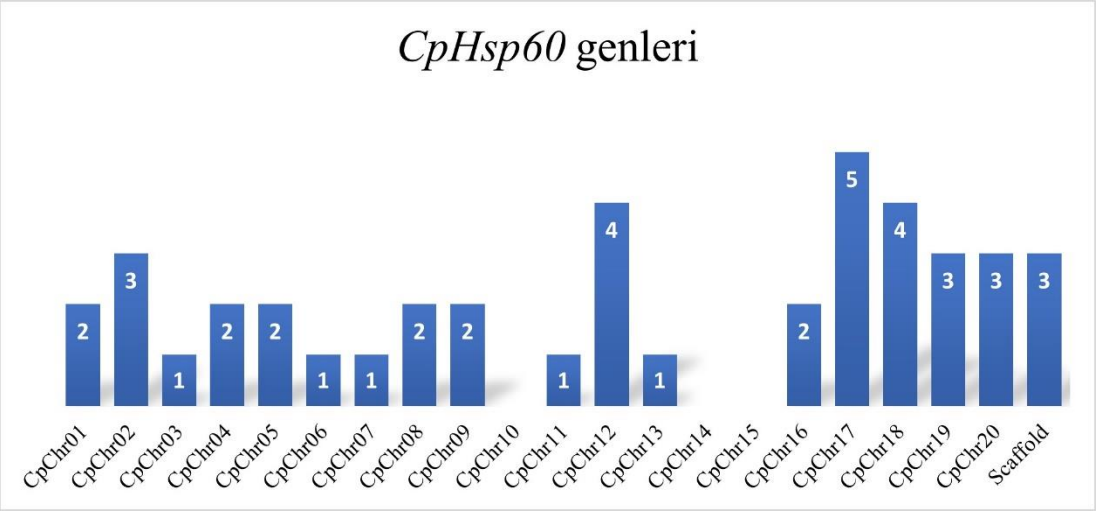


Şekil 5.3 *CpHsp40* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği

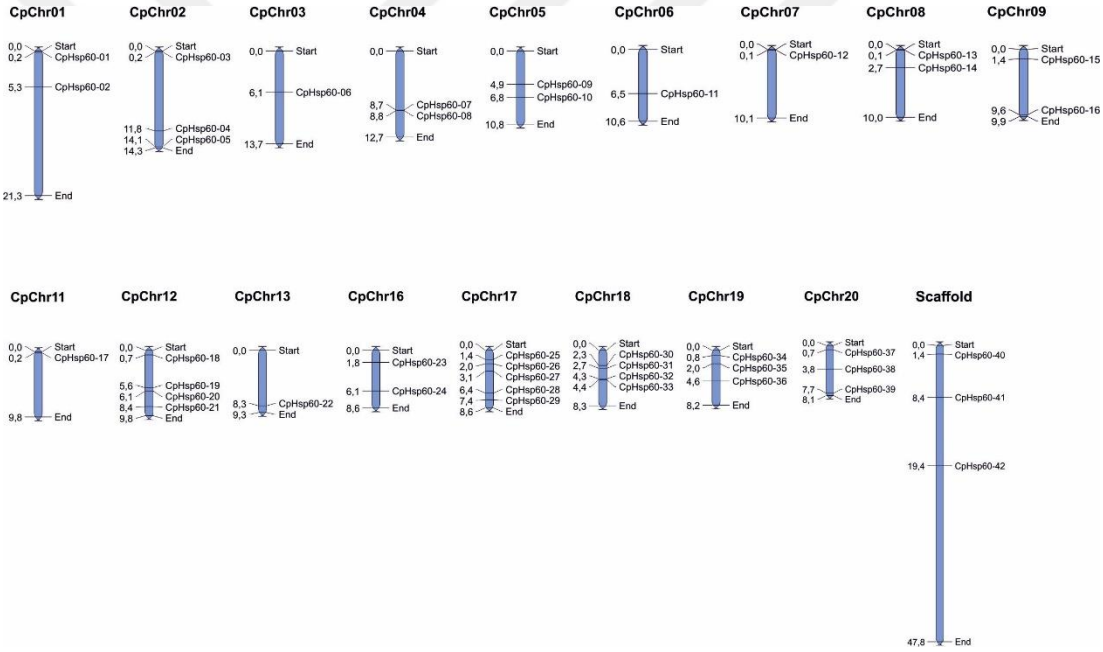


Şekil 5.4 *CpHsp40* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları

42 adet *CpHsp60* geni kabak genomunda; 10., 14. ve 15. kromozomlar dışında dağılım göstermiştir. *CpHsp60-40*, *CpHsp60-41* ve *CpHsp60-42* genleri 20 kromozomun hiçbirinde yer almayıp scaffold düzeyinde kalmıştır. *Hsp60* genleri en fazla 17. (5 gen) ve ardından 12. ile 18. kromozomlar (4 gen) üzerinde yoğunlaşmıştır (Şekil 5.5, Şekil 5.6).

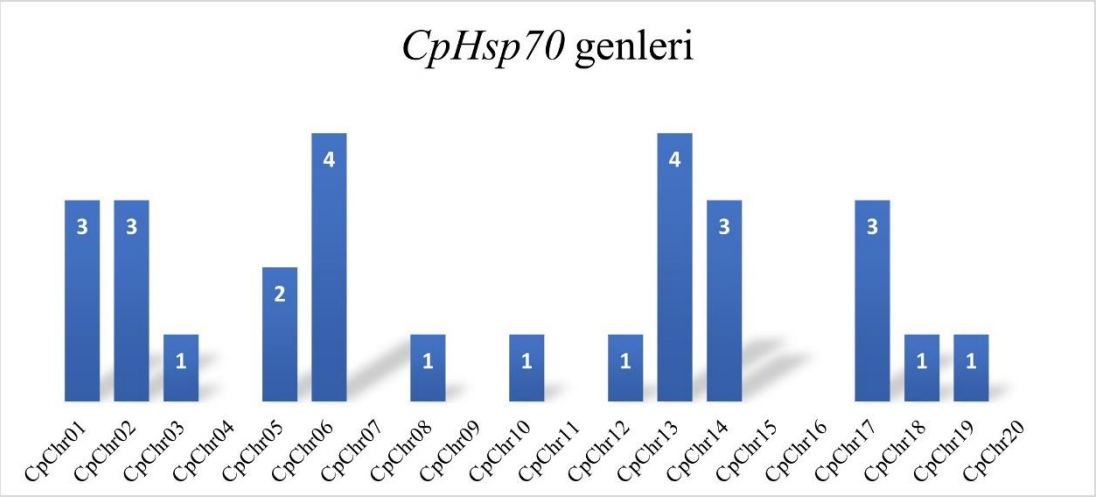


Şekil 5.5 *CpHsp60* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği

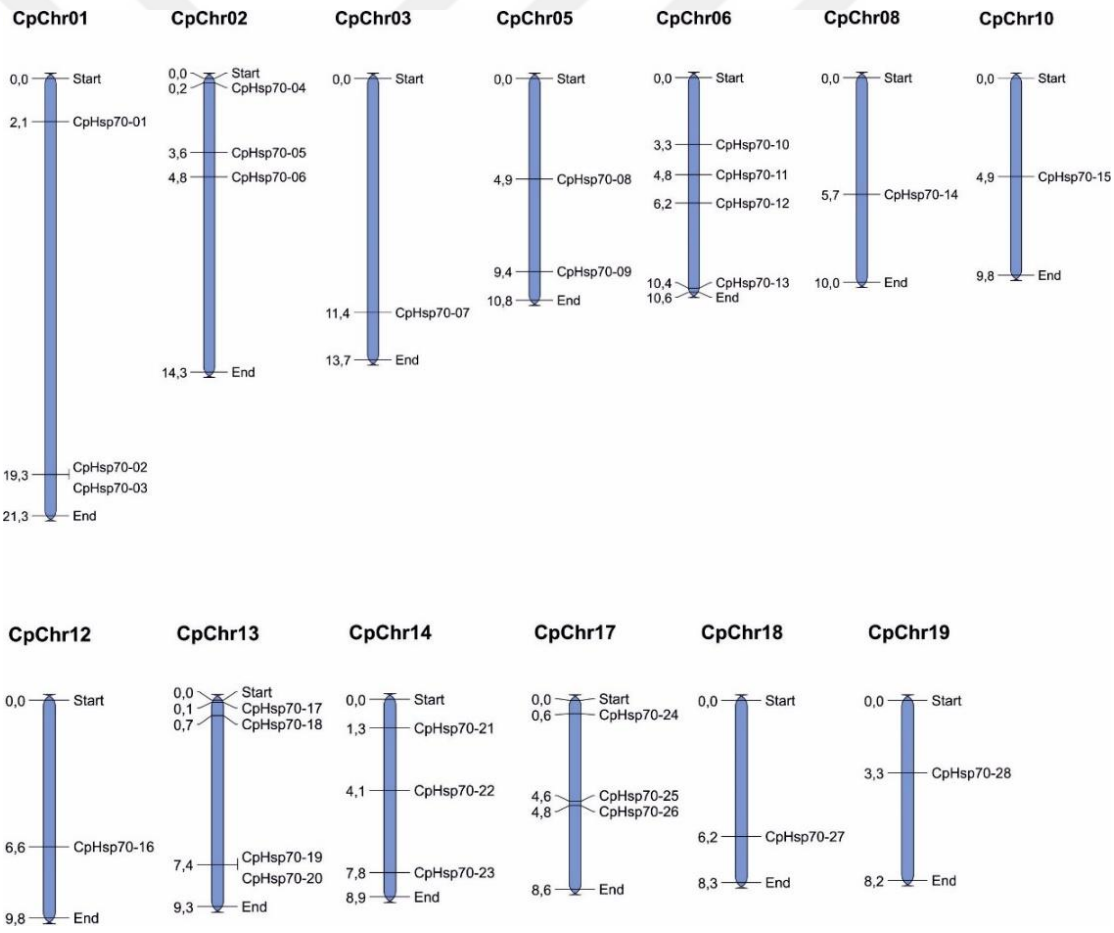


Şekil 5.6 *CpHsp60* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları

CpHsp70 genlerinin kromozomal yerleşiminde, aileye ait hiçbir genin 4., 7., 9., 11., 15., 16 ve 20. kromozomlar üzerinde yer almadığı gözlenmiştir. Aile üyeleri 13 kromozoma dağılmış olup; en fazla *CpHsp70* geni 6. ve 13. kromozomlar üzerinde (4 gen) yer almaktadır (Şekil 5.7, Şekil 5.8).



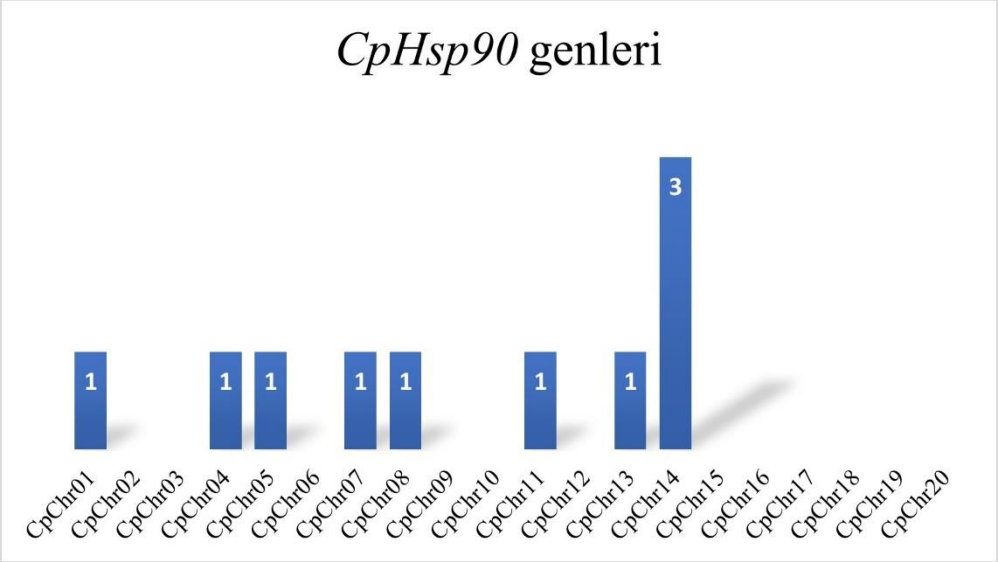
Şekil 5.7 *CpHsp70* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği



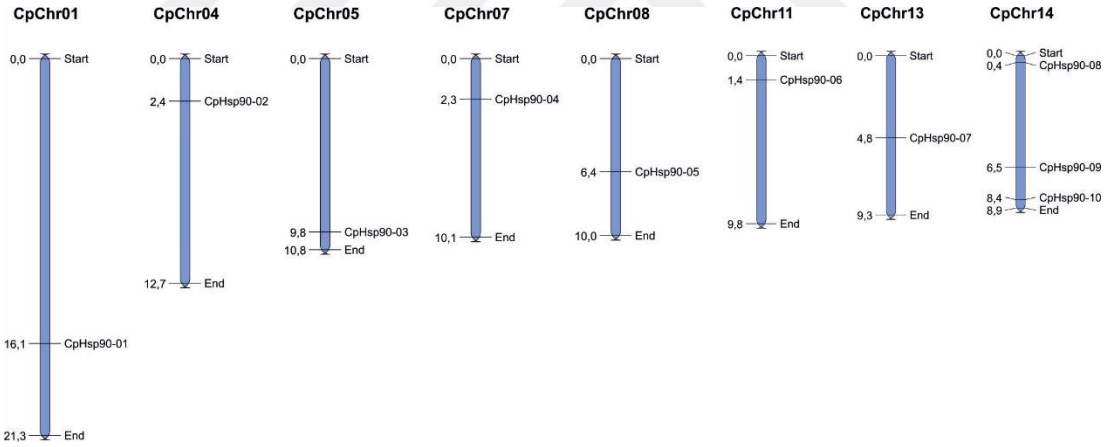
Şekil 5.8 *CpHsp70* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları

10 gen ile kabaktaki en küçük gen ailesi olan *CpHsp90* genleri, genomda 1., 4., 5., 7., 8., 11., 13. ve 14. kromozomlar üzerinde yer almıştır. *CpHsp90-08*, *CpHsp90-09* ve *CpHsp90-10* genlerinin yerleşim gösterdiği 14. kromozom, en fazla *CpHsp90* genini

taşıyan kromozom olmuştur. Diğer kromozomlar üzerinde birer adet *CpHsp90* geni bulunmaktadır (Şekil 5.9, Şekil 5.10).

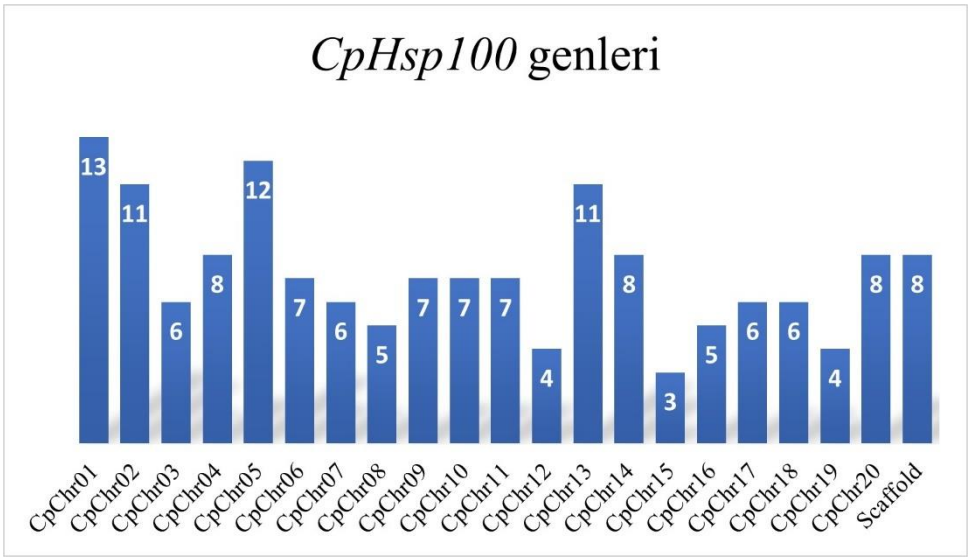


Şekil 5.9 *CpHsp90* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği

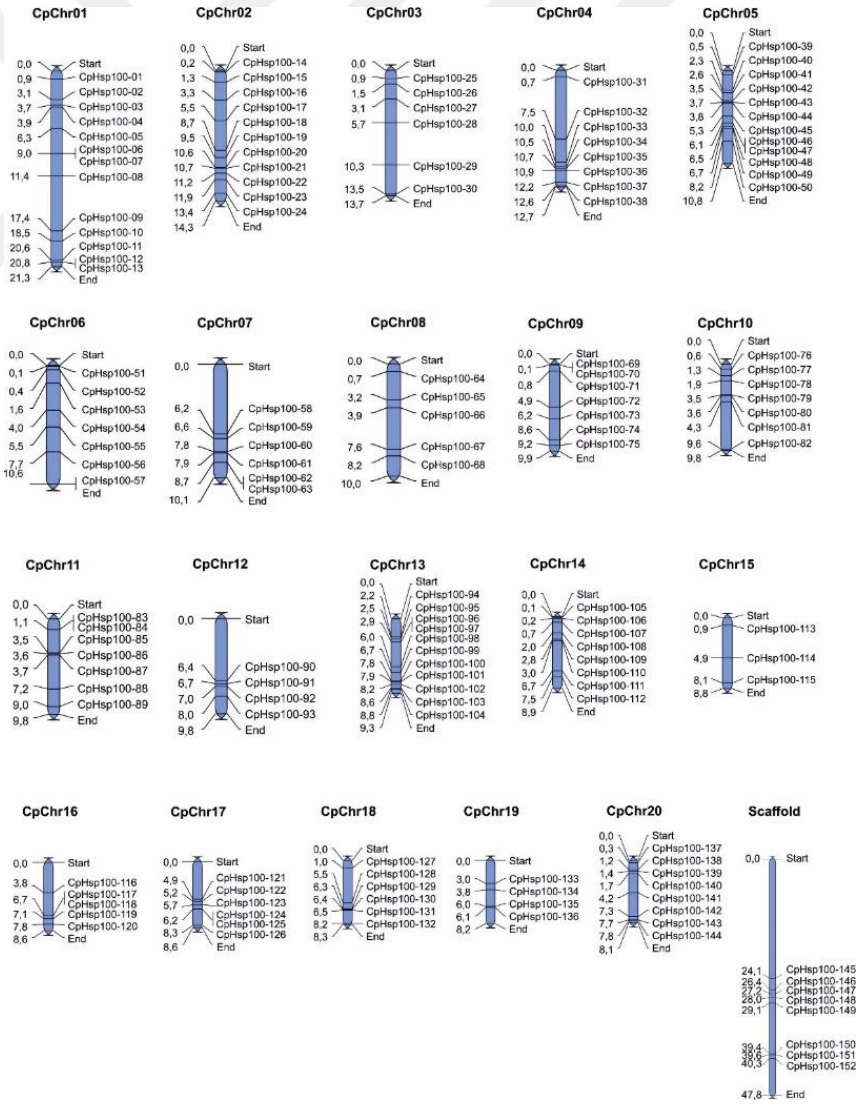


Şekil 5.10 *CpHsp90* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları

152 gen içerdiği tespit edilen *CpHsp100* gen ailesi üyeleri, 20 kabak kromozomunun tümüne dağılım göstermiştir. Bunun yanında 8 adet *CpHsp100* geninin kromozomal yerleşimi belirlenemediği için scaffold seviyesinde kalmıştır. 13 gen ile 1. kromozom en fazla *CpHsp100* üyesi içeren kromozomdur, akabinde 12 gen ile 11. kromozom ve 11'er gen ile 2. ve 13. kromozomlar gelmektedir. 3 adet gen ile 15. kromozom, en az *CpHsp100* geni içeren kromozom olmuştur (Şekil 5.11, Şekil 5.12).

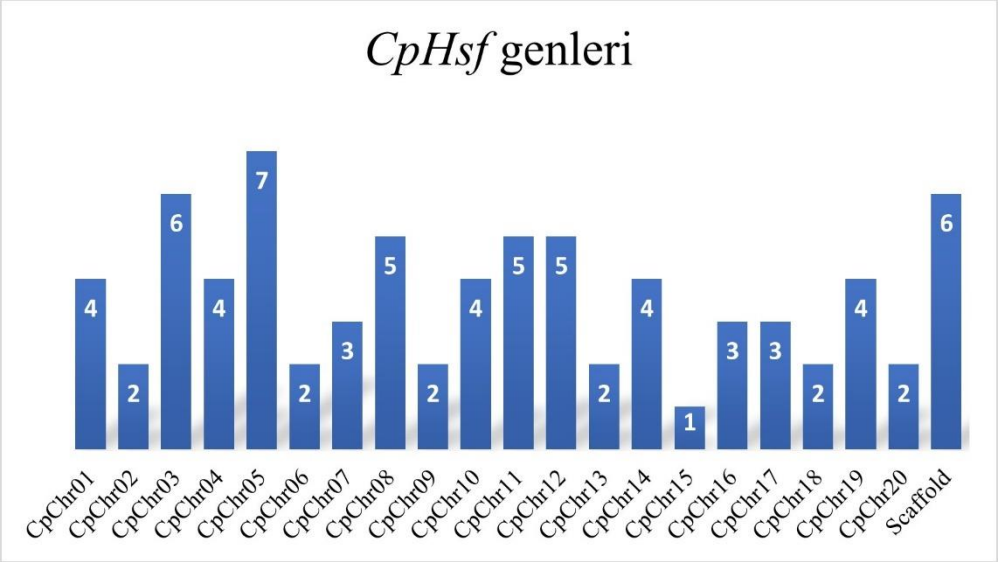


Şekil 5.11 *CpHsp100* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği

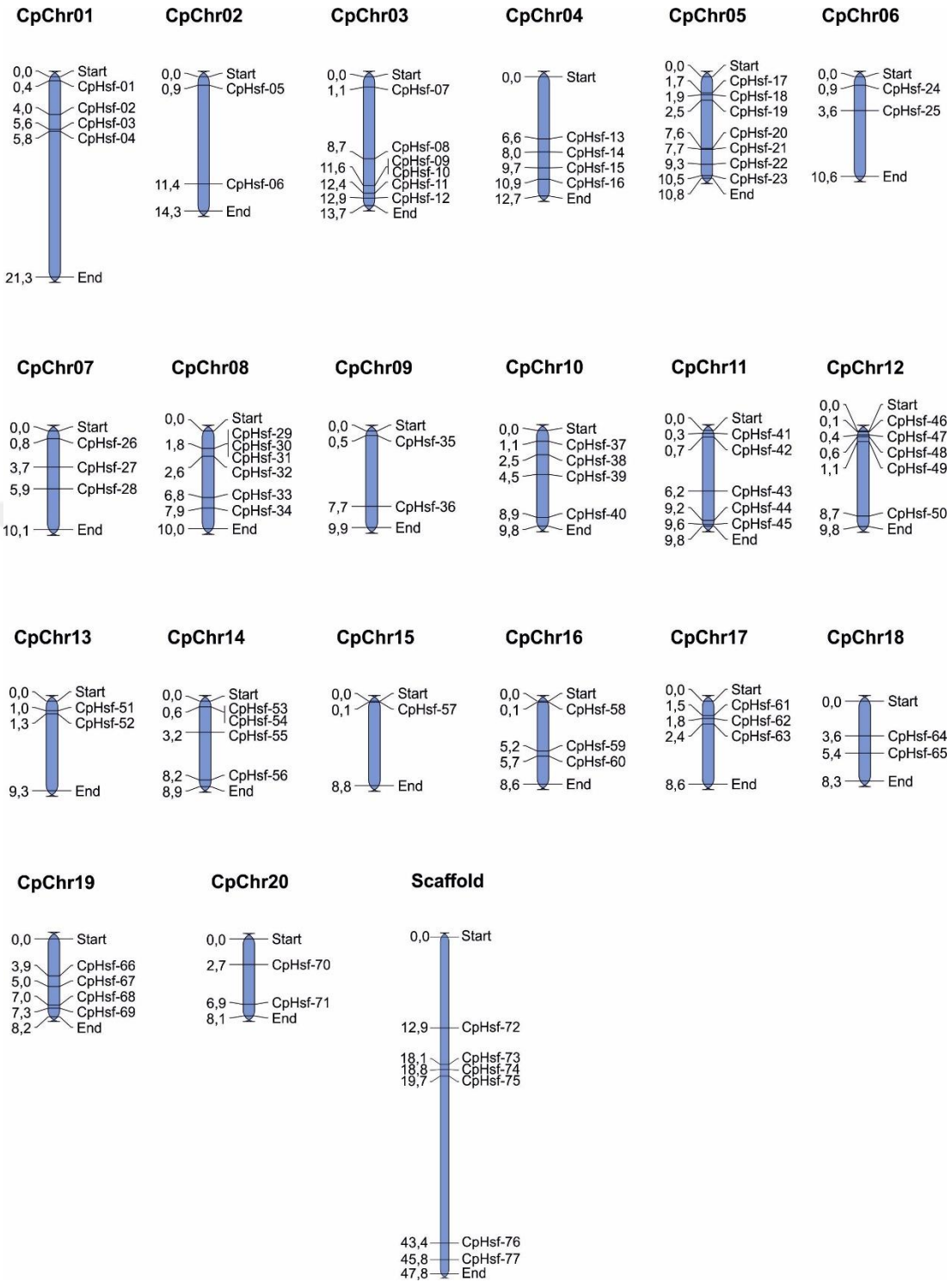


Şekil 5.12 *CpHsp100* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları

Isı şoku transkripsiyon faktörlerinin 20 adet kabak kromozomu üzerinde dağılımı incelendiğinde, *CpHsf* genlerinin tüm kromozomlar üzerinde yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. Ayrıca 6 adet genin (*CpHsf72-77*) scaffold seviyesinde kaldığı saptanmıştır (Şekil 5.13, Şekil 5.14).



Şekil 5.13 *CpHsf* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılım grafiği



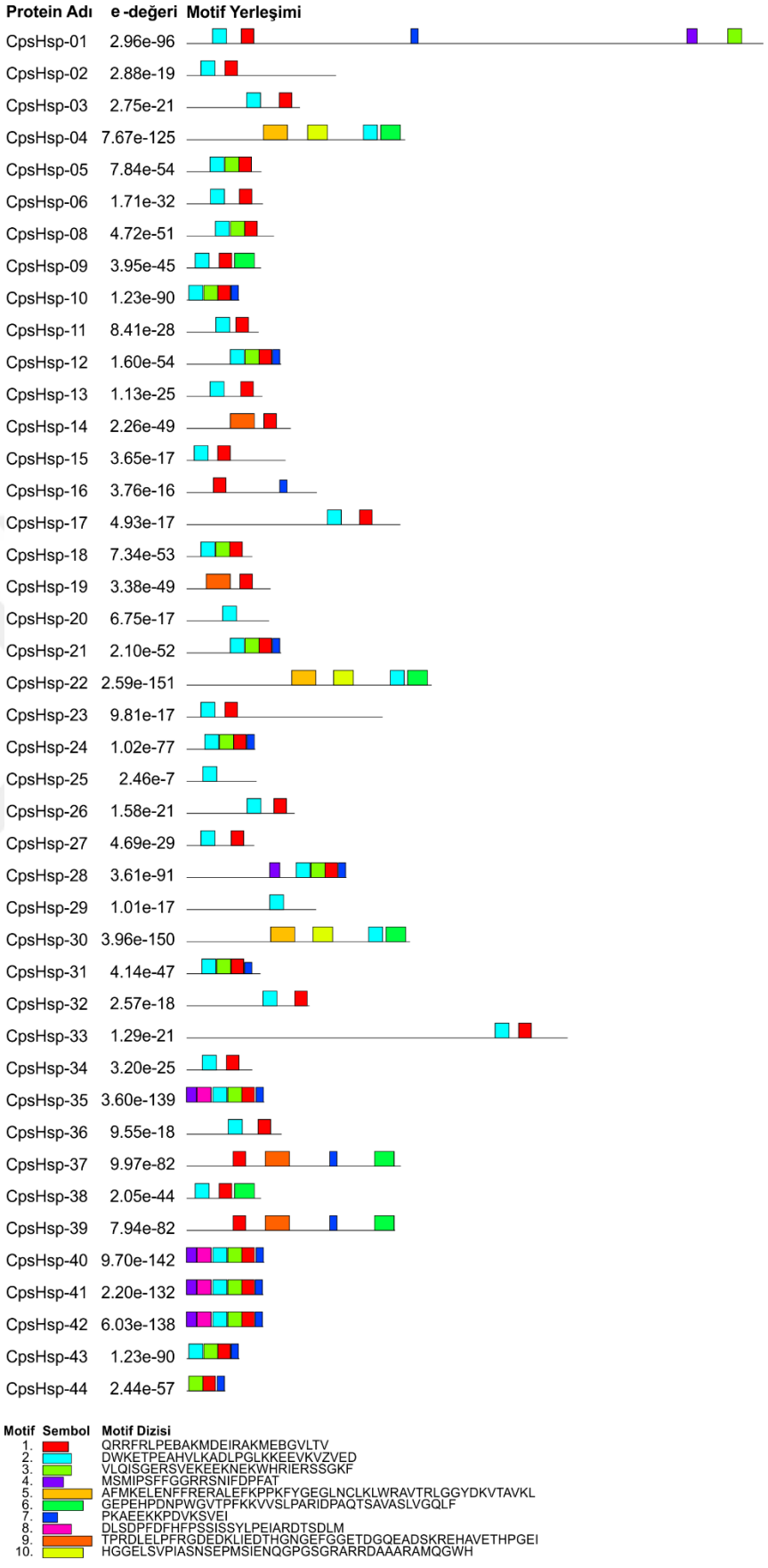
Şekil 5.14 *CpHsf* genlerinin kabak kromozomları üzerinde dağılımları

5.3 CpHsp ve CpHsf Proteinlerinin Korunmuş Motif Yapısının İncelenmesi

Çevrimiçi motif belirleme aracı MEME kullanılarak, CpHsp ve CpHsf proteinleri yapısındaki 10 farklı korunmuş motif her protein ailesi için tespit edilmiştir. Motifler

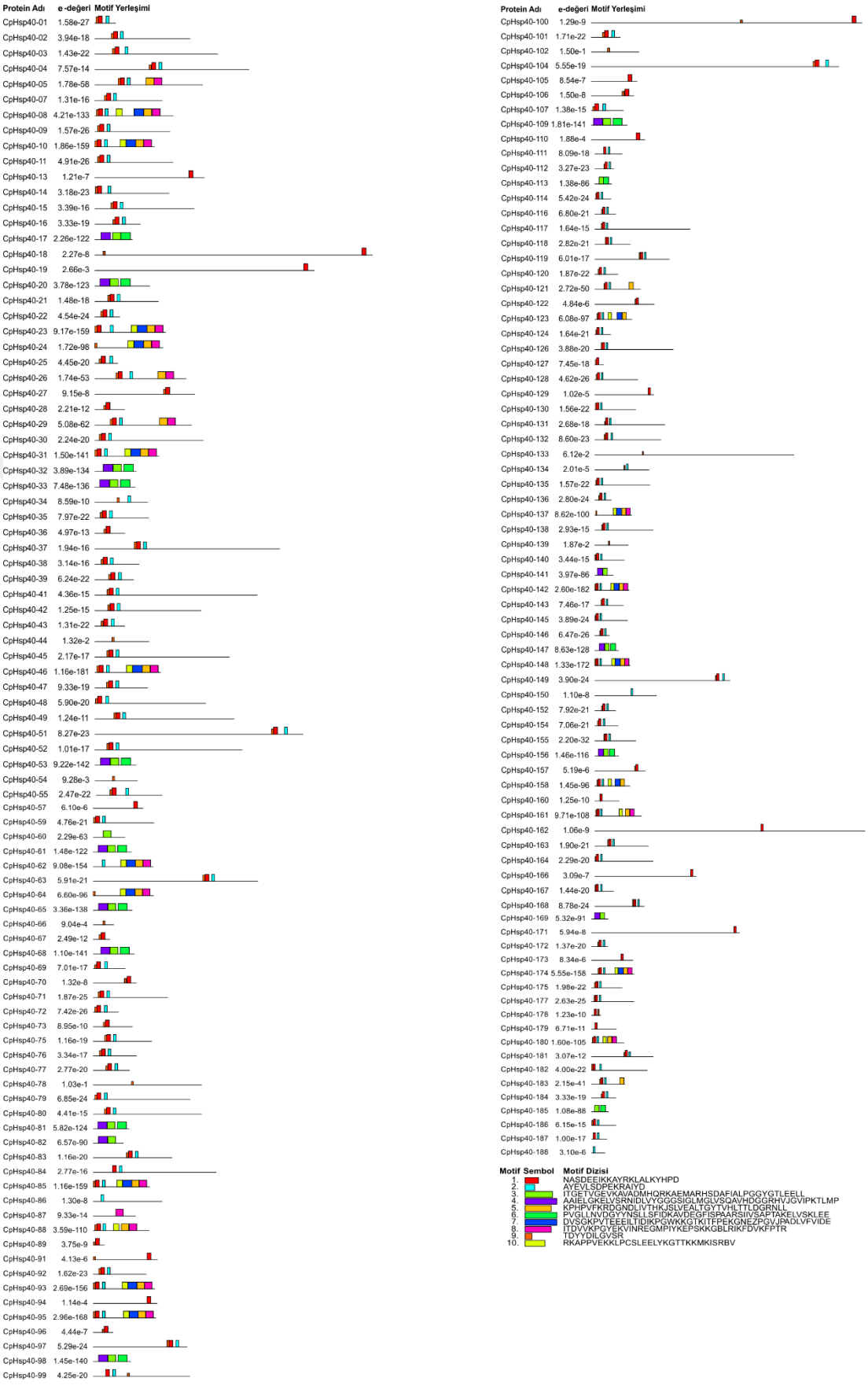
amino asit içeriği açısından ele alındığında hem ısı şoku proteinlerinde hem de transkripsiyon faktörlerinde glutamik asit (E), lösin (L), lizin (K), serin (S) ve alanin (A) en sıklıkla bulunan amino asitler olduğu belirlemiştir. Bununla birlikte motif yapılarında triptofan (W), sistein (C) ve histidin (H) amino asitlerinin en az sıklıkta bulunduğu saptanmıştır.

CpsHsp proteinlerinin korunmuş bölgeleri analiz edildiğinde, aile üyelerinin çoğunlukla az sayıda motif içerdiği görülmüştür (Şekil 5.15). Motif 1 ve 2 neredeyse tüm CpsHsp proteinlerinde bulunmaktadır. CpsHsp-35, 40, 41 ve 42; CpsHsp ailesinin en fazla motif içeren (6 adet) ve motif organizasyonu benzer olan proteinleridir. Yalnızca CpsHsp-07 proteininde motif tayin edilmemiştir. Motiflerde sıklıkla bulunan aminoasitler ise sırası ile glutamik asit, serin, lizin, lösin ve valindir.



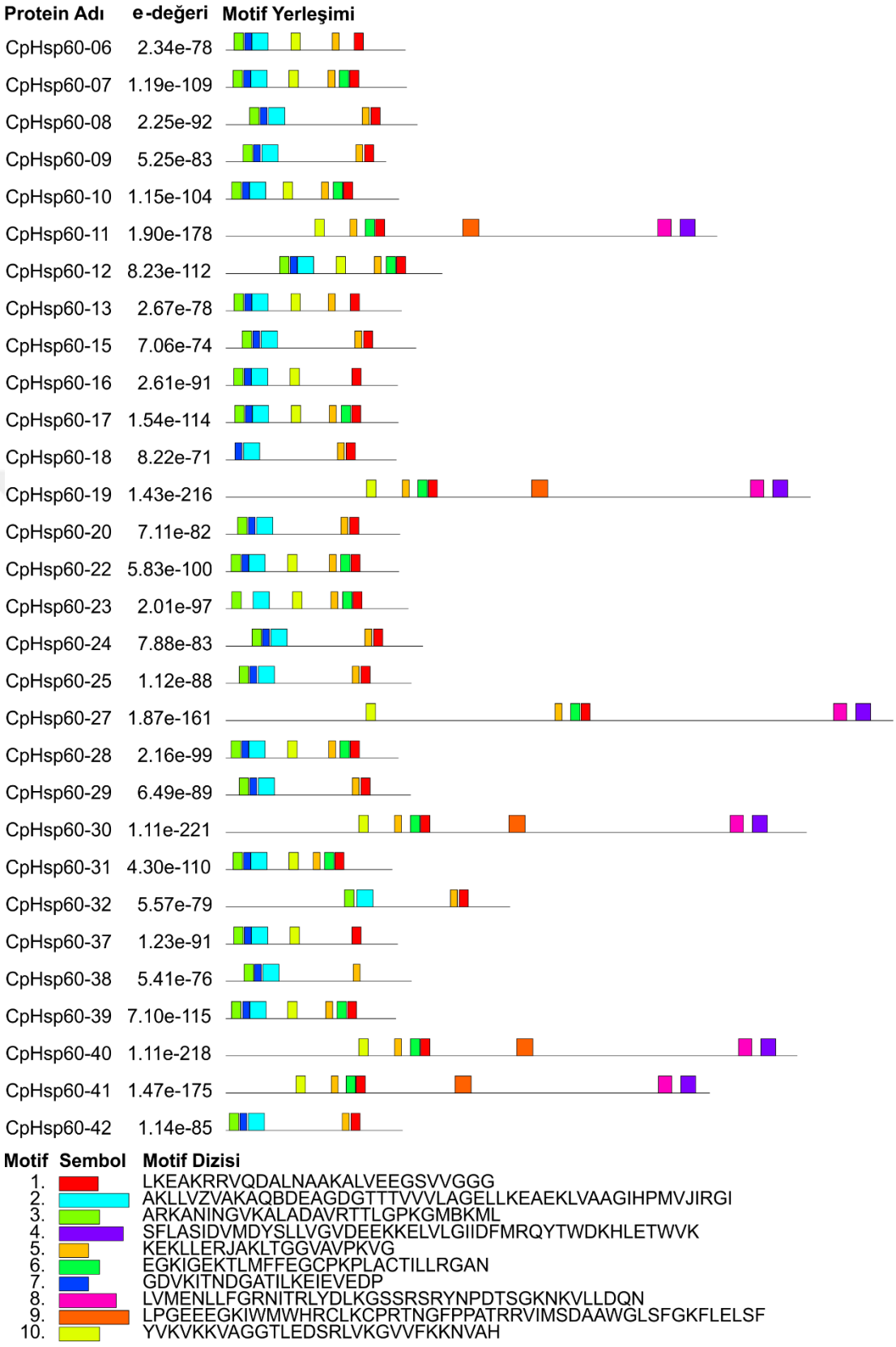
Şekil 5.15 CpsHsp ailesine ait korunmuş motif organizasyonları

CpHsp40 proteinlerinin büyük çoğunluğunun kısa aminoasit dizisine sahip, az sayıda motif içerdiği belirlenmiştir (Şekil 5.16). MEME programının tespit ettiği korunmuş dizilerden Motif 1 ve 2'nin CpHsp40 proteinlerinin büyük kısmında bulunduğu görülmektedir. Motiflerde serin, lösin, glutamik asit, lizin ve alanin sıklıkla görülen aminoasitler iken triptofan ve sistein en az rastlanan aminoasitler olarak saptanmıştır.



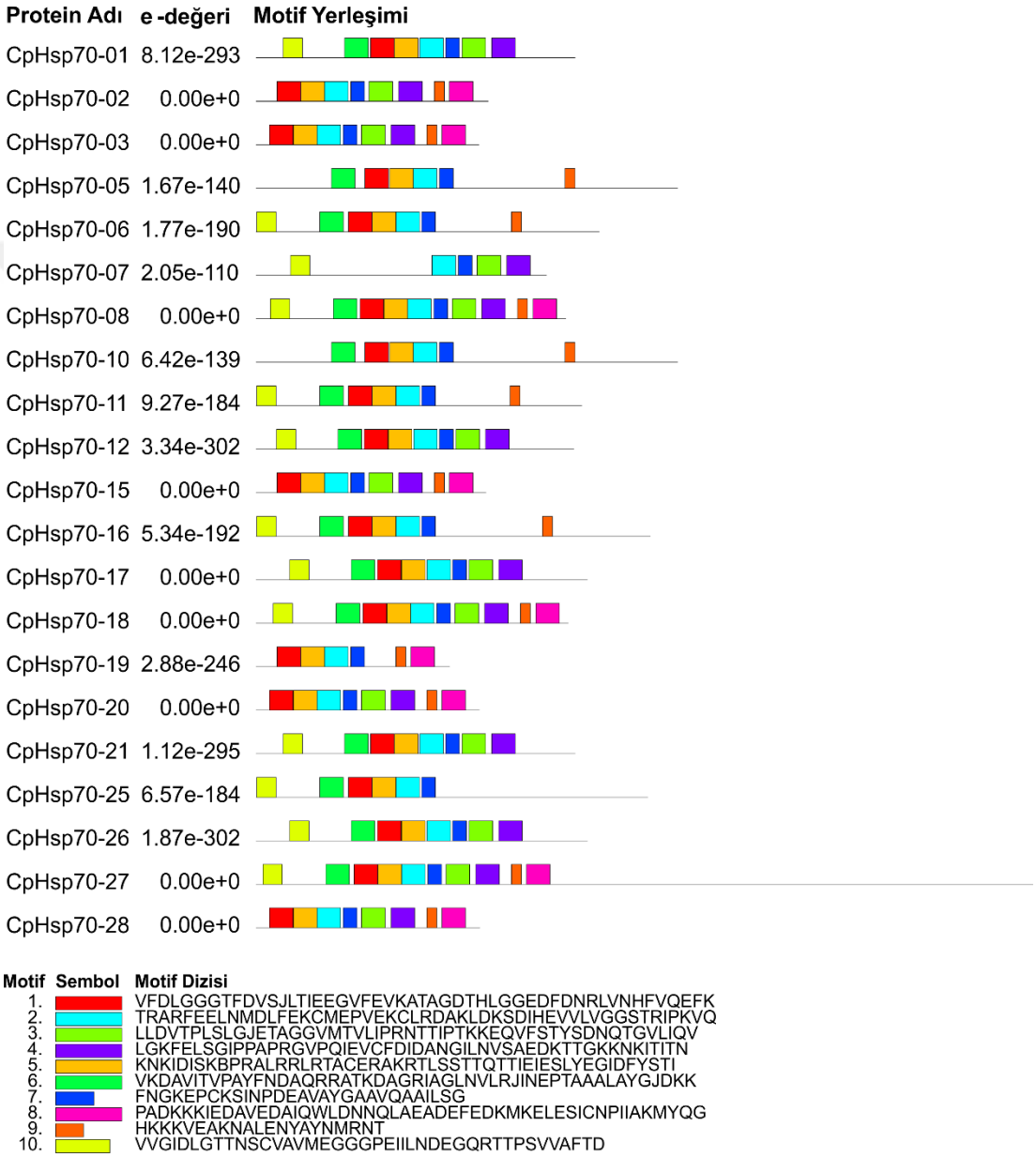
Şekil 5.16 CpHsp40 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları

CpHsp60 ailesi motif dağılımı açısından ele alındığında, CpHsp60-18 ve CpHsp60-32 (4 adet) dışındaki proteinlerin her birinin en az 5 farklı motif içerdiği belirlenmiştir (Şekil 5.17). Korunmuş dizilerin bir araya geliş biçimleri dikkate alındığında, aile genelinde 4 farklı motif organizasyonu görülmüştür. CpHsp60-38 proteini dışında ailenin tüm üyelerinde Motif 1 bulunmaktadır. Ayrıca proteinlerin çoğunda N terminalde motif 6-7-2 organizasyonu; C terminalinde ise motif 5-6 organizasyonu bulunduğu tespit edilmiştir. Sırası ile lösin, serin, alanin, valin ve glutamik asitin motiflerde görülme sıklığı en yüksek olan amino asitler olduğu tespit edilmiştir.



Şekil 5.17 CpHsp60 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları

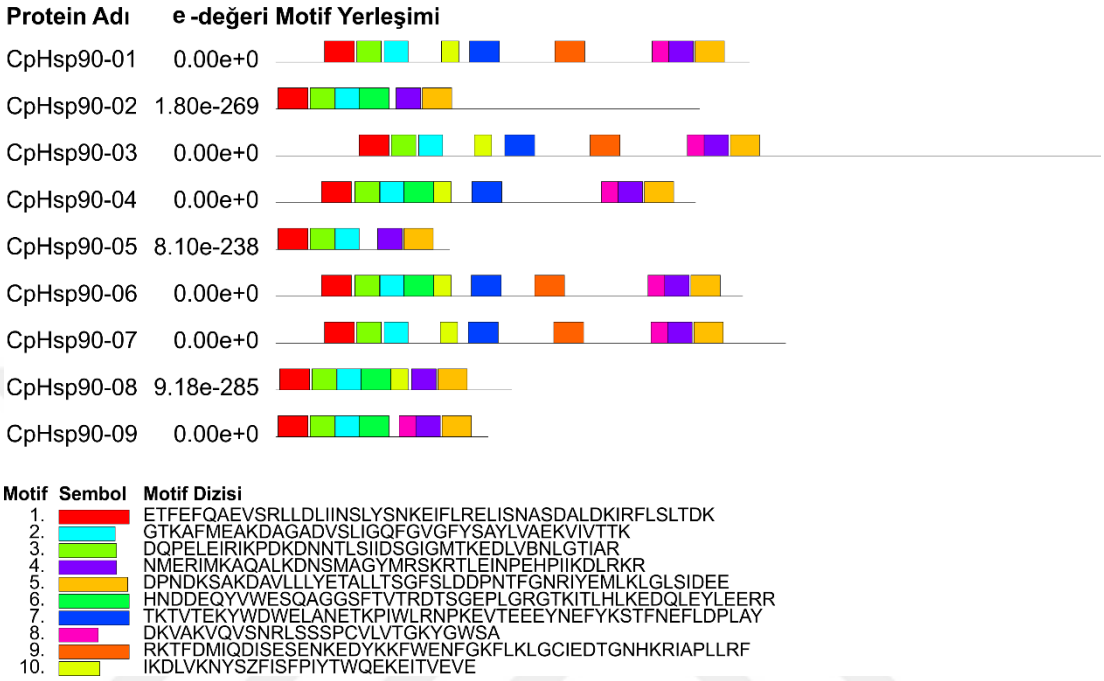
CpHsp70 proteinlerinde yaklaşık 50 aminoasitten oluşan nispeten uzun motifler öne çıkmaktadır (Şekil 5.18). Aile genelinde 3 baskın motif düzeninin belirgin olduğu görülmektedir. CpHsp70-04, 13, 14, 22, 23, 24 proteinlerinde tanımlanan herhangi bir motife rastlanmamıştır. CpHsp70-07 proteini dışında tüm proteinlerde sırası ile motif 1, 5, 2 ve motif 7'nin bir arada bulunduğu bir motif organizasyonu ortaktır.



Şekil 5.18 CpHsp70 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları

Analiz sonucu tanımlanan 10 farklı motifin tüm CpHsp90 proteinlerinde dağılım gösterdiği saptanmıştır (Şekil 5.19). Yalnızca CpHsp90-10 proteininde ailenin diğer üyelerinde belirlenen hiçbir motif yapısını içermediği görülmüştür. Motif yerleşimleri

ele alındığında aile üyelerinde 3 farklı motif organizasyonu öne çıkmaktadır. Aileye ait motiflerin aminoasit içeriği ele alındığında; glutamik asit, lösin, lizin, serin ve aspartik asitin daha yaygın bulunduğu belirlenmiştir.



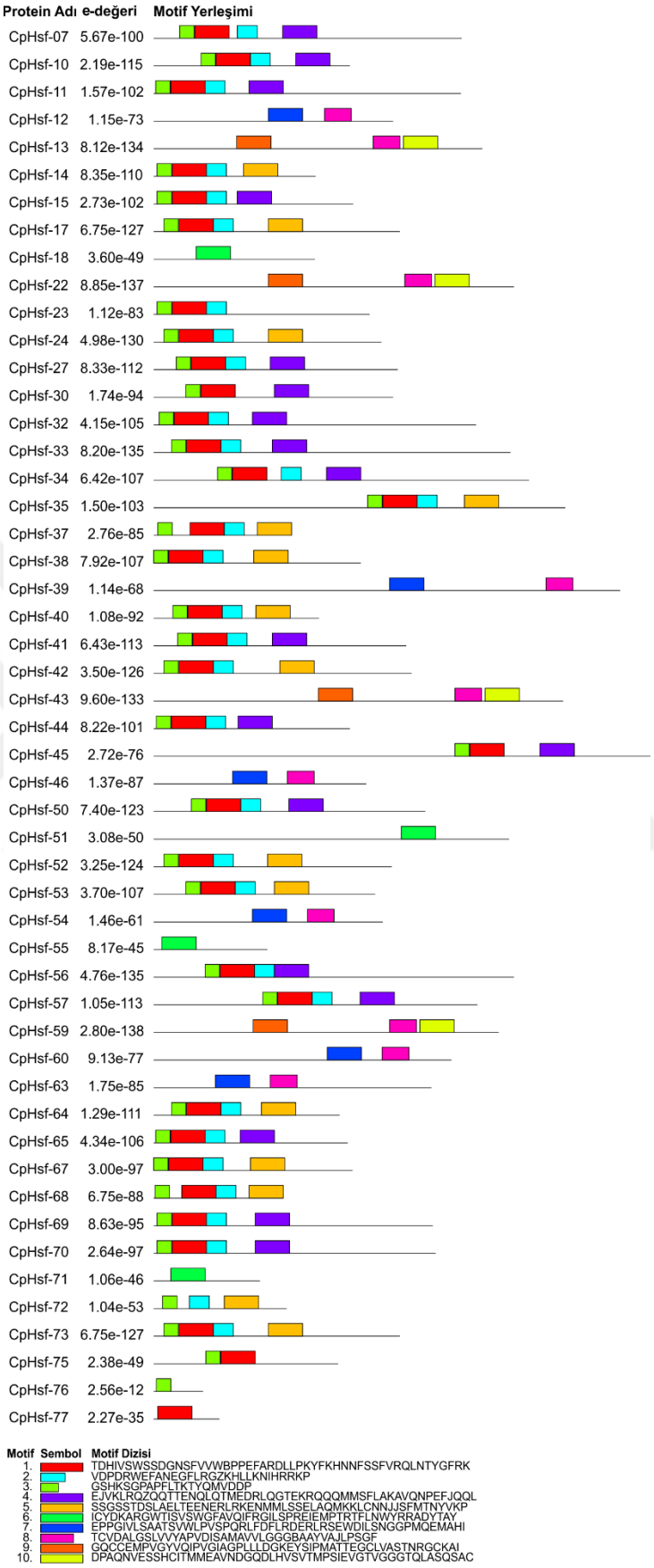
Şekil 5.19 CpHsp90 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları

CpHsp100 proteinlerine ait MEME analizinde ise kısa amino asit dizisine sahip motiflerin yoğun olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.20). 40 adet CpHsp100 proteinin bir ya da iki motif içerdiği tespit edilmiştir. CpHsp100-10, 11, 21, 26, 67, 99, 103, 107, 118, 144 proteinlerinde herhangi bir motife rastlanmamıştır.



Şekil 5.20 CpHsp100 ailesine ait korunmuş motif organizasyonları

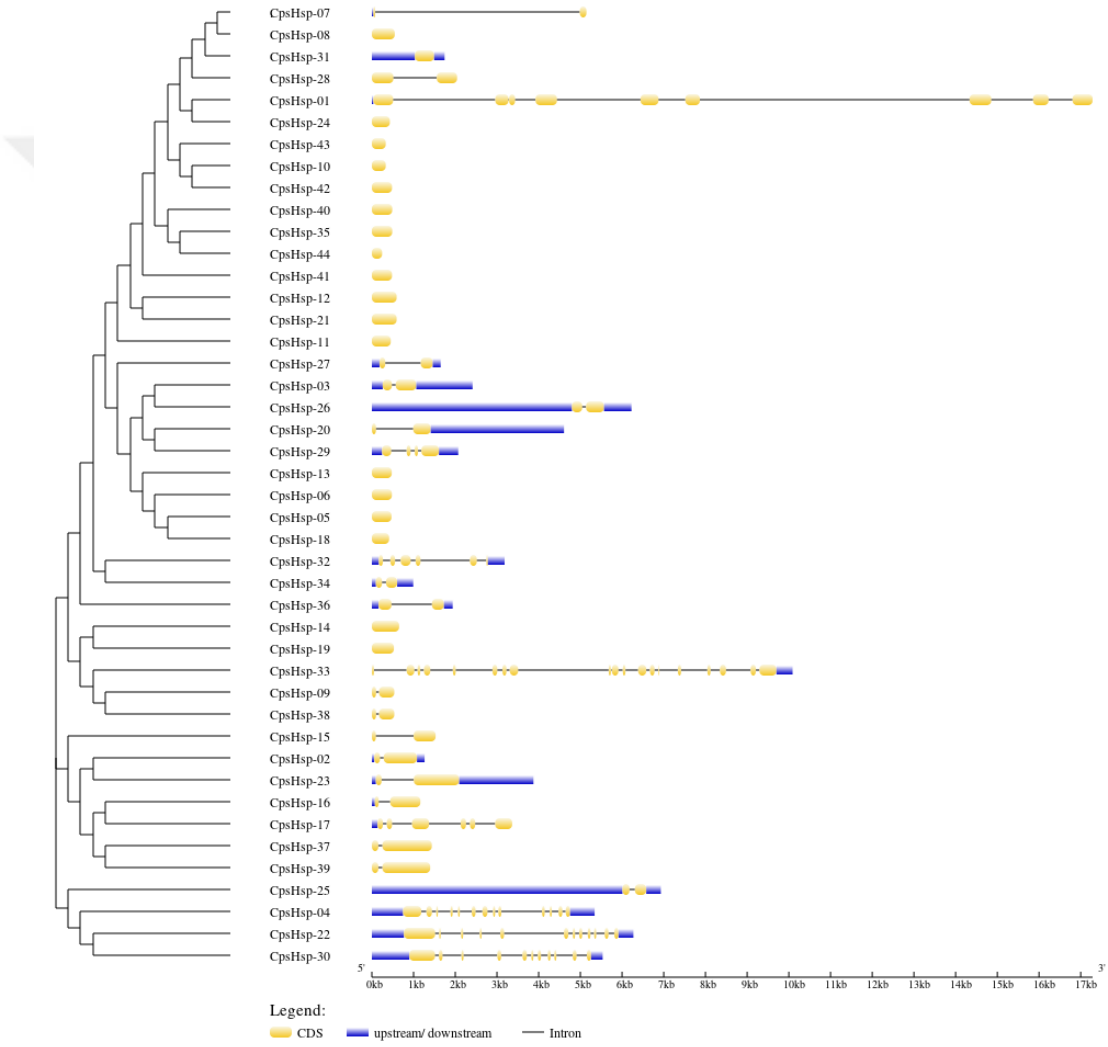
CpHsf proteinlerinin büyük kısmında 4 motiflik korunmuş bölgeler bulunmaktadır ve aile genelinde 50 amino asitten oluşan nispeten uzun motifler görülmektedir (Şekil 5.21). Sırası ile motif 3, 1 ve motif 2'nin bir araya gelmesi ile oluşan motif düzeni CpHsf proteinlerinin çoğunluğunda öne çıkmaktadır.



Şekil 5.21 CpHsf ailesine ait korunmuş motif organizasyonları

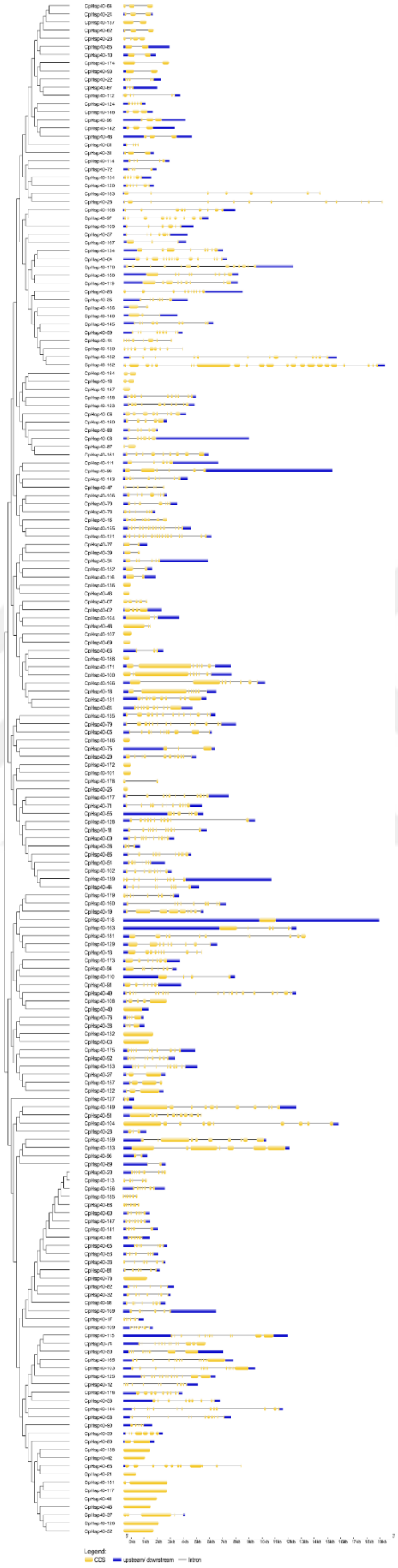
5.4 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Ekzon-Intron Organizasyonu

CpsHsp genlerinin yapısı ekzon-intron bölgeleri açısından ele alındığında, 18 adet genin yalnızca kodlayan bölgeden oluştuğu gözlenmiştir. *CpsHsp-01*, *CpsHsp-07*, *CpsHsp-33* genleri ailenin genelinden farklı olarak uzun intronik bölgeler içermektedir. Kısa ve çok sayıda (10-19 adet) ekzon bölgesi içeren *CpsHsp-04*, *22* ve *30* gibi genlerin sık intronlar ile bölündüğü görülmüştür (Şekil 5.22).



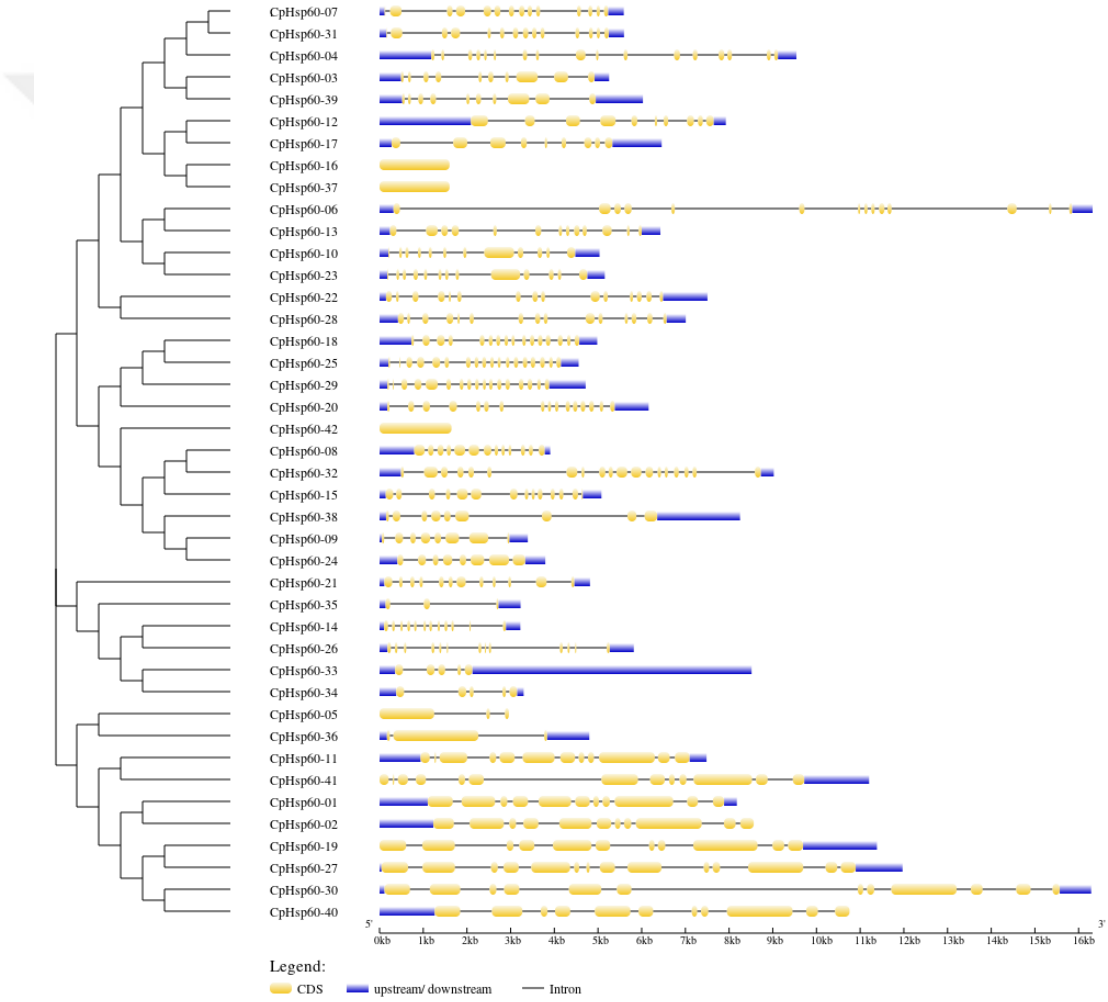
Şekil 5.22 *CpsHsp* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

CpHsp40 gen ailesinde 23 adet gende intron bulunmamaktadır. Gen ailesinin tamamı incelendiğinde; uzun kodlayan bölgeler içeren genler olmakla birlikte (*CpHsp40-18, CpHsp40-171* gibi), genlerin çoğunlukla çok sayıda ve kısa dizilerden oluşan ekzon içerdikleri belirlenmiştir (*CpHsp40-04, CpHsp40-121*) (Şekil 5.23).



Şekil 5.23 *CpHsp40* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

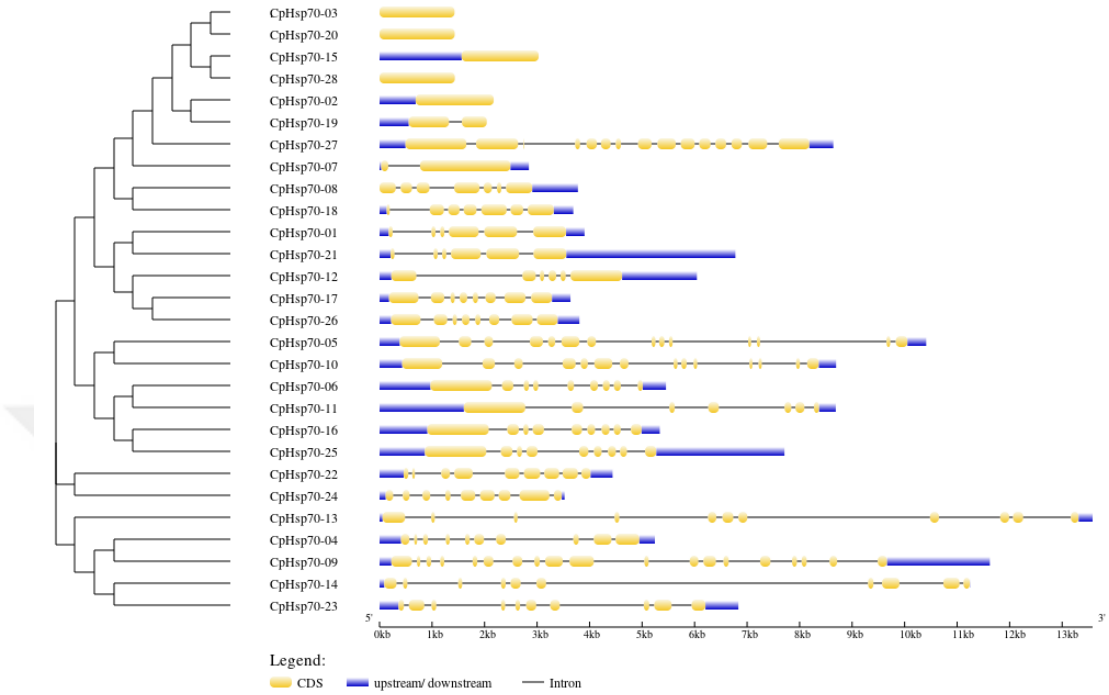
CpHsp60 gen yapıları ekzon-intron yapısı açısından değerlendirildiğinde; çok sayıda kısa kodlayan bölge içeren genler (*CpHsp60-25*) büyük çoğunlukta olmakla birlikte, nispeten daha uzun ve çok sayıda ekzon bölgelerine sahip genlerin (*CpHsp60-27*) de olduğu belirlenmiştir. Bunun yanında *CpHsp60-16*, *CpHsp60-37* ve *CpHsp60-42* genlerinde intron bölgesi bulunmadığı görülmektedir. 19 adet kısa ekzon bölgesi içeren *CpHsp60-32*, en fazla kodlayan bölge içeren gen olduğu saptanmıştır. *CpHsp60-06* ise, en uzun intron bölgelerine sahip gen olarak tespit edilmiştir (Şekil 5.24).



Şekil 5.24 *CpHsp60* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

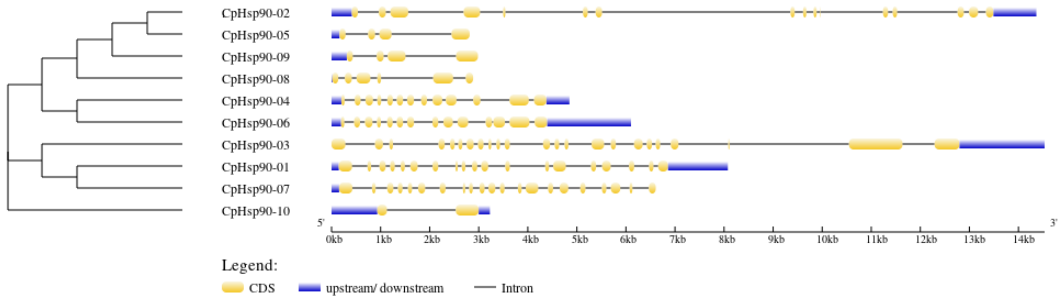
CpHsp70 genlerinin ekzon-intron yapısı incelendiğinde *CpHsp70-02, 03, 15, 20, 28* genlerinde intron dizilerine rastlanmadığı görülmüştür. Bununla birlikte *CpHsp70-09*, 18 adet intron ile en fazla kodlamayan bölge içeren gen olarak not edilmiştir.

CpHsp70-13 ve *CpHsp70-14* genleri dışında, gen ailesinin genelinde ekzon bölgelerinin kısa ve çok sayıda olduğu tespit edilmiştir (Şekil 5.25).



Şekil 5.25 *CpHsp70* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

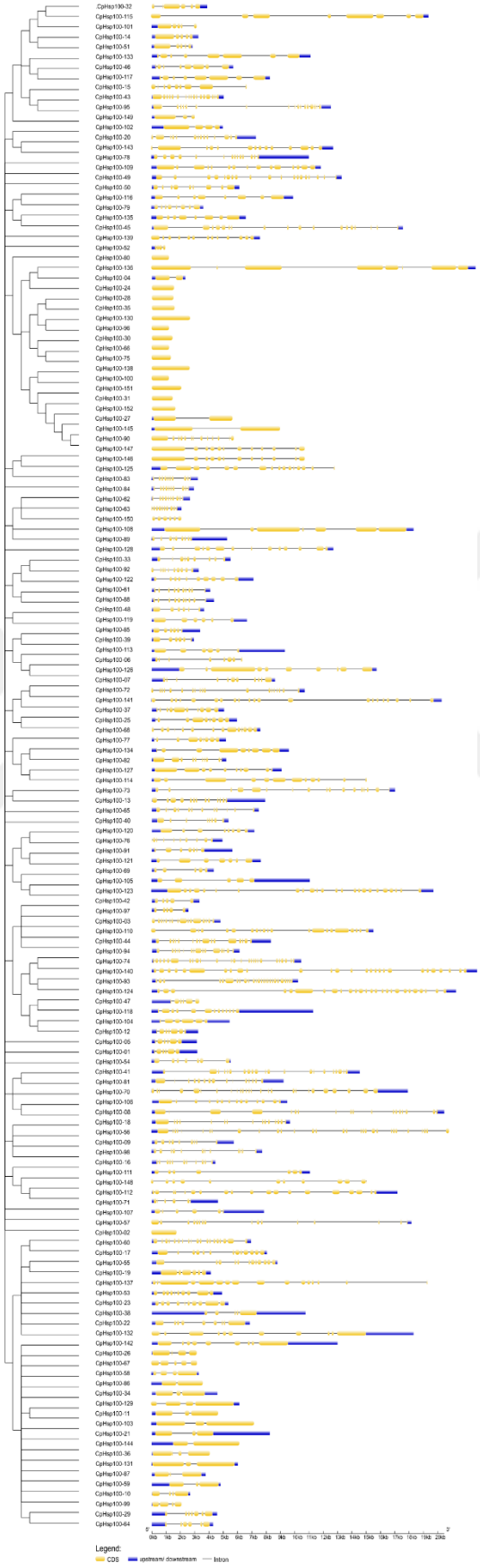
CpHsp90 genlerinin ekzon-intron organizasyonu incelendiğinde; ailenin genelinde çok sayıda kısa ekzon bölgesi bulundurması göze çarpmaktadır. *CpHsp90* genlerinin tamamı intron dizileri içermekle birlikte, *CpHsp90-02* ve *CpHsp90*-03 genlerinde diğer üyelerden farklı olarak daha uzun intron bölgeleri belirlenmiştir (Şekil 5.26).



Şekil 5.26 *CpHsp90* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

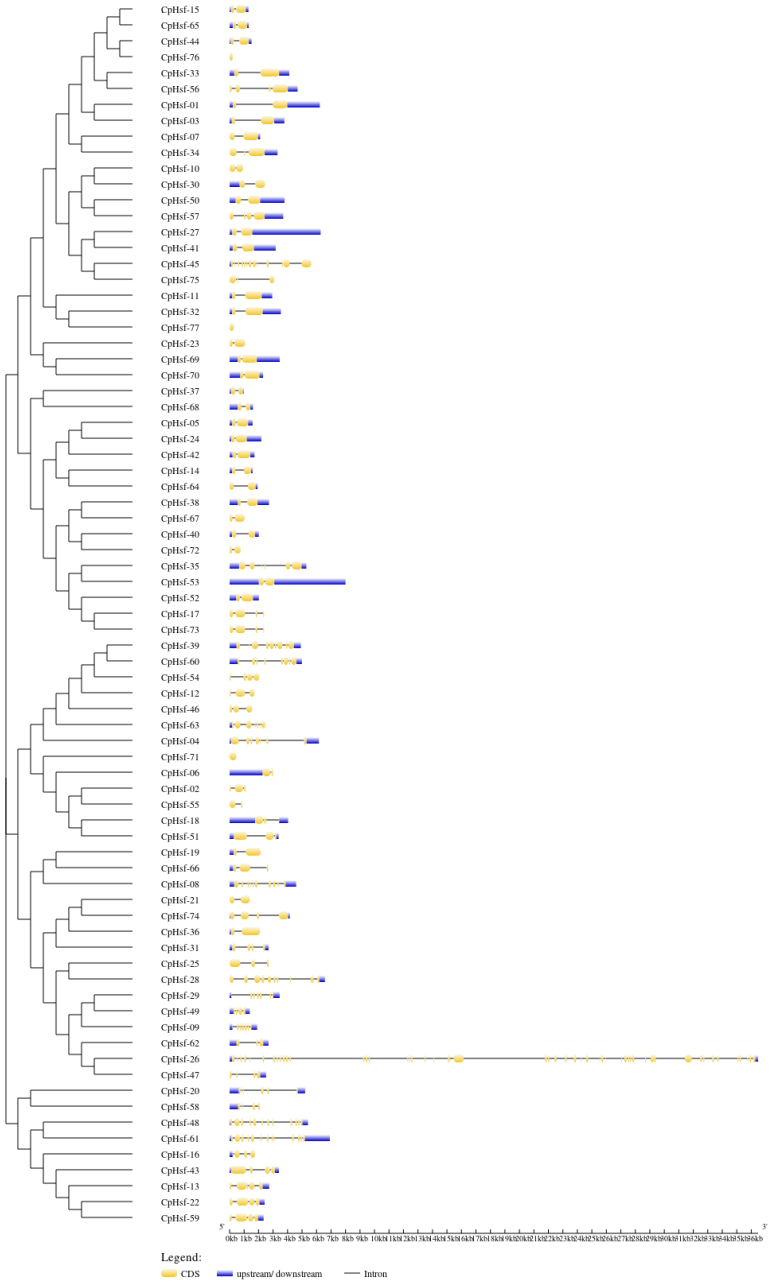
Ekzon-intron düzeni bakımından *CpHsp100* genleri incelendiğinde; intron içermeyen genler, kısa ve çok sayıda kodlayan bölge içeren genler ve ekzon bölgeleri nispeten

uzun ve az intron içeren genler olmak üzere 3 ana yapı öne çıkmaktadır. 15 adet *CpHsp100* geni yalnızca kodlama yapan bölgeden oluşmaktadır. Ayrıca *CpHsp100-57*, *CpHsp100-115*, *CpHsp100-136* ve *CpHsp100-148* genlerinin ailenin diğer üyelerine kıyasla daha uzun intron bölgeleri içerdiği saptanmıştır (Şekil 5.27).



Şekil 5.27 *CpHsp100* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

CpHsf genlerinin ekzon-intron yapıları analiz edildiğinde, *CpHsf-71*, *CpHsf-76* ve *CpHsf-77* genlerinin intron içermediği görülmektedir. 35 adet *CpHsf* geninin yapısında 2 adet ekzon ve 1 adet intron bölgesi bulunduğu belirlenmiştir. Ailenin diğer üyelerinde ise 3-13 arasında değişen ekzon bölgesine sahip genler olduğu tespit edilmiştir. *CpHsf* genlerinin en uzunu olan *CpHsf-26* geni, diğer genlerden farklı olarak 50 adet kısa ekzon bölgesi içermektedir (Şekil 5.28).

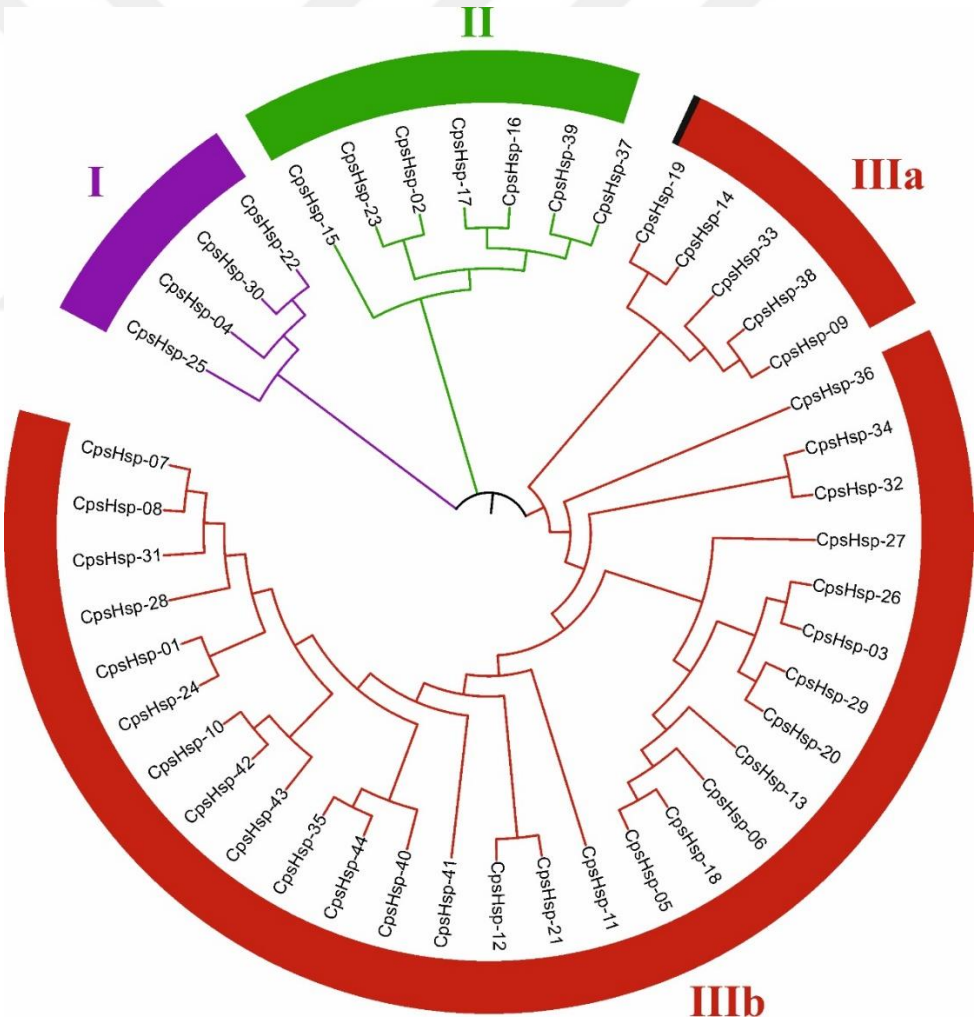


Şekil 5.28 *CpHsf* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.5 Filogenetik Analizler

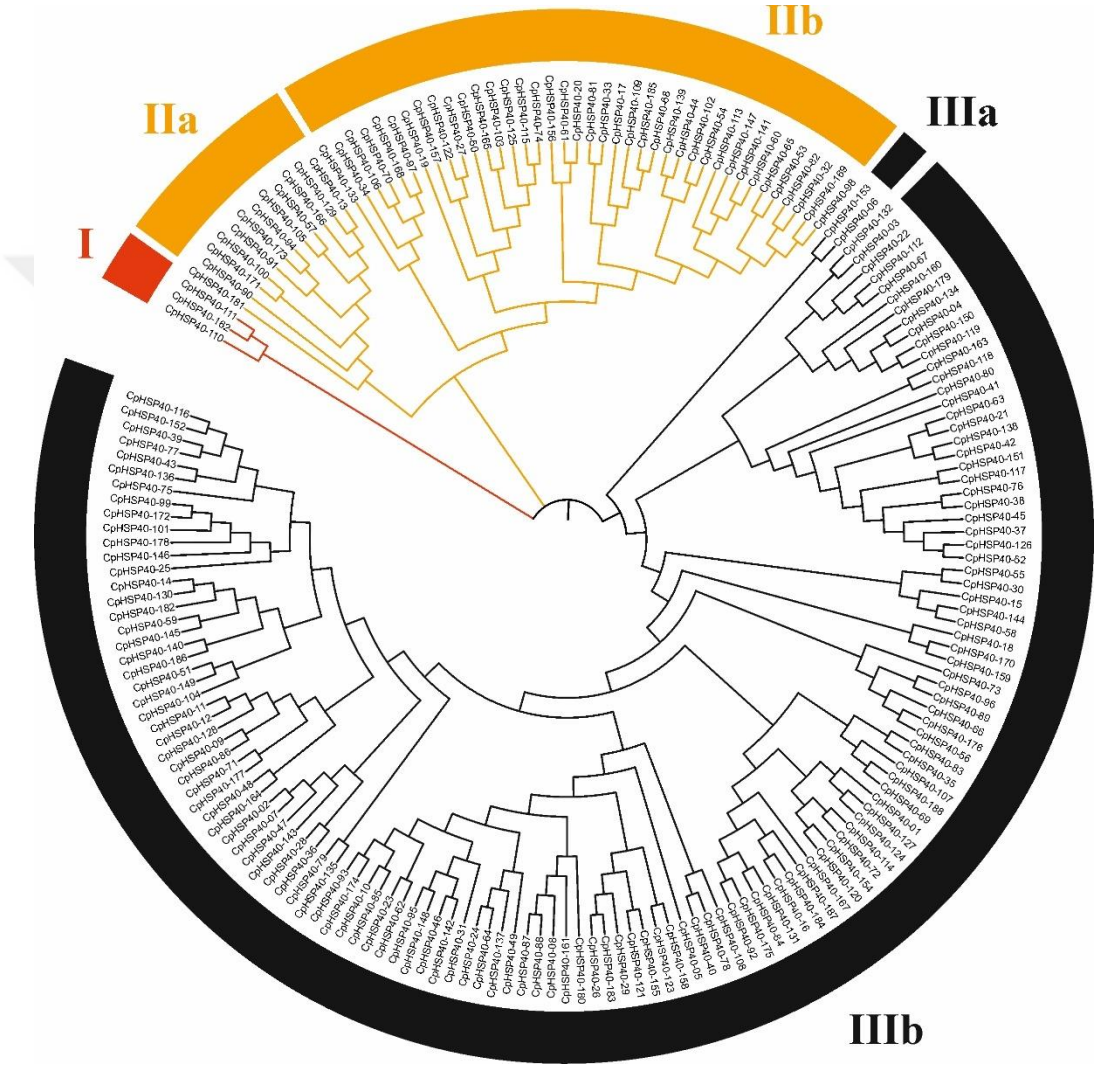
CpHsp ve CpHsf proteinlerinin yapısındaki korunmuş bölgelerin evrimsel süreçteki katkısı, filogenetik ağaç oluşturularak değerlendirilmiştir. Tüm protein gruplarına ait filogenetik ağaçlarda üç temel grup bulunduğu tespit edilmiştir.

CpsHsp proteinlerini içeren filogenetik ağaç incelendiğinde, üç ana gruptan meydana geldiği (Grup I, II, IIIa ve IIIb) görülmüştür (Şekil 5.29). CpsHsp-04, 22, 25 ve 30 proteinlerinin bulunduğu Grup I, filogenetik ağacın en küçük grubu olarak not edilmiştir. 28 adet protein içeren Grup III ise, filogenetik ağacın en kalabalık grubu olarak belirlenmiştir.



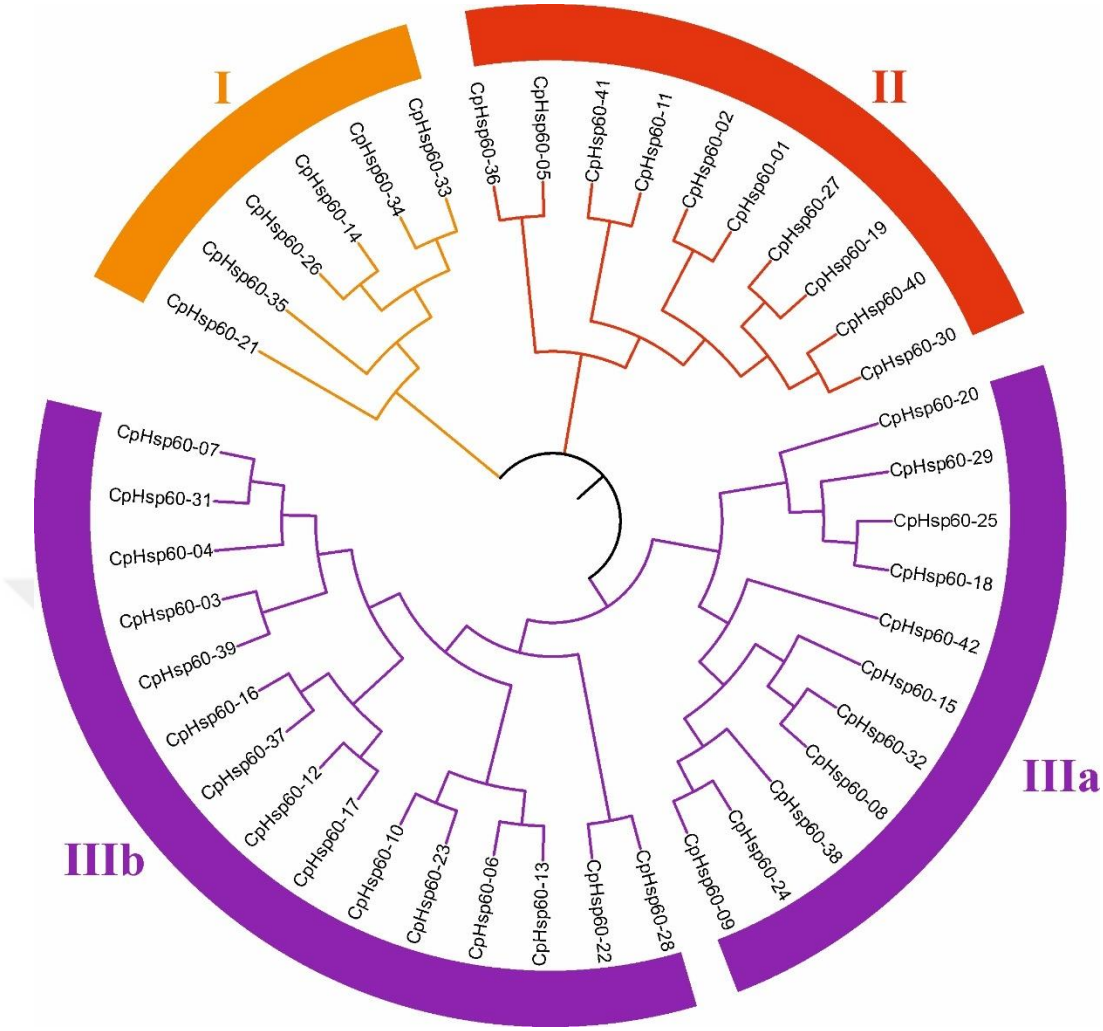
Şekil 5.29 CpsHsp ailesinin filogenetik ağacı

CpHsp40 proteinlerine ait filogenetik ağaç analiz edildiğinde, proteinlerin üç ana grupta (Grup I, IIa ve IIb, IIIa ve IIIb) toplandığı görülmüştür (Şekil 5.30). Grup II ve Grup III'ün ikişer adet alt grup içerdiği belirlenmiştir. Filogenetik ağacın en az üyesi bulunan kümeleri Grup I ve Grup IIIa iken; en geniş kümesi ise Grup IIIb olarak saptanmıştır.



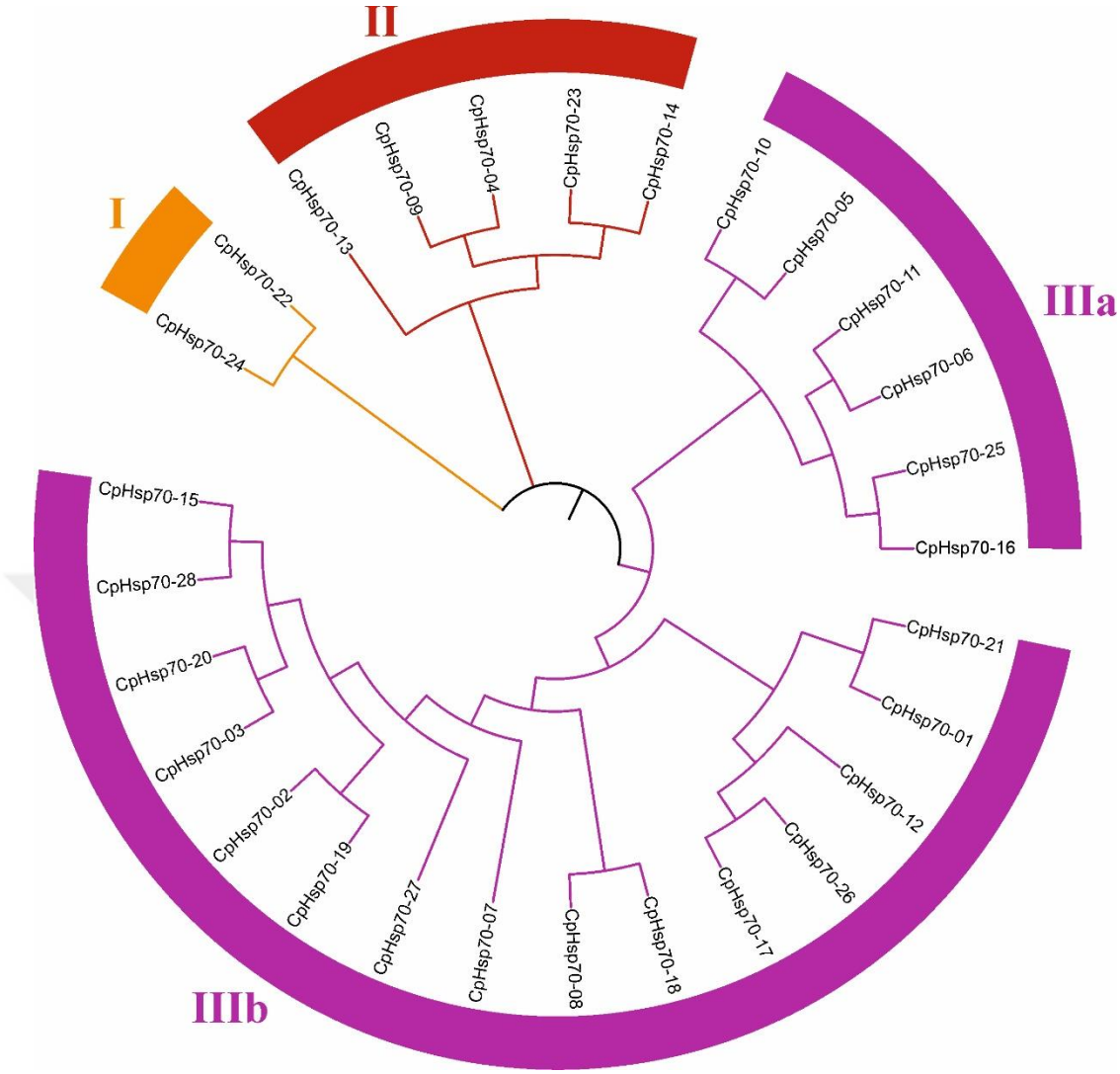
Şekil 5.30 CpHsp40 ailesinin filogenetik ağacı

CpHsp60 ailesine ait filogenetik ağacın üç ana gruptan (Grup I, II, IIIa ve IIIb) meydana geldiği tespit edilmiştir (Şekil 5.31). Grup I'de 6 adet proteinin, Grup II'de 10 adet proteinin ve Grup III de ise 26 adet (Grup IIIa 11 adet, Grup IIIb 15 adet) proteinin kümelendiği belirlenmiştir.



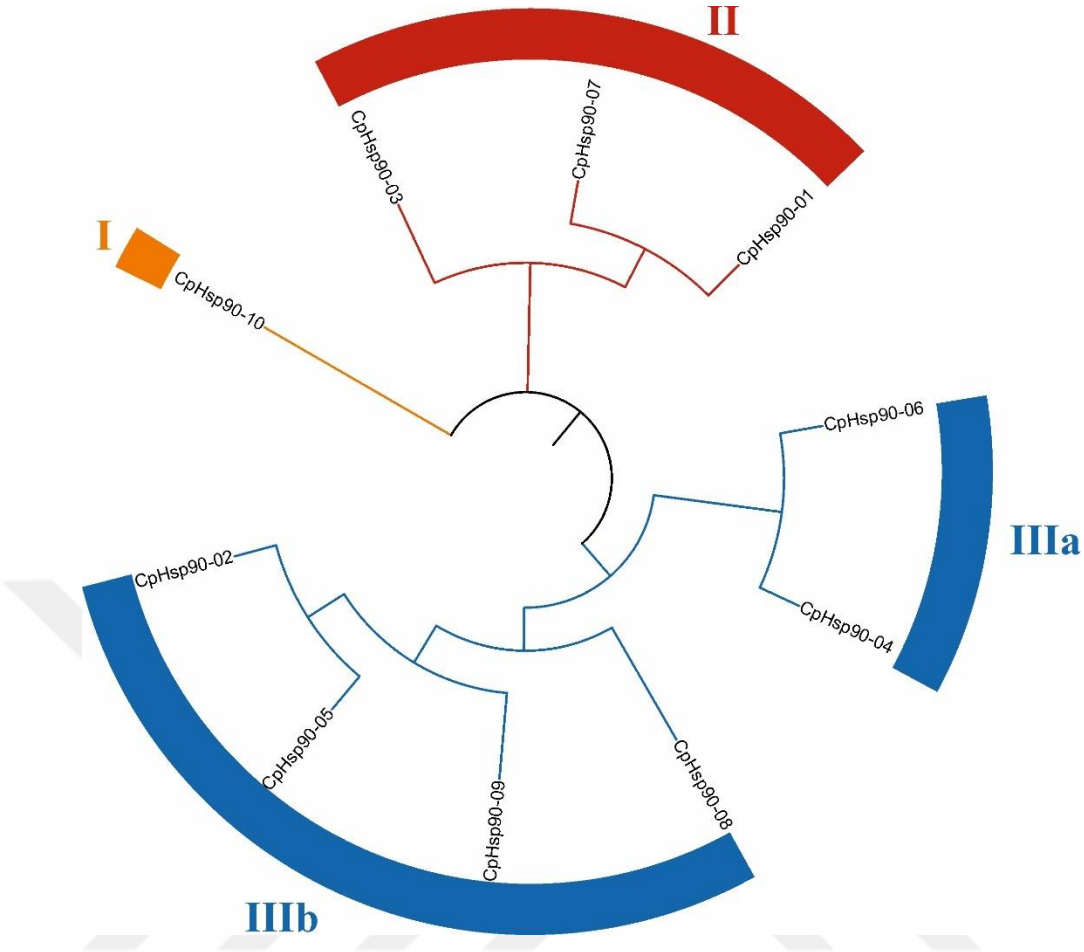
Şekil 5.31 CpHsp60 ailesinin filogenetik ağacı

CpHsp70 proteinlerine ait filogenetik ağacın; yalnızca iki adet protein (CpHsp70-22 ve 24) içeren Grup I, 5 adet üyesi olan Grup II ve 21 adet (6 adet Grup IIIa ve 15 adet Grup IIIb) protein içeren Grup III kümelerinden meydana geldiği gözlenmiştir (Şekil 5.32).



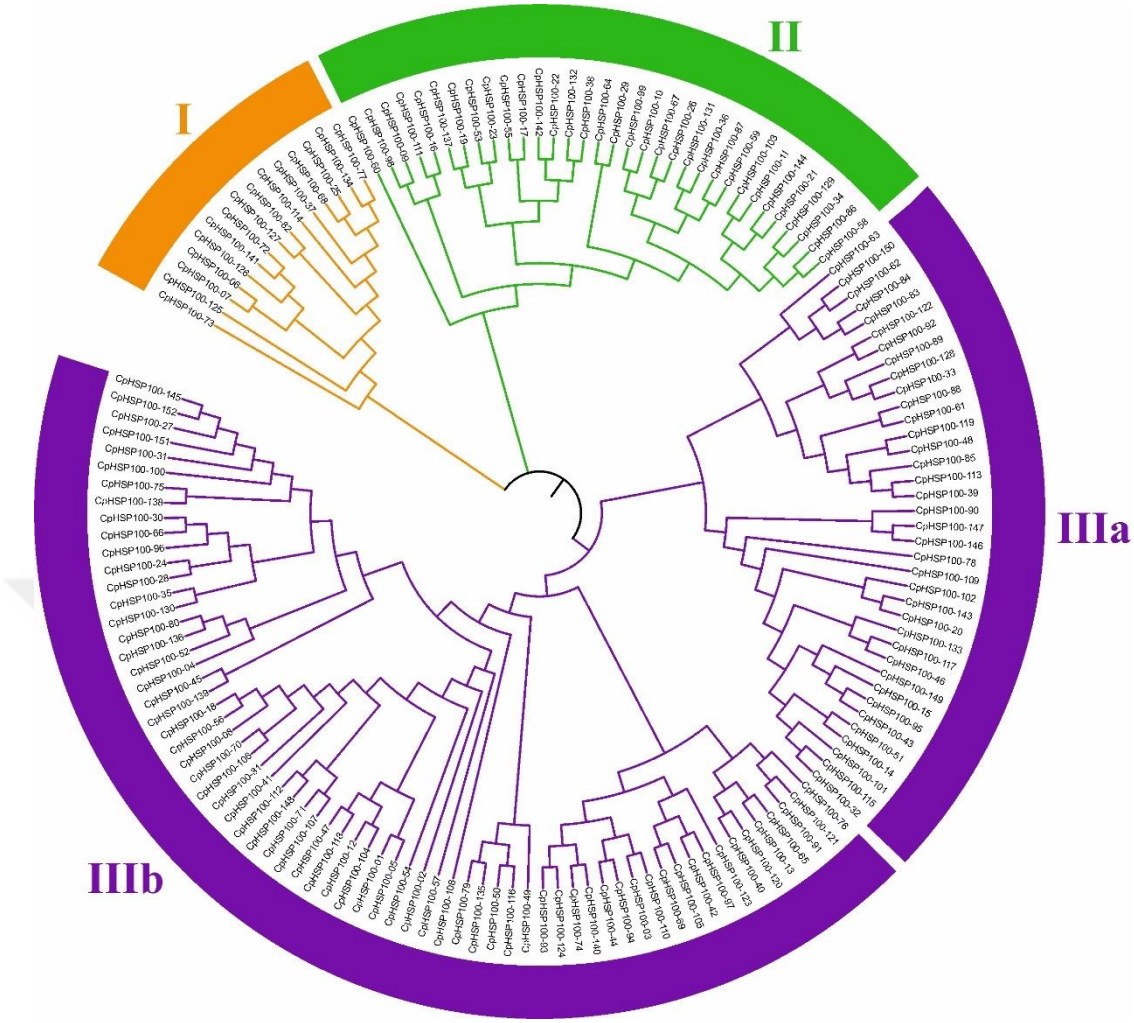
Şekil 5.32 CpHsp70 ailesinin filogenetik ağacı

10 adet üyesi olan CpHsp90 ailesine ait filogenetik ağaçta; Grup I'de CpHsp90-10 proteini, Grup II'de CpHsp90-01, 03 ve 07 proteinlerinin, Grup III'de ise CpHsp90-02, 04, 05, 06, 08, 09 proteinlerinin kümelendiği analiz edilmiştir (Şekil 5.33).



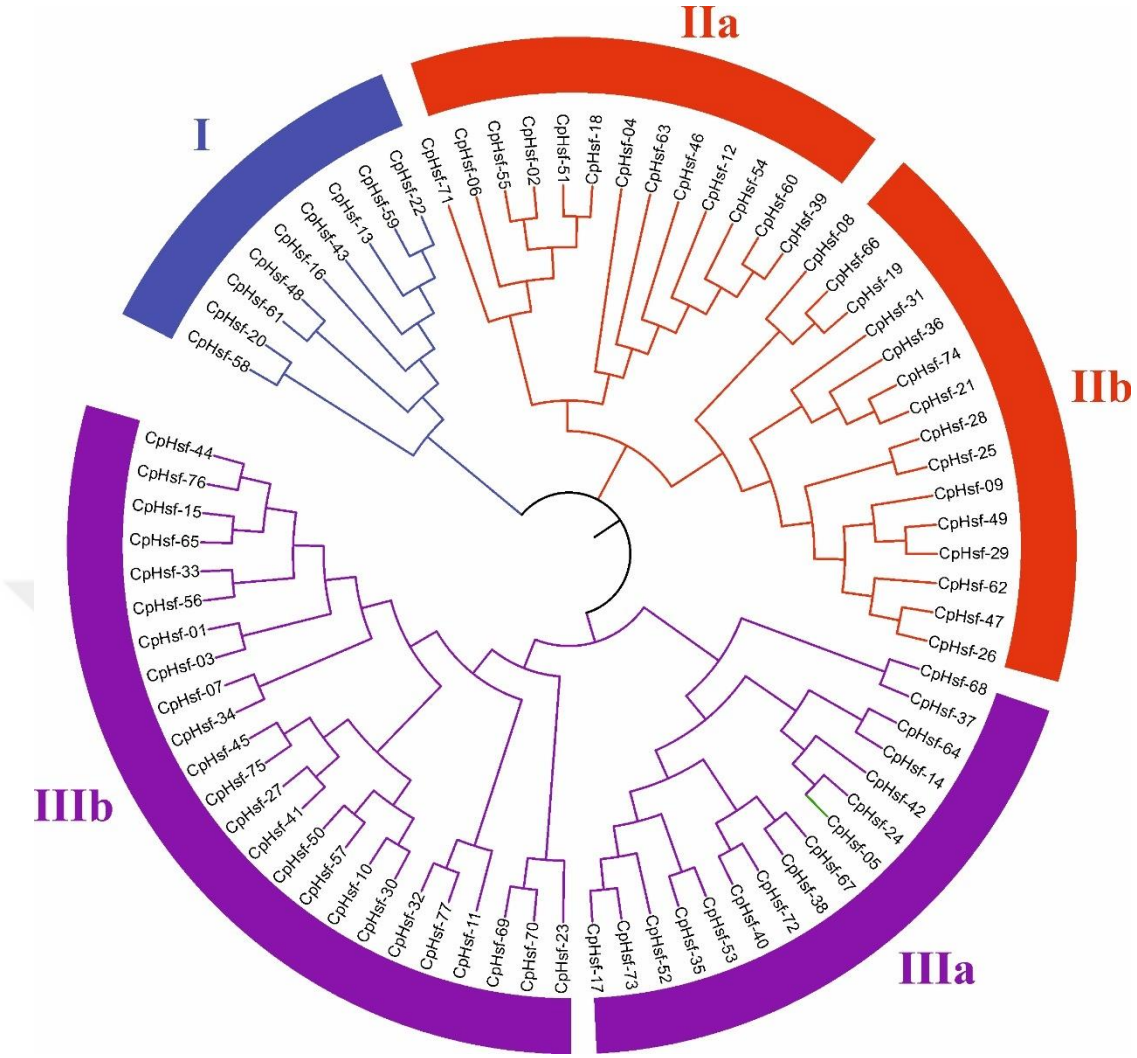
Şekil 5.33 CpHsp90 ailesinin filogenetik ağacı

CpHsp100 ailesine ait filogenetik ağacın; üç ana grup (Grup I, II, III) ve Grup III'e ait iki alt gruptan (Grup IIIa ve IIIb) oluştuğu görülmüştür (Şekil 5.34). 15 adet proteinin Grup I'de, 33 adet proteinin Grup II'de, 100 adet proteinin Grup III'de (37 adet protein Grup IIIa'da, 67 adet protein Grup IIIb'de) yer aldığı tespit edilmiştir.



Şekil 5.34 CpHsp100 ailesinin filogenetik ağacı

CpHsf proteinlerine ait filogenetik ağaç ele alındığında; proteinlerin Grup I, Grup IIa ve IIb, Grup IIIa ve IIIb şeklinde kümelendikleri saptanmıştır (Şekil 5.35). 9 adet protein içeren Grup I en küçük, 40 adet protein içeren Grup III ise en geniş filogenetik grup olarak belirlenmiştir.



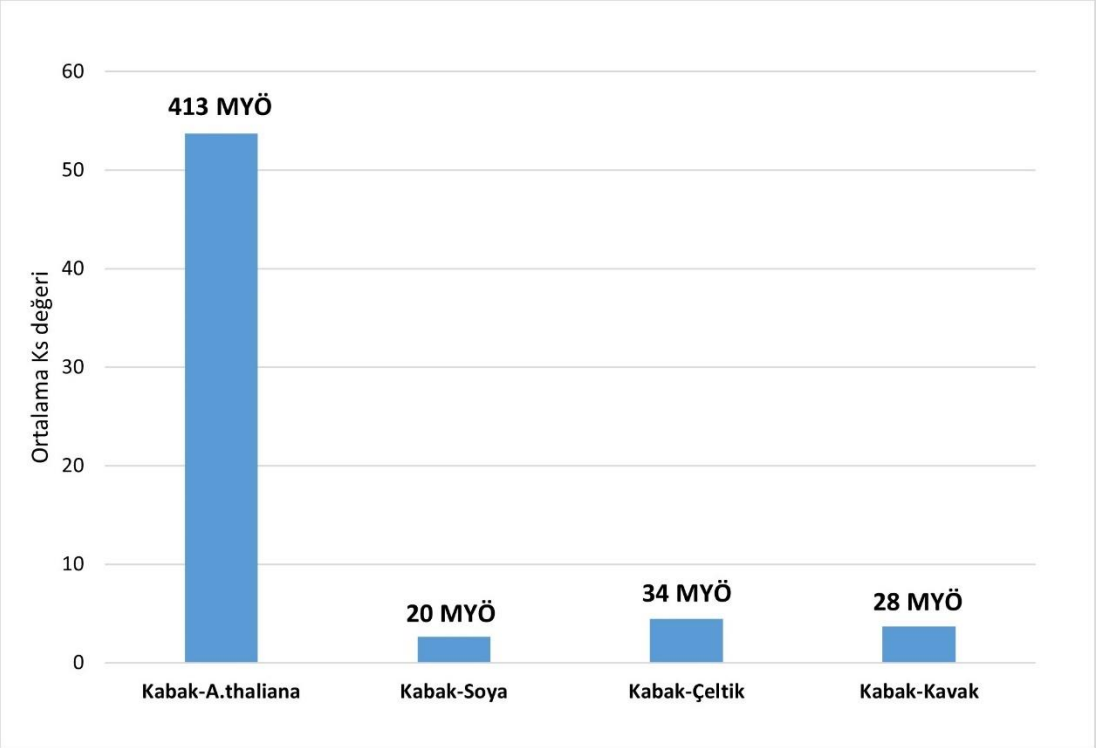
Şekil 5.35 CpHsf ailesinin filogenetik ağacı

5.6 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Model Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

Kabak genomuna ait *CpHsp* ve *CpHsf* gen ailelerinin ortologları Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*), çeltik (*Oryza sativa*), soya (*Glycine max*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) organizmalarında araştırılmıştır.

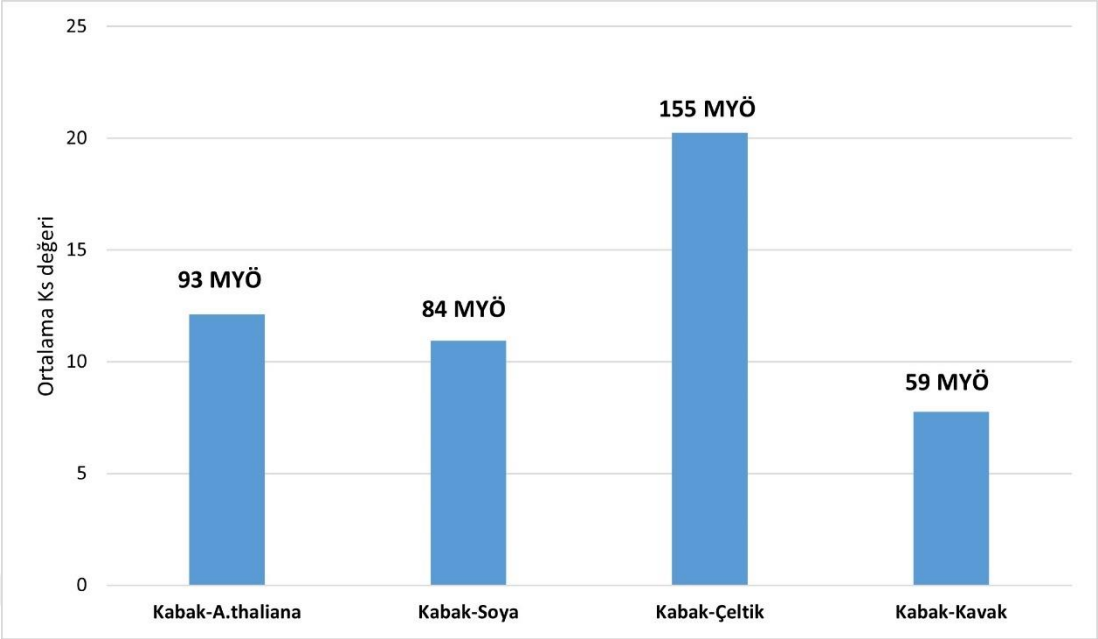
CpsHsp genlerinin ortolog gen analizi sonucunda; soya ile 5 çift, kavak ile 4 çift, çeltik ile 2 çift ve Arabidopsis ile 1 çift gen ortolog olarak tespit edilmiştir (EK 8-11). Soya ile 11 adet ortolog gen paylaşan *CpsHsp-42* geni, *CpsHsp* ailesinin en fazla ortolog ilişkide bulunan üyesidir. Ortolog genlerin muhtemel ayrılma süreleri; soya ile 20

MYÖ, kavak ile 28 MYÖ, çeltik ile 34 MYÖ ve Arabidopsis ile 413 MYÖ olarak belirlenmiştir (Şekil 5.36).



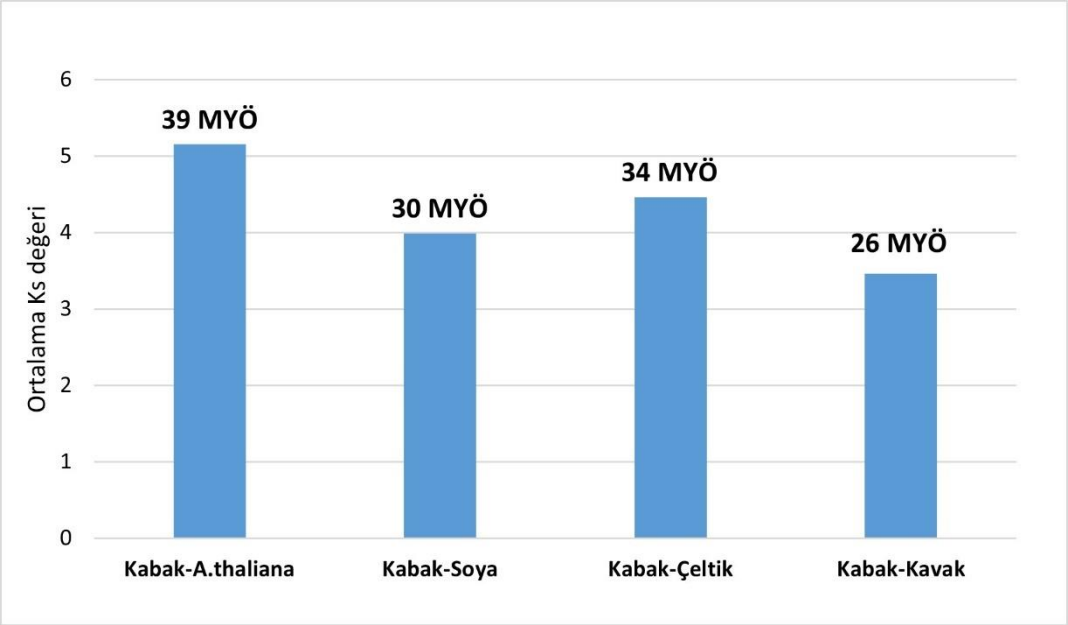
Şekil 5.36 *CpsHsp* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri

CpHsp40 gen ailesinin seçilen organizmalarla olan ortolog ilişkileri incelendiğinde, en fazla etkileşimin 83 gen çifti ile soya arasında olduğu; takiben 82 çift ile kavak, 53 çift ile çeltik ve 50 çift ile Arabidopsis genlerinin geldiği saptanmıştır (EK 12-15). Arabidopsis ile en fazla ortolog gen çifti eşleşen kabak genleri *CpHsp40-32* ve *CpHsp40-68* (20 adet gen) olarak tespit edilmiştir. *CpHsp40-68* geni aynı zamanda çeltik ile de en fazla (11 adet) ortologu içeren gen olarak belirlenmiştir. Kavak ile kabak genleri arasında en fazla ortolog karşılığı olan gen ise *CpHsp40-185* olarak görülmüştür. Evrimsel süreçte genlerin birbirinden muhtemel ayrılma zamanları hesaplandığında en erken ayrılmanın 155 MYÖ ile çeltikle; en geç ayrılmanın ise 59 MYÖ ile kavak bitkisi ile olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.37).



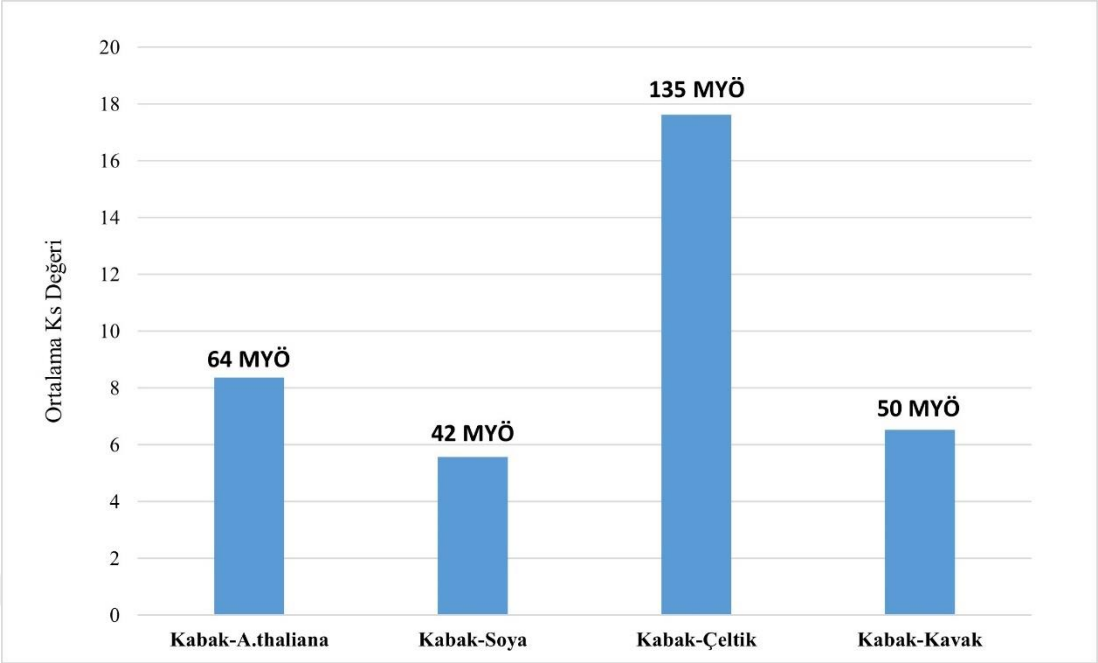
Şekil 5.37 *CpHsp40* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri

CpHsp60 gen ailesi incelendiğinde, en fazla ortolog ilişkinin soya ve kavak ile olduğu (31 çift) görülmüştür. Ardından 30 gen çifti ile Arabidopsis ve 27 gen çifti ile çeltik takip etmektedir (EK 16-19). Seçilen organizmalar ve kabak genleri arasında en fazla ortolog eşleşmesi bulunan genler analiz edildiğinde; *CpHsp60-08* ile Arabidopsis'in 5 adet, *CpHsp60-01* ile soyanın 12 adet, *CpHsp60-32* ve 33 ile çeltiğin 4 adet, *CpHsp60-27* ile kavağın10 adet geninin eşlendiği tespit edilmiştir. Türler arasındaki muhtemel ayrılma zamanları değerlendirildiğinde, kabak ile ilk ayrılmanın 39 MYÖ ile Arabidopsis arasında olduğu; en geç ayrılmanın ise 26 milyon yıl önce kavak ile gerçekleştiği belirlenmiştir (Şekil 5.38).



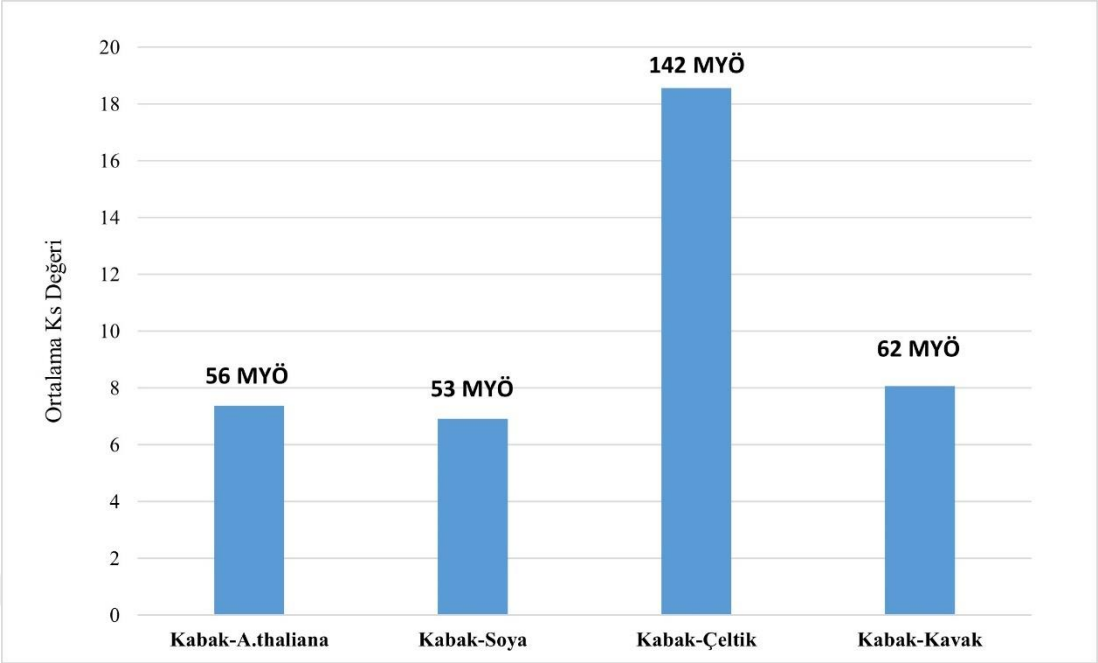
Şekil 5.38 *CpHsp60* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri

CpHsp70 genlerinin ortolog gen analizi sonucunda; Arabidopsis, soya ve kavak ile 25 çift, çeltik ile 19 çift gen ortolog olarak tespit edilmiştir. *CpHsp70-27* geninin hem Arabidopsis'te hem de soya ve kavakta en fazla ortolog karşılığı olan gen olduğu tespit edilmiştir (sırasıyla 11, 37 ve 12 adet). *CpHsp70-19* geninin ise 28 adet çeltik geni ile ortolog ilişki kurduğu saptanmıştır (EK 20-23). Evrimsel süreçte türlerin birbirinden ayrılma süreleri değerlendirildiğinde; çeltik 135 MYÖ ile en erken ayrılan organizma iken, 42 MYÖ ile soyanın kabaktan en geç ayrıldığı görülmüştür (Şekil 5.39).



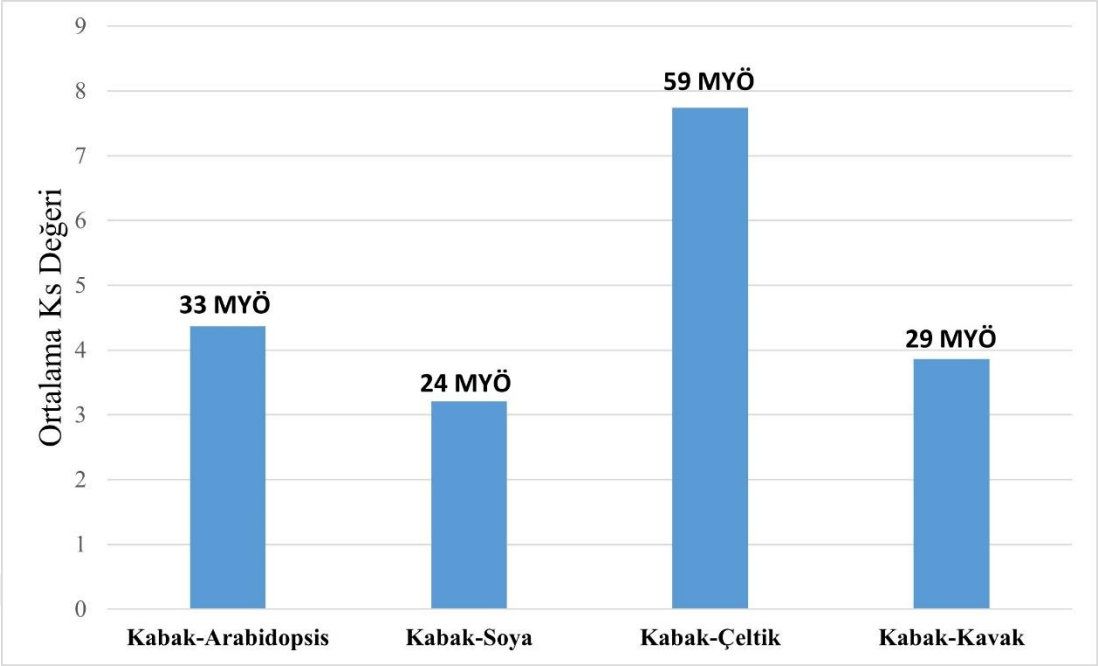
Şekil 5.39 *CpHsp70* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri

CpHsp90 gen ailesindeki 10 genin tamamının seçilen organizmalar ile ortologlarının bulunduğu görülmüştür. *CpHsp90-02* geni seçilen tüm organizmalarda en fazla ortolog karşılığı bulunan gen olarak tespit edilmiştir (EK 24-27). Bu genin Arabidopsiste 7 adet, soyada 17 adet, çeltikte 11 adet ve kavakta 13 adet ortolog gen karşılığı bulunmuştur. Kavak ile seçilen organizmaların birbirinden muhtemel ayrılma zamanları hesaplandığında 142 milyon yıl önce ayrılan çeltiğin evrimsel süreçte en erken ayrılan tür olduğu; 53 milyon yıl önce ayrılan soyanın ise en geç ayrılan tür olduğu ortaya konmuştur (Şekil 5.40).



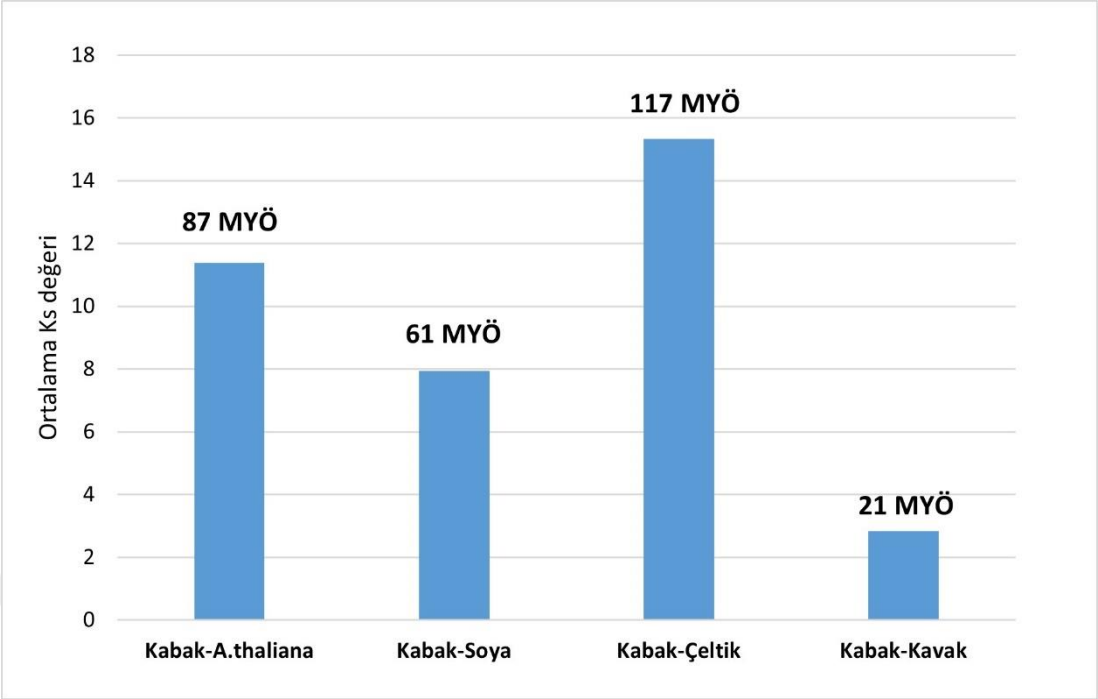
Şekil 5.40 *CpHsp90* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri

CpHsp100 gen ailesinin ortolog ilişkilerine bakıldığında Arabidopsis ile 85, soya ile 90, çeltik ile 64, kavak ile 90 çift genin ortolog olduğu saptanmıştır (EK 28-31). Arabidopsis ile en fazla ortolog gen çifti eşleşen *CpHsp100-44* olmuştur. Soyada *CpHsp100-77*, çeltikte *CpHsp100-22, kavakta ise CpHsp100-70 ve CpHsp100-77* genleri en fazla ortolog karşılığı olan genler olarak belirlenmiştir. Evrimsel süreçte genlerin birbirinden muhtemel ayrılma zamanları analiz edildiğinde en erken ayrılmanın 59 MYÖ ile çeltikle; en geç ayrılmanın ise 24 MYÖ ile soya bitkisi ile olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.41).



Şekil 5.41 *CpHsp100* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri

CpHsf genlerinin ortolog ilişkileri araştırıldığında en fazla ortolog gen ilişkisinin 29 çift ile soyada, en az ortolog genin ise 15 çift ile çeltikte olduğu gözlemlenmiştir (EK 32-35). Kavak ile 28 çift, Arabidopsis ile 20 çift ortolog genin ilişkili olduğu belirlenmiştir. *CpHsf-09, 29, 39, 45, 60, 66* genlerinin Arabidopsiste 3 adet; *CpHsf-43, 51, 63* genlerinin soyada 6 adet; *CpHsf-39 ve 60* genlerinin çeltikte 3 adet ve *CpHsf-13, 22, 43* genlerinin kavakta 4 adet ortolog karşılığı bulunmuştur. Seçilen türler ile kabağın evrimsel süreçte muhtemel ayrılma zamanlarına bakıldığında; en erken ayrılan organizmanın 117 MYÖ ile çeltik olduğu, en geç ayrılan türün ise 21 MYÖ ile kavak olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.42).



Şekil 5.42 *CpHsf* genlerinin diğer model organizmalar ile ortolog ilişkileri

5.7 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

Evrimsel süreçte *CpsHsp* ve *CpHsf* gen ailelerinde meydana gelen tandem ve segmental duplikasyon olayları ve bu duplikasyonların tahmini ayrılma zamanları Ka/Ks oranlarına dayanılarak analiz edilmiştir. Tandem duplikasyona uğrayan gen çiftlerinin en fazla 1. kromozomda (5 gen çifti) yoğunlaştığı belirlenmiştir. Diğer gen çiftlerinin ise sırasıyla 5. kromozom (4 gen çifti); 8. kromozom (3 gen çifti); 2., 10., 14., 17., 19. kromozomlar (2 gen çifti) ve birer gen çifti taşıyan 4., 6., 7., 11., 18., 20. kromozomlarda yer aldığı görülmüştür.

CpsHsp genleri için yapılan analizde 14 gen çiftinin gen duplikasyon olaylarında rol aldığı ve belirlenen gen çiftlerinin tamamının segmental duplikasyona uğradığı tespit edilmiştir Duplikasyon geçiren gen çiftlerinin birbirinden ayrılma zamanları ortalama 24,6 MYÖ ve Ka/Ks oranı 0,56 olarak hesaplanmıştır (EK 36).

CpHsp40 genlerinin duplikasyon olayları ele alındığında, toplamda 73 gen çiftinin tandem ya da segmental duplikasyona uğradığı belirlenmiştir. 13 gen çiftinin tandem duplikasyona katıldığı görülmüştür. Tüm duplike çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde birbirlerinden ayrılma zamanlarının ortalama 31,5 milyon yıl önce olduğu tespit

edilmiştir. Tandem duplikasyona uğrayan gen çiftleri için Ka/Ks ortalaması 0,78 olarak ve birbirinden ayrılma zamanları ortalama 31,8 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Tandem duplikasyona uğrayan gen çiftlerinin en fazla (3 çift) 5. kromozomda yer aldığı belirlenmiştir. 1. ve 8. kromozomlar ise ikişer tandem duplike gen çifti içermektedir. Diğer tandem duplike gen çiftlerinin bulunduğu kromozomlar ise 4, 10, 11, 14, 17, 19. Kromozomlar olarak belirlenmiştir (EK 37).

CpHsp60 genleri için yapılan duplikasyon analizinde 17 gen çiftinin duplikasyon olaylarında yer aldığı ve Ka/Ks oranının ortalama 0,3 olduğu belirlenmiştir. Sırası ile 1. ve 17. kromozomlarda yer alan *CpHsp60-01-CpHsp60-02* ve *CpHsp60-25-CpHsp60-29* gen çiftlerinin tandem duplikasyona katıldığı belirlenmiştir. Tandem duplike olan gen çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde birbirlerinden ortalama ayrılma zamanlarının sırası ile 9 MYÖ ile 32 MYÖ olduğu görülmüştür. Segmental duplikasyona katılan genlerin ise birbirinden ayrılma zamanları ortalama 16 MYÖ olarak hesaplanmıştır (EK 38).

CpHsp70 gen ailesinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyonlar incelendiğinde, 12 gen çiftinin süreçte yer aldığı ve bu gen çiftlerinin tümünün segmental duplikasyona katıldıkları tespit edilmiştir. Gen çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde ortalama birbirlerinde ayrılma süresi ise 14 MYÖ ve Ka/Ks oranı 0,1 olarak hesaplanmıştır. *CpHsp70-05-CpHsp70-10* en geç ayrılan (6 MYÖ), *CpHsp70-22-CpHsp70-24* ise en erken (37 MYÖ) ayrılan gen çifti olarak saptanmıştır (EK 39).

CpHsp90 genleri için yapılan duplikasyon değerlendirmesinde; 4 gen çiftinin segmental duplikasyona katıldıkları belirlenmiştir. Duplike genlerin evrimsel süreçte muhtemel ayrılma zamanları ortalama 16,9 milyon yıl önce ve Ka/Ks oranı 0,4 olarak hesaplanmıştır. *CpHsp90-01-CpHsp90-07* en geç (9 MYÖ), *CpHsp90-03-CpHsp90-10* ise en erken (28 MYÖ) ayrılan gen çifti olarak tespit edilmiştir (EK 40).

CpHsp100 genleri için yapılan duplikasyon analizinde, 11 adet tandem ve 53 adet segmental olmak üzere toplamda 64 gen çiftinin duplikasyona katıldığı saptanmıştır. Hem tandem ve segmental duplike çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde birbirlerinden ayrılma zamanlarının ortalama 30 milyon yıl önce ve Ka/Ks oranının 0,69 olduğu

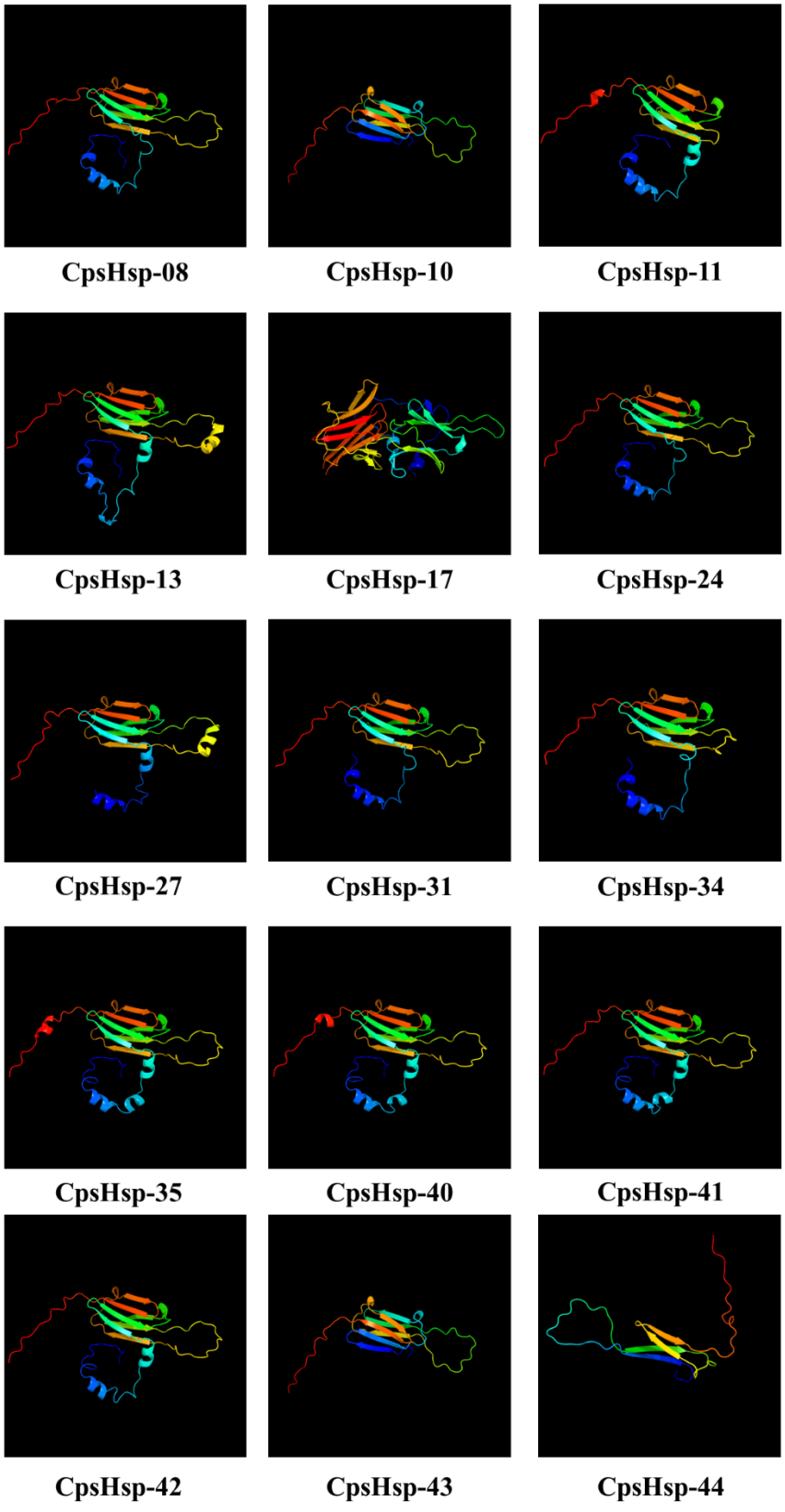
belirlenmiştir. Tandem duplikasyona katılan genlerin bulunduğu kromozomlara bakıldığında 2 gen çiftinin 2. kromozomda yer aldığı; kromozom 1, 5, 6, 7, 8, 10, 18, 19 ve 20'de birer tandem gen çiftinin bulunduğu tespit edilmiştir (EK 41).

CpHsf gen ailesinde evrimsel süreçte meydana gelen duplikasyon olayları incelendiğinde, 34 gen çiftinin süreçte yer aldığı görülmüştür. *CpHsf-03-CpHsf-01* ve *CpHsf-53-CpHsf-56* tandem duplikasyona katılan gen çiftleri olarak belirlenmiştir. Tandem duplike olan gen çiftlerinin sırası ile 1. ve 14. kromozomlarda bulunduğu saptanmıştır. Belirtilen gen çiftlerinin evrimsel süreçte birbirlerinden ayrılma zamanları sırası ile 8 MYÖ ve 34 MYÖ olarak tespit edilmiştir. Segmental duplikasyon geçiren gen çiftlerinin ortalama birbirinden ayrılma zamanları ise 25 milyon yıl olarak hesaplanmıştır. Duplikasyona katılan gen çiftlerinin ortalama Ka/Ks değeri 0,5 olarak hesaplanmıştır (EK 41).

5.8 CpHsp ve CpHsf Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

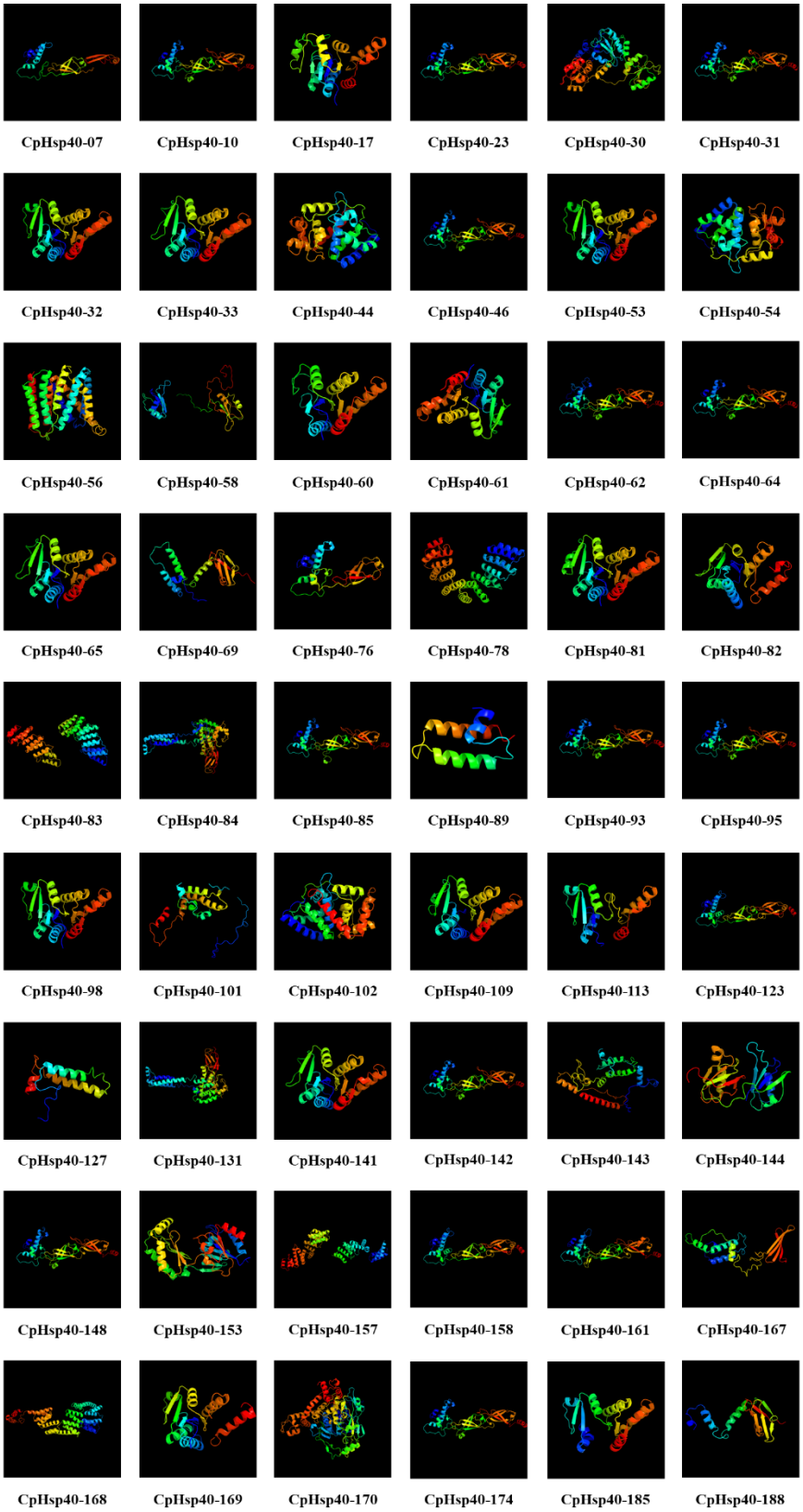
CpHsp ve CpHsf proteinlerinin üç boyutlu tahmini yapıları ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik kıstasları doğrultusunda tespit edilmiştir.

CpsHsp proteinlerinde bahsedilen parametreler doğrultusunda 15 adet sHsp proteini modellenmiş ve bu proteinlerdeki baskın yapının β-kırmalı tabaka olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.44).



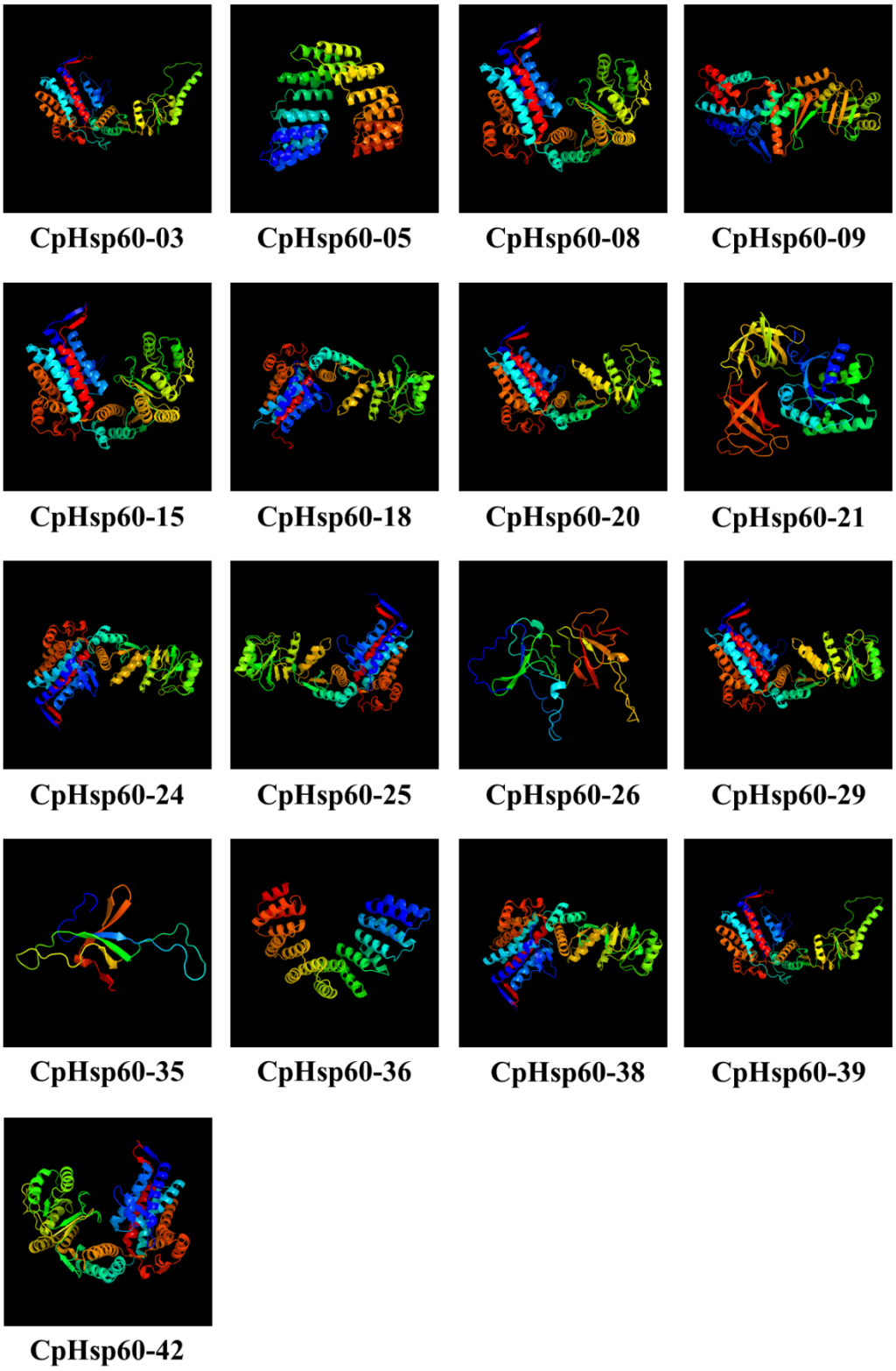
Şekil 5.43 CpsHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

CpHsp40 proteinlerinden 54 tanesi ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik parametrelerini sağlayacak şekilde modellenmiştir. Modellenen proteinlerin tamamında α-sarmal yapının öne çıktığı görülmüştür (Şekil 5.45).



Şekil 5.44 CpHsp40 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

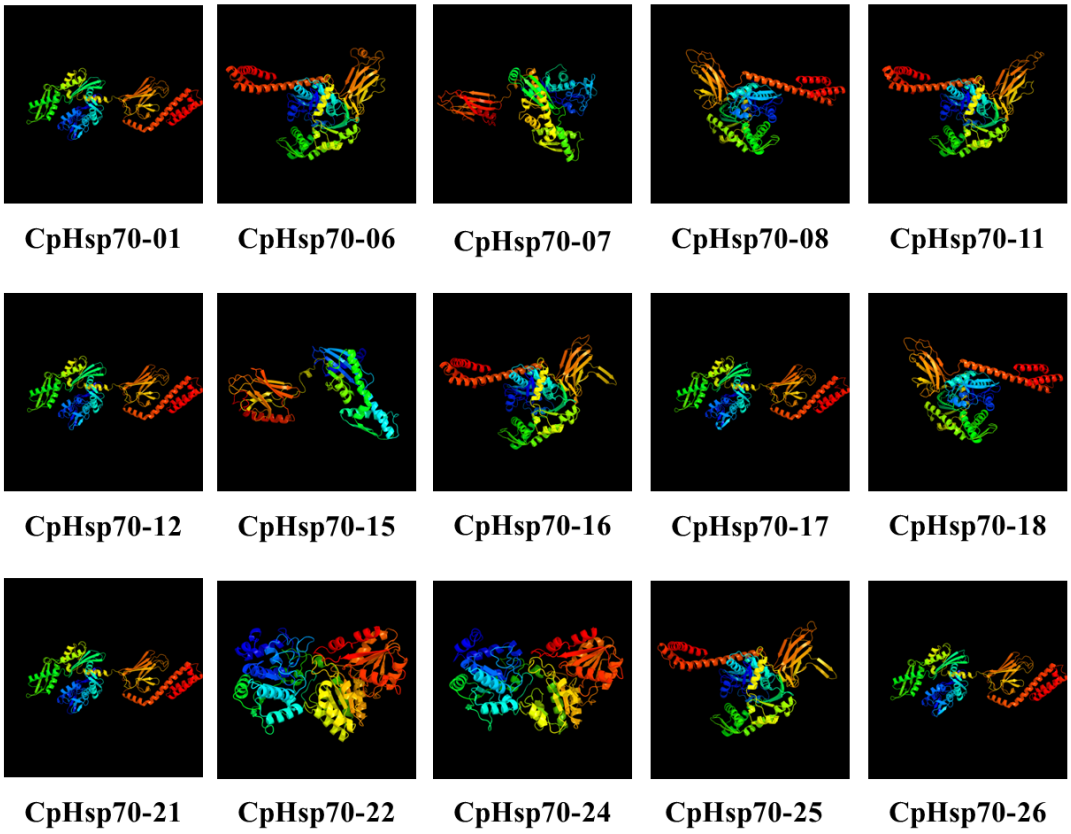
CpHsp60 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları incelendiğinde, aileden 17 proteinin belirlenen değerlere uygun bir şekilde modellendiği ve bu proteinlerin yapılarında çoğunlukla (CpHsp60-26 ve 35 dışında) α-sarmal katlanmanın belirgin olduğu gözlenmiştir (Şekil 5.46).



Şekil 5.45 CpHsp60 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

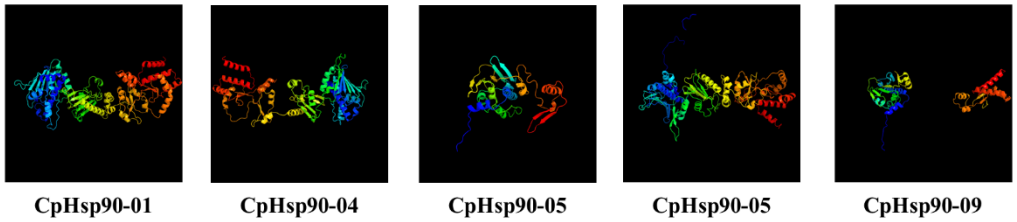
CpHsp70 ailesinden 15 proteinin üç boyutlu yapısı Phyre2 sisteminde ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik kıstaslarını sağlayacak şekilde modellenebilmiştir.

Modellenen proteinlerin baskın yapıları incelendiğinde tamamında α-sarmal katlanmanın öne çıktığı görülmüştür (Şekil 5.47).



Şekil 5.46 CpHsp70 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

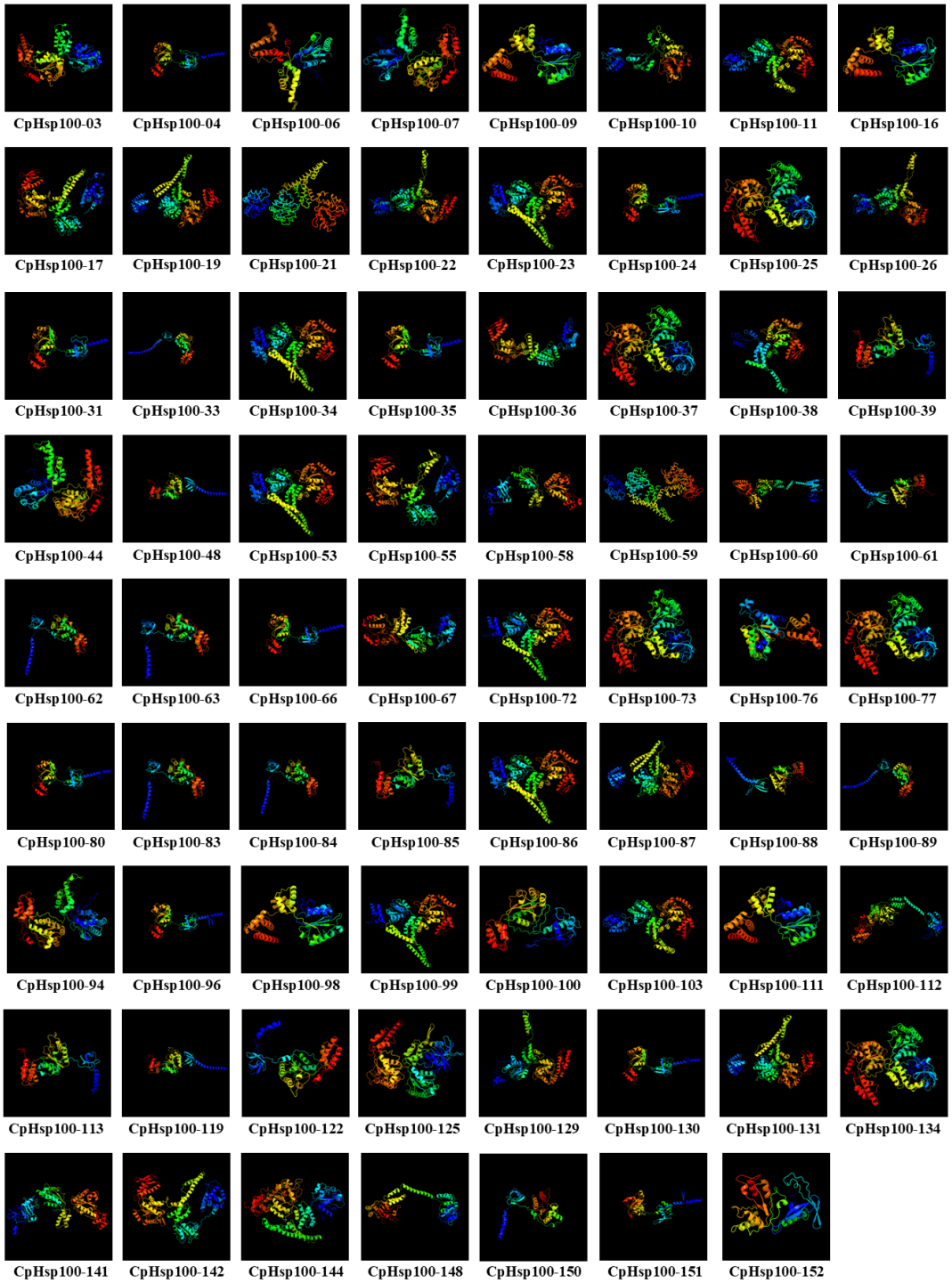
CpHsp90 ailesinden 5 adet proteinin yüksek homoloji ile modellendiği ve bu proteinlerin yapısında daha çok α-sarmal katlanmanın hakim olduğu tespit edilmiştir (Şekil 5.48).



Şekil 5.47 CpHsp90 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

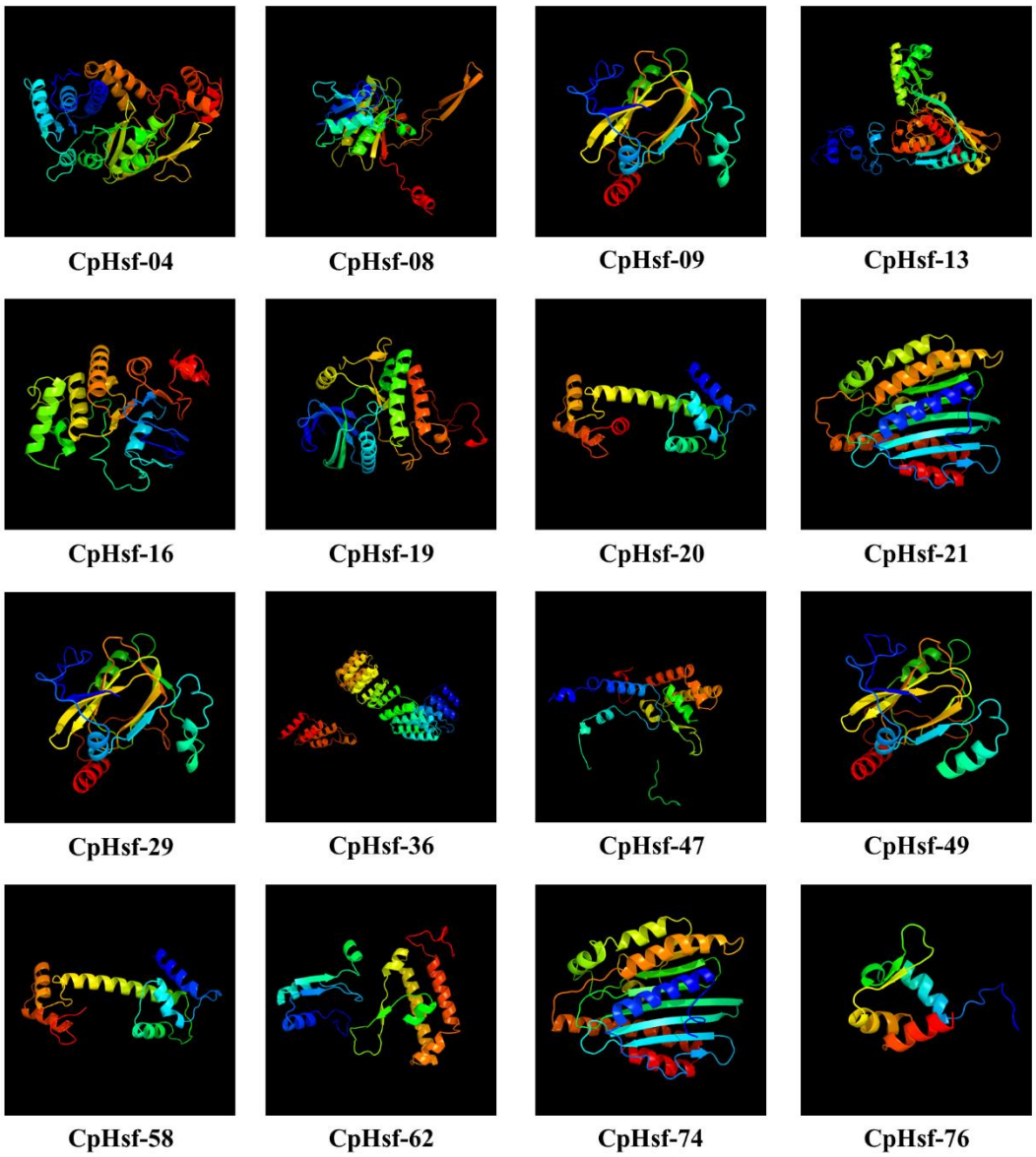
CpHsp100 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısı incelediğinde 71 adet proteinin Phyre2 sisteminde ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik parametrelerine uygun şekilde

modellendiği belirlenmiştir. Modellenen tüm proteinlerde öne çıkan yapının α-sarmal katlanma olduğu saptanmıştır (Şekil 5.49).



Şekil 5.48 CpHsp100 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

CpHsf ailesinden 16 tane proteinin üç boyutlu yapısı ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik ölçütlerine uygun şekilde modellenebilmiştir. Modellenen proteinlerinde α-sarmal katlanma yapısının belirgin olduğu gözlenmiştir (Şekil 5.50).

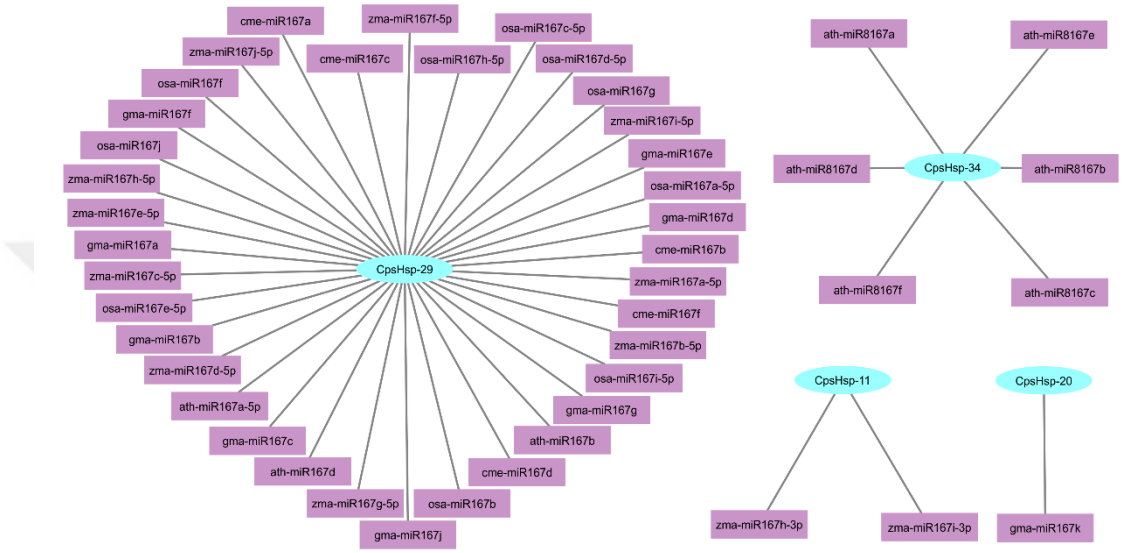


Şekil 5.49 CpHsf proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.9 CpHsp ve CpHsf Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

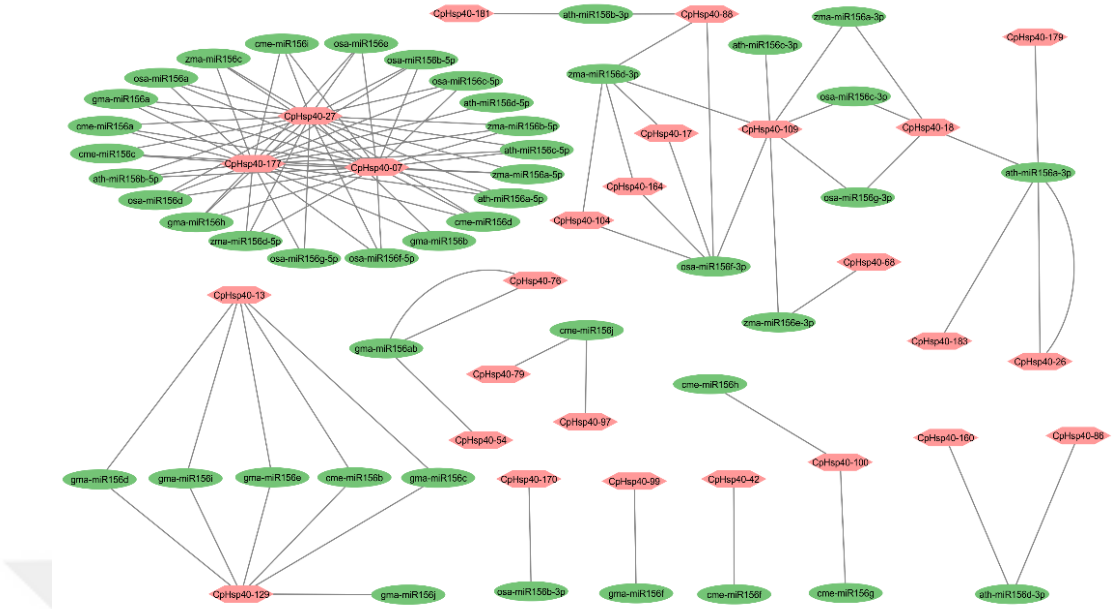
A. thaliana, C. melo, G. max, O. sativa ve *Z. mays* bitkilerine ait veriler kullanılarak psRNATarget veri tabanında yapılan analizler sonucunda *CpHsp* ve *CpHsf* genlerini hedef alan miRNA'lar ve hedeflenen transkriptler analiz edilmiştir.

CpsHsp transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar değerlendirildiğinde, 92 adet miRNA ile bağlantı kuran *CpsHsp-01'in* en fazla hedef alınan transkript olduğu belirlenmiştir (EK 43). Bunun yanında miR167'in, *CpsHsp* transkriptlerini en fazla (43 adet) hedef alan miRNA olduğu saptanmıştır. miR395'in ise 33 adet *CpsHsp* transkriptini hedefleyerek ikinci sırada yer aldığı gözlenmiştir (Şekil 5.51).



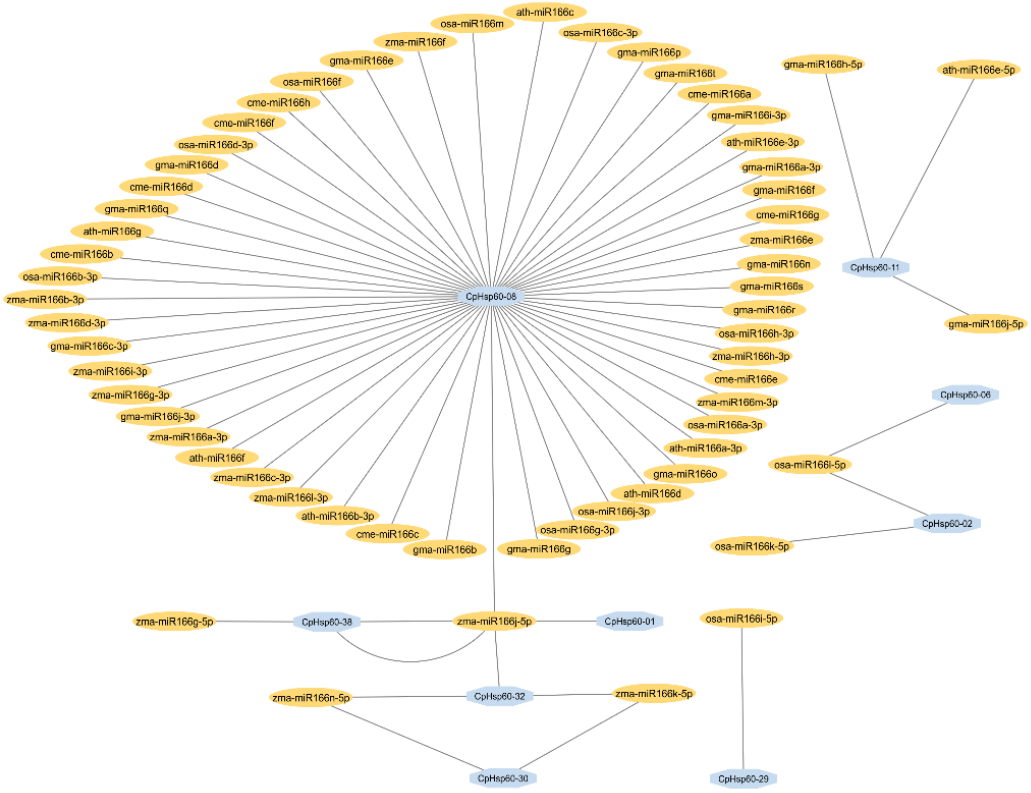
Şekil 5.50 *CpsHsp* genlerini hedef alan miRNA'lar

CpHsp40 transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların belirlenmesi amacıyla yapılan analiz sonucunda, *CpHsp40-27* transkriptinin 77 farklı miRNA tarafından hedeflendiği belirlenmiştir (EK 44). En çok hedef alınan ikinci transkript ise *68 farklı miRNA* tarafından hedeflenen *CpHsp40-177* olarak tespit edilmiştir. Bununla birlikte, farklı *CpHsp40* transkriptleri ile en fazla (237 tane) ilişki kuran miRNA'nın, miR156 olduğu; ardından ise 156 hedef transkripti bulunan miR164'ün geldiği saptanmıştır (Şekil 5.52).



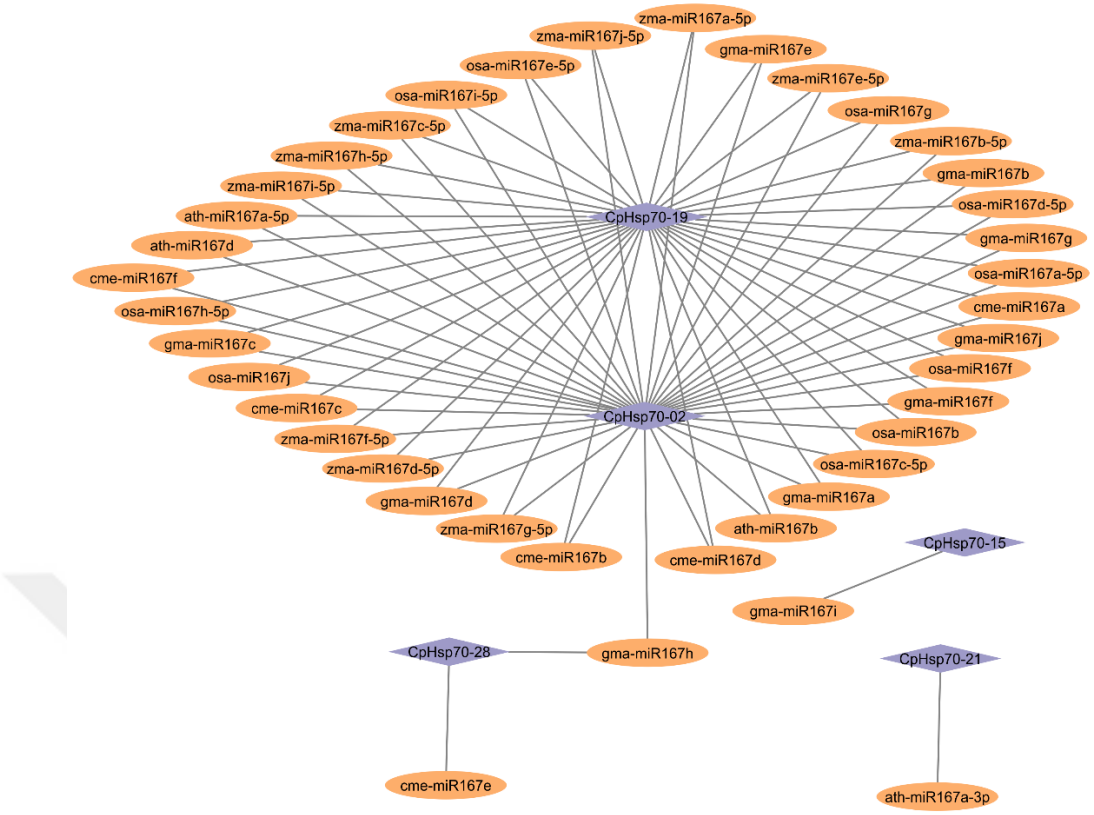
Şekil 5.51 *CpHsp40* genlerini hedef alan miRNA'lar

CpHsp60 transkriptleri ve miRNA ilişkisi ele alındığında, miRNA'lar tarafından en fazla hedeflenen transkriptlerin sırası ile *CpHsp60-08 (75 adet), CpHsp60-02 (73 adet), CpHsp60-40 (60 adet)* ve *CpHsp60-16 (52 adet)* olarak belirlenmiştir (EK 45). *CpHsp60* transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA'lar ise miR166 (68 adet transkript), miR156 (63 adet) ve miR395 (53 adet) olarak tespit edilmiştir (Şekil 5.53).



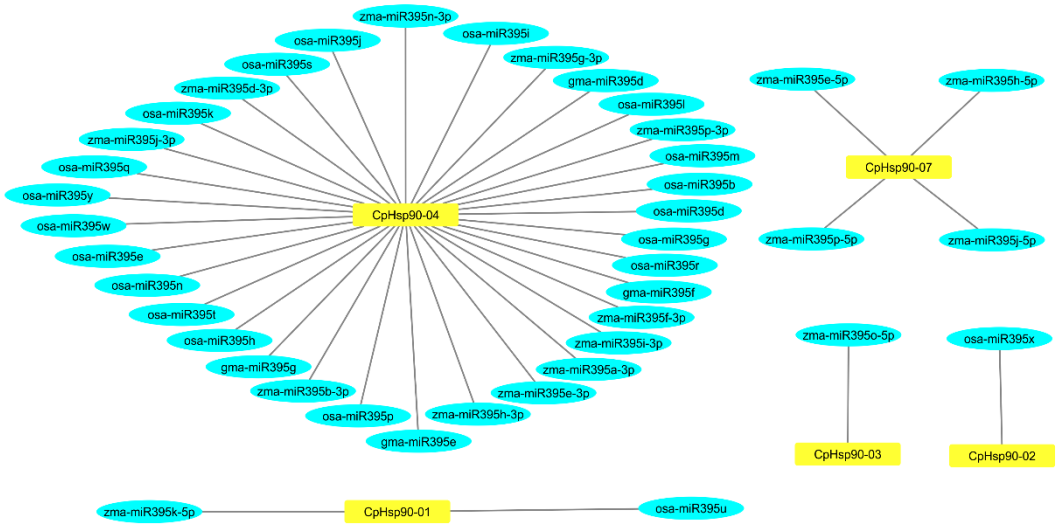
Şekil 5.52 CpHsp60 genlerini hedef alan miRNA'lar

CpHsp70 gen transkriptleri ile bağlantı kuran miRNA'lar analiz edildiğinde, 77 farklı miRNA ile ilişkili olan *CpHsp70-27'in* en çok hedeflenen transkript olduğu belirlenmiştir (EK 46). miR167 ve miR396'nın ise *CpHsp70* gen transkriptlerini en fazla (sırasıyla 77 ve 62 adet) hedef alan miRNA'lar olduğu tespit edilmiştir (Şekil 5.54).



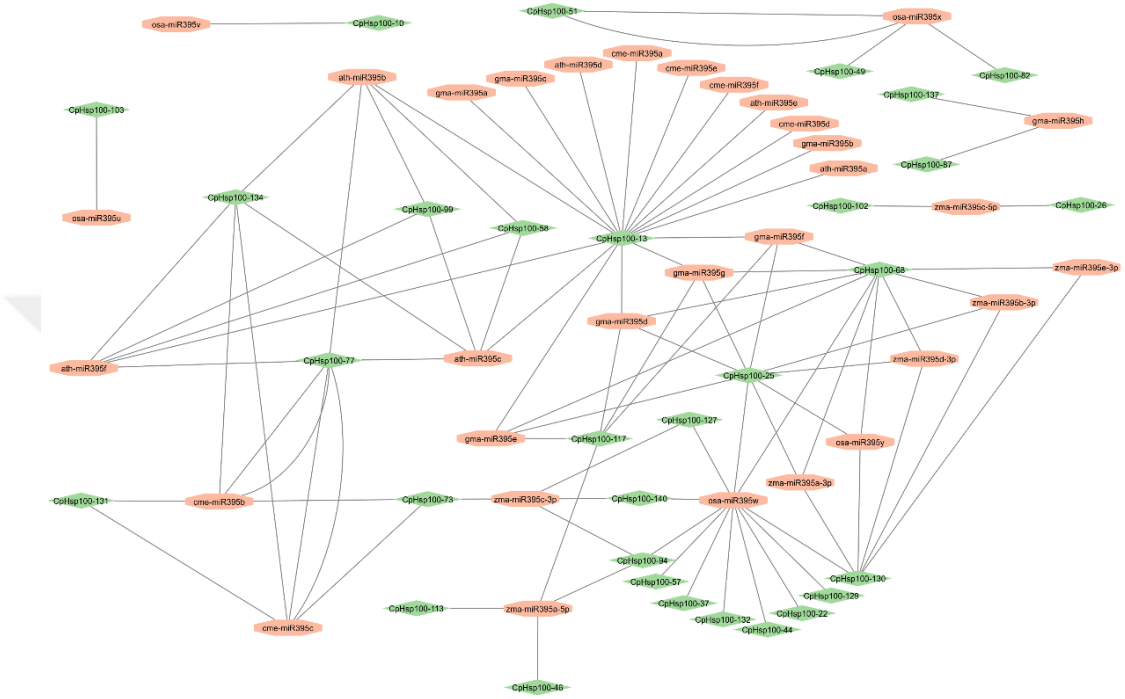
Şekil 5.53 *CpHsp70* genlerini hedef alan miRNA'lar

CpHsp90 transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar değerlendirildiğinde, 41 farklı transkript ile ilişkili olan miR395'in en çok hedef alan miRNA olduğu saptanmıştır (EK 47). *54 farklı miRNA tarafından hedeflenen CpHsp90-04'ün ise* en çok bağlantı kurulan transkript olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.55).



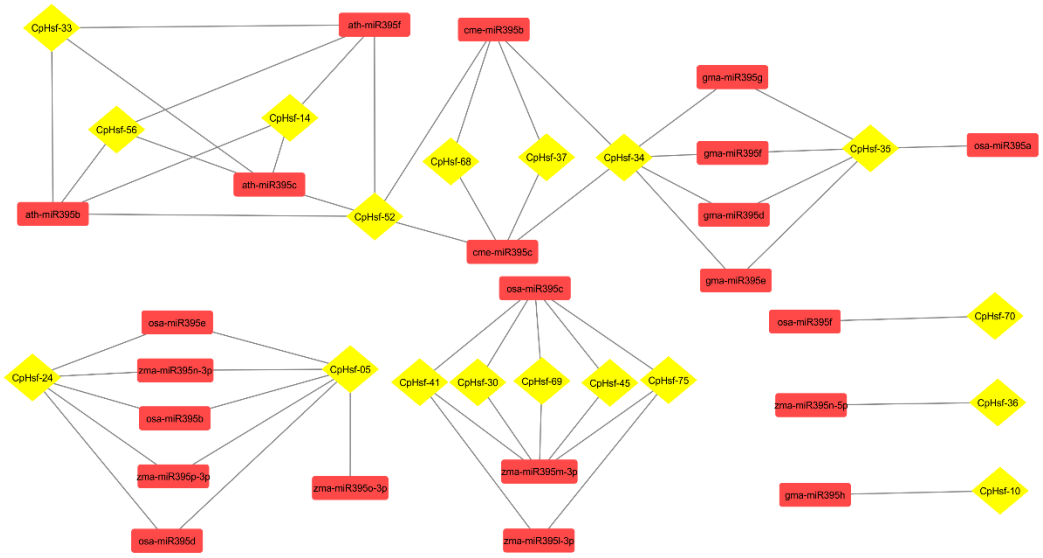
Şekil 5.54 *CpHsp90* genlerini hedef alan miRNA'lar

CpHsp100 transkriptleri ve miRNA ilişkisi ele alındığında, miRNA'lar tarafından en fazla hedeflenen transkriptler sırası ile *CpHsp100-120 (81 adet), CpHsp100-40 (77 adet)* ve *CpHsp60-112 (75 adet)* olarak belirlenmiştir (EK 48). miR395'in, *CpHsp100* transkriptlerini en fazla (264 adet) hedef alan miRNA olduğu saptanmıştır (Şekil 5.56).



Şekil 5.55 *CpHsp100* genlerini hedef alan miRNA'lar

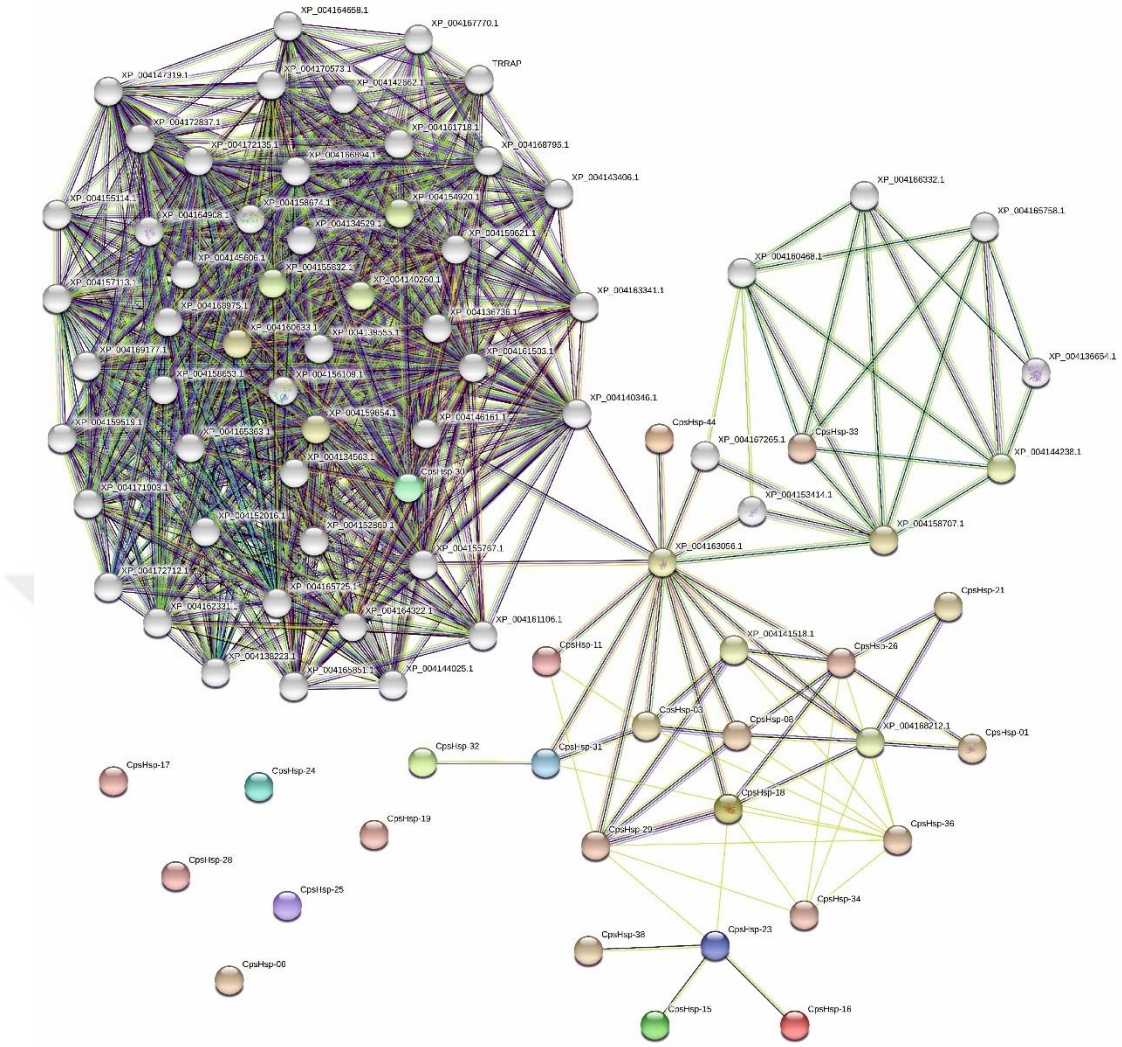
CpHsf transkriptleri ve miRNA ilişkisi incelendiğinde, *CpHsf-26* gen transkriptlerinin en fazla (144) hedef alınan transkript olduğu tespit edilmiştir (EK 49). miR395'in ise *CpHsf* gen transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.57).



Şekil 5.56 *CpHsf* genlerini hedef alan miRNA'lar

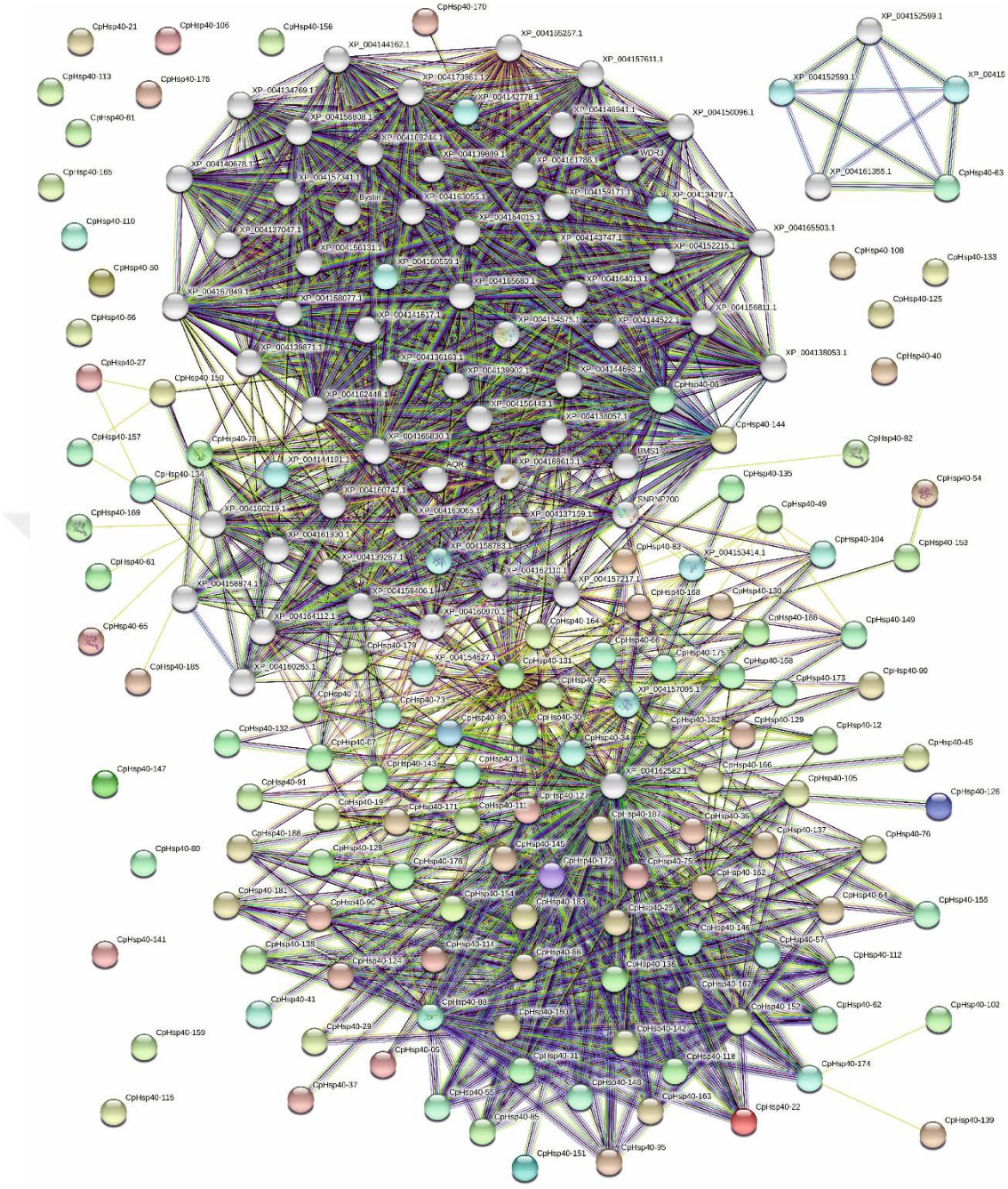
5.10 CpHsp ve CpHsf Ailelerinin Protein-Protein Etkileşimleri

CpsHsp proteinleri için oluşturulan protein-protein etkileşim ağı incelendiğinde; DNA-bağımlı RNaz alt birimi proteinin (XP_004146161.1) 46 etkileşimle ilk sırada olduğu belirlenmiştir. Ardından 43 etkileşim ile kromatin organizasyonu, gelişimsel süreçler, gen ifadesinin düzenlenmesi gibi pek çok süreçte görev alan histon asetil transferaz proteininin (XP_004134529.1) geldiği görülmüştür. Kabak sHsp proteinleri içerisinde ise CpsHsp-30'un en fazla (21 etkileşim) etkileşim gösteren protein olduğu tespit edilmiştir. Yapılan analizde CpsHsp-06, 17, 19, 24, 25 ve 28 proteinlerinin hiçbir protein-protein etkileşiminde yer almadığı saptanmıştır (Şekil 5.58).



Şekil 5.57 CpsHsp proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

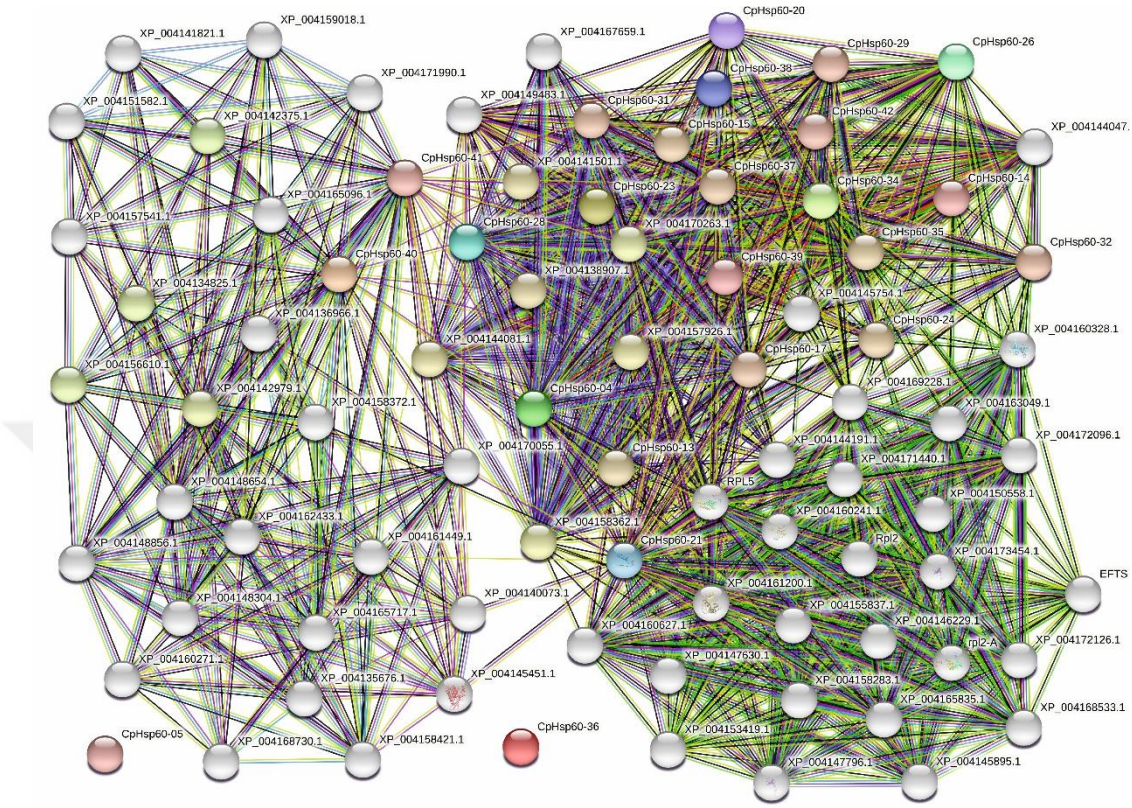
CpHsp40 proteinlerinin etkileşim haritası analiz edildiğinde; 87 bağlantı ile CpHsp40-131'in ve 59 bağlantı ile CpHsp40-06'nın diğer proteinlerle en fazla etkileşim halinde olan CpHsp40 üyeleri olduğu tespit edilmiştir. Hücresel bileşen biyogenezi, nükleik asit bağlanması, ribozom biyogenezi gibi süreçlerde rol alan nükleolar proteininin (XP_004138057.1) 63 etkileşim ile en çok etkileşimde bulunan proteinlerden biri olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.59).



Şekil 5.58 CpHsp40 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

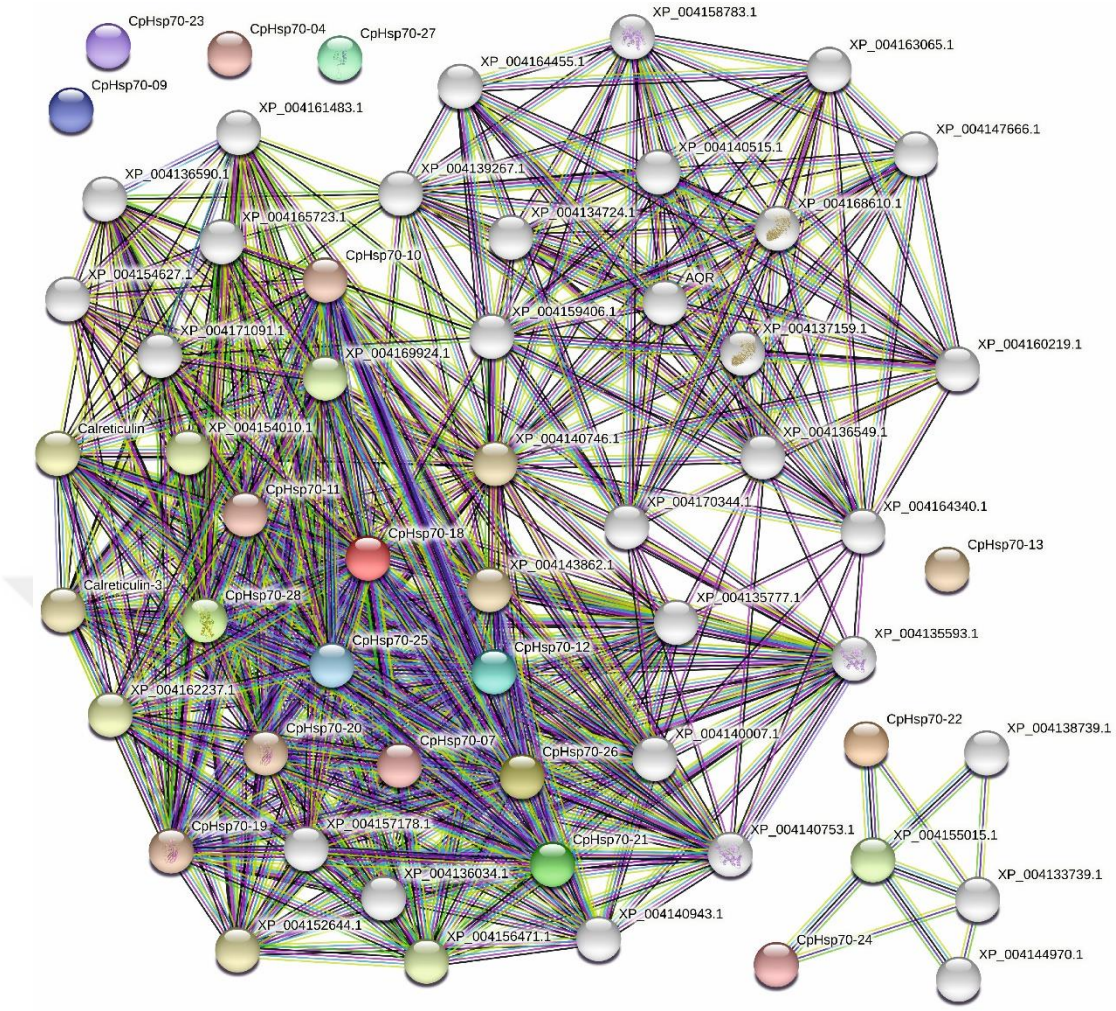
CpHsp60 protein-protein etkileşim haritası değerlendirildiğinde; CpHsp60-21 proteininin 51 bağlantı ve CpHsp60-13 proteinin 38 bağlantı ile en fazla etkileşim gösteren CpHsp60 üyeleri olduğu saptanmıştır. Ayrıca 60S (XP_004144191.1) ve RPL5 (Ribozomal Protein L5) (XP_004171966.1) ribozomal proteinlerinin ise 39 etkileşim ile yüksek etkileşimde bulunan proteinlerden olduğu tespit edilmiştir.

CpHsp60-05 ve CpHsp60-36 proteinlerinin ise herhangi bir etkileşim göstermediği belirlenmiştir (Şekil 5.60).



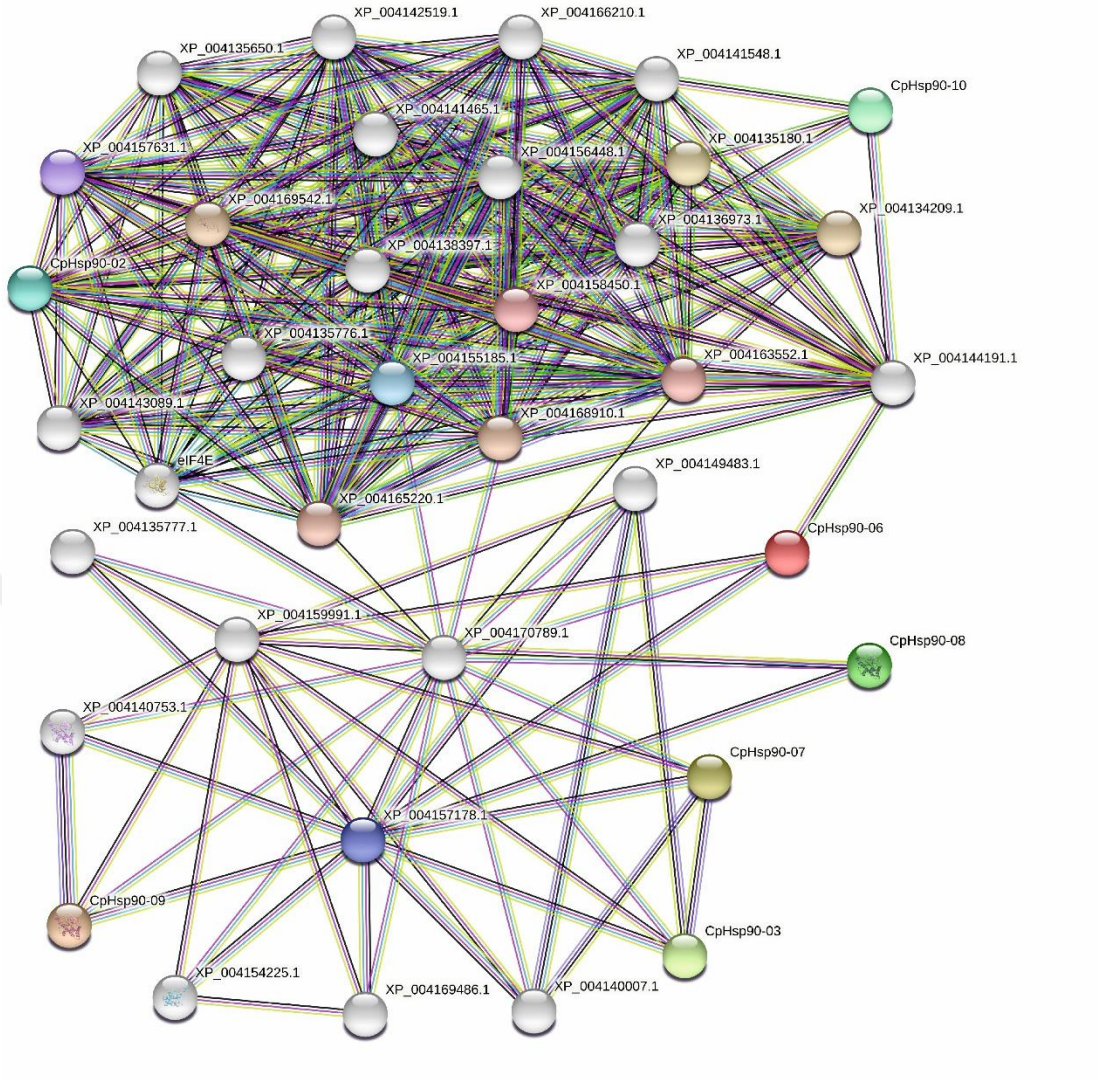
Şekil 5.59 CpHsp60 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

CpHsp70 protein-protein etkileşim haritası analiz edildiğinde; en çok etkileşim gösteren proteinin 42 bağlantı ile RNA bağlanma, protein taşıma aktiviteleri gibi süreçlerde görev alan DnaJ proteininin (XP_004140746.1) olduğu görülmüştür. Kabak Hsp70 üyelerinden ise CpHsp70-18 (32 bağlantı), CpHsp70-10 (31 bağlantı), CpHsp70-11 ve CpHsp70-25 (29 bağlantı) proteinlerinin en yüksek etkileşim gösteren proteinler olduğu tespit edilmiştir. CpHsp70-04, 09, 13, 23 ve 27 proteinlerinin ise hiçbir protein ile etkileşimde bulunmadığı saptanmıştır (Şekil 5.61).



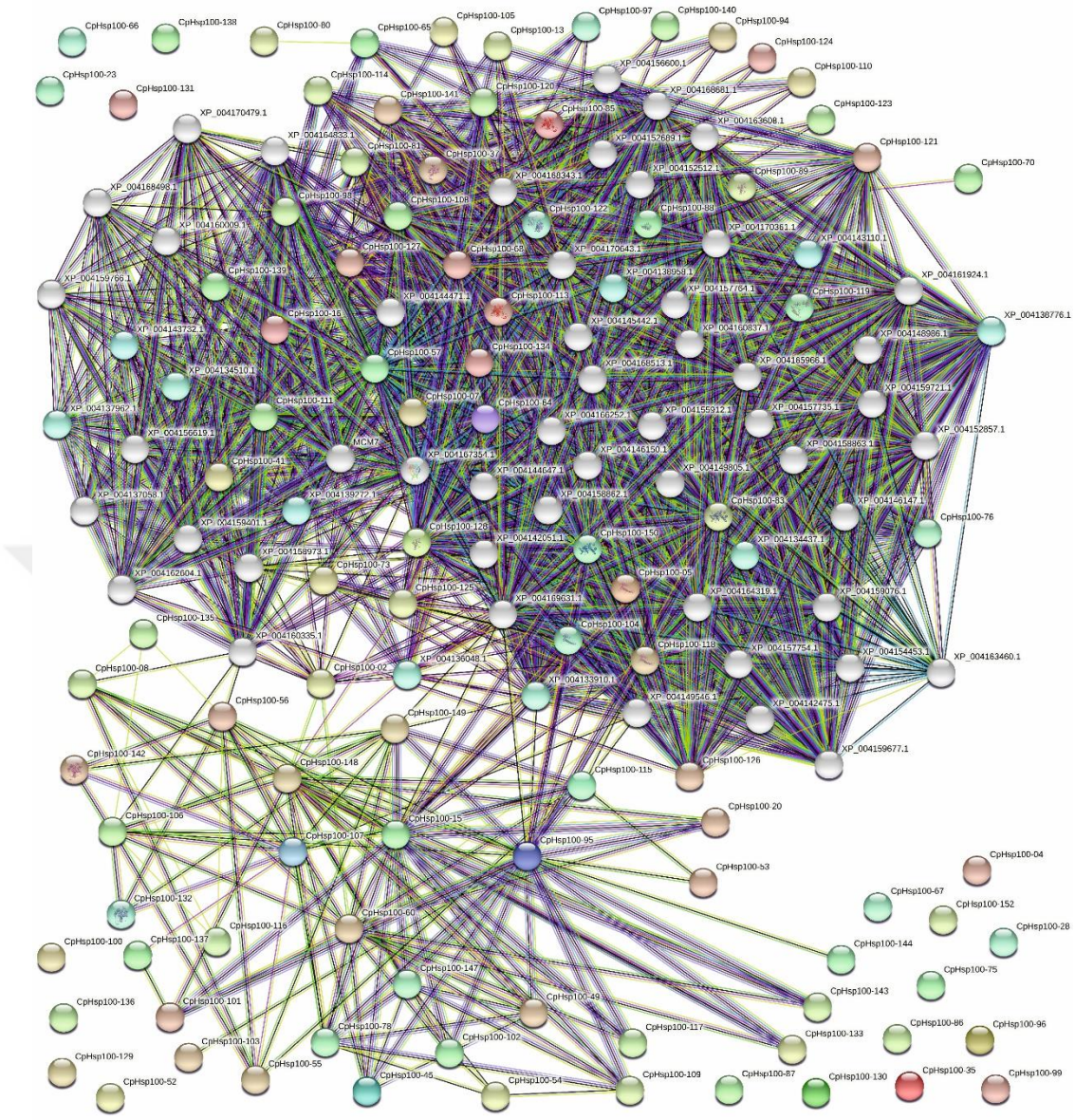
Şekil 5.60 CpHsp70 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

Kabak Hsp90 proteinleri için yapılan protein-protein etkileşim analizinde, 40S ribozomal proteini (XP_004136973.1) en fazla (22 adet) bağlantıya sahip olan protein olarak belirlenmiştir. 20 farklı protein ile bağlantı kuran CpHsp90-02'nin ise en fazla etkileşim gösteren Hsp90 proteini olduğu tespit edilmiştir (Şekil 5.62).



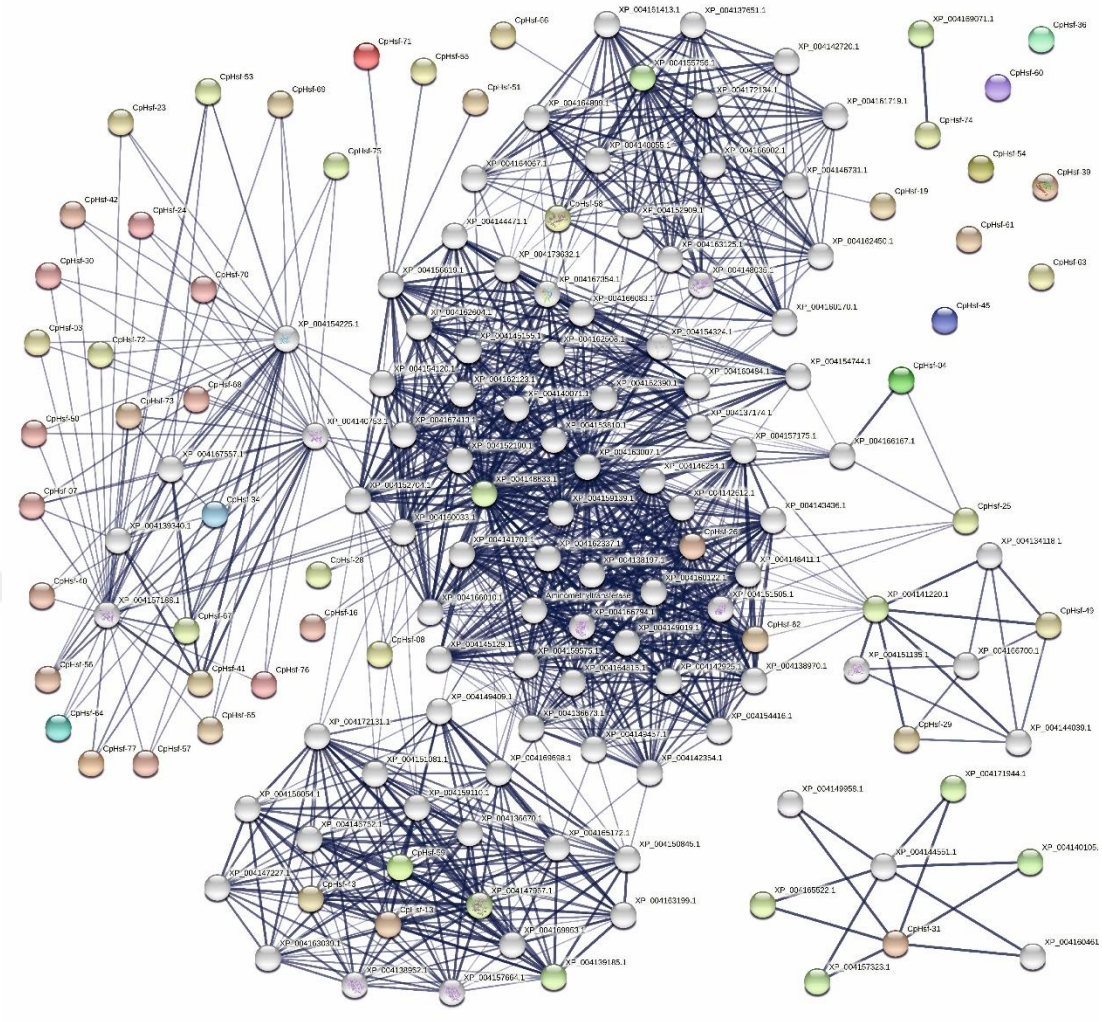
Şekil 5.61 CpHsp90 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

CpHsp100 protein-protein etkileşim haritası değerlendirildiğinde; CpHsp100-64 (71 adet) ve CpHsp100-122 (68 adet) proteinlerinin en fazla bağlantıya sahip proteinler olduğu belirlenmiştir. Bununla birlikte makromolekül katabolik sürecinde ve hücresel metabolik süreçlerde görev alan proteozom α-alt birim proteininin (XP_004146150.1) 71 etkileşim ile en yüksek etkileşim gösteren proteinler arasında yer aldığı görülmüştür (Şekil 5.63).



Şekil 5.62 CpHsp100 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

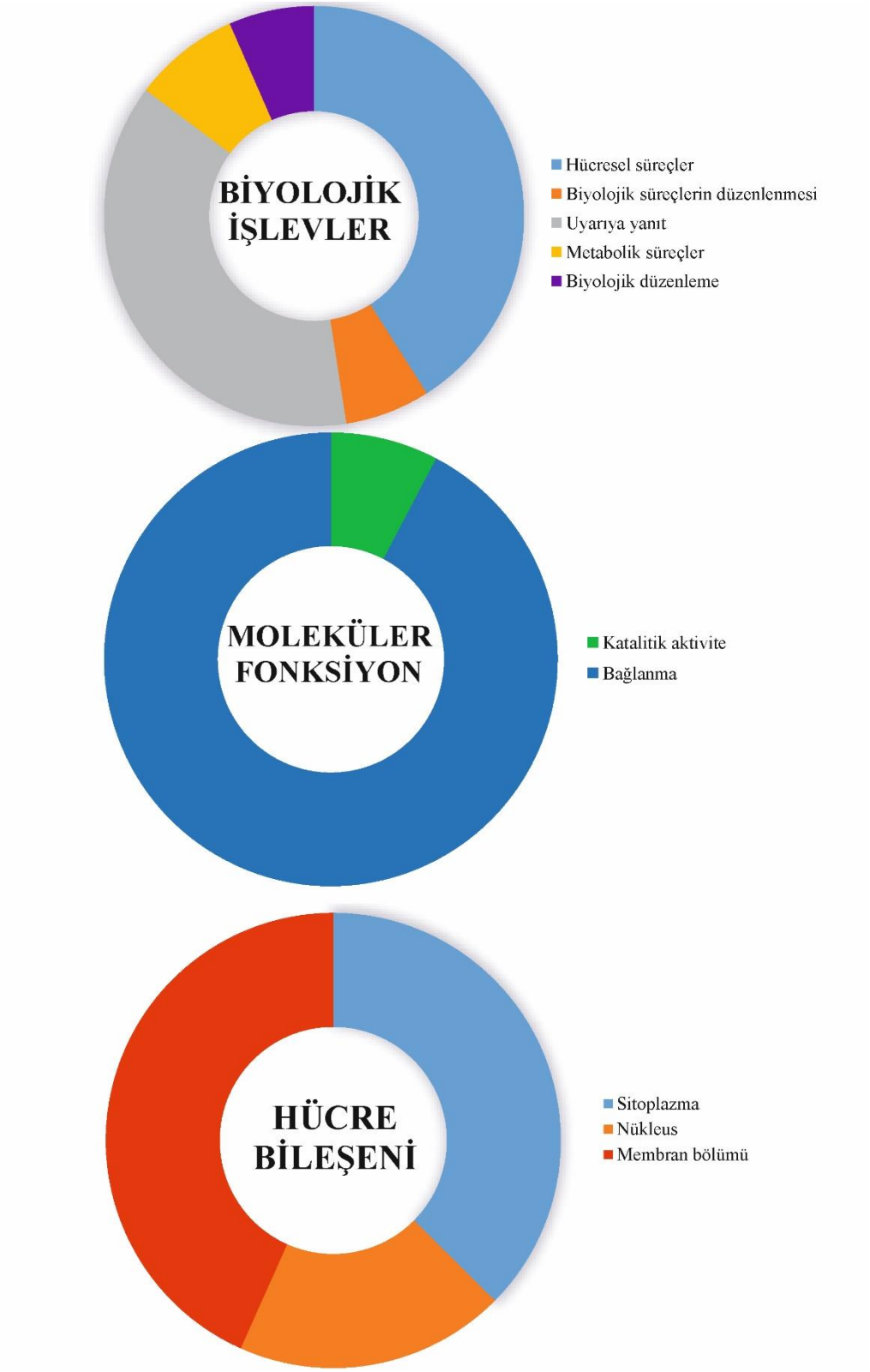
CpHsf proteinleri için oluşturulan protein-protein etkileşim ağı incelendiğinde; 63 bağlantı ile bifonksiyonel dihidrofolat redüktaz-timidilat sentaz (XP_004148833.1) enzimi en yüksek etkileşime sahip protein olarak tespit edilmiştir. 29 etkileşim ile CpHsf-62 ve 25 farklı bağlantıya sahip CpHsf-26 proteinlerinin ise en fazla etkileşim kuran kabak Hsf proteinleri olduğu görülmüştür (Şekil 5.64).



Şekil 5.63 CpHsf proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

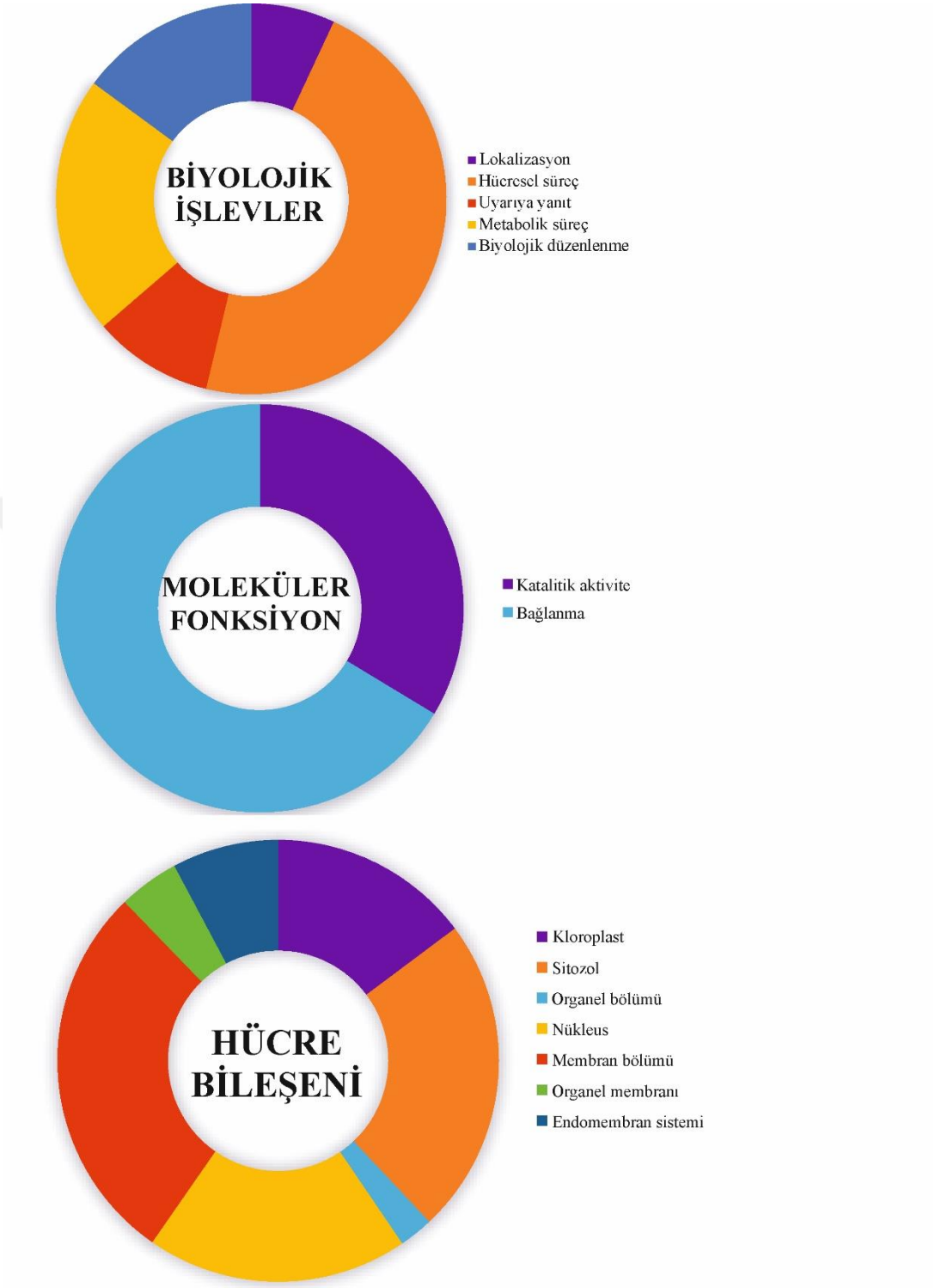
5.11 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Ontoloji Analizleri

CpsHsp genlerinin ontoloji analizleri değerlendirildiğinde, proteinlerin büyük kısmının moleküler fonksiyonunun bağlanma, geri kalan kısmının ise katalitik aktivite olduğu görülmüştür (EK 50). CpsHsp proteinlerinin membran bölümlerinde, sitoplazmada ve nükleusta yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. Biyolojik işlevleri ele alındığında ise daha çok uyarıya yanıt ve hücresel süreçlerde yer alan genlerin, biyolojik düzenleme, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi ve biyolojik düzenleme gibi işlevleri de saptanmıştır (Şekil 5.65).



Şekil 5.64 *CpsHsp* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları

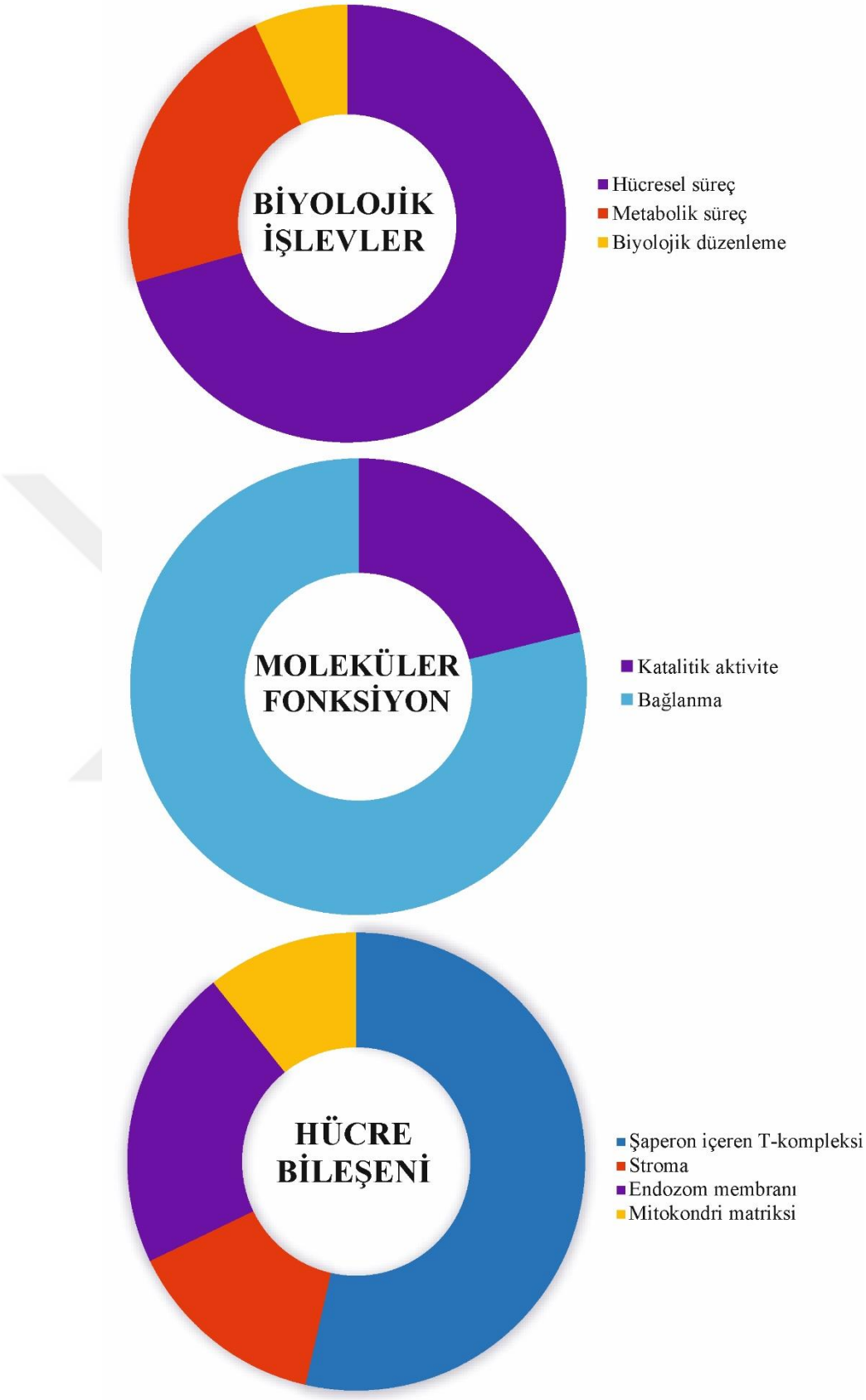
CpHsp40 genlerine ait ontoloji analizi sonucunda proteinlerin moleküler işlevlerinin çoğunlukla bağlanma olduğu, bunun yanında katalitik aktivite de gösterdikleri belirlenmiştir (EK 51). Hücre içinde yerleşimleri incelendiğinde büyük kısmının membran bölümü ve sitozolde yer almakla birlikte nükleus, kloroplast, endomembran bölümü ve organel membranı ile ilişkili CpHsp40 proteinleri de bulunmaktadır. Çoğunlukla hücresel süreçlerde görev alan proteinlerin, metabolik süreçler, biyolojik düzenleme, uyarıya yanıt ve lokalizasyon işleyişinde de rol aldığı tespit edilmiştir (Şekil 5.66).



Şekil 5.65 *CpHsp40* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları

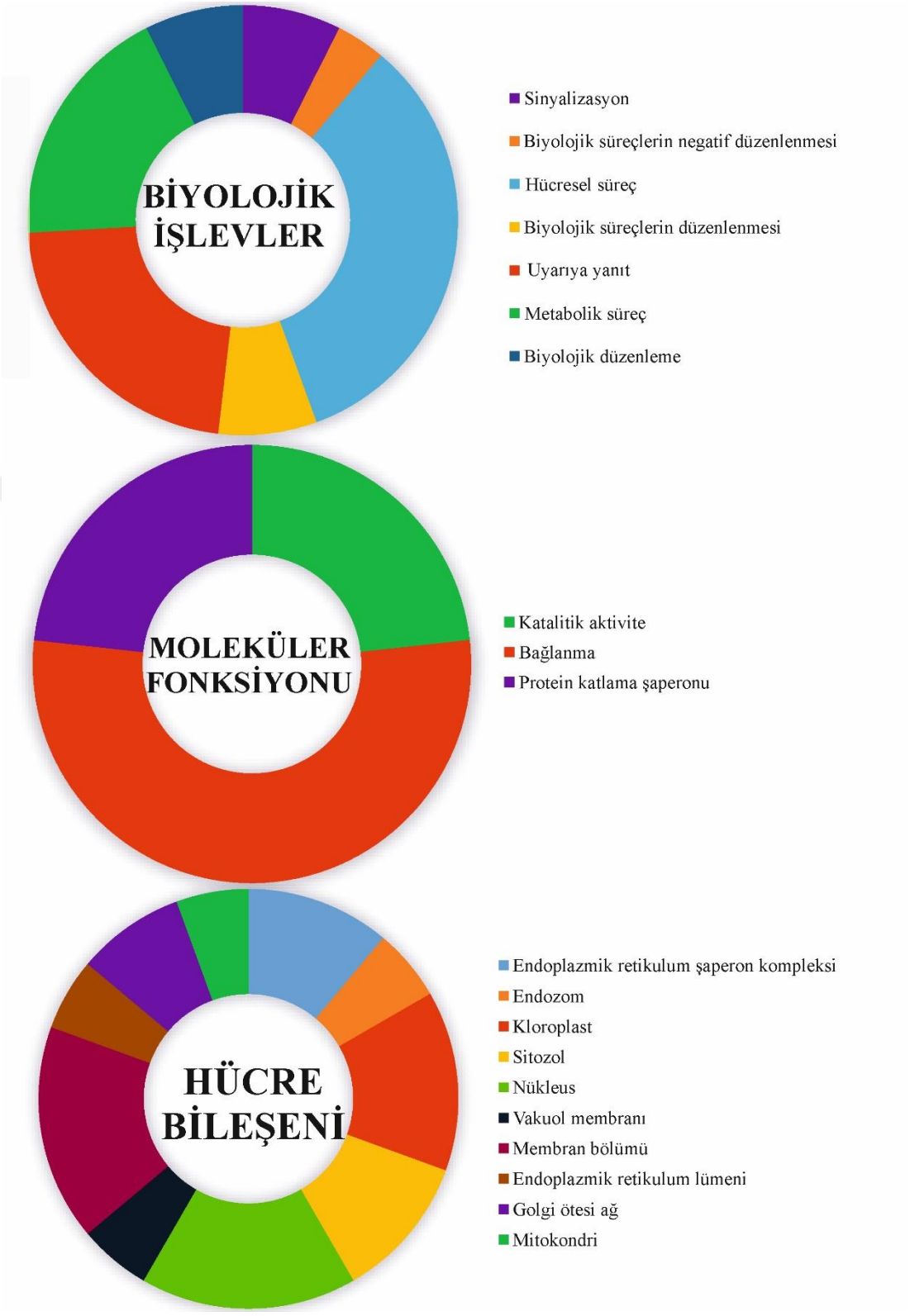
CpHsp60 genlerinin ontoloji analizi incelendiğinde, proteinlerin en fazla hücresel süreçlerde ardından metabolik süreçlerde ve biyolojik düzenleme olaylarında rol aldığı belirlenmiştir (EK 52). Proteinlerin hücre içindeki yerleşimi değerlendirildiğinde en

fazla şaperon içeren T-kompleksinde görüldükleri, daha sonra sırasıyla endozom membranı, stroma ve mitokondri matriksinde yer aldıkları saptanmıştır. CpHsp60 proteinlerin moleküler fonksiyonları değerlendirildiğinde en çok bağlanma işlevinin öne çıktığı daha sonra katalitik aktivitelerde görev aldığı tespit edilmiştir (Şekil 5.67).



Şekil 5.66 *CpHsp60* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları

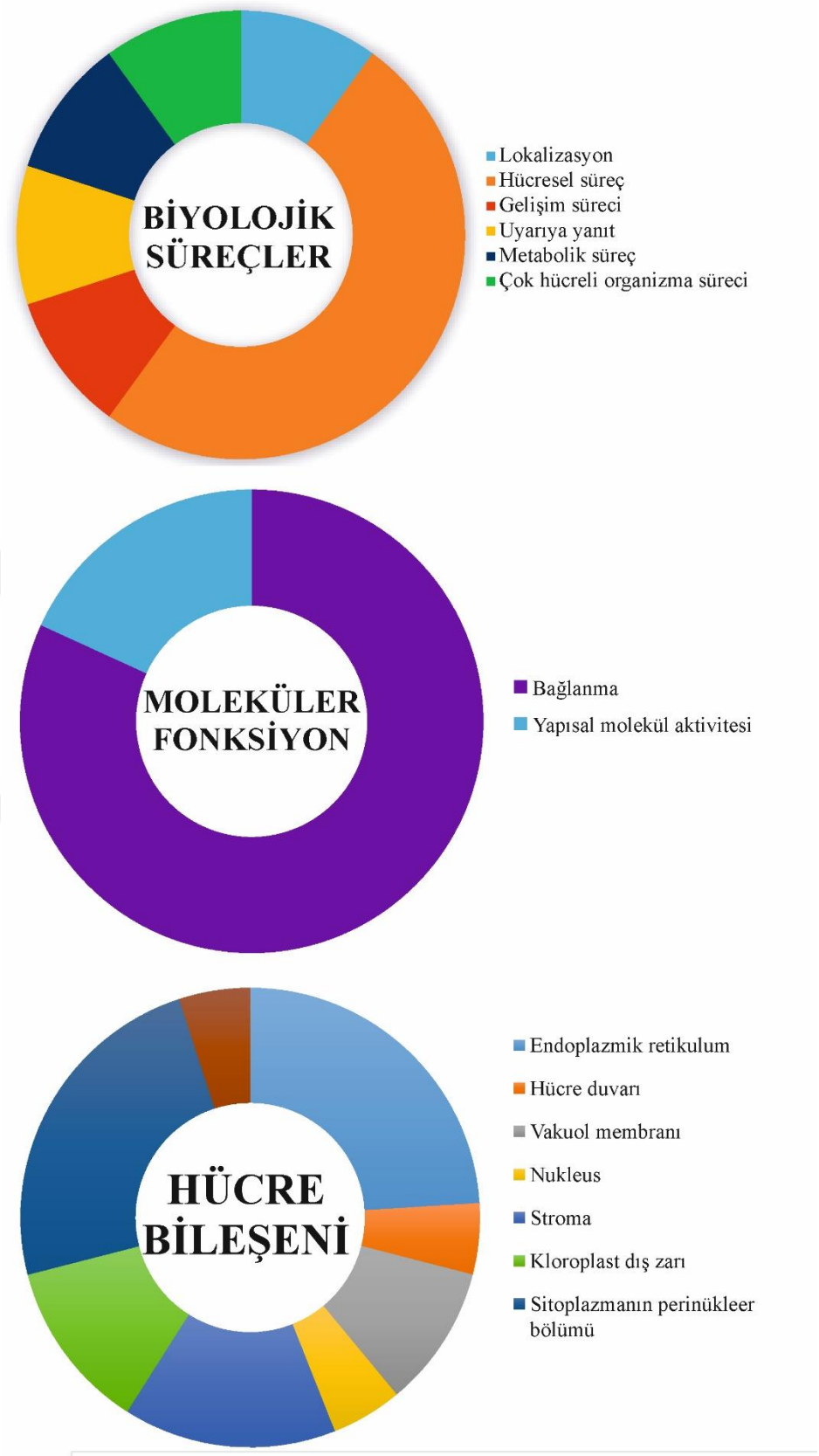
CpHsp70 genlerinin ontoloji analizi ele alındığında proteinlerin; bağlanma, katalitik aktivite ve protein katlama gibi moleküler işlevlerinin bulunduğu tespit edilmiştir (EK 53). 10 farklı hücresel bileşenin parçası olan CpHsp70 proteinlerinin en fazla membran bölümleri, kloroplast ve nükleus ile ilişkili olduğu saptanmıştır. Proteinlerin rol aldığı biyolojik işlevler ise sırası ile hücresel süreçler, uyarıya yanıt, metabolik süreçler, biyolojik düzenleme, sinyalizasyon ve biyolojik süreçlerin düzenlenmesi olarak belirlenmiştir (Şekil 5.68).



Şekil 5.67 *CpHsp70* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları

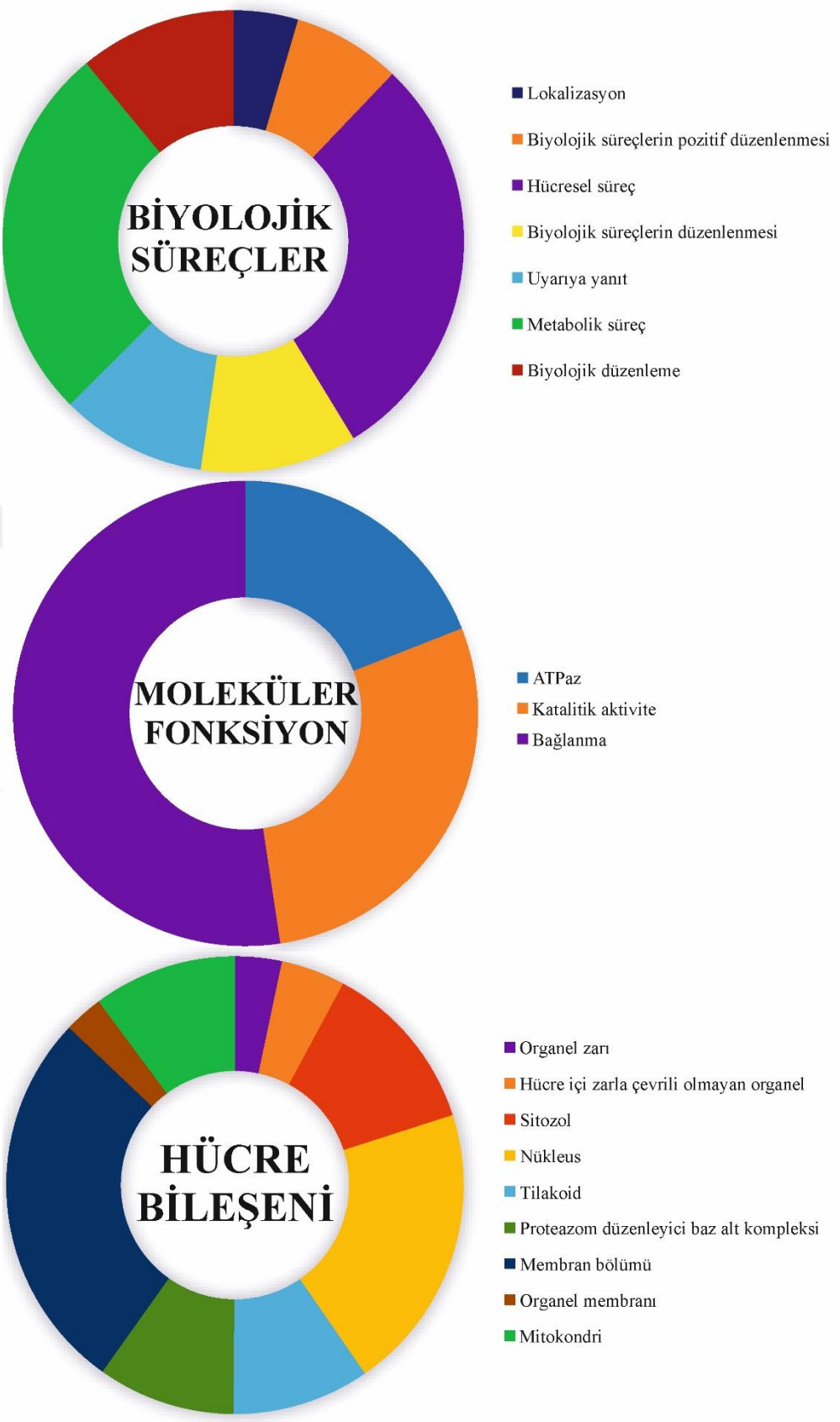
CpHsp90 genlerinin ontoloji analizi değerlendirildiğinde, proteinlerin yüksek oranda bağlanmada fonksiyon gösterdiği, bunun yanında yapısal molekül olarak da görev

aldıkları belirlenmiştir (EK 54). Biyolojik süreçlerde CpHsp90 proteinlerinin aktivitesine bakıldığında, hücresel süreçlerdeki rolünün öne çıktığı görülmüştür. Ayrıca proteinlerin; lokalizasyon, gelişimsel ve metabolik süreçler, uyarıya yanıt gibi süreçlerde de yer aldıkları de tespit edilmiştir. CpHsp90 proteinlerinin en fazla endoplazmik retikulum, sitoplazmanın perinükleer bölümü ve stromada bulunduğu saptanmıştır (Şekil 5.69)



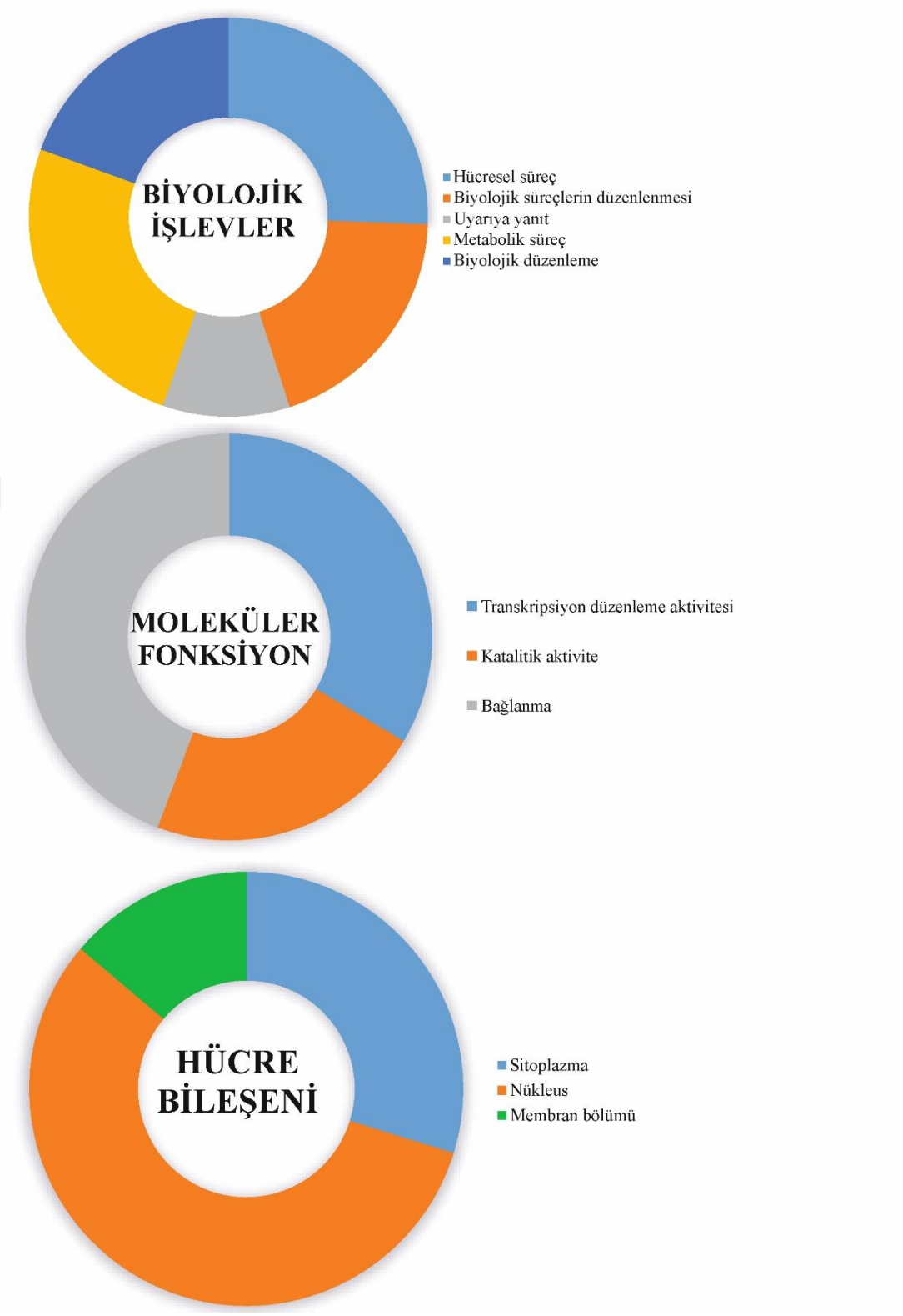
Şekil 5.68 *CpHsp90* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları

CpHsp100 genlerinin ontoloji analizi sonucunda, proteinlerin bağlanma, katalitik aktivite ve ATPaz aktivitesi gösterdiği moleküler fonksiyon analizi ile saptanmıştır (EK 55). Pek çok hücresel bölümde yer alan proteinlerin ağırlıkla membran bölümü, nükleus ve sitozolde bulunduğu görülmüştür. Proteinlerin biyolojik süreçlerdeki rolleri incelendiğinde ise, hücresel ve metabolik süreçlerde, biyolojik süreçlerin düzenlemesinde görev aldıkları belirlenmiştir (Şekil 5.70).



Şekil 5.69 *CpHsp100* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları

CpHsf genlerinin ontoloji analizi sonucunda, proteinlerin ağırlıkla nükleusta yer aldığı görülmüştür (EK 56). Bununla birlikte proteinlerin, sitoplazma ve membran bölümlerinde de bulundukları saptanmıştır. Bağlanma, transkripsiyon düzenleme aktivitesi ve katalitik aktivite *CpHsf* genlerinin çoğunlukla üstlendiği moleküler fonksiyonlar olarak belirlenmiştir. *CpHsf* proteinlerinin rol aldığı biyolojik işlevler ise hücresel ve metabolik süreçler, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi ve uyarılara yanıt olarak belirlenmiştir (Şekil 5.71).

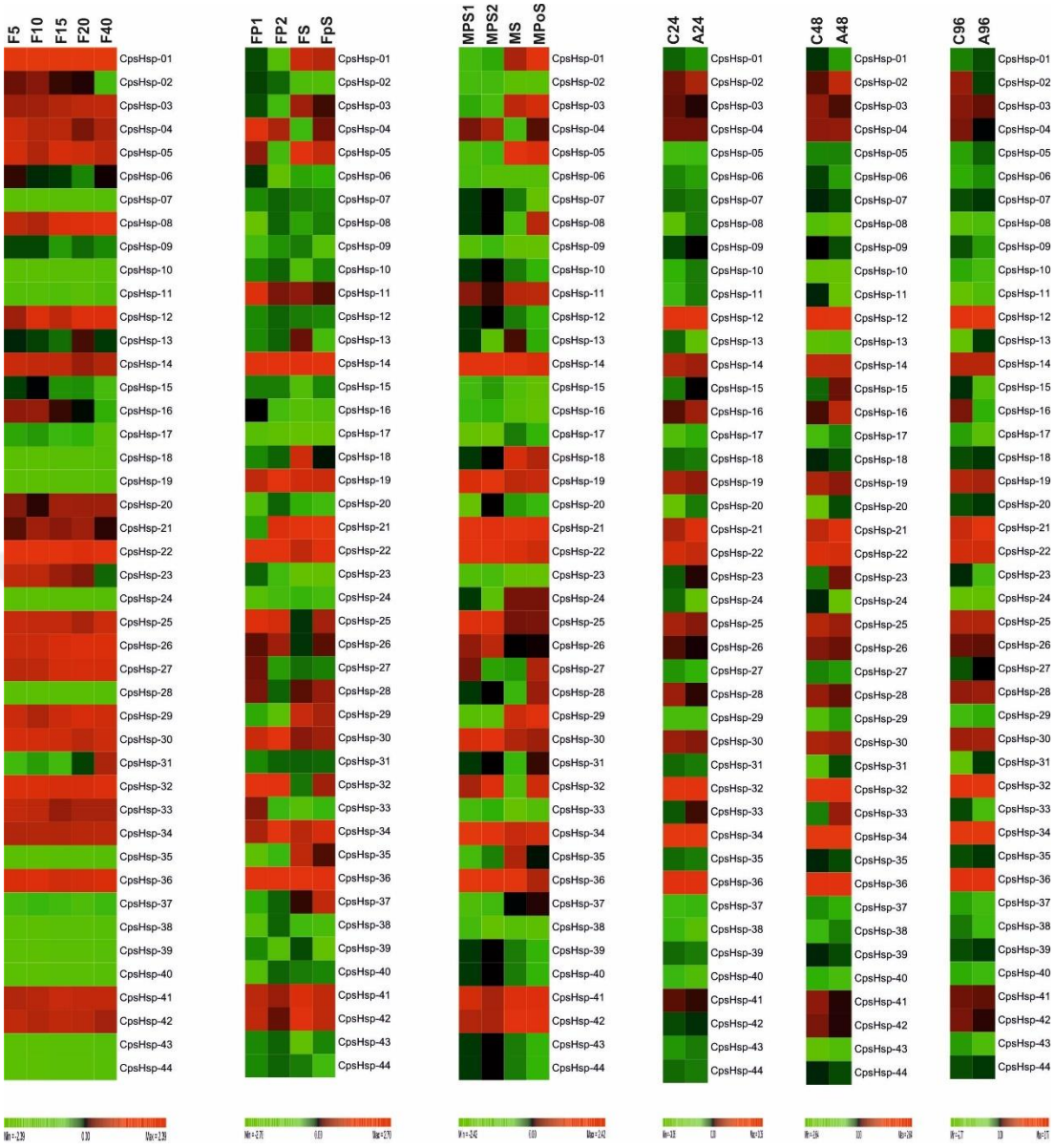


Şekil 5.70 *CpHsf* genlerinin gen ontoloji analizleri sonuçları

5.12 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Transkriptom Analizleri

Literatürde kabakla ilgili yapılmış kısıtlı transkriptom verilerinden çalışmamıza en uygun olan projeler seçilerek, seçilen koşullar altında *CpHsp* ve *CpHsf* genlerinin *in silico* ifade seviyeleri incelenmiştir. Özellikle Cucurbitaceae familyası üyelerine bulaşan *Aphis gossypii* (pamuk yaprak biti) ile enfekte olmuş kabak yaprak örneklerinin kontrol (C) ve bulaştan sonraki 24 (A24), 48 ve 96. saatlere ait transkriptom verileri (Vitiello vd., 2018); çiçekte erkek (M) ve dişi (F) organlarda nektar oluşumu ve salgılanmasını izleyen 4 farklı aşamada (pre-secretory 1 ve 2, secretory, post-secretory stage; P1,P2,S,pS) alınan örnek verileri (Solhaug vd., 2019) ve döllenmeyi izleyen günlerde (F5, F10, F15, F20, F40) alınan meyve örneklerine ait RNA-Seq okumaları (Wyatt, Strickler, Mueller ve Mazourek, 2016) kullanılarak *CpHsp* ve *CpHsf* genlerine ait ısı haritaları oluşturulmuştur.

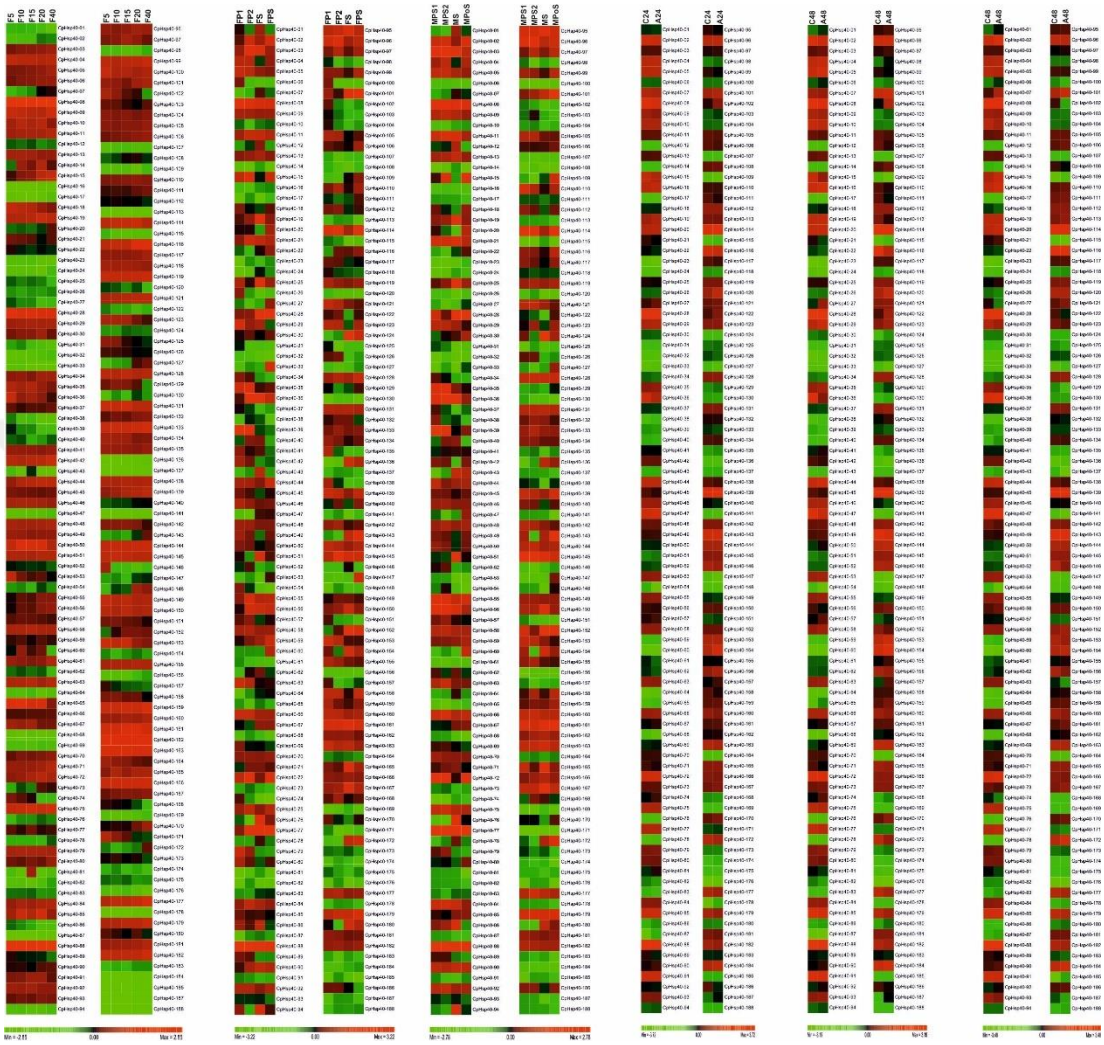
CpsHsp ısı haritası incelendiğinde *CpsHsp-12, 21, 32, 34* ve *36* genlerinin transkripsiyon seviyelerinin hem kontrolde hem de *Aphis gosyspii* ile enfekte örneklerde yüksek olduğu belirlenmiştir. Döllenme sonrası meyve oluşumu sürecinde *CpsHsp genlerinin* çoğunun ifadesinin yüksek olduğu tespit edilmiştir. En yüksek ifade seviyeleri *CpsHsp-08, 22, 32* ve *36* genlerinde kaydedilmiştir. Bununla birlikte *CpsHsp-31* geninin ifade seviyesi zamanla artış gösterirken; *CpsHsp-16* geninin ifade profili tam tersi bir grafik sergilemiştir. Nektar oluşumuna ait ısı haritasında çiçekte hem erkek hem de dişi organda *CpsHsp* gen ifade profilinin birbirine benzemesi dikkat çekmektedir. *CpsHsp-14, 19, 21, 22, 30, 34, 36, 41* ve *42* genlerinin ifadesinin tüm aşamalarda her iki organda yüksek olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.72).



Şekil 5.71 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpsHsp* genlerine ait ısı haritaları

CpHsp40 genlerinin transkriptom verileri analiz edildiğinde; *Aphis gossypii* ile ilişkili ısı haritasında genlerin çoğunun ifade seviyelerinde artış olduğu fakat bu kat artışlarının çoğunlukla 48 ve 96. saatlerde belirginleştiği görülmüştür. *CpHsp40-102* ve *CpHsp40-187* genlerinin biyotik stres ile ifadesinin ilk 48 saatte arttığı ve 96. saatte azaldığı belirlenmiştir. *CpHsp40-27* geninin ifade seviyesi kontrole göre 24. saate artışa geçmiş, 48. saatte kat artışı maksimuma ulaşmış ve 96 saatte ifade azalmıştır. *CpHsp40-36* geninin ifadesi ise 24 ve 48. saatlerde azalırken, 96. saatte kontrole göre artış göstermiştir. Meyve gelişimi ile ilişkili haritada *CpHsp40-27* ve *CpHsp40-36* genlerinin ifadesinin zamanla azaldığı belirlenmiştir. Nektar oluşumu ve salgılanması

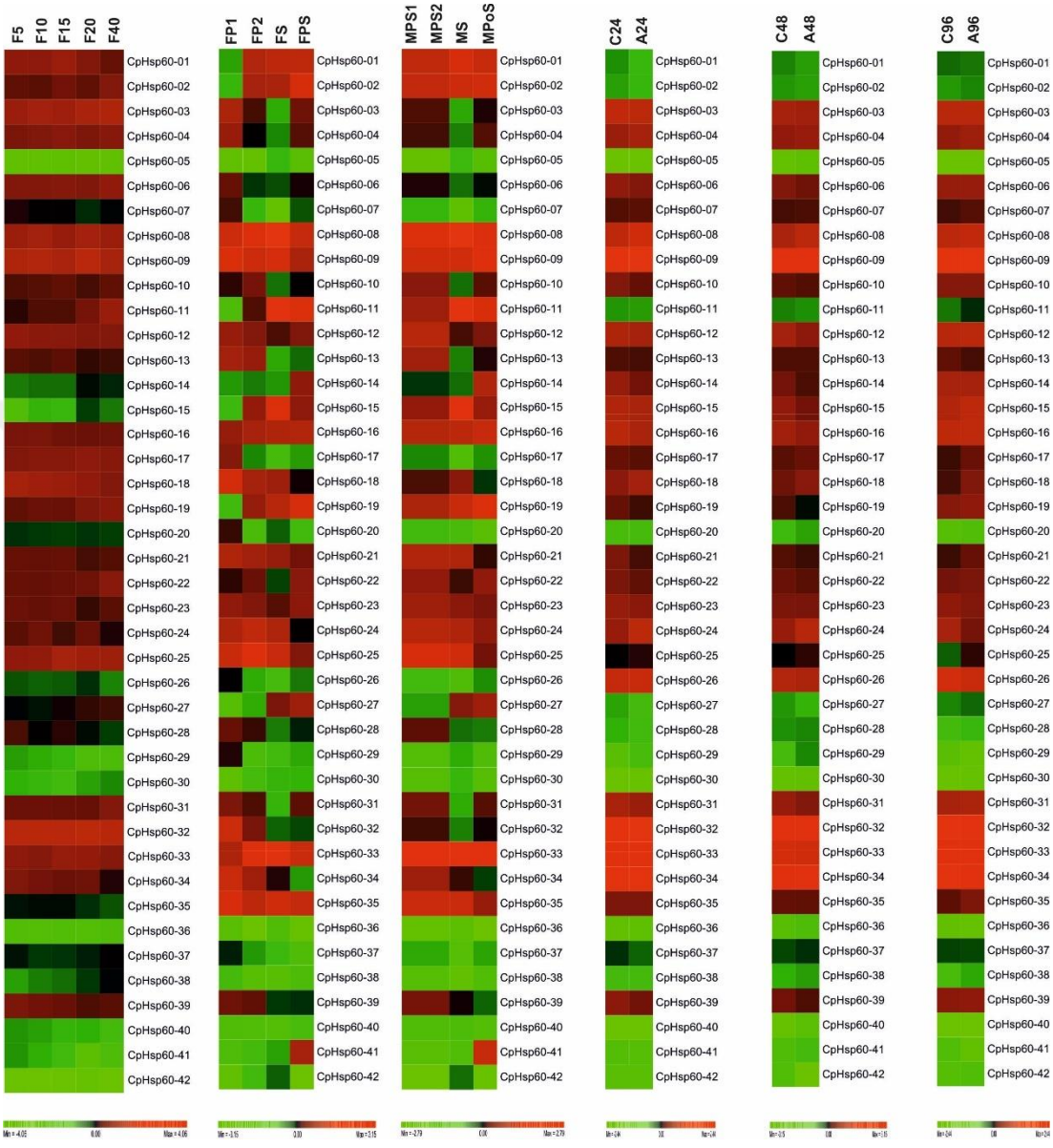
ile ilgili ısı haritasında *CpHsp40-27 ve CpHsp40-36* genlerinin her birinin ifade profilinin hem dişi hem de erkek organda benzer olduğu tespit edilmiştir (Şekil 5.73).



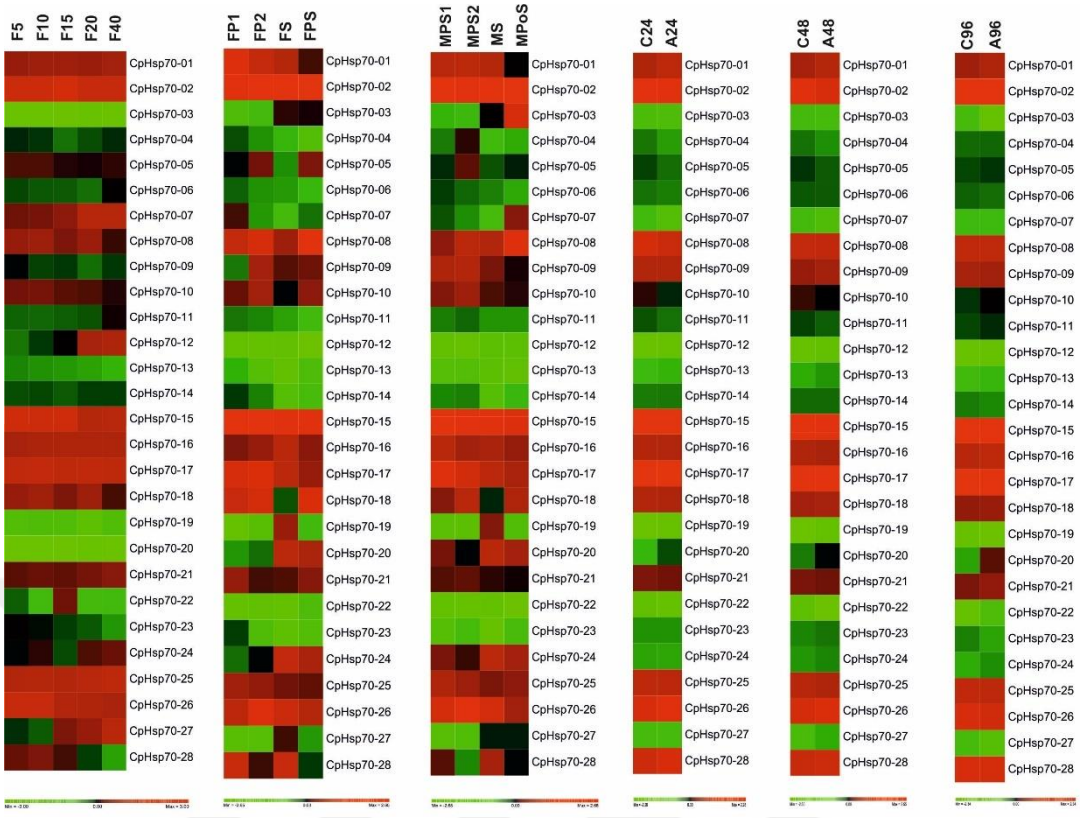
Şekil 5.72 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp40* genlerine ait ısı haritaları

Biyotik streste *CpHsp60-29 ve CpHsp60-34* genlerinin ifadeleri 24 ve 48. saatlerde kontrole göre artış gösterirken; 96. saatte her iki genin ifade seviyesinde azalma meydana gelmiştir (Şekil 5.74). *CpHsp70-20*'nin ifadesi test edilen tüm zaman dilimlerinde kontrole göre artış göstermekle beraber, kat artışının kademeli olarak zamanla yükseldiği tespit edilmiştir (Şekil 5.75). *CpHsp90-08* geninin ifadesinde 48. saatte bir azalma ve ardından 96. saatte artış kaydedilmiştir (Şekil 5.76). *CpHsp100-26, CpHsp100-101* ve *CpHsf-05* genlerinin ifadesi kontrole kıyasla 24. saatte artmış ve artış 48. saatte en yüksek seviyeye ulaşmıştır ardından 96. saatte gen ifadesinde

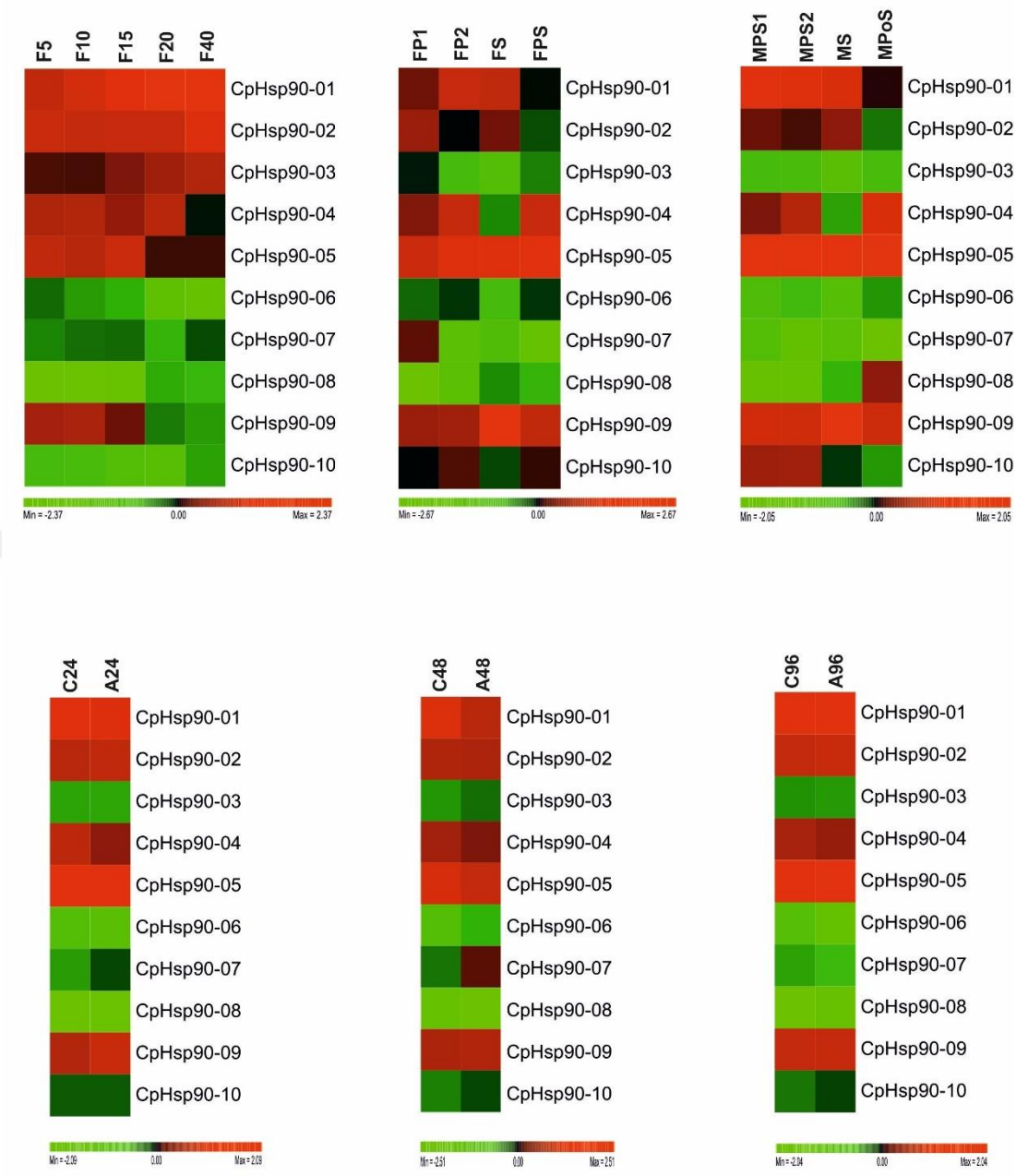
düşüş gözlenmiştir (Şekil 5.77). *CpHsf-68* geninin ifade seviyesi azalan bir grafik çizmektedir ve 48. saatte keskin bir düşüş görülmektedir (Şekil 5.78).



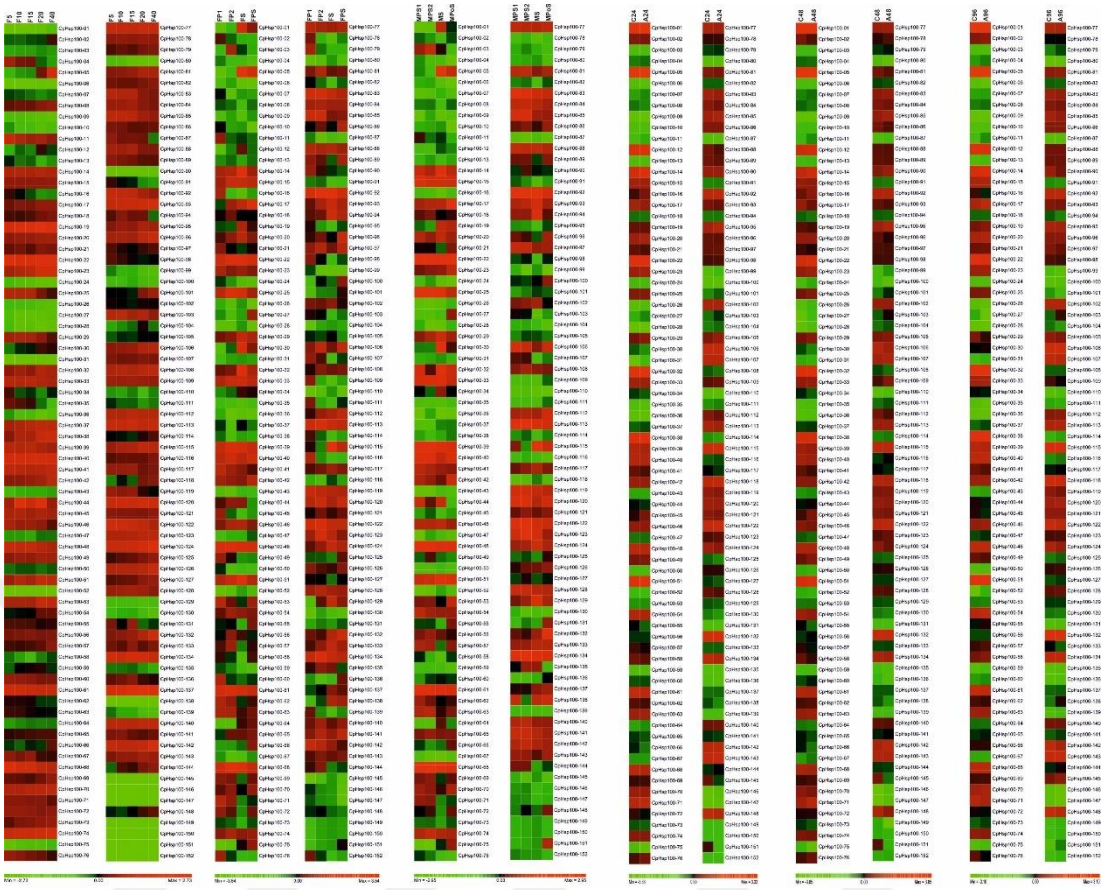
Şekil 5.73 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp60* genlerine ait ısı haritaları



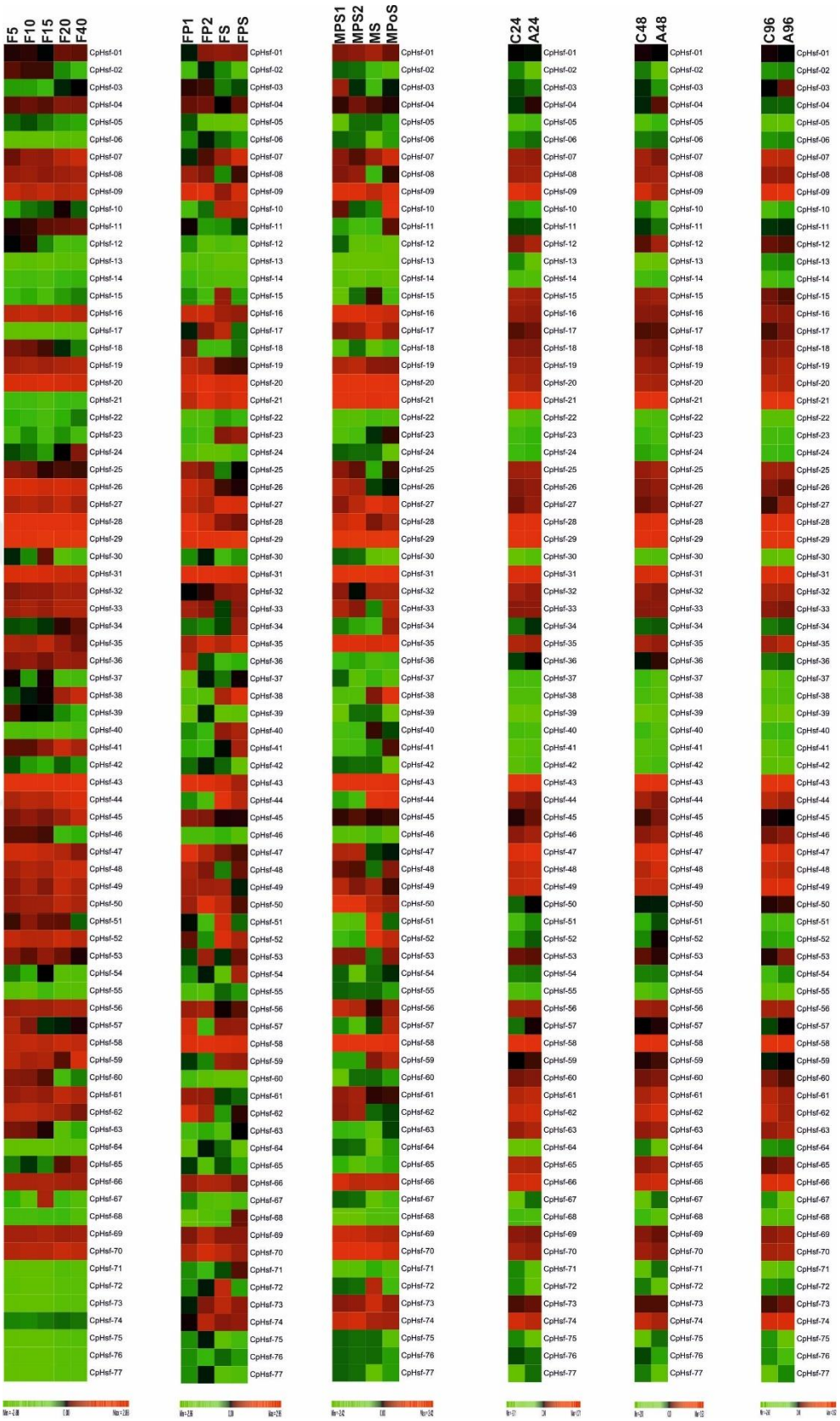
Şekil 5.74 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp70* genlerine ait ısı haritaları



Şekil 5.75 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp90* genlerine ait ısı haritaları



Şekil 5.76 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsp100* genlerine ait ısı haritaları



Şekil 5.77 Transkriptom verileri ile hazırlanmış *CpHsf* genlerine ait ısı haritaları

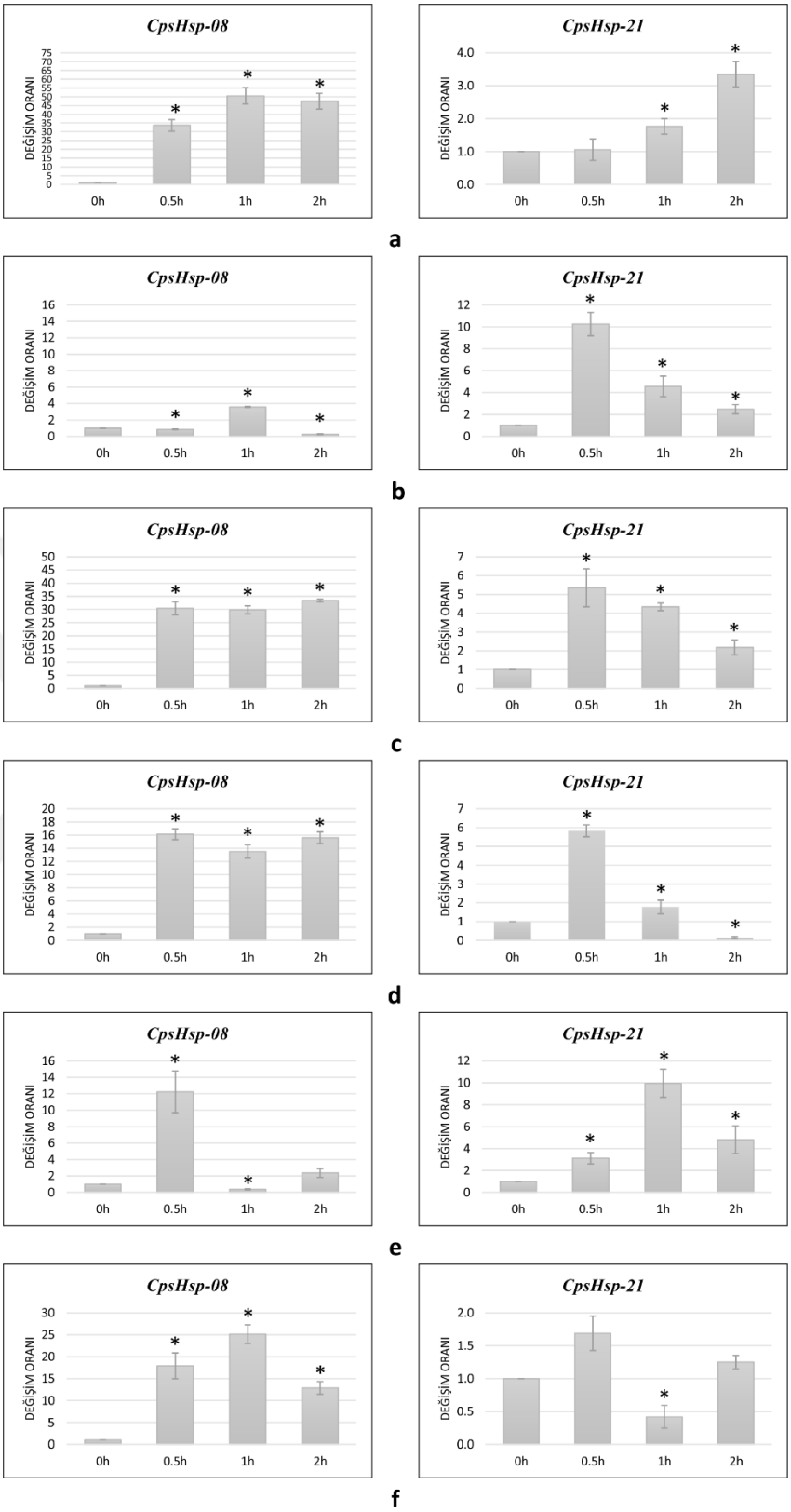
Meyve olgunlaşma ile ilişkili ısı haritası analiz edildiğinde, *CpsHsp-08 ve CpHsp90-08* genlerinin ifadesinin gelişimin son döneminde artış; *CpHsf-05* ve *CpHsf-68*'de ise düşüş belirlenmiştir. *CpHsp40-27, CpHsp40-36, CpHsp60-29, CpHsp60-34 ve CpHsp100-26* gen ifade seviyelerinin erken (F5); *CpHsp100-101* geninin ifade seviyesinin ise geç (F40) gelişim evresinde maksimuma ulaştığı tespit edilmiştir. *CpsHsp-21*'in ifadesinde ise belirgin bir değişim olmadığı gözlenmiştir. Nektar oluşumu ve salgılanması ile ilgili ısı haritasında hem dişi hem de erkek organda *CpsHsp-08, CpHsp40-27, CpHsp100-101* ifadesinin sekresyon sonrası; *CpsHsp-21, CpHsp70-20, CpHsp90-08 ve CpHsf-68*'in ise sekresyon ve post-sekresyon aşamalarında en yüksek ifadeyi gösterdiği tespit edilmiştir. *CpHsp40-36*'nın sekresyon aşamasında*; CpHsp60-29, CpHsp60-34, CpHsp100-26 ve CpHsf-05*'in sekresyon öncesinde ifade seviyelerinin maksimumda olduğu belirlenmiştir.

5.13 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Seyden F1 ve Cordelia F1 kabak çeşitlerine ait yaprak dokularında yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarındaki *CpHsp* ve *CpHsf* genlerinin ifade seviyelerindeki değişim qPCR ile analiz edilmiştir. Transkriptom verilerine bakılarak gen ifade seviyelerinde belirgin değişim gözlenen genler her aile için belirlenmiş ve qPCR analizlerinde belirlenen genler değerlendirilmiştir. Buna göre *CpsHsp-08, CpsHsp-21, CpHsp40-27, CpHsp40-36, CpHsp60-29, CpHsp60-34, CpHsp70-20, CpHsp90-08, CpHsp100-26, CpHsp100-101, CpHsf-05* ve *CpHsf-68* genlerin ifade seviyelerindeki değişim ortaya konmuştur.

CpsHsp gen ailesinden seçilen *CpsHsp-08* geninin ifadesinin her iki çeşitte hem yüksek sıcaklık hem de yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında tüm saat dilimleri için artış gösterdiği belirlenmiştir. Kuraklık stresinde ise Seyden çeşidinde ilk yarım saatte *CpsHsp-08* gen ifadesi belirgin bir şekilde artmış ve ardından 1. saatte net bir şekilde ifadenin azaldığı görülmüştür. Cordelia çeşidinde ise kontrole göre yarım saat ve 2. saatte gen ifadesinin azaldığı; 1. saatte ise arttığı tespit edilmiştir (Şekil 5.79).

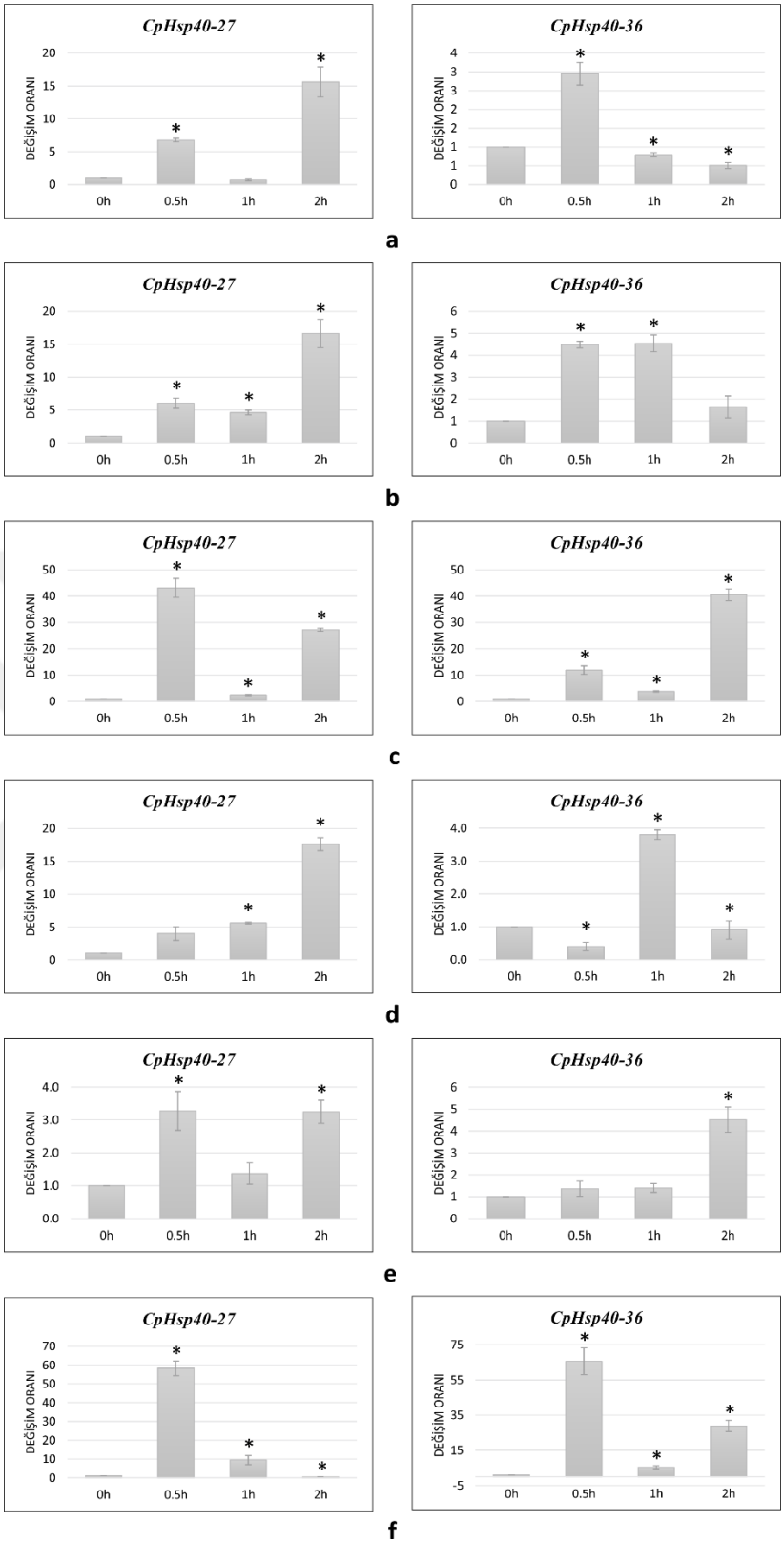
Yüksek sıcaklık koşullarında Seyden çeşidinde *CpsHsp-21* gen ifadesi, ilk yarım saatte belirgin şekilde artmış ardından 1. saatte artış oranı düşmüş ve 2. saatte kontrole göre gen ifadesi azalmıştır. Cordelia çeşidinde ise 1. ve 2. saatlerde anlamlı bir artış görülmüştür. *CpsHsp-21* gen ifade seviyesi kuraklık stresi altında her iki çeşitte kontrole kıyasla artış göstermiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Cordelia çeşidinde tüm saatler için gen ifade seviyesi artarken, en keskin artış ilk 30 dakikada gözlenmiştir. Seyden çeşidinde ise aynı stres koşullarında yalnızca 1. saatte gen ifadesi seviyesinde anlamlı bir azalma tespit edilmiştir (Şekil 5.79).



Şekil 5.78 *CpsHsp-08* ve *CpsHsp-21* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi (*p<0,05'i ifade etmektedir)

CpHsp40-27 gen ifadesi yüksek sıcaklık stresi altında Seyden çeşidinde 1. saatte 5,64 kat ve 2. saatte ise 17,60 kat olacak şekilde artmıştır. Cordelia çeşidinde ise kontrole göre ilk yarım saatte 6,7 kat, 2. saatte ise 15,61 kat artış gözlenmiştir. Kuraklık stresi altında gen ifadesinin Cordelia çeşidinde tüm saatlerde artış gösterdiği görülmüştür. 2. saatte gen ifade seviyesi kontrole göre 16,65 kat artarak öne çıkmıştır. Seyden çeşidinde ise gen ifadesinin ilk 30 dakika ve 2. saatlerde artış gösterdiği belirlenmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifadesinde Cordelia çeşidinde tüm saatlerde, Seyden çeşidinde ise 30 dakika ve 1. saatlerde anlamlı artış görülmüştür. Bununla birlikte her iki çeşitte ilk yarım saatteki artışlar (Cordelia çeşidinde 43,08 kat; Seyden çeşidinde 58,28 kat) diğer saatlere göre daha yüksek olması ile dikkat çekmektedir (Şekil 5.80).

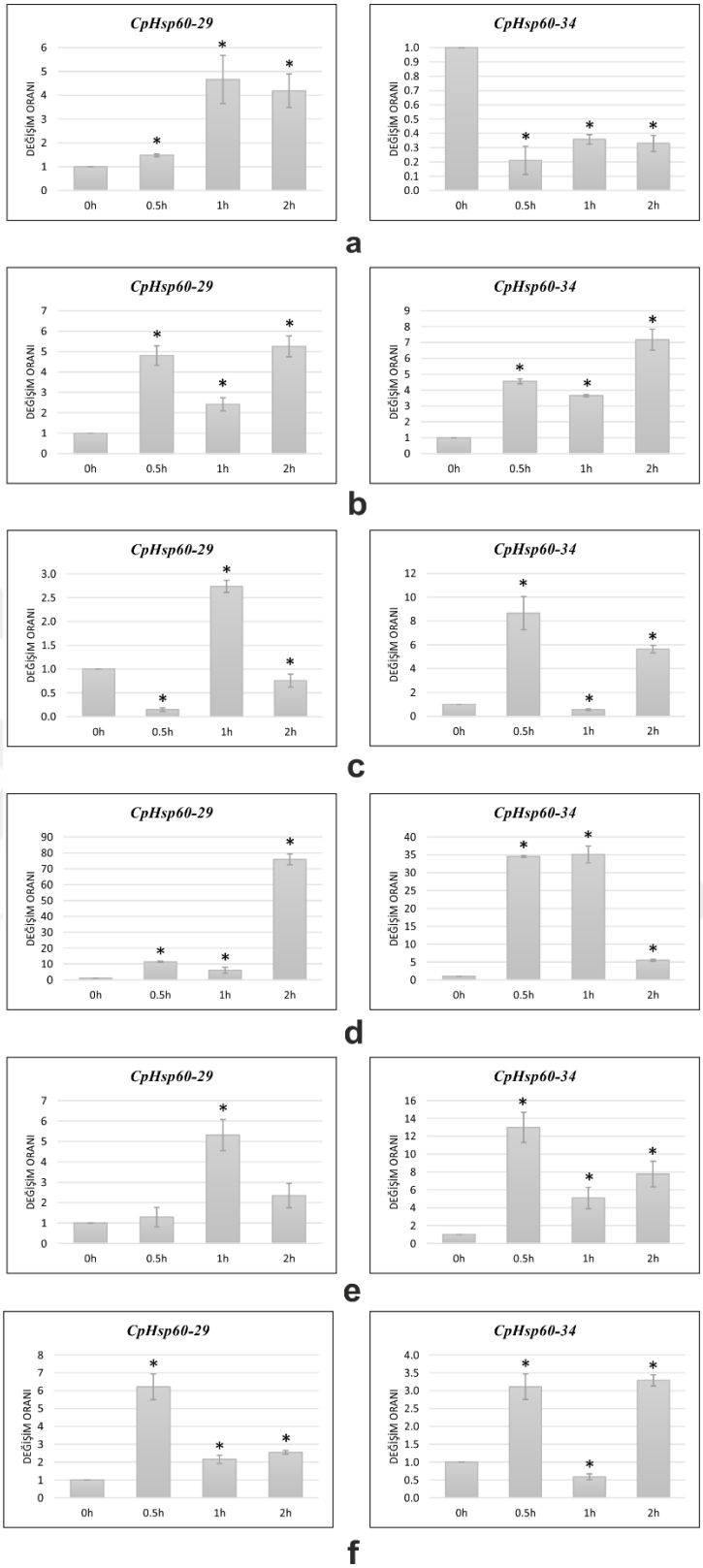
CpHsp40-36 gen ifadesi yüksek sıcaklık stresi altında Cordelia çeşidinde ilk yarım saatte artmış ve ardından 1. ve 2. saatlerde azalmıştır. Seyden çeşidinde ise ilk 30 dakikada gen ifadesi azalmış, 1. saatte kontrole göre 3 kat artmış ve 2. saatte yeniden azalmıştır. Kuraklık stresi koşulunda Cordelia çeşidinde gen ifadesi ilk yarım saat ve 1. saatte anlamlı olarak artış göstermiştir. Seyden çeşidinde ise 2. saatte 4,51 katlık anlamlı bir artış gözlenmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres altında her iki çeşitte gen ifadesi tüm saatler için anlamlı şekilde artmıştır. Kombine stres için Cordelia çeşidinde gen ifadesinde 2. saatte 40,52 kat; Seyden çeşidinde ise ilk yarım saatte 65,57 kat artışı dikkat çekmektedir (Şekil 5.80).



Şekil 5.79 *CpHsp40-27* ve *CpHsp40-36* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi (*p<0,05'i ifade etmektedir)

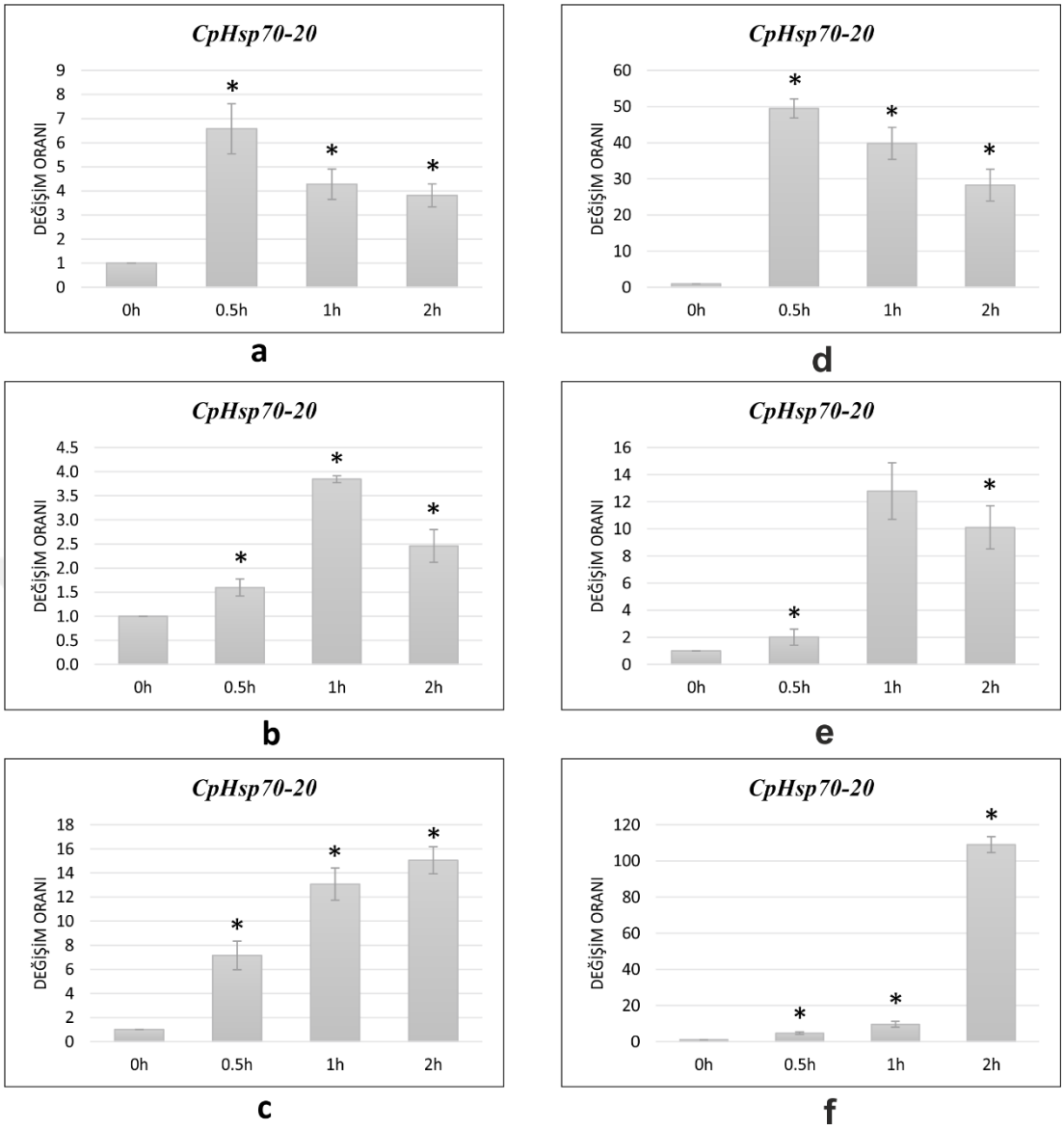
CpHsp60-29 gen ifadesinin yüksek sıcaklık stresinde her iki çeşitte tüm saatlerde arttığı belirlenmiştir. Bununla birlikte Seyden çeşidinde 2. saatte gen ifadesinin 75,93 katlık keskin bir artış gösterdiği belirlenmiştir. Kuraklık stresi altında Cordelia çeşidinde gen ifadesi seviyesinde tüm saatlerde anlamlı artış gözlenirken, Seyden çeşidinde yalnızca 1. saatte 5,31 katlık anlamlı bir artış tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres durumunda Seyden çeşidinde gen ifadesi tüm saatler için anlamlı olarak artmıştır. Cordelia çeşidinde ise ilk 30 dakikada gen ifadesi azalmış, 1. saatte 2,74 kat artış göstermiş ardından 2. saatte yeniden azalan bir grafik sergilemiştir (Şekil 5.81).

Yüksek sıcaklık stresi altında CpHsp60-34 gen ifadesi Seyden çeşidinde tüm saatlerde anlamlı bir artış belirlenmiştir. Cordelia çeşidinde ise gen ifadesinin tüm saatlerde azaldığı görülmüştür. Kuraklık stresi koşullarında her iki çeşitte gen ifadesinin tüm saatlerde kontrole göre artış gösterdiği tespit edilmiştir. Seyden çeşidinde ilk yarım saatte 13,01 kat; Cordelia çeşidinde ise 2. saatte 7,17 kat ile en belirgin artışlar not edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında her iki çeşit için gen ifadesinde ilk 30 dakika ve 2 saatte anlamlı artış; 1. saatte ise azalış belirlenmiştir (Şekil 5.81).



Şekil 5.80 *CpHsp60-29* ve *CpHsp60-34* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi (*p<0,05'i ifade etmektedir)

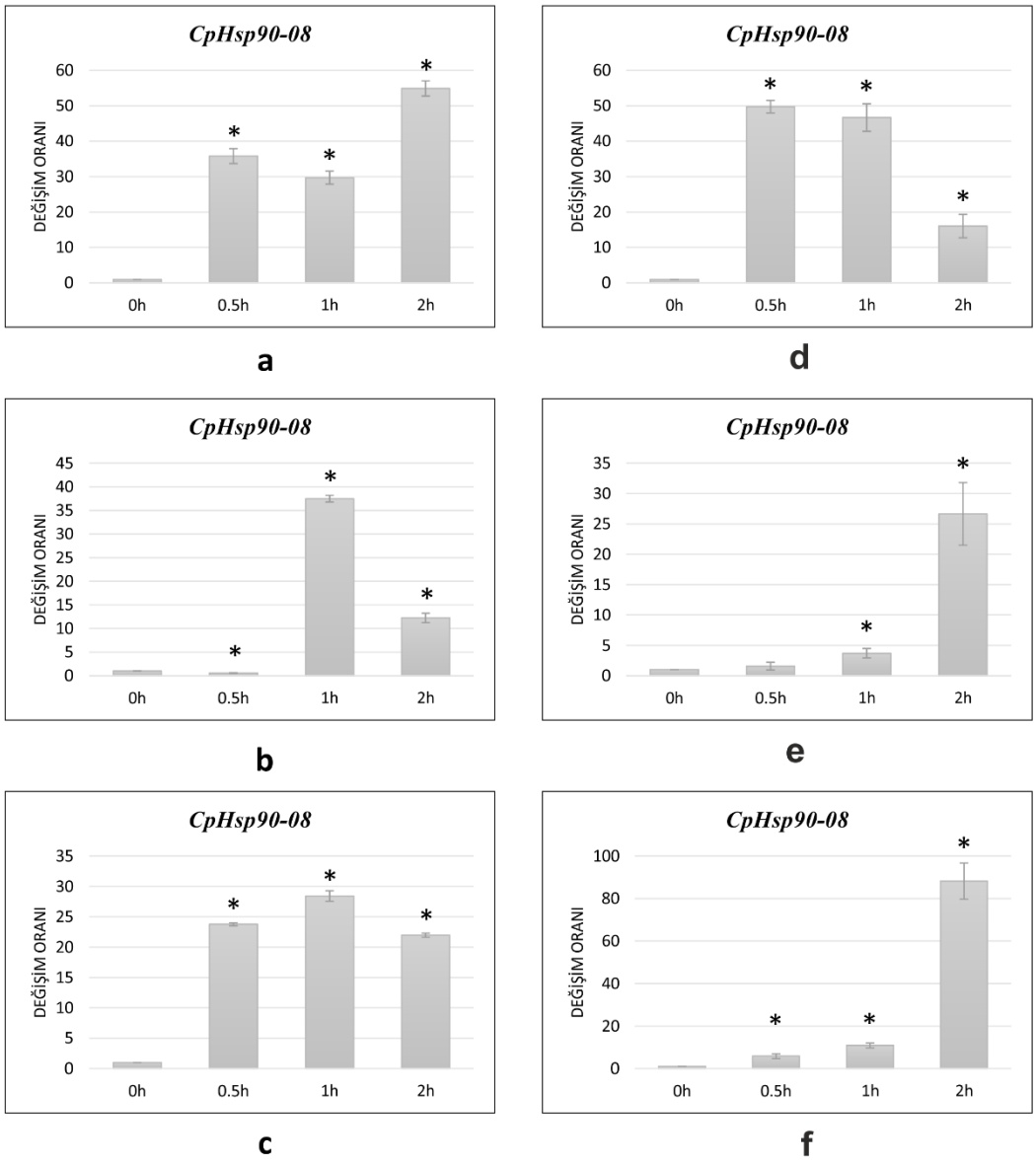
CpHsp70-20 gen ifadesi yüksek sıcaklık stresinde her iki çeşitte tüm saatlerde anlamlı şekilde arttığı tespit edilmiştir. Bununla birlikte bu artışın ilk yarım saatte en yüksek seviye çıktığı ve zamanla bu seviyenin azaldığı görülmüştür. Kuraklık stresi koşullarında Cordelia çeşidinde tüm saatlerde; Seyden çeşidinde ise 30. dakika ve 2. saatte gen ifadesinde anlamlı artış gözlenmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres altında her iki çeşitte gen ifadesi tüm zaman dilimleri için anlamlı şekilde artış göstermiştir. En keskin artış ise Seyden çeşidinde 2. saatte 109,98 kat olarak not edilmiştir. Özetle *CpHsp70-20* gen ifadesi tüm stres koşulları altında her 2 çeşitte ve tüm saatlerde artış göstererek öne çıkmıştır (Şekil 5.82).



Şekil 5.81 *CpHsp70-20* genine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi (*p<0,05'i ifade etmektedir)

CpHsp90-08 gen ifadesinin yüksek sıcaklık stresinde her iki çeşitte tüm saatlerde anlamlı şekilde arttığı tespit edilmiştir. En yüksek gen ifadesi artışları Seyden çeşidinde 49,74 kat ile 30. dakikada; Cordelia çeşidinde ise 54,91 kat ile 2. saatte belirlenmiştir. Kuraklık stresinde her iki çeşitte 1. ve 2. saatlerde anlamlı artış saptanmıştır. Bunun yanında en belirgin artış Seyden çeşidinde 2. saatte (26,64 kat); Cordelia çeşidinde ise 1. saatte (37,48 kat) meydana gelmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifadesinin her iki çeşitte tüm saatlerde anlamlı şekilde arttığı tespit edilmiştir. Seyden çeşidinde gen ifadesi artışı 2. saatte en yüksek

seviyeye (88,18 kat) ulaşırken; Cordelia çeşidinde bu artış 1. saatte (28,41 kat) meydana gelmiştir (Şekil 5.83).

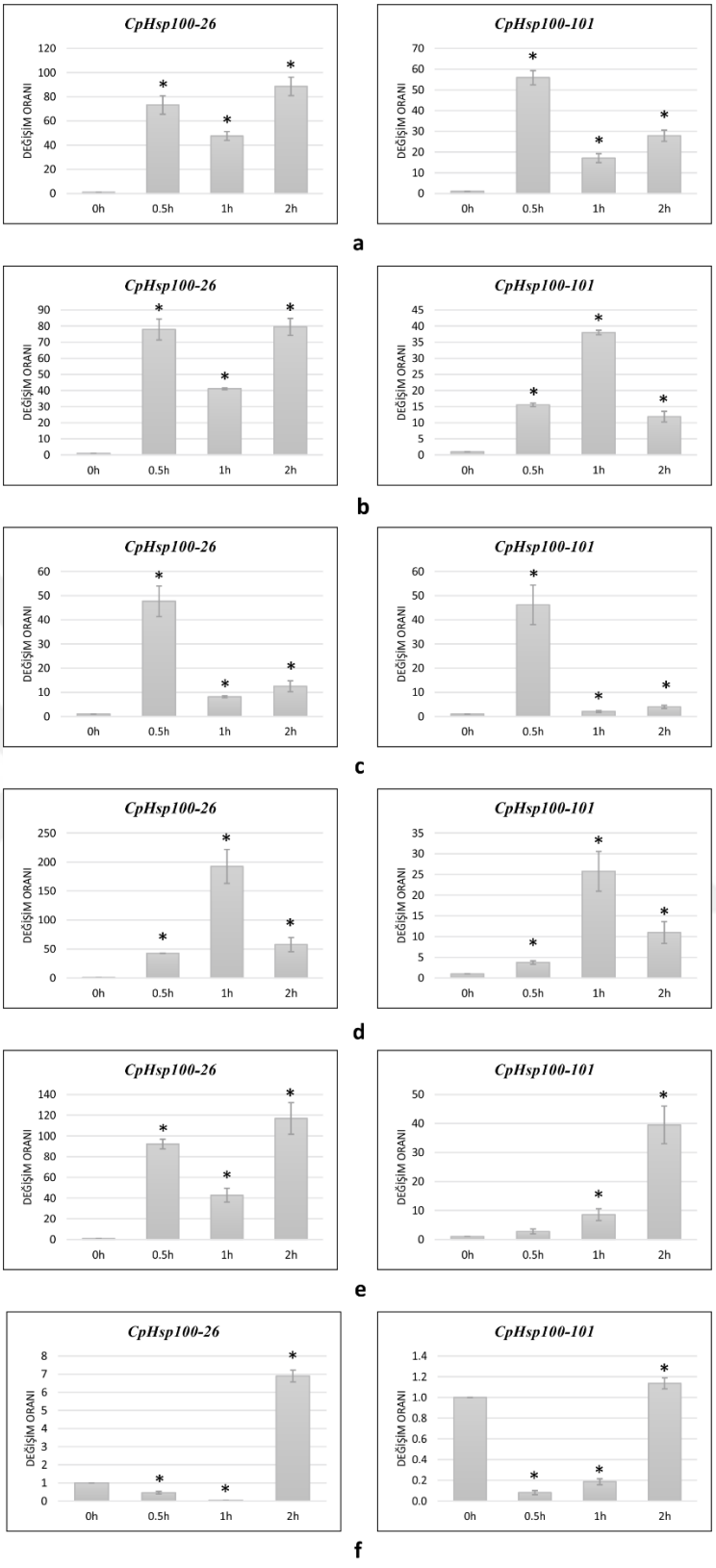


Şekil 5.82 *CpHsp90-08* genine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi (*p<0,05'i ifade etmektedir)

CpHsp100-26 gen ifadesinin yüksek sıcaklık ve kuraklık stresleri altında her iki çeşitte bütün zaman dilimlerinde anlamlı şekilde arttığı saptanmıştır. Yüksek sıcaklık stresi altında en yüksek artış Seyden çeşidinde 192,42 kat ile 1. saatte; Cordelia çeşidinde ise 88,61 kat ile 2. saatte gözlenmiştir. Gen ifadesindeki değişim hem kuraklık hem de

yüksek sıcaklık stresinde 30. dakikada artış, 1. saatte artışta azalma ve 2. saatte yeniden artış şeklinde bir grafik oluşturmuştur. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres altında Seyden çeşidinde 30. dakika ve 1. saatlerde gen ifadesi düşmüş ve 2. saatte artış gözlenmiştir. Cordelia çeşidinde ise gen ifadesi kontrole göre tüm zaman dilimleri için artarken, en belirgin artış ilk yarım saatte gerçekleşmiştir (Şekil 5.84).

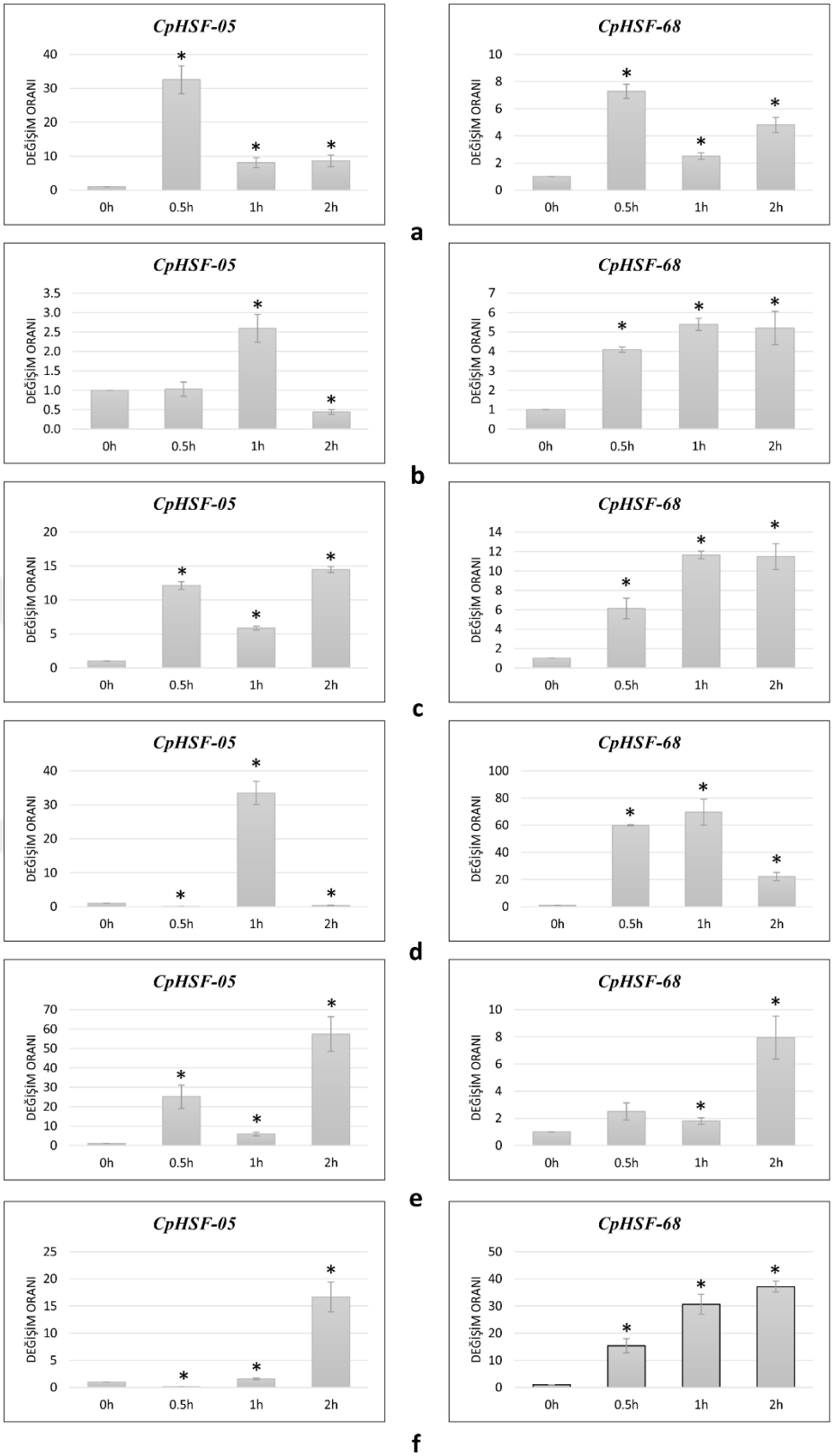
CpHsp100-101 gen ifadesinin hem yüksek sıcaklık hem de kuraklık stresinde her iki çeşitte tüm saatlerde artış gösterdiği belirlenmiştir. Yüksek sıcaklıkta Seyden çeşidinde ifade artışı 25,75 kat ile 1. saatte gözlenirken; Cordelia çeşidinde en yüksek artış 55,90 kat ile ilk yarım saatte saptanmıştır. Kuraklık stresinde Seyden çeşidinde en belirgin artış 39,49 kat ile 2. saatte; Cordelia çeşidinde ise 38 kat ile 1. saatte görülmüştür. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşulunda Seyden çeşidinde 30. dakika ve 1. saatlerde gen ifadesi düşerken; 2. saatte 1,14 katlık bir artış gerçekleşmiştir. Cordelia çeşidinde ise ilk yarım saatte 46,19 katlık belirgin bir artış dikkat çekmektedir. Ardından 1. ve 2. saatlerde kontrole göre gen ifadesi artışı devam etmiş fakat ilk yarım saate oranla artış miktarı azalmıştır (Şekil 5.84).



Şekil 5.83 *CpHsp100-26* ve *CpHsp100-101* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi (*p<0,05'i ifade etmektedir)

CpHsf-05 geni ifadesi yüksek sıcaklıkta Seyden çeşidinde ilk yarım saatte azalmış, 1. saatte 33,46 kat artmış ve 2. saatte yeniden azalmıştır. Cordelia çeşidinde ise kontrole kıyasla tüm zaman dilimlerinde gen ifadesinde artış belirlenmiştir. En belirgin artış ise 32,53 kat ile ilk yarım saatte gözlenmiştir. Kuraklık stresi altında Seyden çeşidinde tüm saatlerde gen ifadesinde artış saptanırken, en belirgin artış 57,41 kat ile 2. saatte kaydedilmiştir. Cordelia çeşidinde ise 1. saatte anlamlı bir artış ardından 2. saatte kontrole göre gen ifadesinde azalma tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında Seyden çeşidinde gen ifadesi ilk 30 dakikada azalmış ardından 1. ve 2. saatlerde artış gözlenmiştir. Cordelia çeşidinde ise tüm zaman dilimlerinde kontrole göre artış belirlenmiştir (Şekil 5.85).

CpHsf-68 gen ifade seviyesi, her iki çeşitte tüm stres koşullarında ve bütün zaman dilimlerinde artış göstermiştir. Yüksek sıcaklık koşullarında Seyden çeşidinde en belirgin artış 69,52 kat ile 1. saatte gerçekleşirken, Cordelia çeşidinde 7,28 kat ile ilk 30 dakikada görülmüştür. Kuraklık stresinde ise Seyden çeşidinde gen ifadesi 2. saatte kontrole göre 7,94 kat artarak en yüksek düzeye ulaşmıştır. Cordelia çeşidinde ise en belirgin artış 5,40 kat ile 1. saatte belirlenmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında Seyden çeşidinde gen ifadesinde 30. dakikada 15,34 kat, 1. saatte 30,65 kat ve 2. saatte 37,12 kat artış gerçekleşmiştir. Cordelia çeşidinde ise bu artış 30. dakikada 6,13 kat, 1. saatte 11,64 kat ve 2. saatte 11,47 kat oranında olmuştur (Şekil 5.85). Tüm genlere ait qPZR erime sıcaklığı eğrileri EK 57'de verilmiştir.



Şekil 5.84 *CpHsf-05* ve *CpHsf-68* genlerine ait (a) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Cordelia çeşidi-kuraklık stresi, (c) Cordelia çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Seyden çeşidi-kuraklık stresi, (f) Seyden çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi (*p<0,05'i ifade etmektedir)

6. SONUÇ VE TARTIŞMA

6.1 CpHsp ve CpHsf Ailelerinin Biyoinformatik Analizleri

6.1.1 CpsHsp Ailesinin Biyoinformatik Analizleri

Çalışmamızda kabak genomunda 44 adet *sHsp* geni tespit edilmiştir. Literatürde yer alan çalışmalar incelendiğinde organizmaların değişen sayılarda *sHsp* geni içerdiği görülmüştür: Balkabağında (*Cucurbita moschata*) 33 (Y. Hu vd., 2021), kavunda (*Cucumis melo*) 45 (X. Wang vd., 2021), salatalıkta (*Cucumis sativus*) 45, karpuzda (*Citrullus lanatus)* 44 (He vd., 2018), *Arabidopsis thaliana* bitkisinde 19 (Scharf, Siddique ve Vierling, 2001), soyada (*Glycine max*) 51 (Lopes-Caitar vd., 2013), çeltikte (*Oryza sativa*) 23 (Sarkar, Kim ve Grover, 2009) ve kavakta (*Populus trichocarpa*) 60 adet (Yer vd., 2018) *sHsp* geni tanımlanmıştır.

CpsHsp proteinlerinin moleküler ağırlıklarının 7,4 kDa-134,5 kDa arasında değiştiği ve aileden 32 proteinin 30 kDa'dan küçük olduğu belirlenmiştir. Literatüre bakıldığında; moleküler ağırlıkların balkabağında 14,29-39,56 kDa, salatalıkta 14,4-57,3 kDa, kavunda 8,3-57,4 kDa, karpuzda 11,1-60,1 kDa değerleri ile çalışmamıza yakın değerlerde olduğu görülmüştür. CpsHsp proteinlerinin peptid uzunluklarının 68-1200 aa arasında olduğu ve peptidlerin çoğunun (33 proteinin) 300 aa'den kısa olduğu saptanmıştır. Elde edilen sonuçlara paralel olarak, önceki çalışmalarda bu uzunluklar balkabağında 121-353 aa, salatalıkta 127-510 aa, kavunda 70-510 aa, karpuzda 97-529 aa olarak ifade edilmiştir.

CpsHsp proteinlerinin teorik izoelektrik noktaları değerlendirildiğinde, proteinlerin %72,7'sinin (32 proteinin) asidik özellik gösterdiği görülmüştür. Diğer organizmalarda tespit edilen sHsp proteinleri incelendiğinde ise çalışmamıza benzer şekilde kavunda proteinlerin %64'nün (29/45); karpuzda %70'inin (33/47), salatalıkta ise %55'inin (26/47) asidik olduğu belirtilmiştir. CpsHsp proteinlerinin kararlılık indeksine bakıldığında %88,6'sının kararsız olduğu görülmüştür. Stresle indüklenen genlerde kararsızlık yaygın olarak rapor edilmiştir. Literatürde soyada (%80,3), güvercin bezelyede (*Cajanus cajan,* %76,5) de benzer şekilde sHsp proteinlerinin

kararsız olduğu tespit edilmiştir (Lopes-Caitar vd., 2013; Ramakrishna vd., 2022). Bu özellik stresle indüklenen genlerin stres anında hızlı düzenlenmesine olanak sağlamaktadır (Cooke, Oliver ve Davies, 1979).

CpsHsp genlerinin en fazla (8 gen) 2. kromozomda yerleşim gösterdiği ve 9 adet *CpsHsp* geninin scaffold seviyesinde kaldığı belirlenmiştir. Bununla birlikte bazı kromozomlarda hiçbir *CpsHsp* geninin bulunmadığı görülmüştür. Önceki çalışmalarda da *sHsp* genlerinin genomda kromozomlar üzerinde eşit bir dağılım göstermediği saptanmıştır. Karpuzda *sHsp* genleri 11 kromozom üzerinde dağılım göstermiş ve en fazla *ClHSP20* geni (10 adet) 7. kromozomda bulunurken, 2 gen scaffold seviyesinde kalmıştır (He vd., 2018). Balkabağında tespit edilen 33 adet *CmoHSP20* geni de 13 kromozoma rastgele yerleşmiştir. 1. ve 4. kromozomlar ise en fazla *sHsp* geni içeren kromozomlar olarak tespit edilmiştir (Y. Hu vd., 2021). 47 *CsHSP20* geni 7 salatalık kromozomuna dağınık bir şekilde yerleşim göstermiştir. 5. kromozom salatalıkta en fazla *sHsp* genini taşıyan kromozom olmuştur. Aynı çalışmada karpuzda 11 gen taşıyan 7. kromozom ve kavunda 8 gen taşıyan 10. kromozom en fazla *sHsp* geni taşıyan kromozomlar olarak bildirilmiştir (X. Wang vd., 2021).

CpsHsp genlerinin yapısı ekzon ve intron bölgeleri açısından ele alındığında, 18 genin intron içermediği göze çarpmaktadır. Tüm *CpHsp* genleri düşünüldüğünde, %40,9 oranı ile *CpsHsp* genlerinin yalnızca ekzon içeren genleri en fazla bulunduran grup olduğu saptanmıştır. Bu sonuç evrimsel süreçte bitkilerin intronsuz ya da daha az intron içeren genleri bulundurma eğilimi ile örtüşmektedir (Mattick ve Gagen, 2001). Çalışmamıza paralel olarak balkabağında 33 *CmoHSP20* geninin 17'sinde (%51,5), karpuzda 44 *ClHSP20* geninin 21'inde (%47,7), kavunda 45 genin 23'ünde (%51,1) intron bulunmadığı ifade edilmiştir.

CpsHsp genlerinin evrimsel ilişkisini değerlendirmek amacı ile filogenetik ağaç çizilmiştir. Grup I, II ve III olmak üzere 3 ana gruptan meydana gelen filogenetik ağaçta, aynı grupta bulunan genlerin ekzon-intron organizasyonlarının da benzer olduğu tespit edilmiştir. Örneğin filogenetik ağacın aynı dalında bulunan (Grup I) *CpsHsp-22, 30* ve *04* genlerinin hepsinde kısa ve çok sayıda ekzon bölgelerinin

bulunduğu görülmüştür. Benzer şekilde, intron içermeyen tüm *sHsp* genlerinin filogenetik ağacın en büyük grubu olan Grup III'de toplandığı belirlenmiştir. CpsHsp proteinlerinin korunmuş motif düzeni incelendiğinde, genlerin ekzon-intron organizasyonu ve filogenetik ağaçtaki yerleşimi ile ilişkili olduğu görülmüştür. Örneğin filogenetik ağacın aynı dalında bulunan *CpsHsp-22, 30* ve *04* proteinlerinde motif 5-3-2-6 organizasyonun ortak olduğu belirlenmiştir. Aynı filogenetik grupta sınıflandırılan ve benzer gen yapısı ve motif düzenine sahip genlerin yakın işlevlere sahip olabileceği düşünülmektedir (X. Wang vd., 2021).

CpsHsp genleri ve diğer organizmaların *sHsp* genleri arasındaki filogenetik ilişkiyi anlamak amacı ile Arabidopsis, soya, çeltik ve kavak bitkilerindeki gen ortologları analiz edilmiştir. En fazla ortolog gen soya (5 çift) ile en az ise Arabidopsis (1 çift) ile belirlenmiştir. Ortolog genlerin tahmini ayrılma süreleri hesaplandığında en erken ayrılmanın (413 MYÖ) Arabidopsis ile en geç ayrılmanın (20 MYÖ) ise soya ile gerçekleştiği tespit edilmiştir. Hu vd., (2021) balkabağında yaptıkları çalışmada farklı organizmalar (Arabidopsis, çeltik, salatalık ve kavun) ile balkabağındaki *sHsp'lerin* filogenetik ilişkisini karşılaştırmalı sinteni haritası kullanarak aydınlatmaya çalışmışlardır. Analiz sonucunda balkabağının, Cucurbitaceae ailesinin diğer üyeleri olan salatalık ile 19, kavun ile 18 sintenik ilişki kurduğu belirlenmiştir. Balkabağı ile daha uzak ilişkisi olan Arabidopsis ile 12, çeltik ile ise 1 genin sintenik ilişkisi olduğu görülmüştür (Y. Hu vd., 2021).

CpsHsp genlerinin dahil olduğu gen duplikasyon olayları incelendiğinde 14 gen çiftinin segmental duplikasyona uğradığı belirlenmiştir. Literatürde *sHsp* genleri için tandem ve segmental duplikasyon olaylarını inceleyen çalışmalar mevcuttur: Wang vd. (2021) salatalık, kavun ve karpuzda (X. Wang vd., 2021), He vd. (2018) başka bir çalışmada karpuzda (He vd., 2018), *Brachypodium distachyon*'da (N. Li, Jiang, Li ve Li, 2021), balkabağında (Y. Hu vd., 2021), üzümde (Ji, Yu, Ni, Zhang ve Guo, 2019), hint yağı (*Ricinus communis*) bitkisinde (Neto vd., 2020) ve patateste (P. Zhao vd., 2018) duplikasyonların *sHsp* gen ailesine katkısını araştırmıştır. Duplikasyon olaylarının yoğunluğunun her bitkide farklılık gösterdiği görülmüştür. Örneğin; Wang vd. çalışmasında salatalıkta 7 adet *CsHSP20* geninin segmental duplikasyona, 7 adetin ise hem tandem hem segmental duplikasyona katıldığını tespit etmişlerdir (X. Wang

vd., 2021). Patateste yapılan çalışmada ise *StHsp20* genlerinin %39,6'sının tandem, %4,2'sinin segmental duplikasyona katıldıkları belirlenmiştir. Hem tandem hem de segmental duplikasyon olaylarının evrimsel süreçte gen ailelerinin genişlemesinde rol oynadığı düşünülmektedir (Cannon vd., 2004).

CpsHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapılarına bakıldığında β-kırmalı tabaka yapısının öne çıktığı belirlenmiştir. Kabak ile yakın akraba olan balkabağı CmoHSP20 proteinlerinde β-kırmalı tabakanın baskın yapı olduğu belirtilmiştir (Y. Hu vd., 2021). Benzer şekilde Cucurbitaceae ailesi üyelerinden salatalık, kavun domain, ACD) incelenmiş ve bu domainlerde yoğunlukla β-kırmalı tabaka bulunduğu, yalnızca karpuzda bu bölgelere ek olarak 3 adet α-sarmal yapı tespit edilmiştir (Wang vd., 2021). Bir başka çalışmada, *Brachypodium distachyon* proteinlerinin üç boyutlu yapı tahminlemesinde, tespit edilen tüm BdHsp20 proteinlerinde β-kırmalı tabaka yapısının hâkim olduğu görülmüştür (Li vd., 2021). β-kırmalı tabaka içeren bu korunmuş bölgelerin HSP20 proteinlerinin şaperon işlevinde önemli roller oynadığı bilinmektedir (Bondino, Valle ve ten Have, 2012).

CpsHsp proteinlerinin etkileşim haritası incelendiğinde en fazla etkileşimde olan proteinlerin DNA-bağımlı RNaz alt birim proteini (XP_004146161.1) ve histon asetil transferaz GCN5 (XP_004134529.1) proteinleri ve kabak sHsp proteinleri içerisinde ise CpsHsp-30 olduğu belirlenmiştir. DNA'ya bağımlı RNA polimeraz, substrat olarak dört ribonükleosit trifosfat kullanarak DNA'nın RNA'ya transkripsiyonunu katalize etmektedir (Mans ve Walter, 1971). Moleküler fonksiyonlarına bakıldığında transkripsiyon süreci ile uyumlu olarak DNA bağlanması, metal iyon bağlanması ve 5'-3' RNA polimeraz aktivitesi işlevlerinin bulunduğu görülmektedir. Histon modifikasyonları, gen ekspresyonunu ve bitki büyüme ve gelişimini düzenleyen temel epigenetik mekanizmalardır. Histon asetilasyonu, histon asetil transferaz (HAT) enzimi tarafından yönlendirilen en bilinen histon modifikasyonudur. Arabidopsis'te yapılan çalışmada HAT GCN5 enziminin, sıcaklık stresine yanıt veren genlerin transkripsiyonel aktivasyonunda ve termotolerans sürecinde görev aldığı tespit edilmiştir. Bununla birlikte Hsp'ler, sıcaklık kaynaklı protein denatürasyona karşı koruyan ve hasar görmüş proteinlerin yeniden katlanmasına yardımcı olan moleküler şaperonlar olarak sıcaklık stresinde bitki tarafından kullanılan mekanizmalardan

biridir (Z. Hu vd., 2015). CpsHsp-30 proteinin etkileşimde olduğu proteinler arasında DNA-bağımlı RNaz alt birim proteini ve HAT GCN5 proteinlerinin bulunduğu belirlenmiştir. CpsHsp-30 proteinin ontoloji analizinde, dahil olduğu biyolojik süreçler arasında kromatin organizasyonu ve transkripsiyonun düzenlenmesi olayları yer almaktadır ve protein-protein etkileşim analiz sonuçları ile uyumlu bir tablo sergilemektedir.

CpsHsp transkriptleri ve miRNA etkileşimi incelendiğinde; *CpsHsp-01'in* en fazla hedef alınan transkript, miR167'nin ise *CpsHsp* transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA olduğu belirlenmiştir. Literatürde sorgumda (*Sorghum bicolor*) yapılan çalışmada da mir167, SbHsp20 transkriptlerini hedefleyen ana miRNA olarak bildirilmiştir (Nagaraju, Kumar, Jalaja, Rao ve Kishor, 2021). Daha önce yapılan çalışmalarda miR167'nin bitkilerde kök, gövde, yaprak ve çiçek gelişiminde, çiçeklenme zamanını, embriyonik gelişim, tohum gelişimi ve abiyotik ve biyotik strese cevap süreçlerinin düzenlenmesinde görev aldığı belirtilmiştir. Özellikle yüksek tuz, kuraklık ve sıcaklık stresi gibi durularda oksin cevap faktörlerini (auxin response factors-ARFs) düzenleyerek stres yanıtı oluşumunda rol aldığı rapor edilmiştir (Xia vd., 2021). CpsHsp-01 proteininin fonksiyonel anotasyonu incelendiğinde, özellikle sıcaklık ve osmotik strese cevap süreçleri ile ilişkili olduğu görülmektedir. Bu veriler ışığında, CpsHsp ailesinin miRNA analizinde öne çıkan miR167 ve *CpsHsp-01* genlerinin aynı doğrultuda abiyotik stres cevabında aktivite gösterdiği düşünülmektedir.

6.1.2 CpHsp40 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri

CpHsp40 gen ailesi, 188 üye ile kabak bitkisi genomunda tespit edilen en geniş gen ailesi olmuştur. Literatürde portakalda (*Citrus sinensis*) 5 adet (Shafqat vd., 2020), mercimekte (*Lens culinaris*) 61 adet (Khorshidvand vd., 2021), kavakta (Populus trichocarpa) 145 adet (Yer vd., 2018), çeltikte (*Oryza sativa*) 104 adet (Sarkar vd., 2013) başka bir çalışmada ise çeltikte 115 adet (Luo vd., 2019), ökaliptusta 91 adet (Cagliari vd., 2005), ve *A.thaliana*'da ve patateste 89 adet (K. Li vd., 2022.; Swindell, Huebner ve Weber, 2007), sorgumda 113 adet (Nagaraju vd., 2020), üzümde 78 adet (T. Chen vd., 2021), buğdayda 273 adet (A. Kumar vd., 2020), kırmızı biberde

(*Capsicum annuum*) 76 adet (F. Fan, Yang, Cheng, Kang ve Chai, 2017), salatalıkta 100 adet (Ünel, 2018), karpuzda ise 101 adet (M. Keleş, 2018) *Hsp40* geni tanımlanmıştır. Bizim çalışmamızla benzer şekilde salatalık, kavak, mercimek, çeltik, buğday, ökaliptus ve Arabidopsis bitkilerinde tanımlanan *CpHsp40* gen aileleri, bu organizma genomları için de en kalabalık *Hsp* gen ailesi olarak belirlenmiştir. Hsp40 gen ailesinin geniş olmasının, Hsp40 proteinlerinin hem tek başına hem de Hsp70 proteinlerinin ATP hidroliz aktivitesini stimule etmek üzere Hsp70 proteinleri ile birlikte şaperon işlevi görmesi ile ilişkili olduğu düşülmektedir (T. Chen vd., 2021).

CpHsp40 genlerinin fizikokimyasal özellikleri değerlendirildiğinde proteinlerin moleküler ağırlıklarının ortalama 48,8 kDa olduğu, peptid uzunluğu 300 aa'den daha az olan proteinlerin sayıca daha fazla olduğu tespit edilmiştir. Cucurbitaceae ailesinin diğer üyeleri olan karpuzda proteinler 6,6-279,5 kDa (M. Keleş, 2018), salatalıkta 12,1-279,6 kDa (Ünel, 2018) aralığında bulunmuştur. Proteinlerin teorik izoelektrik noktaları incelendiğinde asidik ve bazik karakterdeki üye sayısının birbirine yakın olmakla birlikte, pH>7 olan üyelerin nispeten biraz daha fazla olduğu görülmüştür. Bazik olan Hsp40 proteinlerinin oranları salatalıkta %64, karpuzda %59, kabakta %55 olarak belirlenmiştir. Hsp40 ailesinin tamamı 70 aminoasitten meydana gelen J domaini içermektedir. J domini ise histidin, prolin ve aspartik asidin yüksek oranda korunmuş bir tripeptitini (HPD motifi) bulundurmaktadır (Qiu vd., 2006). J domainin içeriğindeki polar aminoasitler (histidin ve aspartik asit) kabak, salatalık ve karpuzdaki yakın oranda tespit edilen asidik ve bazik Hsp40 proteinlerini açıklayabilir.

CpHsp40 genlerinin kromozomal yerleşimine bakıldığında 20 kromozoma dağılım gösterdiği ve bunun yanında 1. ve 2. kromozomların daha fazla *CpHsp40* geni içerdiği belirlenmiştir. Sorgum, patates ve karpuzda yapılan analizlerde çalışmamızdaki verilere benzer şekilde *Hsp40* genlerinin en fazla 1. ve 2. kromozomlarda yerleşim gösterdiği bildirilmiştir (M. Keleş, 2018; K. Li vd., 2022.; Nagaraju vd., 2020). Bununla birlikte *Hsp40* genlerinin eşit dağılım göstermediği daha önce yapılan çalışmalarda da belirtilmiştir: Üzümde 20 (T. Chen vd., 2021), kavakta 19 (Yer vd., 2018), çeltikte 12 (Luo vd., 2019), buğdayda 21 (A. Kumar vd., 2020) ve salatalıkta 7 (Ünel, 2018) kromozoma rastgele dağılım gösterdiği rapor edilmiştir.

CpHsp40 genlerinin yapısı ekzon-intron organizasyonu açısından incelendiğinde yalnızca ekzon içeren; uzun ve az sayıda ekzon içeren ve ekzon bölgeleri kısa fakat çok sayıda olan 3 farklı gen yapısı göze çarpmaktadır. İntron içermeyen *CpHsp40* genlerinin oranı %12 olarak hesaplanmıştır. Nagaraju vd., (2020) sorgumda yaptıkları çalışmada tanımladıkları *Hsp40* genlerinin %9'unda intron bulunmadığını belirtmiştir. Ayrıca çalışmamızdaki bulgulara benzer şekilde *SbDnaJ* genlerinde çok sayıda ve kısa ekzon bölgeleri (79 gende 5'ten fazla) tespit edilmiştir (Nagaraju vd., 2020). Üzümde de *Hsp40* genlerinin ekzon sayısının 1-22 arasında değiştiği ve *VvDnaJ* genlerinin büyük çoğunluğunun 5'ten fazla ekzon içerdiği belirtilmiştir (T. Chen vd., 2021). Buğdayda yapılan çalışmada, en fazla intron içermeyen genlerin *sHsp* ve *Hsp40* ailelerinde yer aldığı bildirilmiştir (A. Kumar vd., 2020). Kabak genomunda da benzer şekilde; *CpsHsp* (%40) ardından birbiri ile ilişkili olan *CpHsp70* (%17) ve *CpHsp40* (%12) genleri en fazla intron içermeyen gen aileleri olarak tespit edilmiştir. Yeni evrimleşmiş ya da retrotranspozisyon sonucu meydana gelen genlerin genelde intronsuz olduğu bilinmektedir (Deshmukh, Sonah ve Singh, 2016; Y. Wang ve 2017). Ayrıca daha az intron içeren kompakt gen yapısı, stres durumunda genlerin hızla aktive olmasında ve stres yanıtının oluşmasında etkili olmaktadır (Jeffares, Penkett ve Bähler, 2008).

Filogenetik ağaçta CpHsp40 ailesi sekans homolojisine göre 3 alt aileye (Grup I, IIa ve IIb, IIIa ve IIIb) ayrılmıştır. Proteinlerin motif düzeni incelendiğinde ise kısa motiflerin aile genelinde öne çıktığı ve proteinlerin 1-7 arasında değişen sayıda motife sahip olduğu belirlenmiştir. Filogenetik ağaçta aynı dalda yer alan proteinlerin genelde ekzon-intron organizasyonunun ve motif içeriklerinin de benzer olduğu gözlenmiştir. Örneğin, CpHsp40-53 ve CpHsp40-65 proteinleri filogenetik ağacın IIb grubunda yer almaktadır. Bu genlerin her ikisinde de 7 adet kısa ekzon bölgesi bulmaktadır ve korunmuş motif organizasyonu motif 4-3-6 şeklindedir. Çeltikte (Luo vd., 2019) J-proteinleri arasındaki evrimsel ilişkiyi anlamak amacıyla çizilen filogenetik ağaçta proteinlerin 9 ana grupta toplandığı belirtilmiştir. Grupların J-domain yapıları ve intron sayıları arasındaki korelasyon protein sınıflandırılmasını doğrulamıştır. Üzümde yapılan çalışmada VvDnaJ proteinlerinin 1-8 arası değişen motif içerdiği belirtilmiş ve yapılan domain yapı analizinde aynı grupta bulunan üyelerin benzer motif dağılım kalıbı gösterdiği rapor edilmiştir (T. Chen vd., 2021).

CpHsp40 proteinlerinin üç boyutlu tahmini yapıları incelendiğinde α-sarmal yapının hâkim olduğu görülmüştür. Literatürde de üzümde, salatalık ve karpuzda yapılan protein homoloji modellemelerinde Hsp40 proteinlerinde α-sarmal yapının öne çıktığı belirtilmiştir (Chen vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018). Bu durum Hsp40/J proteinlerinin korunmuş J domaini yapısı ile açıklanabilir. Yaklaşık 70 residüden oluşan ve oldukça korunmuş histidin, prolin ve aspartik asit motifi (HPD) içeren J domaini tetrahelikal bir yapıdadır. Bu domain yapısının Hsp40 proteinlerinde öne çıkan α-sarmal yapısı ile ilişkili olduğu düşünülebilir (A. Verma vd., 2017).

CpHsp40 genlerinin ontoloji analizi sonucunda bağlanma ve katalitik aktivite moleküler fonksiyonları ön plana çıkmıştır. Hücresel protein homeostazisi, moleküler şaperon ağının tüm protein biyogenez aşamalarda görev alması ile sürdürülmektedir. Hsp40/DnaJ proteinleri, birlikte görev yaptıkları Hsp70 proteinlerinin ATPaz aktivitelerini uyararak protein translasyonu, katlanması, açılması, yer değiştirmesi ve bozunması gibi süreçlerde yer almaktadır. ATP hidrolizi Hsp70'lerin aktivitesi için gerekli olduğundan, DnaJ/Hsp40 proteinleri, substrat proteinleri ile etkileşimlerini stabilize ederek aslında Hsp70'lerin aktivitesini belirler (Anglès vd., 2017; Nagaraju vd., 2021; Qiu vd., 2006). CpHsp40 proteinlerinin hücrede çoğunlukla membran bölümleri, sitozol, nükleus, kloroplastta yerleşim gösterdikleri belirlenmiştir. J proteinleri fonksiyonları ile bağlantılı olarak her organizmada farklı hücresel yerleşim gösterebilmektedir. Chen vd., (2021) çalışmasında VvDnaJ proteinlerinin ağırlıkla ektrasellüler matriks, plazma membranı ve sitoplazmada yer aldığını bildirmiştir (T. Chen vd., 2021). Buğdayda yapılan gen ontoloji analizinde ise ATP ve protein bağlanma fonksiyonları öne çıkan TaHSP40 proteinlerinin, çoğunlukla membran bölümleri, sitozol ve kloroplastta yer aldığı ifade edilmiştir (A. Kumar vd., 2020).

CpHsp40 protein-protein etkileşim ilişkileri incelendiğinde en fazla etkileşim kuran proteinlerin sırasıyla CpHsp40-131, nükleolar protein 56 (XP_004138057.1) ve CpHsp40-06 olduğu tespit edilmiştir. CpHsp40-131 proteininin anotasyonu incelendiğinde ağırlıkla transport ve bağlanma olaylarında görev aldığı görülmüştür. J-proteinlerinin, çinko parmak veya C-terminal domainleri ile yanlış katlanmış substrat proteinlerine bağlandığı ve substrat proteinleri HSP70-ATP kompleksine taşıdığı literatürde raporlanmıştır (Shiber ve Ravid, 2014). XP_004138057.1 kodlu

proteinin özellikle bağlanmada (snoRNA ve RNA); CpHsp40-06 proteinin ise çeşitli moleküllerin bağlanmasında (nükleik asit, ATP, iyon), helikaz ve hidrolaz aktivitelerinde işlev gördüğü fonksiyonel anotasyon verileriyle belirlenmiştir. CpHsp40-131 proteini en fazla CpHsp40 proteinleri ile etkileşim halindedir. Bunun dışında RNA helikaz proteinleri, ribonükleoprotein, splicing faktör ile bağlantı kurdukları belirlenmiştir. CpHsp40-06 proteini ise çeşitli nükleolar proteinler, küçük nüklear ribonükleoproteinler, DEAD-box ATP-bağımlı RNA helikaz proteinleri ile etkileşim halindedir. Stres koşullarında upregüle edilen DEAD-box RNA helikaz proteinleri, stres altındaki bitkilerde mRNA splicing, 5' cap ekleme ve RNA'nın nükleus dışına taşınması gibi süreçlerde görev almaktadır (H. Zhang, Zhu, Gong ve Zhu, 2022). Liu ve Whitham (2013) çalışmalarında GmHSP40.1 proteinin mRNA splicing ve miRNA işlenmesi süreçlerinde rol alabileceğini bildirmiş ve çalışmamızla uyumlu olarak RNA işlenmesi süreçlerinde, Hsp40 proteinlerinin de görev aldığını doğrulamıştır (J. Z. Liu ve Whitham, 2013).

CpHsp40 transkriptleri ve miRNA ilişkisi ele alındığında, miRNA'lar tarafından en fazla hedeflenen transkriptler sırası ile *CpHsp40-27 ve CpHsp40-177* olarak tespit edilmiştir. miR156 ise *CpHsp40* transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA olarak belirlenmiştir. Farklı Cucurbitaceae üyelerinde (karpuz, kabak, su kabağı ve balkabağı) miRNA'ların tespiti üzerine yapılan çalışmada mir156'nın dört üyede en bol bulunan miRNA'lardan biri olduğu saptanmıştır (Jagadeeswaran vd., 2012). Literatürde abiyotik stres koşullarında miR156 ifadesinin nasıl etkilendiğini inceleyen çalışmalar mevcuttur: Mısırda kuraklık stresi koşullarında miR156 ifadesinin arttığı ve böylece hedeflediği genin ifadesinin azaldığı belirtilmiştir (Xuyang Liu vd., 2019). Arpada yapılan çalışmada da kuraklık stresinde miR156 ifadesinin arttığı ifade edilmiştir (Kantar, Unver ve Budak, 2010). Stief vd., (2014) Arabidopsis'te yaptıkları çalışmada miR156 ifadesinin yüksek sıcaklık stresinde indüklendiğini ve hedef genleri olan *SPL2* ve *SPL11*'nin ifadesini baskıladığını belirtmiştir. Ayrıca artan miR156 ifadesinin, *Hsp* ve *Hsf* gibi sıcaklık stresine yanıt veren genlerin ifadesinin ve bitkinin termotoleransının devamlılığının korunmasında etkili olduğu belirtmiştir (Stief vd., 2014).

CpHsp40 genlerinin Arabidopsis, çeltik, kavak ve soya genomlarında yer alan ortolog genlerin tespiti için yapılan analizde en fazla ortolog geni sırası ile soya, kavak, çeltik ve Arabidopsis ile paylaştığı saptanmıştır. Evrimsel süreçte en erken ayrılmanın 155 MYÖ ile çeltikle; en geç ayrılmanın ise 59 MYÖ ile kavak bitkisi ile olduğu tespit edilmiştir. Salatalıkta yapılan çalışmada CsHsp40 genleri ile en fazla ortologu bulunan organizma kavak olarak belirlenmiştir. Ortolog genlerin evrimsel süreçteki ayrılma zamanlarına bakıldığında en geç kavak ile (65 MYÖ); en erken mısır ile (192 MYÖ) gerçekleşmiştir (Ünel, 2018). *CpHsp40* genlerinin duplikasyon olayları incelendiğinde 13 gen çiftinin tandem, 60 gen çiftinin segmental duplikasyona katıldığı görülmüştür. Tandem duplikasyona katılan genlerin daha fazla 5., 1. ve 8. kromozomlarda yer aldığı belirlenmiştir. Üzümde yapılan gen duplikasyon analizinde 6 gen çiftinin segmental, 2 gen çiftinin tandem duplikasyona katıldığı tespit edilmiştir. Tandem duplikasyona katılan genler 1. ve 19. kromozomda yer almıştır (T. Chen vd., 2021). Pirinçte ise 5 tandem duplikasyon belirlenmiş ve gen çiftlerinin 1., 2., 3., 5. ve 11. kromozomlarda yer aldığı ifade edilmiştir (Luo vd., 2019). Gen duplikasyonları, yeni genlerin oluşmasına olanak sağlayarak ve yeni işlevlerin meydana gelmesinde görev alarak gen ailesi oluşumunda kilit rol oynamaktadır (X. Chen vd., 2021). Sorgumda yapılan çalışmada 113 *SbDnaJ* geni tanımlanmış ve 29 segmental ile 7 tandem duplikasyonun gen ailesinin genişlemesinde katkısı olduğu rapor edilmiştir (Nagaraju vd., 2020). CpHsp40 ailesinin 188 üye ile kabakta tanımlanan en geniş Hsp ailesi olduğu düşünüldüğünde, gen duplikasyonlarının bu gen ailesinin genişlemesinde rolü olduğu sonucuna varılabilir.

6.1.3 CpHsp60 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri

Kabak genomunda yapılan biyoinformatik analizler sonucunda 42 adet *CpHsp60* geni tanımlanmıştır. CpHsp60 proteinlerinin büyük çoğunluğunun moleküler ağırlıklarının ortalama 58 kDa ve peptid uzunluğunun 550 aminoasit civarında olduğu belirlenmiştir. Çoğunlukla kararlı yapıda olan CpHsp60 proteinlerinin, teorik izoelektrik noktasının ağırlıkla pH $\leq$ 7 olduğu görülmüştür. *CpHsp* genlerinin kromozomal dağılımı incelendiğinde en fazla 17., 12., ve 18. kromozomlarda yerleşim gösterdiği saptanmıştır. Genom çapında yapılan daha önceki çalışmalarda farklı bitkilerin değişen sayılarda *Hsp60* geni içerdiği belirlenmiştir. Kromozomal yerleşime

bakıldığında ise, *Hsp60* genlerinin her bitkide rastgele dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Salatalık genomunda 15 adet *CsHsp60* geni tanımlanmış olup ve peptid uzunluklarının ortalama 550 aminoasit ve moleküler ağırlıklarının ortalama 60,2 kDa büyüklüğünde olduğu belirtilmiştir. CsHsp60-01 ve CsHsp60-10 dışında tüm proteinlerin asidik karakterde olduğu tespit edilmiştir (X. Chen vd., 2021). Aynı çalışmada tespit edilen *CsHsp60* genlerinin çoğunlukla 1. ve 2. kromozomda yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. Salatalıkta yapılan diğer bir çalışmada 97 adet Hsp60 proteini belirlenmiş ve genlerin en fazla 1., 2., ve 7. kromozomlarda yerleşim gösterdiği ifade edilmiştir (Ünel, 2018). Karpuz genomunda ise 23 adet *ClaHsp60* geni karakterize edilmiş ve proteinlerin ağırlıkla kararlı yapıda ve asidik karakterde olduğu saptanmıştır. Karpuzda tespit edilen *ClaHsp60* genlerinin çoğunlukla 11. kromozomda yer aldığı görülmüştür (M. Keleş, 2018). Literatürdeki Cucurbitaceae ailesine ait bitkiler ile yapılan çalışmalardaki bulgular ile çalışmamızdaki veriler benzerlik göstermektedir. Literatürde diğer organizmalara ait Hsp60 çalışmaları incelendiğinde de aynı şekilde CpHsp60 proteinlerinin fizikokimyasal özellikleriyle uyumlu olduğu görülmektedir. Sorgumda 30 adet *SbHSP60* geni tanımlanmıştır ve proteinlerin çoğunun asidik karakterde olduğu belirlenmiştir. Sorgumda belirlenen *Hsp60* genleri ağırlıkla 1. kromozomda yerleşim göstermektedir (Nagaraju vd., 2020). Kavakta yapılan genom çapında çalışmada 28 adet *Hsp60* geni tespit edilmiştir. PtHsp60 proteinlerinin de büyük kısmının asidik karakterde olduğu ifade edilmiştir (J. Zhang vd., 2015). Marulda (*Lactuca sativa*) karakterize edilen 22 adet Hsp60 proteininin 2 üye dışında asidik karakter gösterdiği ve çoğunlukla kararlı olduğu rapor edilmiştir. *LsHsp60* genlerinin en fazla 2., 4., ve 5. kromozomlarda yer aldığı belirlenmiştir (Kim vd., 2021). Çalışmamız ve literatürdeki veriler ışığında Hsp60 proteinlerinin büyük oranda asidik karakterde olması bu proteinlerin karakteristik bir özelliği olarak kabul edilebilir.

CpHsp60 proteinlerinin filogenetik ağaçta Grup I, II, IIIa ve IIIb olmak üzere 3 ana grupta kümelendiği tespit edilmiştir. *CpHsp60* genlerinin ekzon-intron yapıları incelendiğinde ise yalnızca ekzon bölgesinden oluşan 3 gen dışında (*CpHsp60-16, 37 ve 42)* ailenin tamamında genlerin çok sayıda kısa ekzon ve intron bölgesi içermesi dikkat çekmektedir. Grup I'de yer alan genlerin, sayıları 2-12 arasında değişen intron bölgesi içerdiği belirlenmiştir. Grup II'de yer alan genler ise 2-13 adet intron

bulundurmaktadır. CpHsp60 ailesinin en fazla intron içeren (7-18 adet) genleri ise filogenetik ağaçta Grup III'de yer almaktadır. Bununla birlikte yalnızca ekzon bölgesinden oluşan 3 gen de filogenetik ağacın en geniş grubu olan Grup III'de bulunmaktadır. Diğer gen ailelerinde olduğu gibi filogenetik ağaçta yakın olan genlerin ekzon-intron organizasyonları, sayıları ve uzunlukları benzerlik göstermektedir. Örneğin, *CpHsp60* genleri içinde nispeten daha uzun ekzon bölgelerini bulunduran tüm genler filogenetik ağaçta Grup II'de kümelenmiştir. CpHsp60 proteinlerinin motif organizasyonu incelendiğinde ailenin genelinde en az 5 farklı motifin bulunduğu görülmektedir. Ayrıca proteinlerin genelinde N terminalde motif 6-7-2 organizasyonu; C terminalinde ise motif 5-6 organizasyonu öne çıkmaktadır. Benzer motif organizasyonuna sahip proteinlerin filogenetik ağaçta evrimsel olarak birbirlerine yakın oldukları ve ekzon-intron organizasyonun da benzer olduğu saptanmıştır. Örneğin; CpHsp60-11, 19, 27, 30, 40, 41 proteinleri C terminalinde motif 8-9 organizasyonu içeren Hsp60 üyeleri olarak belirlenmiştir. Bu proteinlerin tamamının filogenetik ağaçta Grup II'de yer aldığı ve genlerin 10-13 arası intron içerdiği tespit edilmiştir. Sorgumda yapılan çalışmada *SbHSP60* genlerinin %86,6'sının 10'dan fazla intron içerdiği belirlenmiştir (Nagaraju vd., 2020). Salatalıkta yapılan çalışmada *CsHsp60* genlerinin, yalnızca ekzon içeren *CsHsp60-01* geni dışında 8-17 arasında değişen sayıda intron içerdiği belirtilmiştir. En fazla intron içeren genlerin çoğunlukla mitokondride bulunduğu belirlenmiştir. Motif organizasyonu incelendiğinde ise, proteinlerin tamamında N terminalde motif 4-7-1-10 ve çoğunluğunda C terminalinde motif 9-5 sıralaması görülmektedir. Ayrıca filogenetik ağaçta yakın olan proteinlerin genelde benzer motiflere sahip olduğu ifade edilmiştir. Amino asit benzerliğine göre oluşturulan filogenetik ağaçta CsHsp60 proteinleri 4 alt aileye gruplanmıştır. Bununla birlikte aynı filogenetik grupta yer alan proteinlerin hücre içi tahmini yerleşimlerinin de benzer olduğu saptanmıştır: I ve IV. Gruplarda yer alan proteinlerin sitoplazmada; Grup II'dekilerin mitokondride, Grup III'dekilerin ise genel olarak kloroplastta yoğunlaştığı tespit edilmiştir (X. Chen vd., 2021). Hsp60 proteinleri için hem çalışmamızda hem de önceki çalışmalarda N ve C terminallerde korunmuş motif kalıpları dikkat çekmektedir. Kavak Hsp60 proteinlerinde 2 *PtHsp60* dışında tüm genlerin çok sayıda (8-16) intron içerdiği görülmüştür. PtHsp60 proteinlerinin motif organizasyonunda proteinlerin neredeyse tamamında N terminalde motif 4-2; C terminalinde motif 7-1 kalıbı bulunmaktadır.

Filogenetik ağaçta ise tahmini hücre içi yerleşim ön planda tutularak sitozol yerleşimli (18 gen), mitokondri yerleşimli (3 gen), kloroplast yerleşimli Cpn60-a (4 gen) ve Cpn60-b (3 gen) olmak üzere 4 alt aile tespit edilmiştir (J. Zhang vd., 2015). Marulda gen organizasyonu incelendiğinde, sadece ekzondan oluşan 1 gen dışında intron sayısı 6-17 arasında değişen çok sayıda intron bölgesinden oluşmaktadır. Önceki çalışmalarda olduğu gibi marul Hsp60 proteinlerinin de N ve C terminallerinde korunmuş motif kalıpları göze çarpmaktadır. Kim vd. (2021), LsHsp60 proteinlerinin filogenetik ağaçta yerleşimini tahmini hücre içi lokasyonunu da göz önünde bulundurarak değerlendirmiştir. Buna göre LsHsp60 proteinleri; Cpn60 (12 sitoplazmik gen), Cpn60a (4 kloroplastik gen), Cpn60b (3 kloroplastik gen) ve Hsp60 (3 mitokondriyal gen) olmak üzere 4 alt sınıfta toplanmıştır (Kim vd., 2021).

CpHsp60 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısı incelendiğinde α-sarmal yapının daha baskın görüldüğü belirlenmiştir. Literatürde mevcut çalışmalardaki veriler de tespit edilen Hsp60 proteinlerindeki hâkim yapının α-sarmal olduğu şeklindedir (Ceylan, Ceylan, Altunoğlu ve Baloğlu, 2021; M. Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017). Şaperoninlerin işlev görmesi için gerekli olan hidrofobik yüzeyle substrat bağlanmasında α-sarmal yapının belirleyici rol üstlendiği bilinmektedir (Horwich, 2003).

CpHsp60 proteinlerinin moleküler fonksiyonları incelendiğinde bağlanma ve katalitik aktivite işlevleri öne çıkmaktadır. Ontoloji analizi sonucunda özellikle ATP bağlanma, katlanmamış protein bağlanma, metal iyon bağlanma ve RNA bağlanma ve kinaz aktivitesi fonksiyonları olduğu belirlenmiştir. CpHsp60 proteinlerinin rol aldığı biyolojik süreçler arasında öncelikli olarak protein yeniden katlanması ve fosforilasyon bulunmaktadır. Şaperonin içeren T kompleksi, endozom membranı, mitokondriyel matriks CpHsp60 proteinlerinin ağırlıkla yer aldığı hücre bölümleridir. Literatürdeki Hsp60 gen ontoloji çalışmalarında; biberde (*Capsicum annuum*), CaHSP60 proteinlerinin öncelikli olarak protein katlanması ve ATP-bağımlı yeniden katlanma; karpuz, salatalık ve kavakta yapılan çalışmalarda da bağlanma ve katalitik aktivite işlevlerinin ön planda olduğu ifade edilmiştir (Haq vd., 2019; M. Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017). Hsp60 şaperoninlerinin denatüre olmuş ya da yeni sentezlenmiş proteinlerin ATP hidrolizi aracılığı ile katlanmasında rol alarak

proteinlerin fonksiyonel konformasyonunun düzenlenmesine katkı sağladığı bilinmektedir (Balchin, Hayer-Hartl ve Hartl, 2016; Nagaraju vd., 2021; Saibil, 2013). Gen ontoloji analizi sonucu elde edilen veriler ile literatürdeki veriler birbirini desteklemektedir.

CpHsp60 protein-protein etkileşim haritasında en fazla etkileşimde bulunan proteinlerin; CpHsp60-21 (51 etkileşim), 60S proteini (XP_004144191.1), RPL5 ribozomal proteini (XP_004171966.1) (39 etkileşim) ve CpHsp60-13 (38 etkileşim) proteinleri olduğu belirlenmiştir. CpHsp60-21 proteinin, T-kompleks proteini (XP_004141501.1) ile etkileşimde olduğu belirlenmiştir. Bu proteinin, ATP hidrolizi aracılığı ile proteinlerin katlanmasına yardımcı olan moleküler bir şaperon kompleksi olan şaperonin içeren T kompleksinin (TRiC) bir bileşeni olduğu tespit edilmiştir (Freund, Zhong, Venteicher, 2014. Bunun yanında CpHsp60-21 proteinin XP_004153419.1, XP_004144191.1 gibi 60S ribozomal L-5 benzeri proteinleri (RPL5) ile de etkileşim gösterdiği tespit edilmiştir. RPL5'in ökaryotlarda 5S rRNA'nın ribozomal birleşme bölgesine taşınmasından sorumlu olan bir şaperon olduğu bilinmektedir (Ren vd., 2017. CpHsp60-21 proteininin fonksiyonel anotasyonu incelendiğinde ATP bağlanma, GTPaz aktivitesi, RNA bağlanma gibi işlevlerinin bulunması etkileşimde olduğu proteinleri açıklamaktadır.

CpHsp60 transkriptleri ve miRNA ilişkisi analizi sonucunda; miRNA'lar tarafından en fazla hedeflenen transkriptlerin *CpHsp60-08* ve *CpHsp60-02* olduğu ve miR166'nın *CpHsp60* transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA olduğu belirlenmiştir. Jagadeeswaran vd. (2012) çalışmasında derin sekanslama yaklaşımı ile Cucurbit türlerinde (kabak, su kabağı, karpuz ve balkabağı) korunmuş miRNA'ları tespit etmiş ve mir166'nın en fazla ifade edilen miRNA grubunda yer aldığını belirtmiştir (Jagadeeswaran vd., 2012). Bitkilerde transkripsiyon faktörleri ve kısa RNA'lar bir etkileşim ağı oluşturarak strese tolerans mekanizmasına aracılık ederler. miRNA'ların gen ifadesini transkripsiyonel ve post-transkripsiyonel seviyede düzenlediği bilinmektedir (Kushawaha, Khan, vd., 2019). miR166'nın bilinen öncelikli hedef transkripti HD ZIP-III transkripsiyon faktörüdür ve bitki gelişiminde, hormon düzenlenmesinde ve abiyotik stres yanıtında rol aldığı önceki çalışmalarda ifade edilmiştir (Du ve Wang, 2015; Muthuramalingam, Li ve Mahalingam, 2014;

Yadav vd., 2021). Hsp60 proteinlerinin ontoloji analizinde rol aldığı biyolojik süreçler arasında biyolojik regülasyon ve gen ifadesi düzenlenmesi de bulunmaktadır. miR166 ve Hsp60 transkriptlerinin ilişkisini stres koşullarında gen ifadesinin düzenlenmesi bağlamında açıklamak mümkündür.

CpHsp60 ailesinin seçilen organizmalar ile ortolog ilişkisi analiz edildiğinde genlerin birbirine yakın sayıda gen çifti ile ortolog ilişki kurduğu belirlenmiştir. Soya ve kavak ile 31 çift, Arabidopsis ile 30 çift, çeltik ile 27 ortolog gen çifti saptanmıştır. Literatürdeki *Hsp60*-ortolog analizleri incelendiğinde sorgum ile çeltik arasında 23 adet ortolog gen çifti (Nagaraju vd., 2021); kavakta yapılan çalışmada soya ile 48, Arabidopsis ve ökaliptus ile 47 ve çeltik ile 46 gen çifti (Yer, 2017); salatalıkta yapılan çalışmada kavak ile 155, mısır ile 94, çeltik ile 64, Arabidopsis ile 59, üzüm ile 52 gen çifti (Ünel, 2018) tespit edilmiştir.

CpHsp60 genlerinin 15 adet segmental, 2 adet tandem duplikasyona olayına katıldığı belirlenmiştir. Sorgumda yapılan çalışmada 12 paralog gen çifti belirlenmiş ve bunlardan yalnızca *SbHSP60-12* ve *SbHSP60-13*'ün 3. kromozomda yer alan tandem duplikasyon, geri kalanın ise segmental duplikasyon olduğu belirtilmiştir (Nagaraju vd., 2021). Salatalıkta *CsHsp60* genlerinin 4 çiftin tandem, 19 çiftin segmental duplikasyona katıldığı ifade edilmiştir (Ünel, 2018). Kavakta ise 44 gen çiftinin segmental, 9 gen çiftinin tandem duplikasyona uğradığı raporlanmıştır (Yer, 2017). Çalışmaların ışığında, *Hsp60* ailesinin ağırlıkla segmental duplikasyon olayları sonucu genişlediği sonucuna varılabilir.

6.1.4 CpHsp70 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri

Yapılan biyoinformatik analizler sonucunda kabak genomunda 28 adet *CpHsp70* geni tespit edilmiştir. Belirlenen proteinlerin moleküler ağırlıkları 45,4-184,8 kDa arasında değişmekte olup, ortalama 76 kDa büyüklüğünde oldukları saptanmıştır. Proteinlerin teorik izoelektrik noktalarının çoğunlukla pH $\leq$ 7 olduğu görülmüştür. Kararlı (15 adet) ve kararsız (13 adet) protein sayılarının birbirine yakın olduğu belirlenmiştir. Literatürde *Hsp70* ailesi üzerine yapılan çok sayıda çalışma mevcuttur. Çalışmalar incelendiğinde, her bitkide değişen sayıda *Hsp70* geni tanımlandığı belirlenmiştir. Son

zamanlarda yapılan genom çapında çalışmalar incelendiğinde patateste 20 (Jia Liu vd., 2018), üzümde 33 (Xinna Liu, Chen, Li ve Wang, 2022), papayada (*Carica papaya*) 12 (Le vd., 2022), kinoada (*Chenopodium quinoa*) 16 (Jianxia Liu vd., 2018), maş fasulyesinde (*Vigna radiata*) 32 (Jasrotia vd., 2020), salatalıkta 12 (X. Chen vd., 2021) ve 14 (Ünel, 2018); karpuzda 12 (M. Keleş, 2018); kavakta 34 (Yer, 2017), sorgumda 30 (Amare ve Kebede, 2021), domateste (*S. lycopercicum*) 23 (Abbas vd., 2022; Sappah vd., 2021), *Dendrobium catenatum*'da 10 (X. Zhao vd., 2021), lahanada (*Brassica oleracea* var. *capitata*) 52 ve başka bir çalışmada 20 (Z. Liang, Li, Liu ve Wang, 2019; Su vd., 2019); arpada 17 (Chaudhary vd., 2019); kanolada (*Brassica napus*) 47, *B.rapa'da* 29 (Z. Liang vd., 2019) ve başka bir çalışmada *B.rapa'da* 28 (Tabusam vd., 2022), mısırda 22 (Jiang vd., 2021), tütünde (*Nicotiana tabacum*) 61 (Song, Pan, Lou, vd., 2019), hünnapta (*Z. jujuba*) 21 adet (Ceylan vd., 2021; Panzade vd., 2021). *Hsp70* geni tanımlanmıştır. Ayrıca çalışmamızda da tespit edildiği gibi, tanımlanan tüm *Hsp70* aile üyelerinin çoğunlukla asidik ve kararlı proteinler olduğu görülmüştür. *CpHsp70* genlerinin 20 adet kabak kromozomu üzerinde eşit dağılım göstermediği gözlenmiştir. En çok *CpHsp70* geni 6.ve 13. kromozomlarda yer alırken; 7 adet kromozomda hiçbir aile üyesi yerleşim göstermemektedir. Benzer şekilde *Hsp70* genlerinin, patateste 12 kromozomun 10'una (Jia Liu vd., 2018); üzümde 19 kromozomun 16'sına (Xinna Liu vd., 2022), salatalıkta 7 kromozomdan 5'ine (Chen vd., 2021; Ünel, 2018), karpuzda 11 kromozomdan 7'sine (M. Keleş, 2018) dağılım gösterdiği rapor edilmiştir. *Hsp70* genlerinin kromozomlar üzerinde farklı yoğunluktaki dağılımı evrimsel süreçte meydana gelen genetik varyasyonları işaret etmektedir (Song, Pan, Lou, vd., 2019).

CpHsp70 genlerinin korunmuş motif organizasyonu analiz edildiğinde, proteinlerin 5-10 arasında değişen sayıda ve nispeten uzun motifler içerdiği belirlenmiştir. Genlerin ekzon-intron yapısı incelendiğinde; intron içermeyen (5 gen), yalnızca 1 adet intron içeren (*CpHsp70-7* ve *19*), 5-9 adet intron içeren (16 gen) ve 10 adetten fazla intron içeren (5 gen) gen grupları tespit edilmiştir. CpHsp70 ailesine ait filogenetik ağacın üç ana gruptan (Grup I, II, IIIa ve IIIb) meydana geldiği belirlenmiştir. Grup I'i oluşturan *CpHsp70-22* ve *CpHsp70-24* genlerinde 8 adet intron bulunduğu ve gen uzunluklarının birbirine yakın olduğu gözlenmiştir. Grup II'nin ise *CpHsp70-04* dışında, kısa ekzon bölgeleri içeren uzun genlerden meydana geldiği görülmüştür.

Filogenetik ağacın en geniş kümesi Grup III, 2 alt gruba (Grup III a ve b) ayrılmıştır. İntron içermeyen genlerin tamamı IIIb alt grubunda yer almaktadır. Ayrıca Grup III'deki genlerin ekzon bölgelerinin diğer gruplara kıyasla daha uzun olduğu belirlenmiştir. Diğer gen ailelerinde olduğu gibi filogenetik ağacın aynı grubunda bulunan genlerin motif sayı ve organizasyonu ile ekzon-intron sayı ve organizasyonunun benzer olduğu gözlenmiştir. Örneğin, *CpHsp70-01* ve *CpHsp70-21* ile *CpHsp70-17* ve *26* genlerinin ekzon-intron yapısı ile motif organizasyonu benzerdir ve bu genlerin tamamı Grup IIIb'de yer almaktadır. Literatürdeki çalışmalarda da ekzon-intron dağılım modelleri ile filogenetik ağaçtaki gruplandırmanın korelasyon gösterdiği desteklenmiştir (Abbas vd., 2022; Büyük ve Okay, 2022; Chen vd., 2021; Jiang vd., 2021; Le vd., 2022; Liu vd., 2018; Song, Pan, Lou, vd., 2019).

CpHsp70 proteinlerinin 3 boyutlu homoloji modelleme analizi sonucunda, 15 protein modellenmiş ve modellenen tüm proteinlerde α-sarmal yapının baskın olduğu tespit edilmiştir. Domates, kenevir, *Brassica rapa*, hünnap, salatalık, karpuz ve kavak bitkilerinde tespit edilen Hsp70 proteinlerinde de α-sarmal yapının yoğunlukta olduğu belirtilmiştir (Abbas vd., 2022; Büyük ve Okay, 2022; Ceylan vd., 2021; M. Keleş, 2018; Tabusam vd., 2022; Ünel, 2018; Yer, 2017). Hsp70 proteinlerinin korunmuş yapısında C terminalde bulunan peptid bağlayıcı domainin (nükleotid bağlanma domaini), bir α-sarmal kapak içerdiği bilinmektedir (A. K. Verma vd., 2019). Hsp70 proteinlerinde öne çıkan α-sarmal baskın yapısının, C terminalde yer alan bu korunmuş kapak yapısı ile ilişkili olduğu düşünülebilir.

Gen ontoloji analizi sonucunda CpHsp70 proteinlerinin öncelikle bağlanma (ATP, yanlış katlanmış ya da katlanamamış protein, ısı şoku proteini ve metal iyon bağlama) fonksiyonunun öne çıktığı, ardından katalitik aktivite (glikosil transferaz, 1-deoksi-d-ksilüloz-5-fosfat sentaz, 2-alkenal redüktaz aktiviteleri) ve protein katlama (şaperon) moleküler fonksiyonlarının mevcut olduğu belirlenmiştir. CpHsp70 proteinleri hücre içinde pek çok kısımda yer almakla birlikte en fazla nükleus, kloroplast, membran kısımları ve sitozolde bulunmaktadır. Proteinlerin görev aldığı biyolojik süreçler arasında protein yeniden katlanması, metabolik süreçler (tiamin, terpenoid, 1-deoksi-d-ksiloz 5-fosfat ve hücresel makromolekül biyosentezleri, fukoz metabolik süreci)

bulunmaktadır. Domateste yapılan ontoloji çalışmasında SlHsp70 proteinlerinin özellikle integral membranın parçası olduğu ve hücre taşımasının düzenlenmesi, ATP bağlama, nükleotid bağlama, iyon bağlama, oksidoredüktaz aktivitesi ve abiyotik strese yanıt oluşturma gibi süreçlerde görev aldığı belirtilmiştir (Abbas vd., 2022). Salatalık, maş fasulyesi ve *B. rapa* Hsp70 proteinlerinin öne çıkan moleküler fonksiyonları bağlanma ve katalitik aktivite olmuştur. Bununla birlikte hücresel yerleşiminde özellikle membranla ilişkili kısımlar, hücre parçası, hücre ve organellerde yer aldığı belirtilmiştir (Jasrotia vd., 2020; Tabusam vd., 2022; Ünel, 2018). Hem çalışmamız hem de literatürdeki birbiri ile uyumlu gen ontoloji verileri ışığında, Hsp70 proteinlerinin moleküler fonksiyonları ve membranla ilgili yerleşimlerinin bitkilerde evrimsel süreçte korunmuş olduğu söylenebilir.

Protein-protein etkileşim bulguları değerlendirildiğinde, en çok etkileşim gösteren proteinin ERDJ2A DnaJ proteini (XP_004140746.1) olduğu görülmüştür. CpHsp70-18 ve CpHsp70-10 proteinleri ise CpHsp70 ailesi içinde en fazla etkileşim gösteren üyeler olmuştur. J proteinleri, Hsp70 şaperon sisteminin koşaperonları olarak görev yaparlar. Hsp70'in işleyeceği proteinler ile etkileşimini stabile etmekten sorumlu olan Hsp70-ATPaz aktivitesini uyarır (A. K. Verma vd., 2019). Hsp70-J protein kompleksi, protein katlanması, hücre zarları boyunca yer değiştirme ve protein degredasyonu gibi pek çok hücresel süreçte görev alır. Çevresel stres koşulları altında fonksiyonel doğal konformasyonları yeniden kurarak, protein homeostazının korunmasında kritik bir rol oynarlar (Rajan ve D'Silva, 2009). ERDJ2A, endoplazmik retikulumda yerleşim gösteren J proteinlerinden (ER resident J proteins-ERdjs) bir tanesidir. Arabidopsis'te *AtERdj2A* geninin polen çimlenmesi ve tüp uzaması esnasında protein sekresyonu sağlayan housekeeping bir gen olabileceği bildirilmiştir (Ohta ve Takaiwa, 2014; Yamamoto, Maruyama, Endo ve Nishikawa, 2008). En çok etkileşim gösteren CpHsp70 proteinlerinin de gen ontoloji analizine bakıldığında bağlanma, protein katlama ve hücresel yanıt süreçleri ile ilişkili olduğu ve literatürdeki Hsp70-J işlevleri ile örtüştüğü protein-protein etkileşim analizi sonucu belirlenmiştir.

CpHsp70 gen transkriptleri ve miRNA ilişkisi incelendiğinde; miR167 ve mir396'nın *CpHsp70* gen transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA'lar, *CpHsp70-27'nin* ise en çok hedeflenen transkript olduğu görülmektedir. Goswami vd. (2014) çalışmasında

yüksek sıcaklık stresi sonucunda buğday bitkisinde hem ısıya duyarlı hem de dayanıklı türde endorsperm dokularında *miR167* ve *Hsp70* gen ifade seviyelerinin arttığını bildirmiştir (Goswami, Kumar ve Rai, 2014). Soyada yapılan çalışmada miR167'nin tohum ve kök gelişiminde; miR396'nın ise kök meristemi düzenlenmesi, primer ve lateral kök biyogenez süreçlerinde düzenleyici rol aldığını belirtilmiştir (Gupta vd., 2021; Z. Sun vd., 2016). *CpHsp70-27* geninin fonksiyonel anotasyonu incelendiğinde hücre duvarı biyogenezi/düzenlenmesi ve mitotik hücre döngüsü gibi biyolojik süreçlerde etkin olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Hsp70/Hsp90 şaperonlarının miRNA'ların biyogenezinde rol aldığı bilinmektedir (T. Li, Gonzalez, Inzé ve Dubois, 2020). Bu verilerden yola çıkarak tespit edilen miRNA'lar ve hedef transkriptler arasındaki ilişkiyi anlamak mümkündür.

CpHsp70 genlerinin ortolog gen analizi sonucunda; *Arabidopsis*, soya ve kavak ile 25 çift, çeltik ile 19 çift gen ortolog olarak tespit edilmiştir. Türler arası ilk ayrım 135 MYÖ ile çeltikte olurken, en son ayrım ise 42 MYÖ ile soya ile olmuştur. *CpHsp70* genlerinin duplikasyon analizi sonucunda 12 gen çiftinin segmental duplikasyon ile çoğaldığı ve genomun genişlemesinde tandem duplikasyonun bir rolü olmadığı belirlenmiştir. Literatürde *Hsp70* ailelerinin duplikasyon olayları incelendiğinde genlerin ağırlıkla segmental duplikasyon ile çoğaldığı görülmüştür. Patateste 2 adet segmental, 3 adet tandem (Jia Liu vd., 2018); üzümde sadece 16 adet segmental (Xinna Liu vd., 2022); lahanada yalnızca 1 gen çifti tandem, 25 gen çifti segmental (Su vd., 2019). *B. napus'da* 46 adet segmental, 1 adet tandem; *B.rapa'da* 25 segmental, 2 adet tandem duplikasyon tespit edilmiştir (Z. Liang vd., 2019).

6.1.5 CpHsp90 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri

10 adet üyesi bulunan *CpHsp90* gen ailesi, *CpHsp* gen aileleri içinde en küçük grubu oluşturmaktadır. Genom çapında yapılan pek çok çalışmada, *Hsp90* ailesinin *Hsp* gen aileleri içinde en az üyesi olan grup olduğu vurgulanmıştır. Salatalıkta 7 (Ünel, 2018) ve 6 gen (Chen vd., 2021; Zhang vd., 2021); karpuzda 6 gen (M. Keleş, 2018), cin darısında 9 gen (R. K. Singh vd., 2016), hünnapta 6 gen (Ceylan vd., 2021); buğdayda 18 (A. Kumar vd., 2020), kavakta 12 (Yer, 2017), çay bitkisinde 7 (Jiangfei Chen vd.,

2018) adet gen tespit edilmiş ve bu rakamların o organizmalar için diğer *Hsp* gruplarına kıyasla en az olduğu görülmüştür.

CpHsp90 proteinlerinin fizikokimyasal özellikleri incelendiğinde, çoğunlukla asidik karakterde ve kararlı yapıda oldukları saptanmıştır. Peptid uzunluklarının 220-1383 aa ve moleküler ağırlıklarının 25-156,6 kDa arasında değiştiği belirlenmiştir. Arpada (Chaudhary vd., 2019), tütünde (Song, Pan, Yang, vd., 2019), İngiliz çiminde (Appiah vd., 2021), zeytinde (Bettaieb, Hamdi ve Bouktila, 2020), nohut, fasulye, güvercin bezelyesi, *Lotus japonicus* ve *Medicago truncatula*'yı kapsayan çalışmada (Agarwal vd., 2016) tanımlanan tüm Hsp90 genlerinin teorik izoelektrik noktalarının asidik olduğu tespit edilmiştir. Cucurbit ailesinin diğer üyeleri olan karpuz ve salatalıkta da benzer özellikler rapor edilmiştir (M. Keleş, 2018; Ünel, 2018). Cucurbit ailesine ait kapsamlı bir diğer çalışmada salatalık, kavun, karpuz, kestane kabağı, su kabağı, kış kavunu, acı kavun, lif kabağı bitkilerinde Hsp90 genlerinin fizikokimyasal özellikleri analiz edilmiş ve kestane kabağında tespit edilen 2 protein dışında tüm üyelerin asidik ve çoğunlukla kararlı yapıda olduğu belirtilmiştir. Aynı çalışmada Hsp90 proteinlerinin salatalıkta 631-817 aa, kavunda 86-783 aa, karpuzda 259-817 aa, kestane kabağında 373-1459 aa, su kabağında 699-1471 aa, kış kavununda 421-816 aa, lif kabağında 699-818 aa, acı kavunda 701-817 aa uzunluğunda olduğu raporlanmıştır (K. Zhang vd., 2021). Bu verilere dayanarak Hsp90 proteinlerinin fizikokimyasal özelliklerinin hem Cucurbit ailesinin genelinde hem de pek çok organizmada korunmuş olduğu söylenebilir.

CpHsp90 genlerinin kromozomal yerleşimine bakıldığında 3 adet genin 14. kromozomda yer aldığı, geri kalan genlerin ise 1., 4., 5., 7., 8., 11., 13. kromozomlarda yerleşim gösterdiği görülmüştür. Salatalıkta 1. kromozomda 2 gen, 2., 3., 5. ve 6. kromozomlarda birer *Hsp90* geni yerleşim göstermiştir (K. Zhang vd., 2021). Salatalıkta yapılan diğer bir çalışmada ise 1. ve 3. kromozomlarda 2 gen; 2., 5., 6. kromozomlarda birer gen şeklinde dağılım belirlenmiştir (Ünel, 2018). Karpuzda *Hsp90* genlerinin kromozomal dağılımı 3. kromozomda 3 gen, 1., 2. ve 8. kromozomlarda birer gen şeklinde bulunmuştur (M. Keleş, 2018). Cin darıda (R. K. Singh vd., 2016), tütünde (Song vd., 2019) ve çeltikte de (Hu vd., 2009) *Hsp90*

genlerinin tüm kromozomlara dağılmadığı hatta bazı kromozomlarda genlerin kümelendiği belirtilmiştir.

CpHsp90 ailesinin duplikasyon analizinde *CpHsp90-05* ve *CpHsp90-08* genleri dışında tüm üyelerin segmental duplikasyon ile duplike olduğu belirlenmiştir. Literatürde *Hsp90* ailesinin duplikasyon olayları incelendiğinde, salatalık *Hsp90* genlerinde 1 çift genin tandem, 3 çiftin ise segmental duplikasyona katıldığı ifade edilmiştir (Ünel, 2018). Zhang vd., (2021) çalışmasında salatalık genomuna yalnızca 1 adet tandem duplikasyonun katkısı olduğunu, segmental duplikasyonun ise etkisi bulunmadığını belirtmiştir (K. Zhang vd., 2021). Lahanada 3 paralog gen çifti tespit edilmiş ve tümünün tandem duplikasyon geçirdiği ifade edilmiştir (Sajad vd., 2022). Cin darı bitkisinde hem segmental hem de tandem duplikasyon katılan birer gen çifti saptanmıştır (R. K. Singh vd., 2016). Tütünde 6 (Song, Pan, Yang, vd., 2019), zeytinde 5 (Bettaieb vd., 2020), kavakta 3 (J. Zhang vd., 2013) paralog gen çiftinin bulunduğu belirtilmiştir. Bu bulgular doğrultusunda *Hsp90* gen ailesinin her türde farklı şekilde genişlediğini ifade edilebilir.

CpHsp90 genlerinin yapısı ekzon-intron organizasyonu açısından ele alındığında ailenin genelinde kısa ekzon bölgeleri görülmektedir. Genlerin tamamında ise intron bulunmaktadır. *CpHsp90-10* (1 intron), *CpHsp90-05* ve *CpHsp90-09* (3 intron), *CpHsp90-08* (5 intron) genleri dışında ailenin diğer üyeleri sayısı 12-22 arasında değişen intron bölgesi içermektedir. İntronlar; alternatif kırpılma, intron-aracılı enhencerlar ve doğal seleksiyon etkinliğini arttırarak gen ifadesinin düzenlenmesi ve kararlılığında kritik rol üstlenmektedir (Deshmukh vd., 2016; Jo ve Choi, 2015) Salatalıkta tespit edilen *Hsp90* genlerinin yapısı ekzon-intron açısından ele alındığında çalışmamıza benzer şekilde genlerin bir kısmında en fazla 5 adet, bir kısmında ise kısa ve çok sayıda (≥16) intron bölgesine rastlanmıştır (X. Chen vd., 2021). Benzer intron düzeni arpada (Chaudhary vd., 2019), kavakta (Yer, 2017), patlıcanda (Gong vd., 2021) ve 8 Cucurbit üyesini kapsayan çalışmada da saptanmıştır (K. Zhang vd., 2021). Ekmeklik buğdayda tanımlanan *TaHSP90.7, TaHSP90.10* ve *TaHSP90.4* genlerinde 19 adet intron bulunduğu ve bu sayının tüm *TaHsp*'ler içinde en yüksek olduğu belirlenmiştir (A. Kumar vd., 2020).

CpHsp90 proteinlerinin motif organizasyonu incelendiğinde ise, sayıları 5-10 arasında değişen farklı motifler içerdikleri tespit edilmiştir. Proteinlerin tamamında N terminalde motif 1-3-2; C terminalde ise çoğunda motif 8-4-5 organizasyonu görülmüştür. Filogenetik ağaçta CpHsp90 proteinlerinin, Grup I (CpHsp90-10), Grup II (CpHsp90-01, 03 ve 07) ve Grup III'de (CpHsp90-02, 04, 05, 06, 08 ve 09) kümelendiği belirlenmiştir. Diğer CpHsp ailelerinde olduğu gibi Hsp90 ailesinde de aynı sıra, sayı ve türde motif içeren genlerin filogenetik ağaçta aynı alt grupta yer aldığı görülmüştür. Literatürde pek çok çalışma ile doğrulanan bu durum, aynı alt gruptaki üyelerin benzer işlevlere sahip olabileceğini işaret etmektedir (Sajad vd., 2022; Yer, 2017; Zhang vd., 2021).

CpHsp90 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapı analizi sonucunda, 5 CpHsp90 proteininin yüksek homoloji ile modellendiği ve bu proteinlerin yapısında α-sarmal katlanmanın yoğunlukta olduğu görülmüştür. Literatürdeki çalışmalar incelendiğinde, zeytinde 12 adet (Bettaieb vd., 2020), bir orkide türü olan *Dendrobium officinale*'de 4 adet (H. Wang vd., 2022), Cucurbit ailesinden ise salatalıkta 6 adet (Ünel, 2018), karpuzda 3 adet (M. Keleş, 2018) Hsp90 proteinin modellenebildiği ve bu organizmalarda da baskın sekonder yapının α-sarmal katlanma olduğu belirtilmiştir. Bitkilerde Hsp90 proteinlerinin yapıları incelendiğinde N terminalde ATP bağlanma domaini, orta domain ve C terminalde dimerizasyon domaini olmak üzere 3 temel bölge içerdiği görülmektedir. Hsp90 şaperonunda domainler arasındaki etkileşimin sağlanmasında ve ATP tarafından tetiklenen konformasyonel değişikliğin gerçekleşmesinde α-sarmal katlanmanın etkisi olduğu söylenebilir (Z.-S. Xu vd., 2012).

CpHsp90 proteinlerinin gen ontolojisi değerlendirildiğinde, büyük ölçüde bağlanma (ATP, metal iyon ve katlanmamış protein bağlama, protein homodimerizasyon) işlevi olduğu ve bunun yanında yapısal molekül (ribozomun yapısal bileşeni) olarak görev aldığı tespit edilmiştir. Moleküler işlevleriyle paralel olarak protein katlanma, translasyon, strese yanıt, lokalizasyon (stromaya protein taşınması) gibi metabolik ve biyolojik süreçlerde rol aldıkları belirlenmiştir. Daha önce yapılan çalışmalarda farklı organizmalarda tanımlanan Hsp90 proteinlerinin moleküler fonksiyonları ve dahil oldukları biyolojik süreçlerin bulgularımızla uyumlu olduğu görülmüştür (Bettaieb

vd., 2020; Kumar vd., 2020; Li vd., 2020; Ünel, 2018). Evrimsel süreçte korunmuş olan Hsp90 şaperonlarının protein katlanması, hücre içi taşınma, korunmasına ve degradasyonuna yardımcı olma ve stres altında hücre sinyalizasyonunu uyarma gibi süreçlerde etkin olduğu literatürdeki çalışmalarda raporlanmıştır (Kadota ve Shirasu, 2012; Sangster ve Queitsch, 2005; Z.-S. Xu vd., 2012). CpHsp90 proteinlerinin gen ontoloji verilerinin literatürde yer alan çalışmalar ile örtüştüğü tespit edilmiştir.

CpHsp90 proteinlerinin protein-protein etkileşim ağı incelendiğinde en fazla etkileşim gösteren protein, 40S ribozomal proteini (XP_004136973.1) olmuştur. CpHsp90 proteinleri içinde ise en fazla etkileşim kuran protein CpHsp90-02 olarak tespit edilmiştir. CpHsp90-03 ve CpHsp90-07 5 adet; CpHsp90-06, CpHsp90-09 ve CpHsp90-10 4 adet; CpHsp90-08 ise 3 adet etkileşim ağına sahiptir. 20 etkileşimde bağlantısı tespit edilen CpHsp90-02'nin diğer CpHsp90 proteinlerinden belirgin şekilde ayrıldığı söylenebilir. CpHsp90-02'nin gen ontoloji verilerine bakıldığında ribozomun yapısal bileşeni olma, RNA'ya bağlanma işlevleri olduğu ve translasyon yeniden başlama kompleksinin (reinitiation complex) oluşması, protein katlanması gibi süreçlerde yer aldığı saptanmıştır. Thirumalaikumar vd. (2020), Arabidopsis'te yaptıkları çalışmada bitkilerde yüksek sıcaklık stresine karşı hafıza oluşması ve yüksek sıcaklık stresinden iyileşme süreçlerinde rol alan NBR1'in 58 farklı protein ile etkileşim ağı oluşturduğu belirtmiştir. Bu etkileşim ağında translasyon, proteoliz, metabolik süreçlerde rol alan proteinlerin yanında Hsp90'ı da içeren şaperonların ve koşaperonların da görev üstlendiği bildirilmiştir (Thirumalaikumar vd., 2021). Bu çalışmadan yola çıkarak, CpHsp90 proteinlerinin stres koşullarında protein katlanmasında rol almasının yanında, özellikle yüksek sıcaklık stresinde bitkiye hafıza kazandırmada da etkin olduğu söylenebilir.

CpHsp90 transkriptleri ve miRNA ilişkisi ele alındığında, miRNA'lar tarafından en fazla hedeflenen transkriptin *CpHsp90-04* olduğu belirlenmiştir. miR395'in ise *CpHsp90* gen transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA olduğu tespit edilmiştir. *CpHsp90-04* geninin ontoloji analizine bakıldığında protein katlanma sürecinde rol aldığı ve ATP ve katlanmamış protein bağlama işlevleri üstlendiği saptanmıştır. miR395'in strese yanıt ya da strese karşı tolerans geliştirme süreçlerinde rol oynadığı düşünülmektedir. Çeltikte kuraklık stresinde mir395'in ifade seviyesinin arttığı (Liguo

Zhou vd., 2010), bitkide sülfat metabolizmasında rol aldığı (Shukla, Chinnusamy ve Sunkar, 2008), arpada mir395'in bitki gelişmesi, morfolojisi ve çiçeklenme zamanına ilişkin genlerin ifadesini kontrol eden transkripsiyon faktörlerini hedef aldığı literatürde raporlanmıştır (Kantar vd., 2010).

CpHsp90 genlerinin Arabidopsis, soya, çeltik ve kavak genomlarında yer alan ortolog genlerini belirlemek amacı ile yapılan analizde tüm *CpHsp90* genlerinin seçilen organizmalar ile ortologlarının bulunduğu görülmüştür. Genlerin en yoğun olarak soyada ortolog karşılığı olduğu görülmüştür. Bununla birlikte *CpHsp90-02* geni seçilen tüm organizmalarda en fazla; *CpHsp90-06* ise en az ortolog karşılığı bulunan gen olarak tespit edilmiştir. Organizmaların evrimsel süreçte muhtemel birbirinden ayrılma zamanlarına bakıldığında; 142 milyon yıl önce ayrılan çeltiğin en erken; 53 milyon yıl önce ayrılan soyanın ise en geç ayrılan tür olduğu ortaya konmuştur.

6.1.6 CpHsp100 Ailesinin Biyoinformatik Analizleri

CpHsp100 ailesi 152 adet üyesi ile kabak genomunda tespit edilen 2. en geniş *Hsp* ailesi olmuştur. Genlerin fizikokimyasal özelliklerini ortaya koymak amacı ile yapılan biyoinformatik analizler sonucunda; moleküler ağırlıklarının 25,6-236,8 kDa, peptid uzunluklarının 234-2067 aminoasit arasında değiştiği belirlenmiştir. Çoğunlukla kararsız olduğu belirlenen CpHsp100 proteinlerinin teorik izoelektrik noktalarının ise ağırlıkla asidik olduğu tespit edilmiştir. Farklı organizmalarda tanımlanan Hsp100 ailesi büyüklüğü incelendiğinde ise; Cucurbit ailesinden salatalıkta 6 (X. Chen vd., 2021), başka bir çalışmada 17 (Ünel, 2018), karpuzda 102 (M. Keleş, 2018); ekmeklik buğdayda 84 (A. Kumar vd., 2020); arpada 8 (Chaudhary vd., 2019); kavakta 90 (Yer, 2017), kavakta yapılan bir diğer çalışmada 5 (J. Zhang vd., 2015); hünnapta 6 (Panzade vd., 2021); marulda 8 (Kim vd., 2021); patlıcanda 10 (Gong vd., 2021), çeltikte 10 (W. Hu vd., 2009), cin darısında 20 (R. K. Singh vd., 2016) adet gen rapor edilmiştir. Diğer organizmalarda yapılan *in silico* karakterizasyon çalışmalarında Hsp100 proteinlerinin her organizmada farklı moleküler ağırlık ve uzunlukta olmasına rağmen izoelektrik noktalarının tüm organizmalarda ağırlıkla asidik olduğu tespit edilmiştir. Örneğin salatalıkta yapılan 2 farklı çalışmadan Chen vd. (2021)'in tanımladığı Hsp100 proteinlerinin moleküler ağırlığı 82,74-175,15 kDa (X. Chen vd., 2021); peptid

uzunluğu 734-1552 aminoasit arasında değiştiği ve tanımlanan 6 proteinin 5 tanesinin izoelektrik noktasının asidik pH'da olduğu belirtilmiştir. Salatalıkta yapılan bir çalışmada ise proteinlerin 21-110 kDa ağırlığında (Ünel, 2018), 195-988 aminoasit uzunluğunda peptid dizisine sahip olduğu ve çoğunluğunun asidik olduğu ifade edilmiştir. Yine Cucurbit ailesinden karpuzda tespit edilen Hsp100 proteinlerinin 16,7-211,1 kDa ağırlığında 149-1911 aminoasit uzunluğunda ve çoğunlukla asidik olduğu saptanmıştır (M. Keleş, 2018). Hsp100 proteinlerinin arpada, cin darısında, patlıcanda çoğunluğunun; marulda ise tamamının izoelektrik noktasının pH 7'den küçük olduğu rapor edilmiştir (Chaudhary vd., 2019; Gong vd., 2021; Kim vd., 2021; R. K. Singh vd., 2016).

CpHsp100 genlerinin tüm kabak kromozomlarına dağılım göstermekle birlikte 1. (13 gen), 11. (12 gen), 2. ve 13. (11 gen) kromozomlarda daha fazla yoğunlaştığı görülmektedir. Literatürdeki çalışmalarda *Hsp100* genlerinin kromozomlardaki dağılımının eşit olmadığı görülmüştür. 7 kromozomu bulunan arpada 7. kromozom dışında tüm kromozomlarda *Hsp100* geni bulunduğu belirtilmiştir (Chaudhary vd., 2019). Cin darısında ise 9 kromozomdan 6'sında (1, 3, 5, 6, 7, 9. kromozomlar) dağılım gözlenmiştir (R. K. Singh vd., 2016). Zhang vd. (2015) kavakta tanımlanan *Hsp100* genlerinin 4., 6., 15. ve 17. kromozomlarda yer aldığını belirtirken (J. Zhang vd., 2015); aynı organizmada Yer vd., (2018) ise 7. ve 19 kromozomlar dışındaki kromozomlarda dağılım tespit etmiştir (Yer vd., 2018).

Ortolog ilişkiler incelendiğinde *CpHsp100* genleri ile en fazla ortolog çifti paylaşan organizma soya iken; çeltik en az ortolog geni içeren organizma olmuştur. Evrimsel süreçte ise kabağın en erken çeltikle en geç ise soya ile ayrıldıkları belirlenmiştir. *CpHsp100* genlerinin duplikasyon olayları incelendiğinde 11 adet tandem ve 53 adet segmental duplikasyon olayı tespit edilmiştir. Kabak genomunda en fazla üyesi olan ısı şoku gen aileleri *CpHsp40 ve CpHsp100* olmuştur. Bu durumun bu ailelerde tespit edilen duplikasyon olaylarının diğer *Hsp* ailelerine göre sayıca daha fazla olması ile ilişki olduğunu söylemek mümkündür. 2 farklı çalışmada kavakta *Hsp100* genleri tanımlanmış ve yapılan genom çapında çalışmalarda Zhang vd. (2015) 5 ve Yer (2017) 90 adet *Hsp100* geni tespit etmiştir. Yer (2017) çalışmasında 9 *PtHsp100* geninin tandem, 63 genin ise segmental duplikasyona katıldığını belirtilmiştir (Yer, 2017).

Aynı çalışmada, bulgularımızla benzer şekilde *Hsp100* ailesinin *Hsp40*'tan sonra gelen en geniş gen ailesi olduğu vurgulanmıştır. Literatürde *Hsp100* genlerinin duplikasyon olaylarına bakıldığında hem tandem hem de segmental duplikasyonunun genomun genişlemesine katkı sağladığı gözlenmiştir. Salatalıkta bir çalışmada1 adet segmental diğer bir çalışmada ise 6 adet tandem, 5 adet segmental; cin darısında ise 1 adet segmental duplikasyon rapor etmiştir (Chen, 2021; R. K. Singh vd., 2016; Ünel, 2018). Bununla birlikte buğdayda *TaHsp100* genlerinin %25'inin tandem duplikasyondan kaynaklandığı belirtilmiştir (A. Kumar vd., 2020).

CpHsp100 gen yapısı ekzon-intron düzeni açısından ele alındığında 3 ana kalıp göze çarpmaktadır: İntron içermeyen genler; çok sayıda, kısa ekzon içeren genler ve ekzon bölgeleri nispeten uzun olup az intron içeren genler. CpHsp100 proteinlerinin motif organizasyonu incelendiğinde ise ailenin genelinde kısa motiflerin bulunduğu ve motif sayısının 1-8 arasında değiştiği belirlenmiştir. Ayrıca motif 6-1-3-4-8-2-7-5 ve motif 10-1-9 kalıbının proteinlerin çoğunluğunda var olduğu tespit edilmiştir. CpHsp100 proteinlerinin filogenetik ağaçta dağılımı incelendiğinde ise 3 ana grupta toplandığı tespit edilmiştir. Filogenetik ağacın en kalabalık grubu 100 adet CpHsp100 proteini içeren Grup III olmuştur. İntron içermeyen genlerin tamamının Grup IIIb'de; ekzon bölgeleri nispeten uzun olan genlerin çoğunlukla Grup II'de yer aldığı saptanmıştır. Grup I'in tamamı çok sayıda, kısa ekzon içeren genlerden oluşmakla birlikte, bu genlerin filogenetik ağacın tüm gruplarında bulunduğu tespit edilmiştir. Daha önce yapılan çalışmalarda ekzon-intron sayılarının ve dağılımının grup içinde farklılık gösterdiği rapor edilmiştir. Cin darısında *Hsp100* genlerinin ekzon sayıları 3-15, marulda 2-12, patlıcanda 5-17, arpada ise 4-12 arasında değiştiği belirtilmiştir. Çalışmamızda olduğu gibi filogenetik ağaçta aynı grupta olan genlerin yapısal benzerlikleri dikkat çekmektedir ve bu durum bu genlerin benzer işlevleri yürütebileceğini düşündürmektedir (Chaudhary vd., 2019; Gong vd., 2021; Kim vd., 2021; R. K. Singh vd., 2016).

CpHsp100 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısı incelediğinde 71 adet proteinin homoloji modellemesi ile modellenebildiği ve modellenen tüm proteinlerde hâkim yapının α-sarmal katlanma olduğu görülmüştür. Hsp100 proteinleri, AAA+ (ATPases Associated with various cellular Activities-çeşitli hücresel aktivitelerle ilişkili

ATPazlar) protein ailesinin altında yer alan şaperonlardır. AAA modülü, α-sarmal domain ve Walker tipi nükleotid bağlama bölgesi içeren ~200-250 amino asitlik temel bir yapının varlığı ile tanımlanır (Bukau, Weissman ve Horwich, 2006; U. Lee vd., 2006). Bu yapı sayesinde protein substratını ATP'ye bağımlı bir şekilde yeniden şekillendirebilirler. Aynı aileden olan salatalık ve karpuzda tespit edilen Hsp100 proteinlerinde de α-sarmal katlanmanın öne çıktığı bildirilmiştir (M. Keleş, 2018; Ünel, 2018). Bu veriler ışığında çalışmamızda modellenen protein yapılarının, literatürde belirtilen yapı ile uyum içinde olduğu görülmüştür.

CpHsp100 genlerinin ontoloji analizi sonucunda sırası ile bağlanma (metal iyon, ATP, protein bağlama), katalitik aktivite (metalloendopeptidaz, ATP bağımlı peptidaz aktivitesi) ve ATPaz işlevlerinin bulunduğu tespit edilmiştir. Genlerin rol aldıkları biyolojik süreçler arasında ise transkripsiyonun düzenlenmesi, mitokondri organizasyonu, proteozomal protein katabolik süreci, ubikitin bağımlı ERAD yolağı, hücre iskeleti organizasyonu, proteinlerin hücre içi taşınması öne çıkmaktadır. CpHsp100 proteinlerinin hücrede özellikle membran bileşeni, nükleusta, sitozolde, kloroplast, mitokondri ve proteozom düzenleyici parçacık olarak yer aldığı GO analizi sonucunda belirlenmiştir. AAA+ süper ailesinin üyesi olan ClpB/Hsp100 proteini ATP hidrolizi sonucu enerji üretir ve bu enerji strese (özellikle sıcaklık stresine) maruz kalarak yanlış katlanmış protein kümelerinin dağıtılmasında kullanılır. Ayrıca Hsp70 ve sHsp proteinleri iş birliği ile doğal duruma uygun şekilde yeniden katlanmadan da sorumludur (Gul vd., 2021). Arabidopsiste Hsp101 proteininin sıcaklık stresi kaynaklı protein kümelerinin temizlenmesinde merkezi bir rol üstlendiği tespit edilmiştir. Aynı çalışmada bu proteinlerin, artan proteozomal alt birimler ve protein ubikitinlenmesi ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (McLoughlin, Kim, Marshall, Vierstra ve Vierling, 2019). Bizim verilerimizle paralel şekilde Arabidopsis, pirinç ve soyada yer alan ClpB/Hsp100 proteinlerinin hücre içinde yerleşim yerleri sitoplazma, mitokondri ve kloroplast olarak daha önce yapılan çalışmalarda rapor edilmiştir (Kumar vd., 2016; Lee vd., 2006; Singh vd., 2010).

CpHsp100 protein-protein etkileşim ağı değerlendirildiğinde; CpHsp100-64, proteozom α-alt birim proteini (XP_004146150.1) ve CpHsp100-122 proteinlerinin en fazla etkileşim kuran proteinler olduğu saptanmıştır. CpHsp100-64 ve CpHsp100-122

genlerinin fonksiyonel anotasyonuna bakıldığında her ikisinin de öne çıkan işlevlerinin bağlanma olduğu, CpHsp100-122'nin ayrıca katalitik aktivite işlevinin bulunduğu tespit edilmiştir.

CpHsp100 transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar incelendiğinde miR395 ve miR169'un öne çıktığı belirlenmiştir. miRNA'lar tarafından en fazla hedeflenen transkriptlerin ise *CpHsp100-120, CpHsp100-40* ve *CpHsp100-112* olduğu tespit edilmiştir. miR169'un yalnızca *CpHsp100* transkriptlerini hedef alması, Hsp100 ailesini diğer gruplardan ayırt eden bulgulardandır. miR169'un kuraklık stresi ile ilişkili olduğu çeltik, Arabidopsis ve domateste yapılan çalışmalarda ortaya konmuştur (Keller, Schleiff ve Simm, 2020; Li vd., 2008; Zhao vd., 2007). miR395'in arpada transport inhibitör yanıtında rol aldığı ve hedef proteinleri arasında AFB2 (auxin signaling F-box 2) ve auxin-responsive factor TIR1-like protein olduğu rapor edilmiştir (Kantar vd., 2010). Ayrıca bitkide sülfat asimilasyonunda ve organizmada dağılımında rol oynadığı bilinmektedir (Chiou, 2007). Salatalıkta kuraklık stresinde rol alan miR169'un NFY-A-1 benzeri transkripsiyon faktörünü; miR395'in ATP sülfürilazı hedef aldığı not edilmiştir (C. Li, Li, Bai, He ve Yu, 2016). Hedef alınan transkriptlerden yalnızca *CpHsp100-120*'nin gen ontoloji sonucu elde edilmiş olup ATPaz, hidrolaz ve bağlanma aktivitelerinin bulunduğu tespit edilmiştir.

6.1.7 CpHsf Ailesinin Biyoinformatik Analizleri

Kabak genomunda yapılan analizler sonucunda 77 adet *CpHsf* geni tespit edilmiştir. Literatürdeki Cucurbitaceae ailesi üyelerine ait çalışmalardan salatalıkta 23 (X. Chen vd., 2021)ve balkabağında 36 adet (Shen ve Yuan, 2020); farklı ailelere ait organizmalardan Japon kayısısında (Wan vd., 2019) ve şeftalide 18 (Tan vd., 2021), kavakta 28 (J. Zhang vd., 2015), fasulyede 30 (Q. Zhang vd., 2022) başka bir çalışmada 29 (Mallick vd., 2022), patlıcanda 20 (J. Wang vd., 2020), marulda 32 (Kim vd., 2021) arpada (Mishra vd., 2020) ve sarı kantaronda (*Hypericum perforatum*) 23 adet (Li Zhou vd., 2021) *Hsf* geni tanımlanmıştır. Kabak genomunda tespit edilen *Hsf* gen sayısının diğer organizmalara kıyasla daha fazla olduğu belirlenmiştir. Bu durumun gen tespit etme aşamasında, beklenti ve benzerlik değerlerinin 60 ve üzeri ($\geq e^{-60}$ ve $\geq$%60) alınarak Blastp sorgusu yapılmasından kaynaklı olabileceği

düşünülmektedir. Ayrıca genomun genişlemesinin muhtemel bir nedeninin ise duplikasyon olayları olduğu bilinmektedir ve *CpHsf* genlerinin diğer organizmalara oranla duplikasyon olaylarına daha fazla dahil olduğu tespit edilmiştir.

Tespit edilen CpHsf proteinlerinin fizikokimyasal özellikleri incelendiğinde ise; moleküler ağırlıklarının 8,4-207,9 kDa aralığında olmakla birlikte, ailenin çoğunlukla 60 kDa'dan küçük üyelerden meydana geldiği tespit edilmiştir. Kavakta da benzer şekilde PtHsf-A1c proteini (65 kDa) dışında tüm üyelerin; marulda ise tümünün 60 kDa'dan küçük olduğu belirtilmiştir (Kim vd., 2021; J. Zhang vd., 2015). Kabak ile aynı aileye üye olan salatalıkta tespit edilen Hsf proteinlerinin ortalama 41 kDa, balkabağında ise 49,7 kDa büyüklüğünde olduğu not edilmiştir (Chen vd., 2021; Shen ve Yuan, 2020) ve kabakta tespit edilen CpHsf proteinleri büyüklüğü (41 kDa) ile uyumlu olduğu görülmüştür. Proteinler teorik izoelektrik noktaları açısından değerlendirildiğinde çoğunlukla asidik pH'da olduğu saptanmıştır. Literatürde de tespit edilen Hsf proteinlerinin çoğunlukla asidik olduğu bulgusu verilerimiz ile örtüşmektedir (Chen vd., 2021; Kim vd., 2021; Mallick vd., 2022; Shen ve Yuan, 2020; Wang vd., 2020; Zhang vd., 2015; Zhou vd., 2021).

CpHsf genlerinin tüm kabak kromozomları üzerinde yer aldığı belirlenmiştir. 5. ve 15. kromozomlar sırasıyla üzerinde en fazla (7 adet) ve en az (1 adet) *CpHsf* geni bulunduran kromozomlar olmuştur. Bununla birlikte genlerin kromozomlar üzerinde homojene yakın bir dağılım sergilediği görülmektedir. Fasulyede *Hsf* genlerinin 11 kromozomun 8'inde; kavakta 19 kromozomun 17'sinde; balkabağında 21 kromozomun 19'unda; salatalık ve arpada 7 kromozomun tamamında yer aldığı belirlenmiştir (Chen vd., 2021; Mallick vd., 2022; Mishra vd., 2020; Shen ve Yuan, 2020; Zhang vd., 2015).

CpHsf genlerinin seçilen organizmalar ile ortolog ilişkileri incelendiğinde, sırası ile soya, kavak, *Arabidopsis* ve çeltik ile en fazla ilişki kurduğu belirlenmiştir. Kabak ile evrimsel süreçte muhtemel ayrılma zamanlarına bakıldığında ise en erken ayrılan organizmanın 117 MYÖ ile çeltik olduğu, en geç ayrılan türün ise 21 MYÖ ile kavak olduğu tahmin edilmiştir. *Hsf* genlerinin duplikasyon olayları incelendiğinde kabakta 34 gen çiftinin duplikasyona katıldığı; bunlardan 2 çiftin tandem geri kalanın ise

segmental duplikasyon olduğu tespit edilmiştir. Literatürde mısır (Haider vd., 2021), *Sorbus pohuashanensis* (D. Zhao vd., 2022), dev bambuda (*Phyllostachys edulis*) (B. Huang vd., 2021) yapılan çalışmalarda segmental duplikasyonun öne çıktığı vurgulanmıştır. Diğer Cucurbitaceae üyelerinden balkabağında 18, salatalıkta ise 10 adet gen çiftinin duplike olduğu ve yoğunlukla segmental duplikasyonun görüldüğü ifade edilmiştir (Chen vd., 2021; Shen ve Yuan, 2020). Bu bilgiler ışığında *Hsf* gen ailesinin genişlemesinde özellikle segmental duplikasyonun etkin olduğu söylenebilir.

CpHsf proteinlerine ait filogenetik ağaçta, proteinlerin Grup I, Grup IIa ve IIb, Grup IIIa ve IIIb şeklinde kümelendikleri belirlenmiştir. Grup I'de yer alan genlerin ekzon-intron sayı ve diziliminde iki organizasyon gözlenmiştir: İlkinde ortalama 2,5 kb uzunluğunda olan *CpHsf-13, 16, 22, 43* ve *59* genlerinde 4-5 adet ekzon bulunurken; ikinci organizasyonda ise *CpHsf-20, 48, 58 ve 61* genlerinin 5,5 kb uzunluğunda olduğu ve 4-13 arasında değişen sayılarda daha kısa ekzon bölgeleri içerdiği görülmektedir. Grup IIIa ve b'deki üyelerin ağırlıkla 2 ekzon içeren ortalama 2 kb uzunluğundaki genler olduğu tespit edilmiştir. Grup II, ekzon-intron sayısı ve dağılımı açısından en fazla çeşitlilik gösteren grup olmuştur. İntron içermeyen *CpHsf-71* ve 50 adet ekzon içeren *CpHsf-26* genleri dışında grupta ekzon sayıları 2-10 arasında değişmektedir. Tüm bu çeşitliliğe rağmen filogenetik ağaçta aynı nodla birbirine bağlı genlerin ekzon-intron düzeninin benzer olduğu dikkat çekmektedir. *CpHsf* genlerinin %44'ünün 2 ekzon içerdiği ve bu genlerin büyük bölümünün filogenetik ağaçta Grup III'de kümelendiği saptanmıştır. CpHsf proteinlerinin çoğunlukla 50 amino asitten oluşan ve sayıları 1-4 arasında değişen korunmuş motif içerdiği belirlenmiştir. Ailenin genelinde proteinlerin N-terminalde motif 3-1-2 kalıbını bulunması dikkat çekmektedir. Salatalıkta tespit edilen *Hsf* genlerinin %82'si, balkabağındakilerin ise %72'sinin 2 adet ekzon içerdiğini belirtmiştir. Ayrıca salatalıkta *CsHsf-17,* balkabağında *CmHsf-12 ve* çalışmamızda da *CpHsf-26* genlerinin ekzon-intron organizasyonun genel kalıbın dışında çok daha fazla ekzonik bölge içerdiği belirtilmiştir. Bu durum ilgili genlerin özel işlevleri olabileceğini düşündürmektedir (X. Chen vd., 2021; Shen ve Yuan, 2020). Aynı çalışmalarda, kabak genlerinde tespit edilene benzer şekilde N-ucunda korunmuş motifler saptanmış ve yapılan domain analizi çalışmaları ile bu motiflerin DNA bağlanma domaini (DNA binding domain, DBD) olduğu belirtilmiştir. *Hsf* genlerinin ekzon-intron organizasyonu ve motif

düzeninin evrimsel süreçte oldukça korunmuş olduğu (Kim vd., 2021; Mallick vd., 2022; Zhang vd., 2015; Zhou vd., 2021; Zhao vd., 2022) ve çalışmamızda elde edilen verilerin literatür ile uyumlu olduğu saptanmıştır.

Gen ontoloji analizi sonucunda *CpHsf* genlerinin; bağlanma, transkripsiyon regülasyonu ve katalitik aktivite moleküler işlevlerinin bulunduğu belirlenmiştir. Proteinlerin metabolik, hücresel süreçlerde rol aldığı ve biyolojik süreçlerin düzenlenmesi, uyaranlara yanıt oluşumu ile ilişkili olduğu tespit edilmiştir. *CpHsf* proteinlerinin ağırlıkla nükleusta, takiben sitoplazma ve membranlarda yer aldığı saptanmıştır. Protein-protein etkileşim ağı incelendiğinde en fazla etkileşim gösteren, bifonksiyonel dihidrofolat redüktaz-timidilat sentaz benzeri (bifonksiyonel DHFR-TS-XP_004148833.1) protein olmuştur. Hsf proteinleri içinde ise CpHsf-62 ve CpHsf-26'nın en fazla etkileşim kuran proteinler olduğu görülmüştür. Bu proteinlerin pek çok hücresel biyosentez süreci ile glisin-serin, tetrahidrafolat, azotlu bileşik metabolik süreçlerinde rol aldığı anotasyon analizi sonucu tespit edilmiştir. Her iki Hsf proteininin etkileşim haritasında bifonksiyonel DHFR-TS ve aminometil transferaz enzimlerinin bulunduğu etkileşimin en yoğun olduğu kısımda yer aldığı görülmektedir. Bitkilerde görülen epigenetik modifikasyonlardan biri DNA metilasyonudur. DNA metilasyonu gen ifadesi ve splicing düzenlenmesinde rol oynar. DNA metilasyonunda metil donörü olarak S-adenozil-l-metionin (SAM) kullanılmaktadır. Bitkilerde folat döngüsü ve SAM döngüsü birbiri ile etkileşim halinde ilerlemektedir. SAM prekürsörü metionin, folat metabolizması sonucu sentezlenmektedir ve bifonksiyonel DHFR-TS proteini bitkilerde folat metabolizmasında rol alan anahtar enzimlerden biridir (R. M. vd., 2020). Anotasyon verileri ve protein-protein etkileşim bulguları ışığında, CpHsf-62 ve CpHsf-26 proteinlerinin folat metabolizmasında etkin görev üstlenebileceği sonucuna varılabilir. Hsf proteinlerinin bitkilerde düşük ve yüksek sıcaklık (X. Chen vd., 2021), ağır metal (Q. Zhang vd., 2022), UV (Kim vd., 2021) gibi abiyotik stres koşullarında düzenleyici olarak rol aldığı bilinmektedir. Çalışmamızda da birbiri ile en çok etkileşimde olan Hsf proteinlerin (CpHsf-69, CpHsf-72, CpHsf-64, CpHsf-34) yüksek sıcaklık stresine yanıt süreci ile ilişki olduğu protein-protein etkileşim haritasında dikkat çekmektedir. Literatürde fasulye, salatalık, balkabağı ve sarı kantaron bitkilerinde yapılan çalışmalarda yüksek sıcaklık stresinde *Hsf* ifade düzeyinin değiştiği ve çoğunlukla

arttığı belirtilmiştir (Chen vd., 2021; Mallick vd., 2022; Zhang vd., 2022; Zhou vd., 2021). Etkileşim ağı ve anotasyon sonucu stres yanıtı ile ilişkili olduğu düşünülen bu proteinlerin ekspresyon analizi yapıldığı takdirde ifade düzeylerinde farklılık görmek muhtemeldir.

CpHsf ailesinden 16 adet proteinin üç boyutlu yapısı ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik ölçütlerine uygun şekilde modellenebilmiştir. Modellenen proteinlerinde β-kırmalı tabakalar bulunmakla birlikte hâkim yapının α-sarmal katlanma olduğu tespit edilmiştir. CpHsf proteinlerine benzer 3D yapı, Haider vd., (2021) mısırda (Haider vd., 2021), Huang vd., (2021) dev bambu bitkisinde (B. Huang vd., 2021) rapor etmiştir. Hsf yapısındaki oldukça korunmuş olan DNA bağlanma domaininde α-sarmal demeti ve 4 adet antiparalel β-kırmalı tabaka modelinin ayırt edici olduğu çalışmamız ve daha önce yapılan çalışmalarda görülmektedir.

CpHsf transkriptleri ve miRNA ilişkisi ele alındığında, *CpHsf-26* gen transkriptlerinin en fazla hedef alınan transkript; miR395'in ise *CpHsf* gen transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA olduğu tespit edilmiştir. *CpHsf-26* geni ekzon-intron düzeni açısından incelendiğinde, diğer *CpHsf* genlerinden ayırt edici şekilde fazla ve kısa ekzon bölgesi içermesi ile öne çıkmaktadır. Aynı zamanda protein-protein etkileşim ağında en fazla etkileşim kuran proteinlerden biri olarak dikkat çekmektedir. Etkileşim ağı ve GO analizi verilerinden yola çıkarak, CpHsf-62 proteini ile özellikle kükürtün metabolize edildiği folat metabolizmasında ve azotlu bileşik metabolik süreçlerinde görev aldığını tahmin etmekteyiz. mir395'in kükürt metabolizma yolağında rol alan ATP sülfürilaz (*APS* geni) ve sülfat transporter 2 (*SULTR2/AST68*) proteinlerini hedef aldığı belirtilmiştir. Böylelikle bitkide sülfatın taşınmasında ve metabolizmasında rol üstlendiği rapor edilmiştir (G. Liang, Yang ve Yu, 2010; Shukla vd., 2008). *CpHsf* genlerine ait miRNA-hedef transkript verileri ile protein-protein etkileşim sonuçlarının birbirini tamamladığı görülmektedir.

6.2 *CpHsp* ve *CpHsf* Genlerinin Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Çalışmamızda yüksek sıcaklık stresi koşullarında her iki çeşitte *CpsHsp-08* geninin ifade seviyesinin arttığı görülmektedir. Bununla birlikte Cordelia çeşidinde kat artışlarının Seyden çeşidine göre daha fazla olması dikkat çekmektedir. Benzer ifade profili Huang vd. (2019) çalışmasında ısıya duyarlı ve dayanıklı kırmızı biber hatlarında *CaHSP16.4* geninde gözlenmiştir. Sıcaklık stresi için ısıya duyarlı ve dayanıklı fideler 40 °C'de inkübe edilmiş ve 0., 0,5., 1., 2., 4. ve 6. saatlerde örnekleme yapılmıştır. Kuraklık stresi ise 0,3 M mannitol kullanılarak indüklenmiş ve örnekleme 0., 3., 6., 12. ve 24. saatlerde yapılmıştır. Yüksek sıcaklık stresi altında *CaHSP16.4* gen ifadesinin ısıya dayanıklı hatta duyarlıya göre daha yüksek olduğu ifade edilmiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise *CaHSP16.4* gen ifadesinin ilk saatlerde azaldığı daha sonra önemli ölçüde arttığı belirtilmiştir (L.-J. Huang vd., 2019). Yüksek sıcaklıkta *CpsHsp-21* gen ifadesi ise Seyden çeşidinde ilk yarım saatte belirgin ölçüde artmış, 1. saatte artış miktarı düşmüş ve 2. saatte gen ifadesi kontrole göre azalmıştır. *sHsp* gen ifadesi, farklı organizmalarda yüksek sıcaklık stresi altında farklı zaman dilimlerinde artış gösterebilmektedir. Örneğin; soyada gen ifadesi en yüksek seviyesine stresten maruz kaldıktan hemen sonra ulaşırken; mısırda ise bu süre 20 saati bulmuştur (Kimpel, Nagao, Goekjian ve Key, 1990; YRJ. Lee, Nagao, Lin ve Key, 1996). Bununla birlikte *CpsHsp-21* grafiğine benzer ifade profili yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres altında karpuz *ClasHSP-23* geninde tespit edilmiştir. İfadenin erken dönemde keskin bir şekilde artması strese verilen ilk reaksiyon olması ile ilişkilendirilebilir (Altunoğlu vd., 2019). Balkabağında yüksek sıcaklık stresinde (42°C) *CmoHSP20* genlerinin transkript seviyeleri yaprak örneklerinde 24 saatlik uygulama için tespit edilmiştir. Gen ifadesinin çoğunlukla artış gösterdiği; özellikle kısa süreli sıcaklık stresinde (3 saat) bazı genlerde ifade seviyelerinin yaklaşık 300 kat arttığı rapor edilmiştir. Stresin erken döneminde *sHsp* gen ifadesinin artışı Seyden çeşidi *CpsHsp-21* geni ve balkabağı *sHsp* genlerinin çoğunluğu için geçerli olmuştur. Cordelia kabak çeşidinde ise ilerleyen zamanla birlikte ifade artışı belirgin hale gelmiştir. Balkabağında incelenen transkriptlerden *CmoHSP20-33* ile kabak *CpsHsp-21* geninin Cordelia çeşidinin oluşturduğu gen ifade grafiği uyum içindedir (Y. Hu vd., 2021). *CpsHsp-21* geninin güvercin bezelyesindeki (*Cajanus cajan*) ortologları *CcsHSP17.5a, c* ve *f* genleri olarak belirlenmiştir. Ramakrishna vd. (2022) çalışmasında sıcaklık stresi altında *CcsHSP* gen ifade profilinin artış ve azalış gösteren olmak üzere 2 grupta toplandığını belirtmiştir. *CpsHsp*-21'nin ortologu *olan*

CcsHSP17.5a, c ve *f* genlerinin de yüksek sıcaklık stresi ile ifade seviyelerinin arttığı belirtilmiştir. Kuraklık stresinde ise aynı genlerin farklı ifade profili gösterdiği belirlenmiştir. *CcsHSP17.5c* ve *CcsHSP17.5f* genlerinin ifade seviyeleri bizim çalışmamıza benzer şekilde kuraklık stresi ile artarken; *CcsHSP17.5a* gen seviyesi ise azalmıştır (Ramakrishna vd., 2022). *CpsHsp-08* geninin transkriptom verileri incelendiğinde ifade seviyesi artışının meyve oluşumu ısı haritası ile uyumlu olduğu görülmektedir. Bununla birlikte biyotik stres altında *CpsHsp-08* geninin ifadesinin düşük olduğu gözlenmiştir. Trankriptom ve qPCR ifade analizleri birlikte değerlendirildiğinde; *CpsHsp-08* geninin abiyotik stres koşullarında aktif rol aldığı, biyotik stres altında ise etkin görev üstlenmediği sonucuna varılabilir. *CpsHsp-21* geninin ısı haritaları incelendiğinde hem gelişimsel hem de biyotik stres koşullarında gen ifadesinin yüksek olduğu ve bu durumun qPCR sonucu elde edilen ifade profili ile uyum içinde olduğu görülmüştür. Bu tablo *CpsHsp-21* geninin, bitkinin normal gelişim basamaklarının yanında abiyotik ve biyotik stres koşullarında kritik rol üstlenen bir gen olduğunu düşündürmektir.

CpHsp40 ailesinden seçilen genlerin stres koşulları altında ifade profilleri incelendiğinde; *CpHsp40*-27 gen ifadesinin genel olarak arttığı, *CpHsp40*-36'nın ise kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında arttığı, yüksek sıcaklıkta ise dalgalanma gösterdiği saptanmıştır. Yüksek sıcaklık stresi altında *CpHsp40-27* gen ifadesinin her iki çeşitte 2. saatte belirgin bir şekilde artış gösterdiği tespit edilmiştir. *CpHsp40*-27 geninin çeltikteki ortologu olan LOC_Os03g19200 geninin kuraklığa hassas çeltik genotipinde kök dokusunda ifadesinin arttığı; kuraklığa dayanıklı genotipte ise ifade seviyesinde değişkenlik görüldüğü rapor edilmiştir (Gour vd., 2022). Rizhsky vd. (2004) çalışmalarında Arabidopsiste yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi için yapılan transkriptom analizinde bir *DnaJ* geni olan *At1g71000*'in ifadesinin stres altında 4,8 kat arttığı belirlenmiştir (Rizhsky vd., 2004). Yüksek sıcaklık-kuraklık stresi için belirlenen bu profil, çalışmamızda *CpHsp40*-36 grafiği ile uyum göstermektedir. Huş ağacında *BpHSP7, BpHSP8, BpHSP9, BpHSP10, BpHSP11, BpHSP12* ve *BpHSP13* genlerinin *DnaJ* ailesinin üyesi olduğu tespit edilmiştir. Aynı çalışmada yüksek sıcaklık stresi altında yaprak dokusunda *BpHSP10, BpHSP11, BpHSP12* gen ifadelerinde azalma belirlenirken; *BpHSP7, BpHSP8, BpHSP9, BpHSP13* gen ifadelerinde artış görülmüştür. Yüksek sıcaklık stresi

koşullarında hem gövde hem de yaprak dokusunda ifadesi belirgin şekilde artan *BpHSP9* geninin antioksidan enzim aktivitesini etkileyerek bitkiye sıcaklık toleransı ve stres cevabı oluşumunda katkı sağladığı ifade edilmiştir (Z. Liu vd., 2018). Biberde yapılan çalışmada benzer şekilde *CaDnaJ* genlerinin çoğunluğunun (%73, 49/67) yüksek sıcaklık stresi altında gen ifadesinde artış belirlenmiştir. *CaDnaJ* genlerinin stres koşulu altında ifade seviyelerinde değişim gözlenmesi ve biyoinformatik çalışmalarda tespit edilen promotördeki cis elementlerin abiyotik streslerle ilişkili TC-zengin, HSE, MBS motiflerini içeriyor oluşu bu genlerin yüksek sıcaklık stres cevabında görev aldığını düşündürmektedir (F. Fan vd., 2017). Çeltikte 24 saatlik kuraklık stresinde, J-protein genlerinin özellikle stres periyodunun 3. ve 6. saatlerinde ifade seviyelerinin maksimuma ulaştığı rapor edilmiştir. Bununla birlikte aynı koşullarda gen ifadesi 24. saatte maksimuma ulaşan genler ve düşük transkripsiyon seviyesinde bulunan genlerin de mevcut olduğu belirtilmiştir (Luo vd., 2019). *CpHsp40*-27 ve *CpHsp40*-36 genlerine ait ısı haritaları incelendiğinde; *CpHsp40*-36 geninin tüm durumlarında ifade seviyesinin yüksek olduğu, *CpHsp40*-27 geninin ise yalnızca biyotik stresin 24. ve 48. saatlerinde ifade seviyesinde artış olduğu görülmektedir. Transkriptom verileri ile qPCR ifade profilinin özellikle yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında her iki gen için uyumlu olduğu söylemek mümkündür.

CpHsp60 ailesinden seçilen *CpHsp60-29 ve CpHsp60-34* genlerinin ifade seviyesi kuraklık stresinde her iki çeşitte artış göstermiştir. Transkriptom verileri değerlendirildiğinde ise *CpHsp60-29* gen ifadesinin hem meyve oluşumu ve sekresyon hem de biyotik stres karşısında ifadesinin düşük olduğu tespit edilmiştir. *CpHsp60-34* geninin ifadesinin ise normal gelişim aşamaları ve biyotik strese ait ısı haritalarında yüksek olduğu belirlenmiştir. Özellikle biyotik stresin 48 ve 96. saatlerindeki kat artışları, yüksek sıcaklık stresine maruz kalan örneklerin ifade profillerinde olduğu gibi yüksektir. Bu durum *CpHsp60-34* geninin hem biyotik stresle hem de yüksek sıcaklık ile mücadele süresince etkin görev alan bir gen olabileceğini işaret etmektedir. Diğer bir dikkat çeken nokta Seyden çeşidinde yüksek sıcaklık stresi altında kat artışının Cordelia çeşidine göre daha yüksek olmasıdır. *CpHsp60-29* geninin ifadesi 2. saatte 75,93 kat artarken *CpHsp60-34* geninin ifadesi en yüksek seviyelere stres uygulamasının erken dönemlerinde ulaşmıştır. Yüksek sıcaklık stresinde Seyden

çeşidinde her 2 genin ifadesi artmıştır. Bununla birlikte Cordelia çeşidinde *CpHsp60-29* gen ifadesi artarken; *CpHsp60-34* gen ifadesi tüm saat dilimlerinde azalmıştır. Seçilen genlerin ifade profillerinde bir diğer dikkat çeken nokta ise yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinde her iki çeşitte ilk yarım saatte ifadenin arttığı 1. saatte azaldığı ve 2. saatte yeniden artmış olmasıdır. Arabidopsiste yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinde DNA-Chip analizinde *At5g56500* (Rubisco şaperonin) 4,1 kat; *At5g18820* (Şaperonin 60 alfa zinciri) 3,1 kat; *At3g23990* (Mitokondriyal şaperonin Hsp60) 2 kat; *At3g13470* (Şaperonin 60 beta) 2,5 kat artış gösterdiği belirlenmiştir (Rizhsky vd., 2004). Sorgumda yaprak dokusunda yüksek sıcaklık stresinde *SbHSP60-3* ve *SbHSP60-9* genlerinin ifadeleri artarken; *SbHSP60-1, 2, 6, 24* ve *SbHSP10-2, SbHSP10-5* gen ifade seviyelerinin azaldığı belirtilmiştir. Aynı çalışmada kuraklık stresinde ise *SbHSP60-1, 3, 6, 9* ve *24* gen ifadelerinin arttığı, *SbHSP60-2, SbHSP10-2* ve *SbHSP10-5* gen ifadelerinin ise azaldığı ifade edilmiştir (Nagaraju vd., 2020). Hsp60 gen ifadesinin yüksek sıcaklık ile artışı, stres koşulları nedeni ile mitokondriyal işlev kaybının üstesinden gelme sürecindeki olası rolü ile ilişkilendirilmiştir (Kokkanti vd., 2019). Lakra vd. (2018) tuzluluğa duyarlı (IR64) ve dayanıklı (Pokkali) çeltik genotiplerine 0-72 saat boyunca 20 mM tuz stresi uygulayarak proteom analizi yapmıştır. Bu çalışmada *CpHsp60-34* geninin ortologlarından *LOC_Os06g09679.1* geninin, tuz stresinde erken stres döneminde hassas genotipte protein ifadesinin arttığı; dayanıklı genotipte ise ifadede azalma olduğu görülmektedir (Lakra, Kaur, Anwar, Singla-Pareek ve Pareek, 2018). Bu veriler ışığında *CpHsp60-34* geninin ifade profilinin yüksek sıcaklık ve tuz stresi altında benzer olduğu söylenebilir.

CpHsp70-20 geninin ifadesinin her iki çeşitte tüm stres koşulları altında arttığı tespit edilmiştir. Transkriptom verileri incelendiğinde de *CpHsp70-20* geninin biyotik stres etmeni karşında özellikle 48 ve 96. saatlerde ifade seviyesinin arttığı görülmektedir. Transkriptom verisi ile uyumlu olarak özellikle yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinde gen ifadesinde artış gözlenmiştir. Bu artışın her iki çeşitte yüksek sıcaklıkta ilk yarım saatte; kuraklık stresinde 1. saatte, yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinde ise 2. saatte en yüksek seviyeye ulaştığı belirlenmiştir. Karpuz yaprak dokusunda yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinde *ClaHSP70-07* gen ifadesinin maksimuma ulaştığı zaman dilimi 1. saat olarak belirlenmiştir (Altunoğlu vd., 2019). Kuraklığa duyarlı ve dayanıklı kavak klonlarında 13 adet *Hsp70* geninin ifadesi

kuraklık stresi altında yaprak örnekleri için incelenmiş ve *PtHsp70-16* ve *PtHsp70-26* dışındaki genlerin transkripsiyon seviyelerinde kontrole göre düşüş rapor edilmiştir (Yer, Baloglu, Ziplar, Ayan ve Unver, 2016). Zhang vd. (2015) soyada tespit edilen 61 adet *GmHsp70* geninden 30'unun kuraklık stresinde; 55 tanesinin ise yüksek sıcaklıkta ifadesinde artış olduğunu bildirmiştir. Bununla birlikte *GmHsp70* gen ifade seviyelerinin maksimuma ulaştığı saat dilimlerine göre genler 4 grupta toplanmıştır. Kuraklık stresinde 1. gruptaki genlerin ifadesi stresten 6 saat sonra artmaya başlamış ve 12. saatte maksimuma ulaştığı görülmüştür. Yüksek sıcaklık stresinde ise 3. grupta yer alan genlerin ifadesinin erken periyotta (3. saatte) artış göstermiştir (J. Zhang vd., 2015). Belirtilen ifade grafikleri çalışmamızda tespit edilen ifade profilleri ile örtüşmektedir. *CpHsp70-20* geninin çeltikte belirlenen ortologu *LOC_Os11g47760.1 (OsHsp71.18)* geninin ifadesinin kuraklık ve yüksek sıcaklık streslerinde analizi yapılan tüm saatlerde (3., 6., 12., 24. saatler) artış gösterdiği, maksimum ifade düzeylerine ise sırasıyla 24 ve 12. saatlerde ulaştığı tespit edilmiştir (Ye vd., 2012).

CpHsp90-08 gen ifadesinin Cordelia çeşidinde kuraklık stresi altında ilk 30 dakikada azalması dışında, her 2 çeşitte tüm stres koşulları ve zaman dilimlerinde kontrole kıyasla artış gösterdiği tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık stresi altında *Hsp90* gen ifadesinde artış literatürde soya (J. Xu vd., 2013), inci darısı (*Pennisetum glaucum*) (Reddy vd., 2011), salatalık (K. Zhang vd., 2021) ve asmada (Banilas, Korkas, Englezos, Nisiotou ve Hatzopoulos, 2012) yapılan analizlerde de rapor edilmiştir. Özellikle Xu ve Wang (2022) çalışmasında *CpHsp90-08* ifade grafiğine benzer şekilde ilk 30 dakikada *GmHsp90* transkript seviyelerinde belirgin bir artış olduğu bildirilmiştir. Aynı çalışmada %20 PEG ile oluşturulan kuraklık stresi ile incelenen tüm genlerin ifadesinin arttığı görülmüştür. *GmHsp90A1* ve *GmHsp90A2* genlerinin 3. saatten sonra, diğer *GmHsp90* genlerinin ise 1. saatte ifadesinin artmaya başlayıp 12. saatte maksimuma ulaştığı görülmektedir (K. Xu ve Wang, 2022). Hem çalışmamız hem de soyada yapılan çalışmada elde edilen veriler doğrultusunda, kuraklık stresine karşı yüksek sıcaklığa kıyasla nispeten daha geç cevap oluşturulduğu söylenebilir. *CpHsp90-08* geninin soyada tespit edilen ortologu *Glyma.09G131500.1 (GmHsp90A1)* geninin *GmHsp90A2* ile etkileşime geçerek sıcaklık stresinde cevap oluşumuna, klorofil kaybında azalma ve MDA birikimi süreçlerine katkı sağladığı tespit edilmiştir (Y. Huang vd., 2019). *CpHsp90-08* geninin ifade seviyesinde en

belirgin kat artışı 88,18 kat ile yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinde gerçekleşmiştir. Literatürde domates (Raja, Qadir, Alyemeni ve Ahmad, 2020) ve tütünde (Rizhsky vd., 2002) yapılan çalışmalarda ifade seviyesindeki kat artışının kombine streste ayrı ayrı stres koşullarına nazaran daha yüksek bulunması (domateste 6-8 kat, tütünde 359 kat) çalışmamızdaki verileri desteklemektir.

CpHsp100 ailesinden ifade analizi için seçilen *CpHsp100-26* ve *CpHsp100-101* genlerinin ifade seviyelerinin her iki çeşitte yüksek sıcaklık ve kuraklık streslerinde indüklendiği belirlenmiştir. Bu durum kabakta sıcaklık ve kuraklık streslerinde oluşan cevap mekanizmasının benzer olduğuna işaret etmektedir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres durumunda ise Seyden çeşidinde her iki genin ifadesinin erken dönemde azalıp 2. saatte arttığı tespit edilmiştir. Cordelia çeşidinde her iki gende ifadenin 30. dakikada belirgin şekilde arttığı görülmüştür. *CpHsp100-101* geninin kavaktaki ortologlarından *Potri.017G084000.1* geninin sıcaklık stresi ile ifadesinde 9,93 kat artış tespit edilmiştir (Jinhuan Chen, Yin ve Xia, 2014). *Arabidopsiste* tespit edilen ortolog genlerden *AT5G15250.1*'in RNA-Seq verilerinde yüksek sıcaklık stresinde indüklendiği bildirilmiştir (Sedaghatmehr, Mueller-Roeber ve Balazadeh, 2016). Mısırda bulunan ortolog *Zm00001d037232* geninin ise kuraklık stresinde ifadesinde artış belirlenmiştir (R. M. vd., 2020). *CpHsp100-26*'nin Çin lahanasındaki ortologu olan *Hsp100 (KLPS-34A08)* geninin ifadesi yüksek sıcaklık stresinde test edilen tüm zaman dilimlerinde artış göstermiştir (J. Lee vd., 2010). Salatalıkta tanımlanan 6 *CsHsp100* geninin yüksek sıcaklık altında ifadesi RNA-seq analizi ile incelenmiş ve ifadenin 4 gende yüksek sıcaklıkla indüklendiği görülmüştür (X. Chen vd., 2021). Ekmeklik buğdayın kuraklığa dayanıklı (Katya) ve duyarlı (Sadovo) varyetelerinde yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinin ifade profili üzerine etkisi SDS-PAGE analizi ile incelenmiş ve dayanıklı varyetede Hsp100 ifadesinin duyarlıya kıyasla %7 daha yüksek olduğu bildirilmiştir (Grigorova, Vaseva, Demirevska ve Feller, 2011). Çalışmamızda kombine stres altında Cordelia çeşidindeki kat artışlarının Seyden çeşidine kıyasla daha yüksek olduğu belirlenmiştir ve bu bulgular Grigorova vd. (2011) verileri ile uyum göstermektedir.

CpHsf-68'in gen ifadesi her iki çeşitte ve tüm stres koşulları altında artış gösterirken; *CpHsf-05'in* ifadesinin koşullar ve zaman parametrelerine göre ile değişim gösterdiği

tespit edilmiştir. *CpHsf-68* geninin çeltikteki ortologu *OsHsfA2e* geninin yüksek sıcaklık stresinde ifade seviyesinde genotipe göre farklılık belirlenmiştir. Test edilen 6 genotipten 4'ünün gen ifadesinin stresin şiddeti ile azaldığı; 2 genotipte ifade seviyesinde ise artış gözlendiği tespit edilmiştir (Chandel, Dubey ve Meena, 2013). Yüksek sıcaklık stresi altında *Hsf'ler*, *Hsp* genlerini aktive ederek sıcaklık stresine karşı savunma mekanizmasının oluşmasında rol alırlar (P.-S. Li vd., 2014). Çalışmamızda yüksek sıcaklık stresi altında hem *Hsf* ve hem de *Hsp* gen ifadelerinin çoğunlukla artması, stres cevabı oluşumunda birbiri ile bağlantılı olduklarını işaret etmektedir. Japon kayısısında tanımlanan 18 adet *Hsf* geninin ifadesi qRT-PCR analizi ile 1., 2., 4., 8., 12. saatler için değerlendirilmiş ve transkript seviyelerinin değişken olduğu belirtilmiştir. 12 adet *PmHsf* geninin sıcaklık stresi ile ifade seviyesinin arttığı ve bu artışın 2 şekilde grafik çizdiği ifade edilmiştir: İfade seviyesi yavaşça artarak 8. ya da 12. saatte maksimuma ulaşan ve stresle birlikte hemen artarak zamanla ifadesi azalan genler (Wan vd., 2019). Çalışılan *CpHsf* genlerinin ifade profilinin yüksek sıcaklık stresi ile ifadesi erken periyotta belirgin şekilde artan 2. grup ile uyumlu olduğu belirlenmiştir. Balkabağında tanımlanan 36 adet *CmHsf* geninden 24'ünün yüksek sıcaklık stresi altında ifade seviyesinin arttığı; 12 genin ifadesinin ise belirgin şekilde azaldığı ifade edilmiştir (Shen ve Yuan, 2020). İtalyan çiminde de *LmHsf* genlerinin yüksek sıcaklık ile indüklendiği ve en belirgin artışların 0,5. ve 1. saatlerde görüldüğü belirtilmiştir (Ma vd., 2022). Sıcaklık stresine karşı oluşturulan erken cevap sürecinde *Hsf* genlerinin etkin olduğuna işaret etmektedir. Kuraklık stresinde Ma vd. (2022) çalışmalarında, sıcaklık stresinde olduğu gibi *Hsf* genlerinin indüklendiğini belirtilmiştir fakat ifade seviyelerinin sıcaklık stresine verilen tepkiden farklı olarak daha geç artış gösterdiği belirlenmiştir. Çalışmamızda da Seyden çeşidinde *CpHsf* genlerinin benzer bir ifade profili çizdiği görülmektedir. *CpHsf* gen ifadesinin kuraklıkla indüklendiği ve en yüksek kat artışına Seyden çeşidinde 2. saatte ulaşıldığı belirlenmiştir. Cordelia çeşidinde kuraklık stresi karşında *CpHsf-68*'in ifadesi tüm zaman dilimlerinde yakın artış değerleri gösterirken; *CpHsf-05'*de önce artış ardından ifadede düşüş görülmüştür. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında *CpHsf-05*'in ilk yarım saati dışında her iki çeşitte tüm periyotlarda gen ifadesinde artış görülmüştür. Bulgularımızla benzer şekilde, Ju vd. (2021) asmada yaptıkları çalışmada *Hsf* gen ifadelerinin hem yüksek sıcaklık hem de yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresinde belirgin şekilde arttığını rapor etmiştir (Ju vd., 2021).

CpHsp90-08, CpHsp100-26, CpHsp100-101, CpHsf-05 ve CpHsf-68 genlerine ait transkriptom verileri incelendiğinde bu genlerin biyotik stres altında ifadelerinde ya belirgin bir değişim gözlenmemiş ya da azalma tespit edilmiştir. qPCR verilerine bakıldığında ise bu genlerin ifadesinin çoğunlukla artış gösterdiği ve kat artışlarının özellikle Seyden çeşidinde yüksek olduğu belirlenmiştir. Bu veriler ışığında belirtilen genlerin öncelikli olarak abiyotik stres koşullarında indüklendiği sonucuna varılabilir.

Yüksek sıcaklık stresi koşullarında Cordelia ve Seyden çeşitlerinin gen ifade seviyeleri kıyaslandığında, çoğunlukla ilk yarım saat ve birinci saatlerde yüksek kat artışları belirlenmiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise ikinci saat sonucunda gen ifadelerinin diğer saatlere nazaran daha yüksek kat artışına sahip olduğu tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ise hem ilk yarım saat hem de ikinci saatlerde gen ifade seviyelerinin yüksek artış gösterdiği görülmüştür.

Seyden çeşidinde gen ifade seviyesi yüksek sıcaklık stresi altında özellikle ilk yarım saat ve birinci saatlerde belirgin derecede artış gösterirken, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ise bu artış ağırlıklı olarak ikinci saat sonunda gözlemlenmiştir. Cordelia çeşidinde ise yüksek sıcaklık stresi koşullarında ilk yarım saat ve ikinci saatlerde, kuraklık stresi koşullarında birinci saatte ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ise ilk yarım saatte genellikle en yüksek ifade seviyelerine ulaşılmıştır.

7. SONUÇ VE ÖNERİLER

İklim değişikliğinin son yıllarda ekilebilir tarım alanları ve mahsul üretimi üzerindeki olumsuz etkileri, tarımsal üretim ve gıda güvenliği açısından ciddi tehditler oluşturmaktadır. İklim değişikliğinin en dikkat çeken çıktıları olan yüksek sıcaklık ve kuraklık, bitkileri en fazla etkileyen abiyotik stres faktörleridir. Evrimsel süreçte bitkilerin moleküler ve hücresel işlevlerini yerine getirmek amacıyla geliştirdiği uyum ve strese yanıt mekanizmalarında yer alan sinyallerin, moleküllerin ve yolakların aydınlatılması, strese toleransı yüksek dayanıklı bitkilerin yetiştirilmesinde araştırmacılara kıymetli veriler sağlamaktadır. Moleküler şaperon olan Hsp'ler ve *Hsp* genlerinin kontrolünde rol üstlenen *Hsf* gen aileleri abiyotik strese karşı oluşturulan yanıt mekanizmasında yer alan öncelikli proteinlerdendir. Genom çapında çalışmalar bu mekanizmalarda yer alan moleküllerin *in silico* karakterizasyonunda ve ileri fonksiyonel analizlerde kullanılabilecek potansiyel genlerin belirlenmesine olanak sağlamaktadır.

Literatürde *Hsp* ve *Hsf* gen aileleri, farklı Cucurbitaceae ailesi üyeleri de dahil olmak üzere pek çok bitkide genom çapında çalışılmıştır. Kabak bitkisi genomunda bu gen ailelerinin tanımlanması ve karakterizasyonu araştırmalarımıza göre ilk kez bu tez çalışması ile yapılmıştır. Çalışmamızda *CpHsp* ve *CpHsf* gen aileleri ve proteinlerinin fizikokimyasal özellikleri, gen organizasyonu ve kromozomal lokasyonu, proteinlerin tahmini üç boyutlu yapı modelleri, korunmuş bölgeleri, filogenetik ve model organizmalarla olan ortolog ilişkileri, tandem ve segmental duplikasyon olayları, miRNA'lar ile olan ilişkileri, gen ontoloji analizleri ve protein-protein etkileşim haritaları *in silico* analizler ile kapsamlı şekilde aydınlatılmıştır. Kabak genomunda toplamda 464 adet *CpHsp* ve 77 adet *CpHsf* geni belirlenmiştir. Kabakta tespit edilen *Hsp* ve *Hsf* gen sayılarının birçok organizmaya kıyasla fazla sayıda olması, bu genlerin çoğunlukla segmental duplikasyon olaylarına katılması ve böylece genomun genişlemesi ile ilişkili olabileceği düşünülmektedir. Moleküler ağırlıklarına göre sınıflandırılan proteinlerin; genelde kararsız ve asidik karakterde olduğu, üç boyutlu yapısında ağırlıklı olarak α-sarmal katlanmanın hâkim olduğu belirlenmiştir. Aynı filogenetik grupta olan proteinlerin çoğunlukla benzer motif içeriğine ve ekzon-intron

organizasyonuna sahip olduğu gözlenmiştir. *Arabidopsis*, çeltik, soya ve kavak bitkileri arasında hem *CpHsp* hem de *CpHsf* genleri ile en fazla ortolog gen çifti paylaşan organizma soya bitkisi olmuştur. *CpHsp* ve *CpHsf* transkriptlerinin en fazla miR395, miR156 ve miR167 tarafından hedef alındığı gözlenmiştir. Hem normal fizyolojik hem stres koşullarında öncelikli görevi proteinlerin doğru katlanmasının düzenlenmesi olan *Hsp* ve *Hsf*'lerin, protein-protein etkileşim haritaları ve gen ontoloji analizlerinin bu veriyi doğrulayacak ve birbirini tamamlayacak şekilde bağlanma, katalitik işlevler ve katlanma gibi süreçlerle ilişkili olduğu saptanmıştır.

Çalışmanın moleküler kısmında kabakla ilişkili biyotik stres ve bitki gelişim aşamalarına ait açık RNA-seq verileri kullanılarak *CpHsp* ve *CpHsf* genlerinin ısı haritaları oluşturulmuştur. Isı haritaları incelendiğinde gen ifade seviyelerinin zamana ve dokuya özgü olarak değişiklik gösterdiği sonucuna varılmıştır. Elde edilen transkriptom verilerinden yola çıkarak abiyotik strese cevap mekanizmasında rol üstlenebilecek potansiyel genler her gen ailesi için belirlenmiş ve Seyden ve Cordelia F1 kabak çeşitlerinde bu genlerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ifade seviyeleri qRT-PCR yöntemi ile analiz edilmiştir. *CpHsp* ve *CpHsf* gen ifade profili incelendiğinde; ifadesi artan, azalan ve ifade seviyesinde zamanla dalgalanma gözlenen genler olmak üzere 3 grupta toplanabilir. Yalnızca Cordelia çeşidinde *CpHsp60-34* geninin ifade seviyesi yüksek sıcaklık stresi altında kontrole göre tüm zaman dilimlerinde azalma göstermiştir. Gen ifade profilindeki çeşitliliğin, dinamik bir süreç olan strese yanıt mekanizmasında rol üstlenen proteinlerin işlevlerinin farklılık göstermesi ile ilişkili olabileceği düşünülmektedir. Bununla birlikte bitkinin stres karşısında oluşturduğu yanıt mekanizmasında, incelenen genlerin çoğunlukla ifade seviyelerini arttırarak tepki verdiği söylenebilir. Özellikle *CpHsp70-20 ve CpHsf-68* genlerinin incelenen tüm stres koşullarında ifade seviyelerindeki artış, bu genlerin bitkiye abiyotik strese tolerans sağlama noktasında etkin olabileceğini düşündürmektedir. Gelecekteki çalışmalarda potansiyel aday genlerin işlevleri, stres yanıtındaki görevleri ve etkileşimleri, direnç mekanizmasına katkıları genom düzenleme, transformasyon gibi ileri fonksiyonel analizler aracılığı ile daha kapsamlı ele alınarak strese dirençli ürün geliştirilmesine katkı sağlanabilir.

KAYNAKLAR

Abbas, M., Li, Y., Elbaiomy, R. G., Yan, K., Ragauskas, A. J., Yadav, V., El-Sappah, A. H. (2022). Genome-Wide Analysis and Expression Profiling of SlHsp70 Gene Family in *Solanum lycopersicum* Revealed Higher Expression of SlHsp70-11 in Roots under Cd2+ Stress. *Frontiers in Bioscience-Landmark 2022, 27(6), 186*, *27*(6), 186. doi:10.31083/J.FBL2706186

Agarwal, G., Garg, V., Kudapa, H., Doddamani, D., Pazhamala, L. T., Khan, A. Thudi, M., Lee, S., Varshney, R. K. (2016). Genome-wide dissection of AP2/ERF and HSP90 gene families in five legumes and expression profiles in chickpea and pigeonpea. *Plant Biotechnology Journal*, *14*(7), 1563-1577. doi:10.1111/pbi.12520

Akbaş, D. Y. (2020, Temmuz). *In vitro Rejenerasyonu Sağlanan Kabak (Cucurbita pepo L.) Bitkilerinde Genetik Kararlılığın Moleküler Seviyede Değerlendirilmesi*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Marmara University, İstanbul.

Al-Khatib, K. ve Paulsen, G. M. (1999). High-Temperature Effects on Photosynthetic Processes in Temperate and Tropical Cereals. *Crop Science*, *39*(1), 119-125. doi:10.2135/CROPSCI1999.0011183X003900010019X

Altunoğlu, Y. Ç., Keleş, M., Can, T. H. ve Baloğlu, M. C. (2019). Identification of watermelon heat shock protein members and tissue-specific geexpression analysis under combined drought and heat stresses. *Turkish Journal of Biology*, *43*(6), 404-419. doi:10.3906/biy-1907-5

Al-Whaibi, M. H. (2011). Plant heat-shock proteins: A mini review. *Journal of King Saud University - Science*, *23*(2), 139-150. doi:10.1016/J.JKSUS.2010.06.022

Amare, K. ve Kebede, M. (2021). Stress Resistance Heat Shock Protein 70 (HSP70) Analysis in Sorghum (Sorghum bicolor L.) at Genome-Wide Level. *bioRxiv*. doi:10.1101/2021.11.22.469496

Anglès, F., Castanié-Cornet, M., Slama, N., Dinclaux M, Cirinesi, A., Portais, J. ve Genevaux P. (2017). Multilevel interaction of the DnaK/DnaJ (HSP70/HSP40) stress-responsive chaperone machine with the central metabolism. *Scientific reports*, *7*(1), 1-16.

Anonim. (2023a, 31 Ocak). https://www.syngenta.com.tr/Cordelia

Anonim. (2023b, 31 Ocak). http://manier.com.tr/tr/seyden/

Appiah, C., Yang, Z.-F., He, J., Wang, Y., Zhou, J., Xu, W.-Z., … Zhu, Y.-Q. (2021). Genome-Wide Identification of Hsp90 Gene Family in Perennial Ryegrass and Expression Analysis under Various Abiotic Stresses. *Plants*, *10*(11), 2509. doi:10.3390/plants10112509

Arslan, B., İncili, Ç. Y., Ulu, F., Horuz, E., Bayarslan, A. U., Öçal, M., Kalyoncuoğlu, E., Baloğlu, M., Altunoglu, Y. C. (2021). Comparative genomic analysis of expansin superfamily gene members in zucchini and cucumber and their expression profiles under different abiotic stresses. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, *27*(12), 2739-2756. doi:10.1007/S12298-021-01108-W/FIGURES/10

Aslan, F. (2021, Haziran). *Çerezlik Kabak (Cucurbita pepo L.) Hatlarının Düşük Sıcaklıkta Çimlenme Özelliklerinin Belirlenmesi*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Erciyes Üniversitesi, Kayseri.

Augustine, S. Ma. (2016). Function of Heat-Shock Proteins in Drought Tolerance Regulation of Plants. M. A. Hossain, S. H. Wani, S. Bhattacharjee, D. J. Burritt ve L. P. Tran (Ed.), *Drought Stress Tolerance in Plants, Volume 1* içinde (ss. 163-186).

Bailey, T. L., Boden, M., Buske, F. A., Frith, M., Grant, C. E., Clementi, L., Ren, J., Li, W., Noble, W. S. (2009). MEME Suite: tools for motif discovery and searching. *Nucleic Acids Research*, *37*(suppl_2), W202-W208. doi:10.1093/NAR/GKP335

Balchin, D., Hayer-Hartl, M. ve Hartl, F. U. (2016). In vivo aspects of protein folding and quality control. *Science*, *353*(6294). doi:10.1126/SCIENCE.AAC4354

Baloglu, M. C., Eldem, V., Hajyzadeh, M. ve Unver, T. (2014). Genome-Wide Analysis of the bZIP Transcription Factors in Cucumber. *PLoS ONE*, *9*(4), e96014. doi:10.1371/journal.pone.0096014

Banilas, G., Korkas, E., Englezos, V., Nisiotou, A. A. Hatzopoulos, P. (2012). Genome-wide analysis of the heat shock protein 90 gene family in grapevine (*Vitis vinifera* L.). *Australian Journal of Grape and Wine Research*, *18*(1), 29-38. doi:10.1111/j.1755-0238.2011.00166.x

Barnabás, B., Jäger, K. ve Fehér, A. (2008). The effect of drought and heat stress on reproductive processes in cereals. *Plant, cell & environment*, *31*(1), 11-38. doi:10.1111/J.1365-3040.2007.01727.X

Bettaieb, I., Hamdi, J. ve Bouktila, D. (2020). Genome-wide analysis of HSP90 gene family in the Mediterranean olive (*Olea europaea* subsp. *europaea*) provides insight into structural patterns, evolution and functional diversity. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, *26*(11), 2301-2318. doi:10.1007/s12298-020-00888-x

Blum, A., Klueva, N. ve Nguyen, H. T. (2001). Wheat cellular thermotolerance is related to yield under heat stress. *Euphytica 2001 117:2*, *117*(2), 117-123. doi:10.1023/A:1004083305905

Blumwald, E. (2010). Climate-Resilient Millet and Peanut View project crop salt tolerance View project. doi:10.1146/annurev-arplant-042809-112116

Bondino, H. G., Valle, E. M. ve ten Have, A. (2012). Evolution and functional diversification of the small heat shock protein/α-crystallin family in higher plants. *Planta*, *235*(6), 1299-1313. doi:10.1007/S00425-011-1575-9

Boorstein, W. R., Ziegelhoffer, T. ve Craig, E. A. (1994). Molecular evolution of the HSP70 multigene family. *Journal of Molecular Evolution 1994 38:1*, *38*(1), 1-17. doi:10.1007/BF00175490

Boston, R. S., Viitanen, P. v. ve Vierling, E. (1996). Molecular chaperones and protein folding in plants. *Post-Transcriptional Control of Gene Expression in Plants*, 191-222. doi:10.1007/978-94-009-0353-1_9

Bukau, B., Weissman, J. ve Horwich, A. (2006). Molecular Chaperones and Protein Quality Control. *Cell*, *125*(3), 443-451. doi:10.1016/j.cell.2006.04.014

Büyük, İ. ve Okay, A. (2022). Genome-wide Analysis of the Hemp (*Cannabis sativa* L.) HSP70 Gene Family: Identification, Genomic Organization and Expression Profiles in Response to Drought Stress. doi:10.21203/RS.3.RS-1876819/V1

Cagliari, T. C., Tiroli, A. O., Borges, J. C. ve Ramos, C. H. I. (2005). Identification and in silico expression pattern analysis of Eucalyptus expressed sequencing tags (ESTs) encoding molecular chaperones. *Genetics and Molecular Biology*, *28*(3 SUPPL.), 520-528. doi:10.1590/S1415-47572005000400006

Caili, F., Huan, S. ve Quanhong, L. (2006). A review on pharmacological activities and utilization technologies of pumpkin. *Plant Foods for Human Nutrition*, *61*(2), 73-80. doi:10.1007/S11130-006-0016-6/FIGURES/1

Cannon, S. B., Mitra, A., Baumgarten, A., Young, N. D. ve May, G. (2004). The roles of segmental and tandem gene duplication in the evolution of large gene families in Arabidopsis thaliana. *BMC Plant Biology*, *4*. doi:10.1186/1471-2229-4-10

Caraux, G. ve Pinloche, S. (2005). PermutMatrix: a graphical environment to arrange gene expression profiles in optimal linear order. *Bioinformatics*, *21*(7), 1280-1281. doi:10.1093/bioinformatics/bti141

Celik Altunoglu, Y., Baloglu, M. C., Baloglu, P., Yer, E. N. ve Kara, S. (2017). Genome-wide identification and comparative expression analysis of LEA genes in watermelon and melon genomes. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, *23*(1), 5-21. doi:10.1007/s12298-016-0405-8

Ceylan, Y., Ceylan, K. B., Altunoğlu, Y. Ç. ve Baloğlu, M. C. (2021). Genomic and Functional Characterization of Heat Shock Protein Families in Jujube Genome (Ziziphus jujuba) by in silico Methods. *Kastamonu University Journal of Forestry Faculty*, *21*(3), 277-294. doi:10.17475/KASTORMAN.1049963

Chandel, G., Dubey, M. ve Meena, R. (2013). Differential expression of heat shock proteins and heat stress transcription factor genes in rice exposed to different levels of heat stress. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, *22*(3), 277-285. doi:10.1007/s13562-012-0156-8

Chaudhary, R., Baranwal, V. K., Kumar, R., Sircar, D. ve Chauhan, H. (2019). Genome-wide identification and expression analysis of Hsp70, Hsp90, and Hsp100 heat shock protein genes in barley under stress conditions and reproductive development. *Functional & Integrative Genomics*, *19*(6), 1007-1022. doi:10.1007/s10142-019-00695-y

Chen, Jiangfei, Gao, T., Wan, S., Zhang, Y., Yang, J., Yu, Y. ve Wang, W. (2018). Genome-Wide Identification, Classification and Expression Analysis of the HSP Gene Superfamily in Tea Plant (Camellia sinensis). *International Journal of Molecular Sciences 2018, Vol. 19, Page 2633*, *19*(9), 2633. doi:10.3390/IJMS19092633

Chen, Jinhuan, Yin, W. ve Xia, X. (2014). Transcriptome Profiles of Populus euphratica upon Heat Shock stress. *Current Genomics*, *15*(5), 326-340. doi:10.2174/1389202915051411061018 35

Chen, T., Xu, T., Zhang, T., Liu, T., Shen, L., Chen, Z., … Yang, J. (2021). Genome-Wide Identification and Characterization of DnaJ Gene Family in Grape (Vitis vinifera L.). *Horticulturae 2021, Vol. 7, Page 589*, *7*(12), 589. doi:10.3390/HORTICULTURAE7120589

Chen, X., Wang, Z., Tang, R., Wang, L., Chen, C. ve Ren, Z. (2021). Genome-wide identification and expression analysis of Hsf and Hsp gene families in cucumber (Cucumis sativus L.). *Plant Growth Regulation*, *95*(2), 223-239. doi:10.1007/S10725-021-00739-Z/FIGURES/6

Chiou, T.-J. (2007). The role of microRNAs in sensing nutrient stress. *Plant, Cell & Environment*, *30*(3), 323-332. doi:10.1111/j.1365-3040.2007.01643.x

Cho, E. K. ve Choi, Y. J. (2009). A nuclear-localized HSP70 confers thermoprotective activity and drought-stress tolerance on plants. *Biotechnology Letters*, *31*(4), 597-606. doi:10.1007/s10529-008-9880-5

Chu, Y. ve Corey, D. R. (2012). RNA Sequencing: Platform Selection, Experimental Design, and Data Interpretation. *Nucleic Acid Therapeutics*, *22*(4), 271-274. doi:10.1089/nat.2012.0367

Conesa, A. ve ¨ Otz, S. G. (2008). Resource Review Blast2GO: A Comprehensive Suite for Functional Analysis in Plant Genomics. *International Journal of Plant Genomics*, *12*. doi:10.1155/2008/619832

Connor, J. D., Schwabe, K., King, D. ve Knapp, K. (2012). Irrigated agriculture and climate change: The influence of water supply variability and salinity on adaptation. *Ecological Economics*, *77*, 149-157. doi:10.1016/j.ecolecon.2012.02.021

Cooke, R. J., Oliver, J. ve Davies, D. D. (1979). Stress and Protein Turnover in Lemna minor. *Plant Physiology*, *64*(6), 1109-1113. doi:10.1104/PP.64.6.1109

Craig, E. A., Huang, P., Aron, R. ve Andrew, A. (2006). The diverse roles of J-proteins, the obligate Hsp70 co-chaperone. *Reviews of Physiology, Biochemistry and Pharmacology*, *156*, 1-21. doi:10.1007/S10254-005-0001-8/COVER

Cramer, G. R., Urano, K., Delrot, S., Pezzotti, M. ve Shinozaki, K. (2011). Effects of abiotic stress on plants: A systems biology perspective. *BMC Plant Biology*, *11*(1), 1-14. doi:10.1186/1471-2229-11-163/FIGURES/2

Cui, Y., Wang, M., Yin, X., Xu, G., Song, S., Li, M., … Xia, X. (2019). OsMSR3, a Small Heat Shock Protein, Confers Enhanced Tolerance to Copper Stress in Arabidopsis thaliana. *International Journal of Molecular Sciences*, *20*(23), 6096. doi:10.3390/ijms20236096

Cui, Y., Xu, G., Wang, M., Yu, Y., Li, M., da Rocha, P. S. C. F. ve Xia, X. (2013). Expression of OsMSR3 in Arabidopsis enhances tolerance to cadmium stress. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, *113*(2), 331-340. doi:10.1007/s11240-012-0275-x

Çırak, C. ve Esendal, E. (2006). Soyada Kuraklık Stresi. *Anadolu Journal of Agricultural Sciences*, *21*(2), 231-237. doi:10.7161/ANAJAS.2006.21.2.231-237

Dai, X., Zhuang, Z. ve Zhao, P. X. (2018). psRNATarget: a plant small RNA target analysis server (2017 release). *Nucleic Acids Research*, *46*(W1), W49-W54. doi:10.1093/NAR/GKY316

Davoudi, M., Chen, J. ve Lou, Q. (2022). Genome-Wide Identification and Expression Analysis of Heat Shock Protein 70 (HSP70) Gene Family in Pumpkin (Cucurbita moschata) Rootstock under Drought Stress Suggested the Potential Role of these Chaperones in Stress Tolerance. *International Journal of Molecular Sciences*, *23*(3), 1918. doi:10.3390/ijms23031918

de Klerk, G. J. ve Pumisutapon, P. (2008). Protection of in-vitro grown Arabidopsis seedlings against abiotic stresses. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, *95*(2), 149-154. doi:10.1007/S11240-008-9426-5/FIGURES/6

Deshmukh, R. K., Sonah, H. ve Singh, N. K. (2016). Intron gain, a dominant evolutionary process supporting high levels of gene expression in rice. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, *25*(2), 142-146. doi:10.1007/S13562-015-0319-5

Downs, C. A. ve Heckathorn, S. A. (1998). The mitochondrial small heat-shock protein protects NADH:ubiquinone oxidoreductase of the electron transport chain during heat stress in plants. *FEBS Letters*, *430*(3), 246-250. doi:10.1016/S0014-5793(98)00669-3

Du, Q. ve Wang, H. (2015). The role of HD-ZIP III transcription factors and miR165/166 in vascular development and secondary cell wall formation. *https://doi.org/10.1080/15592324.2015.1078955*, *10*(10). doi:10.1080/15592324.2015.1078955

Düzeltir, B. (2004). *Çekirdek Kabağı (Cucurbita pepo L.) Hatlarında Morfolojik Özelliklere Göre Tanımlama ve Seleksiyon Çalışmaları*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Ankara Üniversitesi, Ankara.

Ekinci, E. H. (2020, 11 Şubat). *Farklı Çerezlik Kabak (Cucurbita pepo L.) Popülasyonlarının SSR Markörleri İle Moleküler Karakterizasyonu*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Gebze Teknük Üniversitesi, İzmit.

Fan, C.-Y., Lee, S. ve Cyr, D. M. (2003). Mechanisms for regulation of Hsp70 function by Hsp40. *Cell Stress & Chaperones*, *8*(4), 309. doi:10.1379/1466-1268(2003)008<0309:MFROHF>2.0.CO;2

Fan, F., Yang, X., Cheng, Y., Kang, Y. ve Chai, X. (2017). The DnaJ Gene Family in Pepper (Capsicum annuum L.): Comprehensive Identification, Characterization and Expression Profiles. *Frontiers in Plant Science*, *8*. doi:10.3389/fpls.2017.00689

Fink, A. L. (1999). Chaperone-mediated protein folding. *Physiological Reviews*, *79*(2), 425-449. doi:10.1152/PHYSREV.1999.79.2.425/ASSET/IMAGES/LARGE/9J0290006005.JPEG

Freund, A., Zhong, F., Venteicher, A. ve Meng, Z. (2014). Proteostatic control of telomerase function through TRiC-mediated folding of TCAB1. *Cell*, *159*(6), 1389-1403. https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0092867414014317 adresinden erişildi.

Fruhwirth, G. O. ve Hermetter, A. (2007). Seeds and oil of the Styrian oil pumpkin: Components and biological activities. *European Journal of Lipid Science and Technology*, *109*(11), 1128-1140. doi:10.1002/EJLT.200700105

Fujimoto, M., Hayashida, N., Katoh, T., Oshima, K., Shinkawa, T., Prakasam, R., Tan, K., Inouye, S., Takii, R., Nakai, A. (2010). A novel mouse HSF3 has the potential to activate nonclassical heat-shock genes during heat shock. *Molecular Biology of the Cell*, *21*(1), 106-116. doi:10.1091/MBC.E09-07-0639/ASSET/IMAGES/LARGE/ZMK0011093030008.JPEG

Giorno, F., Guerriero, G., Baric, S. ve Mariani, C. (2012). Heat shock transcriptional factors in Malus domestica: identification, classification and expression analysis. *BMC Genomics*, *13*(1), 639. doi:10.1186/1471-2164-13-639

Glover, J. R. ve Lindquist, S. (1998). Hsp104, Hsp70, and Hsp40: A Novel Chaperone System that Rescues Previously Aggregated Proteins. *Cell*, *94*(1), 73-82. doi:10.1016/S0092-8674(00)81223-4

Goloubinoff, P., Mogk, A., Ben, Z., Peres, A., Tomoyasu, T. ve Bukau, B. (1999). Sequential mechanism of solubilization and refolding of stable protein aggregates by a bichaperone network. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *96*(24), 13732-13737. doi:10.1073/PNAS.96.24.13732

Gong, C., Pang, Q., Li, Z., Li, Z., Chen, R., Sun, G. ve Sun, B. (2021). Genome-Wide Identification and Characterization of Hsf and Hsp Gene Families and Gene Expression Analysis under Heat Stress in Eggplant (Solanum melongema L.). *Horticulturae*, *7*(6), 149. doi:10.3390/horticulturae7060149

Goodman, G. E., Thornquist, M. D., Balmes, J., Cullen, M. R., Meykens, F. L., Omenn, G. S., Valanis, B., Williams, J. H. (2004). The Beta-Carotene and Retinol Efficacy Trial: Incidence of Lung Cancer and Cardiovascular Disease Mortality During 6-Year Follow-up After Stopping β-Carotene and Retinol Supplements. *JNCI: Journal of the National Cancer Institute*, *96*(23), 1743-1750. doi:10.1093/JNCI/DJH320

Gossell-Williams, M., Davis, A. ve O'Connor, N. (2006). Inhibition of Testosterone-Induced Hyperplasia of the Prostate of Sprague-Dawley Rats by Pumpkin Seed Oil. *Journal of Medicinal Food*, *9*(2), 284-286. doi:10.1089/jmf.2006.9.284

Goswami, S., Kumar, R. R. ve Rai, R. D. (2014). *Heat-responsive microRNAs regulate the transcription factors and heat shock proteins in modulating thermo stability of starch biosynthesis enzymes in wheat (Triticum aestivum L.) under the heat stress*. *AJCS* (C. 8). http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/. adresinden erişildi.

Gour, P., Kansal, S., Agarwal, P., Mishra, B. S., Sharma, D., Mathur, S. ve Raghuvanshi, S. (2022). Variety-specific transcript accumulation during reproductive stage in drought-stressed rice. *Physiologia Plantarum*, *174*(1). doi:10.1111/ppl.13585

Gökkaya, T. H. (2016, Ağustos). *Selenyum Uygulamalarının Kuraklık Stresi Altındaki Çerezlik Balkabağı (Cucurbita pepo L.) Bitkisinin Gelişimine ve Antioksidant Enzim Aktivitelerine Etkileri*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Yüzüncü Yıl Üniversitesi, Van.

Göksoy, A. ve Turan, M. (1991). Kuraklığın bitki fizyolojisi ve morfolojisi üzerine etkileri. *Uludağ Üniversitesi Ziraat Fakültesi Dergisi*, *8*, 149-190.

Grigorova, B., Vaseva, I. I., Demirevska, K. ve Feller, U. (2011). Expression of selected heat shock proteins after individually applied and combined drought and heat stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, *33*(5), 2041-2049. doi:10.1007/s11738-011-0733-9

Gul, S., Shah, K. N., Rana, R. M., Khan, M. A., El-Shehawi, A. M. ve Elseehy, M. M. (2021). Phylogenetic and expression dynamics of tomato ClpB/Hsp100 gene under heat stress. *PLOS ONE*, *16*(8), e0255847. doi:10.1371/journal.pone.0255847

Guo, S. J., Zhou, H. Y., Zhang, X. S., Li, X. G. ve Meng, Q. W. (2007). Overexpression of CaHSP26 in transgenic tobacco alleviates photoinhibition of PSII and PSI during chilling stress under low irradiance. *Journal of Plant Physiology*, *164*(2), 126-136. doi:10.1016/J.JPLPH.2006.01.004

Gupta, K., Kumar Mishra, S., Gupta, S., Pandey, S., Panigrahi, J. ve Hussain Wani, S. (2021). Functional Role of miRNAs: Key Players in Soybean Improvement. *Phyton*, *90*(5), 1339-1362. doi:10.32604/phyton.2021.015239

Guy, C. L. ve Li, Q. B. (1998). The Organization and Evolution of the Spinach Stress 70 Molecular Chaperone Gene Family. *The Plant Cell*, *10*(4), 539-556. doi:10.1105/TPC.10.4.539

Gürel, A. ve Avcıoğlu, R. (2001). Bitkilerde Strese Dayanıklılık Fizyolojisi. *Bitki Biyoteknolojisi II, Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları* içinde (ss. 308-313).

Haider, S., Rehman, S., Ahmad, Y., Raza, A., Tabassum, J., Javed, T., Osman, H., Mahmood, T. (2021). *In Silico* Characterization and Expression Profiles of Heat Shock Transcription Factors (HSFs) in Maize (*Zea mays* L.). *Agronomy*, *11*(11), 2335. doi:10.3390/agronomy11112335

Hall, A. E. (2022, 2 Eylül). Heat Stress and its Impact. *https://plantstress.com/heat/*.

Han, W. ve Christen, P. (2004). cis-Effect of DnaJ on DnaK in ternary complexes with chimeric DnaK/DnaJ-binding peptides. *FEBS Letters*, *563*(1-3), 146-150. doi:10.1016/S0014-5793(04)00290-X

Haq, S. ul, Khan, A., Ali, M., Gai, W. X., Zhang, H. X., Yu, Q. H., Wei, A., Gong, Z. H. (2019). Knockdown of CaHSP60-6 confers enhanced sensitivity to heat stress in pepper (Capsicum annuum L.). *Planta*, *250*(6), 2127-2145. doi:10.1007/S00425-019-03290-4/FIGURES/13

Hasanuzzaman, M., Nahar, K., Alam, M. M., Roychowdhury, R. ve Fujita, M. (2013). Physiological, Biochemical, and Molecular Mechanisms of Heat Stress Tolerance in Plants. *International Journal of Molecular Sciences 2013, Vol. 14, Pages 9643-9684*, *14*(5), 9643-9684. doi:10.3390/IJMS14059643

He, Y., Fan, M., Sun, Y. ve Li, L. (2018). Genome-Wide Analysis of Watermelon HSP20s and Their Expression Profiles and Subcellular Locations under Stresses. *International Journal of Molecular Sciences 2019, Vol. 20, Page 12*, *20*(1), 12. doi:10.3390/IJMS20010012

He, Y., Liu, X., Ye, L., Pan, C., Chen, L., Zou, T. ve Lu, G. (2016). Genome-Wide Identification and Expression Analysis of Two-Component System Genes in Tomato. *International Journal of Molecular Sciences*, *17*(8), 1204. doi:10.3390/ijms17081204

Helm, K. W., Petersen, N. S. ve Abernethy, R. H. (1989). Heat Shock Response of Germinating Embryos of Wheat Effects of Imbibition Time and Seed Vigor. *Plant Physiology*, *90*(2), 598-605. doi:10.1104/PP.90.2.598

Hemmingsen, S. M., Woolford, C., van der Vies, S. M., Tilly, K., Dennis, D. T., Georgopoulos, C. P., Hendrix, R., Ellis, R. J. (1988). Homologous plant and bacterial proteins chaperone oligomeric protein assembly. *Nature 1988 333:6171*, *333*(6171), 330-334. doi:10.1038/333330a0

Hoagland, D. R. ve Arnon, D. I. (1950). The Water-Culture Method for Growing Plants without Soil The College of Agrıculture. *California Agricultural Experiment Station Circular*, (347).

Hong, H., Kim, C.-S. ve Maeng, S. (2009). Effects of pumpkin seed oil and saw palmetto oil in Korean men with symptomatic benign prostatic hyperplasia. *Nutrition Research and Practice*, *3*(4), 323-327. doi:10.4162/NRP.2009.3.4.323

Hong, S. W. ve Vierling, E. (2001). Hsp101 is necessary for heat tolerance but dispensable for development and germination in the absence of stress. *The Plant Journal*, *27*(1), 25-35. doi:10.1046/J.1365-313X.2001.01066.X

Horwich, A. L. (2003). Chaperonin-mediated protein folding: Fate of substrate polypeptide. doi:10.1017/S0033583503003883

Hsu, Y.-W., Juan, C.-T., Wang, C.-M. ve Jauh, G.-Y. (2019). Mitochondrial Heat Shock Protein 60s Interact with What's This Factor 9 to Regulate RNA Splicing of *ccmFC* and *rpl2*. *Plant and Cell Physiology*, *60*(1), 116-125. doi:10.1093/pcp/pcy199

Hu, B., Jin, J., Guo, A.-Y., Zhang, H., Luo, J. ve Gao, G. (2015). GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics (Oxford, England)*, *31*(8), 1296-7. doi:10.1093/bioinformatics/btu817

Hu, W., Hu, G. ve Han, B. (2009). Genome-wide survey and expression profiling of heat shock proteins and heat shock factors revealed overlapped and stress specific response under abiotic stresses in rice. *Plant Science*, *176*(4), 583-590. doi:10.1016/j.plantsci.2009.01.016

Hu, Yang, Han, Y.-T., Wei, W., Li, Y.-J., Zhang, K., Gao, Y.-R., Zhao, F., Feng, J.-Y. (2015). Identification, isolation, and expression analysis of heat shock transcription factors in the diploid woodland strawberry *Fragaria vesca*. *Frontiers in Plant Science*, *6*. doi:10.3389/fpls.2015.00736

Hu, Yanping, Zhang, T., Liu, Y., Li, Y., Wang, M., Zhu, B., Zhou, Y. (2021). Pumpkin (Cucurbita moschata) HSP20 Gene Family Identification and Expression Under Heat Stress. *Frontiers in Genetics*, *12*. doi:10.3389/fgene.2021.753953

Hu, Z., Song, N., Zheng, M., Liu, X., Liu, Z., Xing, J., Sun, Q. (2015). Histone acetyltransferase GCN5 is essential for heat stress-responsive gene activation and thermotolerance in Arabidopsis. *The Plant Journal*, *84*(6), 1178-1191. doi:10.1111/TPJ.13076

Huang, B., Huang, Z., Ma, R., Chen, J., Zhang, Z. ve Yrjälä, K. (2021). Genome-wide identification and analysis of the heat shock transcription factor family in moso bamboo (Phyllostachys edulis). *Scientific Reports*, *11*(1), 16492. doi:10.1038/s41598-021-95899-3

Huang, L.-J., Cheng, G.-X., Khan, A., Wei, A.-M., Yu, Q.-H., Yang, S.-B., Luo, D., Gong, Z.-H. (2019). CaHSP16.4, a small heat shock protein gene in pepper, is

involved in heat and drought tolerance. *Protoplasma*, *256*(1), 39-51. doi:10.1007/s00709-018-1280-7

Huang, Y., Xuan, H., Yang, C., Guo, N., Wang, H., Zhao, J. ve Xing, H. (2019). GmHsp90A2 is involved in soybean heat stress as a positive regulator. *Plant Science*, *285*, 26-33. doi:10.1016/j.plantsci.2019.04.016

Jackson-Constan, D., Akita, M. ve Keegstra, K. (2001). Molecular chaperones involved in chloroplast protein import. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Cell Research*, *1541*(1-2), 102-113. doi:10.1016/S0167-4889(01)00148-3

Jagadeeswaran, G., Nimmakayala, P., Zheng, Y., Gowdu, K., Reddy, U. K. ve Sunkar, R. (2012). Characterization of the small RNA component of leaves and fruits from four different cucurbit species. *BMC Genomics*, *13*(1), 1-13. doi:10.1186/1471-2164-13-329/TABLES/3

Jasrotia, R. S., Jaiswal, S., Yadav, P. K., Raza, M., Iquebal, M. A., Rai, A. ve Kumar, D. (2020). Genome-Wide Analysis of HSP70 Family Protein in Vigna radiata and Coexpression Analysis Under Abiotic and Biotic Stress. *https://home.liebertpub.com/cmb*, *27*(5), 738-754. doi:10.1089/CMB.2019.0166

Jaya, N., Garcia, V. ve Vierling, E. (2009). Substrate binding site flexibility of the small heat shock protein molecular chaperones. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *106*(37), 15604-15609. doi:10.1073/PNAS.0902177106/SUPPL_FILE/0902177106SI.PDF

Jeffares, D., Penkett, C. ve Bähler, J. (2008). Rapidly regulated genes are intron poor. *Trends in genetics*, *24*(8), 375-378.

Ji, X. R., Yu, Y. H., Ni, P. Y., Zhang, G. H. ve Guo, D. L. (2019). Genome-wide identification of small heat-shock protein (HSP20) gene family in grape and expression profile during berry development. *BMC plant biology*, *19*(1). doi:10.1186/S12870-019-2031-4

Jiang, L., Hu, W., Qian, Y., Ren, Q. ve Zhang, J. (2021). Genome-wide identification, classification and expression analysis of the Hsf and Hsp70 gene families in maize. *Gene*, *770*, 145348. doi:10.1016/J.GENE.2020.145348

Jin, R., Wang, Y., Liu, R., Gou, J. ve Chan, Z. (2015). Physiological and Metabolic Changes of Purslane (Portulaca oleracea L.) in Response to Drought, Heat, and Combined Stresses. *Frontiers in Plant Science*, *6*(JAN2016), 1123. doi:10.3389/FPLS.2015.01123

Jo, B.-S. ve Choi, S. S. (2015). Introns: The Functional Benefits of Introns in Genomes. *Genomics & Informatics*, *13*(4), 112. doi:10.5808/GI.2015.13.4.112

Johnson, J. L. ve Brown, C. (2009). Plasticity of the Hsp90 chaperone machine in divergent eukaryotic organisms. *Cell Stress and Chaperones*, *14*(1), 83-94. doi:10.1007/S12192-008-0058-9/FIGURES/3

Johnson, S. M., Lim, F. L., Finkler, A., Fromm, H., Slabas, A. R. ve Knight, M. R. (2014). Transcriptomic analysis of Sorghum bicolor responding to combined heat and drought stress. *BMC Genomics*, *15*(1), 1-19. doi:10.1186/1471-2164-15-456/FIGURES/6

Jorgensen, J. A. ve Nguyen, H. T. (1994). Isolation, sequence and expression of a cDNA encoding a Class I heat shock protein (HSP17.2) in maize. *Plant Science*, *97*(2), 169-175. doi:10.1016/0168-9452(94)90054-X

Ju, Y., Min, Z., Zhang, Y., Zhang, K., Liu, M. ve Fang, Y. (2021). Transcriptome profiling provide new insights into the molecular mechanism of grapevine response to heat, drought, and combined stress. *Scientia Horticulturae*, *286*, 110076. doi:10.1016/j.scienta.2021.110076

Kadota, Y. ve Shirasu, K. (2012). The HSP90 complex of plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Molecular Cell Research*, *1823*(3), 689-697. doi:10.1016/j.bbamcr.2011.09.016

Kalefetoğlu, T. ve Ekmekçi, Y. (2010). The Effects of Drought on Plants and Tolerance Mechanisms. *Gazi University Journal of Science*, *18*(4), 723-740. https://dergipark.org.tr/en/pub/gujs/issue/7416/97089 adresinden erişildi.

Kantar, M., Unver, T. ve Budak, H. (2010). Regulation of barley miRNAs upon dehydration stress correlated with target gene expression. *Functional and Integrative Genomics*, *10*(4), 493-507. doi:10.1007/s10142-010-0181-4

Kaur, G. ve Asthir, B. (2016). Molecular responses to drought stress in plants. *Biologia Plantarum 2017 61:2*, *61*(2), 201-209. doi:10.1007/S10535-016-0700-9

Keeler, S. J., Boettger, C. M., Haynes, J. G., Kuches, K. A., Johnson, M. M., Thureen, D. L., Keeler, C., Kitto, S. L. (2000). Acquired Thermotolerance and Expression of the HSP100/ClpB Genes of Lima Bean. *Plant Physiology*, *123*(3), 1121-1132. doi:10.1104/PP.123.3.1121

Keleş, M. (2018). *Isı Şoku Protein (Hsp) Ailesi Üyelerinin Karpuz Bitkisinde Tespiti Karakterizasyonu ve Kuraklık İle Sıcaklık Streslerinde Gen İfade Analizleri*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Kastamonu Üniversitesi, Kastamonu.

Keleş, Y. ve Öncel, I. (2002). Response of antioxidative defence system to temperature and water stress combinations in wheat seedlings. *Plant Science*, *163*(4), 783-790. doi:10.1016/S0168-9452(02)00213-3

Keller, M., Schleiff, E. ve Simm, S. (2020). miRNAs involved in transcriptome remodeling during pollen development and heat stress response in Solanum lycopersicum. *Scientific Reports*, *10*(1), 10694. doi:10.1038/s41598-020-67833-6

Kelley, L. A., Mezulis, S., Yates, C. M., Wass, M. N. ve Sternberg, M. J. E. (2015). The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. *Nature Protocols 2015 10:6*, *10*(6), 845-858. doi:10.1038/nprot.2015.053

Kelley, W. L. (1999). Molecular chaperones: How J domains turn on Hsp70s. *Current Biology*, *9*(8), R305-R308. doi:10.1016/S0960-9822(99)80185-7

Khorshidvand, M., Ismaili, A., Sohrabi, S. S. ve Madadkar Haghjou, M. (2021). Identification and expression pattern of lentil's HSPs under different abiotic stresses. *Plant Biotechnology Reports*, *15*(5), 609-625. doi:10.1007/S11816-021-00699-W/FIGURES/4

Kim, T., Samraj, S., Jiménez, J., Gómez, C., Liu, T. ve Begcy, K. (2021). Genome-wide identification of heat shock factors and heat shock proteins in response to UV and high intensity light stress in lettuce. *BMC Plant Biology*, *21*(1), 1-20. doi:10.1186/S12870-021-02959-X/FIGURES/10

Kimpel, J. A., Nagao, R. T., Goekjian, V. ve Key, J. L. (1990). Regulation of the Heat Shock Response in Soybean Seedlings. *Plant Physiology*, *94*(3), 988-995. doi:10.1104/pp.94.3.988

Kokkanti, R. R., Hindu, V., Latha, P., Vasanthi, R. P., Sudhakar, P. ve Usha, R. (2019). Assessment of genetic variability and molecular characterization of heat stress tolerant genes in Arachis hypogaea L. through qRT-PCR. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, *20*, 101242. doi:10.1016/j.bcab.2019.101242

Kong, Q., Yuan, J., Gao, L., Zhao, S., Jiang, W., Huang, Y. ve Bie, Z. (2014). Identification of Suitable Reference Genes for Gene Expression Normalization in qRT-PCR Analysis in Watermelon. *PLoS ONE*, *9*(2), e90612. doi:10.1371/journal.pone.0090612

Kozomara, A., Birgaoanu, M. ve Griffiths-Jones, S. (2019). miRBase: from microRNA sequences to function. *Nucleic Acids Research*, *47*(D1), D155-D162. doi:10.1093/NAR/GKY1141

Kukurba, K. R. ve Montgomery, S. B. (2015). RNA Sequencing and Analysis. *Cold Spring Harbor Protocols*, *2015*(11), pdb.top084970. doi:10.1101/pdb.top084970

Kumar, A., Sharma, S., Chunduri, V., Kaur, A., Kaur, S., Malhotra, N., Kumari, A., Kaur, J., Sonah, H., Garg, M. (2020). Genome-wide Identification and Characterization of Heat Shock Protein Family Reveals Role in Development and Stress Conditions in Triticum aestivum L. *Scientific Reports 2020 10:1*, *10*(1), 1-12. doi:10.1038/s41598-020-64746-2

Kumar, M., Busch, W., Birke, H., Kemmerling, B., Nürnberger, T. ve Schöffl, F. (2009). Heat Shock Factors HsfB1 and HsfB2b Are Involved in the Regulation of Pdf1.2 Expression and Pathogen Resistance in Arabidopsis. *Molecular Plant*, *2*(1), 152-165. doi:10.1093/MP/SSN095

Kumar, R., Singh, A. K., Lavania, D., Siddiqui, M. H., Al-Whaibi, M. H. ve Grover, A. (2016). Expression analysis of ClpB/Hsp100 gene in faba bean (*Vicia faba* L.) plants in response to heat stress. *Saudi Journal of Biological Sciences*, *23*(2), 243-247. doi:10.1016/j.sjbs.2015.03.006

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. ve Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution*, *35*(6), 1547. doi:10.1093/MOLBEV/MSY096

Kushawaha, A., Khan, A. ve Sopory, S. (2019). Light regulated Osa-miR169e is implicated during priming under high temperature stress in rice. *American Journal of Plant Sciences*, *10*(9), 1662. https://www.scirp.org/html/15-2604331_95459.htm adresinden erişildi.

Lakra, N., Kaur, C., Anwar, K., Singla-Pareek, S. L. ve Pareek, A. (2018). Proteomics of contrasting rice genotypes: Identification of potential targets for raising crops for saline environment. *Plant Cell and Environment*, *41*(5), 947-969. doi:10.1111/pce.12946

Le, T. M., Tran, T. T. H., Vu, X. Q., Chu, H. D., Pham, T. C., Le, H. T., Cao, P. B. (2022). Genome-Wide Identification and Analysis of Genes Encoding Putative Heat Shock Protein 70 in Papaya (Carica papaya). *Pakistan Journal of Biological Sciences*, *25*(6), 468-475. doi:10.3923/PJBS.2022.468.475

Lee, G. J. ve Vierling, E. (2000). A Small Heat Shock Protein Cooperates with Heat Shock Protein 70 Systems to Reactivate a Heat-Denatured Protein. *Plant Physiology*, *122*(1), 189-198. doi:10.1104/PP.122.1.189

Lee, J. H., Hübel, A. ve Schöffl, F. (1995). Derepression of the activity of genetically engineered heat shock factor causes constitutive synthesis of heat shock proteins and increased thermotolerance in transgenic Arabidopsis. *The Plant Journal*, *8*(4), 603-612. doi:10.1046/J.1365-313X.1995.8040603.X

Lee, J., Song, H., Han, C.-T., Lim, Y. P., Chung, S.-M. ve Hur, Y. (2010). Expression characteristics of heat shock protein genes in two comparable inbred lines of Chinese cabbage, Chiifu and Kenshin. *Genes & Genomics*, *32*(3), 247-257. doi:10.1007/s13258-010-0004-y

Lee, U., Rioflorido, I., Hong, S. W., Larkindale, J., Waters, E. R. ve Vierling, E. (2007). The Arabidopsis ClpB/Hsp100 family of proteins: chaperones for stress and chloroplast development. *The Plant Journal*, *49*(1), 115-127. doi:10.1111/J.1365-313X.2006.02940.X

Lee, U., Rioflorido, I., Hong, S.-W., Larkindale, J., Waters, E. R. ve Vierling, E. (2006). The Arabidopsis ClpB/Hsp100 family of proteins: chaperones for stress and chloroplast development. *The Plant Journal*, *49*(1), 115-127. doi:10.1111/j.1365-313X.2006.02940.x

Lee, YRJ., Nagao, R. T., Lin, C. Y. ve Key, J. L. (1996). Induction and Regulation of Heat-Shock Gene Expression by an Amino Acid Analog in Soybean Seedlings. *Plant Physiology*, *110*(1), 241-248. doi:10.1104/pp.110.1.241

Lelley, T., Loy, B. ve Murkovic, M. (2009). Hull-Less Oil Seed Pumpkin. *Oil Crops* içinde (ss. 469-492). New York, NY: Springer New York. doi:10.1007/978-0-387-77594-4_16

Levitt, J. (1980). Responses of Plants to Environmental Stress, 2nd Edition, Volume 1: Chilling, Freezing, and High Temperature Stresses. M. Ashraf ve P. Harris (Ed.), *Responses of Plants to Environmental Stress, 2nd Edition, Volume 1: Chilling, Freezing, and High Temperature Stresses*. Academic Press.

Li, C., Li, Y., Bai, L., He, C. ve Yu, X. (2016). Dynamic Expression of miRNAs and Their Targets in the Response to Drought Stress of Grafted Cucumber Seedlings. *Horticultural Plant Journal*, *2*(1), 41-49. doi:10.1016/j.hpj.2016.02.002

Li, J. ve Liu, X. (2019). Genome-wide identification and expression profile analysis of the Hsp20 gene family in Barley (*Hordeum vulgare* L.). *PeerJ*, *7*, e6832. doi:10.7717/PEERJ.6832/SUPP-5

Li, K., Chen, R., Tu, Z., Nie, X., Song, B., He, C., Xie, C., Genes, B. N.-. (2022). Global Screening and Functional Identification of Major HSPs Involved in PVY Infection in Potato. *Genes*, *13*(4), 566.

Li, N., Jiang, M., Li, P. ve Li, X. (2021). Identification, expression, and functional analysis of Hsf and Hsp20 gene families in *Brachypodium distachyon* under heat stress. *PeerJ*, *9*. doi:10.7717/PEERJ.12267

Li, P.-S., Yu, T.-F., He, G.-H., Chen, M., Zhou, Y.-B., Chai, S.-C., Ma, Y.-Z. (2014). Genome-wide analysis of the Hsf family in soybean and functional identification of GmHsf-34 involvement in drought and heat stresses. *BMC Genomics*, *15*(1), 1009. doi:10.1186/1471-2164-15-1009

Li, T., Gonzalez, N., Inzé, D. ve Dubois, M. (2020). Emerging Connections between Small RNAs and Phytohormones. *Trends in Plant Science*, *25*(9), 912-929. doi:10.1016/j.tplants.2020.04.004

Li, W., Chen, Y., Ye, M., Wang, D. ve Chen, Q. (2020). Evolutionary history of the heat shock protein 90 (Hsp90) family of 43 plants and characterization of Hsp90s in Solanum tuberosum. *Molecular Biology Reports*, *47*(9), 6679-6691. doi:10.1007/s11033-020-05722-x

Li, W.-X., Oono, Y., Zhu, J., He, X.-J., Wu, J.-M., Iida, K., Zhu, J.-K. (2008). The Arabidopsis NFYA5 Transcription Factor Is Regulated Transcriptionally and Posttranscriptionally to Promote Drought Resistance. *The Plant Cell*, *20*(8), 2238-2251. doi:10.1105/tpc.108.059444

Liang, G., Yang, F. ve Yu, D. (2010). MicroRNA395 mediates regulation of sulfate accumulation and allocation in Arabidopsis thaliana. *The Plant Journal*, no-no. doi:10.1111/j.1365-313X.2010.04216.x

Liang, Z., Li, M., Liu, Z. ve Wang, J. (2019). Genome-wide identification and characterization of the Hsp70 gene family in allopolyploid rapeseed (*Brassica napus* L.) compared with its diploid progenitors. *PeerJ*, *2019*(8), e7511. doi:10.7717/PEERJ.7511/SUPP-14

Lin, Y., Cheng, Y., Jin, J., Jin, X., Jiang, H., Yan, H. ve Cheng, B. (2014). Genome Duplication and Gene Loss Affect the Evolution of Heat Shock Transcription

Factor Genes in Legumes. *PLoS ONE*, *9*(7), e102825. doi:10.1371/journal.pone.0102825

Liu, J. Z. ve Whitham, S. A. (2013). Overexpression of a soybean nuclear localized type-III DnaJ domain-containing HSP40 reveals its roles in cell death and disease resistance. *Plant Journal*, *74*(1), 110-121. doi:10.1111/TPJ.12108

Liu, Jia, Pang, X., Cheng, Y., Yin, Y., Zhang, Q., Su, W., Wan, H. (2018). The Hsp70 Gene Family in Solanum tuberosum: Genome-Wide Identification, Phylogeny, and Expression Patterns. *Scientific Reports 2018 8:1*, *8*(1), 1-11. doi:10.1038/s41598-018-34878-7

Liu, Jianxia, Wang, R., Liu, W., Zhang, H., Guo, Y. ve Wen, R. (2018). Genome-Wide Characterization of Heat-Shock Protein 70s from Chenopodium quinoa and Expression Analyses of Cqhsp70s in Response to Drought Stress. *Genes 2018, Vol. 9, Page 35*, *9*(2), 35. doi:10.3390/GENES9020035

Liu, Xia, Huang, S. ve Xie, H. (2021). Advances in the regulation of plant development and stress response by miR167. *Frontiers in Bioscience - Landmark*, *26*(9), 655-665. doi:10.52586/4974/4974/FIG1.PNG

Liu, Xinna, Chen, H., Li, S. ve Wang, L. (2022). Genome-Wide Identification of the Hsp70 Gene Family in Grape and Their Expression Profile during Abiotic Stress. doi:10.3390/horticulturae8080743

Liu, Xuyang, Zhang, X., Sun, B., Hao, L., Liu, C., Zhang, D., Li, Y. (2019). Genome-wide identification and comparative analysis of drought-related microRNAs in two maize inbred lines with contrasting drought tolerance by deep sequencing. *PLoS ONE*, *14*(7). doi:10.1371/JOURNAL.PONE.0219176

Liu, Z., Wang, P., Zhang, T., Li, Y., Wang, Y. ve Gao, C. (2018). Comprehensive analysis of BpHSP genes and their expression under heat stresses in *Betula platyphylla*. *Environmental and Experimental Botany*, *152*, 167-176. doi:10.1016/j.envexpbot.2018.04.011

Livak, K. J. ve Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ Method. *Methods*, *25*(4), 402-408. doi:10.1006/METH.2001.1262

Lopes-Caitar, V. S., de Carvalho, M. C. C. G., Darben, L. M., Kuwahara, M. K., Nepomuceno, A. L., Dias, W. P., Marcelino-Guimarães, F. C. (2013). Genome-wide analysis of the Hsp20 gene family in soybean: Comprehensive sequence, genomic organization and expression profile analysis under abiotic and biotic stresses. *BMC Genomics*, *14*(1), 1-17. doi:10.1186/1471-2164-14-577/FIGURES/9

Luo, Y., Fang, B., Wang, W., Yang, Y., Rao, L. ve Zhang, C. (2019). Genome-wide analysis of the rice J-protein family: identification, genomic organization, and expression profiles under multiple stresses. *3 Biotech*, *9*(10), 358. doi:10.1007/s13205-019-1880-8

Lynch, M. ve Conery, J. S. (2000). The Evolutionary Fate and Consequences of Duplicate Genes. *Science*, *290*(5494), 1151-1155. doi:10.1126/SCIENCE.290.5494.1151

Ma, G., Shen, J., Yu, H., Huang, X., Deng, X., Hu, Z., Cao, L. (2022). Genome-wide identification and functional analyses of heat shock transcription factors involved in heat and drought stresses in ryegrass. *Environmental and Experimental Botany*, *201*, 104968. doi:10.1016/j.envexpbot.2022.104968

Mallick, B., Kumari, M., Pradhan, S. K., C., P., Acharya, G. C., Naresh, P., Shashankar, P. (2022). Genome-wide analysis and characterization of heat shock transcription factors (Hsfs) in common bean (Phaseolus vulgaris L.). *Functional & Integrative Genomics*. doi:10.1007/s10142-022-00875-3

Mans, R. J. ve Walter, T. J. (1971). Transfer RNA-primed oligoadenylate synthesis in maize seedlings. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Nucleic Acids and Protein Synthesis*, *247*(1), 113-121. doi:10.1016/0005-2787(71)90814-8

Mattick, J. S. ve Gagen, M. J. (2001). The Evolution of Controlled Multitasked Gene Networks: The Role of Introns and Other Noncoding RNAs in the Development of Complex Organisms. *Mol. Biol. Evol*, *18*(9), 1611-1630. https://academic.oup.com/mbe/article/18/9/1611/1000700 adresinden erişildi.

Mayer, M. P. ve Bukau, B. (2005). Hsp70 chaperones: Cellular functions and molecular mechanism. *Cellular and Molecular Life Sciences 2005 62:6*, *62*(6), 670-684. doi:10.1007/S00018-004-4464-6

McLoughlin, F., Kim, M., Marshall, R. S., Vierstra, R. D. ve Vierling, E. (2019). HSP101 Interacts with the Proteasome and Promotes the Clearance of Ubiquitylated Protein Aggregates. *Plant Physiology*, *180*(4), 1829-1847. doi:10.1104/pp.19.00263

Mering, C. v. (2003). STRING: a database of predicted functional associations between proteins. *Nucleic Acids Research*, *31*(1), 258-261. doi:10.1093/nar/gkg034

Miernyk, J. A. (1999). Protein Folding in the Plant Cell. *Plant Physiology*, *121*(3), 695-703. doi:10.1104/PP.121.3.695

Mishra, S. K., Poonia, A. K., Chaudhary, R., Baranwal, V. K., Arora, D., Kumar, R. ve Chauhan, H. (2020). Genome-wide identification, phylogeny and expression analysis of HSF gene family in barley during abiotic stress response and reproductive development. *Plant Gene*, *23*, 100231. doi:10.1016/J.PLGENE.2020.100231

Mogk, A., Schlieker, C., Friedrich, K. L., Schönfeld, H. J., Vierling, E. ve Bukau, B. (2003). Refolding of substrates bound to small Hsps relies on a disaggregation reaction mediated most efficiently by ClpB/DnaK. *Journal of Biological Chemistry*, *278*(33), 31033-31042. doi:10.1074/jbc.M303587200

Montero-Pau, J., Blanca, J., Bombarely, A., Ziarsolo, P., Esteras, C., Martí-Gómez, C., Jamilena, M., Mueller, L., Pico, B., Cañizares, J. (2018). *De novo* assembly of the zucchini genome reveals a whole-genome duplication associated with the origin of the *Cucurbita* genus. *Plant Biotechnology Journal*, *16*(6), 1161-1171. doi:10.1111/pbi.12860

Moon, P., Meru, G. M. ve Meru, G. (2018). Embryo Rescue of Aged Cucurbita Pepo Seeds Using Squash Rescue Medium. *J Hortic Sci Res*, *2018*(1), 62-69. doi:10.36959/745/399

Mosa, K. A., Ismail, A. ve Helmy, M. (2017). *Plant Stress Tolerance*. Cham: Springer International Publishing. doi:10.1007/978-3-319-59379-1

Muthuramalingam, M., Li, Y. F. ve Mahalingam, R. (2014). Genomics-based analyses of environmental stresses in crop plants. *Approaches to Plant Stress and their Management*, 383-393. doi:10.1007/978-81-322-1620-9_22/COVER

Nagaraju, M., Kumar, A., Jalaja, N., Rao, D. M. ve Kishor, P. B. K. (2021). Functional Exploration of Chaperonin (HSP60/10) Family Genes and their Abiotic Stress-induced Expression Patterns in Sorghum bicolor. *Current Genomics*, *22*(2), 137-152. doi:10.2174/1389202922666210324154336

Nagaraju, M., Reddy, P. S., Kumar, S. A., Kumar, A., Rajasheker, G., Rao, D. M. ve Kavi Kishor, P. B. (2020). Genome-wide identification and transcriptional profiling of small heat shock protein gene family under diverse abiotic stress conditions in Sorghum bicolor (L.). *International Journal of Biological Macromolecules*, *142*, 822-834. doi:10.1016/J.IJBIOMAC.2019.10.023

Nakamoto, H. ve Vígh, L. (2006). The small heat shock proteins and their clients. *Cellular and Molecular Life Sciences 2006 64:3*, *64*(3), 294-306. doi:10.1007/S00018-006-6321-2

Nakashima, K., Yamaguchi-Shinozaki, K. ve 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*(MAY), 170. doi:10.3389/FPLS.2014.00170/XML/NLM

Nesaretnam, K., Alison Gomez, P., Rani Selvaduray, K. M. ve Abdul Razak, G. M. (2007). Tocotrienol levels in adipose tissue of benign and malignant breast lumps in patients in Malaysia. *Asia Pac J Clin Nutr*, *16*(3), 498-504.

Neta-Sharir, I., Isaacson, T., Lurie, S. ve Weiss, D. (2005). Dual Role for Tomato Heat Shock Protein 21: Protecting Photosystem II from Oxidative Stress and Promoting Color Changes during Fruit Maturation. *The Plant Cell*, *17*(6), 1829-1838. doi:10.1105/TPC.105.031914

Neto, V. G., Barbosa, R. R., Carosio, M. G. A., Ferreira, A. G., Fernandez, L. G., de Castro, R. D., Ribeiro, P. R. (2020). Sequence analysis of Ricinus communis small heat-shock protein (sHSP) subfamily and its role in abiotic stress responses. *Industrial Crops and Products*, *152*, 112541. doi:10.1016/J.INDCROP.2020.112541

Neuwald, A. F., Aravind, L., Spouge, J. L. ve Koonin, E. v. (1999). AAA+: A Class of Chaperone-Like ATPases Associated with the Assembly, Operation, and Disassembly of Protein Complexes. *Genome Research*, *9*(1), 27-43. doi:10.1101/GR.9.1.27

Nielsen, C. L. ve Hall, A. E. (1985). Responses of cowpea (Vigna unguiculata (L.) Walp.) in the field to high night air temperature during flowering. II. Plant responses. *Field Crops Research*, *10*(C), 181-196. doi:10.1016/0378-4290(85)90025-5

Nolan, T., Hands, R. E. ve Bustin, S. A. (2006). Quantification of mRNA using real-time RT-PCR. *Nature Protocols*, *1*(3), 1559-1582. doi:10.1038/nprot.2006.236

Nover, L., Bharti, K., Döring, P., Mishra, S. K., Ganguli, A. ve Scharf, K. D. (2001). Arabidopsis and the heat stress transcription factor world: how many heat stress transcription factors do we need? *Cell Stress & Chaperones*, *6*(3), 177. doi:10.1379/1466-1268(2001)006<0177:aathst>2.0.co;2

Ohta, M. ve Takaiwa, F. (2014). Emerging features of ER resident J-proteins in plants. *Plant Signaling & Behavior*, *9*(7), e28194. doi:10.4161/psb.28194

Ondigi, A. N., Toili, W. W., Ijani, A. S. M. ve Omuterema, S. O. (2016). Comparative analysis of production practices and utilization of pumpkins (Cucurbita pepo and Cucurbita maxima) by smallholder farmers in the Lake Victoria Basin, East Africa. *African Journal of Environmental Science and Technology*, *2*(10), 296-304. doi:10.4314/ajest.v2i10.

Ön Fizibilite Raporu. (2021). *Nevşehir İli Kabak Çekirdeği Kavurma ve Paketleme Tesisi - Ön Fizibilite Raporu* . Nevşehir.

Örs, S. ve Ekinci, M. (2015). Kuraklık stresi ve bitki fizyolojisi. *Derim*, *32*(2), 237-250. doi:10.16882/derim.2015.90060

Özdüven, F. F. (2016). *Salisilik Asit Uygulamalarının Farklı Sulama Seviyelerinde Yetiştirilen Yazlık Kabakta (Cucurbita pepo L.) Bitki Gelişimi ve Verime Etkileri*. (Yayımlanmamış doktora tezi). Namık Kemal Üniversitesi, Tekirdağ.

Öztürk, K. (2002). Küresel İklim Değişikliği ve Türkiye'ye Olası Etkileri. *Gazi Üniveristesi Eğitim Fakültesi Dergisi* , *22*, 47-65.

Pandey, P., Ramegowda, V. ve Senthil-Kumar, M. (2015). Shared and unique responses of plants to multiple individual stresses and stress combinations: Physiological and molecular mechanisms. *Frontiers in Plant Science*, *6*(September), 723. doi:10.3389/FPLS.2015.00723/BIBTEX

Panzade, K. P., Kale, S. S., Chavan, N. R. ve Hatzade, B. (2021). Genome-wide analysis of Hsp70 and Hsp100 gene families in Ziziphus jujuba. *Cell Stress and Chaperones*, *26*(2), 341-353. doi:10.1007/S12192-020-01179-W/FIGURES/5

Parsell, D. A. ve Lindquist, S. (1993). The function of heat-shock proteins in stress tolerance: degradation and reactivation of damaged proteins. *Annual Review of Genetics*, *27*, 437-497.

Partigöç, N. S. ve Soğancı, S. (2019). Küresel İklim Değişikliğinin Kaçınılmaz Sonucu: Kuraklık. *Resilience*, *3*(2), 287-299. doi:10.32569/RESILIENCE.619219

Peleg, Z. ve Smith, R. (2022, 5 Eylül). Plant responses to abiotic stress combinations. *https://plantstress.com/stress-combination/#.*

Peltzer, D., Dreyer, E. ve Polle, A. (2002). Differential temperature dependencies of antioxidative enzymes in two contrasting species: Fagus sylvatica and Coleus blumei. *Plant Physiology and Biochemistry*, *40*(2), 141-150. doi:10.1016/S0981-9428(01)01352-3

Prasad, P. V. V., Pisipati, S. R., Momčilović, I. ve Ristic, Z. (2011). Independent and Combined Effects of High Temperature and Drought Stress During Grain Filling on Plant Yield and Chloroplast EF-Tu Expression in Spring Wheat. *Journal of Agronomy and Crop Science*, *197*(6), 430-441. doi:10.1111/J.1439-037X.2011.00477.X

Pratt, W. B., Krishna, P. ve Olsen, L. J. (2001). Hsp90-binding immunophilins in plants: the protein movers. *Trends in Plant Science*, *6*(2), 54-58. doi:10.1016/S1360-1385(00)01843-4

Qiao, X., Li, M., Li, L., Yin, H., Wu, J. ve Zhang, S. (2015). Genome-wide identification and comparative analysis of the heat shock transcription factor family in Chinese white pear (Pyrus bretschneideri) and five other Rosaceae species. *BMC Plant Biology*, *15*(1), 12. doi:10.1186/s12870-014-0401-5

Qiu, X.-B., Shao, Y.-M., Miao, S. ve Wang, L. (2006). The diversity of the DnaJ/Hsp40 family, the crucial partners for Hsp70 chaperones. *Cellular and Molecular Life Sciences*, *63*(22), 2560-2570. doi:10.1007/s00018-006-6192-6

Queitsch, C., Hong, S. W., Vierling, E. ve Lindquist, S. (2000). Heat Shock Protein 101 Plays a Crucial Role in Thermotolerance in Arabidopsis. *The Plant Cell*, *12*(4), 479-492. doi:10.1105/TPC.12.4.479

R. M., S. K., Wang, Y., Zhang, X., Cheng, H., Sun, L., He, S. ve Hao, F. (2020). Redox Components: Key Regulators of Epigenetic Modifications in Plants. *International Journal of Molecular Sciences*, *21*(4), 1419. doi:10.3390/ijms21041419

R., R. K., N. S., N., S. P., A., Sinha, D., Veedin Rajan, V. B., Esthaki, V. K. ve D'Silva, P. (2012). HSPIR: a manually annotated heat shock protein information resource. *Bioinformatics*, *28*(21), 2853-2855. doi:10.1093/bioinformatics/bts520

Raja, V., Qadir, S. U., Alyemeni, M. N. ve Ahmad, P. (2020). Impact of drought and heat stress individually and in combination on physio-biochemical parameters,

antioxidant responses, and gene expression in Solanum lycopersicum. *3 Biotech*, *10*(5). doi:10.1007/s13205-020-02206-4

Rajan, V. B. v. ve D'Silva, P. (2009). Arabidopsis thaliana J-class heat shock proteins: Cellular stress sensors. *Functional and Integrative Genomics*, *9*(4), 433-446. doi:10.1007/S10142-009-0132-0/FIGURES/5

Ramakrishna, G., Singh, A., Kaur, P., Yadav, S. S., Sharma, S. ve Gaikwad, K. (2022). Genome wide identification and characterization of small heat shock protein gene family in pigeonpea and their expression profiling during abiotic stress conditions. *International Journal of Biological Macromolecules*, *197*, 88-102. doi:10.1016/J.IJBIOMAC.2021.12.016

Rampino, P., Mita, G., Fasano, P., Borrelli, G. M., Aprile, A., Dalessandro, G., De Bellis, L., Perrotta, C. (2012). Novel durum wheat genes up-regulated in response to a combination of heat and drought stress. *Plant Physiology and Biochemistry*, *56*, 72-78. doi:10.1016/J.PLAPHY.2012.04.006

Reddy, P. S., Mallikarjuna, G., Kaul, T., Chakradhar, T., Mishra, R. N., Sopory, S. K. ve Reddy, M. K. (2010). Molecular cloning and characterization of gene encoding for cytoplasmic Hsc70 from Pennisetum glaucum may play a protective role against abiotic stresses. *Molecular Genetics and Genomics*, *283*(3), 243-254. doi:10.1007/S00438-010-0518-7/FIGURES/10

Reddy, P. S., Thirulogachandar, V., Vaishnavi, C. S., Aakrati, A., Sopory, S. K. ve Reddy, M. K. (2011). Molecular characterization and expression of a gene encoding cytosolic Hsp90 from Pennisetum glaucum and its role in abiotic stress adaptation. *Gene*, *474*(1-2), 29-38. doi:10.1016/j.gene.2010.12.004

Rehman, A., Atif, R. M., Azhar, M. T., Peng, Z., Li, H., Qin, G., Jia, Y., Pan, Z., He, S., Qayyum, A., Du, X. (2021). Genome wide identification, classification and functional characterization of heat shock transcription factors in cultivated and ancestral cottons (Gossypium spp.). *International Journal of Biological Macromolecules*, *182*, 1507-1527. doi:10.1016/J.IJBIOMAC.2021.05.016

Ren, J., Li, X., Mao, J., Zuo, C., Zhao, X. ve Chen, B. (2017). Physiological and quantitative phosphoproteome analyses of drought stress-induced mechanisms in Malus baccata (L.) Borkh. *Biochemical Systematics and Ecology*, *72*, 47-55.

Ritossa, F. (1962). A new puffing pattern induced by temperature shock and DNP in drosophila. *Experientia*, *18*(12), 571-573. doi:10.1007/BF02172188

Rizhsky, L., Liang, H. ve Mittler, R. (2002). The combined effect of drought stress and heat shock on gene expression in tobacco. *Plant Physiology*, *130*(3), 1143-1151. doi:10.1104/PP.006858

Rizhsky, L., Liang, H., Shuman, J., Shulaev, V., Davletova, S. ve Mittler, R. (2004). When defense pathways collide. The response of Arabidopsis to a combination of drought and heat stress. *Plant physiology*, *134*(4), 1683-1696. doi:10.1104/PP.103.033431

Rollins, J. A., Habte, E., Templer, S. E., Colby, T., Schmidt, J. ve von Korff, M. (2013). Leaf proteome alterations in the context of physiological and morphological responses to drought and heat stress in barley (Hordeum vulgare L.). *Journal of experimental botany*, *64*(11), 3201-3212. doi:10.1093/JXB/ERT158

Ruggero, D. (1998). The chaperonin of the archaeon Sulfolobus solfataricus is an RNA-binding protein that participates in ribosomal RNA processing. *The EMBO Journal*, *17*(12), 3471-3477. doi:10.1093/emboj/17.12.3471

Saibil, H. (2013). Chaperone machines for protein folding, unfolding and disaggregation. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, *14*(10), 630-642. doi:10.1038/NRM3658

Sajad, S., Jiang, S., Anwar, M., Dai, Q., Luo, Y., Hassan, M. A., Tetteh, C., Song, J. (2022). Genome-Wide Study of Hsp90 Gene Family in Cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* L.) and Their Imperative Roles in Response to Cold Stress. *Frontiers in Plant Science*, *13*. doi:10.3389/fpls.2022.908511

Sali, F. (2014). Türkiye'de çerezlik kabak yetiştiriciliğ. R. Yanmaz ve O. Gülşen (Ed.), *Çerezlik Kabak Çalıştayı* içinde (ss. 58-68). Kayseri: İl Gıda Tarım ve Hayvancılık Müdürlüğü.

Sangster, T. A. ve Queitsch, C. (2005). The HSP90 chaperone complex, an emerging force in plant development and phenotypic plasticity. *Current Opinion in Plant Biology*, *8*(1), 86-92. doi:10.1016/J.PBI.2004.11.012

Sappah, A. el, Abbas, M., Elrys, A. S., Yadav, V., El-Sappah, H. H., Zhu, Y., Huang, Q., Yu, W., Soaud S., Xianming, Z., Li, J. (2021). The Hsp70 Gene family in *Solanum lycopersicum*; Genome-wide Identication and Expression Analysis Under Heavy Metals Stresses. doi:10.21203/rs.3.rs-546628/v1

Sarkar, N. K., Kim, Y. K. ve Grover, A. (2009). Rice sHsp genes: Genomic organization and expression profiling under stress and development. *BMC Genomics*, *10*(1), 393. doi:10.1186/1471-2164-10-393/FIGURES/11

Sarkar, N. K., Thapar, U., Kundnani, P., Panwar, P. ve Grover, A. (2013). Functional relevance of J-protein family of rice (Oryza sativa). *Cell Stress and Chaperones*, *18*(3), 321-331. doi:10.1007/S12192-012-0384-9

Sato, Y. ve Yokoya, S. (2008). Enhanced tolerance to drought stress in transgenic rice plants overexpressing a small heat-shock protein, sHSP17.7. *Plant Cell Reports*, *27*(2), 329-334. doi:10.1007/S00299-007-0470-0/FIGURES/4

Saunders, D. A. (David A.). (1991). Wheat for the nontraditional, warm areas : a proceedings of the international conference, July 29-August 3, 1990, Foz do Iguaçu, Brazil (s. 549). United Nations Development Programme, International Maize and Wheat Improvement Center.CIMMYT.

Scharf, K. D., Berberich, T., Ebersberger, I. ve Nover, L. (2012). The plant heat stress transcription factor (Hsf) family: Structure, function and evolution. *Biochimica*

et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms, *1819*(2), 104-119. doi:10.1016/J.BBAGRM.2011.10.002

Scharf, K. D., Siddique, M. ve Vierling, E. (2001). The expanding family of Arabidopsis thaliana small heat stress proteins and a new family of proteins containing α-crystallin domains (Acd proteins). *Cell Stress & Chaperones*, *6*(3), 225. doi:10.1379/1466-1268(2001)006<0225:tefoat>2.0.co;2

Schirmer, E. C., Glover, J. R., Singer, M. A. ve Lindquist, S. (1996). HSP100/Clp proteins: a common mechanism explains diverse functions. *Trends in Biochemical Sciences*, *21*(8), 289-296. doi:10.1016/S0968-0004(96)10038-4

Sedaghatmehr, M., Mueller-Roeber, B. ve Balazadeh, S. (2016). The plastid metalloprotease FtsH6 and small heat shock protein HSP21 jointly regulate thermomemory in Arabidopsis. *Nature Communications*, *7*(1), 12439. doi:10.1038/ncomms12439

Seo, J. S., Lee, Y. M., Park, H. G. ve Lee, J. S. (2006). The intertidal copepod Tigriopus japonicus small heat shock protein 20 gene (Hsp20) enhances thermotolerance of transformed Escherichia coli. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *340*(3), 901-908. doi:10.1016/J.BBRC.2005.12.086

Seymen, M. (2020a). *Çerezlik Kabakta (Cucurbita pepo L.) Kurağa Tolerant Genotiplerin Fizyolojik ve Agronomik Yöntemlerle Araştırılması*. (Yayımlanmamış doktora tezi). Selçuk Üniversitesi , Konya.

Seymen, M. (2020b). Seed Yield and Characteristics in a Half-Diallel Pumpkin Population. *Selcuk Journal of Agricultural and Food Sciences*, *34*(3), 200-206. doi:10.15316/SJAFS.2020.217

Shafqat, W., Jaskani, M. J., Maqbool, R., Khan, A. S., Naqvi, S. A., Ali, Z. ve Khan, I. A. (2020). Genome Wide Analysis of Citrus sinensis Heat Shock Proteins. *Iranian Journal of Biotechnology*, *18*(4), e2529. doi:10.30498/IJB.2020.2529

Shen, C. ve Yuan, J. (2020). Genome-wide characterization and expression analysis of the heat shock transcription factor family in pumpkin (Cucurbita moschata). *BMC Plant Biology*, *20*(1), 1-20. doi:10.1186/S12870-020-02683-Y/FIGURES/9

Shiber, A. ve Ravid, T. (2014). Chaperoning proteins for destruction: diverse roles of Hsp70 chaperones and their co-chaperones in targeting misfolded proteins to the proteasome. *Biomolecules*, *4*(3), 704-724. https://www.mdpi.com/76526 adresinden erişildi.

Shinozaki, K., Yamaguchi-Shinozaki, K. ve Landes Compan, R. G. (1999). Molecular Responses to Cold, Drought, Heat and Salt Stress in Higher Plants.

Shukla, L. I., Chinnusamy, V. ve Sunkar, R. (2008, Kasım). The role of microRNAs and other endogenous small RNAs in plant stress responses. *Biochimica et Biophysica Acta - Gene Regulatory Mechanisms*. doi:10.1016/j.bbagrm.2008.04.004

Sievers, F., Wilm, A., Dineen, D., Gibson, T. J., Karplus, K., Li, W., Higgins, D. G. (2011). Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. *Molecular Systems Biology*, *7*(1), 539. doi:10.1038/MSB.2011.75

Singh, A., Singh, U., Mittal, D. ve Grover, A. (2010). Genome-wide analysis of rice ClpB/HSP100, ClpC and ClpD genes. *BMC Genomics*, *11*(1), 95. doi:10.1186/1471-2164-11-95

Singh, R. K., Gupta, V. ve Prasad, M. (2019). Plant Molecular Chaperones: Structural Organization and their Roles in Abiotic Stress Tolerance. *Molecular Plant Abiotic Stress* içinde (ss. 221-239). Wiley. doi:10.1002/9781119463665.ch12

Singh, R. K., Jaishankar, J., Muthamilarasan, M., Shweta, S., Dangi, A. ve Prasad, M. (2016). Genome-wide analysis of heat shock proteins in C4 model, foxtail millet identifies potential candidates for crop improvement under abiotic stress. *Scientific Reports*, *6*(1), 32641. doi:10.1038/srep32641

Smith, B. D. (1997). The Initial Domestication of Cucurbita pepo in the Americas 10,000 Years Ago. *Science*, *276*(5314), 932-934. doi:10.1126/SCIENCE.276.5314.932

Snyman, M. ve Cronjé, M. J. (2008). Modulation of heat shock factors accompanies salicylic acid-mediated potentiation of Hsp70 in tomato seedlings. *Journal of Experimental Botany*, *59*(8), 2125-2132. doi:10.1093/JXB/ERN075

Solhaug, E. M., Roy, R., Chatt, E. C., Klinkenberg, P. M., Mohd-Fadzil, N. A., Hampton, M., Carter, C. J. (2019). An integrated transcriptomics and metabolomics analysis of the Cucurbita pepo nectary implicates key modules of primary metabolism involved in nectar synthesis and secretion. *Plant Direct*, *3*(2), e00120. doi:10.1002/PLD3.120

Song, X., Liu, G., Duan, W., Liu, T., Huang, Z., Ren, J., Li, Y., Hou, X. (2014). Genome-wide identification, classification and expression analysis of the heat shock transcription factor family in Chinese cabbage. *Molecular Genetics and Genomics*, *289*(4), 541-551. doi:10.1007/s00438-014-0833-5

Song, Z., Pan, F., Lou, X., Wang, D., Yang, C., Zhang, B. ve Zhang, H. (2019). Genome-wide identification and characterization of Hsp70 gene family in Nicotiana tabacum. *Molecular Biology Reports*, *46*(2), 1941-1954. doi:10.1007/S11033-019-04644-7/FIGURES/4

Song, Z., Pan, F., Yang, C., Jia, H., Jiang, H., He, F., Zhang, H. (2019). Genome-wide identification and expression analysis of HSP90 gene family in Nicotiana tabacum. *BMC Genetics*, *20*(1), 35. doi:10.1186/s12863-019-0738-8

Sørensen, J. G. ve Loeschcke, V. (2004). Effects of relative emergence time on heat stress resistance traits, longevity and hsp70 expression level in Drosophila melanogaster. *Journal of Thermal Biology*, *29*(4-5), 195-203. doi:10.1016/J.JTHERBIO.2004.02.004

Stief, A., Altmann, S., Hoffmann, K., Pant, B. D., Scheible, W. R. ve Bäurle, I. (2014). Arabidopsis miR156 Regulates Tolerance to Recurring Environmental Stress through SPL Transcription Factors. *The Plant Cell*, *26*(4), 1792-1807. doi:10.1105/TPC.114.123851

Su, H., Xing, M., Liu, X., Fang, Z., Yang, L., Zhuang, M., … Lv, H. (2019). Genome-wide analysis of HSP70 family genes in cabbage (Brassica oleracea var. capitata) reveals their involvement in floral development. *BMC Genomics*, *20*(1), 1-14. doi:10.1186/S12864-019-5757-3/FIGURES/9

Sun, W., Bernard, C., van Cotte, B. de, van Montagu, M. ve Verbruggen, N. (2001). At-HSP17.6A, encoding a small heat-shock protein in Arabidopsis, can enhance osmotolerance upon overexpression. *The Plant Journal*, *27*(5), 407-415. doi:10.1046/J.1365-313X.2001.01107.X

Sun, W., van Montagu, M. ve Verbruggen, N. (2002). Small heat shock proteins and stress tolerance in plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Structure and Expression*, *1577*(1), 1-9. doi:10.1016/S0167-4781(02)00417-7

Sun, Z., Wang, Y., Mou, F., Tian, Y., Chen, L., Zhang, S., Li, X. (2016). Genome-Wide Small RNA Analysis of Soybean Reveals Auxin-Responsive microRNAs that are Differentially Expressed in Response to Salt Stress in Root Apex. *Frontiers in Plant Science*, *6*. doi:10.3389/fpls.2015.01273

Suyama, M., Torrents, D. ve Bork, P. (2006). PAL2NAL: robust conversion of protein sequence alignments into the corresponding codon alignments. *Nucleic Acids Research*, *34*(suppl_2), W609-W612. doi:10.1093/NAR/GKL315

Swindell, W. R., Huebner, M. ve Weber, A. P. (2007). Transcriptional profiling of Arabidopsis heat shock proteins and transcription factors reveals extensive overlap between heat and non-heat stress response pathways. *BMC Genomics*, *8*(1), 1-15. doi:10.1186/1471-2164-8-125/TABLES/6

Tabusam, J., Shi, Q., Feng, D., Zulfiqar, S., Shen, S., Ma, W. ve Zhao, J. (2022). HSP70 Gene Family in Brassica rapa: Genome-Wide Identification, Characterization, and Expression Patterns in Response to Heat and Cold Stress. *Cells*, *11*(15), 2316. doi:10.3390/cells11152316

Tan, B., Yan, L., Li, H., Lian, X., Cheng, J., Wang, W., Zhneg, X., Wang, X., Li, J., Zhang, L., Li, Z., Feng, J. (2021). Genome-wide identification of HSF family in peach and functional analysis of PpHSF5 involvement in root and aerial organ development. *PeerJ*, *9*, e10961. doi:10.7717/PEERJ.10961/SUPP-9

Taşkara, E. G. (2021, Ocak). *Kabak (Cucurbita Pepo L.) Bitkisinin Biyoreaktör Sisteminde Mikroçoğaltımı ve Genotoksik Hasarın Değerlendirilmesi*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Marmara Üniversitesi, İstanbul.

The Plant List. (2022, 25 Ağustos). http://www.theplantlist.org/1.1/browse/A/Cucurbitaceae/.

Thind, A. S., Monga, I., Thakur, P. K., Kumari, P., Dindhoria, K., Krzak, M., Ranson, M., Ashford, B. (2021). Demystifying emerging bulk RNA-Seq applications: the application and utility of bioinformatic methodology. *Briefings in Bioinformatics*, *22*(6). doi:10.1093/bib/bbab259

Thirumalaikumar, V. P., Gorka, M., Schulz, K., Masclaux-Daubresse, C., Sampathkumar, A., Skirycz, A., Balazadeh, S. (2021). Selective autophagy regulates heat stress memory in Arabidopsis by NBR1-mediated targeting of HSP90.1 and ROF1. *Autophagy*, *17*(9), 2184-2199. doi:10.1080/15548627.2020.1820778

Thompson, G. R. ve Grundy, S. M. (2005). History and Development of Plant Sterol and Stanol Esters for Cholesterol-Lowering Purposes. *The American Journal of Cardiology*, *96*(1), 3-9. doi:10.1016/J.AMJCARD.2005.03.013

Tissiéres, A., Mitchell, H. K. ve Tracy, U. M. (1974). Protein synthesis in salivary glands of Drosophila melanogaster: Relation to chromosome puffs. *Journal of Molecular Biology*, *84*(3), 389-398. doi:10.1016/0022-2836(74)90447-1

Tubiello, Francesco N., Soussana, J. F. ve Howden, S. M. (2007). Crop and pasture response to climate change. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *104*(50), 19686-19690. doi:10.1073/PNAS.0701728104

Tubiello, Francesco Nicola ve Rosenzweig, C. (2008). Developing climate change impact metrics for agriculture. *Integrated Assessment Journal*, *8*(1), 165-184.

Umar, O. B., Ranti, L. A., Abdulbaki, A. S., Bola, A. L., Abdulhamid, A. K., Biola, M. R. ve Victor, K. O. (2021). Stresses in Plants: Biotic and Abiotic. *Current Trends in Wheat Research*. doi:10.5772/INTECHOPEN.100501

URL. (2022, 30 Ağustos). https://www.tridge.com/intelligences/zucchini/production. *Global PRoduction of Fresh Zucchini*.

Ünel, N. M. (2018). *Salatalıkta Isı Şoku Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri ve Abiyotik Stres Koşullarına Tepkisinin Omiks Yaklaşımlar Kullanılarak İncelenmesi*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Kastamonu Üniversitesi, Kastamonu .

v. Rajan, V. B. ve D'Silva, P. (2009). Arabidopsis thaliana J-class heat shock proteins: cellular stress sensors. *Functional & Integrative Genomics*, *9*(4), 433-446. doi:10.1007/s10142-009-0132-0

van Montfort, R. L. M., Basha, E., Friedrich, K. L., Slingsby, C. ve Vierling, E. (2001). Crystal structure and assembly of a eukaryotic small heat shock protein. *Nature Structural Biology 2001 8:12*, *8*(12), 1025-1030. doi:10.1038/nsb722

Verma, A., Diwan, D., Raut, S., Dobriyal, N., Brown, R. E., Gowda, V. ve Sahi, C. (2017). Evolutionary Conservation and Emerging Functional Diversity of the Cytosolic Hsp70:J Protein Chaperone Network of Arabidopsis thaliana. *Genes, Genomes, Genetics*, *7*(6), 1941-1954.

Verma, A. K., Tamadaddi, C., Tak, Y., Lal, S. S., Cole, S. J., Hines, J. K. ve Sahi, C. (2019). The expanding world of plant J-domain proteins. *Critical Reviews in Plant Sciences*, *38*(5-6), 382-400. doi:10.1080/07352689.2019.1693716

Verma, S., Nizam, S. ve Verma, P. K. (2013). Biotic and abiotic stress signaling in plants. *Stress Signaling in Plants: Genomics and Proteomics Perspective, Volume 1* içinde (ss. 25-50). Springer New York. doi:10.1007/978-1-4614-6372-6_2/COVER

Vierling, E. (1991). The Roles of Heat Shock Proteins in Plants. *Annual Reviewers Plant Physiology Plant Molecular Biology*, *42*, 579-620.

Vitiello, A., Rao, R., Corrado, G., Chiaiese, P., Digilio, M., Cigliano, R. ve D'Agostino, N. (2018). De Novo Transcriptome Assembly of Cucurbita Pepo L. Leaf Tissue Infested by Aphis Gossypii. *Data*, *3*(3), 36. doi:10.3390/data3030036

Volkov, R. A., Panchuk, I. I., Mullineaux, P. M. ve Schöffl, F. (2006). Heat stress-induced H2O2 is required for effective expression of heat shock genes in Arabidopsis. *Plant Molecular Biology 2006 61:4*, *61*(4), 733-746. doi:10.1007/S11103-006-0045-4

Voorrips, R. E. (2002). MapChart: Software for the Graphical Presentation of Linkage Maps and QTLs. *Journal of Heredity*, *93*(1), 77-78. doi:10.1093/JHERED/93.1.77

Walsh, P., Bursać, D., Law, Y. C., Cyr, D. ve Lithgow, T. (2004). The J-protein family: modulating protein assembly, disassembly and translocation. *EMBO reports*, *5*(6), 567-571. doi:10.1038/SJ.EMBOR.7400172

Wan, X., Yang, J., Guo, C., Bao, M. ve Zhang, J. (2019). Genome-wide identification and classification of the Hsf and sHsp gene families in *Prunus mume*, and transcriptional analysis under heat stress. *PeerJ*, *2019*(7). doi:10.7717/peerj.7312

Wang, C., Li, W., Chen, F., Cheng, Y., Huang, X., Zou, B., Qu, S. (2022). Genome-Wide Identification and Characterization of Members of the ACS Gene Family in Cucurbita maxima and Their Transcriptional Responses to the Specific Treatments. *International Journal of Molecular Sciences*, *23*(15), 8476. doi:10.3390/ijms23158476

Wang, H., Dong, Z., Chen, J., Wang, M., Ding, Y., Xue, Q., Ding, X. (2022). Genome-wide identification and expression analysis of the Hsp20, Hsp70 and Hsp90 gene family in Dendrobium officinale. *Frontiers in plant science*, *13*, 979801. doi:10.3389/fpls.2022.979801

Wang, Jinglei, Hu, H., Wang, W., Wei, Q., Hu, T. ve Bao, C. (2020). Genome-Wide Identification and Functional Characterization of the Heat Shock Factor Family in Eggplant (*Solanum melongena* L.) under Abiotic Stress Conditions. *Plants 2020, Vol. 9, Page 915*, *9*(7), 915. doi:10.3390/PLANTS9070915

Wang, Jun, Sun, N., Deng, T., Zhang, L. ve Zuo, K. (2014). Genome-wide cloning, identification, classification and functional analysis of cotton heat shock

transcription factors in cotton (*Gossypium hirsutum*). *BMC Genomics*, *15*(1), 961. doi:10.1186/1471-2164-15-961

Wang, W., Vinocur, B., Shoseyov, O. ve Altman, A. (2004). Role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in the abiotic stress response. *Trends in Plant Science*, *9*(5), 244-252. doi:10.1016/J.TPLANTS.2004.03.006

Wang, X., Zheng, Y., Chen, B., Zhi, C., Qiao, L., Liu, C., Pan, Y., Cheng, Z. (2021). Genome-wide identification of small heat shock protein (HSP20) homologs in three cucurbit species and the expression profiles of CsHSP20s under several abiotic stresses. *International Journal of Biological Macromolecules*, *190*, 827-836. doi:10.1016/J.IJBIOMAC.2021.08.222

Wang, Y. ve 2017, undefined. (2017). PlantRGDB: a database of plant retrocopied genes. *Plant and Cell Physiology*, *58*(1), e2-e2. doi:10.1093/pcp/pcw210

Wang, Z., Gerstein, M. ve Snyder, M. (2009). RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nature Reviews Genetics*, *10*(1), 57-63. doi:10.1038/nrg2484

Waters, E. R., Lee, G. J. ve Vierling, E. (1996). Evolution, structure and function of the small heat shock proteins in plants. *Journal of Experimental Botany*, *47*(3), 325-338. doi:10.1093/JXB/47.3.325

Waters, E. R. ve Vierling, E. (1999). Chloroplast small heat shock proteins: Evidence for atypical evolution of an organelle-localized protein. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *96*(25), 14394-14399. doi:10.1073/PNAS.96.25.14394

Waters, E. R. ve Vierling, E. (2020). Plant small heat shock proteins – evolutionary and functional diversity. *New Phytologist*, *227*(1), 24-37. doi:10.1111/nph.16536

Wilhelm, J. ve Pingoud, A. (2003). Real-Time Polymerase Chain Reaction. *ChemBioChem*, *4*(11), 1120-1128. doi:10.1002/cbic.200300662

Wyatt, L. E., Strickler, S. R., Mueller, L. A. ve Mazourek, M. (2016). Comparative analysis of Cucurbita pepo metabolism throughout fruit development in acorn squash and oilseed pumpkin. *Horticulture Research*, *3*. doi:10.1038/HORTRES.2016.45/41956827/41438_2016_ARTICLE_BFHORTRES201645.PDF

Xin, H., Zhang, H., Chen, L., Li, X., Lian, Q., Yuan, X., Hu, X., Cao, L., He, X., Yi, M. (2010). Cloning and characterization of HsfA2 from Lily (*Lilium longiflorum*). *Plant Cell Reports*, *29*(8), 875-885. doi:10.1007/S00299-010-0873-1/FIGURES/8

Xu, J., Xue, C., Xue, D., Zhao, J., Gai, J., Guo, N. ve Xing, H. (2013). Overexpression of GmHsp90s, a Heat Shock Protein 90 (Hsp90) Gene Family Cloning from Soybean, Decrease Damage of Abiotic Stresses in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS ONE*, *8*(7), e69810. doi:10.1371/journal.pone.0069810

Xu, K. ve Wang, P. (2022). Genome-wide identification and expression analysis of the VQ gene family in *Cucurbita pepo* L. *PeerJ, 10,* e12827. doi:10.7717/peerj.12827

Xu, Z.-S., Li, Z.-Y., Chen, Y., Chen, M., Li, L.-C. ve Ma, Y.-Z. (2012). Heat Shock Protein 90 in Plants: Molecular Mechanisms and Roles in Stress Responses. *International Journal of Molecular Sciences*, *13*(12), 15706-15723. doi:10.3390/ijms131215706

Yadav, A., Kumar, S., Verma, R., Lata, C., Sanyal, I. ve Rai, S. P. (2021). microRNA 166: an evolutionarily conserved stress biomarker in land plants targeting HD-ZIP family. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, *27*(11), 2471-2485. doi:10.1007/S12298-021-01096-X

Yamamoto, M., Maruyama, D., Endo, T. ve Nishikawa, S. (2008). Arabidopsis thaliana Has a Set of J Proteins in the Endoplasmic Reticulum that are Conserved from Yeast to Animals and Plants. *Plant and Cell Physiology*, *49*(10), 1547-1562. doi:10.1093/pcp/pcn119

Ye, S. F., Yu, S. W., Shu, L. B., Wu, J. H., Wu, A. Z. ve Luo, L. J. (2012). Expression profile analysis of 9 heat shock protein genes throughout the life cycle and under abiotic stress in rice. *Chinese Science Bulletin*, *57*(4), 336-343. doi:10.1007/s11434-011-4863-7

Yer, E. N. (2017, 15 Aralık). *Isı şoku protein genlerinin (HSP) bazı populus taksonlarında fonksiyonel genom analizi ve abiyotik stres koşullarında HSP genlerinin ifade seviyelerinin belirlenmesi*. (Yayımlanmamış doktora tezi). Kastamonu Üniversitesi, Kastamonu.

Yer, E. N., Baloglu, M. C. ve Ayan, S. (2018). Identification and expression profiling of all Hsp family member genes under salinity stress in different poplar clones. *Gene*, *678*, 324-336. doi:10.1016/j.gene.2018.08.049

Yer, E. N., Baloglu, M. C., Ziplar, U. T., Ayan, S. ve Unver, T. (2016). Drought-Responsive Hsp70 Gene Analysis in Populus at Genome-Wide Level. *Plant Molecular Biology Reporter, 34*(2), 483-500. doi:10.1007/s11105-015-0933-3

Yin, S., Li, S., Gao, Y., Bartholomew, E. S., Wang, R., Yang, H., Ren, H. (2022). Genome-Wide Identification of YABBY Gene Family in Cucurbitaceae and Expression Analysis in Cucumber (Cucumis sativus L.). *Genes*, *13*(3), 467. doi:10.3390/genes13030467

Young, J. C., Moarefi, I. ve Ulrich Hartl, F. (2001). Hsp90: a specialized but essential protein-folding tool. *The Journal of Cell Biology*, *154*(2), 267. doi:10.1083/JCB.200104079

Yuan, J., Shen, C., Chen, B., Shen, A. ve Li, X. (2021). Genome-Wide Characterization and Expression Analysis of CAMTA Gene Family Under Salt Stress in Cucurbita moschata and Cucurbita maxima. *Frontiers in Genetics*, *12*. doi:10.3389/fgene.2021.647339

Zahur, M., Maqbool, A., Irfan, M., Barozai, M. Y. K., Qaiser, U., Rashid, B., Riazuddin, S. (2009). Functional analysis of cotton small heat shock protein promoter region in response to abiotic stresses in tobacco using Agrobacterium-mediated transient assay. *Molecular Biology Reports*, *36*(7), 1915-1921. doi:10.1007/S11033-008-9399-9/FIGURES/4

Zakaria Eleiwa, D., Mohamed, S. A., Eleiwa, N. Z. ve Omar Bakr, R. (2014). Phytochemical and Pharmacological Screening of Seeds and Fruits Pulp of Cucurbita moschata Duchesne Cultivated in Egypt. *International Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, *29*(1), 2051-7858. doi:10.12817/20517858.29.1.27703371

Zandalinas, S. I., Balfagón, D., Arbona, V., Gómez-Cadenas, A., Inupakutika, M. A. ve Mittler, R. (2016). ABA is required for the accumulation of APX1 and MBF1c during a combination of water deficit and heat stress. *Journal of experimental botany*, *67*(18), 5381-5390. doi:10.1093/JXB/ERW299

Zandalinas, S. I., Mittler, R., Balfagón, D., Arbona, V. ve Gómez-Cadenas, A. (2018). Plant adaptations to the combination of drought and high temperatures. *Physiologia Plantarum*, *162*(1), 2-12. doi:10.1111/PPL.12540

Zandalinas, S. I., Rivero, R. M., Martínez, V., Gómez-Cadenas, A. ve Arbona, V. (2016). Tolerance of citrus plants to the combination of high temperatures and drought is associated to the increase in transpiration modulated by a reduction in abscisic acid levels. *BMC plant biology*, *16*(1). doi:10.1186/S12870-016-0791-7

Zhang, H., Zhu, J., Gong, Z. ve Zhu, J. K. (2022). Abiotic stress responses in plants. *Nature Reviews Genetics*, *23*(2), 104-119. doi:10.1038/S41576-021-00413-0

Zhang, J., Li, J., Liu, B., Zhang, L., Chen, J. ve Lu, M. (2013). Genome-wide analysis of the Populus Hsp90 gene family reveals differential expression patterns, localization, and heat stress responses. *BMC Genomics*, *14*(1), 532. doi:10.1186/1471-2164-14-532

Zhang, J., Liu, B., Li, J., Zhang, L., Wang, Y., Zheng, H., Chen, J. (2015). Hsf and Hsp gene families in Populus: Genome-wide identification, organization and correlated expression during development and in stress responses. *BMC Genomics*, *16*(1), 1-19. doi:10.1186/S12864-015-1398-3/FIGURES/10

Zhang, K., He, S., Sui, Y., Gao, Q., Jia, S., Lu, X. ve Jia, L. (2021). Genome-Wide Characterization of HSP90 Gene Family in Cucumber and Their Potential Roles in Response to Abiotic and Biotic Stresses. *Frontiers in Genetics*, *12*. doi:10.3389/fgene.2021.584886

Zhang, Q., Geng, J., Du, Y., Zhao, Q., Zhang, W., Fang, Q., Du, J. (2022). Heat shock transcription factor (Hsf) gene family in common bean (*Phaseolus vulgaris*): genome-wide identification, phylogeny, evolutionary expansion and expression analyses at the sprout stage under abiotic stress. *BMC Plant Biology*, *22*(1), 1-15. doi:10.1186/S12870-021-03417-4/FIGURES/10

Zhao, B., Liang, R., Ge, L., Li, W., Xiao, H., Lin, H., Ruan, K., Jin, Y. (2007). Identification of drought-induced microRNAs in rice. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *354*(2), 585-590. doi:10.1016/j.bbrc.2007.01.022

Zhao, D., Qi, X., Zhang, Y., Zhang, R., Wang, C., Sun, T., Zheng, J., Lu, Y. (2022). Genome-wide analysis of the heat shock transcription factor gene family in Sorbus pohuashanensis (Hance) Hedl identifies potential candidates for resistance to abiotic stresses. *Plant Physiology and Biochemistry*, *175*, 68-80. doi:10.1016/j.plaphy.2022.02.005

Zhao, P., Wang, D., Wang, R., Kong, N., Zhang, C., Yang, C., Wu., Ma, H., Chen, Q. (2018). Genome-wide analysis of the potato Hsp20 gene family: Identification, genomic organization and expression profiles in response to heat stress. *BMC Genomics*, *19*(1), 1-13. doi:10.1186/S12864-018-4443-1/FIGURES/6

Zhao, R., Davey, M., Hsu, Y. C., Kaplanek, P., Tong, A., Parsons, A. B., Krogan, N., Cagney, G., Mai, D., Greenblatt, J., Boone, C., Emili, A., Houry, W. A. (2005). Navigating the Chaperone Network: An Integrative Map of Physical and Genetic Interactions Mediated by the Hsp90 Chaperone. *Cell*, *120*(5), 715-727. doi:10.1016/J.CELL.2004.12.024

Zhao, X., Zhang, T., Xing, W., Wang, J., Song, X. ve Zhou, Y. (2021). Genome-wide Identification and Expression Analysis Under Temperature Stress of HSP70 Gene Family in Dendrobium catenatum. *Acta Horticulturae Sinica*, *48*(9), 1743. doi:10.16420/J.ISSN.0513-353X.2020-0710

Zhou, Li, Yu, X., Wang, D., Li, L., Zhou, W., Zhang, Q., Wang, X., Ye, S., Wang, Z. (2021). Genome-wide identification, classification and expression profile analysis of the HSF gene family in *Hypericum perforatum*. *PeerJ*, *9*, e11345. doi:10.7717/PEERJ.11345/SUPP-4

Zhou, Liguo, Liu, Y., Liu, Z., Kong, D., Duan, M. ve Luo, L. (2010). Genome-wide identification and analysis of drought-responsive microRNAs in Oryza sativa. *Journal of Experimental Botany*, *61*(15), 4157-4168. doi:10.1093/jxb/erq237

Zhou, S., Zhang, P., Jing, Z. ve Jianlei, S. (2013). Genome-wide identification and analysis of heat shock transcription factor family in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Plant Omics*, 6;6, 449-455.

Zhu, B., Ye, C., Lü, H., Chen, X., Chai, G., Chen, J. ve Wang, C. (2006). Identification and characterization of a novel heat shock transcription factor gene, GmHsfA1, in soybeans (Glycine max). *Journal of Plant Research*, *119*(3), 247-256. doi:10.1007/S10265-006-0267-1/FIGURES/8

Zhu, L., Li, Y., Li, J., Wang, Y., Zhang, Z., Wang, Y., Sun, S. (2021). Genome-wide identification and analysis of the MLO gene families in three Cucurbita species. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, *57*(No. 3), 119-123. doi:10.17221/99/2020-CJGPB

EKLER

EK 1 Kabak sHsp Protein Kataloğu

Protein Adı	Cucurbit Genomik Veritabanı Erişim Numarası	Kabak Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararlılık Endeksi	Kararlı/ Kararsız
		Kro.	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
CpsHsp-01	Cp4.1LG01g11230.1	1	6259438	6276722	1200	7.62	134527.64	58.57	Kararsız
CpsHsp-02	Cp4.1LG01g14210.1	1	7821583	7822846	311	8.83	33555.77	46.48	Kararsız
CpsHsp-03	Cp4.1LG01g15910.1	1	9725027	9727441	236	9.33	26667.45	40.63	Kararsız
CpsHsp-04	Cp4.1LG02g08500.1	2	85595	90936	455	4.93	50614.91	41.69	Kararsız
CpsHsp-05	Cp4.1LG02g05840.1	2	1452296	1452766	156	6.16	17481.29	28.16	Kararlı
CpsHsp-06	Cp4.1LG02g05850.1	2	1453678	1454157	159	5.67	17759.30	34.28	Kararlı
CpsHsp-07	Cp4.1LG02g09810.1	2	8775939	8781085	68	5.41	7386.50	42.84	Kararsız
CpsHsp-08	Cp4.1LG02g09750.1	2	8798354	8798902	182	6.46	20965.06	47.43	Kararsız
CpsHsp-09	Cp4.1LG02g09900.1	2	9973282	9973819	155	6.62	17304.89	47.39	Kararsız
CpsHsp-10	Cp4.1LG02g11550.1	2	10508454	10508786	110	6.18	12680.45	58.09	Kararsız
CpsHsp-11	Cp4.1LG02g11450.1	2	10509536	10509988	150	4.67	16738.80	61.93	Kararsız
CpsHsp-12	Cp4.1LG03g02760.1	3	445607	446200	197	8.51	23143.08	51.27	Kararsız
CpsHsp-13	Cp4.1LG03g14960.1	3	8356607	8357083	158	7.72	17285.86	56.78	Kararsız
CpsHsp-14	Cp4.1LG03g10690.1	3	11529278	11529931	217	4.89	24197.67	45.86	Kararsız
CpsHsp-15	Cp4.1LG05g05490.1	5	3294841	3296368	206	9.17	22675.62	66.92	Kararsız
CpsHsp-16	Cp4.1LG05g08560.1	5	5578319	5579481	271	9.00	29710.14	52.99	Kararsız
CpsHsp-17	Cp4.1LG05g08590.1	5	5587556	5590920	445	10.18	51142.73	51.88	Kararsız
CpsHsp-18	Cp4.1LG06g02530.1	6	1345380	1345793	137	6.37	15331.65	27.85	Kararlı
CpsHsp-19	Cp4.1LG08g04070.1	8	1715489	1716016	175	5.20	19792.31	41.97	Kararsız
CpsHsp-20	Cp4.1LG08g07390.1	8	5890447	5895054	172	5.80	19156.69	48.01	Kararsız
CpsHsp-21	Cp4.1LG08g11860.1	8	8764188	8764781	197	8.52	23087.00	48.90	Kararsız
CpsHsp-22	Cp4.1LG08g12750.1	8	9220943	9227214	510	5.16	56213.70	44.66	Kararsız
CpsHsp-23	Cp4.1LG09g03510.1	9	2108806	2112680	408	5.47	43590.44	57.49	Kararsız
CpsHsp-24	Cp4.1LG10g08120.1	10	5161213	5161644	143	6.77	15932.21	41.51	Kararsız
CpsHsp-25	Cp4.1LG11g07720.1	11	6270957	6277886	146	7.81	15506.05	39.10	Kararlı
CpsHsp-26	Cp4.1LG13g03280.1	13	3006097	3012322	225	7.98	25071.47	51.03	Kararsız
CpsHsp-27	Cp4.1LG13g05400.1	13	5494596	5496245	141	6.92	15775.05	45.97	Kararsız
CpsHsp-28	Cp4.1LG13g07190.1	13	8738633	8740676	333	6.09	37703.26	57.45	Kararsız
CpsHsp-29	Cp4.1LG14g09450.1	14	7978792	7980862	270	5.11	30291.38	51.99	Kararsız
CpsHsp-30	Cp4.1LG14g10660.1	14	8914368	8919902	465	5.72	51460.18	45.83	Kararsız
CpsHsp-31	Cp4.1LG15g04660.1	15	5671853	5673596	154	5.55	17303.63	55.43	Kararsız
CpsHsp-32	Cp4.1LG15g08590.1	15	8391593	8394775	256	6.60	27936.53	58.89	Kararsız
CpsHsp-33	Cp4.1LG20g00570.1	20	231003	241092	793	6.96	88590.67	35.58	Kararlı
CpsHsp-34	Cp4.1LG20g03690.1	20	2089513	2090504	137	6.58	15372.41	54.02	Kararsız
CpsHsp-35	Cp4.1LG20g08260.1	20	7596950	7597438	162	5.53	18462.87	69.78	Kararsız
CpsHsp-36	Cp4.1LG00g00140.1	scaffold	245303	247240	198	4.81	22638.47	46.75	Kararsız
CpsHsp-37	Cp4.1LG00g04700.1	scaffold	17882921	17884358	446	5.15	50276.93	43.34	Kararsız
CpsHsp-38	Cp4.1LG00g09520.1	scaffold	29292584	29293121	155	6.61	17238.78	47.18	Kararsız

EK 1'in devamı

CpsHsp-39	Cp4.1LG00g09910.1	scaffold	29856029	29857427	434	4.97	48834.19	43.94	Kararsız
CpsHsp-40	Cp4.1LG00g11010.1	scaffold	32425248	32425736	162	5.36	18437.88	68.59	Kararsız
CpsHsp-41	Cp4.1LG00g11520.1	scaffold	34384371	34384853	160	5.68	18405.92	66.45	Kararsız
CpsHsp-42	Cp4.1LG00g13130.1	scaffold	38332774	38333256	160	5.53	18339.81	69.66	Kararsız
CpsHsp-43	Cp4.1LG00g15790.1	scaffold	43994539	43994871	110	6.18	12680.45	58.09	Kararsız
CpsHsp-44	Cp4.1LG00g16240.1	scaffold	46812432	46812677	81	8.23	9266.46	78.00	Kararsız

EK 2 Kabak Hsp40 Protein Kataloğu

Protein Adı	Cucurbit Genomik Veritabanı Erişim Numarası	Kabak Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararlılık Endeksi	Kararlı/ Kararsız
		Kro.	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
CpHsp40-01	Cp4.1LG01g06300.1	1	289192	290364	111	5.2	12864.48	36.6	Kararlı
CpHsp40-02	Cp4.1LG01g04080.1	1	1401191	1404121	501	9.35	55372.91	38.23	Kararlı
CpHsp40-03	Cp4.1LG01g01820.1	1	2794774	2796714	646	8.16	73890.68	62.04	Kararsız
CpHsp40-04	Cp4.1LG01g00940.1	1	3300820	3308758	810	7.84	92181.34	45.11	Kararsız
CpHsp40-05	Cp4.1LG01g09280.1	1	4368329	4375086	567	9.63	62674.93	53.75	Kararsız
CpHsp40-06	Cp4.1LG01g08180.1	1	5080642	5085439	625	9.05	70500.12	47.95	Kararsız
CpHsp40-07	Cp4.1LG01g10130.1	1	6829239	6831053	355	9.28	39379.79	33.88	Kararlı
CpHsp40-08	Cp4.1LG01g14240.1	1	7785649	7795278	413	5.9	45981.99	38.58	Kararlı
CpHsp40-09	Cp4.1LG01g13770.1	1	8036232	8040092	395	6.23	43843.34	36.41	Kararlı
CpHsp40-10	Cp4.1LG01g12860.1	1	8595176	8597653	315	9.03	35346.22	38.17	Kararlı
CpHsp40-11	Cp4.1LG01g18100.1	1	15021396	15027762	412	6.17	45468.91	33.49	Kararlı
CpHsp40-12	Cp4.1LG01g18110.1	1	15043174	15048843	317	9.04	35963.5	35.14	Kararlı
CpHsp40-13	Cp4.1LG01g20700.1	1	17554515	17560518	576	8.15	62343.24	43.53	Kararsız
CpHsp40-14	Cp4.1LG01g21010.1	1	17715313	17719019	392	7.13	44264.72	41.2	Kararsız
CpHsp40-15	Cp4.1LG01g23380.1	1	19622373	19625717	522	8.77	58419.37	38.89	Kararlı
CpHsp40-16	Cp4.1LG01g26170.1	1	21311562	21312388	241	5.66	27639.94	51.43	Kararsız
CpHsp40-17	Cp4.1LG02g07960.1	2	390856	392442	199	5.72	21406.63	31.2	Kararlı
CpHsp40-18	Cp4.1LG02g07450.1	2	588522	595646	1457	4.83	164160.63	50.57	Kararsız
CpHsp40-19	Cp4.1LG02g07380.1	2	701610	707733	1152	8.89	128479.84	51.88	Kararsız
CpHsp40-20	Cp4.1LG02g06140.1	2	1385303	1388526	290	5.2	31607.7	25.39	Kararlı
CpHsp40-21	Cp4.1LG02g05230.1	2	1837715	1838722	335	8.32	37677.66	49.77	Kararsız
CpHsp40-22	Cp4.1LG02g05240.1	2	1875628	1878526	132	5.12	15636.28	37.7	Kararlı
CpHsp40-23	Cp4.1LG02g04470.1	2	2424442	2426112	373	9.08	41035.53	43.08	Kararsız
CpHsp40-24	Cp4.1LG02g03160.1	2	3329074	3331337	359	9.58	40088.67	54.8	Kararsız
CpHsp40-25	Cp4.1LG02g00280.1	2	5431819	5432187	122	9.4	13728.33	85.7	Kararsız
CpHsp40-26	Cp4.1LG02g09850.1	2	10117622	10137414	480	9.58	52454.01	45.01	Kararsız
CpHsp40-27	Cp4.1LG02g16100.1	2	12937964	12941163	525	9.04	58041.5	55.86	Kararsız
CpHsp40-28	Cp4.1LG02g15260.1	2	13473025	13474801	159	6.07	18053.98	46.9	Kararsız
CpHsp40-29	Cp4.1LG02g14970.1	2	13683875	13689443	509	8.93	54843.87	39.16	Kararlı
CpHsp40-30	Cp4.1LG03g03070.1	3	21913	222205	571	9.33	63392.84	41.79	Kararsız
CpHsp40-31	Cp4.1LG03g03040.1	3	280930	283271	340	7.09	37763.12	40.39	Kararsız
CpHsp40-32	Cp4.1LG03g01650.1	3	896504	900109	220	6.32	24084.69	37.59	Kararlı
CpHsp40-33	Cp4.1LG03g00510.1	3	1539755	1542934	215	5.08	23475.73	43.43	Kararsız
CpHsp40-34	Cp4.1LG03g00300.1	3	1704031	1710530	279	5.93	31891.93	52.81	Kararsız
CpHsp40-35	Cp4.1LG03g03780.1	3	2099840	2104758	285	6.94	32795.79	54.29	Kararsız
CpHsp40-36	Cp4.1LG03g08970.1	3	5821038	5822307	160	6.09	18119.1	54.04	Kararsız
CpHsp40-37	Cp4.1LG03g12990.1	3	9852398	9857129	971	9.27	108975.12	47.31	Kararsız
CpHsp40-38	Cp4.1LG03g11600.1	3	10928228	10929860	234	9.32	27518.05	47.74	Kararsız
CpHsp40-39	Cp4.1LG03g18080.1	3	12381703	12382955	206	9.34	23564.49	78.27	Kararsız
CpHsp40-40	Cp4.1LG04g01560.1	4	550468	552389	489	8.99	54974.92	46.42	Kararsız
CpHsp40-41	Cp4.1LG04g00870.1	4	1206276	1208837	853	7.91	95690.13	43.89	Kararsız
CpHsp40-42	Cp4.1LG04g07200.1	4	4327331	4329010	559	6.09	61428.35	59.83	Kararsız
CpHsp40-43	Cp4.1LG04g06960.1	4	4518372	4518851	159	9.8	18214.72	58.48	Kararsız
CpHsp40-44	Cp4.1LG04g04980.1	4	6210115	6210115	286	6.2	31558.81	33.41	Kararlı
CpHsp40-45	Cp4.1LG04g04140.1	4	6775657	6777780	707	8.86	78669.73	37.21	Kararlı
CpHsp40-46	Cp4.1LG04g03790.1	4	6996917	7002189	347	9.25	38348.8	31.61	Kararlı
CpHsp40-47	Cp4.1LG04g02920.1	4	7568561	7571702	279	5.02	30588.55	44.13	Kararsız
CpHsp40-48	Cp4.1LG04g14500.1	4	11665662	11667785	584	5.53	66673.72	46.16	Kararsız
CpHsp40-49	Cp4.1LG04g14950.1	4	11814248	11827468	732	8.94	82027.15	44.1	Kararsız
CpHsp40-50	Cp4.1LG05g04520.1	5	2572739	2580385	689	6.34	76871.39	52.31	Kararsız
CpHsp40-51	Cp4.1LG05g04940.1	5	2868248	2874237	1093	5.5	121592.31	56	Kararsız
CpHsp40-52	Cp4.1LG05g06050.1	5	3709645	3711972	775	8.54	87430.72	38.15	Kararlı
CpHsp40-53	Cp4.1LG05g08170.1	5	5033443	5036131	218	6.32	23938.49	45.43	Kararsız
CpHsp40-54	Cp4.1LG05g08810.1	5	5784171	5787337	226	7.1	24534.02	38.46	Kararlı
CpHsp40-55	Cp4.1LG05g09280.1	5	6139011	6145119	341	7.11	39352.65	61	Kararsız
CpHsp40-56	Cp4.1LG05g10650.1	5	6995321	7002706	387	9.42	43367.18	26.8	Kararlı
CpHsp40-57	Cp4.1LG05g11030.1	5	7395915	7400813	278	9.57	31682.28	49.72	Kararsız
CpHsp40-58	Cp4.1LG05g11040.1	5	7457250	7465469	330	7.06	35984.14	38.61	Kararlı
CpHsp40-59	Cp4.1LG05g12710.1	5	8903672	8908185	339	5.91	38231.35	45.04	Kararsız
CpHsp40-60	Cp4.1LG05g13550.1	5	9513004	9514987	179	6.07	20152.07	43.63	Kararsız
CpHsp40-61	Cp4.1LG06g02460.1	6	1300420	1302419	216	5.45	23534.91	31.44	Kararlı
CpHsp40-62	Cp4.1LG06g03730.1	6	1990963	1993287	335	8.89	36810.61	40.28	Kararsız
CpHsp40-63	Cp4.1LG06g04060.1	6	2642771	2651802	917	5.48	102120.11	45.07	Kararsız
CpHsp40-64	Cp4.1LG06g06150.1	6	3812010	3814283	337	9.53	38078.43	60.37	Kararsız
CpHsp40-65	Cp4.1LG16g05320.1	6	6209737	6213103	218	5.83	23953.46	47.01	Kararsız
CpHsp40-66	Cp4.1LG06g10170.1	6	10611492	10614549	116	9.47	12888.72	50.1	Kararsız
CpHsp40-67	Cp4.1LG07g01630.1	7	923341	925912	94	4.43	10979.91	34.52	Kararlı

EK 2’nin devamı

CpHsp40-70	Cp4.1LG07g04690.1	7	3545667	3549796	242	9.42	28979.92	51.52	Kararsız
CpHsp40-71	Cp4.1LG07g06530.1	7	4559190	4565225	416	8.83	46931.74	39.71	Kararlı
CpHsp40-72	Cp4.1LG07g08770.1	7	7889045	7891579	142	6.13	15734.36	62.43	Kararsız
CpHsp40-73	Cp4.1LG07g09030.1	7	8111681	8114110	220	6.11	24710.96	49.64	Kararsız
CpHsp40-74	Cp4.1LG07g09480.1	7	8603506	8609775	676	9.43	76746.11	47.32	Kararsız
CpHsp40-75	Cp4.1LG08g06590.1	8	182953	189964	327	6.55	36872.68	59.68	Kararsız
CpHsp40-76	Cp4.1LG08g05060.1	8	1090316	1091889	243	9.36	28295.92	54.15	Kararsız
CpHsp40-77	Cp4.1LG08g02660.1	8	2655583	2657410	204	9.76	23128.03	65.2	Kararsız
CpHsp40-78	Cp4.1LG08g01180.1	8	3634974	3636788	604	6.42	67771.7	34.76	Kararlı
CpHsp40-79	Cp4.1LG08g07360.1	8	5880470	5889083	541	9.31	60105.66	41.68	Kararsız
CpHsp40-80	Cp4.1LG08g08770.1	8	6973499	6975882	605	8.17	70399.95	53.32	Kararsız
CpHsp40-81	Cp4.1LG08g09720.1	8	7660241	7663056	201	5.47	22133.3	46.97	Kararsız
CpHsp40-82	Cp4.1LG08g10980.1	8	8309098	8312943	169	5.96	18647.31	49.8	Kararsız
CpHsp40-83	Cp4.1LG08g13860.1	8	9963792	9972924	441	8.05	49562.38	49.95	Kararsız
CpHsp40-84	Cp4.1LG09g00510.1	9	361473	366778	685	5.57	76832.98	48.59	Kararsız
CpHsp40-85	Cp4.1LG09g01360.1	9	837994	841535	315	9.2	35367.31	36.26	Kararlı
CpHsp40-86	Cp4.1LG09g03150.1	9	1871329	1876542	385	6.06	42724.22	30.93	Kararlı
CpHsp40-87	Cp4.1LG09g03600.1	9	2161133	2162111	238	5.57	27651.84	58.23	Kararsız
CpHsp40-88	Cp4.1LG09g03590.1	9	2163873	2166518	313	5.47	35376.68	47.97	Kararsız
CpHsp40-89	Cp4.1LG09g04240.1	9	2726304	2729519	64	9.77	6938	39.93	Kararlı
CpHsp40-90	Cp4.1LG09g05680.1	9	4291251	4293478	169	9.99	19070.63	63.8	Kararsız
CpHsp40-91	Cp4.1LG09g07420.1	9	6934373	6938777	359	5.32	41573.16	65.52	Kararsız
CpHsp40-92	Cp4.1LG09g08810.1	9	8115799	8119754	297	9.33	34812.18	55.93	Kararsız
CpHsp40-93	Cp4.1LG09g10530.1	9	9244333	9246919	345	9.27	38534.63	37.17	Kararlı
CpHsp40-94	Cp4.1LG10g06200.1	10	503284	506738	357	8.64	40548.69	67.99	Kararsız
CpHsp40-95	Cp4.1LG10g05090.1	10	1052646	1056660	350	9.04	38136.47	34.74	Kararlı
CpHsp40-96	Cp4.1LG10g04700.1	10	1173921	1175463	112	10.27	12127.98	32.99	Kararlı
CpHsp40-97	Cp4.1LG10g04820.1	10	1195550	1201062	524	6.28	58099.12	43.48	Kararsız
CpHsp40-98	Cp4.1LG10g04750.1	10	1255475	1258175	211	5.3	23062.47	41.96	Kararsız
CpHsp40-99	Cp4.1LG10g02300.1	10	2731779	274523	539	7.57	61371.96	47.16	Kararsız
CpHsp40-100	Cp4.1LG10g00690.1	10	3607670	3614668	1500	5.25	168713.98	43.23	Kararsız
CpHsp40-101	Cp4.1LG10g00240.1	10	3844502	3844990	162	9.83	18262.61	58.23	Kararsız
CpHsp40-102	Cp4.1LG10g00030.1	10	3895353	3898464	265	8.91	28937.98	36.65	Kararlı
CpHsp40-103	Cp4.1LG10g11860.1	10	8541701	8550168	557	6.49	61997.19	52.04	Kararsız
CpHsp40-104	Cp4.1LG10g11340.1	10	9077369	9091218	1372	5.91	150709.35	48.19	Kararsız
CpHsp40-105	Cp4.1LG11g01050.1	11	515711	520241	256	9.24	29922.01	54.28	Kararsız
CpHsp40-106	Cp4.1LG11g00930.1	11	570831	573662	238	9.42	28115.04	47.44	Kararsız
CpHsp40-107	Cp4.1LG11g01670.1	11	901413	901952	179	4.75	19948.49	43.14	Kararsız
CpHsp40-108	Cp4.1LG11g02370.1	11	1205351	1208129	544	7.02	60300.51	36.89	Kararlı
CpHsp40-109	Cp4.1LG11g02460.1	11	1342968	1344897	200	5.73	21729.89	31.06	Kararlı
CpHsp40-110	Cp4.1LG11g04070.1	11	2206285	2213477	299	8.93	34599.99	49.27	Kararsız
CpHsp40-111	Cp4.1LG11g04130.1	11	2344095	2350219	271	9.46	31993.32	49.46	Kararsız
CpHsp40-112	Cp4.1LG11g04880.1	11	2839962	2843623	191	5.71	21893.47	50.08	Kararsız
CpHsp40-113	Cp4.1LG11g08050.1	11	6480766	6482271	167	5.5	18521.25	41.76	Kararsız
CpHsp40-114	Cp4.1LG11g08890.1	11	7171804	7174773	162	5.27	18156.19	53.75	Kararsız
CpHsp40-115	Cp4.1LG11g09740.1	11	8287689	8298253	568	9.49	64209.24	53.84	Kararsız
CpHsp40-116	Cp4.1LG12g00650.1	12	469056	471142	207	8.64	23859.09	72.13	Kararsız
CpHsp40-117	Cp4.1LG12g02620.1	12	1699027	1701825	932	5.97	106159.86	46.58	Kararsız
CpHsp40-118	Cp4.1LG12g02770.1	12	1860001	1876466	350	8.93	39993.21	54.57	Kararsız
CpHsp40-119	Cp4.1LG12g03370.1	12	2223314	2230637	729	8.95	81371.92	49.79	Kararsız
CpHsp40-120	Cp4.1LG12g09390.1	12	5719500	5721462	229	4.8	25594.19	63.59	Kararsız
CpHsp40-121	Cp4.1LG12g07000.1	12	7277834	7283511	448	8.97	49029.14	34.79	Kararlı
CpHsp40-122	Cp4.1LG12g06110.1	12	7775420	7778010	582	9.2	64988.76	47.86	Kararsız
CpHsp40-123	Cp4.1LG12g06040.1	12	7805627	7810201	365	6.25	41387.08	44.52	Kararsız
CpHsp40-124	Cp4.1LG12g05960.1	12	7896870	7898316	158	7.61	18072.52	58.71	Kararsız
CpHsp40-125	Cp4.1LG12g11500.1	12	8693875	8699839	609	9.45	68199.87	49.67	Kararsız
CpHsp40-126	Cp4.1LG13g03140.1	13	2614716	2617019	767	8.51	86605.86	35.74	Kararlı
CpHsp40-127	Cp4.1LG13g03730.1	13	4082556	4083276	90	10.1	10513.09	62.06	Kararsız
CpHsp40-128	Cp4.1LG13g06970.1	13	4320461	4328920	424	6.24	46897.54	35.61	Kararlı
CpHsp40-129	Cp4.1LG13g04430.1	13	6094862	6100918	578	8.42	63472.35	48.77	Kararsız
CpHsp40-130	Cp4.1LG13g04290.1	13	6205348	6209161	402	6.25	45762.7	46.17	Kararsız
CpHsp40-131	Cp4.1LG14g06470.1	14	414299	419631	685	5.58	76913.3	48.2	Kararsız
CpHsp40-132	Cp4.1LG14g03900.1	14	1949527	1951473	648	7.59	74270.28	58.14	Kararsız
CpHsp40-133	Cp4.1LG14g03760.1	14	2076510	2087211	1944	5.14	216501.51	51.85	Kararsız
CpHsp40-134	Cp4.1LG14g03230.1	14	2440068	2446466	531	8.68	60934.14	49.52	Kararsız
CpHsp40-135	Cp4.1LG14g09460.1	14	7951739	7957695	541	8.87	60334.72	42.59	Kararsız
CpHsp40-136	Cp4.1LG15g02350.1	15	2187683	2188177	164	9.51	18553.15	55.46	Kararsız
CpHsp40-137	Cp4.1LG15g02620.1	15	2540231	2541740	364	9.15	40834.54	65.58	Kararsız
CpHsp40-138	Cp4.1LG15g03710.1	15	4988108	4989826	572	6.15	63295.2	59.57	Kararsız
CpHsp40-139	Cp4.1LG15g06000.1	15	6658067	6667567	329	8.57	36723.79	40.35	Kararsız
CpHsp40-140	Cp4.1LG15g06110.1	15	6786942	6790420	291	9.21	32616.23	52.61	Kararsız
CpHsp40-141	Cp4.1LG15g06240.1	15	7031527	7033748	184	8.35	20303.46	45.28	Kararsız
CpHsp40-142	Cp4.1LG15g07120.1	15	7598678	7601966	338	8.92	37372.38	34.03	Kararlı
CpHsp40-143	Cp4.1LG15g08310.1	15	8175883	8180028	281	6.75	31069.14	51.66	Kararsız
CpHsp40-144	Cp4.1LG16g01140.1	16	2490541	2500825	364	8.53	40606.92	37.3	Kararlı

EK 2'nin devamı

CpHsp40-145	Cp4.1LG16g02490.1	16	4598125	4603877	323	6.5	36331.23	38.17	Kararlı
CpHsp40-146	Cp4.1LG16g02970.1	16	4958063	4958503	146	9.43	16267.3	45.36	Kararsız
CpHsp40-147	Cp4.1LG16g03330.1	16	5188702	5190439	237	6.66	26455.42	37.16	Kararlı
CpHsp40-148	Cp4.1LG16g04000.1	16	5553751	5555671	348	8.66	38277.18	38.57	Kararlı
CpHsp40-149	Cp4.1LG16g08720.1	16	8257077	8268221	1323	5.42	146190.38	51.95	Kararsız
CpHsp40-150	Cp4.1LG17g00050.1	17	462260	469618	605	9.27	67992.38	47.01	Kararsız
CpHsp40-151	Cp4.1LG17g00940.1	17	612964	615804	881	5.52	100670.82	44.05	Kararsız
CpHsp40-152	Cp4.1LG17g02940.1	17	1816187	1818069	206	8.64	23212.16	66.79	Kararsız
CpHsp40-153	Cp4.1LG17g03470.1	17	2425955	2430708	245	5.68	27882.67	43.03	Kararsız
CpHsp40-154	Cp4.1LG17g04230.1	17	3263124	3264933	230	5.06	25639.23	47.04	Kararsız
CpHsp40-155	Cp4.1LG17g08290.1	17	5404299	5408656	402	9.17	44407.02	35.87	Kararlı
CpHsp40-156	Cp4.1LG17g08080.1	17	5524433	5527123	235	5.21	25483.11	33.79	Kararlı
CpHsp40-157	Cp4.1LG17g07360.1	17	5965514	5968028	495	9.05	54900.29	43.38	Kararsız
CpHsp40-158	Cp4.1LG17g07280.1	17	5986560	5991208	346	6.19	39070.44	42.75	Kararsız
CpHsp40-159	Cp4.1LG17g10900.1	17	8317677	8326868	1201	6.22	132997.3	57.43	Kararsız
CpHsp40-160	Cp4.1LG18g02210.1	18	3856232	3862853	240	9.28	28712.84	50.94	Kararsız
CpHsp40-161	Cp4.1LG18g02270.1	18	3898247	3903764	458	5.73	51667.76	39.03	Kararlı
CpHsp40-162	Cp4.1LG18g04530.1	18	5506351	5523110	2638	5.89	288978.79	49.88	Kararsız
CpHsp40-163	Cp4.1LG18g04870.1	18	5709365	5720525	526	8.79	58734.79	46.16	Kararsız
CpHsp40-164	Cp4.1LG18g07020.1	18	6961937	6965540	571	5.31	65692.41	53.96	Kararsız
CpHsp40-165	Cp4.1LG19g00670.1	19	570282	577370	638	5.08	70361.08	48.09	Kararsız
CpHsp40-166	Cp4.1LG19g01000.1	19	813701	822842	992	5.97	109870.66	50.31	Kararsız
CpHsp40-167	Cp4.1LG19g02130.1	19	1813902	1817926	187	9.15	20830.35	51.76	Kararsız
CpHsp40-168	Cp4.1LG19g04090.1	19	3586503	3593714	485	6.85	53643.28	39.2	Kararlı
CpHsp40-169	Cp4.1LG19g04030.1	19	3656681	3662676	165	6.07	18097.73	46.72	Kararsız
CpHsp40-170	Cp4.1LG19g04830.1	19	4333833	4344728	736	9.23	82486.41	48.42	Kararsız
CpHsp40-171	Cp4.1LG19g09260.1	19	6110756	6117671	1440	5.22	161947.15	41.09	Kararsız
CpHsp40-172	Cp4.1LG19g08710.1	19	6367846	6368337	163	9.94	18317.67	56.98	Kararsız
CpHsp40-173	Cp4.1LG19g05910.1	19	7728705	7732339	406	8.57	45922.62	60.98	Kararsız
CpHsp40-174	Cp4.1LG20g02200.1	20	1192853	1195818	412	9.38	46316.4	37.29	Kararlı
CpHsp40-175	Cp4.1LG20g03800.1	20	2157145	2161767	300	9.29	35253.59	54.16	Kararsız
CpHsp40-176	Cp4.1LG20g08090.1	20	7753817	7757607	381	9.81	41983.56	25.27	Kararlı
CpHsp40-177	Cp4.1LG00g00380.1	scaffold	685371	692146	417	8.58	47265.68	40.35	Kararsız
CpHsp40-178	Cp4.1LG00g00390.1	scaffold	694490	696760	92	9.84	10487.85	68.08	Kararsız
CpHsp40-179	Cp4.1LG00g01270.1	scaffold	3601634	3605231	244	9.59	29080.61	49.92	Kararsız
CpHsp40-180	Cp4.1LG00g01320.1	scaffold	3647824	3650592	319	5.76	35630.99	48.25	Kararsız
CpHsp40-181	Cp4.1LG00g03370.1	scaffold	12693528	12705274	602	9.38	68924.13	55.08	Kararsız
CpHsp40-182	Cp4.1LG00g03970.1	scaffold	15100824	15114483	545	5.3	60432.05	49.31	Kararsız
CpHsp40-183	Cp4.1LG00g04620.1	scaffold	17641593	17654249	327	9.04	35556.47	47.94	Kararsız
CpHsp40-184	Cp4.1LG00g09160.1	scaffold	28664459	28665285	241	5.66	27639.94	51.43	Kararsız
CpHsp40-185	Cp4.1LG00g09640.1	scaffold	29436504	29437456	168	5.48	18286.97	30.06	Kararlı
CpHsp40-186	Cp4.1LG00g13370.1	scaffold	38959574	38961151	242	9.33	27455.31	52.43	Kararsız
CpHsp40-187	Cp4.1LG00g15300.1	scaffold	42397013	42397477	154	5.13	17931.65	38.51	Kararlı
CpHsp40-188	Cp4.1LG00g15350.1	scaffold	42587319	42587726	135	4.53	14866.97	36.18	Kararlı

EK 3 Kabak Hsp60 Protein Kataloğu

Protein Adı	Cucurbit Genomik Veritabanı Erişim Numarası	Kabak Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararlılık Endeksi	Kararlı/ Kararsız
		Kro.	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
CpHSP60-01	Cp4.1LG01g06240.1	1	274051	282228	1677	5.79	188617.32	54.04	Kararsız
CpHSP60-02	Cp4.1LG01g07560.1	1	5383045	5391608	1729	5.87	194566.25	53.19	Kararsız
CpHSP60-03	Cp4.1LG02g08210.1	2	254097	259350	527	5.81	57107.03	29.94	Kararlı
CpHSP60-04	Cp4.1LG02g12400.1	2	11864297	11873837	531	5.81	57718.62	31.69	Kararlı
CpHSP60-05	Cp4.1LG02g14250.1	2	14112097	14115057	473	7.14	53202.02	33.63	Kararlı
CpHSP60-06	Cp4.1LG03g09200.1	3	6115971	6132290	557	5.48	59961.70	40.24	Kararsız
CpHSP60-07	Cp4.1LG04g11670.1	4	8715931	8721520	561	6.10	60476.10	35.32	Kararlı
CpHSP60-08	Cp4.1LG04g11450.1	4	8890965	8894870	594	6.39	63101.46	31.08	Kararlı
CpHSP60-09	Cp4.1LG05g08060.1	5	4995124	4998516	497	5.19	52610.11	36.12	Kararlı
CpHSP60-10	Cp4.1LG05g10470.1	5	6869394	6874428	537	6.17	58414.64	39.82	Kararlı
CpHSP60-11	Cp4.1LG06g09270.1	6	6554358	6561841	1522	5.45	170553.45	47.55	Kararsız
CpHSP60-12	Cp4.1LG07g00180.1	7	179019	186944	671	5.35	74159.30	39.10	Kararlı
CpHSP60-13	Cp4.1LG08g06620.1	8	176314	182741	545	5.54	58723.24	40.68	Kararsız
CpHSP60-14	Cp4.1LG08g02500.1	8	2760877	2764099	235	9.49	25360.49	44.30	Kararsız
CpHSP60-15	Cp4.1LG09g02480.1	9	1433742	1438820	590	8.98	63930.07	39.10	Kararsız
CpHSP60-16	Cp4.1LG09g11240.1	9	9668267	9669868	533	7.59	57600.09	35.34	Kararlı
CpHSP60-17	Cp4.1LG11g00500.1	11	213779	220235	535	5.39	59137.12	41.02	Kararsız
CpHSP60-18	Cp4.1LG12g01120.1	12	706688	711669	529	5.09	55909.55	22.77	Kararlı
CpHSP60-19	Cp4.1LG12g09430.1	12	5632828	5644211	1811	5.22	201687.63	48.67	Kararsız
CpHSP60-20	Cp4.1LG12g08890.1	12	6113308	6119466	540	5.70	57447.99	21.75	Kararlı
CpHSP60-21	Cp4.1LG12g11980.1	12	8430408	8435224	450	6.85	48885.31	35.80	Kararlı
CpHSP60-22	Cp4.1LG13g07700.1	13	8380283	8387787	537	6.31	59365.42	31.26	Kararlı
CpHSP60-23	Cp4.1LG16g00930.1	16	1819419	1824573	566	6.1	62042.72	37.68	Kararlı
CpHSP60-24	Cp4.1LG16g05250.1	16	6145271	6149064	611	5.46	64985.73	33.07	Kararlı
CpHSP60-25	Cp4.1LG17g02230.1	17	1450142	1454698	575	6.28	61130.49	24.50	Kararlı
CpHSP60-26	Cp4.1LG17g02640.1	17	2058701	2064519	230	6.76	25004.20	25.78	Kararlı
CpHSP60-27	Cp4.1LG17g04300.1	17	3177059	3189028	2067	5.09	228421.97	49.02	Kararsız
CpHSP60-28	Cp4.1LG17g06760.1	17	6442627	6449634	535	6.12	59142.06	34.24	Kararlı
CpHSP60-29	Cp4.1LG17g09810.1	17	7438060	7442776	573	5.67	60826.88	27.95	Kararlı
CpHSP60-30	Cp4.1LG18g00870.1	18	2359530	2375817	1799	5.47	200930.28	51.97	Kararsız
CpHSP60-31	Cp4.1LG18g01240.1	18	2770844	2776438	516	6.31	55224.03	33.28	Kararlı
CpHSP60-32	Cp4.1LG18g02700.1	18	4326061	4335083	881	6.21	95252.82	33.32	Kararlı
CpHSP60-33	Cp4.1LG18g02960.1	18	4482400	4490914	255	8.34	26728.57	28.38	Kararlı
CpHSP60-34	Cp4.1LG19g01190.1	19	890426	893723	233	9.06	24183.65	26.81	Kararlı
CpHSP60-35	Cp4.1LG19g02510.1	19	2066849	2070076	97	7.97	10652.42	37.42	Kararlı
CpHSP60-36	Cp4.1LG19g11900.1	19	4673382	4678182	692	6.29	77604.12	34.71	Kararlı
CpHSP60-37	Cp4.1LG20g01470.1	20	775578	777179	533	7.61	57620.10	35.33	Kararlı
CpHSP60-38	Cp4.1LG20g06140.1	20	3845000	3853250	576	8.59	61618.89	30.13	Kararlı
CpHSP60-39	Cp4.1LG20g08060.1	20	7781497	7787524	527	5.77	57211.19	31.00	Kararlı
CpHSP60-40	Cp4.1LG00g00480.1	scaffold	1479574	1490330	1770	5.28	198105.89	53.44	Kararsız
CpHSP60-41	Cp4.1LG00g02670.1	scaffold	8415056	8426259	1499	5.97	166847.61	47.75	Kararsız
CpHSP60-42	Cp4.1LG00g05200.1	scaffold	19485684	19487330	548	5.10	57854.25	27.81	Kararlı

EK 4 Kabak Hsp70 Protein Kataloğu

Protein Adı	Cucurbit Genomik Veritabanı Erişim Numarası	Kabak Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararlılık Endeksi	Kararlı/ Kararsız
		Kro.	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
CpHSP70-01	Cp4.1LG01g02940.1	1	2145103	2149006	680	5.72	73007.69	39.88	Kararlı
CpHSP70-02	Cp4.1LG01g23980.1	1	19349625	19351798	495	5.04	54323.39	34.41	Kararlı
CpHSP70-03	Cp4.1LG01g23890.1	1	19373503	19374930	475	5.07	52282.15	34.73	Kararlı
CpHSP70-04	Cp4.1LG02g08440.1	2	213831	219074	575	9.53	66497.36	49.53	Kararsız
CpHSP70-05	Cp4.1LG02g02720.1	2	3606791	3617201	898	5.17	99670.40	41.83	Kararsız
CpHSP70-06	Cp4.1LG02g01130.1	2	4899184	4904638	731	5.37	81756.41	40.07	Kararsız
CpHSP70-07	Cp4.1LG03g10670.1	3	11495538	11498381	619	5.68	66847.49	38.23	Kararlı
CpHSP70-08	Cp4.1LG05g07820.1	5	4925261	4929038	660	5.05	72776.35	29.65	Kararlı
CpHSP70-09	Cp4.1LG05g13500.1	5	9475229	9486851	1086	8.07	122584.66	46.52	Kararsız
CpHSP70-10	Cp4.1LG06g05560.1	6	3362361	3371055	898	5.28	99875.89	43.35	Kararsız
CpHSP70-11	Cp4.1LG06g08940.1	6	4827600	4836288	694	5.70	77385.26	47.36	Kararsız
CpHSP70-12	Cp4.1LG06g07510.1	6	6243990	6250033	677	5.04	72936.36	33.36	Kararlı
CpHSP70-13	Cp4.1LG06g10140.1	6	10487310	10500889	619	9.80	69753.79	52.25	Kararsız
CpHSP70-14	Cp4.1LG08g07330.1	8	5794006	5805251	570	9.26	65265.02	44.41	Kararsız
CpHSP70-15	Cp4.1LG10g08730.1	10	4955234	4958263	490	5.12	53740.85	35.37	Kararlı
CpHSP70-16	Cp4.1LG12g08180.1	12	6602357	6607693	840	5.35	92599.81	40.48	Kararsız
CpHSP70-17	Cp4.1LG13g00040.1	13	52617	56252	706	5.30	75445.21	33.42	Kararlı
CpHSP70-18	Cp4.1LG13g00960.1	13	758999	762688	665	5.13	73394.18	27.39	Kararlı
CpHSP70-19	Cp4.1LG13g09410.1	13	7456870	7458911	413	5.05	45474.39	40.28	Kararsız
CpHSP70-20	Cp4.1LG13g09340.1	13	7464166	7465596	476	5.03	52329.16	34.61	Kararlı
CpHSP70-21	Cp4.1LG14g04740.1	14	1382940	1389716	680	5.79	73033.76	40.73	Kararsız
CpHSP70-22	Cp4.1LG14g00820.1	14	4117008	4121445	659	6.34	70898.28	36.78	Kararlı
CpHSP70-23	Cp4.1LG14g09400.1	14	7897875	7904708	572	9.59	65956.94	47.01	Kararsız
CpHSP70-24	Cp4.1LG17g01110.1	17	637001	640524	668	6.16	71682.00	37.14	Kararlı
CpHSP70-25	Cp4.1LG17g05630.1	17	4649107	4656817	835	5.32	91755.85	41.78	Kararsız
CpHSP70-26	Cp4.1LG17g09060.1	17	4863376	4867181	706	5.18	75744.62	32.74	Kararlı
CpHSP70-27	Cp4.1LG18g05840.1	18	6213170	6221811	1654	6.06	184839.31	37.16	Kararlı
CpHSP70-28	Cp4.1LG19g04470.1	19	3302661	3304094	477	5.07	52404.23	35.43	Kararlı

EK 5 Kabak Hsp90 Protein Kataloğu

Protein Adı	Cucurbit Genomik Veritabanı Erişim Numarası	Kabak Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararlılık Endeksi	Kararlı/ Kararsız
		Kro.	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
CpHsp90-01	Cp4.1LG01g18840.1	1	16,183,677	16,191,753	794	4.91	90002.78	42.82	Kararsız
CpHsp90-02	Cp4.1LG04g02170.1	4	2,475,698	2,490,062	711	9.37	79699.88	39.37	Kararlı
CpHsp90-03	Cp4.1LG05g13910.1	5	9,811,770	9,826,302	1383	5.84	156630.77	43.85	Kararsız
CpHsp90-04	Cp4.1LG07g03570.1	7	2,304,753	2,309,600	704	4.78	80562.54	37.95	Kararlı
CpHsp90-05	Cp4.1LG08g08150.1	8	6,486,124	6,488,938	292	4.47	32158.15	30.37	Kararlı
CpHsp90-06	Cp4.1LG11g02600.1	11	1,418,617	1,424,719	783	4.82	89299.38	33.05	Kararlı
CpHsp90-07	Cp4.1LG13g06240.1	13	4,887,606	4,894,213	855	4.94	96912.43	41.84	Kararsız
CpHsp90-08	Cp4.1LG14g06400.1	14	453,666	456,551	396	4.78	44411.21	38.69	Kararlı
CpHsp90-09	Cp4.1LG14g08160.1	14	6,520,759	6,523,742	356	4.55	39848.94	35.23	Kararlı
CpHsp90-10	Cp4.1LG14g10040.1	14	8,480,586	8,483,812	220	9.48	25015.47	49.8	Kararsız

EK 6 Kabak Hsp100 Protein Kataloğu

Protein Adı	Cucurbit Genomik Veritabanı Erişim Numarası	Kabak Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararlılık Endeksi	Kararlı/ Kararsız
		Kro.	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
CpHsp100-01	Cp4.1LG01g04990.1	1	961675	964857	442	6.07	48333.14	32.93	Kararlı
CpHsp100-02	Cp4.1LG01g01150.1	1	3153800	3155563	587	6.84	63261.84	48.45	Kararsız
CpHsp100-03	Cp4.1LG01g00190.1	1	3712809	3717602	827	7.95	91381.62	43.05	Kararlı
CpHsp100-04	Cp4.1LG01g06960.1	1	3976293	3978639	495	8.71	56317.60	55.83	Kararsız
CpHsp100-05	Cp4.1LG01g10940.1	1	6373690	6376841	448	6.78	49034.91	32.37	Kararlı
CpHsp100-06	Cp4.1LG01g12110.1	1	9004723	9011045	345	8.98	38023.64	42.51	Kararsız
CpHsp100-07	Cp4.1LG01g15130.1	1	9027453	9036071	561	8.26	61507.54	40.53	Kararsız
CpHsp100-08	Cp4.1LG01g17130.1	1	11430687	11451153	1136	9.08	124682.81	37.09	Kararlı
CpHsp100-09	Cp4.1LG01g20570.1	1	17463372	17469104	363	7.62	40749.03	39.78	Kararlı
CpHsp100-10	Cp4.1LG01g24990.1	1	18532770	18535444	553	6.60	62757.17	63.42	Kararsız
CpHsp100-11	Cp4.1LG01g21620.1	1	20620451	20625086	1116	6.46	124903.94	45.96	Kararsız
CpHsp100-12	Cp4.1LG01g25450.1	1	20835555	20838798	478	5.60	52315.28	33.46	Kararlı
CpHsp100-13	Cp4.1LG01g25720.1	1	20884172	20892099	682	8.50	75772.78	53.05	Kararsız
CpHsp100-14	Cp4.1LG02g08300.1	2	230234	233488	716	5.88	76483.19	38.80	Kararlı
CpHsp100-15	Cp4.1LG02g06030.1	2	1354706	1361371	827	9.22	89970.56	43.74	Kararsız
CpHsp100-16	Cp4.1LG02g03130.1	2	3386282	3390730	324	5.94	35718.98	40.73	Kararsız
CpHsp100-17	Cp4.1LG02g00200.1	2	5549041	5557099	983	7.32	108099.80	46.46	Kararsız
CpHsp100-18	Cp4.1LG02g09770.1	2	8752742	8762406	700	8.57	76304.68	38.64	Kararlı
CpHsp100-19	Cp4.1LG02g10580.1	2	9546607	9550728	909	5.98	101189.44	38.72	Kararlı
CpHsp100-20	Cp4.1LG02g11720.1	2	10654458	10661787	740	7.17	80307.70	38.89	Kararlı
CpHsp100-21	Cp4.1LG02g11800.1	2	10742277	10750540	852	8.97	94821.30	57.56	Kararsız
CpHsp100-22	Cp4.1LG02g13290.1	2	11248815	11255672	923	6.21	102023.97	41.87	Kararsız
CpHsp100-23	Cp4.1LG02g12120.1	2	11982018	11987373	972	6.35	109119.36	39.97	Kararlı
CpHsp100-24	Cp4.1LG02g15410.1	2	13434751	13436304	517	7.98	57821.60	51.83	Kararsız
CpHsp100-25	Cp4.1LG03g01620.1	3	928604	934554	804	5.06	89367.43	43.82	Kararsız
CpHsp100-26	Cp4.1LG03g00600.1	3	1552571	1555709	776	6.57	85935.70	53.54	Kararsız
CpHsp100-27	Cp4.1LG03g07900.1	3	3116472	3122115	1057	6.66	122776.98	43.77	Kararsız
CpHsp100-28	Cp4.1LG03g09030.1	3	5717529	5719040	503	6.36	56351.71	51.53	Kararsız
CpHsp100-29	Cp4.1LG03g12310.1	3	10364461	10369024	479	6.59	53821.88	38.60	Kararlı
CpHsp100-30	Cp4.1LG03g15820.1	3	13524192	13525637	481	9.22	55373.61	43.48	Kararsız
CpHsp100-31	Cp4.1LG04g01270.1	4	765794	767245	483	6.43	56419.66	43.32	Kararsız
CpHsp100-32	Cp4.1LG04g02770.1	4	7589707	7593579	707	9.15	76639.84	38.64	Kararlı
CpHsp100-33	Cp4.1LG04g09430.1	4	10015254	10020760	402	8.24	45485.69	42.53	Kararsız
CpHsp100-34	Cp4.1LG04g12920.1	4	10599954	10604536	1032	6.80	114011.54	47.89	Kararsız
CpHsp100-35	Cp4.1LG04g12990.1	4	10710256	10711845	529	5.45	60352.19	51.49	Kararsız
CpHsp100-36	Cp4.1LG04g13290.1	4	10909390	10913445	1036	5.59	116096.37	58.61	Kararsız
CpHsp100-37	Cp4.1LG04g15720.1	4	12282015	12287072	799	5.07	89082.14	39.41	Kararlı
CpHsp100-38	Cp4.1LG04g16400.1	4	12655195	12665950	589	5.90	67117.90	42.99	Kararsız
CpHsp100-39	Cp4.1LG05g00740.1	5	518507	521455	445	6.11	49729.19	42.18	Kararsız
CpHsp100-40	Cp4.1LG05g04100.1	5	2310606	2315978	392	8.85	43876.97	38.40	Kararlı
CpHsp100-41	Cp4.1LG05g04590.1	5	2642988	2657536	976	9.38	106758.86	41.67	Kararsız
CpHsp100-42	Cp4.1LG05g05870.1	5	3545490	3548822	340	7.66	37629.07	43.50	Kararsız
CpHsp100-43	Cp4.1LG05g06200.1	5	3719145	3724167	809	5.78	89177.43	48.45	Kararsız
CpHsp100-44	Cp4.1LG05g06300.1	5	3863595	3871930	857	5.47	96393.21	43.43	Kararsız
CpHsp100-45	Cp4.1LG05g08360.1	5	5346791	5364374	1229	8.84	141225.28	43.21	Kararsız
CpHsp100-46	Cp4.1LG05g09350.1	5	6107181	6112880	815	7.17	89812.32	35.65	Kararlı
CpHsp100-47	Cp4.1LG05g09380.1	5	6145389	6148709	437	6.09	48350.28	28.69	Kararlı
CpHsp100-48	Cp4.1LG05g10100.1	5	6593069	6596721	418	5.42	46992.66	38.50	Kararlı
CpHsp100-49	Cp4.1LG05g10360.1	5	6785021	6798303	1001	6.80	114825.77	42.12	Kararsız
CpHsp100-50	Cp4.1LG05g11940.1	5	8270643	8276775	674	9.09	75152.92	42.60	Kararsız
CpHsp100-51	Cp4.1LG06g00320.1	6	168873	172257	689	5.53	73763.03	40.40	Kararsız
CpHsp100-52	Cp4.1LG06g00900.1	6	483809	484947	242	6.51	28372.04	48.14	Kararsız
CpHsp100-53	Cp4.1LG06g02910.1	6	1663687	1669487	986	6.53	110506.25	37.68	Kararlı
CpHsp100-54	Cp4.1LG06g06720.1	6	4096623	4103170	565	5.77	63025.33	53.84	Kararsız
CpHsp100-55	Cp4.1LG06g08020.1	6	5532986	5543343	926	6.31	101609.42	46.95	Kararsız
CpHsp100-56	Cp4.1LG06g09750.1	6	7705938	7730484	1417	7.90	154397.31	37.86	Kararlı
CpHsp100-57	Cp4.1LG06g10260.1	6	10624499	10645965	786	8.53	89173.23	51.58	Kararsız
CpHsp100-58	Cp4.1LG07g07280.1	7	6204106	6208017	878	7.59	96718.03	43.95	Kararsız
CpHsp100-59	Cp4.1LG07g07610.1	7	6650363	6656032	987	6.46	111721.17	56.33	Kararsız
CpHsp100-60	Cp4.1LG07g08620.1	7	7812902	7821073	953	5.42	105088.83	45.70	Kararsız
CpHsp100-61	Cp4.1LG07g08780.1	7	7960708	7965525	418	5.09	46940.94	36.75	Kararlı

EK 6'nın devamı

CpHsp100-62	Cp4.1LG07g09840.1	7	8757736	8760907	398	7.71	44474.14	35.57	Kararlı
CpHsp100-63	Cp4.1LG07g09740.1	7	8761944	8764418	383	7.02	42624.29	32.24	Kararlı
CpHsp100-64	Cp4.1LG08g05610.1	8	734038	739097	517	6.38	58293.41	37.13	Kararlı
CpHsp100-65	Cp4.1LG08g01800.1	8	3209233	3218050	500	9.39	55459.33	48.51	Kararsız
CpHsp100-66	Cp4.1LG08g00570.1	8	3995030	3996475	481	9.17	55426.76	44.74	Kararsız
CpHsp100-67	Cp4.1LG08g09840.1	8	7645101	7648872	801	5.88	87717.23	55.96	Kararsız
CpHsp100-68	Cp4.1LG08g10850.1	8	8262831	8271786	1135	5.36	126780.84	39.41	Kararlı
CpHsp100-69	Cp4.1LG09g00090.1	9	80867	85981	384	5.31	42530.52	52.03	Kararsız
CpHsp100-70	Cp4.1LG09g00310.1	9	86520	107671	1422	6.86	158283.54	42.48	Kararsız
CpHsp100-71	Cp4.1LG09g01460.1	9	800254	805706	264	9.20	28857.50	47.27	Kararsız
CpHsp100-72	Cp4.1LG09g06570.1	9	4959045	4971703	666	5.89	72990.61	32.91	Kararlı
CpHsp100-73	Cp4.1LG09g07040.1	9	6241977	6262047	1129	5.73	123412.72	48.45	Kararsız
CpHsp100-74	Cp4.1LG09g09630.1	9	8608805	8621100	1223	6.08	132786.21	36.36	Kararlı
CpHsp100-75	Cp4.1LG09g10480.1	9	9218523	9220118	531	8.60	61612.09	45.26	Kararsız
CpHsp100-76	Cp4.1LG10g05960.1	10	607040	612868	366	5.93	40983.76	56.94	Kararsız
CpHsp100-77	Cp4.1LG10g04550.1	10	1359701	1365808	805	5.15	89493.47	42.82	Kararsız
CpHsp100-78	Cp4.1LG10g03500.1	10	1974620	1987610	773	6.74	87147.91	44.72	Kararsız
CpHsp100-79	Cp4.1LG10g00540.1	10	3586627	3590913	626	8.98	69662.03	47.29	Kararsız
CpHsp100-80	Cp4.1LG10g00710.1	10	3653965	3655404	479	6.88	54593.28	48.60	Kararsız
CpHsp100-81	Cp4.1LG10g09850.1	10	4358675	4369572	848	9.17	93563.77	58.79	Kararsız
CpHsp100-82	Cp4.1LG10g12410.1	10	9676173	9682324	794	6.93	87928.44	48.73	Kararsız
CpHsp100-83	Cp4.1LG11g02310.1	11	1183771	1187600	398	7.68	44431.13	34.70	Kararlı
CpHsp100-84	Cp4.1LG11g02320.1	11	1187994	1191505	398	7.69	44450.16	33.98	Kararlı
CpHsp100-85	Cp4.1LG11g05970.1	11	3575328	3579319	447	5.91	49873.26	43.57	Kararsız
CpHsp100-86	Cp4.1LG11g05990.1	11	3675597	3679845	1094	7.99	120650.39	47.87	Kararsız
CpHsp100-87	Cp4.1LG11g06090.1	11	3787796	3792251	945	7.37	105750.94	55.81	Kararsız
CpHsp100-88	Cp4.1LG11g08980.1	11	7268831	7273953	405	5.13	45422.05	35.74	Kararlı
CpHsp100-89	Cp4.1LG11g10910.1	11	9084664	9090905	418	8.51	47142.79	41.36	Kararsız
CpHsp100-90	Cp4.1LG12g08330.1	12	6435796	6442586	947	9.31	107057.35	45.12	Kararsız
CpHsp100-91	Cp4.1LG12g07870.1	12	6737053	6743700	520	8.59	57258.60	46.46	Kararsız
CpHsp100-92	Cp4.1LG12g07220.1	12	7059134	7063086	460	6.34	51725.82	32.51	Kararlı
CpHsp100-93	Cp4.1LG12g05500.1	12	8036414	8048454	1273	6.01	138190.23	43.21	Kararsız
CpHsp100-94	Cp4.1LG13g02860.1	13	2228672	2235896	851	5.62	95635.72	47.46	Kararsız
CpHsp100-95	Cp4.1LG13g03080.1	13	2590498	2605281	847	5.48	92805.46	55.09	Kararsız
CpHsp100-96	Cp4.1LG13g03240.1	13	2908509	2909948	479	9.04	54642.60	57.12	Kararsız
CpHsp100-97	Cp4.1LG13g03260.1	13	2911349	2914377	355	8.85	39508.34	47.39	Kararsız
CpHsp100-98	Cp4.1LG13g04660.1	13	6038030	6047162	455	6.19	50916.53	43.37	Kararsız
CpHsp100-99	Cp4.1LG13g10570.1	13	6763829	6766285	638	8.53	72586.02	48.20	Kararsız
CpHsp100-100	Cp4.1LG13g08640.1	13	7898700	7900133	477	6.64	55256.25	50.51	Kararsız
CpHsp100-101	Cp4.1LG13g08430.1	13	7981897	7985612	671	8.53	72596.86	38.53	Kararlı
CpHsp100-102	Cp4.1LG13g07880.1	13	8282370	8285273	624	9.85	69312.27	41.45	Kararsız
CpHsp100-103	Cp4.1LG13g07350.1	13	8636265	8640463	1157	6.21	128581.63	49.57	Kararsız
CpHsp100-104	Cp4.1LG13g11000.1	13	8884912	8888106	479	5.70	52346.42	31.55	Kararlı
CpHsp100-105	Cp4.1LG14g07050.1	14	137935	144403	384	5.77	42361.62	53.72	Kararsız
CpHsp100-106	Cp4.1LG14g06870.1	14	204288	209814	546	6.78	59302.77	39.80	Kararlı
CpHsp100-107	Cp4.1LG14g05610.1	14	790860	795458	234	9.36	25622.53	43.29	Kararsız
CpHsp100-108	Cp4.1LG14g03760.1	14	2076510	2087211	1944	5.14	216501.51	51.85	Kararsız
CpHsp100-109	Cp4.1LG14g02680.1	14	2851852	2858773	960	6.64	108067.95	42.92	Kararsız
CpHsp100-110	Cp4.1LG14g02320.1	14	3079211	3088297	1008	8.40	111212.36	44.26	Kararsız
CpHsp100-111	Cp4.1LG14g08300.1	14	6781291	6787758	333	8.12	36913.54	41.91	Kararsız
CpHsp100-112	Cp4.1LG14g09060.1	14	7546584	7556633	889	6.72	98639.34	39.35	Kararlı
CpHsp100-113	Cp4.1LG15g01220.1	15	939069	944507	445	6.11	49759.22	43.53	Kararsız
CpHsp100-114	Cp4.1LG15g03750.1	15	4931987	4940773	1055	5.83	114693.86	38.91	Kararlı
CpHsp100-115	Cp4.1LG15g08130.1	15	8143497	8154833	1135	6.46	124305.67	38.59	Kararlı
CpHsp100-116	Cp4.1LG16g01690.1	16	3809499	3815292	641	9.33	70613.74	44.17	Kararsız
CpHsp100-117	Cp4.1LG16g06270.1	16	6757450	6762280	819	6.53	90420.86	38.04	Kararlı
CpHsp100-118	Cp4.1LG16g06300.1	16	6785713	6792319	503	4.68	54667.07	36.04	Kararlı
CpHsp100-119	Cp4.1LG16g06870.1	16	7147622	7151514	418	5.42	46949.58	37.44	Kararlı
CpHsp100-120	Cp4.1LG16g08090.1	16	7862083	7866269	433	7.07	48224.81	41.93	Kararsız
CpHsp100-121	Cp4.1LG17g09000.1	17	4964532	4969001	518	8.11	57206.52	46.03	Kararsız
CpHsp100-122	Cp4.1LG17g08540.1	17	5202354	5206524	426	6.03	47759.12	33.44	Kararlı
CpHsp100-123	Cp4.1LG17g07820.1	17	5717818	5729351	1031	5.87	115935.16	50.88	Kararsız
CpHsp100-124	Cp4.1LG17g07050.1	17	6212077	6224509	1259	5.94	136823.56	43.23	Kararsız
CpHsp100-125	Cp4.1LG17g06900.1	17	6288677	6296156	918	6.31	100617.01	47.22	Kararsız
CpHsp100-126	Cp4.1LG17g10900.1	17	8317677	8326868	1201	6.22	132997.30	57.43	Kararsız
CpHsp100-127	Cp4.1LG19g01330.1	18	1005687	1010983	805	5.87	88745.16	44.72	Kararsız
CpHsp100-128	Cp4.1LG18g04710.1	18	5597500	5604934	713	6.06	80288.58	36.92	Kararlı
CpHsp100-129	Cp4.1LG18g06050.1	18	6349353	6352966	900	6.44	99718.18	50.50	Kararsız

EK 6'nın devamı

CpHsp100-130	Cp4.1LG18g06090.1	18	6451865	6453430	521	5.33	59396.95	52.71	Kararsız
CpHsp100-131	Cp4.1LG18g06280.1	18	6599257	6602785	1009	6.11	113097.29	60.06	Kararsız
CpHsp100-132	Cp4.1LG18g09410.1	18	8256920	8267625	1047	8.71	115661.97	45.97	Kararsız
CpHsp100-133	Cp4.1LG19g03450.1	19	3008060	3014545	835	9.06	92742.00	32.51	Kararlı
CpHsp100-134	Cp4.1LG19g03870.1	19	3833139	3838746	805	5.15	89565.59	43.67	Kararsız
CpHsp100-135	Cp4.1LG19g09220.1	19	6089570	6093428	630	8.76	70482.06	43.54	Kararsız
CpHsp100-136	Cp4.1LG19g09290.1	19	6142975	6156223	2067	5.89	236823.27	52.11	Kararsız
CpHsp100-137	Cp4.1LG20g00610.1	20	343652	354919	1315	6.20	146890.06	39.94	Kararlı
CpHsp100-138	Cp4.1LG20g02170.1	20	1216213	1217766	517	6.42	58708.57	38.02	Kararlı
CpHsp100-139	Cp4.1LG20g02710.1	20	1480360	1484803	497	5.76	55365.99	46.54	Kararsız
CpHsp100-140	Cp4.1LG20g03070.1	20	1743519	1756814	1251	6.20	135637.91	37.58	Kararlı
CpHsp100-141	Cp4.1LG20g06620.1	20	4207139	4219003	734	6.22	80265.15	30.03	Kararlı
CpHsp100-142	Cp4.1LG20g08620.1	20	7324212	7331802	908	6.26	100573.44	40.89	Kararsız
CpHsp100-143	Cp4.1LG20g08210.1	20	7725936	7733372	861	8.99	94039.09	38.54	Kararlı
CpHsp100-144	Cp4.1LG20g07920.1	20	7842384	7845973	827	5.79	93494.62	54.96	Kararsız
CpHsp100-145	Cp4.1LG00g07340.1	scaffold	24174868	24180121	1059	6.58	123023.20	43.89	Kararsız
CpHsp100-146	Cp4.1LG00g08230.1	scaffold	26444717	26450976	916	9.40	103799.71	45.98	Kararsız
CpHsp100-147	Cp4.1LG00g08600.1	scaffold	27204286	27210545	916	9.40	103799.71	45.98	Kararsız
CpHsp100-148	Cp4.1LG00g08920.1	scaffold	28064182	28073008	515	8.56	57514.17	43.87	Kararsız
CpHsp100-149	Cp4.1LG00g09380.1	scaffold	29124197	29125950	390	6.44	42952.78	21.11	Kararlı
CpHsp100-150	Cp4.1LG00g13830.1	scaffold	39466208	39467394	242	6.26	26887.98	27.08	Kararlı
CpHsp100-151	Cp4.1LG00g13950.1	scaffold	39635080	39636282	401	9.08	46897.80	46.03	Kararsız
CpHsp100-152	Cp4.1LG00g14330.1	scaffold	40300562	40301524	321	8.83	37536.82	44.17	Kararsız

EK 7 Kabak Hsf Protein Kataloğu

Protein Adı	Cucurbit Genomik Veritabanı Erişim Numarası	Kabak Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararlılık Endeksi	Kararlı/Kararsız
		Kro.	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
CpHsf-01	Cp4.1LG01g05990.1	1	432,033	438,259	404	4,88	46901,96	41,90	Kararsız
CpHsf-02	Cp4.1LG01g06720.1	1	4,092,963	4,094,071	245	9,26	28216,86	33,05	Kararlı
CpHsf-03	Cp4.1LG01g07180.1	1	5,632,574	5,636,354	376	4,91	43672,34	40,05	Kararsız
CpHsf-04	Cp4.1LG01g11850.1	1	5,876,719	5,882,881	463	7,59	51722,05	47,22	Kararsız
CpHsf-05	Cp4.1LG02g06770.1	2	957,328	958,919	337	7,76	38301,88	50,01	Kararsız
CpHsf-06	Cp4.1LG02g12960.1	2	11,426,086	11,429,082	217	9,83	25156,29	53,69	Kararsız
CpHsf-07	Cp4.1LG03g01340.1	3	1,189,343	1,191,452	449	5,88	50140,72	52,42	Kararsız
CpHsf-08	Cp4.1LG03g14380.1	3	8,785,488	8,790,081	385	5,63	41232,23	48,12	Kararsız
CpHsf-09	Cp4.1LG03g10550.1	3	11,642,018	11,643,918	200	4,98	23776,88	41,39	Kararsız
CpHsf-10	Cp4.1LG03g10540.1	3	11,644,910	11,645,838	286	10,14	33351,27	59,8	Kararsız
CpHsf-11	Cp4.1LG03g17720.1	3	12,411,534	12,414,477	448	6,53	50390,12	60,88	Kararsız
CpHsf-12	Cp4.1LG03g17000.1	3	12,998,014	12,999,731	349	6,36	38035,44	43,1	Kararsız
CpHsf-13	Cp4.1LG04g04460.1	4	6,631,391	6,634,122	479	6,44	50726,35	38,77	Kararlı
CpHsf-14	Cp4.1LG04g12520.1	4	8,078,178	8,079,766	236	7,96	27310,62	44,27	Kararsız
CpHsf-15	Cp4.1LG04g09910.1	4	9,776,028	9,777,332	291	5,61	33216,41	64,97	Kararsız
CpHsf-16	Cp4.1LG04g13560.1	4	10,987,256	10,989,009	299	5,16	32948,26	29,41	Kararsız
CpHsf-17	Cp4.1LG05g03750.1	5	1,741,469	1,743,848	359	5,88	39819,88	47,71	Kararsız
CpHsf-18	Cp4.1LG05g03160.1	5	1,985,697	1,989,735	235	9,51	27082,37	54,66	Kararsız
CpHsf-19	Cp4.1LG05g04160.1	5	2,532,740	2,534,888	408	6,68	45991,8	34,14	Kararlı
CpHsf-20	Cp4.1LG05g11290.1	5	7,617,607	7,622,818	168	4,78	19254,55	26,33	Kararlı
CpHsf-21	Cp4.1LG05g11370.1	5	7,740,072	7,741,465	316	5,20	35001,1	58,54	Kararsız
CpHsf-22	Cp4.1LG05g13420.1	5	9,363,481	9,365,897	525	7,64	55423,53	47,47	Kararsız
CpHsf-23	Cp4.1LG05g15430.1	5	10,577,552	10,578,619	315	6,74	36103,89	41,38	Kararsız
CpHsf-24	Cp4.1LG06g01770.1	6	904,438	906,625	332	8,75	37914,41	49,10	Kararsız
CpHsf-25	Cp4.1LG06g05930.1	6	3,602,930	3,605,646	372	5,68	41413,13	35,65	Kararlı
CpHsf-26	Cp4.1LG07g01650.1	7	875,795	912,269	1865	8,38	207946,85	35,56	Kararlı
CpHsf-27	Cp4.1LG07g06080.1	7	3,733,418	3,739,700	356	4,82	40661,49	63,98	Kararsız
CpHsf-28	Cp4.1LG07g07170.1	7	5,988,716	5,995,295	653	8,91	68279,14	35,29	Kararlı
CpHsf-29	Cp4.1LG08g03950.1	8	1,821,665	1,825,119	200	5,21	23812,80	34,61	Kararlı
CpHsf-30	Cp4.1LG08g03930.1	8	1,825,673	1,828,121	349	5,54	40351,39	46,84	Kararsız
CpHsf-31	Cp4.1LG08g03920.1	8	1,838,733	1,841,423	215	6,05	24336,57	26,24	Kararlı
CpHsf-32	Cp4.1LG08g02580.1	8	2,671,282	2,674,819	470	6,77	52407,15	54,00	Kararsız
CpHsf-33	Cp4.1LG08g08610.1	8	6,864,133	6,868,250	520	5,16	57058,48	54,47	Kararsız
CpHsf-34	Cp4.1LG08g10420.1	8	7,991,718	7,995,025	547	4,94	60331,02	54,46	Kararsız
CpHsf-35	Cp4.1LG09g00900.1	9	554,986	560,286	600	8,71	67895,76	42,11	Kararsız
CpHsf-36	Cp4.1LG09g08440.1	9	7,787,280	7,789,378	500	6,47	57341,67	33,80	Kararlı
CpHsf-37	Cp4.1LG10g04930.1	10	1,152,138	1,153,110	201	6,19	23291,26	63,54	Kararsız
CpHsf-38	Cp4.1LG10g02510.1	10	2,542,434	2,545,150	302	5,26	33882,78	59,97	Kararsız
CpHsf-39	Cp4.1LG10g09590.1	10	4,503,487	4,508,402	680	5,16	73264,22	44,34	Kararsız
CpHsf-40	Cp4.1LG10g11490.1	10	8,940,031	8,942,044	241	9,18	27750,30	48,09	Kararsız
CpHsf-41	Cp4.1LG11g00150.1	11	386,896	390,077	368	5,05	41820,96	55,94	Kararsız
CpHsf-42	Cp4.1LG11g01440.1	11	799,272	800,991	376	7,76	41955,02	50,97	Kararsız
CpHsf-43	Cp4.1LG11g07670.1	11	6,228,477	6,231,884	597	6,77	63789,00	43,59	Kararsız
CpHsf-44	Cp4.1LG11g11050.1	11	9,250,736	9,252,252	286	5,83	32619,75	75,98	Kararsız
CpHsf-45	Cp4.1LG11g11780.1	11	9,643,553	9,649,184	724	5,37	81383,76	55,40	Kararsız
CpHsf-46	Cp4.1LG12g00020.1	12	67,744	69,3	310	5,99	32979,65	46,85	Kararsız
CpHsf-47	Cp4.1LG12g00940.1	12	494,09	496,607	190	5,22	21107,21	41,49	Kararsız
CpHsf-48	Cp4.1LG12g01000.1	12	670,954	676,363	535	9,16	58571,75	40,80	Kararsız
CpHsf-49	Cp4.1LG12g01800.1	12	1,138,386	1,139,777	187	5,50	22405,35	29,45	Kararlı
CpHsf-50	Cp4.1LG12g11490.1	12	8,701,516	8,705,310	396	4,93	45561,04	60,53	Kararsız
CpHsf-51	Cp4.1LG13g01420.1	13	1,002,694	1,006,074	518	9,66	59002,09	41,69	Kararsız
CpHsf-52	Cp4.1LG13g01710.1	13	1,360,913	1,362,930	347	4,73	38520,72	53,83	Kararsız
CpHsf-53	Cp4.1LG14g06030.1	14	621,995	629,995	323	7,05	36673,60	53,10	Kararsız
CpHsf-54	Cp4.1LG14g05990.1	14	638,199	640,239	334	6,44	36610,16	45,31	Kararsız
CpHsf-55	Cp4.1LG14g02200.1	14	3,231,452	3,232,328	166	8,56	19069,82	38,63	Kararlı
CpHsf-56	Cp4.1LG14g09810.1	14	8,243,941	8,248,632	525	5,20	57815,63	59,84	Kararsız
CpHsf-57	Cp4.1LG15g00220.1	15	133,916	137,617	472	6,86	54136,33	51,77	Kararsız
CpHsf-58	Cp4.1LG16g00610.1	16	76,206	78,31	155	4,80	17713,90	24,49	Kararlı
CpHsf-59	Cp4.1LG16g03500.1	16	5,294,936	5,297,283	503	7,48	53186,31	41,84	Kararsız
CpHsf-60	Cp4.1LG16g04580.1	16	5,744,649	5,749,637	434	5,77	46204,44	36,86	Kararlı
CpHsf-61	Cp4.1LG17g03170.1	17	1,535,354	1,542,272	541	9,07	58855,06	42,86	Kararsız

EK 7'nin devamı

CpHsf-62	Cp4.1LG17g02930.1	17	1,848,307	1,850,992	181	5,30	20055,13	40,55	Kararsız
CpHsf-63	Cp4.1LG17g03490.1	17	2,471,558	2,474,033	405	5,64	43160,33	44,01	Kararsız
CpHsf-64	Cp4.1LG18g01990.1	18	3,692,406	3,694,336	271	9,00	30854,92	54,12	Kararsız
CpHsf-65	Cp4.1LG18g04450.1	18	5,432,044	5,433,366	283	6,07	32230,65	52,42	Kararsız
CpHsf-66	Cp4.1LG19g03710.1	19	3,960,775	3,963,451	342	5,77	37953,27	46,20	Kararsız
CpHsf-67	Cp4.1LG19g11120.1	19	5,062,841	5,063,869	290	6,16	32994,91	47,77	Kararsız
CpHsf-68	Cp4.1LG19g07110.1	19	7,088,390	7,090,003	189	8,91	22194,24	66,16	Kararsız
CpHsf-69	Cp4.1LG19g06430.1	19	7,392,292	7,395,749	407	5,50	46840,03	48,07	Kararsız
CpHsf-70	Cp4.1LG20g04750.1	20	2,777,680	2,779,992	411	5,26	46602,19	48,34	Kararsız
CpHsf-71	Cp4.1LG20g08960.1	20	6,961,604	6,962,071	155	10,48	18779,99	60,26	Kararsız
CpHsf-72	Cp4.1LG00g03490.1	scaffold	12,971,033	12,971,800	194	7,71	22657,78	48,83	Kararsız
CpHsf-73	Cp4.1LG00g04760.1	scaffold	18,104,926	18,107,305	359	5,88	39819,88	47,71	Kararsız
CpHsf-74	Cp4.1LG00g05010.1	scaffold	18,873,137	18,877,290	526	4,99	58499,41	57,97	Kararsız
CpHsf-75	Cp4.1LG00g05260.1	scaffold	19,743,021	19,746,099	269	4,80	29114,52	51,93	Kararsız
CpHsf-76	Cp4.1LG00g15630.1	scaffold	43,433,407	43,433,622	72	6,00	8410,46	38,06	Kararlı
CpHsf-77	Cp4.1LG00g16140.1	scaffold	45,805,261	45,805,548	96	9,77	11331,24	18,52	Kararlı

EK 8 Kabak *sHsp* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpsHsp-01	1	AT1G53540.1	1	53.7121	0.1566	0.002916	413.17

EK 9 Kabak *sHsp* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpsHsp-01	1	Glyma.14G063700.1	14	2.7763	0.1267	0.0456363	21.356154
CpsHsp-04	2	Glyma.06G013900.1	6	1.5694	0.2339	0.1490378	12.072308
		Glyma.04G014100.1	4	1.7584	0.2333	0.1326774	13.526154
CpsHsp-05	2	Glyma.04G054400.1	4	3.5417	0.1111	0.0313691	27.243846
		Glyma.20G015900.1	20	6.9681	0.1145	0.016432	53.600769
		Glyma.14G099900.1	14	4.2007	0.1182	0.0281382	32.313077
CpsHsp-14	3	Glyma.20G147400.2	20	5.2153	0.2991	0.0573505	40.117692
CpsHsp-42	Scaffold	Glyma.07G200200.1	7	2.1271	0.1918	0.0901697	16.362308
		Glyma.13G176300.1	13	2.0102	0.2016	0.1002885	15.463077
		Glyma.07G200300.1	7	1.9509	0.1633	0.083705	15.006923
		Glyma.13G176200.1	13	1.6345	0.1837	0.1123891	12.573077
		Glyma.13G176500.1	13	1.5772	0.1648	0.104489	12.132308
		Glyma.07G200500.1	7	2.1531	0.1726	0.0801635	16.562308
		Glyma.13G175700.1	13	1.5432	0.1863	0.1207232	11.870769
		Glyma.07G200000.1	7	2.339	0.1802	0.0770415	17.992308
		Glyma.07G200700.1	7	2.3029	0.1826	0.0792913	17.714615
		Glyma.08G069000.1	8	2.3509	0.1898	0.080735	18.083846
		Glyma.13G176000.1	13	1.892	0.1874	0.0990486	14.553846
Ortalama				**2.66172**	**0.1801**	**0.0827048**	**20.474744**

EK 10 Kabak *sHsp* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpsHsp-22	8	LOC_Os06g41730.1	6	7.0027	0.3959	0.056535336	53.86692308
CpsHsp-33	20	LOC_Os02g53330.4	2	1.9189	0.4287	0.223409245	14.76076923
Ortalama				**4.4608**	**0.4123**	**0.139972291**	**34.31384615**

EK 11 Kabak *sHsp* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpsHsp-01	1	Potri.010G195700.1	10	6.0607	0.1175	0.0193872	46.620769
		Potri.008G062300.1	8	3.6399	0.1373	0.0377208	27.999231
		Potri.008G062350.1	8	3.828	0.1407	0.0367555	29.446154
CpsHsp-03	1	Potri.010G053400.3	10	4.0312	0.2284	0.0566581	31.009231
CpsHsp-04	2	Potri.002G003700.1	2	2.0599	0.3135	0.1521919	15.845385
CpsHsp-05	2	Potri.006G223900.1	6	3.671	0.0933	0.0254154	28.238462
CpsHsp-42	Scaffold	Potri.009G039200.1	9	3.0096	0.2016	0.0669856	23.150769
		Potri.019G081250.1	19	3.0078	0.1725	0.0573509	23.136923
Ortalama				**3.6635**	**0.1756**	**0.0565582**	**28.180865**

EK 12 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp40-04	1	AT1G16680.1	1	2,1401	0,1935	0,0904163	16,462308
		AT1G79030.1	1	2,6804	0,1922	0,0717057	20,618462
CpHsp40-06	1	AT5G54910.1	5	2,7941	0,2605	0,0932322	21,493077
CpHsp40-08	1	AT3G44110.1	3	5,604	0,096	0,0171306	43,107692
		AT5G22060.1	5	59,3402	0,1275	0,0021486	456,46308
CpHsp40-09	1	AT1G68370.1	1	5,3573	0,1747	0,0326097	41,21
CpHsp40-11	1	AT1G68370.1	1	2,0178	0,1305	0,0646744	15,521538
CpHsp40-20	2	AT5G11950.1	5	2,6118	0,212	0,0811701	20,090769
		AT2G37210.1	2	48,7793	0,276	0,0056581	375,22538
		AT5G06300.1	5	3,7088	0,2832	0,0763589	28,529231
		AT3G53450.1	3	50,6579	0,2884	0,0056931	389,67615
		AT2G28305.1	2	44,7013	0,2931	0,0065569	343,85615
CpHsp40-29	2	AT1G80030.1	1	1,812	0,1904	0,1050773	13,938462
CpHsp40-32	3	AT2G37210.1	2	1,6782	0,0946	0,0563699	12,909231
		AT3G53450.1	3	1,7799	0,0958	0,0538232	13,691538
		AT2G28305.1	2	3,2811	0,0997	0,0303862	25,239231
		AT5G06300.1	5	40,5862	0,1673	0,0041221	312,20154
CpHsp40-33	3	AT5G06300.1	5	2,4411	0,075	0,0307239	18,777692
		AT2G37210.1	2	4,0572	0,19	0,0468303	31,209231
		AT3G53450.1	3	3,87	0,1979	0,051137	29,769231
		AT2G35990.1	2	2,9965	0,194	0,0647422	23,05
		AT2G28305.1	2	2,1395	0,1972	0,0921711	16,457692
		AT4G35190.1	4	2,5249	0,2684	0,1063012	19,422308
CpHsp40-35	3	AT3G12170.1	3	8,1782	0,1645	0,0201145	62,909231
CpHsp40-44	4	AT4G35000.1	4	2,5772	0,1169	0,0453593	19,824615
		AT4G35970.1	4	11,1598	0,2254	0,0201975	85,844615
		AT2G20560.1	2	4,6558	0,1037	0,0222733	35,813846
		AT4G28480.1	4	3,7925	0,126	0,0332235	29,173077
CpHsp40-53	5	AT2G28305.1	2	1,2069	0,1007	0,0834369	9,2838462
		AT2G37210.1	2	2,292	0,1213	0,0529232	17,630769
		AT3G53450.1	3	3,2218	0,1189	0,0369048	24,783077
		AT5G06300.1	5	7,9378	0,1652	0,0208118	61,06
		AT4G35190.1	4	5,6552	0,23	0,0406705	43,501538
CpHsp40-54	5	AT1G07890.1	1	1,9927	0,157	0,0787876	15,328462
		AT3G09640.1	3	2,6	0,1571	0,0604231	20
CpHsp40-61	6	AT5G11950.1	5	2,461	0,1373	0,0557903	18,930769
CpHsp40-63	6	AT5G10920.1	5	18,8843	0,1954	0,0103472	145,26385
CpHsp40-65	6	AT2G28305.1	2	1,5081	0,1068	0,0708176	11,600769
		AT2G37210.1	2	3,5638	0,1194	0,0335036	27,413846
		AT3G53450.1	3	4,1584	0,1255	0,0301799	31,987692
		AT5G06300.1	5	7,8251	0,1751	0,0223767	60,193077
		AT2G35990.1	2	4,71	0,2334	0,0495541	36,230769
		AT4G35190.1	4	4,6281	0,2443	0,0527862	35,600769
CpHsp40-68	7	AT2G37210.1	2	46,943	0,1718	0,0036598	361,1
		AT2G28305.1	2	44,2345	0,1482	0,0033503	340,26538
		AT5G06300.1	5	10,0382	0,1777	0,0177024	77,216923
		AT3G53450.1	3	47,4119	0,191	0,0040285	364,70692
		AT2G35990.1	2	5,4882	0,2023	0,0368609	42,216923
CpHsp40-81	8	AT5G06300.1	5	2,7108	0,085	0,0313561	20,852308
		AT2G35990.1	2	2,7571	0,1813	0,0657575	21,208462
		AT2G37210.1	2	3,0871	0,2064	0,0668589	23,746923
		AT2G28305.1	2	2,5288	0,2096	0,0828852	19,452308
		AT3G53450.1	3	4,45	0,2208	0,049618	34,230769
		AT4G35190.1	4	2,508	0,2785	0,1110447	19,292308
CpHsp40-83	8	AT3G12170.1	3	53,0095	0,1758	0,0033164	407,76538
		AT5G06910.1	5	56,4923	0,1982	0,0035084	434,55615
CpHsp40-84	9	AT1G79940.1	1	1,7571	0,1436	0,0817256	13,516154
CpHsp40-86	9	AT1G68370.1	1	2,9109	0,1437	0,0493662	22,391538
CpHsp40-88	9	AT3G44110.1	3	3,8976	0,0952	0,0244253	29,981538
		AT5G22060.1	5	4,0811	0,1281	0,0313886	31,393077
CpHsp40-95	10	AT2G20560.1	2	3,8029	0,1254	0,0329748	29,253077
CpHsp40-97	10	AT5G03160.1	5	2,7626	0,2131	0,0771375	21,250769
CpHsp40-98	10	AT2G37210.1	2	1,4169	0,0771	0,0544146	10,899231
		AT3G53450.1	3	2,3704	0,0846	0,0356902	18,233846
		AT2G28305.1	2	3,0035	0,1266	0,0421508	23,103846
		AT5G06300.1	5	4,9823	0,1795	0,0360275	38,325385
		AT4G35190.1	4	4,6296	0,2226	0,0480819	35,612308
		AT5G03270.1	5	2,7994	0,2553	0,0911981	21,533846

EK 12'nin devamı

CpHsp40-103	10	AT3G20860.1	3	3,6332	0,2873	0,0790763	27,947692
		AT5G28290.1	5	34,5108	0,514	0,0148939	265,46769
CpHsp40-109	11	AT2G37210.1	2	49,7833	0,1584	0,0031818	382,94846
		AT2G28305.1	2	51,7332	0,1557	0,0030097	397,94769
		AT3G53450.1	3	51,1605	0,1657	0,0032388	393,54231
CpHsp40-111	11	AT1G77930.1	1	3,2741	0,1977	0,060383	25,185385
CpHsp40-123	12	AT3G62600.1	3	3,0655	0,1309	0,042701	23,580769
CpHsp40-128	13	AT1G68370.1	1	1,9949	0,116	0,0581483	15,345385
CpHsp40-131	14	AT1G79940.1	1	1,9502	0,1433	0,0734796	15,001538
CpHsp40-139	15	AT4G35000.1	4	3,1615	0,1203	0,0380516	24,319231
CpHsp40-141	15	AT2G37210.1	2	11,1223	0,2618	0,0235383	85,556154
		AT2G28305.1	2	50,641	0,2685	0,005302	389,54615
CpHsp40-142	15	AT2G20560.1	2	10,5142	0,0998	0,0094919	80,878462
		AT4G28480.1	4	7,9519	0,1209	0,0152039	61,168462
CpHsp40-147	16	AT4G35190.1	4	1,8879	0,1531	0,0810954	14,522308
		AT2G37210.1	2	2,9166	0,2165	0,0742303	22,435385
		AT2G28305.1	2	4,2626	0,1989	0,0466617	32,789231
		AT3G53450.1	3	2,9687	0,2456	0,0827298	22,836154
CpHsp40-148	16	AT2G20560.1	2	25,3245	0,1301	0,0051373	194,80385
		AT4G28480.1	4	6,493	0,161	0,0247959	49,946154
		AT2G20550.1	2	9,1593	0,2986	0,0326007	70,456154
CpHsp40-153	17	AT2G45790.1	2	2,8691	0,1038	0,0361786	22,07
CpHsp40-158	17	AT3G62600.1	3	2,1388	0,1226	0,0573219	16,452308
CpHsp40-159	17	AT1G05910.1	1	2,2443	0,2144	0,0955309	17,263846
CpHsp40-160	18	AT5G22080.1	5	5,1948	0,1179	0,0226958	39,96
CpHsp40-161	18	AT3G44110.1	3	2,8135	0,1384	0,0491914	21,642308
		AT5G22060.1	5	59,8138	0,1745	0,0029174	460,10615
CpHsp40-162	18	AT2G26890.1	2	1,9813	0,1566	0,079039	15,240769
CpHsp40-165	19	AT3G20860.1	3	46,4222	0,2632	0,0056697	357,09385
		AT3G44200.1	3	52,1508	0,5183	0,0099385	401,16
		AT3G04810.1	3	5,336	0,5386	0,100937	41,046154
		AT5G28290.1	5	5,8263	0,5114	0,0877744	44,817692
CpHsp40-166	19	AT4G12770.1	4	3,6051	0,3955	0,1097057	27,731538
		AT4G12780.1	4	3,5425	0,4078	0,1151164	27,25
CpHsp40-168	19	AT5G03160.1	5	3,0245	0,1677	0,0554472	23,265385
CpHsp40-170	19	AT2G13440.1	2	2,1789	0,1612	0,0739823	16,760769
CpHsp40-179	scaffold	AT5G22080.1	5	3,8561	0,1305	0,0338425	29,662308
CpHsp40-180	scaffold	AT5G22060.1	5	2,8463	0,1233	0,0433194	21,894615
		AT3G44110.1	3	2,0424	0,1043	0,0510674	15,710769
CpHsp40-182	scaffold	AT1G21080.1	1	1,8002	0,1647	0,0914898	13,847692
		AT1G76700.1	1	1,9491	0,1718	0,0881432	14,993077
CpHsp40-185	scaffold	AT2G28305.1	2	18,6764	0,1393	0,0074586	143,66462
		AT2G37210.1	2	45,1206	0,1439	0,0031892	347,08154
		AT3G53450.1	3	46,8782	0,1595	0,0034024	360,60154
		AT5G06300.1	5	3,2293	0,1783	0,0552132	24,840769
		AT2G35990.1	2	5,3309	0,1985	0,0372357	41,006923
		AT4G35190.1	4	4,2344	0,2582	0,0609768	32,572308
Ortalama				**12,11528**	**0,18758**	**0,0458068**	**93,194448**

Ek 13 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp40-03	1	Glyma.08G188900.1	4	2,2656	0,1692	0,0746822	17,427692
		Glyma.12G168800.2	12	1,8914	0,1585	0,0838004	14,549231
CpHsp40-04	1	Glyma.15G253300.1	15	1,5472	0,1463	0,0945579	11,901538
		Glyma.08G173900.1	8	1,4967	0,1474	0,0984833	11,513077
		Glyma.08G173900.2	8	1,6719	0,1675	0,1001854	12,860769
CpHsp40-05	1	Glyma.18G017100.2	18	3,4884	0,2139	0,0613175	26,833846
CpHsp40-06	1	Glyma.14G024300.1	14	1,9505	0,1812	0,0928993	15,003846
		Glyma.02G290500.1	2	1,83	0,1842	0,1006557	14,076923
		Glyma.14G024300.5	14	1,8909	0,2395	0,1266593	14,545385
CpHsp40-08	1	Glyma.12G095700.1	12	2,3878	0,0512	0,0214423	18,367692
		Glyma.11G172401.1	11	2,3264	0,0512	0,0220083	17,895385
		Glyma.13G311600.1	13	2,0193	0,068	0,033675	15,533077
		Glyma.12G190100.1	12	1,8461	0,0743	0,040247	14,200769
		Glyma.03G116600.1	3	7,6928	0,1767	0,0229695	59,175385
		Glyma.07G110200.1	7	7,6516	0,1747	0,0228318	58,858462
		Glyma.11G172401.3	11	2,2684	0,0664	0,0292717	17,449231
		Glyma.11G172401.2	11	2,2883	0,0499	0,0218066	17,602308
CpHsp40-09	1	Glyma.10G272200.3	10	1,8493	0,1379	0,0745688	14,225385
		Glyma.10G272200.1	10	2,2286	0,1411	0,0633133	17,143077
		Glyma.20G117900.1	20	2,147	0,1454	0,0677224	16,515385
CpHsp40-11	1	Glyma.10G272200.3	10	1,2342	0,1027	0,0832118	9,4938462
CpHsp40-19	2	Glyma.17G249200.3	17	2,068	0,2534	0,1225338	15,907692
		Glyma.11G119800.1	11	2,9	0,1929	0,0665172	22,307692
		Glyma.12G045000.1	12	3,3667	0,1804	0,0535836	25,897692
		Glyma.14G076600.1	14	1,8558	0,1776	0,0957	14,275385
CpHsp40-20	2	Glyma.06G053000.1	6	2,0531	0,1816	0,0884516	15,793077
		Glyma.04G052600.1	4	1,8149	0,213	0,1173618	13,960769
		Glyma.17G227200.1	17	1,4657	0,2062	0,1406836	11,274615
		Glyma.03G181300.1	3	16,6596	0,3128	0,018776	128,15077
		Glyma.13G324700.1	13	49,1349	0,2855	0,0058105	377,96077
		Glyma.09G229100.1	9	3,451	0,3042	0,0881484	26,546154
		Glyma.12G174900.2	12	49,0578	0,3018	0,0061519	377,36769
		Glyma.10G078500.1	10	45,8879	0,2886	0,0062892	352,98385
		Glyma.19G182100.1	19	10,5913	0,3116	0,0294204	81,471538
		Glyma.11G145100.1	11	22,0725	0,3069	0,0139042	169,78846
		Glyma.02G198300.1	2	7,734	0,2937	0,0379752	59,492308
		Glyma.12G076700.1	12	4,4205	0,317	0,0717113	34,003846
		Glyma.12G174900.1	12	48,8265	0,289	0,0059189	375,58846
		Glyma.03G200800.1	3	46,9231	0,304	0,0064787	360,94692
CpHsp40-23	2	Glyma.06G073300.2	6	2,0369	0,1159	0,0569002	15,668462
CpHsp40-29	2	Glyma.15G006900.1	15	1,6808	0,1815	0,1079843	12,929231
CpHsp40-32	3	Glyma.03G181300.1	3	1,0268	0,081	0,0788859	7,8984615
		Glyma.13G140900.1	13	1,0219	0,0844	0,0825913	7,8607692
		Glyma.19G182100.1	19	0,9522	0,0838	0,0880067	7,3246154
		Glyma.11G145100.1	11	2,6916	0,1032	0,0383415	20,704615
		Glyma.12G076700.1	12	2,5071	0,1308	0,0521718	19,285385
		Glyma.13G324700.1	13	2,5408	0,1098	0,0432147	19,544615
		Glyma.12G174900.1	12	2,3898	0,1123	0,0469914	18,383077
		Glyma.10G078500.1	10	28,5314	0,1711	0,0059969	219,47231
		Glyma.02G198300.1	2	29,5849	0,1741	0,0058848	227,57615
		Glyma.19G198400.2	19	7,8236	0,1923	0,0245795	60,181538
		Glyma.03G200800.1	3	5,5465	0,1921	0,0346345	42,665385
		Glyma.04G025100.2	4	49,9047	0,1866	0,0037391	383,88231
		Glyma.06G025200.1	6	5,0787	0,1863	0,0366826	39,066923
		Glyma.14G218100.1	14	2,7001	0,2084	0,0771823	20,77
		Glyma.17G257200.1	17	2,5121	0,2144	0,0853469	19,323846
		Glyma.14G218100.7	14	2,7001	0,2084	0,0771823	20,77
		Glyma.10G078500.2	10	16,4667	0,1542	0,0093644	126,66692
		Glyma.10G053800.2	10	1,3029	0,0704	0,0540333	10,022308
		Glyma.10G078500.5	10	27,3828	0,1501	0,0054815	210,63692
		Glyma.12G174900.2	12	2,3857	0,1683	0,0705453	18,351538
CpHsp40-33	3	Glyma.19G198400.2	19	1,3109	0,1015	0,0774277	10,083846
		Glyma.10G078500.3	10	2,3428	0,166	0,0708554	18,021538
		Glyma.03G200800.1	3	1,2858	0,1044	0,0811946	9,8907692
		Glyma.10G078500.4	10	1,7314	0,1318	0,0761234	13,318462
		Glyma.10G078500.2	10	1,7576	0,1236	0,0703232	13,52
		Glyma.10G078500.1	10	1,6776	0,1259	0,0750477	12,904615
		Glyma.02G198300.1	2	1,4326	0,1289	0,0899763	11,02
		Glyma.11G145100.1	11	3,2088	0,1966	0,061269	24,683077
		Glyma.12G076700.1	12	3,7148	0,1985	0,0534349	28,575385
		Glyma.19G182100.1	19	3,0396	0,1915	0,0630017	23,381538

EK 13'ün devamı

CpHsp40-33	3	Glyma.13G324700.1	13	3,6621	0,1782	0,0486606	28,17
		Glyma.17G257200.1	17	2,4555	0,1829	0,0744858	18,888462
		Glyma.12G174900.1	12	3,9118	0,1812	0,0463214	30,090769
		Glyma.14G218100.1	14	2,4495	0,1965	0,0802205	18,842308
		Glyma.03G181300.1	3	3,0164	0,1864	0,0617955	23,203077
		Glyma.13G140900.1	13	3,2761	0,1888	0,0576295	25,200769
		Glyma.04G025100.2	4	2,5947	0,1915	0,0738043	19,959231
		Glyma.06G025200.1	6	2,6161	0,1955	0,0747296	20,123846
CpHsp40-35	3	Glyma.10G094400.1	10	1,405	0,1445	0,102847	10,807692
		Glyma.19G143100.1	19	1,8809	0,1139	0,0605561	14,468462
		Glyma.02G179900.1	2	1,3973	0,1349	0,0965433	10,748462
CpHsp40-44	4	Glyma.11G078400.1	11	2,7938	0,1672	0,0598468	21,490769
		Glyma.11G107200.1	11	1,6151	0,0902	0,0558479	12,423846
		Glyma.12G032300.1	12	1,5508	0,0886	0,0571318	11,929231
CpHsp40-46	4	Glyma.12G117900.1	12	1,9607	0,0988	0,0503902	15,082308
		Glyma.15G077700.1	15	3,5386	0,1227	0,0346747	27,22
		Glyma.06G289000.1	6	2,1692	0,1064	0,0490503	16,686154
		Glyma.15G171300.4	15	3,4363	0,1415	0,041178	26,433077
		Glyma.13G235500.3	13	2,8668	0,1531	0,0534045	22,052308
		Glyma.U042300.1	U	22,058	0,1908	0,0086499	169,67692
		Glyma.03G057500.1	3	22,7963	0,193	0,0084663	175,35615
		Glyma.01G121300.1	1	14,9219	0,1968	0,0131887	114,78385
CpHsp40-47	4	Glyma.06G275400.2	6	2,3747	0,1318	0,0555017	18,266923
		Glyma.06G275400.3	6	3,0823	0,1357	0,0440256	23,71
CpHsp40-53	5	Glyma.11G145100.1	11	1,7358	0,0951	0,0547874	13,352308
		Glyma.13G324700.1	13	1,6641	0,0722	0,0433868	12,800769
		Glyma.12G076700.1	12	1,7136	0,1005	0,0586485	13,181538
		Glyma.12G174900.1	12	1,5654	0,0749	0,0478472	12,041538
		Glyma.10G053800.2	10	1,5415	0,0739	0,0479403	11,857692
		Glyma.10G053800.3	10	1,3524	0,0808	0,0597456	10,403077
		Glyma.19G182100.1	19	1,5404	0,0942	0,0611529	11,849231
		Glyma.03G181300.1	3	1,6972	0,0959	0,0565048	13,055385
		Glyma.13G140900.1	13	1,4832	0,0968	0,0652643	11,409231
		Glyma.10G078500.2	10	9,2652	0,1775	0,0191577	71,270769
		Glyma.10G078500.1	10	7,4852	0,19	0,0253834	57,578462
		Glyma.02G198300.1	2	6,2359	0,1926	0,0308857	47,968462
		Glyma.19G198400.2	19	4,6656	0,191	0,0409379	35,889231
		Glyma.17G257200.1	17	2,9523	0,1827	0,061884	22,71
		Glyma.03G200800.1	3	5,3228	0,1862	0,0349816	40,944615
		Glyma.06G025200.1	6	4,8816	0,1859	0,0380818	37,550769
		Glyma.04G025100.2	4	4,5315	0,1879	0,0414653	34,857692
		Glyma.14G218100.1	14	3,3355	0,189	0,0566632	25,657692
		Glyma.10G089000.2	10	18,9334	0,2937	0,0155123	145,64154
CpHsp40-54	5	Glyma.12G073100.1	12	1,6498	0,1152	0,0698266	12,690769
		Glyma.11G150243.1	11	1,8205	0,1241	0,0681681	14,003846
CpHsp40-59	5	Glyma.13G200800.1	13	2,1467	0,1742	0,0811478	16,513077
		Glyma.12G235500.1	12	2,0464	0,1806	0,0882525	15,741538
CpHsp40-61	6	Glyma.06G053000.1	6	2,0759	0,1175	0,056602	15,968462
		Glyma.04G052600.1	4	1,9147	0,1395	0,0728574	14,728462
		Glyma.17G227200.1	17	1,3868	0,1532	0,1104701	10,667692
CpHsp40-62	6	Glyma.06G073300.2	6	2,1449	0,1515	0,0706327	16,499231
		Glyma.06G073300.1	6	1,7004	0,1542	0,0906845	13,08
CpHsp40-63	6	Glyma.04G094600.1	4	2,331	0,1433	0,0614758	17,930769
		Glyma.06G096700.1	6	2,2242	0,1453	0,0653269	17,109231
CpHsp40-65	6	Glyma.11G145100.1	11	1,6558	0,1087	0,065648	12,736923
		Glyma.12G076700.1	12	1,5005	0,114	0,0759747	11,542308
		Glyma.12G174900.1	12	1,776	0,0901	0,050732	13,661538
		Glyma.10G053800.2	10	2,2812	0,0829	0,0363405	17,547692
		Glyma.19G182100.1	19	2,2354	0,0943	0,0421848	17,195385
		Glyma.13G140900.1	13	1,9151	0,099	0,0516944	14,731538
		Glyma.03G181300.1	3	2,2542	0,0968	0,0429421	17,34
		Glyma.17G257200.1	17	3,344	0,1716	0,0513158	25,723077
		Glyma.10G078500.2	10	8,1275	0,1903	0,0234143	62,519231
		Glyma.14G218100.1	14	3,475	0,1826	0,0525468	26,730769
		Glyma.19G198400.2	19	4,4528	0,2103	0,0472287	34,252308
		Glyma.10G078500.4	10	8,8422	0,1947	0,0220194	68,016923
		Glyma.02G198300.1	2	6,0685	0,2058	0,0339128	46,680769
		Glyma.14G218100.9	14	3,4563	0,1719	0,0497353	26,586923
		Glyma.06G025200.1	6	50,2136	0,1798	0,0035807	386,25846
		Glyma.04G025100.2	4	48,4518	0,1821	0,0037584	372,70615
		Glyma.03G200800.1	3	5,0589	0,2046	0,0404436	38,914615
		Glyma.09G229100.2	9	4,0079	0,2579	0,0643479	30,83
CpHsp40-68	7	Glyma.17G257200.1	17	1,8572	0,1197	0,0644519	14,286154
		Glyma.14G218100.1	14	2,4633	0,1267	0,0514351	18,948462
		Glyma.06G025200.1	6	1,9569	0,1212	0,0619347	15,053077

EK 13'ün devamı

CpHsp40-68	7	Glyma.04G025100.2	4	2,1319	0,1235	0,0579295	16,399231
		Glyma.14G218100.7	14	2,4633	0,1267	0,0514351	18,948462
		Glyma.12G174900.2	12	4,4591	0,224	0,0502344	34,300769
		Glyma.03G181300.1	3	48,1206	0,1763	0,0036637	370,15846
		Glyma.13G140900.1	13	47,1151	0,1688	0,0035827	362,42385
		Glyma.19G182100.1	19	43,6589	0,177	0,0040542	335,83769
		Glyma.11G145100.1	11	5,9943	0,1675	0,0279432	46,11
		Glyma.10G078500.2	10	43,2838	0,177	0,0040893	332,95231
		Glyma.03G200800.1	3	12,3865	0,168	0,0135632	95,280769
		Glyma.12G076700.1	12	7,7472	0,1964	0,0253511	59,593846
		Glyma.19G198400.2	19	44,4417	0,1631	0,00367	341,85923
		Glyma.10G078500.1	10	44,614	0,1906	0,0042722	343,18462
		Glyma.12G174900.1	12	5,0865	0,1812	0,0356237	39,126923
		Glyma.13G324700.1	13	4,2855	0,1782	0,0415821	32,965385
		Glyma.02G198300.1	2	44,6807	0,1933	0,0043263	343,69769
		Glyma.10G053800.2	10	48,701	0,1594	0,003273	374,62308
		Glyma.10G089000.2	10	19,0011	0,3404	0,0179148	146,16231
CpHsp40-71	7	Glyma.02G029600.1	2	1,8631	0,1321	0,0709033	14,331538
CpHsp40-79	8	Glyma.11G032400.4	11	1,4409	0,1882	0,1306128	11,083846
		Glyma.01G209800.1	1	1,625	0,1846	0,1136	12,5
		Glyma.11G032400.6	11	1,4281	0,1871	0,1310132	10,985385
CpHsp40-81	8	Glyma.10G078500.1	10	1,4846	0,1239	0,0834568	11,42
		Glyma.19G198400.2	19	1,3414	0,111	0,0827494	10,318462
		Glyma.02G198300.1	2	1,3021	0,1265	0,0971508	10,016154
		Glyma.03G200800.1	3	1,1424	0,114	0,0997899	8,7876923
		Glyma.14G218100.1	14	3,394	0,2121	0,0624926	26,107692
		Glyma.11G145100.1	11	2,5667	0,2159	0,0841158	19,743846
		Glyma.12G076700.1	12	2,9288	0,2188	0,0747064	22,529231
		Glyma.13G324700.1	13	2,8524	0,1914	0,0671014	21,941538
		Glyma.17G257200.1	17	3,0062	0,2088	0,0694565	23,124615
CpHsp40-82	8	Glyma.12G174900.2	12	3,3913	0,1665	0,0490962	26,086923
		Glyma.14G218100.1	14	4,7136	0,1934	0,0410302	36,258462
		Glyma.02G198300.1	2	54,2673	0,2444	0,0045036	417,44077
		Glyma.10G078500.1	10	6,6959	0,2665	0,0398005	51,506923
		Glyma.19G198400.2	19	25,7241	0,2985	0,0116039	197,87769
		Glyma.03G200800.1	3	6,8567	0,2574	0,0375399	52,743846
CpHsp40-83	8	Glyma.19G143100.1	19	2,5701	0,1234	0,0480137	19,77
		Glyma.02G179900.1	2	2,6246	0,1343	0,0511697	20,189231
		Glyma.10G094400.1	10	2,3582	0,1471	0,0623781	18,14
CpHsp40-84	9	Glyma.09G075400.1	9	1,4705	0,1284	0,0873172	11,311538
		Glyma.15G183400.3	15	1,4878	0,1325	0,0890577	11,444615
CpHsp40-86	9	Glyma.07G156901.1	7	2,2122	0,2173	0,098228	17,016923
		Glyma.10G272200.3	10	1,5772	0,1013	0,0642277	12,132308
		Glyma.20G117900.1	20	1,8676	0,1283	0,0686978	14,366154
CpHsp40-88	9	Glyma.12G095700.1	12	2,7443	0,0615	0,0224101	21,11
		Glyma.11G172401.3	11	50,5432	0,2683	0,0053083	388,79385
		Glyma.13G311600.2	13	1,9119	0,1039	0,0543438	14,706923
		Glyma.12G190100.1	12	1,8496	0,087	0,0470372	14,227692
		Glyma.03G116600.1	3	18,2785	0,1543	0,0084416	140,60385
		Glyma.07G110200.1	7	15,4187	0,1593	0,0103316	118,60538
CpHsp40-92	9	Glyma.20G141300.1	20	2,0124	0,1244	0,0618167	15,48
		Glyma.10G252200.1	10	2,0672	0,1258	0,0608553	15,901538
CpHsp40-93	9	Glyma.06G189700.1	6	5,3032	0,1687	0,031811	40,793846
CpHsp40-95	10	Glyma.06G289000.1	6	3,2773	0,1155	0,0352424	25,21
		Glyma.12G117900.1	12	3,4439	0,1122	0,0325793	26,491538
		Glyma.15G171300.4	15	2,9711	0,1504	0,050621	22,854615
		Glyma.15G077700.1	15	2,43	0,1014	0,0417284	18,692308
		Glyma.13G235500.3	13	2,8911	0,131	0,0453115	22,239231
		Glyma.18G201600.1	18	18,1306	0,1814	0,0100052	139,46615
CpHsp40-97	10	Glyma.03G179800.1	3	2,0144	0,1792	0,0889595	15,495385
		Glyma.19G180600.1	19	1,9289	0,1783	0,0924361	14,837692
CpHsp40-98	10	Glyma.03G181300.1	3	1,031	0,0938	0,0909796	7,9307692
		Glyma.19G182100.1	19	1,0544	0,0944	0,0895296	8,1107692
		Glyma.13G140900.1	13	1,114	0,1037	0,093088	8,5692308
		Glyma.13G324700.1	13	2,4104	0,0955	0,03962	18,541538
		Glyma.12G174900.1	12	2,5445	0,0984	0,0386716	19,573077
		Glyma.11G145100.1	11	2,9157	0,1152	0,0395102	22,428462
		Glyma.12G076700.1	12	3,4518	0,1112	0,0322151	26,552308
		Glyma.10G078500.2	10	10,5884	0,1776	0,0167731	81,449231
		Glyma.19G198400.2	19	4,0061	0,2139	0,0533936	30,816154
		Glyma.06G025200.1	6	5,7713	0,2031	0,0351914	44,394615
		Glyma.04G025100.2	4	7,2105	0,2051	0,0284446	55,465385
		Glyma.03G200800.1	3	3,7917	0,2041	0,0538281	29,166923
		Glyma.02G198300.1	2	5,5831	0,1984	0,0355358	42,946923
		Glyma.14G218100.10	14	4,0272	0,198	0,0491657	30,978462

EK 13'ün devamı

CpHsp40-98	10	Glyma.17G257200.1	17	4,1973	0,1901	0,045291	32,286923
CpHsp40-102	10	Glyma.11G078400.1	11	1,459	0,2132	0,1461275	11,223077
CpHsp40-103	10	Glyma.11G179600.1	11	40,7005	0,4712	0,0115773	313,08077
		Glyma.12G093800.1	12	54,8922	0,4831	0,0088009	422,24769
		Glyma.12G187700.1	12	56,2594	0,4404	0,007828	432,76462
		Glyma.13G313500.1	13	56,9444	0,4737	0,0083186	438,03385
		Glyma.20G224100.6	20	55,5102	0,464	0,0083588	427,00154
		Glyma.10G161400.1	10	55,504	0,4459	0,0080337	426,95385
		Glyma.10G029000.1	10	23,1406	0,4703	0,0203236	178,00462
		Glyma.02G145000.3	2	14,7321	0,4896	0,0332336	113,32385
		Glyma.03G156800.1	3	43,8025	0,4522	0,0103236	336,94231
		Glyma.19G159100.3	19	54,388	0,4664	0,0085754	418,36923
CpHsp40-106	11	Glyma.04G048400.4	4	1,1967	0,2389	0,1996323	9,2053846
CpHsp40-109	11	Glyma.17G257200.1	17	1,8008	0,0792	0,0439805	13,852308
		Glyma.06G025200.1	6	1,248	0,0898	0,0719551	9,6
		Glyma.14G218100.1	14	2,1477	0,0902	0,0419984	16,520769
		Glyma.04G025100.2	4	1,2583	0,0922	0,0732735	9,6792308
		Glyma.02G198300.1	2	45,8033	0,1896	0,0041394	352,33308
		Glyma.10G078500.3	10	45,3885	0,2032	0,0044769	349,14231
		Glyma.03G200800.1	3	44,093	0,1608	0,0036468	339,17692
		Glyma.19G198400.2	19	44,2477	0,1639	0,0037041	340,36692
		Glyma.13G140900.1	13	51,5529	0,1533	0,0029736	396,56077
		Glyma.19G182100.1	19	52	0,1557	0,0030168	397,01385
		Glyma.11G145100.1	11	7,8309	0,1495	0,019091	60,237692
		Glyma.03G181300.1	3	51,8909	0,1615	0,0031123	399,16077
		Glyma.10G053800.2	10	51,1208	0,153	0,0029929	393,23692
		Glyma.12G076700.1	12	53,6589	0,1553	0,0028942	412,76077
		Glyma.12G174900.1	12	4,72	0,1661	0,0351907	36,307692
		Glyma.13G324700.1	13	4,1972	0,163	0,0388354	32,286154
CpHsp40-111	11	Glyma.04G254700.2	4	2,5296	0,1522	0,0601676	19,458462
		Glyma.06G107400.3	6	2,2354	0,2606	0,1165787	17,195385
CpHsp40-114	11	Glyma.19G229700.2	19	0,9658	0,2021	0,2092566	7,4292308
		Glyma.03G232700.1	3	1,146	0,2111	0,1842059	8,8153846
CpHsp40-119	12	Glyma.01G055800.1	1	2,3264	0,2573	0,1106001	17,895385
CpHsp40-123	12	Glyma.03G218300.1	3	2,3433	0,0747	0,0318781	18,025385
		Glyma.19G215100.1	19	1,7337	0,0786	0,0453366	13,336154
		Glyma.02G013800.1	2	1,914	0,1067	0,0557471	14,723077
CpHsp40-125	12	Glyma.11G179600.1	11	12,4313	0,4763	0,0383146	95,625385
		Glyma.10G029000.1	10	1,3772	0,1796	0,1304095	10,593846
		Glyma.02G145000.3	2	1,4615	0,1908	0,1305508	11,242308
		Glyma.12G093800.1	12	10,2478	0,4864	0,0474638	78,829231
		Glyma.13G313500.1	13	8,0709	0,4668	0,0578374	62,083846
		Glyma.12G187700.1	12	8,4117	0,4516	0,0536871	64,705385
CpHsp40-128	13	Glyma.10G272200.3	10	1,2183	0,0963	0,0790446	9,3715385
		Glyma.07G156901.1	7	1,5443	0,2338	0,1513955	11,879231
		Glyma.20G117900.1	20	1,3863	0,1007	0,0726394	10,663846
CpHsp40-131	14	Glyma.15G183400.3	15	1,3849	0,1335	0,0963969	10,653077
		Glyma.09G075400.1	9	1,3207	0,1296	0,0981298	10,159231
CpHsp40-132	14	Glyma.08G188900.1	8	2,5415	0,185	0,0727917	19,55
		Glyma.12G168800.2	12	2,1503	0,1756	0,081663	16,540769
CpHsp40-133	14	Glyma.13G273300.1	13	2,2117	0,3855	0,1743003	17,013077
		Glyma.12G227000.1	12	2,0931	0,4002	0,1911997	16,100769
CpHsp40-134	14	Glyma.15G253300.1	15	1,4083	0,1277	0,0906767	10,833077
		Glyma.08G173900.1	8	1,4342	0,1349	0,0940594	11,032308
CpHsp40-135	14	Glyma.11G032400.7	11	1,1862	0,1826	0,1539369	9,1246154
		Glyma.01G209800.1	1	1,4999	0,1753	0,1168745	11,537692
CpHsp40-139	15	Glyma.12G032300.1	12	1,6471	0,0911	0,0553093	12,67
		Glyma.11G107200.1	11	1,6616	0,0954	0,0574145	12,781538
		Glyma.11G078400.1	11	2,1272	0,1773	0,083349	16,363077
CpHsp40-141	15	Glyma.13G140900.1	13	48,4693	0,2464	0,0050836	372,84077
		Glyma.03G181300.1	3	47,2964	0,2218	0,0046896	363,81846
		Glyma.19G182100.1	19	26,5519	0,2242	0,0084438	204,24538
		Glyma.12G076700.1	12	48,4094	0,3033	0,0062653	372,38
		Glyma.11G145100.1	11	47,826	0,3091	0,006463	367,89231
		Glyma.13G324700.1	13	19,6959	0,3083	0,015653	151,50692
		Glyma.12G174900.2	12	13,0305	0,2183	0,016753	100,23462
		Glyma.19G198400.2	19	9,3903	0,366	0,0389764	72,233077
		Glyma.03G200800.1	3	7,4912	0,3619	0,04831	57,624615
		Glyma.02G198300.1	2	26,4564	0,3729	0,0140949	203,51077
		Glyma.10G078500.1	10	14,8889	0,3688	0,0247701	114,53
CpHsp40-142	15	Glyma.12G117900.1	12	2,151	0,0923	0,0429103	16,546154
		Glyma.06G289000.1	6	1,8887	0,094	0,0497697	14,528462
		Glyma.15G077700.1	15	5,3644	0,1245	0,0232086	41,264615
		Glyma.15G171300.4	15	6,2762	0,1328	0,0211593	48,278462
		Glyma.13G235500.3	13	4,799	0,1458	0,0303813	36,915385

EK 13'ün devamı

CpHsp40-144	16	Glyma.01G186400.1	1	1,6815	0,116	0,068986	12,934615
		Glyma.11G055500.1	11	1,6572	0,1281	0,0772991	12,747692
CpHsp40-145	16	Glyma.13G200800.1	13	1,8149	0,1491	0,0821533	13,960769
		Glyma.12G235500.1	12	1,8486	0,1592	0,0861192	14,22
CpHsp40-147	16	Glyma.10G078500.3	10	49,0247	0,2771	0,0056523	377,11308
		Glyma.03G181300.1	3	3,1822	0,2496	0,0784363	24,478462
		Glyma.11G145100.1	11	5,2508	0,2511	0,0478213	40,390769
		Glyma.12G076700.1	12	5,4625	0,2993	0,0547918	42,019231
		Glyma.13G140900.1	13	4,2556	0,2318	0,0544694	32,735385
		Glyma.19G182100.1	19	3,2759	0,2459	0,0750633	25,199231
		Glyma.12G174900.2	12	47,7667	0,2591	0,0054243	367,43615
		Glyma.17G257200.1	17	4,9048	0,2594	0,052887	37,729231
CpHsp40-148	16	Glyma.12G117900.1	12	3,1284	0,1134	0,0362486	24,064615
		Glyma.06G289000.1	6	2,7967	0,1201	0,0429435	21,513077
		Glyma.18G201600.1	18	27,9795	0,1793	0,0064083	215,22692
		Glyma.15G077700.1	15	4,3137	0,1482	0,0343557	33,182308
		Glyma.U042300.1	U	53,4357	0,1719	0,003217	411,04385
		Glyma.03G057500.1	3	53,2457	0,1742	0,0032716	409,58231
		Glyma.07G150700.1	7	49,4253	0,2122	0,0042933	380,19462
		Glyma.01G121300.1	1	52,577	0,1753	0,0033342	404,43846
		Glyma.15G077900.1	15	2,6125	0,2358	0,0902584	20,096154
		Glyma.13G235500.3	13	5,6018	0,2105	0,0375772	43,090769
CpHsp40-150	17	Glyma.09G032800.1	9	1,6529	0,297	0,1796842	12,714615
		Glyma.15G137800.1	15	1,7675	0,3049	0,1725035	13,596154
		Glyma.01G055800.1	1	1,5847	0,209	0,1318862	12,19
CpHsp40-153	17	Glyma.18G229800.1	18	1,3543	0,0668	0,0493244	10,417692
		Glyma.09G262400.1	9	1,4061	0,0691	0,049143	10,816154
CpHsp40-156	17	Glyma.09G229100.2	9	1,0241	0,1546	0,1509618	7,8776923
		Glyma.10G089000.2	10	1,251	0,211	0,1686651	9,6230769
		Glyma.12G174900.2	12	3,2826	0,2921	0,0889843	25,250769
CpHsp40-157	17	Glyma.19G215400.2	19	2,4536	0,1607	0,0654956	18,873846
		Glyma.03G218600.2	3	2,501	0,1557	0,0622551	19,238462
CpHsp40-158	17	Glyma.03G218300.1	3	2,3493	0,0754	0,0320947	18,071538
		Glyma.19G215100.1	19	1,8399	0,0798	0,0433719	14,153077
		Glyma.02G013800.1	2	2,3881	0,1072	0,0448892	18,37
CpHsp40-159	17	Glyma.12G052800.1	12	1,9628	0,1788	0,0910944	15,098462
		Glyma.11G128300.1	11	1,9994	0,1855	0,0927778	15,38
CpHsp40-160	18	Glyma.12G189400.1	12	1,547	0,0869	0,0561732	11,9
		Glyma.13G312400.1	13	1,6094	0,0873	0,0542438	12,38
CpHsp40-161	18	Glyma.12G095700.1	12	3,2365	0,0902	0,0278696	24,896154
		Glyma.11G172401.3	11	1,6777	0,2857	0,1702927	12,905385
		Glyma.12G190100.1	12	1,8141	0,1176	0,0648255	13,954615
		Glyma.13G311600.2	13	1,4902	0,1688	0,1132734	11,463077
		Glyma.03G116600.1	3	17,7174	0,2166	0,0122253	136,28769
CpHsp40-162	18	Glyma.05G012400.1	5	1,3937	0,1127	0,0808639	10,720769
		Glyma.17G120500.1	17	1,4064	0,1128	0,0802048	10,818462
CpHsp40-163	18	Glyma.17G115400.1	17	1,524	0,022	0,0144357	11,723077
		Glyma.02G229800.1	2	1,8495	0,0178	0,0096242	14,226923
		Glyma.14G196700.1	14	1,2457	0,0181	0,01453	9,5823077
		Glyma.13G167800.1	13	1,7624	0,1271	0,0721176	13,556923
CpHsp40-165	19	Glyma.11G179600.1	11	54,4446	0,4843	0,0088953	418,80462
		Glyma.12G093800.1	12	6,1978	0,4825	0,0778502	47,675385
		Glyma.13G313500.1	13	49,4003	0,4631	0,0093744	380,00231
		Glyma.12G187700.1	12	7,4114	0,4911	0,0662628	57,010769
		Glyma.10G161400.1	10	54,2547	0,5095	0,0093909	417,34385
		Glyma.10G029000.1	10	20,3516	0,5253	0,0258112	156,55077
		Glyma.02G145000.3	2	15,9673	0,4991	0,0312576	122,82538
		Glyma.19G159100.3	19	53,0077	0,5015	0,0094609	407,75154
		Glyma.03G246100.1	3	51,5708	0,5343	0,0103605	396,69846
		Glyma.19G243600.1	19	43,5095	0,5394	0,0123973	334,68846
CpHsp40-166	19	Glyma.08G002300.2	8	2,3769	0,3093	0,1301275	18,283846
		Glyma.05G194500.6	5	2,0419	0,2857	0,1399187	15,706923
		Glyma.04G209400.1	4	2,3269	0,3274	0,1407022	17,899231
		Glyma.06G156500.1	6	2,1022	0,3271	0,1555989	16,170769
CpHsp40-168	19	Glyma.03G179800.1	3	1,7357	0,1672	0,09633	13,351538
		Glyma.19G180600.1	19	1,6309	0,1604	0,0983506	12,545385
CpHsp40-169	19	Glyma.12G174900.2	12	3,4818	0,1327	0,0381125	26,783077
CpHsp40-170	19	Glyma.08G001700.7	8	1,3006	0,0984	0,0756574	10,004615
		Glyma.05G193600.2	5	1,4261	0,1196	0,0838651	10,97
CpHsp40-171	19	Glyma.11G071000.4	11	2,6634	0,5702	0,2140873	20,487692
CpHsp40-175	20	Glyma.20G141300.1	20	1,5442	0,1469	0,0951302	11,878462
		Glyma.10G252200.1	10	1,5386	0,1426	0,0926817	11,835385
CpHsp40-176	20	Glyma.18G066200.11	18	1,8976	0,2104	0,1108769	14,596923
CpHsp40-177	scaffold	Glyma.01G036500.1	1	1,6746	0,1246	0,0744058	12,881538
		Glyma.02G029600.1	2	1,6824	0,1191	0,0707917	12,941538

EK 13'ün devamı

CpHsp40-179	scaffold	Glyma.12G189400.1	12	2,1665	0,101	0,046619	16,665385
		Glyma.13G312400.1	13	2,112	0,1007	0,0476799	16,246154
CpHsp40-180	scaffold	Glyma.13G311600.2	13	1,9273	0,1012	0,0525087	14,825385
		Glyma.11G172401.3	11	4,1029	0,2922	0,0712179	31,560769
		Glyma.12G095700.1	12	2,9062	0,07	0,0240864	22,355385
		Glyma.12G190100.1	12	2,1014	0,0807	0,038403	16,164615
CpHsp40-182	scaffold	Glyma.01G245700.6	1	1,1695	0,0546	0,0466866	8,9961538
CpHsp40-185	scaffold	Glyma.17G257200.1	17	2,0968	0,0827	0,0394411	16,129231
		Glyma.14G218100.1	14	2,3982	0,0863	0,0359853	18,447692
		Glyma.06G025200.1	6	1,5599	0,092	0,0589781	11,999231
		Glyma.04G025100.2	4	1,7627	0,0952	0,0540081	13,559231
		Glyma.13G140900.1	13	47,3836	0,1445	0,0030496	364,48923
		Glyma.03G181300.1	3	47,455	0,1445	0,003045	365,03846
		Glyma.19G182100.1	19	44	0,1441	0,0032867	337,26
		Glyma.03G200800.1	3	11,5379	0,1578	0,0136767	88,753077
		Glyma.10G078500.3	10	42,7779	0,1832	0,0042826	329,06077
		Glyma.12G174900.1	12	6,4306	0,1572	0,0244456	49,466154
		Glyma.13G324700.1	13	4,8587	0,1533	0,0315516	37,374615
		Glyma.19G198400.2	19	8,536	0,152	0,0178069	65,661538
		Glyma.11G145100.1	11	14,5826	0,1416	0,0097102	112,17385
		Glyma.02G198300.1	2	42,9014	0,1863	0,0043425	330,01077
		Glyma.12G076700.1	12	48,1147	0,1485	0,0030864	370,11308
		Glyma.10G053800.2	10	48,0116	0,1642	0,00342	369,32
Ortalama				**10,93928**	**0,18677**	**0,0547045**	**84,148321**

EK 14 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp40-08	1	LOC_Os03g44620.2	3	2,5815	0,0669	0,025915166	19,85769231
		LOC_Os03g57340.1	3	30,0135	0,0764	0,002545521	230,8730769
		LOC_Os02g43930.2	2	22,4387	0,1684	0,007504891	172,6053846
		LOC_Os02g43930.3	2	22,6827	0,1684	0,00742416	174,4823077
		LOC_Os02g43930.1	2	14,5968	0,1706	0,011687493	112,2830769
CpHsp40-11	1	LOC_Os01g32870.1	1	2,9077	0,1641	0,056436359	22,36692308
		LOC_Os01g32870.	1	2,9078	0,1641	0,056434418	22,36769231
CpHsp40-20	2	LOC_Os01g51210.1	1	2,3310	0,2756	0,118232518	17,93076923
		LOC_Os02g41770.1	2	4,6467	0,4257	0,091613403	35,74384615
		LOC_Os10g33900.1	10	52,3229	0,2605	0,0049787	402,4838462
		LOC_Os03g01880.1	3	48,6278	0,27	0,00555238	374,06
		LOC_Os04g43840.1	4	4,6643	0,35	0,074030401	35,87923077
		LOC_Os05g46360.1	5	2,1242	0,3183	0,149844647	16,34
		LOC_Os05g46360.2	5	2,0803	0,2869	0,137912801	16,00230769
		LOC_Os05g51390.1	5	46,8164	0,3297	0,007042404	360,1261538
		LOC_Os05g51390.2	5	47,2058	0,3107	0,006581818	363,1215385
CpHsp40-29	2	LOC_Os02g56040.1	2	13,5072	0,2231	0,016517117	103,9015385
CpHsp40-32	3	LOC_Os10g33900.1	10	3,4823	0,1045	0,030008902	26,78692308
		LOC_Os02g41770.1	2	2,3384	0,18	0,07697571	17,98769231
		LOC_Os03g01880.1	3	2,7656	0,1646	0,059516922	21,27384615
		LOC_Os05g51390.1	5	3,6127	0,2675	0,074044344	27,79
		LOC_Os05g51390.2	5	3,2181	0,2235	0,069450918	24,75461538
		LOC_Os01g40630.1	1	7,5964	0,2544	0,033489548	58,43384615
		LOC_Os01g40630.2	1	13,8031	0,194	0,014054814	106,1776923
		LOC_Os04g43840.1	4	5,0205	0,1709	0,034040434	38,61923077
		LOC_Os03g64070.1	3	22,9823	0,2711	0,011796034	176,7869231
CpHsp40-33	3	LOC_Os10g33900.1	10	5,5294	0,1519	0,027471335	42,53384615
		LOC_Os03g01880.1	3	7,7513	0,1691	0,021815695	59,62538462
		LOC_Os04g43840.1	4	7,9419	0,19	0,023923746	61,09153846
		LOC_Os02g41770.1	2	2,5857	0,196	0,075801524	19,89
		LOC_Os05g51390.1	5	33,4537	0,2085	0,006232494	257,3361538
		LOC_Os01g40630.1	1	5,4950	0,206	0,037488626	42,26923077
		LOC_Os09g37540.1	9	47,6493	0,2155	0,004522627	366,5330769
		LOC_Os03g64070.1	3	26,6163	0,2279	0,008562422	204,7407692
		LOC_Os05g51390.2	5	23,9967	0,2311	0,009630491	184,59
		LOC_Os01g40630.2	1	44,9870	0,1937	0,004305688	346,0538462
CpHsp40-35	3	LOC_Os02g10220.1	2	51,2379	0,2252	0,004395184	394,1376923
CpHsp40-44	4	LOC_Os04g14680.1	4	4,4860	0,1916	0,042710655	34,50769231
		LOC_Os08g43560.2	8	8,7020	0,2175	0,024994254	66,93846154
		LOC_Os08g43560.1	8	12,8182	0,1422	0,011093601	98,60153846
		LOC_Os08g43560.3	8	22,5692	0,1557	0,006898782	173,6092308
CpHsp40-46	4	LOC_Os05g48810.1	5	31,4801	0,129	0,004097827	242,1546154
		LOC_Os02g20394.1	2	10,2246	0,169	0,016528764	78,65076923
CpHsp40-53	5	LOC_Os02g41770.1	2	2,4839	0,1262	0,050807198	19,10692308
		LOC_Os04g43840.1	4	9,8896	0,1395	0,014105727	76,07384615
		LOC_Os03g01880.1	3	8,6434	0,135	0,015618854	66,48769231
		LOC_Os10g33900.1	10	5,4936	0,1246	0,022680938	42,25846154
		LOC_Os05g51390.1	5	10,4120	0,2536	0,024356512	80,09230769
		LOC_Os01g40630.1	1	7,4296	0,2743	0,036919888	57,15076923
		LOC_Os09g37540.1	9	50,3103	0,2179	0,004331121	387,0023077
		LOC_Os05g51390.2	5	4,0913	0,2545	0,062205167	31,47153846
		LOC_Os01g40630.2	1	6,4057	0,2397	0,037419798	49,27461538
CpHsp40-54	5	LOC_Os03g17690.1	3	2,7039	0,1346	0,049779947	20,79923077
		LOC_Os07g49400.2	7	2,2328	0,1341	0,060059119	17,17538462
		LOC_Os07g49400.1	7	2,2328	0,1341	0,060059119	17,17538462
		LOC_Os07g49400.37	7	2,7164	0,1569	0,057760271	20,89538462
		LOC_Os03g17690.2	3	3,1743	0,1351	0,042560565	24,41769231
		LOC_Os07g49400.4	7	3,5480	0,17	0,047914318	27,29230769
CpHsp40-61	6	LOC_Os01g51210.1	1	1,9599	0,2335	0,119138732	15,07615385
CpHsp40-63	6	LOC_Os03g19280.1	3	7,8815	0,2021	0,025642327	60,62692308
CpHsp40-65	6	LOC_Os02g41770.1	2	3,6151	0,1317	0,036430528	27,80846154
		LOC_Os04g43840.1	4	11,3128	0,1504	0,013294675	87,02153846
		LOC_Os03g01880.1	3	49,5690	0,1381	0,002786015	381,3
		LOC_Os10g33900.1	10	51,6958	0,1164	0,002251634	397,66
		LOC_Os01g40630.1	1	6,3692	0,2698	0,042360108	48,99384615
		LOC_Os05g51390.1	5	22,1937	0,2532	0,011408643	170,7207692
		LOC_Os09g37540.1	9	51,0982	0,2175	0,00425651	393,0630769
		LOC_Os05g51390.2	5	5,1092	0,2652	0,051906365	39,30153846
		LOC_Os01g40630.2	1	3,5433	0,2342	0,066096577	27,25615385
CpHsp40-68	7	LOC_Os02g41770.1	2	32,7101	0,1737	0,005310286	251,6161538
		LOC_Os04g43840.1	4	16,1544	0,2106	0,013036696	124,2646154

EK 14'ün devamı

CpHsp40-68	7	LOC_Os02g41770.1	2	32,7101	0,1737	0,005310286	251,6161538
		LOC_Os04g43840.1	4	16,1544	0,2106	0,013036696	124,2646154
		LOC_Os10g33900.1	10	45,2497	0,1305	0,002883997	348,0746154
		LOC_Os03g01880.1	3	14,4071	0,1827	0,012681247	110,8238462
		LOC_Os05g51390.1	5	6,3950	0,2468	0,038592651	49,19230769
		LOC_Os01g40630.1	1	45,7606	0,2419	0,005286207	352,0046154
		LOC_Os03g64070.1	3	13,3151	0,2414	0,018129792	102,4238462
		LOC_Os09g37540.1	9	51,6494	0,2594	0,005022324	397,3030769
		LOC_Os05g51390.2	5	6,1685	0,2283	0,037010618	47,45
		LOC_Os03g49050.1	3	49,2069	0,3581	0,007277435	378,5146154
		LOC_Os01g40630.2	1	25,9411	0,2108	0,008126101	199,5469231
CpHsp40-81	8	LOC_Os03g01880.1	3	7,1365	0,1834	0,025698872	54,89615385
		LOC_Os02g41770.1	2	2,8273	0,2126	0,075195416	21,74846154
		LOC_Os10g33900.1	10	5,9329	0,175	0,029496536	45,63769231
		LOC_Os03g64070.1	3	25,6909	0,2393	0,009314582	197,6223077
CpHsp40-82	8	LOC_Os01g40630.1	1	10,0119	0,3033	0,03029395	77,01461538
		LOC_Os05g51390.1	5	50,6405	0,2824	0,005576564	389,5423077
		LOC_Os09g37540.1	9	54,6430	0,3115	0,005700639	420,3307692
CpHsp40-83	8	LOC_Os02g10220.1	2	52,7468	0,2249	0,004263766	405,7446154
CpHsp40-84	9	LOC_Os04g24180.1	4	3,3163	0,1644	0,04957332	25,51
CpHsp40-86	9	LOC_Os01g32870.1	1	7,9248	0,1713	0,021615687	60,96
CpHsp40-88	9	LOC_Os03g44620.2	3	2,0177	0,0656	0,032512266	15,52076923
		LOC_Os03g57340.1	3	41,3453	0,085	0,002055856	318,0407692
		LOC_Os04g46390.2	4	9,8281	0,1588	0,016157752	75,60076923
		LOC_Os04g46390.1	4	9,8610	0,1587	0,016093702	75,85384615
		LOC_Os02g43930.2	2	49,7379	0,1462	0,002939408	382,5992308
		LOC_Os02g43930.1	2	32,1326	0,1497	0,00465882	247,1738462
CpHsp40-92	9	LOC_Os12g15590.2	12	3,5580	0,1975	0,055508713	27,36923077
CpHsp40-95	10	LOC_Os05g48810.1	5	23,1200	0,1381	0,005973183	177,8461538
		LOC_Os02g20394.1	2	19,7323	0,1721	0,00872174	151,7869231
CpHsp40-97	10	LOC_Os01g74580.1	1	7,2122	0,2245	0,031127811	55,47846154
		LOC_Os01g74580.2	1	52,9390	0,2193	0,004142504	407,2230769
CpHsp40-98	10	LOC_Os04g43840.1	4	2,6313	0,1377	0,052331547	20,24076923
		LOC_Os10g33900.1	10	3,2616	0,1061	0,032530047	25,08923077
		LOC_Os02g41770.1	2	2,0748	0,128	0,061692693	15,96
		LOC_Os03g01880.1	3	3,7599	0,1573	0,041836219	28,92230769
		LOC_Os01g40630.1	1	7,1729	0,2369	0,033027088	55,17615385
		LOC_Os05g51390.1	5	3,7587	0,2355	0,062654641	28,91307692
		LOC_Os03g64070.1	3	18,0045	0,2364	0,013130051	138,4961538
CpHsp40-102	10	LOC_Os08g43560.2	8	4,5783	0,3218	0,070288098	35,21769231
CpHsp40-103	10	LOC_Os01g64490.1	1	53,6758	0,4439	0,008270021	412,8907692
		LOC_Os05g36960.1	5	38,2404	0,4713	0,012324662	294,1569231
		LOC_Os03g43590.1	3	41,9534	0,4592	0,010945478	322,7184615
CpHsp40-109	10	LOC_Os02g41770.1	2	20,2998	0,1646	0,008108454	156,1523077
		LOC_Os04g43840.1	4	35,0434	0,1795	0,00512222	269,5646154
		LOC_Os10g33900.1	10	59,1445	0,1401	0,002368775	454,9576923
		LOC_Os03g01880.1	3	53,7344	0,1564	0,002910612	413,3415385
		LOC_Os05g51390.1	5	49,0770	0,2303	0,004692626	377,5153846
		LOC_Os01g40630.1	1	12,7266	0,2215	0,017404491	97,89692308
		LOC_Os03g64070.1	3	50,8625	0,1844	0,003625461	391,25
		LOC_Os05g51390.2	5	9,6993	0,2304	0,023754292	74,61
		LOC_Os01g40630.2	1	44,7076	0,1979	0,00442654	343,9046154
		LOC_Os03g49050.1	3	50,7227	0,3401	0,006705085	390,1746154
CpHsp40-111	10	LOC_Os07g43330.1	7	3,9017	0,238	0,060999052	30,01307692
CpHsp40-123	12	LOC_Os05g06440.1	5	6,1882	0,1323	0,0213794	47,60153846
CpHsp40-125	12	LOC_Os01g64490.1	1	52,2760	0,4994	0,009553141	402,1230769
CpHsp40-128	13	LOC_Os01g32870.1	1	2,3116	0,1587	0,068653746	17,78153846
CpHsp40-131	14	LOC_Os04g24180.1	4	3,7216	0,1669	0,044846303	28,62769231
CpHsp40-139	15	LOC_Os08g43560.2	8	9,1363	0,23	0,025174305	70,27923077
		LOC_Os08g43560.1	8	9,7544	0,1427	0,014629295	75,03384615
		LOC_Os04g14680.1	4	6,9419	0,2023	0,029141878	53,39923077
		LOC_Os08g43560.3	8	46,1339	0,1559	0,003379294	354,8761538
CpHsp40-141	15	LOC_Os04g43840.1	4	6,2837	0,343	0,054585674	48,33615385
		LOC_Os02g41770.1	2	50,9376	0,3	0,005889559	391,8276923
		LOC_Os03g01880.1	3	23,4496	0,335	0,014285958	180,3815385
CpHsp40-142	15	LOC_Os05g48810.1	5	48,7046	0,1233	0,002531588	374,6507692
		LOC_Os02g20394.1	2	11,2046	0,1787	0,015948807	86,18923077
CpHsp40-147	16	LOC_Os03g01880.1	3	9,6356	0,2296	0,023828303	74,12
		LOC_Os10g33900.1	10	55,0618	0,2028	0,003683134	423,5523077
		LOC_Os02g41770.1	2	7,6926	0,2594	0,033720719	59,17384615
		LOC_Os09g37540.1	9	53,0257	0,2362	0,004454444	407,89
CpHsp40-148	16	LOC_Os05g48810.1	5	17,7994	0,1397	0,007848579	136,9184615

EK 14'ün devamı

CpHsp40-153	17	LOC_Os04g58580.1	4	2,8644	0,102	0,035609552	22,03384615
		LOC_Os04g58580.2	4	2,7003	0,1456	0,053919935	20,77153846
CpHsp40-158	17	LOC_Os05g06440.1	5	4,9546	0,1237	0,024966698	38,11230769
CpHsp40-160	18	LOC_Os03g15480.1	3	7,5262	0,1103	0,01465547	57,89384615
CpHsp40-161	18	LOC_Os03g44620.2	3	7,9146	0,1333	0,016842291	60,88153846
		LOC_Os03g57340.1	3	4,5125	0,1204	0,02668144	34,71153846
		LOC_Os02g43930.1	2	54,2896	0,1911	0,003520011	417,6123077
		LOC_Os02g43930.2	2	53,8776	0,1899	0,003524656	414,4430769
CpHsp40-162	18	LOC_Os10g42439.1	10	2,9176	0,1766	0,060529202	22,44307692
CpHsp40-165	19	LOC_Os05g36960.1	5	51,1417	0,5286	0,010335988	393,3976923
		LOC_Os01g64490.1	1	37,2497	0,4948	0,013283328	286,5361538
		LOC_Os12g41180.1	12	27,5800	0,4778	0,017324148	212,1538462
		LOC_Os03g43590.1	3	51,8023	0,4866	0,009393405	398,4792308
CpHsp40-166	19	LOC_Os12g36180.1	12	4,6334	0,448	0,096689256	35,64153846
		LOC_Os11g43950.1	11	4,9500	0,4622	0,093373737	38,07692308
		LOC_Os01g25320.1	1	5,8746	0,5652	0,096210806	45,18923077
CpHsp40-168	19	LOC_Os01g74580.2	1	3,2539	0,207	0,063615969	25,03
CpHsp40-170	19	LOC_Os01g72980.1	1	3,5008	0,174	0,049702925	26,92923077
		LOC_Os01g72980.2	1	3,2638	0,1569	0,048072799	25,10615385
CpHsp40-171	19	LOC_Os05g50370.1	5	5,9760	0,7993	0,133751673	45,96923077
CpHsp40-175	20	LOC_Os12g15590.2	12	2,7544	0,2012	0,073046762	21,18769231
CpHsp40-177	scaffold	LOC_Os02g50760.3	2	22,1568	0,2644	0,011933131	170,4369231
CpHsp40-179	scaffold	LOC_Os03g15480.1	3	57,3720	0,1268	0,002210137	441,3230769
CpHsp40-180	scaffold	LOC_Os03g44620.2	3	54,3760	0,1111	0,002043181	418,2769231
		LOC_Os03g57340.1	3	54,5773	0,1121	0,002053967	419,8253846
CpHsp40-185	scaffold	LOC_Os02g41770.1	2	20,1389	0,1529	0,007592272	154,9146154
		LOC_Os03g01880.1	3	50,5435	0,1177	0,002328687	388,7961538
		LOC_Os10g33900.1	10	35,4937	0,1223	0,003445682	273,0284615
		LOC_Os04g43840.1	4	8,7261	0,1769	0,020272516	67,12384615
		LOC_Os05g51390.2	5	6,5521	0,2044	0,031196105	50,40076923
		LOC_Os05g51390.1	5	6,5529	0,2044	0,031192297	50,40692308
		LOC_Os01g40630.1	1	16,4865	0,2058	0,012482941	126,8192308
		LOC_Os01g40630.2	1	17,1600	0,206	0,012004662	132
		LOC_Os03g64070.1	3	10,3511	0,1768	0,01708031	79,62384615
Ortalama				**20,24881314**	**0,217796571**	**0,029084588**	**155,7601011**

EK 15 Kabak *Hsp40* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp40-03	1	Potri.001G035800.1	1	1,8936	0,1769	0,093419941	14,56615385
		Potri.003G190000.2	3	1,7765	0,1547	0,08708134	13,66538462
CpHsp40-04	1	Potri.001G438300.3	1	1,388	0,1331	0,095893372	10,67692308
		Potri.011G142000.4	11	1,5129	0,1495	0,098816842	11,63769231
		Potri.001G438300.4	1	1,3928	0,1517	0,108917289	10,71384615
CpHsp40-05	1	Potri.007G094900.5	7	1,2839	0,0996	0,077576135	9,876153846
		Potri.005G073900.5	5	1,5782	0,1166	0,073881637	12,14
CpHsp40-06	1	Potri.001G423300.1	1	1,7893	0,1874	0,104733695	13,76384615
CpHsp40-08	1	Potri.008G018800.2	8	1,9084	0,0368	0,019283169	14,68
		Potri.010G243100.12	10	1,5933	0,0376	0,02359882	12,25615385
		Potri.009G015700.1	9	3,8201	0,065	0,017015261	29,38538462
		Potri.002G141100.6	2	7,9736	0,1565	0,01962727	61,33538462
CpHsp40-09	1	Potri.010G122300.8	10	2,635	0,128	0,04857685	20,26923077
		Potri.008G123200.1	8	1,9464	0,1528	0,078503905	14,97230769
CpHsp40-10	1	Potri.010G035000.1	10	2,2939	0,1686	0,073499281	17,64538462
		Potri.008G194000.1	8	1,7438	0,1885	0,108097259	13,41384615
CpHsp40-11	1	Potri.010G122300.8	10	1,6107	0,125	0,07760601	12,39
		Potri.008G123200.1	8	1,4395	0,1394	0,09683918	11,07307692
CpHsp40-19	2	Potri.009G113300.1	9	3,5671	0,1852	0,051918926	27,43923077
		Potri.002G134400.1	2	1,9277	0,1769	0,091767391	14,82846154
		Potri.002G134400.2	2	2,007	0,1428	0,071150972	15,43846154
CpHsp40-20	2	Potri.006G226100.2	6	1,4659	0,1769	0,120676717	11,27615385
		Potri.003G219300.1	3	36,9655	0,2033	0,005499723	284,35
		Potri.009G060300.1	9	5,9559	0,2811	0,047196897	45,81461538
		Potri.006G127400.1	6	6,4018	0,3294	0,051454278	49,24461538
		Potri.001G265300.1	1	4,7372	0,2621	0,055328042	36,44
		Potri.002G012500.2	2	4,9122	0,3489	0,071027238	37,78615385
CpHsp40-23	2	Potri.018G034600.1	18	1,7227	0,1071	0,06216985	13,25153846
		Potri.006G246700.1	6	1,5436	0,1032	0,066856699	11,87384615
CpHsp40-29	2	Potri.003G031800.2	3	1,8029	0,1614	0,089522436	13,86846154
		Potri.003G031800.6	3	1,8666	0,1635	0,087592414	14,35846154
CpHsp40-32	3	Potri.006G127400.1	6	1,1341	0,1178	0,103870911	8,723846154
		Potri.009G010800.1	9	2,6702	0,0909	0,034042394	20,54
		Potri.004G212200.1	4	2,0694	0,0936	0,045230502	15,91846154
		Potri.002G012500.2	2	4,1229	0,1834	0,044483252	31,71461538
		Potri.009G141500.1	9	5,5815	0,1817	0,032553973	42,93461538
		Potri.004G181800.1	4	11,7897	0,1818	0,01542024	90,69
		Potri.006G204800.1	6	7,517	0,1807	0,024038845	57,82307692
		Potri.002G024000.2	2	4,2828	0,1958	0,045717755	32,94461538
		Potri.005G237600.1	5	3,0644	0,1814	0,059195927	23,57230769
		Potri.016G072000.1	16	6,6581	0,179	0,026884547	51,21615385
CpHsp40-33	3	Potri.016G072000.1	16	1,4665	0,0945	0,064439141	11,28076923
		Potri.006G204800.1	6	1,3311	0,1161	0,087221095	10,23923077
		Potri.006G127400.1	6	4,2836	0,1825	0,042604351	32,95076923
		Potri.016G090500.1	16	4,0481	0,189	0,04668857	31,13923077
		Potri.009G010800.1	9	2,2886	0,1712	0,074805558	17,60461538
		Potri.005G237600.1	5	9,2147	0,1802	0,01955571	70,88230769
		Potri.004G212200.1	4	2,431	0,1877	0,077211024	18,7
		Potri.004G181800.1	4	4,6928	0,2333	0,049714456	36,09846154
CpHsp40-35	3	Potri.016G051800.1	16	1,7135	0,1671	0,097519697	13,18076923
CpHsp40-44	4	Potri.004G174500.1	4	1,4335	0,0813	0,056714336	11,02692308
		Potri.005G112200.1	5	1,9583	0,1337	0,068273503	15,06384615
CpHsp40-46	4	Potri.011G057601.1	11	2,8827	0,1148	0,039823776	22,17461538
		Potri.007G135700.1	7	1,3898	0,0985	0,070873507	10,69076923
		Potri.017G016100.1	17	1,2866	0,1138	0,088450179	9,896923077
		Potri.007G136700.1	7	1,5676	0,0939	0,059900485	12,05846154
CpHsp40-53	5	Potri.009G010800.1	9	1,2112	0,0716	0,059114927	9,316923077
		Potri.004G212200.1	4	1,5428	0,0712	0,046149857	11,86769231
		Potri.006G127400.1	6	1,6723	0,0876	0,052382946	12,86384615
		Potri.016G090500.1	16	1,6095	0,0908	0,056415036	12,38076923
		Potri.002G024000.2	2	2,9711	0,1584	0,053313588	22,85461538
		Potri.002G012500.2	2	4,0277	0,1948	0,048365072	30,98230769
		Potri.016G072000.1	16	5,68	0,1819	0,032024648	43,69230769
		Potri.005G248900.1	5	2,8371	0,2086	0,073525783	21,82384615
		Potri.006G204800.1	6	8,5453	0,1991	0,023299358	65,73307692
		Potri.004G181800.1	4	7,3546	0,2036	0,027683355	56,57384615
		Potri.009G060300.1	9	6,6383	0,2375	0,035777232	51,06384615
CpHsp40-54	5	Potri.009G015400.13	9	2,1944	0,1185	0,054001094	16,88
CpHsp40-61	6	Potri.006G226100.2	6	1,6065	0,1174	0,07307812	12,35769231
		Potri.003G219300.1	3	23,1045	0,1858	0,008041723	177,7269231
		Potri.009G060300.1	9	5,9979	0,2528	0,042148085	46,13769231
CpHsp40-62	6	Potri.018G034600.1	18	1,5072	0,1218	0,080812102	11,59384615

EK 15'in devamı

CpHsp40-62	6	Potri.006G246700.1	6	1,5732	0,1185	0,07532418	12,10153846
CpHsp40-63	6	Potri.002G106200.1	2	12,7881	0,1665	0,013019917	98,37
CpHsp40-65	6	Potri.009G010800.1	9	1,4345	0,0709	0,049424887	11,03461538
		Potri.004G212200.1	4	1,7515	0,0703	0,040137025	13,47307692
		Potri.006G127400.1	6	2,3387	0,0868	0,037114636	17,99
		Potri.016G090500.1	16	2,16	0,0929	0,043009259	16,61538462
		Potri.005G237600.1	5	4,1214	0,1636	0,039695249	31,70307692
		Potri.016G072000.1	16	5,7186	0,1874	0,032770258	43,98923077
CpHsp40-68	7	Potri.002G024000.2	2	1,5148	0,1067	0,070438342	11,65230769
		Potri.005G237600.1	5	1,2964	0,1206	0,093026844	9,972307692
		Potri.006G127400.1	6	48,0608	0,1668	0,003470604	369,6984615
		Potri.009G010800.1	9	47,7907	0,1404	0,00293781	367,6207692
		Potri.016G090500.1	16	42,5229	0,1713	0,004028418	327,0992308
		Potri.006G204800.1	6	11,8488	0,1799	0,015182972	91,14461538
		Potri.005G248900.1	5	3,8383	0,2389	0,062241096	29,52538462
		Potri.016G072000.1	16	10,3598	0,1652	0,015946254	79,69076923
		Potri.004G181800.1	4	4,5011	0,2474	0,054964342	34,62384615
CpHsp40-71	7	Potri.008G193500.1	8	1,6353	0,1257	0,07686663	12,57923077
CpHsp40-79	8	Potri.001G158200.1	1	1,2235	0,1447	0,118267266	9,411538462
		Potri.003G076600.6	3	1,3423	0,1409	0,104969083	10,32538462
CpHsp40-81	8	Potri.016G072000.1	16	1,6811	0,0983	0,058473618	12,93153846
		Potri.006G204800.1	6	1,6095	0,1162	0,072196334	12,38076923
CpHsp40-82	8	Potri.006G127400.1	6	0,9644	0,0642	0,066569888	7,418461538
		Potri.016G090500.1	16	0,9988	0,0769	0,076992391	7,683076923
CpHsp40-83	8	Potri.016G051800.1	16	1,8945	0,2102	0,110952758	14,57307692
		Potri.006G056400.1	6	1,9282	0,22	0,114096048	14,83230769
CpHsp40-84	9	Potri.004G072200.1	4	1,2443	0,1075	0,086393956	9,571538462
		Potri.017G148800.1	17	1,3255	0,1068	0,080573369	10,19615385
CpHsp40-85	9	Potri.008G194000.1	8	1,8327	0,1811	0,098815955	14,09769231
		Potri.010G035000.1	10	2,588	0,1781	0,06881762	19,90769231
CpHsp40-86	9	Potri.008G123200.1	8	1,7724	0,1412	0,07966599	13,63384615
		Potri.010G122300.2	10	2,0989	0,1248	0,059459717	16,14538462
CpHsp40-88	9	Potri.008G018800.1	8	1,5757	0,0417	0,026464429	12,12076923
		Potri.009G015700.1	9	4,677	0,0687	0,014688903	35,97692308
CpHsp40-92	9	Potri.004G022600.1	4	1,5047	0,1177	0,078221572	11,57461538
CpHsp40-95	10	Potri.011G057601.1	11	1,8699	0,0809	0,043264346	14,38384615
		Potri.017G016100.1	17	2,9927	0,1353	0,045210011	23,02076923
		Potri.007G135700.1	7	2,1249	0,1362	0,064097134	16,34538462
		Potri.017G016000.1	17	2,3474	0,1244	0,052994803	18,05692308
		Potri.007G136700.1	7	49,8041	0,1201	0,002411448	383,1084615
CpHsp40-97	10	Potri.016G088600.1	16	1,612	0,1567	0,097208437	12,4
CpHsp40-98	10	Potri.009G141500.1	9	3,402	0,2136	0,062786596	26,16923077
		Potri.004G181800.1	4	3,709	0,2046	0,055163117	28,53076923
		Potri.016G072000.1	16	4,1049	0,2094	0,051012205	31,57615385
		Potri.006G204800.1	6	7,3079	0,2178	0,029803363	56,21461538
		Potri.005G248900.1	5	3,4831	0,21	0,06029112	26,79307692
		Potri.002G012500.2	2	3,1475	0,2008	0,063796664	24,21153846
		Potri.005G237600.1	5	4,7151	0,1784	0,037835889	36,27
		Potri.002G024000.2	2	4,7434	0,1761	0,037125269	36,48769231
		Potri.004G212200.1	4	1,8828	0,0874	0,046420225	14,48307692
		Potri.009G010800.1	9	1,8285	0,0861	0,047087777	14,06538462
		Potri.016G090500.2	16	1,1705	0,2911	0,248697138	9,003846154
		Potri.006G127400.1	6	0,803	0,0806	0,100373599	6,176923077
CpHsp40-100	10	Potri.005G120700.5	5	2,4074	0,5541	0,230165324	18,51846154
CpHsp40-102	10	Potri.005G112200.1	5	2,2241	0,2234	0,100445124	17,10846154
CpHsp40-103	10	Potri.013G039000.2	13	52,6451	0,4878	0,00926582	404,9623077
		Potri.002G049400.2	2	19,2154	0,4693	0,024423119	147,8107692
		Potri.005G051600.1	5	55,073	0,437	0,007934923	423,6384615
		Potri.009G020100.2	9	16,4277	0,394	0,023983881	126,3669231
		Potri.001G018700.7	1	2,3224	0,411	0,176972098	17,86461538
CpHsp40-109	11	Potri.001G005400.1	1	48,274	0,2852	0,005907942	371,3384615
		Potri.009G141500.1	9	4,1044	0,2468	0,060130592	31,57230769
		Potri.004G181800.1	4	4,7294	0,2544	0,053791179	36,38
		Potri.016G072000.1	16	9,4801	0,163	0,017193911	72,92384615
		Potri.006G204800.1	6	11,0278	0,1717	0,015569742	84,82923077
		Potri.004G212200.1	4	52,4594	0,1383	0,002636324	403,5338462
		Potri.009G010800.1	9	51,9309	0,136	0,002618865	399,4684615
		Potri.016G090500.1	16	51,5381	0,1409	0,0027339	396,4469231
		Potri.006G127400.1	6	43,0244	0,1342	0,00311916	330,9569231
		Potri.005G237600.1	5	1,2799	0,0864	0,067505274	9,845384615
		Potri.002G024000.2	2	1,421	0,0726	0,051090781	10,93076923
CpHsp40-111	11	Potri.002G090600.2	2	1,3905	0,1695	0,121898598	10,69615385
CpHsp40-113	11	Potri.005G248900.1	5	1,8618	0,0603	0,032388012	14,32153846
		Potri.002G012500.2	2	2,4483	0,0508	0,020749091	18,83307692
CpHsp40-114	11	Potri.005G020300.1	5	1,6845	0,1887	0,112021371	12,95769231

EK 15'in devamı

CpHsp40-114	11	Potri.005G020300.1	5	1,6845	0,1887	0,112021371	12,95769231
		Potri.013G010800.2	13	2,2917	0,1784	0,07784614	17,62846154
CpHsp40-119	12	Potri.008G101800.2	8	1,5161	0,2376	0,156717895	11,66230769
CpHsp40-122	12	Potri.014G122300.1	14	3,2448	0,1699	0,0523607	24,96
		Potri.002G197300.3	2	2,8864	0,1787	0,061911031	22,20307692
CpHsp40-123	12	Potri.014G122600.1	14	1,3962	0,088	0,063028219	10,74
		Potri.002G198000.1	2	1,5007	0,0905	0,060305191	11,54384615
CpHsp40-124	12	Potri.001G018700.7	1	4,1224	0,5157	0,125097031	31,71076923
		Potri.009G020100.2	9	53,1637	0,4472	0,008411755	408,9515385
		Potri.006G056300.2	6	7,7105	0,5258	0,068192724	59,31153846
		Potri.016G051900.8	16	5,0681	0,5161	0,101833034	38,98538462
		Potri.002G049400.2	2	1,1797	0,1751	0,148427566	9,074615385
		Potri.001G218100.3	1	35,8552	0,4481	0,01249749	275,8092308
CpHsp40-128	13	Potri.008G123200.1	8	1,3147	0,1287	0,097893055	10,11307692
		Potri.010G122300.8	10	1,4815	0,1115	0,075261559	11,39615385
CpHsp40-130	13	Potri.005G185800.1	5	1,7116	0,1395	0,081502688	13,16615385
CpHsp40-131	14	Potri.017G148800.1	17	1,5089	0,1074	0,071177679	11,60692308
		Potri.004G072200.1	4	1,4153	0,1075	0,075955628	10,88692308
CpHsp40-132	14	Potri.001G035800.1	1	1,8594	0,1848	0,099386899	14,30307692
		Potri.003G190000.2	3	2,0052	0,1712	0,085378017	15,42461538
CpHsp40-134	14	Potri.011G142000.1	11	1,5893	0,1314	0,082677909	12,22538462
		Potri.001G438300.3	1	1,5477	0,1237	0,07992505	11,90538462
CpHsp40-135	14	Potri.001G158200.1	1	1,2443	0,1451	0,11661175	9,571538462
		Potri.003G076600.6	3	1,3192	0,1378	0,104457247	10,14769231
CpHsp40-139	15	Potri.005G112200.1	5	2,0306	0,1468	0,072293903	15,62
		Potri.009G134100.4	9	1,4129	0,0925	0,065468186	10,86846154
		Potri.004G174500.1	4	1,5024	0,0872	0,058040469	11,55692308
CpHsp40-141	15	Potri.002G024000.2	2	47,1186	0,3826	0,008119936	362,4507692
		Potri.005G237600.1	5	49,0545	0,2951	0,006015758	377,3423077
		Potri.006G204800.1	6	7,3477	0,3542	0,048205561	56,52076923
		Potri.004G212200.1	4	19,8846	0,2594	0,013045271	152,9584615
		Potri.016G090500.2	16	5,6426	0,3003	0,053220147	43,40461538
		Potri.006G127400.1	6	42,1488	0,3372	0,008000228	324,2215385
		Potri.009G010800.1	9	21,7695	0,2398	0,011015411	167,4576923
CpHsp40-142	15	Potri.017G016100.1	17	1,3566	0,1045	0,077030812	10,43538462
		Potri.017G016000.1	17	1,7952	0,1063	0,059213458	13,80923077
		Potri.007G135700.1	7	1,263	0,0996	0,078859857	9,715384615
		Potri.011G057601.1	11	3,3671	0,1152	0,034213418	25,90076923
		Potri.007G136700.1	7	1,3167	0,0934	0,070934913	10,12846154
CpHsp40-144	16	Potri.005G138600.9	5	1,3272	0,1267	0,095464135	10,20923077
		Potri.007G044400.5	7	1,3058	0,12	0,091897687	10,04461538
CpHsp40-147	16	Potri.016G072000.1	16	3,5773	0,2347	0,06560814	27,51769231
		Potri.006G204800.1	6	4,8641	0,2508	0,05156144	37,41615385
		Potri.016G090500.1	16	3,1353	0,2323	0,074091793	24,11769231
		Potri.006G127400.1	6	2,9519	0,2376	0,080490532	22,70692308
		Potri.004G181800.1	4	1,0711	0,0946	0,088320418	8,239230769
		Potri.009G141500.1	9	1,163	0,1057	0,090885641	8,946153846
		Potri.005G248900.1	5	3,0056	0,1443	0,048010381	23,12
		Potri.002G012500.2	2	4,8383	0,1421	0,02936982	37,21769231
CpHsp40-148	16	Potri.017G016100.1	17	2,6575	0,1463	0,05505174	20,44230769
		Potri.007G135700.1	7	2,435	0,1334	0,054784394	18,73076923
		Potri.011G057601.1	11	4,2686	0,1317	0,030853207	32,83538462
		Potri.017G016000.1	17	2,7772	0,1276	0,045945557	21,36307692
		Potri.007G136700.1	7	2,5115	0,1204	0,047939478	19,31923077
CpHsp40-150	17	Potri.010G148900.2	10	1,2395	0,3075	0,248083905	9,534615385
CpHsp40-153	17	Potri.014G080300.1	14	1,3303	0,0758	0,056979629	10,23307692
		Potri.014G080500.4	14	1,4527	0,0612	0,04212845	11,17461538
CpHsp40-156	17	Potri.001G265300.1	1	0,9206	0,1655	0,17977406	7,081538462
		Potri.009G060300.1	9	0,7845	0,1463	0,186488209	6,034615385
CpHsp40-157	17	Potri.014G122300.1	14	2,3752	0,1563	0,065804985	18,27076923
		Potri.002G197300.3	2	1,8836	0,1594	0,084625186	14,48923077
CpHsp40-158	17	Potri.002G198000.1	2	1,7884	0,0879	0,049150078	13,75692308
		Potri.014G122600.1	14	1,8656	0,0849	0,045508148	14,35076923
CpHsp40-159	17	Potri.017G030900.5	17	1,4732	0,1245	0,08450991	11,33230769
		Potri.007G127900.4	7	1,4702	0,1253	0,0852265	11,30923077
CpHsp40-160	18	Potri.009G016700.1	9	1,1007	0,0693	0,062959935	8,466923077
		Potri.001G215800.1	1	1,2097	0,0698	0,057700256	9,305384615
CpHsp40-161	18	Potri.010G243100.10	10	3,2481	0,1252	0,038545611	24,98538462
		Potri.008G018800.2	8	2,978	0,1227	0,041202149	22,90769231
		Potri.009G015700.1	9	2,7838	0,1004	0,036065809	21,41384615
CpHsp40-162	18	Potri.018G072600.3	18	1,2593	0,1099	0,087270706	9,686923077
CpHsp40-163	18	Potri.013G116800.1	13	1,2853	0,0265	0,020617755	9,886923077
CpHsp40-165	19	Potri.013G039000.2	13	52,6008	0,5603	0,010651929	404,6215385
		Potri.005G051600.1	5	31,9134	0,4919	0,015413588	245,4876923
		Potri.002G049400.2	2	54,6211	0,4789	0,008767674	420,1623077

EK 15'in devamı

CpHsp40-165	19	Potri.009G020100.2	9	53,9691	0,4989	0,009244179	415,1469231
		Potri.003G205400.1	3	2,6553	0,3438	0,129476895	20,42538462
		Potri.001G018700.7	1	2,4957	0,4233	0,169611732	19,19769231
CpHsp40-166	19	Potri.014G197600.2	14	2,1719	0,3488	0,160596713	16,70692308
		Potri.002G217200.6	2	2,3265	0,3404	0,146314206	17,89615385
CpHsp40-168	19	Potri.016G088600.1	16	1,5465	0,1341	0,08671193	11,89615385
CpHsp40-169	19	Potri.006G127400.1	6	0,7764	0,0838	0,107934055	5,972307692
		Potri.016G090500.2	16	1,2883	0,1751	0,135915548	9,91
CpHsp40-170	19	Potri.005G066300.4	5	1,0734	0,0956	0,089062791	8,256923077
CpHsp40-171	19	Potri.005G120700.5	5	2,7172	0,5387	0,198255557	20,90153846
CpHsp40-175	20	Potri.004G022600.1	4	1,4238	0,1482	0,104087653	10,95230769
CpHsp40-177	scaffold	Potri.010G036200.8	10	1,3333	0,1132	0,084902123	10,25615385
		Potri.008G193500.7	8	1,6052	0,1641	0,102230252	12,34769231
CpHsp40-179	scaffold	Potri.009G016700.1	9	1,361	0,0897	0,065907421	10,46923077
		Potri.001G215800.1	1	1,351	0,0925	0,068467802	10,39230769
CpHsp40-180	scaffold	Potri.009G015700.1	9	2,6436	0,0894	0,033817522	20,33538462
		Potri.008G018800.2	8	3,1686	0,0933	0,029445181	24,37384615
		Potri.010G243100.10	10	3,1978	0,0956	0,029895553	24,59846154
CpHsp40-182	scaffold	Potri.005G260400.1	5	1,3508	0,1083	0,080174711	10,39076923
		Potri.002G000300.1	2	1,3119	0,1029	0,078435856	10,09153846
CpHsp40-185	scaffold	Potri.003G219300.1	3	45,4804	0,2334	0,005131881	349,8492308
		Potri.009G060300.1	9	32,299	0,2447	0,007576086	248,4538462
		Potri.005G248900.1	5	3,69	0,2019	0,054715447	28,38461538
		Potri.009G141500.1	9	3,6615	0,2294	0,062651919	28,16538462
		Potri.002G012500.2	2	3,8098	0,1949	0,051157541	29,30615385
		Potri.004G181800.1	4	3,9221	0,2313	0,058973509	30,17
		Potri.006G204800.1	6	7,5363	0,1751	0,023234213	57,97153846
		Potri.004G212200.1	4	29,0844	0,1275	0,004383793	223,7261538
		Potri.016G072000.1	16	6,4057	0,1533	0,023931811	49,27461538
		Potri.016G090500.1	16	46,7754	0,13	0,002779239	359,8107692
		Potri.006G127400.1	6	48,7243	0,1221	0,002505936	374,8023077
		Potri.009G010800.1	9	41,0998	0,1219	0,002965951	316,1523077
		Potri.002G024000.2	2	1,5312	0,0663	0,043299373	11,77846154
		Potri.005G237600.1	5	1,2665	0,0816	0,06442953	9,742307692
Ortalama				**7,756235686**	**0,175148627**	**0,062730759**	**59,66335143**

EK 16 Kabak Hsp60 Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp60-01	1	AT4G33240.1	4	5.2173	0.5366	0.10285	40.13308
		AT4G33240.2	4	5.1908	0.5372	0.103491	39.92923
		AT4G33240.3	4	5.317	0.5401	0.10158	40.9
		AT3G14270.1	3	8.1024	0.5537	0.068338	62.32615
CpHsp60-03	2	AT5G20890.1	5	1.9944	0.0485	0.024318	15.34154
CpHsp60-04	2	AT3G20050.1	3	2.5185	0.0543	0.02156	19.37308
CpHsp60-06	3	AT3G03960.1	3	2.6152	0.1001	0.038276	20.11692
CpHsp60-07	4	AT3G11830.1	3	2.8541	0.0463	0.016222	21.95462
		AT3G11830.2	3	2.8614	0.0465	0.016251	22.01077
CpHsp60-08	4	AT1G55490.1	1	5.0464	0.0753	0.014922	38.81846
		AT1G55490.2	1	5.0487	0.0753	0.014915	38.83615
		AT3G13470.1	3	3.2564	0.0748	0.02297	25.04923
		AT5G56500.1	5	9.347	0.0778	0.008324	71.9
		AT5G56500.2	5	9.308	0.0778	0.008358	71.6
CpHsp60-09	5	AT2G28000.1	2	4.1075	0.0921	0.022422	31.59615
CpHsp60-10	5	AT5G26360.1	5	3.0102	0.045	0.014949	23.15538
CpHsp60-12	7	AT1G24510.1	1	2.8167	0.0464	0.016473	21.66692
		AT1G24510.2	1	2.1589	0.0463	0.021446	16.60692
CpHsp60-13	8	AT3G03960.1	3	2.0536	0.104	0.050643	15.79692
CpHsp60-15	9	AT1G26230.1	1	2.943	0.188	0.06388	22.63846
		AT1G26230.2	1	3.192	0.1646	0.051566	24.55385
CpHsp60-16	9	AT3G18190.1	3	14.671	0.0536	0.003653	112.8538
CpHsp60-17	11	AT1G24510.1	1	2.6181	0.0432	0.016501	20.13923
		AT1G24510.2	1	2.1552	0.0436	0.02023	16.57846
CpHsp60-18	12	AT3G23990.1	3	2.7171	0.0474	0.017445	20.90077
		AT2G33210.1	2	4.5016	0.0716	0.015905	34.62769
		AT2G33210.2	2	4.5039	0.0712	0.015809	34.64538
		AT3G13860.1	3	6.8994	0.1857	0.026915	53.07231
CpHsp60-19	12	AT1G71010.1	1	11.0333	0.5343	0.048426	84.87154
CpHsp60-20	12	AT3G13860.1	3	3.9776	0.1285	0.032306	30.59692
CpHsp60-21	12	AT4G02930.1	4	2.0225	0.0824	0.040742	15.55769
CpHsp60-22	13	AT3G02530.1	3	2.917	0.0505	0.017312	22.43846
		AT5G16070.1	5	2.4832	0.056	0.022552	19.10154
CpHsp60-23	16	AT5G26360.1	5	3.9625	0.067	0.016909	30.48077
CpHsp60-24	16	AT2G28000.1	2	6.959	0.0823	0.011826	53.53077
CpHsp60-25	17	AT3G23990.1	3	3.5626	0.0145	0.00407	27.40462
		AT2G33210.1	2	4.3292	0.0762	0.017601	33.30154
		AT2G33210.2	2	4.3199	0.0759	0.01757	33.23
		AT3G13860.1	3	9.3026	0.2027	0.02179	71.55846
CpHsp60-27	17	AT3G14270.1	3	2.2561	0.374	0.165773	17.35462
		AT1G71010.1	1	17.4777	0.6043	0.034575	134.4438
CpHsp60-28	17	AT3G02530.1	3	2.9559	0.0486	0.016442	22.73769
		AT5G16070.1	5	2.5168	0.0533	0.021178	19.36
CpHsp60-29	17	AT3G23990.1	3	7.9085	0.0859	0.010862	60.83462
		AT2G33210.1	2	7.772	0.0993	0.012777	59.78462
		AT2G33210.2	2	7.5173	0.0991	0.013183	57.82538
		AT3G13860.1	3	20.0834	0.199	0.009909	154.4877
CpHsp60-31	18	AT3G11830.1	3	2.6769	0.0504	0.018828	20.59154
		AT3G11830.2	3	2.6819	0.0507	0.018905	20.63
CpHsp60-32	18	AT1G55490.1	1	3.8615	0.0803	0.020795	29.70385
		AT3G13470.1	3	3.0828	0.0792	0.025691	23.71385
		AT5G56460.1	5	6.7988	0.3002	0.044155	52.29846
		AT5G56500.1	5	8.6219	0.0887	0.010288	66.32231
CpHsp60-33	18	AT5G20720.1	5	3.1472	0.1782	0.056622	24.20923
CpHsp60-37	20	AT3G18190.1	3	4.9172	0.0592	0.012039	37.82462
CpHsp60-38	20	AT5G18820.1	5	5.1565	0.1727	0.033492	39.66538
CpHsp60-39	20	AT5G20890.1	5	2.5008	0.0532	0.021273	19.23692
Ortalama				**5.15488421**	**0.141993**	**0.030142**	**39.65296**

EK 17 Kabak *Hsp60* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp60-01	1	Glyma.07G216600.1	7	1,6547	0,2994	0,180939143	12,72846154
		Glyma.17G045200.1	17	12,0114	0,5183	0,043150674	92,39538462
		Glyma.13G114800.5	13	14,4336	0,5342	0,037010864	111,0276923
		Glyma.13G114800.1	13	14,4176	0,5342	0,037051937	110,9046154
		Glyma.13G114800.4	13	14,4393	0,5342	0,036996253	111,0715385
		Glyma.13G114800.3	13	14,3813	0,5342	0,03714546	110,6253846
		Glyma.07G045600.2	7	9,4834	0,533	0,056203471	72,94923077
		Glyma.07G045600.4	7	9,7793	0,5185	0,053020155	75,22538462
		Glyma.07G045600.3	7	9,0756	0,4734	0,052161841	69,81230769
		Glyma.07G045600.1	7	8,5695	0,5325	0,062138981	65,91923077
		Glyma.16G013500.1	16	8,9962	0,5495	0,061081345	69,20153846
		Glyma.16G013500.2	16	8,9964	0,5495	0,061079988	69,20307692
CpHsp60-03	2	Glyma.12G087300.1	12	1,563	0,0321	0,020537428	12,02307692
		Glyma.11G185500.1	11	1,6204	0,0328	0,020241916	12,46461538
CpHsp60-04	2	Glyma.05G165500.1	5	2,5849	0,0348	0,013462803	19,88384615
		Glyma.08G123100.1	8	2,6957	0,034	0,012612679	20,73615385
CpHsp60-06	3	Glyma.02G071900.1	2	2,3892	0,0609	0,025489704	18,37846154
		Glyma.16G153200.1	16	2,4737	0,0629	0,025427497	19,02846154
CpHsp60-07	4	Glyma.14G043400.1	14	1,5059	0,0370	0,024570025	11,58384615
		Glyma.02G273200.1	2	1,6031	0,0378	0,023579315	12,33153846
CpHsp60-08	4	Glyma.08G175900.1	8	6,5005	0,0527	0,008107069	50,00384615
		Glyma.15G250500.1	15	4,9592	0,0538	0,010848524	38,14769231
		Glyma.08G175900.2	8	7,4598	0,075	0,010053889	57,38307692
CpHsp60-09	5	Glyma.11G195900.3	11	3,0703	0,0826	0,026902909	23,61769231
		Glyma.11G195900.2	11	3,0706	0,0826	0,02690028	23,62
CpHsp60-10	5	Glyma.16G208700.1	16	1,8068	0,0552	0,030551251	13,89846154
		Glyma.09G158200.1	9	2,0164	0,0571	0,028317794	15,51076923
		Glyma.20G215100.1	20	1,8149	0,0579	0,031902584	13,96076923
		Glyma.09G158200.3	9	2,2068	0,0815	0,036931303	16,97538462
CpHsp60-12	7	Glyma.11G244700.1	11	3,4257	0,0392	0,011442917	26,35153846
		Glyma.18G012400.1	18	2,9802	0,0402	0,013489028	22,92461538
CpHsp60-13	8	Glyma.02G071900.1	2	2,0079	0,0602	0,029981573	15,44538462
		Glyma.16G153200.1	16	2,0971	0,0592	0,02822946	16,13153846
CpHsp60-15	9	Glyma.01G069500.1	1	1,5175	0,1459	0,096144975	11,67307692
		Glyma.02G126300.1	2	1,6279	0,1506	0,092511825	12,52230769
		Glyma.01G069500.2	1	1,512	0,1519	0,100462963	11,63076923
		Glyma.01G069500.3	1	1,5766	0,1605	0,101801345	12,12769231
		Glyma.15G250500.1	15	7,7578	0,2295	0,029583129	59,67538462
CpHsp60-16	9	Glyma.05G242700.1	5	4,4679	0,0407	0,009109425	34,36846154
		Glyma.08G050100.1	8	4,2388	0,0416	0,009814098	32,60615385
		Glyma.07G149200.1	7	4,3787	0,0616	0,014068102	33,68230769
CpHsp60-17	11	Glyma.11G244700.1	11	2,8299	0,035	0,012367928	21,76846154
		Glyma.18G012400.1	18	2,6147	0,0359	0,013730065	20,11307692
CpHsp60-18	12	Glyma.20G197100.1	20	2,5069	0,0287	0,011448402	19,28384615
		Glyma.10G193200.1	10	2,1121	0,0295	0,013967142	16,24692308
		Glyma.10G127800.1	10	2,502	0,0431	0,017226219	19,24615385
		Glyma.20G079300.1	20	3,0481	0,44	0,144352219	23,44692308
		Glyma.07G009600.1	7	4,2732	0,1709	0,039993448	32,87076923
		Glyma.08G192700.1	8	4,1571	0,1754	0,042192875	31,97769231
		Glyma.08G192700.2	8	4,3307	0,1733	0,040016625	33,31307692
CpHsp60-20	12	Glyma.08G192700.2	8	1,3866	0,0989	0,071325544	10,66615385
		Glyma.08G192700.1	8	1,4594	0,1154	0,079073592	11,22615385
		Glyma.07G009600.1	7	1,3278	0,1127	0,084877241	10,21384615
CpHsp60-21	12	Glyma.19G153200.1	19	2,2250	0,083	0,037303371	17,11538462
		Glyma.03G150600.1	3	1,8287	0,0823	0,045004648	14,06692308
		Glyma.13G210600.1	13	1,8135	0,1148	0,063303005	13,95
		Glyma.15G102200.1	15	2,3486	0,1244	0,052967725	18,06615385
CpHsp60-22	13	Glyma.18G298100.1	18	1,4752	0,0422	0,028606291	11,34769231
		Glyma.08G364000.1	8	1,7704	0,0422	0,023836421	13,61846154
CpHsp60-23	16	Glyma.09G158200.1	9	2,3578	0,0805	0,034141997	18,13692308
		Glyma.09G158200.2	9	2,3578	0,0805	0,034141997	18,13692308
		Glyma.20G215100.1	20	2,6526	0,0807	0,030422981	20,40461538
		Glyma.09G158200.3	9	2,5944	0,1086	0,041859389	19,95692308
		Glyma.04G131400.1	4	2,6836	0,1	0,037263378	20,64307692
CpHsp60-24	16	Glyma.11G195900.3	11	2,2529	0,0683	0,030316481	17,33
		Glyma.11G195900.1	11	3,2095	0,1069	0,033307369	24,68846154
CpHsp60-25	17	Glyma.20G197100.1	20	2,9183	0,0426	0,01459754	22,44846154
		Glyma.10G193200.1	10	2,4326	0,0408	0,016772178	18,71230769
		Glyma.10G127800.1	10	2,3284	0,0492	0,02113039	17,91076923
		Glyma.20G079300.1	20	2,2289	0,0505	0,022656916	17,14538462
		Glyma.07G009600.1	7	5,4703	0,1986	0,036305139	42,07923077

EK 17'nin devamı

CpHsp60-25	17	Glyma.08G192700.1	8	5,2377	0,2032	0,038795655	40,29
		Glyma.08G192700.2	8	4,2478	0,1773	0,041739253	32,67538462
CpHsp60-27	17	Glyma.07G045600.2	7	1,6482	0,3321	0,201492537	12,67846154
		Glyma.07G045600.1	7	1,5926	0,3353	0,21053623	12,25076923
		Glyma.07G045600.3	7	1,5974	0,3625	0,226931263	12,28769231
		Glyma.07G045600.4	7	1,8566	0,4107	0,221210815	14,28153846
		Glyma.16G013500.1	16	1,5891	0,3368	0,211943868	12,22384615
		Glyma.16G013500.2	16	1,5891	0,3368	0,211943868	12,22384615
		Glyma.17G045200.1	17	2,4615	0,3851	0,15644932	18,93461538
		Glyma.13G114800.5	13	2,8981	0,4015	0,138539043	22,29307692
		Glyma.20G013500.1	20	9,4984	0,5902	0,062136781	73,06461538
		Glyma.07G216600.1	7	11,9199	0,5998	0,050319214	91,69153846
CpHsp60-28	17	Glyma.18G298100.1	18	1,4385	0,048	0,033368092	11,06538462
		Glyma.08G364000.1	8	1,5396	0,0477	0,030982073	11,84307692
CpHsp60-29	17	Glyma.10G127800.1	10	7,7712	0,0769	0,009895512	59,77846154
		Glyma.20G197100.1	20	6,2611	0,0741	0,011834981	48,16230769
		Glyma.07G009600.1	7	13,3878	0,191	0,01426672	102,9830769
		Glyma.08G192700.2	8	12,8838	0,1729	0,013419954	99,10615385
		Glyma.08G192700.1	8	13,2067	0,198	0,01499239	101,59
CpHsp60-31	18	Glyma.14G043400.1	14	1,3914	0,0369	0,026520052	10,70307692
		Glyma.02G273200.1	2	1,3589	0,0377	0,027743027	10,45307692
CpHsp60-32	18	Glyma.08G175900.1	8	7,4376	0,059	0,007932666	57,21230769
		Glyma.15G250500.1	15	5,4171	0,0609	0,011242178	41,67
		Glyma.08G175900.2	8	8,8129	0,0812	0,009213766	67,79153846
		Glyma.08G124800.1	8	2,5345	0,2993	0,118090353	19,49615385
		Glyma.05G166700.1	5	2,348	0,3085	0,131388416	18,06153846
		Glyma.08G123500.2	8	2,6107	0,389	0,149002183	20,08230769
CpHsp60-33	18	Glyma.17G047200.2	17	1,8501	0,1112	0,060104859	14,23153846
		Glyma.17G047200.1	17	1,8219	0,114	0,06257204	14,01461538
		Glyma.15G180900.1	15	2,6842	0,1449	0,053982565	20,64769231
		Glyma.09G072100.1	9	2,6026	0,1412	0,054253439	20,02
		Glyma.09G072100.2	9	2,2806	0,1803	0,079058143	17,54307692
		Glyma.13G112500.1	13	1,7267	0,1472	0,08524932	13,28230769
CpHsp60-34	19	Glyma.17G047200.2	17	1,5133	0,1018	0,067270204	11,64076923
		Glyma.17G047200.1	17	1,4771	0,1049	0,071017534	11,36230769
CpHsp60-37	20	Glyma.05G242700.1	5	4,8923	0,0476	0,009729575	37,63307692
		Glyma.08G050100.1	8	4,6724	0,0485	0,010380104	35,94153846
		Glyma.07G149200.1	7	4,4827	0,0699	0,015593281	34,48230769
CpHsp60-38	20	Glyma.20G019400.3	20	2,4446	0,195	0,079767651	18,80461538
		Glyma.07G221100.6	7	2,2508	0,1803	0,080104852	17,31384615
		Glyma.07G221100.4	7	2,1192	0,1769	0,083474896	16,30153846
		Glyma.20G019400.2	20	2,9468	0,1788	0,060675988	22,66769231
		Glyma.07G221100.5	7	2,8288	0,1518	0,05366233	21,76
		Glyma.07G221100.2	7	2,461	0,1538	0,062494921	18,93076923
		Glyma.07G221100.1	7	2,2727	0,1666	0,07330488	17,48230769
		Glyma.20G019400.1	20	2,1787	0,1663	0,076329922	16,75923077
		Glyma.07G221100.3	7	2,6609	0,1453	0,054605585	20,46846154
		Glyma.20G019400.4	20	2,5166	0,1478	0,058730033	19,35846154
CpHsp60-39	20	Glyma.12G087300.1	12	1,5672	0,0403	0,02571465	12,05538462
		Glyma.11G185500.1	11	1,6703	0,0412	0,024666228	12,84846154
CpHsp60-40	Scaffold	Glyma.07G045600.3	7	2,9299	0,3805	0,129867914	22,53769231
Ortalama				**3,984034426**	**0,172672951**	**0,05426316**	**30,64641866**

EK 18 Kabak *Hsp60* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp60-01	1	LOC_Os06g14750.1	6	4.4177	0.4506	0.101998778	33.98230769
CpHsp60-03	2	LOC_Os03g42220.2	3	3.0973	0.0523	0.016885675	23.82538462
		LOC_Os03g42220.1	3	3.0452	0.0571	0.018750821	23.42461538
		LOC_Os03g42220.3	3	3.4612	0.0576	0.016641627	26.62461538
CpHsp60-04	2	LOC_Os04g46620.1	4	3.5692	0.047	0.013168217	27.45538462
CpHsp60-06	3	LOC_Os03g59020.1	3	3.4974	0.0726	0.020758278	26.90307692
CpHsp60-07	4	LOC_Os06g47320.1	6	4.6943	0.0495	0.010544703	36.11
CpHsp60-08	4	LOC_Os06g02380.1	6	1.9347	0.0916	0.047345842	14.88230769
		LOC_Os02g01280.1	2	8.361	0.1099	0.013144361	64.31538462
CpHsp60-09	5	LOC_Os12g17910.1	12	3.5086	0.1227	0.034971214	26.98923077
		LOC_Os03g64210.1	3	4.7598	0.1385	0.029097861	36.61384615
		LOC_Os03g64210.2	3	3.9757	0.0989	0.024876122	30.58230769
CpHsp60-10	5	LOC_Os06g34690.1	6	4.174	0.0144	0.003449928	32.10769231
		LOC_Os02g14929.1	2	3.758	0.0625	0.016631187	28.90769231
CpHsp60-12	7	LOC_Os06g36700.1	6	3.293	0.0449	0.013634983	25.33076923
CpHsp60-13	8	LOC_Os03g59020.1	3	2.606	0.0711	0.027283193	20.04615385
CpHsp60-16	9	LOC_Os02g22780.1	2	4.8113	0.1218	0.025315403	37.01
		LOC_Os10g37060.1	10	5.0927	0.145	0.028472127	39.17461538
		LOC_Os02g22780.2	2	4.7676	0.1269	0.026617166	36.67384615
CpHsp60-17	11	LOC_Os06g36700.1	6	2.811	0.042	0.014941302	21.62307692
CpHsp60-18	12	LOC_Os10g32550.1	10	6.141	0.0513	0.008353688	47.23846154
		LOC_Os05g46290.1	5	5.811	0.1912	0.032903115	44.7
CpHsp60-21	12	LOC_Os03g63410.2	3	2.418	0.1584	0.065508685	18.6
		LOC_Os03g63410.1	3	2.404	0.1202	0.05	18.49230769
CpHsp60-22	13	LOC_Os05g05470.1	5	3.642	0.0578	0.015870401	28.01538462
CpHsp60-23	16	LOC_Os06g34690.1	6	4.029	0.0769	0.019086622	30.99230769
		LOC_Os02g14929.1	2	4.158	0.0806	0.019384319	31.98461538
CpHsp60-24	16	LOC_Os03g64210.1	3	4.6138	0.1194	0.025878885	35.49076923
		LOC_Os03g64210.2	3	1.9742	0.084	0.042548881	15.18615385
		LOC_Os12g17910.1	12	1.8916	0.112	0.059209135	14.55076923
CpHsp60-25	17	LOC_Os10g32550.1	10	5.259	0.061	0.011599163	40.45384615
		LOC_Os03g04970.1	3	4.528	0.0824	0.01819788	34.83076923
		LOC_Os05g46290.1	5	8.498	0.211	0.024829372	65.36923077
CpHsp60-27	17	LOC_Os08g34950.1	8	8.277	0.4295	0.051890782	63.66923077
		LOC_Os03g28140.1	3	6.631	0.4574	0.068979038	51.00769231
		LOC_Os09g23740.1	9	2.9438	0.6236	0.211835043	22.64461538
CpHsp60-28	17	LOC_Os05g05470.1	5	5.876	0.0581	0.009887679	45.2
CpHsp60-29	17	LOC_Os10g32550.1	10	7.171	0.0862	0.012020639	55.16153846
		LOC_Os03g04970.1	3	6.983	0.0955	0.01367607	53.71538462
		LOC_Os05g46290.1	5	4.6685	0.2374	0.050851451	35.91153846
CpHsp60-31	18	LOC_Os06g47320.1	6	4.6969	0.0579	0.01232728	36.13
CpHsp60-32	18	LOC_Os02g01280.1	2	7.413	0.1224	0.016511534	57.02307692
		LOC_Os06g02380.1	6	3.3697	0.0934	0.027717601	25.92076923
		LOC_Os03g06330.1	3	5.2237	0.3073	0.058828034	40.18230769
		LOC_Os10g29620.1	10	1.1012	0.3406	0.309298947	8.470769231
CpHsp60-33	18	LOC_Os06g09679.3	6	4.5106	0.2894	0.064159979	34.69692308
		LOC_Os02g54060.2	2	4.2053	0.3421	0.081349725	32.34846154
		LOC_Os02g54060.1	2	4.5121	0.2377	0.05268057	34.70846154
		LOC_Os09g26730.1	9	4.4434	0.1929	0.043412702	34.18
CpHsp60-34	19	LOC_Os06g09679.1	6	6.9402	0.2109	0.030388173	53.38615385
CpHsp60-37	20	LOC_Os02g22780.1	2	4.8216	0.1303	0.027024224	37.08923077
		LOC_Os10g37060.1	10	5.1755	0.149	0.028789489	39.81153846
		LOC_Os02g22780.2	2	4.8061	0.134	0.027881234	36.97
CpHsp60-39	20	LOC_Os03g42220.1	3	3.211	0.062	0.019308627	24.7
		LOC_Os05g48290.3	5	3.262	0.0718	0.022011036	25.09230769
Ortalama				**4.459016364**	**0.1475**	**0.038885978**	**34.30012587**

EK 19 Kabak *Hsp60* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp60-01	1	Potri.001G163200.7	1	11,6345	0,47	0,040397095	89,49615385
		Potri.001G163200.4	1	7,4234	0,5175	0,069711992	57,10307692
		Potri.001G163200.1	1	7,423	0,5175	0,069715748	57,1
CpHsp60-02	1	Potri.010G113700.2	1	1,4451	0,2459	0,170161235	11,11615385
CpHsp60-03	2	Potri.001G341100.1	1	1,323	0,0384	0,029024943	10,17692308
		Potri.006G128600.2	6	1,754	0,0491	0,027993158	13,49230769
		Potri.006G128600.6	6	1,7541	0,0491	0,027991563	13,49307692
		Potri.001G341100.5	1	1,3915	0,0352	0,025296443	10,70384615
CpHsp60-04	2	Potri.014G058500.1	14	1,3549	0,036	0,026570227	10,42230769
		Potri.002G142700.1	2	1,1631	0,0376	0,032327401	8,946923077
CpHsp60-06	3	Potri.013G058500.1	13	2,1293	0,0691	0,03245198	16,37923077
		Potri.019G034200.1	19	2,1724	0,0701	0,032268459	16,71076923
CpHsp60-07	4	Potri.004G195300.2	4	1,4937	0,0315	0,021088572	11,49
		Potri.009G157400.1	9	1,61	0,029	0,018012422	12,38461538
		Potri.004G195100.1	4	1,9767	0,0471	0,023827591	15,20538462
CpHsp60-08	4	Potri.003G222400.1	3	2,5704	0,0549	0,021358543	19,77230769
		Potri.003G222400.3	3	2,5703	0,0548	0,021320468	19,77153846
		Potri.001G002500.1	1	2,2421	0,0605	0,026983631	17,24692308
CpHsp60-09	5	Potri.004G213400.1	4	2,6291	0,0786	0,029896162	20,22384615
		Potri.009G009300.1	9	2,6673	0,0815	0,030555243	20,51769231
CpHsp60-10	5	Potri.004G133800.1	4	1,8473	0,0347	0,018784171	14,21
		Potri.T046300.2	Scaffold	1,8133	0,0326	0,017978272	13,94846154
		Potri.018G138200.2	18	1,9639	0,0336	0,017108814	15,10692308
CpHsp60-12	7	Potri.010G051700.5	10	1,8416	0,0726	0,039422242	14,16615385
		Potri.010G051700.4	10	1,9682	0,0435	0,022101412	15,14
		Potri.008G182300.4	8	2,109	0,0393	0,018634424	16,22307692
CpHsp60-13	8	Potri.019G034200.1	19	2,0118	0,069	0,034297644	15,47538462
		Potri.013G058500.1	13	1,9684	0,0693	0,035206259	15,14153846
CpHsp60-15	9	Potri.010G135100.2	1	1,4764	0,1342	0,090896776	11,35692308
CpHsp60-16	9	Potri.012G051300.1	12	6,8412	0,04	0,005846927	52,62461538
		Potri.015G042600.1	15	4,3548	0,0462	0,010608983	33,49846154
CpHsp60-17	11	Potri.008G182300.1	8	2,0143	0,039	0,019361565	15,49461538
		Potri.010G051700.3	10	1,9561	0,0436	0,022289249	15,04692308
		Potri.008G182300.4	8	2,2911	0,0378	0,016498625	17,62384615
		Potri.010G051700.5	10	1,8585	0,0672	0,036158192	14,29615385
CpHsp60-18	12	Potri.003G173900.1	3	1,6572	0,0483	0,029145547	12,74769231
		Potri.001G054400.1	1	1,69	0,0497	0,029408284	13
		Potri.002G252900.1	2	2,4427	0,0607	0,024849552	18,79
		Potri.003G173900.3	3	1,8077	0,0516	0,028544559	13,90538462
CpHsp60-20	12	Potri.003G039475.1	3	1,0977	0,1114	0,101484923	8,443846154
CpHsp60-21	12	Potri.002G215900.1	2	1,6684	0,0779	0,046691441	12,83384615
		Potri.014G138100.1	14	1,4735	0,0767	0,052052935	11,33461538
CpHsp60-22	13	Potri.004G101500.1	4	1,8104	0,0404	0,02231551	13,92615385
		Potri.017G113601.1	17	1,6749	0,0428	0,025553764	12,88384615
		Potri.017G113601.2	17	1,3958	0,048	0,034388881	10,73692308
CpHsp60-23	16	Potri.T046300.2	Scaffold	2,1363	0,0532	0,024902869	16,43307692
		Potri.018G138200.2	18	2,2025	0,0541	0,024562997	16,94230769
		Potri.004G133800.1	4	2,2035	0,0564	0,025595643	16,95
CpHsp60-24	16	Potri.004G213400.1	4	2,7013	0,0693	0,025654315	20,77923077
		Potri.009G009300.1	9	2,2037	0,0632	0,02867904	16,95153846
CpHsp60-25	17	Potri.001G054400.1	1	1,9933	0,0538	0,026990418	15,33307692
		Potri.003G173900.1	3	1,7934	0,0556	0,031002565	13,79538462
		Potri.002G252900.1	2	3,2102	0,0686	0,021369385	24,69384615
		Potri.003G173900.3	3	1,7959	0,0577	0,032128738	13,81461538
CpHsp60-27	17	Potri.003G072300.1	3	1,5472	0,3213	0,20766546	11,90153846
		Potri.003G072300.6	3	1,5437	0,3223	0,20878409	11,87461538
		Potri.003G072300.8	3	1,5866	0,3349	0,211080297	12,20461538
		Potri.003G072300.9	3	1,5819	0,336	0,212402807	12,16846154
		Potri.003G072300.10	3	1,5576	0,3383	0,217193118	11,98153846
		Potri.001G163200.4	1	1,5779	0,3126	0,198111414	12,13769231
		Potri.001G163200.5	1	1,6099	0,318	0,197527797	12,38384615
		Potri.001G163200.7	1	1,8527	0,3665	0,197819399	14,25153846
		Potri.010G113700.2	10	22,9744	0,5931	0,025815691	176,7261538
		Potri.010G113700.3	10	41,9442	0,6185	0,014745781	322,6476923
CpHsp60-28	17	Potri.004G101500.1	4	1,8152	0,0413	0,022752314	13,96307692
		Potri.017G113601.1	17	1,7553	0,0449	0,025579673	13,50230769
		Potri.017G113601.2	17	1,5278	0,051	0,033381333	11,75230769

EK 19'un devamı

CpHsp60-29	17	Potri.003G173900.1	3	3,8974	0,0878	0,022527839	29,98
		Potri.001G054400.1	1	3,8154	0,0874	0,022907166	29,34923077
		Potri.002G252900.1	2	1,9355	0,0863	0,044587962	14,88846154
		Potri.003G173900.3	3	3,3395	0,0839	0,025123521	25,68846154
CpHsp60-31	18	Potri.004G195300.2	4	1,3214	0,0328	0,024822158	10,16461538
		Potri.009G157400.1	9	1,4776	0,0329	0,022265836	11,36615385
		Potri.004G195100.1	4	1,4568	0,0564	0,038714992	11,20615385
CpHsp60-32	18	Potri.003G222400.1	3	2,1008	0,0661	0,031464204	16,16
		Potri.001G002500.1	1	2,2141	0,0695	0,031389729	17,03153846
CpHsp60-33	18	Potri.018G063200.1	18	2,1627	0,1647	0,076154806	16,63615385
		Potri.006G138600.5	6	1,9469	0,1775	0,091170579	14,97615385
CpHsp60-37	20	Potri.012G051300.1	12	45,7719	0,0473	0,001033385	352,0915385
		Potri.015G042600.1	15	4,2687	0,0526	0,012322253	32,83615385
CpHsp60-38	20	Potri.015G123600.4	15	2,1479	0,1185	0,055170166	16,52230769
		Potri.015G123600.3	15	1,9918	0,1233	0,061903806	15,32153846
		Potri.015G123200.1	15	2,1357	0,1236	0,057873297	16,42846154
		Potri.015G122800.1	15	2,0793	0,1483	0,07132208	15,99461538
CpHsp60-39	20	Potri.001G341100.5	1	1,2906	0,0426	0,033007903	9,927692308
		Potri.001G341100.1	1	1,2592	0,0462	0,036689962	9,686153846
		Potri.006G128600.2	6	1,4748	0,056	0,03797125	11,34461538
CpHsp60-40	Scaffold	Potri.003G072300.10	3	2,5195	0,3399	0,13490772	19,38076923
		Potri.001G163200.5	1	2,7592	0,34	0,123224123	21,22461538
Ortalama				**3,463407865**	**0,122446067**	**0,052212154**	**26,64159896**

EK 20 Kabak *Hsp70* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp70-01	1	AT5G09590.1	5	2,9925	0,0781	0,02609858	23,01923077
		AT4G37910.1	4	4,2745	0,1133	0,026506024	32,88076923
CpHsp70-02	1	AT3G12580.1	3	4,4106	0,0447	0,010134676	33,92769231
		AT5G02490.1	5	6,0186	0,0579	0,009620177	46,29692308
		AT1G16030.1	1	10,5427	0,1014	0,00961803	81,09769231
		AT1G56410.1	1	8,2523	0,0816	0,009888152	63,47923077
		AT5G02500.2	5	4,8751	0,0585	0,011999754	37,50076923
CpHsp70-03	1	AT5G02500.1	5	5,3224	0,0395	0,007421464	40,94153846
		AT3G12580.1	3	4,8262	0,0315	0,006526874	37,12461538
		AT3G09440.1	3	6,5718	0,0477	0,007258285	50,55230769
		AT5G02490.1	5	7,0486	0,056	0,00794484	54,22
		AT1G16030.1	1	7,7048	0,0949	0,012316997	59,26769231
		AT5G02500.2	5	6,6237	0,0472	0,007125927	50,95153846
CpHsp70-04	2	AT1G76270.1	1	2,3708	0,2139	0,09022271	18,23692308
		AT1G20550.1	1	2,5484	0,207	0,081227437	19,60307692
		AT4G38390.1	4	3,6678	0,2822	0,076939855	28,21384615
CpHsp70-05	2	AT4G16660.1	4	2,5976	0,1898	0,073067447	19,98153846
CpHsp70-07	3	AT2G32120.1	2	4,7137	0,1867	0,039607951	36,25923077
CpHsp70-08	5	AT5G28540.1	5	2,397	0,0566	0,023612849	18,43846154
		AT1G09080.2	1	22,7131	0,1426	0,006278315	174,7161538
		AT5G42020.2	5	2,1657	0,0566	0,026134737	16,65923077
CpHsp70-09	5	AT4G35250.1	4	1,6548	0,0996	0,060188542	12,72923077
CpHsp70-10	6	AT4G16660.1	4	2,745	0,1873	0,068233151	21,11538462
CpHsp70-12	6	AT4G24280.1	4	6,8381	0,1234	0,018045948	52,60076923
		AT5G49910.1	5	8,8455	0,1258	0,014221921	68,04230769
CpHsp70-14	8	AT4G16650.1	4	1,9124	0,2175	0,113731437	14,71076923
CpHsp70-15	10	AT5G02500.2	5	4,544	0,0386	0,008494718	34,95384615
		AT3G12580.1	3	10,561	0,0361	0,003418237	81,23846154
		AT5G02500.1	5	4,31	0,0334	0,00774942	33,15384615
		AT3G09440.1	3	9,8018	0,0496	0,005060295	75,39846154
		AT5G02490.1	5	7,0612	0,0518	0,007335864	54,31692308
		AT1G56410.1	1	5,0575	0,0711	0,014058329	38,90384615
		AT1G16030.1	1	7,32	0,0988	0,013497268	56,30769231
CpHsp70-16	12	AT1G79930.2	1	5,6881	0,1288	0,022643765	43,75461538
		AT1G79930.1	1	5,2074	0,1438	0,027614549	40,05692308
CpHsp70-17	13	AT4G24280.1	4	4,8635	0,0931	0,019142593	37,41153846
		AT5G49910.1	5	3,465	0,1016	0,029321789	26,65384615
CpHsp70-18	13	AT5G28540.1	5	2,0389	0,0489	0,023983521	15,68384615
		AT5G42020.1	5	2,0289	0,049	0,024151018	15,60692308
		AT1G09080.2	1	23,6573	0,1513	0,006395489	181,9792308
		AT1G09080.1	1	23,4671	0,1427	0,006080854	180,5161538
		AT5G42020.2	5	1,8569	0,0507	0,02730357	14,28384615
CpHsp70-19	13	AT3G12580.1	3	5,5763	0,0753	0,013503578	42,89461538
		AT5G02500.1	5	8,7252	0,0749	0,00858433	67,11692308
		AT1G56410.1	1	13,0547	0,0957	0,007330693	100,4207692
		AT5G02490.1	5	8,4089	0,0862	0,010251044	64,68384615
		AT1G16030.1	1	7,0158	0,1349	0,019228028	53,96769231
		AT3G09440.2	3	11,449	0,0812	0,007092322	88,06923077
		AT3G09440.1	3	11,4657	0,0813	0,007090714	88,19769231
		AT5G02500.2	5	8,3757	0,0842	0,010052891	64,42846154
CpHsp70-20	13	AT5G02500.2	5	6,0193	0,0574	0,009535993	46,30230769
		AT3G12580.1	3	3,3915	0,0466	0,013740233	26,08846154
		AT3G09440.2	3	6,667	0,0557	0,008354582	51,28461538
		AT5G02490.1	5	6,0066	0,0624	0,010388573	46,20461538
		AT1G16030.1	1	6,2339	0,1005	0,016121529	47,95307692
		AT1G56410.1	1	4,1785	0,0841	0,02012684	32,14230769
CpHsp70-21	14	AT5G09590.1	5	3,0786	0,0736	0,023906971	23,68153846
		AT4G37910.1	4	4,4665	0,1191	0,026665174	34,35769231
CpHsp70-22	14	AT4G15560.1	4	44,5963	0,2104	0,00471788	343,0484615
		AT3G21500.2	3	48,9155	0,2579	0,005272357	376,2730769
CpHsp70-23	14	AT4G16650.1	4	2,3511	0,1953	0,0830675	18,08538462
CpHsp70-24	17	AT4G15560.1	4	3,1974	0,1185	0,037061362	24,59538462
CpHsp70-25	17	AT1G79930.2	1	5,6787	0,116	0,02042721	43,68230769

EK 20'nin devamı

CpHsp70-25	17	AT1G79930.1	1	4,9586	0,1258	0,025370064	38,14307692
CpHsp70-26	17	AT4G24280.1	4	3,3665	0,1001	0,029734145	25,89615385
		AT5G49910.1	5	3,5248	0,1029	0,029193146	27,11384615
CpHsp70-27	18	AT3G09440.2	3	8,4304	0,0988	0,011719491	64,84923077
		AT5G02490.1	5	13,805	0,1024	0,007417602	106,1923077
		AT5G17420.1	5	2,0861	0,0698	0,033459566	16,04692308
		AT1G56410.1	1	11,8091	0,1123	0,009509615	90,83923077
		AT5G05170.1	1	4,5831	0,1765	0,038511051	35,25461538
		AT5G02500.2	5	34,2238	0,1047	0,003059275	263,26
		AT3G12580.1	3	12,8677	0,0854	0,006636773	98,98230769
		AT4G32410.1	4	8,9416	0,2117	0,023675852	68,78153846
		AT2G25540.1	2	30,8278	0,218	0,007071539	237,1369231
		AT5G09870.1	5	6,8017	0,2176	0,031992002	52,32076923
		AT2G21770.1	2	21,9736	0,2174	0,009893691	169,0276923
CpHsp70-28	19	AT5G02500.2	5	4,1643	0,0473	0,011358452	32,03307692
		AT5G02500.1	5	3,5423	0,0395	0,011150947	27,24846154
		AT3G12580.1	3	13,8431	0,0423	0,003055674	106,4853846
		AT1G56410.1	1	3,9494	0,0732	0,018534461	30,38
Ortalama				**8,37177037**	**0,1059275**	**0,021778846**	**64,39823362**

EK 21 Kabak *Hsp70* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp70-01	1	Glyma.13G254900.1	13	2.0623	0.0495	0.0240023	15.863846
		Glyma.08G065100.3	8	1.9107	0,0376	0.0196787	14.697692
		Glyma.15G059900.1	15	2.1156	0.0511	0.0241539	16.273846
		Glyma.13G254900.2	13	2.4563	0.0714	0.0290681	18.894615
		Glyma.13G254900.3	13	2.172	0.0436	0.0200737	16.707692
		Glyma.08G065100.3	8	1.9107	0.0376	0.0196787	14.697692
CpHsp70-02	1	Glyma.13G130900.1	13	3.9448	0.0348	0.0088217	30.344615
		Glyma.12G064000.3	12	5.4617	0.0351	0.0064266	42.013077
		Glyma.11G140500.1	11	5.4523	0.0377	0.0069145	41.940769
		Glyma.02G093200.3	2	2.0808	0.041	0.019704	16.006154
		Glyma.02G093200.1	2	2.0808	0.041	0.019704	16.006154
		Glyma.03G171100.1	3	3.0333	0.0373	0.0122968	23.333077
		Glyma.18G289100.1	18	2.5957	0.0423	0.0162962	19.966923
		Glyma.19G172200.2	19	4.3127	0.0379	0.008788	33.174615
		Glyma.18G289600.1	18	4.0619	0.0362	0.0089121	31.245385
		Glyma.17G072400.1	17	5.9226	0.0781	0.0131868	45.558462
		Glyma.02G205600.1	2	5.6835	0.0811	0.0142694	43.719231
		Glyma.03G171100.3	3	4.2134	0.0608	0.0144302	32.410769
CpHsp70-03	1	Glyma.13G130900.1	13	2.6444	0.0331	0.012517	20.341538
		Glyma.02G093200.3	2	3.1349	0.0383	0.0122173	24.114615
		Glyma.18G289100.1	18	3.0008	0.0391	0.0130299	23.083077
		Glyma.11G140500.1	11	5.143	0.0342	0.0066498	39.561538
		Glyma.12G064000.3	12	5.8813	0.0321	0.005458	45.240769
		Glyma.03G171100.1	3	2.5086	0.0347	0.0138324	19.296923
		Glyma.19G172200.2	19	3.7344	0.0334	0.0089439	28.726154
		Glyma.18G289600.1	18	2.1504	0.0356	0.0165551	16.541538
		Glyma.17G072400.1	17	7.0143	0.0753	0.0107352	53.956154
		Glyma.02G205600.1	2	8.685	0.0737	0.0084859	66.807692
		Glyma.18G290600.2	18	2.519	0.1624	0.06447	19.376923
CpHsp70-04	2	Glyma.04G018300.1	4	1.5963	0.2005	0.125603	12.279231
		Glyma.06G018600.1	6	1.5546	0.209	0.1344397	11.958462
		Glyma.14G002100.1	14	2.3648	0.2865	0.1211519	18.190769
		Glyma.02G310700.1	2	2.1915	0.2954	0.1347935	16.857692
CpHsp70-05	2	Glyma.13G003700.1	13	2.5227	0.1981	0.078527	19.405385
		Glyma.20G065900.1	20	2.5198	0.2022	0.0802445	19.383077
CpHsp70-07	3	Glyma.01G238600.2	1	1.6711	0.1431	0.0856322	12.854615
CpHsp70-08	5	Glyma.08G025700.1	8	1.7081	0.0353	0.0206662	13.139231
		Glyma.05G219400.1	5	1.4995	0.0345	0.0230077	11.534615
		Glyma.05G219600.2	5	1.6645	0.0298	0.0179033	12.803846
		Glyma.08G025900.1	8	1.6638	0.0394	0.0236807	12.798462
CpHsp70-09	5	Glyma.04G001500.1	4	1.9447	0.124	0.063763	14.959231
		Glyma.06G001032.1	6	2.2227	0.2137	0.0961443	17.097692
CpHsp70-10	6	Glyma.20G065900.1	20	2.1619	0.1936	0.0895509	16.63
		Glyma.13G003700.1	13	2.3175	0.1935	0.0834951	17.826923
CpHsp70-12	6	Glyma.16G002500.1	16	5.1989	0.1084	0.0208506	39.991538
		Glyma.12G166200.2	12	4.8322	0.1096	0.0226812	37.170769
		Glyma.16G002500.2	16	5.8629	0.1106	0.0188644	45.099231
CpHsp70-14	8	Glyma.17G142600.1	17	1.53	0.2055	0.1343137	11.769231
		Glyma.11G033500.1	11	1.5306	0.1969	0.1286424	11.773846
		Glyma.05G060200.2	5	1.5645	0.1748	0.111729	12.034615
		Glyma.01G208700.2	1	1.4515	0.1979	0.1363417	11.165385
		Glyma.01G208700.4	1	1.573	0.1786	0.113541	12.1
CpHsp70-15	10	Glyma.13G130900.1	13	3.1418	0.0203	0.0064613	24.167692
		Glyma.18G289600.1	18	2.8573	0.0309	0.0108144	21.979231
		Glyma.03G171100.1	3	1.9559	0.0287	0.0146736	15.045385
		Glyma.19G172200.2	19	2.1127	0.0267	0.0126379	16.251538
		Glyma.11G140500.1	11	2.6386	0.0276	0.0104601	20.296923
		Glyma.12G064000.1	12	3.2836	0.0273	0.008314	25.258462
		Glyma.02G093200.3	2	2.5118	0.0287	0.0114261	19.321538
		Glyma.18G289100.1	18	2.9894	0.0292	0.0097678	22.995385
		Glyma.17G072400.1	17	8.182	0.0806	0.0098509	62.938462
		Glyma.02G205600.1	2	8.43	0.0764	0.0090629	64.846154
		Glyma.03G171100.3	3	2.301	0.0552	0.0239896	17.7
		Glyma.18G290600.2	18	5.1947	0.1699	0.0327064	39.959231
CpHsp70-16	12	Glyma.15G014400.1	15	2.2848	0.1098	0.0480567	17.575385
		Glyma.13G359500.3	13	2.0162	0.1151	0.0570876	15.509231
		Glyma.13G359500.2	13	2.2723	0.1092	0.048057	17.479231
		Glyma.08G206900.1	8	2.0271	0.1338	0.0660056	15.593077
		Glyma.07G006300.2	7	2.0487	0.1407	0.0686777	15.759231
		Glyma.08G206900.2	8	2.0688	0.1366	0.0660286	15.913846
		Glyma.07G006300.3	7	2.0787	0.1415	0.0680714	15.99

EK 21'in devamı

CpHsp70-18	13	Glyma.08G025700.1	8	1,5482	0,0235	0,015178917	11,90923077
		Glyma.05G219400.1	5	1,3289	0,0248	0,018662051	10,22230769
		Glyma.05G219600.1	5	1,5058	0,0316	0,020985523	11,58307692
		Glyma.08G025900.1	8	1,6331	0,0388	0,023758496	12,56230769
		Glyma.05G219600.2	5	1,4803	0,0281	0,018982639	11,38692308
CpHsp70-19	13	Glyma.19G172200.2	19	4,5587	0,0649	0,014236515	35,06692308
		Glyma.12G064000.3	12	7,2834	0,0621	0,008526238	56,02615385
		Glyma.03G171100.1	3	3,2901	0,061	0,01854047	25,30846154
		Glyma.02G093200.3	2	2,7094	0,0752	0,027755223	20,84153846
		Glyma.11G140500.1	11	7,722	0,0654	0,008469308	59,4
		Glyma.13G130900.1	13	3,5737	0,0654	0,018300361	27,49
		Glyma.18G289600.1	18	4,5587	0,0689	0,015113958	35,06692308
		Glyma.18G289100.1	18	2,6862	0,0768	0,028590574	20,66307692
		Glyma.17G072400.1	17	8,2677	0,1177	0,014236124	63,59769231
		Glyma.02G205600.1	2	11,7772	0,1281	0,010876949	90,59384615
		Glyma.07G170800.5	7	6,9195	0,2562	0,037025797	53,22692308
		Glyma.18G290600.2	18	6,8727	0,2089	0,030395623	52,86692308
		Glyma.02G085600.1	2	7,1581	0,3029	0,042315698	55,06230769
		Glyma.03G171100.3	3	3,1766	0,094	0,029591387	24,43538462
		Glyma.18G287800.2	18	4,2355	0,2971	0,070145201	32,58076923
		Glyma.15G087900.2	15	44,0682	0,2778	0,006303865	338,9861538
		Glyma.18G287900.1	18	3,5772	0,2986	0,083473107	27,51692308
CpHsp70-20	13	Glyma.13G130900.1	13	2,9039	0,0332	0,011432901	22,33769231
		Glyma.02G093200.3	2	2,953	0,048	0,016254656	22,71538462
		Glyma.18G289100.1	18	3,0973	0,0491	0,015852517	23,82538462
		Glyma.11G140500.1	11	4,5316	0,0419	0,009246182	34,85846154
		Glyma.12G064000.3	12	6,161	0,0399	0,006476221	47,39230769
		Glyma.19G172200.2	19	3,0392	0,0346	0,011384575	23,37846154
		Glyma.03G171100.1	3	2,1979	0,0355	0,016151781	16,90692308
		Glyma.18G289600.1	18	2,364	0,043	0,018189509	18,18461538
		Glyma.17G072400.1	17	7,9014	0,0769	0,009732452	60,78
		Glyma.02G205600.1	2	7,0326	0,0839	0,011930154	54,09692308
		Glyma.18G290600.2	18	2,4337	0,156	0,06409993	18,72076923
CpHsp70-21	14	Glyma.13G254900.1	13	1,8403	0,0399	0,021681248	14,15615385
		Glyma.08G065100.1	8	1,793	0,0442	0,024651422	13,79230769
		Glyma.07G184300.1	7	1,8398	0,0443	0,024078704	14,15230769
		Glyma.13G254900.3	13	2,1052	0,033	0,01567547	16,19384615
		Glyma.08G065100.3	8	1,7537	0,0325	0,018532246	13,49
CpHsp70-22	14	Glyma.08G277000.3	8	1,8823	0,0929	0,049354513	14,47923077
		Glyma.08G277100.2	8	1,694	0,0973	0,057438017	13,03076923
		Glyma.18G148700.1	18	1,7311	0,1387	0,080122465	13,31615385
		Glyma.09G200500.3	9	1,8759	0,1268	0,067594221	14,43
		Glyma.09G200500.4	9	1,8385	0,1022	0,055588795	14,14230769
		Glyma.17G066500.1	17	5,1886	0,2017	0,038873685	39,91230769
		Glyma.17G021800.1	17	11,8118	0,2198	0,01860851	90,86
		Glyma.07G252600.1	7	49,8057	0,2218	0,004453306	383,1207692
		Glyma.13G213500.1	13	50,4366	0,2143	0,004248899	387,9738462
		Glyma.07G252600.4	7	49,7583	0,2296	0,004614306	382,7561538
		Glyma.17G066500.2	17	8,8083	0,1769	0,02008333	67,75615385
		Glyma.15G099300.1	15	48,7536	0,2257	0,004629402	375,0276923
		Glyma.15G099300.2	15	47,9717	0,2065	0,004304621	369,0130769
CpHsp70-23	14	Glyma.17G142600.1	17	1,5763	0,1879	0,119203197	12,12538462
		Glyma.11G033500.1	11	1,5154	0,2031	0,13402402	11,65692308
		Glyma.01G208700.2	1	1,4729	0,1961	0,133138706	11,33
		Glyma.05G060200.2	5	1,5462	0,189	0,122235157	11,89384615
		Glyma.01G208700.4	1	1,5925	0,1716	0,107755102	12,25
CpHsp70-24	17	Glyma.07G252600.1	7	1,4961	0,0951	0,06356527	11,50846154
		Glyma.13G213500.1	13	1,5524	0,0933	0,06010049	11,94153846
		Glyma.17G021800.1	17	1,4263	0,0873	0,06120732	10,97153846
		Glyma.07G252600.3	7	1,3244	0,0498	0,037601933	10,18769231
		Glyma.17G021800.4	17	1,3263	0,0522	0,039357611	10,20230769
		Glyma.07G252600.2	7	1,359	0,0686	0,050478293	10,45384615
		Glyma.15G099300.1	15	1,3813	0,1032	0,074712228	10,62538462
		Glyma.15G099300.2	15	1,2794	0,1013	0,07917774	9,841538462
CpHsp70-25	17	Glyma.15G014400.1	15	2,3809	0,1157	0,048595069	18,31461538
		Glyma.13G359500.3	13	2,2592	0,1146	0,050725921	17,37846154
		Glyma.13G359500.2	13	2,2726	0,1152	0,050690839	17,48153846
		Glyma.08G206900.1	8	2,0457	0,1402	0,068533998	15,73615385
		Glyma.07G006300.2	7	2,0536	0,1492	0,072652902	15,79692308
		Glyma.08G206900.2	8	2,0437	0,1439	0,070411509	15,72076923
CpHsp70-26	17	Glyma.16G002500.1	16	1,9895	0,0512	0,025735109	15,30384615
		Glyma.12G166200.2	12	2,1779	0,0496	0,022774232	16,75307692
		Glyma.16G002500.2	16	2,1286	0,0531	0,024945974	16,37384615
CpHsp70-27	18	Glyma.06G225500.1	6	1,5559	0,0524	0,033678257	11,96846154
		Glyma.04G153700.1	4	1,5003	0,0515	0,034326468	11,54076923

EK 21'in devamı

		Glyma.02G205800.1	2	1,492	0,054	0,036193029	11,47692308
		Glyma.17G072200.2	17	1,3733	0,0551	0,040122333	10,56384615
		Glyma.04G153700.3	4	1,4996	0,0529	0,035276074	11,53538462
		Glyma.06G225500.3	6	1,5822	0,0545	0,034445709	12,17076923
		Glyma.04G153700.4	4	1,5135	0,0542	0,035811034	11,64230769
		Glyma.06G225500.4	6	1,7985	0,0698	0,03881012	13,83461538
		Glyma.13G202500.8	13	8,7356	0,2462	0,028183525	67,19692308
		Glyma.15G275000.1	15	5,1443	0,1765	0,034309819	39,57153846
		Glyma.09G103000.2	9	6,174	0,1734	0,02808552	47,49230769
		Glyma.12G237000.1	12	4,7355	0,1684	0,035561187	36,42692308
		Glyma.04G067900.2	4	11,5013	0,2303	0,020023823	88,47153846
		Glyma.17G072400.1	17	4,0243	0,0502	0,012474219	30,95615385
		Glyma.02G205600.1	2	3,5789	0,054	0,015088435	27,53
		Glyma.11G140500.1	11	11,9031	0,0884	0,007426637	91,56230769
		Glyma.12G064000.1	12	12,8373	0,0866	0,006745967	98,74846154
		Glyma.18G289600.1	18	19,6623	0,092	0,004679005	151,2484615
		Glyma.18G289100.1	18	10,3732	0,0885	0,008531601	79,79384615
CpHsp70-27	18	Glyma.13G130900.1	13	12,9199	0,0872	0,006749278	99,38384615
		Glyma.19G172200.1	19	14,4021	0,0969	0,006728185	110,7853846
		Glyma.03G171100.1	3	12,5372	0,0956	0,007625307	96,44
		Glyma.13G202500.3	13	5,7423	0,1735	0,030214374	44,17153846
		Glyma.15G275000.2	15	5,1447	0,1765	0,034307151	39,57461538
		Glyma.04G063800.2	4	25,8441	0,1832	0,007088659	198,8007692
		Glyma.04G067900.4	4	9,9241	0,2207	0,022238792	76,33923077
		Glyma.05G187300.3	5	4,8398	0,2502	0,051696351	37,22923077
		Glyma.08G145600.1	8	9,5063	0,2057	0,021638282	73,12538462
		Glyma.05G159966.1	5	25,1529	0,1996	0,007935467	193,4838462
		Glyma.08G145600.3	8	4,1362	0,2448	0,059184759	31,81692308
		Glyma.16G165900.1	16	3,5612	0,2091	0,058716163	27,39384615
		Glyma.10G223450.5	10	9,8754	0,2152	0,021791522	75,96461538
		Glyma.02G080900.1	2	3,2599	0,2091	0,064143072	25,07615385
		Glyma.12G237000.6	12	4,3638	0,1932	0,04427334	33,56769231
		Glyma.05G187300.6	5	7,7207	0,2186	0,028313495	59,39
		Glyma.13G126000.1	13	15,7222	0,2321	0,014762565	120,94
		Glyma.13G126000.1	13	15,4897	0,2321	0,014984151	119,1515385
		Glyma.03G171100.1	3	2,5644	0,0305	0,01189362	19,72615385
		Glyma.19G172200.2	19	2,9768	0,0314	0,01054824	22,89846154
		Glyma.13G130900.1	13	3,5836	0,0212	0,005915839	27,56615385
		Glyma.11G140500.1	11	2,9211	0,03	0,010270104	22,47
		Glyma.12G064000.1	12	2,4372	0,0296	0,012145085	18,74769231
CpHsp70-28	19	Glyma.02G093200.3	2	2,6832	0,0327	0,012186941	20,64
		Glyma.18G289100.1	18	2,9788	0,0333	0,011178998	22,91384615
		Glyma.18G289600.1	18	2,4039	0,0345	0,014351679	18,49153846
		Glyma.17G072400.1	17	9,0978	0,0801	0,008804326	69,98307692
		Glyma.02G205600.1	2	7,8143	0,0766	0,009802541	60,11
		Glyma.18G290600.2	18	3,8329	0,1694	0,0441963	29,48384615
Ortalama				**5,569424103**	**0,107851546**	**0,035391733**	**42,84172387**

EK 22 Kabak Hsp70 Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp70-01	1	LOC_Os02g53420.1	2	6,1218	0,0853	0,01393381	47,09076923
		LOC_Os09g31486.2	9	18,0433	0,1064	0,005896926	138,7946154
		LOC_Os03g02260.1	3	4,2886	0,0894	0,020845964	32,98923077
		LOC_Os09g31486.1	9	51,4858	0,1449	0,002814368	396,0446154
CpHsp70-02	1	LOC_Os11g47760.3	11	9,5079	0,1544	0,016239127	73,13769231
		LOC_Os11g47760.5	11	4,2137	0,0278	0,006597527	32,41307692
		LOC_Os11g47760.6	11	4,6511	0,0237	0,005095569	35,77769231
		LOC_Os01g62290.1	1	31,7896	0,0375	0,001179631	244,5353846
		LOC_Os05g38530.1	5	31,246	0,04	0,001280164	240,3538462
		LOC_Os11g47760.4	11	5,4547	0,0439	0,008048105	41,95923077
		LOC_Os03g16860.1	3	15,2583	0,0501	0,003283459	117,3715385
		LOC_Os11g47760.1	11	5,454	0,0439	0,008049138	41,95384615
		LOC_Os03g60620.1	3	5,5407	0,0454	0,008193911	42,62076923
		LOC_Os03g16920.1	3	28,134	0,0685	0,002434776	216,4153846
		LOC_Os01g62290.2	1	29,4864	0,0295	0,001000461	226,8184615
		LOC_Os11g47760.2	11	4,132	0,0377	0,009123911	31,78461538
		LOC_Os03g16860.2	3	13,7922	0,0435	0,003153957	106,0938462
		LOC_Os12g38180.1	12	3,1205	0,2971	0,095209101	24,00384615
		LOC_Os03g16880.1	3	7,9107	0,1832	0,023158507	60,85153846
CpHsp70-03	1	LOC_Os11g47760.3	11	3,4371	0,1533	0,044601554	26,43923077
		LOC_Os11g47760.5	11	2,9031	0,0237	0,008163687	22,33153846
		LOC_Os11g47760.6	11	4,5758	0,0207	0,004523799	35,19846154
		LOC_Os11g47760.4	11	4,8249	0,0307	0,006362826	37,11461538
		LOC_Os11g47760.1	11	4,8179	0,0307	0,006372071	37,06076923
		LOC_Os05g38530.1	5	28,2715	0,0406	0,001436075	217,4730769
		LOC_Os03g60620.1	3	9,6449	0,0389	0,00403322	74,19153846
		LOC_Os01g62290.1	1	29,0707	0,0384	0,001320918	223,6207692
		LOC_Os03g16860.1	3	26,3887	0,049	0,001856855	202,99
		LOC_Os03g16920.1	3	22,2623	0,0652	0,002928718	171,2484615
		LOC_Os11g47760.2	11	3,7254	0,0275	0,007381758	28,65692308
		LOC_Os01g62290.2	1	27,1333	0,0324	0,001194105	208,7176923
		LOC_Os03g16860.2	3	17,9029	0,0418	0,002334817	137,7146154
		LOC_Os03g16880.1	3	8,6746	0,1871	0,021568718	66,72769231
CpHsp70-04	2	LOC_Os04g47520.3	4	2,5318	0,225	0,088869579	19,47538462
		LOC_Os04g47520.1	4	3,2328	0,2642	0,081724821	24,86769231
		LOC_Os04g47520.2	4	3,2329	0,2642	0,081722293	24,86846154
		LOC_Os08g44015.1	8	2,4161	0,3182	0,131699847	18,58538462
CpHsp70-08	5	LOC_Os02g02410.1	2	5,4103	0,0538	0,009943996	41,61769231
		LOC_Os08g09770.1	8	63,8536	0,1645	0,002576206	491,1815385
		LOC_Os05g35400.1	5	63,573	0,1596	0,0025105	489,0230769
		LOC_Os03g50250.1	3	63,4267	0,1565	0,002467415	487,8976923
		LOC_Os05g30480.1	5	59,606	0,2034	0,003412408	458,5076923
CpHsp70-09	5	LOC_Os08g44000.1	8	2,5074	0,13	0,051846534	19,28769231
		LOC_Os04g47520.1	4	3,7782	0,2938	0,077761897	29,06307692
		LOC_Os04g47520.2	4	3,7781	0,2938	0,077763955	29,06230769
		LOC_Os04g47520.3	4	3,234	0,2589	0,080055659	24,87692308
CpHsp70-12	6	LOC_Os05g23740.1	5	4,5428	0,1126	0,024786475	34,94461538
		LOC_Os12g14070.1	12	4,8303	0,1261	0,026106039	37,15615385
CpHsp70-15	10	LOC_Os11g47760.3	11	5,1106	0,1476	0,028881149	39,31230769
		LOC_Os11g47760.5	11	3,6637	0,0236	0,006441575	28,18230769
		LOC_Os11g47760.6	11	5,3629	0,0199	0,003710679	41,25307692
		LOC_Os11g47760.4	11	4,2295	0,0256	0,006052725	32,53461538
		LOC_Os11g47760.1	11	4,2265	0,0256	0,006057021	32,51153846
		LOC_Os03g60620.1	3	7,0353	0,0292	0,004150498	54,11769231
		LOC_Os05g38530.1	5	34,0015	0,034	0,000999956	261,55
		LOC_Os01g62290.1	1	30,9423	0,0309	0,000998633	238,0176923
		LOC_Os03g16860.1	3	35,7388	0,0405	0,001133222	274,9138462
		LOC_Os03g16920.1	3	42,8213	0,0598	0,001396501	329,3946154
		LOC_Os11g47760.2	11	3,6866	0,0212	0,005750556	28,35846154
		LOC_Os01g62290.2	1	27,524	0,0275	0,000999128	211,7230769
		LOC_Os03g16860.2	3	34,9577	0,035	0,00100121	268,9053846
		LOC_Os12g38180.1	12	3,6093	0,3121	0,086471061	27,76384615
CpHsp70-16	12	LOC_Os01g08560.2	1	4,5077	0,1767	0,039199592	34,67461538
		LOC_Os01g08560.1	1	4,507	0,1767	0,03920568	34,66923077
		LOC_Os05g08840.1	5	6,6678	0,2116	0,031734605	51,29076923
CpHsp70-17	13	LOC_Os05g23740.1	5	12,3244	0,0855	0,006937457	94,80307692
		LOC_Os12g14070.1	12	5,6614	0,1062	0,018758611	43,54923077
CpHsp70-18	13	LOC_Os02g02410.1	2	4,8094	0,0526	0,010936915	36,99538462
		LOC_Os08g09770.1	8	62,9198	0,1655	0,002630333	483,9984615
		LOC_Os05g35400.1	5	61,2938	0,1613	0,002631588	471,4907692

EK 22'nin devamı

CpHsp70-18	13	LOC_Os03g50250.1	3	63,8433	0,1585	0,002482641	491,1023077
CpHsp70-19	13	LOC_Os05g38530.1	5	35,8785	0,0747	0,002082027	275,9884615
		LOC_Os01g62290.1	1	41,3415	0,068	0,001644836	318,0115385
		LOC_Os11g47760.4	11	4,1955	0,0806	0,019211059	32,27307692
		LOC_Os11g47760.5	11	4,6996	0,2311	0,049174398	36,15076923
		LOC_Os11g47760.3	11	3,5251	0,2497	0,07083487	27,11615385
		LOC_Os11g47760.6	11	2,5616	0,0383	0,014951593	19,70461538
		LOC_Os03g16860.1	3	40,619	0,0844	0,002077845	312,4538462
		LOC_Os03g60620.1	3	4,4855	0,0733	0,016341545	34,50384615
		LOC_Os11g47760.1	11	4,1955	0,0806	0,019211059	32,27307692
		LOC_Os03g16920.1	3	46,2373	0,0986	0,002132477	355,6715385
		LOC_Os12g38180.1	12	3,0765	0,293	0,095238095	23,66538462
		LOC_Os11g08460.2	11	11,9433	0,2276	0,01905671	91,87153846
		LOC_Os03g16880.1	3	12,0916	0,1882	0,015564524	93,01230769
		LOC_Os11g08460.1	11	11,2718	0,225	0,019961319	86,70615385
		LOC_Os11g47760.3	11	3,585	0,1544	0,04306834	27,57692308
		LOC_Os11g47760.5	11	3,0098	0,0281	0,009336169	23,15230769
		LOC_Os11g47760.6	11	3,5957	0,0208	0,005784687	27,65923077
		LOC_Os05g38530.1	5	28,7988	0,0418	0,001451449	221,5292308
		LOC_Os03g60620.1	3	6,9429	0,0461	0,006639877	53,40692308
		LOC_Os11g47760.4	11	4,1548	0,0457	0,010999326	31,96
		LOC_Os11g47760.1	11	4,1541	0,0457	0,01100118	31,95461538
		LOC_Os01g62290.1	1	28,699	0,0417	0,001453012	220,7615385
		LOC_Os03g16860.1	3	31,7661	0,0548	0,001725109	244,3546154
		LOC_Os03g16920.1	3	15,961	0,057	0,003571205	122,7769231
		LOC_Os01g62290.2	1	33,453	0,035	0,001046244	257,3307692
		LOC_Os03g16860.2	3	24,4848	0,0468	0,00191139	188,3446154
		LOC_Os11g47760.2	11	3,4393	0,0425	0,012357166	26,45615385
		LOC_Os12g38180.1	12	3,6756	0,3069	0,083496572	28,27384615
CpHsp70-21	14	LOC_Os02g53420.1	2	11,004	0,0837	0,007606325	84,64615385
		LOC_Os03g02260.1	3	4,2935	0,0864	0,020123442	33,02692308
		LOC_Os09g31486.2	9	20,0401	0,1017	0,005074825	154,1546154
		LOC_Os09g31486.1	9	51,9633	0,1373	0,002642249	399,7176923
CpHsp70-22	14	LOC_Os07g09190.1	7	15,9344	0,122	0,007656391	122,5723077
		LOC_Os05g33840.1	5	46,7945	0,203	0,004338117	359,9576923
CpHsp70-24	17	LOC_Os05g33840.1	5	10,8679	0,101	0,009293424	83,59923077
CpHsp70-25	17	LOC_Os01g08560.2	1	4,6392	0,1839	0,039640455	35,68615385
		LOC_Os01g08560.1	1	4,6393	0,1839	0,039639601	35,68692308
		LOC_Os05g08840.1	5	5,382	0,2197	0,040821256	41,4
CpHsp70-26	17	LOC_Os05g23740.1	5	33,8496	0,0941	0,002779944	260,3815385
		LOC_Os12g14070.1	12	5,1733	0,1109	0,021436994	39,79461538
CpHsp70-27	18	LOC_Os11g47760.5	11	16,5019	0,071	0,004302535	126,9376923
		LOC_Os11g47760.3	11	15,6673	0,1572	0,010033637	120,5176923
		LOC_Os11g47760.6	11	19,8668	0,0689	0,003468098	152,8215385
		LOC_Os05g38530.1	5	15,9164	0,077	0,004837777	122,4338462
		LOC_Os01g62290.1	1	28,5329	0,0788	0,002761724	219,4838462
		LOC_Os03g16920.1	3	41,0716	0,0858	0,002089035	315,9353846
		LOC_Os11g47760.1	11	21,2526	0,0934	0,004394756	163,4815385
		LOC_Os11g47760.4	11	24,6354	0,0942	0,003823766	189,5030769
		LOC_Os03g60620.1	3	10,3365	0,0943	0,009123011	79,51153846
		LOC_Os03g16860.1	3	44,2015	0,1008	0,002280466	340,0115385
		LOC_Os01g62290.2	1	31,5198	0,0755	0,00239532	242,46
		LOC_Os10g32980.1	10	41,1111	0,1883	0,004580272	316,2392308
		LOC_Os11g47760.2	11	17,5368	0,091	0,005189088	134,8984615
		LOC_Os09g25490.1	9	10,692	0,0877	0,008202394	82,24615385
		LOC_Os03g16860.2	3	43,6746	0,0969	0,002218681	335,9584615
		LOC_Os07g10770.1	7	8,9765	0,181	0,020163761	69,05
		LOC_Os10g32980.1	10	39,3462	0,1884	0,004788264	302,6630769
		LOC_Os03g59340.1	3	8,5865	0,173	0,020147907	66,05
		LOC_Os07g24190.3	7	10,1005	0,1713	0,016959556	77,69615385
		LOC_Os07g24190.2	7	7,4028	0,1402	0,01893878	56,94461538
		LOC_Os05g08370.1	5	5,1943	0,2019	0,03886953	39,95615385
		LOC_Os07g14850.1	7	16,375	0,1928	0,011774046	125,9615385
		LOC_Os03g16880.1	3	14,5054	0,198	0,013650089	111,58
CpHsp70-28	19	LOC_Os11g47760.3	11	3,4506	0,151	0,043760505	26,54307692
		LOC_Os11g47760.5	11	2,5873	0,0218	0,008425772	19,90230769
		LOC_Os11g47760.6	11	5,0783	0,0172	0,00338696	39,06384615
		LOC_Os11g47760.4	11	2,9823	0,0325	0,010897629	22,94076923
		LOC_Os11g47760.1	11	2,9822	0,0325	0,010897995	22,94
		LOC_Os03g60620.1	3	7,7202	0,0316	0,004093158	59,38615385
		LOC_Os01g62290.1	1	37,4407	0,0375	0,001001584	288,0053846
		LOC_Os05g38530.1	5	36,6871	0,0368	0,001003077	282,2084615
		LOC_Os03g16920.1	3	39,0873	0,0603	0,001542701	300,6715385
		LOC_Os03g16860.1	3	37,1748	0,045	0,001210497	285,96
		LOC_Os11g47760.2	11	2,5633	0,0285	0,01111848	19,71769231
		LOC_Os01g62290.2	1	32,6429	0,033	0,00101094	251,0992308
		LOC_Os03g16860.2	3	32,9347	0,0389	0,001181125	253,3438462

EK 22’nin devamı

CpHsp70-28	19	LOC_Os12g38180.1	12	2,2955	0,2999	0,130646918	17,65769231
Ortalama				**17,61971554**	**0,107201351**	**0,017493064**	**135,5362734**

EK 23 Kabak *Hsp70* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp70-01	1	Potri.001G285500.2	1	3.7042	0.0629	0.0169807	28.493846
		Potri.009G079700.1	9	2.5209	0.0637	0.0252688	19.391538
CpHsp70-02	1	Potri.010G205800.1	10	3.1153	0.0359	0.0115238	23.963846
		Potri.001G042600.1	1	12.0654	0.0795	0.0065891	92.810769
		Potri.001G042700.1	1	16.7332	0.0924	0.005522	128.71692
		Potri.003G184000.1	3	16.6797	0.1126	0.0067507	128.30538
		Potri.008G054900.2	8	2.1123	0.1855	0.087819	16.248462
CpHsp70-03	1	Potri.010G205700.1	10	2.5829	0.0328	0.0126989	19.868462
		Potri.010G206600.1	10	1.9936	0.0409	0.0205157	15.335385
		Potri.008G054700.4	8	2.1845	0.0399	0.018265	16.803846
		Potri.001G042600.1	1	7.5408	0.0737	0.0097735	58.006154
		Potri.001G042700.1	1	8.4589	0.0884	0.0104505	65.068462
		Potri.003G184000.1	3	5.2536	0.1098	0.0209	40.412308
		Potri.008G054900.2	8	1.93	0.1924	0.0996891	14.846154
CpHsp70-04	2	Potri.005G249900.2	5	1.4913	0.1621	0.1086971	11.471538
		Potri.005G249900.3	5	1.3491	0.1862	0.1380179	10.377692
		Potri.005G249900.1	5	1.4341	0.1794	0.1250959	11.031538
		Potri.002G011100.1	2	1.3565	0.1687	0.1243642	10.434615
		Potri.004G183200.1	4	2.5187	0.2742	0.1088657	19.374615
CpHsp70-05	2	Potri.006G022100.4	6	1.906	0.1905	0.0999475	14.661538
CpHsp70-07	3	Potri.008G152000.1	8	1.6208	0.1354	0.083539	12.467692
CpHsp70-08	5	Potri.001G087500.1	1	1.5646	0.0353	0.0225617	12.035385
		Potri.012G017600.1	12	1.6948	0.0503	0.029679	13.036923
		Potri.013G018000.1	13	8.0531	0.1181	0.0146652	61.946923
CpHsp70-09	5	Potri.009G143000.2	9	1.5825	0.0839	0.0530174	12.173077
		Potri.004G183100.1	4	1.4264	0.116	0.0813236	10.972308
		Potri.005G249900.2	5	2.0744	0.249	0.1200347	15.956923
CpHsp70-10	6	Potri.006G022100.4	6	1.798	0.1773	0.0986096	13.830769
		Potri.016G019800.1	16	1.6898	0.1726	0.1021423	12.998462
CpHsp70-12	6	Potri.003G006300.1	3	3.7162	0.1151	0.0309725	28.586154
		Potri.004G224400.1	4	4.1164	0.1071	0.0260179	31.664615
CpHsp70-14	8	Potri.001G157400.1	1	1.4373	0.2048	0.1424894	11.056154
		Potri.003G077500.1	3	1.5983	0.2106	0.131765	12.294615
CpHsp70-15	10	Potri.010G205700.1	10	2.1379	0.0241	0.0112727	16.445385
		Potri.008G054700.4	8	2.2259	0.0259	0.0116357	17.122308
		Potri.010G205800.1	10	2.703	0.0284	0.0105068	20.792308
		Potri.001G042600.1	1	11.8886	0.0787	0.0066198	91.450769
		Potri.001G042700.1	1	9.8938	0.0889	0.0089854	76.106154
		Potri.001G042700.1	1	9.8600	0.0889	0.0090162	75.846154
		Potri.008G054900.2	8	2.2691	0.1835	0.0808691	17.454615
CpHsp70-16	12	Potri.001G180100.1	1	2.3417	0.1213	0.0518	18.013077
		Potri.001G180100.1	1	2.3612	0.1207	0.0511181	18.163077
CpHsp70-17	13	Potri.004G224400.1	4	1.9247	0.056	0.0290954	14.805385
CpHsp70-18	13	Potri.003G143600.1	3	1.3226	0.0288	0.0217753	10.173846
		Potri.012G017600.1	12	1.442	0.0499	0.0346047	11.092308
		Potri.013G018000.1	13	32.2079	0.1198	0.0037196	247.75308
CpHsp70-19	13	Potri.010G205700.1	10	2.8952	0.0583	0.0201368	22.270769
		Potri.008G054600.1	8	3.397	0.0638	0.0187813	26.130769
		Potri.010G206600.1	10	2.3252	0.0651	0.0279976	17.886154
		Potri.001G042700.1	1	13.9997	0.1302	0.0093002	107.69
		Potri.003G184000.1	3	15.3138	0.1488	0.0097167	117.79846
		Potri.001G042600.1	1	13.6395	0.12	0.008798	104.91923
CpHsp70-20	13	Potri.008G054000.1	8	2.7259	0.0357	0.0130966	20.968462
		Potri.008G054600.1	8	2.7471	0.0477	0.0173638	21.131538
		Potri.010G205800.1	10	3.1739	0.0498	0.0156905	24.414615
		Potri.001G042600.1	1	6.4422	0.0812	0.0126044	49.555385
		Potri.001G042700.1	1	9.0843	0.0984	0.0108319	69.879231
		Potri.003G184000.1	3	5.1041	0.1229	0.0240787	39.262308
		Potri.008G054900.2	8	2.6234	0.1963	0.0748266	20.18
CpHsp70-21	14	Potri.001G285500.2	1	3.81	0.0548	0.0143832	29.307692
		Potri.001G285500.2	1	3.8088	0.0548	0.0143877	29.298462
CpHsp70-22	14	Potri.006G171700.1	6	6.1995	0.1659	0.0267602	47.688462
		Potri.006G171700.1	6	6.2	0.1659	0.0267581	47.692308
		Potri.008G196500.1	8	24.7143	0.2168	0.0087722	190.11
CpHsp70-23	14	Potri.003G077500.1	3	1.6787	0.1775	0.1057366	12.913077
		Potri.001G157400.1	1	1.676	0.1675	0.0999403	12.892308
CpHsp70-24	17	Potri.008G196500.1	8	1.0666	0.0763	0.0715357	8.2046154
CpHsp70-25	17	Potri.001G180100.1	1	2.4397	0.1214	0.0497602	18.766923
		Potri.003G055800.1	3	2.12	0.1266	0.059717	16.307692
CpHsp70-26	17	Potri.004G224400.1	4	1.8154	0.0643	0.0354192	13.964615
CpHsp70-27	18	Potri.001G042600.1	1	4.3748	0.063	0.0144007	33.652308

EK 23'ün devamı

CpHsp70-27	18	Potri.001G042700.1	1	6,3376	0,0715	0,011281873	48,75076923
		Potri.010G206600.1	10	8,0822	0,0888	0,010987107	62,17076923
		Potri.008G054600.1	8	9,731	0,0916	0,009413215	74,85384615
		Potri.018G103900.2	18	1,1836	0,0648	0,054748226	9,104615385
		Potri.001G266400.6	1	8,3724	0,1402	0,016745497	64,40307692
		Potri.002G257900.1	2	41,0969	0,2065	0,00502471	316,13
		Potri.002G257900.2	2	37,1763	0,2038	0,005481987	285,9715385
		Potri.006G052600.1	6	9,3513	0,1816	0,01941976	71,93307692
		Potri.009G060800.7	9	3,9722	0,1681	0,042319118	30,55538462
		Potri.007G076500.1	7	8,7741	0,199	0,022680389	67,49307692
		Potri.002G066600.2	2	7,1125	0,1916	0,026938489	54,71153846
CpHsp70-28	19	Potri.010G206600.1	10	2,3541	0,0263	0,011171998	18,10846154
		Potri.008G054600.1	8	2,7312	0,0295	0,010801113	21,00923077
		Potri.010G205800.1	10	2,8142	0,0293	0,010411485	21,64769231
		Potri.001G042600.1	1	10,312	0,0781	0,007573701	79,32307692
		Potri.001G042700.1	1	7,2064	0,0918	0,012738677	55,43384615
		Potri.003G184000.1	3	56,2848	0,9958	0,017692166	432,96
		Potri.008G054900.2	8	2,2988	0,1898	0,082564816	17,68307692
Ortalama				**6,521895506**	**0,122280899**	**0,039262466**	**50,16842697**

EK 24 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp90-01	1	AT2G04030.1	2	3.359	0.0944	0.028104	25.83846154
		AT2G04030.2	2	3.3547	0.0948	0.028259	25.80538462
		AT3G07770.1	3	11.4615	0.259	0.022597	88.16538462
CpHsp90-02	4	AT5G56030.1	5	2.0269	0.0633	0.03123	15.59153846
		AT5G56000.1	5	2.5068	0.0719	0.028682	19.28307692
		AT5G56010.1	5	1.8608	0.0700	0.037618	14.31384615
		AT5G52640.1	5	54.1382	0.6111	0.011288	416.4476923
		AT5G56030.2	5	2.0269	0.0633	0.03123	15.59153846
		AT3G05590.1	3	10.3017	0.078	0.007572	79.24384615
		AT5G27850.1	5	9.6475	0.0802	0.008313	74.21153846
CpHsp90-03	5	AT3G07770.1	3	2.022	0.1324	0.06548	15.55384615
		AT2G04030.1	2	19.7309	0.2542	0.012883	151.7761538
		AT2G04030.2	2	20.7029	0.2549	0.012312	159.2530769
CpHsp90-04	7	AT4G24190.2	4	2.8958	0.1789	0.061779	22.27538462
		AT4G24190.1	4	3.0854	0.1808	0.058599	23.73384615
CpHsp90-05	8	AT5G56030.1	5	2.0352	0.0372	0.018278	15.65538462
		AT5G56000.1	5	2.6689	0.0436	0.016336	20.53
		AT5G56010.1	5	1.889	0.0421	0.022287	14.53076923
		AT5G52640.1	5	5.4272	0.0713	0.013138	41.74769231
		AT5G56030.2	5	2.0353	0.0372	0.018277	15.65615385
CpHsp90-06	11	AT4G24190.2	4	3.2373	0.1293	0.039941	24.90230769
CpHsp90-07	13	AT2G04030.1	2	3.4233	0.1035	0.030234	26.33307692
		AT3G07770.1	3	13.7411	0.2726	0.019838	105.7007692
CpHsp90-08	14	AT5G52640.1	5	4.2407	0.0417	0.009833	32.62076923
		AT5G52640.1	5	4.2416	0.0417	0.009831	32.62769231
		AT5G56030.1	5	15.0121	0.0827	0.005509	115.4776923
		AT5G56010.1	5	9.3579	0.0808	0.008634	71.98384615
		AT5G56030.2	5	14.9456	0.0827	0.005533	114.9661538
CpHsp90-09	14	AT5G56030.1	5	2.1186	0.0511	0.02412	16.29692308
		AT5G56000.1	5	2.6424	0.0579	0.021912	20.32615385
		AT5G56010.1	5	2.2516	0.0575	0.025537	17.32
		AT5G52640.1	5	5.5410	0.0687	0.012398	42.62307692
		AT5G56030.2	5	2.1186	0.0511	0.02412	16.29692308
CpHsp90-10	14	AT4G31460.1	4	4.6276	0.2822	0.060982	35.59692308
Ortalama				**7.37282353**	**0.121238**	**0.024491**	**56.71402715**

EK 25 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp90-01	1	Glyma.02G124500.1	2	1.4652	0.0853	0.0582173	11.270769
		Glyma.01G068000.1	1	1.3622	0.0887	0.0651153	10.478462
		Glyma.14G007700.1	14	40.104	0.2224	0.0055456	308.49
		Glyma.02G305600.1	2	14.757	0.2284	0.015477	113.51846
CpHsp90-02	4	Glyma.08G332900.1	8	1.7286	0.0391	0.0226195	13.296923
		Glyma.18G074100.1	18	1.9643	0.0392	0.0199562	15.11
		Glyma.14G011600.1	14	1.7483	0.0366	0.0209346	13.448462
		Glyma.02G302500.1	2	1.5245	0.0374	0.0245326	11.726923
		Glyma.16G178800.1	16	55.548	0.5706	0.0102723	427.28846
		Glyma.09G131500.1	9	56.034	0.5852	0.0104437	431.02769
		Glyma.19G211800.1	19	5.335	0.0578	0.0108341	41.038462
		Glyma.03G215300.1	3	6.4612	0.055	0.0085124	49.701538
		Glyma.20G237400.2	20	2.1039	0.0568	0.0269975	16.183846
		Glyma.20G237400.1	20	1.9847	0.0492	0.0247896	15.266923
		Glyma.10G150800.1	10	2.2524	0.0496	0.022021	17.326154
		Glyma.19G232100.1	19	1.8171	0.1634	0.0899235	13.977692
		Glyma.03G234600.1	3	1.5978	0.0639	0.0399925	12.290769
		Glyma.03G234600.2	3	2.3909	0.2074	0.0867456	18.391538
		Glyma.03G234600.3	3	2.5636	0.0802	0.0312841	19.72
		Glyma.02G302500.2	2	1.3766	0.0377	0.0273863	10.589231
		Glyma.18G074100.2	18	1.5939	0.0409	0.0256603	12.260769
CpHsp90-03	5	Glyma.02G305600.1	2	1.7232	0.1095	0.0635446	13.255385
		Glyma.14G007700.1	14	1.6622	0.1015	0.0610637	12.786154
		Glyma.02G124500.1	2	14.103	0.2477	0.0175636	108.48462
		Glyma.02G124500.2	2	13.494	0.2504	0.0185571	103.79615
		Glyma.01G068000.1	1	14.283	0.2602	0.018218	109.86615
		Glyma.01G068000.2	1	12.073	0.1977	0.0163761	92.865385
		Glyma.02G305700.1	2	1.4331	0.1515	0.1057149	11.023846
		Glyma.14G007300.13	14	1.3869	0.16	0.1153652	10.668462
		Glyma.13G025900.2	13	1.4874	0.1703	0.1144951	11.441538
		Glyma.20G059100.2	20	1.454	0.1717	0.118088	11.184615
CpHsp90-04	7	Glyma.14G219700.3	14	1.8184	0.1399	0.0769358	13.987692
		Glyma.17G258700.1	17	1.718	0.1416	0.0824214	13.215385
		Glyma.14G219700.1	14	1.8176	0.1386	0.0762544	13.981538
		Glyma.17G258700.3	17	1.877	0.1732	0.0922749	14.438462
		Glyma.17G258700.4	17	1.93	0.1518	0.0786528	14.846154
CpHsp90-05	8	Glyma.18G074100.1	18	2.6082	0.024	0.0092017	20.063077
		Glyma.08G332900.1	8	3.4596	0.0226	0.0065325	26.612308
		Glyma.02G302500.1	2	1.8651	0.0264	0.0141547	14.346923
		Glyma.14G011600.1	14	2.1442	0.025	0.0116594	16.493846
		Glyma.16G178800.1	16	4.8055	0.0614	0.012777	36.965385
		Glyma.09G131500.1	9	3.7398	0.0604	0.0161506	28.767692
CpHsp90-06	11	Glyma.14G219700.3	14	2.0273	0.0877	0.0432595	15.594615
		Glyma.14G219700.4	14	2.0273	0.0877	0.0432595	15.594615
		Glyma.17G258700.2	17	1.9847	0.0899	0.0452965	15.266923
		Glyma.17G258700.1	17	1.9847	0.0899	0.0452965	15.266923
		Glyma.14G219700.1	14	2.0321	0.0876	0.0431081	15.631538
		Glyma.17G258700.3	17	2.0494	0.1132	0.0552357	15.764615
		Glyma.17G258700.4	17	2.1922	0.0887	0.0404616	16.863077
CpHsp90-07	13	Glyma.02G124500.1	2	1.4393	0.0883	0.0613493	11.071538
		Glyma.02G124500.2	2	1.4544	0.0911	0.0626375	11.187692
		Glyma.01G068000.1	1	1.3509	0.0984	0.0728403	10.391538
		Glyma.01G068000.2	1	1.3114	0.0718	0.0547506	10.087692
		Glyma.14G007700.1	14	13.065	0.2402	0.0183853	100.49846
		Glyma.02G305600.1	2	12.685	0.2306	0.0181795	97.573846
CpHsp90-08	14	Glyma.09G131500.1	9	2.2033	0.0311	0.0141152	16.948462
		Glyma.16G178800.1	16	1.7979	0.0351	0.0195228	13.83
		Glyma.16G178800.1	16	1.7978	0.0351	0.0195239	13.829231
		Glyma.18G074100.1	18	4.1519	0.0701	0.0168838	31.937692
		Glyma.08G332900.1	8	4.9384	0.0644	0.0130407	37.987692
		Glyma.14G011600.1	14	######	0.0709	0.0018453	295.55154
		Glyma.02G302500.1	2	45.622	0.0717	0.0015716	350.93615
		Glyma.18G074100.2	18	5.5794	0.0677	0.0121339	42.918462
		Glyma.02G302500.2	2	36.424	0.0673	0.0018477	280.18077
CpHsp90-09	14	Glyma.08G332900.1	8	1.8786	0.0310	0.0165017	14.450769
		Glyma.02G302500.1	2	1.6726	0.0317	0.0189525	12.866154
		Glyma.14G011600.1	14	1.6117	0.0296	0.0183657	12.397692
		Glyma.18G074100.1	18	1.8603	0.0441	0.0237059	14.31
		Glyma.16G178800.1	16	8.5284	0.0615	0.0072112	65.603077
		Glyma.09G131500.1	9	8.3871	0.0598	0.00713	64.516154
		Glyma.02G302500.2	2	1.8317	0.0297	0.0162144	14.09
		Glyma.18G074100.2	18	1.5903	0.0436	0.0274162	12.233077

EK 25'in devamı

CpHsp90-09	14	Glyma.08G032900.1	8	2,7735	0,2403	0,0866414	21,334615
CpHsp90-10	14	Glyma.11G153169.1	11	3,2816	0,2353	0,0717028	25,243077
		Glyma.12G071700.3	12	2,8416	0,2247	0,0790752	21,858462
Ortalama				**6,9252**	**0,1145**	**0,0380097**	**53,2708**

EK 26 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp90-01	1	LOC_Os09g29840.1	9	4.1298	0.1261	0.030534166	31.76769231
		LOC_Os08g38086.3	8	4.192	0.1176	0.028053435	32.24615385
		LOC_Os08g38086.4	8	3.8233	0.0912	0.023853739	29.41
		LOC_Os12g32986.1	12	12.5076	0.2554	0.020419585	96.21230769
		LOC_Os09g29840.2	9	9.4305	0.1981	0.021006309	72.54230769
CpHsp90-02	4	LOC_Os08g39140.4	8	18.9875	0.4565	0.024042133	146.0576923
		LOC_Os08g39140.2	8	59.8259	0.5483	0.009164927	460.1992308
		LOC_Os08g39140.1	8	20.9192	0.083	0.003967647	160.9169231
		LOC_Os09g30412.1	9	14.251	0.09	0.006315346	109.6230769
		LOC_Os09g30418.1	9	34.4929	0.2523	0.007314549	265.33
		LOC_Os04g01740.1	4	70.6538	0.6045	0.008555803	543.4907692
		LOC_Os03g22180.1	3	9.4282	0.0998	0.010585265	72.52461538
		LOC_Os07g47780.2	7	10.3105	0.113	0.010959701	79.31153846
		LOC_Os05g06310.1	5	19.7884	0.1188	0.006003517	152.2184615
		LOC_Os07g47780.1	7	10.0369	0.1127	0.011228567	77.20692308
		LOC_Os08g39140.3	8	32.6385	0.0874	0.002677819	251.0653846
CpHsp90-03	5	LOC_Os12g32986.1	12	3.4491	0.1806	0.052361486	26.53153846
		LOC_Os09g29840.1	9	8.9357	0.2598	0.029074387	68.73615385
		LOC_Os08g38086.3	8	8.1768	0.235	0.028739849	62.89846154
		LOC_Os08g38086.4	8	8.5006	0.1984	0.023339529	65.38923077
		LOC_Os09g29840.2	9	23.2021	0.3356	0.014464208	178.4776923
CpHsp90-04	7	LOC_Os06g50300.1	6	3.8366	0.1786	0.046551634	29.51230769
		LOC_Os06g50300.1	6	3.8367	0.1786	0.046550421	29.51307692
CpHsp90-05	8	LOC_Os08g39140.4	8	61.2434	0.2377	0.003881235	471.1030769
		LOC_Os08g39140.2	8	61.2808	0.2374	0.00387397	471.3907692
		LOC_Os09g30412.1	9	6.5461	0.0622	0.009501841	50.35461538
		LOC_Os09g30418.1	9	8.1554	0.0646	0.007921132	62.73384615
		LOC_Os04g01740.1	4	24.6839	0.0753	0.003050571	189.8761538
CpHsp90-06	11	LOC_Os06g50300.1	6	2.7599	0.1328	0.048117685	21.23
CpHsp90-07	13	LOC_Os09g29840.1	9	4.2192	0.1296	0.030716724	32.45538462
		LOC_Os08g38086.3	8	3.7013	0.1235	0.033366655	28.47153846
		LOC_Os08g38086.4	8	3.2325	0.0948	0.029327146	24.86538462
		LOC_Os12g32986.1	12	12.2719	0.2633	0.02145552	94.39923077
		LOC_Os09g29840.2	9	34.1266	0.2018	0.005913276	262.5123077
CpHsp90-08	14	LOC_Os08g39140.4	8	12.8079	0.3764	0.029388112	98.52230769
		LOC_Os04g01740.1	4	36.2874	0.0658	0.001813302	279.1338462
		LOC_Os09g30412.1	9	34.346	0.0741	0.002157456	264.2
		LOC_Os08g39140.2	8	53.9154	0.3322	0.006161505	414.7338462
		LOC_Os08g39140.1	8	35.0407	0.0774	0.00220886	269.5438462
		LOC_Os09g30418.1	9	34.1373	0.1472	0.004311999	262.5946154
		LOC_Os08g39140.3	8	29.8644	0.0685	0.002293701	229.7261538
CpHsp90-09	14	LOC_Os08g39140.4	8	11.4154	0.2518	0.022057922	87.81076923
		LOC_Os08g39140.2	8	8.2847	0.0728	0.008787283	63.72846154
		LOC_Os08g39140.1	8	9.9534	0.0517	0.005194205	76.56461538
		LOC_Os09g30412.1	9	7.6255	0.0573	0.007514261	58.65769231
		LOC_Os09g30418.1	9	6.1639	0.0593	0.009620532	47.41461538
		LOC_Os04g01740.1	4	24.691	0.0772	0.003126645	189.9307692
		LOC_Os08g39140.3	8	12.6154	0.0457	0.003622557	97.04153846
CpHsp90-10	14	LOC_Os07g36090.1	7	3.9882	0.2486	0.062333885	30.67846154
		LOC_Os07g36090.3	7	3.9883	0.2486	0.062332322	30.67923077
		LOC_Os07g36090.2	7	3.9881	0.2486	0.062335448	30.67769231
Ortalama				**18.56250196**	**0.177402**	**0.01878725**	**142.7884766**

EK 27 Kabak *Hsp90* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp90-01	1	Potri.008G112700.1	8	1.5025	0.077	0.0512479	11.557692
		Potri.010G136800.1	10	1.5779	0.093	0.0589391	12.137692
		Potri.014G164900.3	14	5.508	0.2314	0.0420116	42.369231
		Potri.014G164900.1	14	5.4666	0.2326	0.0425493	42.050769
CpHsp90-02	4	Potri.016G003400.1	16	2.9219	0.053	0.0181389	22.476154
		Potri.001G286700.1	1	2.7515	0.0454	0.0165001	21.165385
		Potri.006G002800.1	6	2.8287	0.0473	0.0167215	21.759231
		Potri.001G466000.2	1	2.4079	0.0498	0.0206819	18.522308
		Potri.017G146600.2	17	41.9223	0.599	0.0142883	322.47923
		Potri.002G202800.1	2	19.5173	0.0485	0.002485	150.13308
		Potri.014G127300.2	14	14.1989	0.0531	0.0037397	109.22231
		Potri.005G023500.1	5	1.4738	0.0667	0.0452572	11.336923
		Potri.013G013600.1	1	2.38	0.0673	0.0282773	18.307692
		Potri.004G073600.2	4	55.2141	0.7518	0.0136161	424.72385
		Potri.005G023600.2	5	5.1639	0.1615	0.0312748	39.722308
		Potri.013G013700.3	13	2.9372	0.1701	0.0579123	22.593846
		Potri.016G003400.4	16	3.1537	0.0664	0.0210546	24.259231
CpHsp90-03	5	Potri.014G164900.3	14	1.4546	0.087	0.0598103	11.189231
		Potri.014G164900.1	14	1.4546	0.087	0.0598103	11.189231
		Potri.010G136800.1	10	7.4562	0.2617	0.0350983	57.355385
		Potri.008G112700.1	8	6.7493	0.2569	0.0380632	51.917692
		Potri.014G164800.11	14	1.3384	0.1522	0.1137179	10.295385
		Potri.002G221500.3	2	1.3325	0.1401	0.1051407	10.25
CpHsp90-04	7	Potri.002G020249.1	2	2.8771	0.0749	0.0260332	22.131538
		Potri.005G241100.1	5	2.1503	0.1434	0.0666884	16.540769
		Potri.005G241100.1	5	2.1504	0.1434	0.0666853	16.541538
CpHsp90-05	8	Potri.006G002800.1	6	2.0242	0.0363	0.017933	15.570769
		Potri.001G466000.2	1	2.6017	0.0296	0.0113772	20.013077
		Potri.016G003400.1	16	4.2421	0.038	0.0089578	32.631538
		Potri.001G286700.1	1	2.2376	0.0398	0.0177869	17.212308
		Potri.017G146600.2	17	5.7123	0.0767	0.0134272	43.940769
CpHsp90-06	11	Potri.005G241100.1	5	1.9528	0.1029	0.0526936	15.021538
CpHsp90-07	13	Potri.008G112700.1	8	1.4252	0.0783	0.0549397	10.963077
		Potri.010G136800.1	10	1.4608	0.0957	0.065512	11.236923
		Potri.014G164900.3	14	28.5777	0.2479	0.0086746	219.82846
		Potri.014G164900.1	14	30.6599	0.2473	0.0080659	235.84538
CpHsp90-08	14	Potri.017G146600.2	17	2.3675	0.0398	0.016811	18.211538
		Potri.001G286700.1	1	5.9323	0.0707	0.0119178	45.633077
		Potri.016G003400.1	16	6.2217	0.0755	0.0121349	47.859231
		Potri.001G466000.2	1	43.4093	0.0669	0.0015411	333.91769
		Potri.006G002800.1	6	6.0814	0.0738	0.0121354	46.78
		Potri.004G073600.2	4	2.1732	0.062	0.0285294	16.716923
		Potri.016G003400.4	16	36.3876	0.0819	0.0022508	279.90462
CpHsp90-09	14	Potri.001G286700.1	1	2.2954	0.0364	0.0158578	17.656923
		Potri.016G003400.1	16	2.7007	0.0454	0.0168105	20.774615
		Potri.006G002800.1	6	2.1482	0.0384	0.0178754	16.524615
		Potri.001G466000.2	1	1.9460	0.0381	0.0195786	14.969231
		Potri.017G146600.2	17	5.9686	0.0698	0.0116945	45.912308
		Potri.004G073600.2	4	9.2714	0.1122	0.0121017	71.318462
		Potri.016G003400.4	16	3.0704	0.0508	0.0165451	23.618462
CpHsp90-10	14	Potri.018G006900.1	18	2.8211	0.2151	0.0762469	21.700769
Ortalama				**8.07017**	**0.12215**	**0.0311204**	**62.078235**

EK 28 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kormozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp100-01	1	AT2G39730.1	2	2,5059	0,1434	0,057224949	19,27615385
CpHsp100-03	1	AT1G64110.1	1	5,9463	0,1672	0,028118326	45,74076923
CpHsp100-05	1	AT2G39730.1	2	1,9551	0,1536	0,078563756	15,03923077
CpHsp100-08	1	AT1G33360.1	1	5,043	0,3649	0,072357724	38,79230769
		AT5G53350.1	5	50,3591	0,3508	0,00696597	387,3776923
CpHsp100-09	1	AT1G77470.1	1	2,3398	0,1536	0,065646636	17,99846154
CpHsp100-10	1	AT3G52490.1	3	4,0133	0,4802	0,119652157	30,87153846
CpHsp100-12	1	AT2G39730.1	2	2,0345	0,137	0,067338412	15,65
CpHsp100-13	1	AT3G27120.1	3	1,6145	0,1661	0,102880149	12,41923077
CpHsp100-14	2	AT5G42270.1	5	3,2491	0,0783	0,024098981	24,99307692
		AT1G50250.1	1	2,481	0,0936	0,037726723	19,08461538
CpHsp100-15	2	AT2G26140.1	2	3,2992	0,115	0,034856935	25,37846154
CpHsp100-16	2	AT1G21690.1	1	1,6096	0,124	0,077037773	12,38153846
CpHsp100-18	2	AT5G53350.1	5	6,808	0,2622	0,038513514	52,36923077
		AT5G49840.1	5	4,5748	0,3564	0,077905045	35,19076923
CpHsp100-19	2	AT1G74310.1	1	3,0386	0,0684	0,022510367	23,37384615
CpHsp100-20	2	AT3G47060.1	3	1,7558	0,1735	0,098815355	13,50615385
		AT5G58870.1	5	1,8064	0,1665	0,092172276	13,89538462
CpHsp100-22	2	AT5G50920.1	5	2,4782	0,0661	0,026672585	19,06307692
CpHsp100-23	2	AT5G15450.1	5	2,7746	0,0964	0,034743747	21,34307692
CpHsp100-25	3	AT5G03340.1	5	3,1249	0,0322	0,01030433	24,03769231
		AT3G09840.1	3	3,2741	0,0411	0,012553068	25,18538462
CpHsp100-29	3	AT3G24530.1	3	2,4561	0,1554	0,063271039	18,89307692
CpHsp100-32	4	AT1G06430.1	1	2,7577	0,1049	0,038038945	21,21307692
CpHsp100-33	4	AT5G19990.1	5	2,481	0,0362	0,014590891	19,08461538
		AT5G20000.1	5	2,2339	0,0431	0,019293612	17,18384615
CpHsp100-35	4	AT5G57480.1	5	7,8354	0,1876	0,023942619	60,27230769
		AT4G25835.1	4	3,6984	0,2144	0,057971014	28,44923077
CpHsp100-37	4	AT5G03340.1	5	17,3554	0,0737	0,004246517	133,5030769
		AT3G09840.1	3	14,5897	0,0706	0,00483903	112,2284615
CpHsp100-38	4	AT5G50920.1	5	3,8088	0,0994	0,026097459	29,29846154
CpHsp100-39	5	AT2G20140.1	2	5,1779	0,0247	0,004770274	39,83
		AT4G29040.1	4	3,1672	0,025	0,007893407	24,36307692
CpHsp100-40	5	AT2G27600.1	2	2,479	0,0562	0,022670432	19,06923077
CpHsp100-42	5	AT4G27680.1	4	1,9102	0,0895	0,046853733	14,69384615
CpHsp100-43	5	AT5G53170.1	5	1,8242	0,2046	0,112158755	14,03230769
CpHsp100-44	5	AT4G28000.1	4	2,846	0,1642	0,057695011	21,89230769
		AT1G64110.1	1	3,9996	0,1821	0,045529553	30,76615385
		AT5G52882.1	5	2,9613	0,1581	0,053388714	22,77923077
CpHsp100-46	5	AT1G07510.1	1	2,7299	0,1492	0,054654017	20,99923077
		AT2G29080.1	2	3,3482	0,1419	0,042380981	25,75538462
CpHsp100-47	5	AT2G39730.1	2	4,7414	0,1486	0,031340954	36,47230769
CpHsp100-48	5	AT5G58290.1	5	7,8565	0,027	0,003436645	60,43461538
CpHsp100-49	5	AT1G79560.1	1	1,9523	0,1765	0,090406188	15,01769231
CpHsp100-50	5	AT5G16930.1	5	2,6046	0,1356	0,052061737	20,03538462
		AT3G03060.1	3	2,8648	0,1285	0,044854789	22,03692308
CpHsp100-51	6	AT5G42270.1	5	3,4999	0,0775	0,02214349	26,92230769
CpHsp100-53	6	AT2G25140.1	2	2,9779	0,1461	0,049061419	22,90692308
CpHsp100-60	7	AT5G26860.1	5	2,1371	0,136	0,06363764	16,43923077
CpHsp100-61	7	AT3G05530	3	1,5678	0,0275	0,0176	12,06
CpHsp100-61	7	AT1G09100	1	2,8706	0,0221	0,0077	22,08153846
CpHsp100-62	7	AT1G45000	1	3,9447	0,0345	0,0087	30,34384615
CpHsp100-62	7	AT5G43010	5	3,0622	0,0398	0,013	23,55538462
CpHsp100-63	7	AT5G43010	5	3,2193	0,0495	0,0154	24,76384615
CpHsp100-63	7	AT1G45000	1	3,7515	0,0503	0,0134	28,85769231
CpHsp100-68	8	AT5G03340	5	3,7735	0,0414	0,011	29,02692308
CpHsp100-68	8	AT3G09840	3	3,1344	0,0454	0,0145	24,11076923
CpHsp100-68	8	AT3G53230	3	3,3508	0,0484	0,0144	25,77538462
CpHsp100-69	9	AT4G27680	4	1,7035	0,125	0,0734	13,10384615
CpHsp100-69	9	AT5G53540	5	2,4784	0,1608	0,0649	19,06461538
CpHsp100-70	9	AT3G61790	3	2,3541	0,1156	0,0491	18,10846154
CpHsp100-70	9	AT1G33360	1	17,2766	0,3931	0,0228	132,8969231
CpHsp100-72	9	AT4G04910	4	2,487	0,1137	0,0457	19,13076923
CpHsp100-77	10	AT5G03340	5	2,6869	0,0368	0,0137	20,66846154
CpHsp100-77	10	AT3G09840	3	3,6438	0,0402	0,011	28,02923077
CpHsp100-77	10	AT3G53230	3	3,2526	0,038	0,0117	25,02
CpHsp100-78	10	AT5G64580	5	3,4819	0,1576	0,0453	26,78384615
CpHsp100-79	10	AT4G36580	4	2,7312	0,1705	0,0624	21,00923077
CpHsp100-83	11	AT1G45000	1	2,6828	0,0344	0,0128	20,63692308
CpHsp100-83	11	AT5G43010	5	2,7778	0,0422	0,0152	21,36769231
CpHsp100-84	11	AT1G45000	1	3,3824	0,0361	0,0107	26,01846154
CpHsp100-84	11	AT5G43010	5	3,2745	0,0414	0,0126	25,18846154

EK 28'in devamı

CpHsp100-85	11	AT4G29040	4	3,5386	0,0291	0,0082	27,22
CpHsp100-85	11	AT2G20140	2	3,1334	0,0306	0,0098	24,10307692
CpHsp100-88	11	AT3G05530	3	1,7951	0,0252	0,014	13,80846154
CpHsp100-88	11	AT1G09100	1	2,7774	0,022	0,0079	21,36461538
CpHsp100-89	11	AT5G19990	5	1,8424	0,0302	0,0164	14,17230769
CpHsp100-89	11	AT5G20000	5	1,8948	0,0413	0,0218	14,57538462
CpHsp100-91	12	AT1G80350	1	3,9734	0,0996	0,0251	30,56461538
CpHsp100-92	12	AT1G53750	1	2,2917	0,0137	0,006	17,62846154
CpHsp100-92	12	AT1G53780	1	2,7002	0,1528	0,0566	20,77076923
CpHsp100-94	13	AT4G28000	4	2,8117	0,1795	0,0639	21,62846154
CpHsp100-95	13	AT5G53170	5	1,9177	0,172	0,0897	14,75153846
CpHsp100-97	13	AT4G27680	4	1,9106	0,1021	0,0534	14,69692308
CpHsp100-97	13	AT5G53540	5	2,1068	0,1426	0,0677	16,20615385
CpHsp100-98	13	AT1G77470	1	2,1091	0,1394	0,0661	16,22384615
CpHsp100-101	13	AT5G15250	5	3,2043	0,2095	0,0654	24,64846154
CpHsp100-101	13	AT1G06430	1	47,5256	0,3002	0,0063	365,5815385
CpHsp100-105	14	AT4G27680	4	0,2332	16,1894	69,4302	1,793846154
CpHsp100-105	14	AT5G53540	5	6,5898	15,1934	2,3056	50,69076923
CpHsp100-107	14	AT4G12060	4	2,7428	2,5511	0,9301	21,09846154
CpHsp100-111	14	AT1G63160	1	1,8933	0,0591	0,0312	14,56384615
CpHsp100-112	14	AT5G47040	5	1,8434	0,0954	0,0517	14,18
CpHsp100-113	15	AT4G29040	4	2,918	0,0259	0,0089	22,44615385
CpHsp100-113	15	AT2G20140	2	4,187	0,0254	0,0061	32,20769231
CpHsp100-115	15	AT2G30950	2	3,1483	0,1002	0,0318	24,21769231
CpHsp100-116	16	AT3G03060	3	3,0012	0,1222	0,0407	23,08615385
CpHsp100-116	16	AT5G16930	5	2,8251	0,1366	0,0484	21,73153846
CpHsp100-117	16	AT1G07510	1	3,5603	0,01615	0,0454	27,38692308
CpHsp100-117	16	AT2G29080	2	3,4668	0,1414	0,0408	26,66769231
CpHsp100-119	16	AT5G58290	5	4,7833	0,0264	0,0055	36,79461538
CpHsp100-119	16	AT5G58290	5	4,7804	0,0264	0,0055	36,77230769
CpHsp100-120	16	AT2G27600	2	1,9247	0,0508	0,0264	14,80538462
CpHsp100-121	17	AT1G80350	1	3,8713	0,1057	0,0273	29,77923077
CpHsp100-122	17	AT1G53750	1	2,1847	0,0137	0,0063	16,80538462
CpHsp100-122	17	AT1G53780	1	2,0712	0,1099	0,0531	15,93230769
CpHsp100-126	17	AT1G05910	1	2,2443	0,2144	0,0955	17,26384615
CpHsp100-128	18	AT5G19990	5	2,7887	0,1023	0,0367	21,45153846
CpHsp100-128	18	AT5G20000	5	2,398	0,1131	0,0472	18,44615385
CpHsp100-130	18	AT5G57480	5	5,5367	0,1928	0,0348	42,59
CpHsp100-130	18	AT4G25835	4	2,8014	0,2154	0,0769	21,54923077
CpHsp100-132	18	AT5G50920	5	3,1067	0,075	0,0242	23,89769231
CpHsp100-132	18	AT3G48870	3	2,9198	0,1115	0,0382	22,46
CpHsp100-133	19	AT1G07510	1	3,3753	0,2003	0,0593	25,96384615
CpHsp100-133	19	AT2G29080	2	3,6328	0,1897	0,0522	27,94461538
CpHsp100-134	19	AT3G53230	3	3,0073	0,0403	0,0134	23,13307692
CpHsp100-134	19	AT5G03340	5	2,8381	0,0403	0,0142	21,83153846
CpHsp100-134	19	AT3G09840	3	3,1817	0,0437	0,0137	24,47461538
CpHsp100-135	19	AT2G18330	2	2,0832	0,1731	0,0831	16,02461538
CpHsp100-135	19	AT4G36580	4	2,4995	0,176	0,0704	19,22692308
CpHsp100-137	20	AT1G74310	1	3,1938	0,0744	0,0233	24,56769231
CpHsp100-141	20	AT4G04910	4	2,4266	0,1151	0,0474	18,66615385
CpHsp100-142	20	AT5G50920	5	2,6409	0,0829	0,0313	20,31461538
CpHsp100-142	20	AT3G48870	3	2,6309	0,098	0,0373	20,23769231
CpHsp100-143	20	AT5G58870	5	2,01	0,1739	0,0865	15,46153846
CpHsp100-143	20	AT3G47060	3	1,9948	0,1815	0,091	15,34461538
CpHsp100-146	Scaffold	AT3G16290	3	2,9964	0,1775	0,0592	23,04923077
CpHsp100-147	Scaffold	AT3G16290	3	2,9964	0,1775	0,0592	23,04923077
CpHsp100-148	Scaffold	AT5G47040	5	1,7036	0,1062	0,0623	13,10461538
CpHsp100-151	Scaffold	AT5G40010	5	45,5961	0,2813	0,0062	350,7392308
ORTALAMA				**4,3648**	**0,3757**	**0,5972899**	**33,5756864**

EK 29 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kormozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp100-03	1	Glyma.08G019400.2	8	1,5414	0,1504	0,097573634	11,85692308
		Glyma.01G223100.1	1	1,6534	0,1553	0,093927664	12,71846154
		Glyma.05G212900.1	5	1,5836	0,1501	0,094784036	12,18153846
		Glyma.11G020300.1	11	1,6436	0,1477	0,089863714	12,64307692
CpHsp100-05	1	Glyma.18G036400.1	18	1,4808	0,1061	0,071650459	11,39076923
		Glyma.14G067000.1	14	1,4855	0,1116	0,07512622	11,42692308
CpHsp100-08	1	Glyma.09G155200.1	9	2,129	0,3202	0,150399248	16,37692308
		Glyma.16G205700.1	16	2,0805	0,3377	0,162316751	16,00384615
		Glyma.06G129100.1	6	4,3887	0,3131	0,071342311	33,75923077
CpHsp100-09	1	Glyma.04G248900.1	4	1,5336	0,1354	0,088288993	11,79692308
		Glyma.06G114100.1	6	1,4772	0,1212	0,082047116	11,36307692
CpHsp100-10	1	Glyma.20G193900.1	20	4,1411	0,3904	0,094274468	31,85461538
		Glyma.10G196300.1	10	3,5615	0,3953	0,110992559	27,39615385
CpHsp100-12	1	Glyma.02G249600.1	2	1,2118	0,0862	0,07113385	9,321538462
		Glyma.14G067000.1	14	1,4268	0,0958	0,067143258	10,97538462
CpHsp100-13	1	Glyma.19G071600.1	19	1,6746	0,215	0,128388869	12,88153846
CpHsp100-14	2	Glyma.04G019100.1	4	2,2129	0,06	0,027113742	17,02230769
		Glyma.06G019400.1	6	2,2511	0,0644	0,028608236	17,31615385
CpHsp100-15	2	Glyma.17G228100.1	17	1,5512	0,1346	0,086771532	11,93230769
		Glyma.14G096100.1	14	1,6278	0,1379	0,084715567	12,52153846
		Glyma.14G096000.1	14	1,6593	0,1305	0,078647622	12,76384615
CpHsp100-16	2	Glyma.06G116000.1	6	1,8229	0,1096	0,060123978	14,02230769
CpHsp100-18	2	Glyma.20G213400.1	20	1,6447	0,1953	0,11874506	12,65153846
		Glyma.06G129100.1	6	51,808	0,2721	0,005252085	398,5230769
		Glyma.04G235600.1	4	9,1971	0,2655	0,028867795	70,74692308
CpHsp100-19	2	Glyma.05G022200.1	5	2,6239	0,0647	0,024657952	20,18384615
		Glyma.04G163200.1	4	1,3809	0,1323	0,095807082	10,62230769
		Glyma.06G202200.1	6	2,0463	0,0736	0,035967356	15,74076923
		Glyma.17G077500.1	17	4,1449	0,0707	0,017057106	31,88384615
CpHsp100-20	2	Glyma.14G192100.1	14	1,7285	0,1377	0,079664449	13,29615385
		Glyma.18G065600.1	18	1,6311	0,1545	0,094721354	12,54692308
CpHsp100-22	2	Glyma.06G165200.1	6	1,4116	0,0522	0,036979314	10,85846154
		Glyma.05G201100.1	5	1,5494	0,0591	0,038143798	11,91846154
		Glyma.08G008400.1	8	1,4768	0,0628	0,042524377	11,36
CpHsp100-23	2	Glyma.19G027900.1	19	1,8315	0,0805	0,043953044	14,08846154
		Glyma.18G264400.1	18	1,9958	0,0798	0,039983966	15,35230769
CpHsp100-25	3	Glyma.03G182800.1	3	1,597	0,0258	0,016155291	12,28461538
		Glyma.19G183400.1	19	1,4089	0,0257	0,018241181	10,83769231
CpHsp100-29	3	Glyma.07G085800.1	7	1,5383	0,1051	0,068322174	11,83307692
		Glyma.09G191100.1	9	1,5118	0,1118	0,073951581	11,62923077
CpHsp100-32	4	Glyma.05G132000.1	5	1,8298	0,0911	0,049786862	14,07538462
CpHsp100-33	4	Glyma.08G224500.1	8	1,8706	0,046	0,02459104	14,38923077
		Glyma.07G002200.1	7	2,037	0,0536	0,026313206	15,66923077
CpHsp100-35	4	Glyma.13G096200.1	13	2,86	0,1429	0,049965035	22
		Glyma.17G063900.1	17	4,3225	0,1520	0,035164835	33,25
CpHsp100-37	4	Glyma.04G186000.1	4	2,0613	0,055	0,026682191	15,85615385
		Glyma.06G180000.1	6	1,9571	0,0521	0,026621021	15,05461538
CpHsp100-38	4	Glyma.06G165200.1	6	1,8728	0,0901	0,048109782	14,40615385
		Glyma.05G201100.1	5	1,8601	0,0986	0,053007903	14,30846154
CpHsp100-39	5	Glyma.03G170600.1	3	1,8755	0,0182	0,009704079	14,42692308
		Glyma.19G171700.1	19	2,2348	0,0194	0,008680866	17,19076923
		Glyma.10G043000.1	10	1,7847	0,0172	0,009637474	13,72846154
		Glyma.13G130400.1	13	1,7367	0,0183	0,010537226	13,35923077
CpHsp100-40	5	Glyma.12G183700.1	12	1,6511	0,0322	0,01950215	12,70076923
CpHsp100-42	5	Glyma.04G232100.1	4	1,6833	0,0852	0,050614864	12,94846154
		Glyma.06G132800.1	6	1,7017	0,0844	0,049597461	13,09
CpHsp100-43	5	Glyma.13G041700.1	13	1,5154	0,1828	0,120628217	11,65692308
CpHsp100-44	5	Glyma.16G173700.1	16	1,5707	0,1385	0,088177246	12,08230769
		Glyma.09G127000.1	9	1,5452	0,1431	0,092609371	11,88615385
CpHsp100-46	5	Glyma.12G061200.1	12	1,8691	0,1127	0,060296399	14,37769231
		Glyma.11G137700.1	11	1,8973	0,1441	0,075950034	14,59461538
CpHsp100-47	5	Glyma.14G067000.1	14	2,4559	0,1242	0,050572092	18,89153846
		Glyma.02G249600.1	2	2,0965	0,1248	0,059527784	16,12692308
		Glyma.18G036400.1	18	1,633	0,1298	0,079485609	12,56153846
CpHsp100-48	5	Glyma.18G050900.1	18	1,9193	0,0226	0,011775126	14,76384615
		Glyma.11G199900.1	11	2,3743	0,0262	0,011034831	18,26384615
		Glyma.11G200000.1	11	2,3232	0,0352	0,015151515	17,87076923
		Glyma.08G237500.1	8	1,4741	0,1612	0,109354861	11,33923077
		Glyma.12G017700.1	12	2,3623	0,1008	0,042670279	18,17153846
		Glyma.11G091700.1	11	2,4857	0,1163	0,046787625	19,12076923
		Glyma.04G019100.1	4	2,636	0,0626	0,023748103	20,27692308

EK 29'un devamı

CpHsp100-49	5	Glyma.08G237500.1	8	1,4741	0,1612	0,109354861	11,33923077
CpHsp100-50	5	Glyma.12G017700.1	12	2,3623	0,1008	0,042670279	18,17153846
		Glyma.11G091700.1	11	2,4857	0,1163	0,046787625	19,12076923
CpHsp100-51	6	Glyma.04G019100.1	4	2,636	0,0626	0,023748103	20,27692308
CpHsp100-53	6	Glyma.04G062200.1	4	1,8338	0,0997	0,054367979	14,10615385
CpHsp100-54	6	Glyma.06G232100.1	6	1,9179	0,2673	0,139371187	14,75307692
CpHsp100-57	6	Glyma.13G340100.1	13	2,0301	0,2098	0,103344663	15,61615385
CpHsp100-60	7	Glyma.20G097700.1	20	2,1509	0,1109	0,051559812	16,54538462
CpHsp100-61	7	Glyma.20G236500	20	1,5327	0,0142	0,0093	11,79
CpHsp100-61	7	Glyma.10G151900	10	1,4974	0,0156	0,0104	11,51846154
CpHsp100-61	7	Glyma.03G235250	3	1,5014	0,0411	0,0274	11,54923077
CpHsp100-62	7	Glyma.04G029400	4	1,3955	0,0222	0,0159	10,73461538
CpHsp100-62	7	Glyma.06G029400	6	1,3872	0,0223	0,016	10,67076923
CpHsp100-62	7	Glyma.17G253600	17	1,3928	0,0276	0,0198	10,71384615
CpHsp100-62	7	Glyma.14G071000	14	1,6191	0,0289	0,0178	12,45461538
CpHsp100-63	7	Glyma.04G029400	4	1,5751	0,0381	0,0242	12,11615385
CpHsp100-63	7	Glyma.06G029400	6	1,6636	0,0382	0,0229	12,79692308
CpHsp100-63	7	Glyma.17G253600	17	1,5983	0,0416	0,026	12,29461538
CpHsp100-63	7	Glyma.14G071000	14	1,9425	0,0426	0,0219	14,94230769
CpHsp100-64	8	Glyma.07G085800	7	1,6644	0,1206	0,0725	12,80307692
CpHsp100-64	8	Glyma.09G191100	9	1,5537	0,1247	0,0803	11,95153846
CpHsp100-68	8	Glyma.03G182800	3	1,8582	0,0302	0,0163	14,29384615
CpHsp100-68	8	Glyma.19G183400	19	1,6378	0,0308	0,0188	12,59846154
CpHsp100-68	8	Glyma.10G057100	10	2,1462	0,0349	0,0163	16,50923077
CpHsp100-68	8	Glyma.13G143600	13	2,2525	0,0325	0,0144	17,32692308
CpHsp100-68	8	Glyma.13G323600	13	3,3359	0,043	0,0129	25,66076923
CpHsp100-68	8	Glyma.12G177100	12	3,2548	0,0441	0,0135	25,03692308
CpHsp100-68	8	Glyma.11G194900	11	3,6564	0,058	0,0159	28,12615385
CpHsp100-68	8	Glyma.04G186000	4	9,1013	0,0711	0,0078	70,01
CpHsp100-68	8	Glyma.06G180000	6	7,7542	0,0732	0,0094	59,64769231
CpHsp100-69	9	Glyma.14G117800	14	1,9460	0,1397	0,0718	14,96923077
CpHsp100-70	9	Glyma.04G235700	4	1,5762	0,0649	0,0412	12,12461538
CpHsp100-70	9	Glyma.06G129000	6	1,6544	0,0613	0,0371	12,72615385
CpHsp100-70	9	Glyma.09G155200	9	54,4839	0,4133	0,0076	419,1069231
CpHsp100-70	9	Glyma.04G235600	4	2,0536	0,1966	0,0957	15,79692308
CpHsp100-70	9	Glyma.06G129100	6	1,9362	0,1925	0,0994	14,89384615
CpHsp100-70	9	Glyma.16G205700	16	5,8852	0,3947	0,0671	45,27076923
CpHsp100-70	9	Glyma.20G213400	20	3,1365	0,2687	0,0857	24,12692308
CpHsp100-72	9	Glyma.07G195900	7	1,2405	0,1044	0,0842	9,542307692
CpHsp100-72	9	Glyma.13G180100	13	1,4206	0,108	0,076	10,92769231
CpHsp100-74	9	Glyma.04G194900	4	1,4885	0,1592	0,107	11,45
CpHsp100-74	9	Glyma.06G171000	6	1,5775	0,1671	0,106	12,13461538
CpHsp100-74	9	Glyma.17G129200	17	1,3609	0,1491	0,1096	10,46846154
CpHsp100-74	9	Glyma.05G047400	5	1,4129	0,1513	0,1071	10,86846154
CpHsp100-77	10	Glyma.19G183400	19	1,6458	0,022	0,0134	12,66
CpHsp100-77	10	Glyma.03G182800	3	1,9330	0,0234	0,0121	14,86923077
CpHsp100-77	10	Glyma.19G072702	19	6,8407	0,3081	0,045	52,62076923
CpHsp100-77	10	Glyma.10G057100	10	2,2179	0,0239	0,0108	17,06076923
CpHsp100-77	10	Glyma.13G143600	13	2,2547	0,023	0,0102	17,34384615
CpHsp100-77	10	Glyma.12G177100	12	2,3732	0,0362	0,0153	18,25538462
CpHsp100-77	10	Glyma.13G323600	13	2,6764	0,035	0,0131	20,58769231
CpHsp100-77	10	Glyma.11G194900	11	2,8679	0,0467	0,0163	22,06076923
CpHsp100-77	10	Glyma.18G117900	18	3,5356	0,0488	0,0138	27,19692308
CpHsp100-77	10	Glyma.06G180000	6	4,8087	0,0638	0,0133	36,99
CpHsp100-77	10	Glyma.04G186000	4	5,1339	0,0637	0,0124	39,49153846
CpHsp100-77	10	Glyma.05G091650	5	3,9120	0,0805	0,0206	30,09230769
CpHsp100-78	10	Glyma.06G152500	6	1,3827	0,1456	0,1053	10,63615385
CpHsp100-78	10	Glyma.04G213800	4	1,3454	0,1489	0,1107	10,34923077
CpHsp100-79	10	Glyma.11G069000	11	1,8548	0,1468	0,0792	14,26769231
CpHsp100-79	10	Glyma.01G174000	1	1,8244	0,1547	0,0848	14,03384615
CpHsp100-82	10	Glyma.15G046201	15	2,2297	0,3364	0,1509	17,15153846
CpHsp100-83	11	Glyma.04G029400	4	1,3602	0,0231	0,017	10,46307692
CpHsp100-83	11	Glyma.17G253600	17	1,5408	0,0287	0,0186	11,85230769
CpHsp100-83	11	Glyma.14G071000	14	1,7738	0,0298	0,0168	13,64461538
CpHsp100-84	11	Glyma.04G029400	4	1,4989	0,02	0,0133	11,53
CpHsp100-84	11	Glyma.06G029400	6	1,5253	0,02	0,0131	11,73307692
CpHsp100-84	11	Glyma.17G253600	17	1,6535	0,0257	0,0155	12,71923077
CpHsp100-84	11	Glyma.14G071000	14	1,7628	0,0267	0,0152	13,56
CpHsp100-85	11	Glyma.10G043000	10	2,4788	0,0213	0,0086	19,06769231
CpHsp100-85	11	Glyma.13G130400	13	2,2300	0,0224	0,01	17,15384615
CpHsp100-85	11	Glyma.03G170600	3	2,0389	0,0197	0,0097	15,68384615
CpHsp100-85	11	Glyma.19G171700	19	2,1495	0,0208	0,0097	16,53461538

EK 29'un devamı

CpHsp100-88	11	Glyma.20G236500	20	1,4717	0,014	0,0095	11,32076923
CpHsp100-88	11	Glyma.10G151900	10	1,6609	0,0154	0,0093	12,77615385
CpHsp100-88	11	Glyma.03G235250	3	1,6362	0,0414	0,0253	12,58615385
CpHsp100-89	11	Glyma.08G224500	8	1,7590	0,0356	0,0202	13,53076923
CpHsp100-89	11	Glyma.07G002200	7	1,9045	0,0428	0,0225	14,65
CpHsp100-90	12	Glyma.15G018800	15	2,3212	0,18870	0,0813	17,85538462
CpHsp100-90	12	Glyma.13G355400	13	2,0680	0,1961	0,0948	15,90769231
CpHsp100-91	12	Glyma.08G208100	8	2,5747	0,0825	0,0321	19,80538462
CpHsp100-91	12	Glyma.07G034000	7	2,2699	0,0826	0,0364	17,46076923
CpHsp100-91	12	Glyma.15G012200	15	3,6488	0,1279	0,035	28,06769231
CpHsp100-92	12	Glyma.19G261800	19	1,7958	0,0071	0,0039	13,81384615
CpHsp100-92	12	Glyma.07G046700	7	1,7466	0,0093	0,0053	13,43538462
CpHsp100-92	12	Glyma.16G015500	16	1,7737	0,0092	0,0052	13,64384615
CpHsp100-92	12	Glyma.03G262800	3	0,7026	0,0093	0,0055	5,404615385
CpHsp100-94	13	Glyma.16G173700	16	1,6310	0,1575	0,0966	12,54615385
CpHsp100-94	13	Glyma.09G127000	9	1,5561	0,1595	0,1025	11,97
CpHsp100-95	13	Glyma.13G041700	13	1,4453	0,1445	0,1	11,11769231
CpHsp100-95	13	Glyma.14G124900	14	1,8272	0,1542	0,0844	14,05538462
CpHsp100-97	13	Glyma.14G117800	14	1,6788	0,1146	0,0683	12,91384615
CpHsp100-97	13	Glyma.06G132800	6	1,5761	0,1061	0,0673	12,12384615
CpHsp100-98	13	Glyma.04G248900	4	1,6602	0,1113	0,067	12,77076923
CpHsp100-98	13	Glyma.04G248900	4	1,6602	0,1113	0,067	12,77076923
CpHsp100-98	13	Glyma.06G114100	6	1,5503	0,0994	0,0641	11,92538462
CpHsp100-101	13	Glyma.18G259700	18	2,3748	0,1572	0,0662	18,26769231
CpHsp100-101	13	Glyma.15G158900	15	20,6795	0,2861	0,0138	159,0730769
CpHsp100-101	13	Glyma.09G052600	9	22,6009	0,2856	0,0126	173,8530769
CpHsp100-105	14	Glyma.06G132800	6	29,5555	6,1206	0,2071	227,35
CpHsp100-105	14	Glyma.04G232100	4	31,8546	5,5243	0,1734	245,0353846
CpHsp100-105	14	Glyma.14G117800	14	14,2177	12,6316	0,8884	109,3669231
CpHsp100-111	14	Glyma.05G048900	5	1,6949	0,0508	0,03	13,03769231
CpHsp100-111	14	Glyma.17G130800	17	1,4322	0,0538	0,0376	11,01692308
CpHsp100-112	14	Glyma.17G151100	17	1,4033	0,0867	0,0618	10,79461538
CpHsp100-112	14	Glyma.05G068600	5	1,4910	0,0868	0,0582	11,46923077
CpHsp100-112	14	Glyma.01G203100	1	1,5632	0,0807	0,0516	12,02461538
CpHsp100-113	15	Glyma.03G170600	3	1,9542	0,0182	0,0093	15,03230769
CpHsp100-113	15	Glyma.10G043000	10	1,9075	0,0181	0,0095	14,67307692
CpHsp100-113	15	Glyma.19G171700	19	2,2522	0,0193	0,0086	17,32461538
CpHsp100-113	15	Glyma.13G130400	13	1,9253	0,0191	0,0099	14,81
CpHsp100-115	15	Glyma.05G132000	5	1,8581	0,0934	0,0502	14,29307692
CpHsp100-115	15	Glyma.15G158900	15	1,8785	0,0856	0,0456	14,45
CpHsp100-115	15	Glyma.09G052600	9	1,9476	0,0912	0,0468	14,98153846
CpHsp100-115	15	Glyma.08G086600	8	2,2097	0,0917	0,0415	16,99769231
CpHsp100-115	15	Glyma.18G259700	18	48,8461	0,2456	0,005	375,7392308
CpHsp100-116	16	Glyma.12G017700	12	2,0364	0,0978	0,048	15,66461538
CpHsp100-116	16	Glyma.11G091700	11	2,3867	0,1042	0,0436	18,35923077
CpHsp100-117	16	Glyma.12G061200	12	1,5149	0,1112	0,0734	11,65307692
CpHsp100-117	16	Glyma.11G137700	11	1,5424	0,1452	0,0941	11,86461538
CpHsp100-117	16	Glyma.12G061400	12	1,4629	0,1388	0,0949	11,25307692
CpHsp100-119	16	Glyma.18G050900	18	1,5572	0,0183	0,0118	11,97846154
CpHsp100-119	16	Glyma.11G199900	11	1,6394	0,0217	0,0132	12,61076923
CpHsp100-119	16	Glyma.11G200000	11	1,8267	0,0312	0,0171	14,05153846
CpHsp100-120	16	Glyma.12G183700	12	1,7573	0,0305	0,0173	13,51769231
CpHsp100-120	16	Glyma.11G184700	11	2,2449	0,0466	0,0207	17,26846154
CpHsp100-120	16	Glyma.12G087700	12	2,6467	0,0469	0,0177	20,35923077
CpHsp100-121	17	Glyma.07G034000	7	2,0647	0,0868	0,0421	15,88230769
CpHsp100-121	17	Glyma.08G208100	8	2,1212	0,0878	0,0414	16,31692308
CpHsp100-121	17	Glyma.15G012200	15	2,8789	0,1297	0,045	22,14538462
CpHsp100-122	17	Glyma.19G261800	19	1,8026	0,0071	0,0039	13,86615385
CpHsp100-122	17	Glyma.07G046700	7	1,6357	0,0093	0,0057	12,58230769
CpHsp100-122	17	Glyma.16G015500	16	1,7086	0,0093	0,0054	13,14307692
CpHsp100-122	17	Glyma.03G262800	3	1,6778	0,0093	0,0055	12,90615385
CpHsp100-126	17	Glyma.12G052800	12	1,9628	0,1788	0,0911	15,09846154
CpHsp100-126	17	Glyma.11G128300	11	1,9994	0,1855	0,0928	15,38
CpHsp100-128	18	Glyma.08G224500	8	2,1558	0,1047	0,0486	16,58307692
CpHsp100-128	18	Glyma.07G002200	7	2,2057	0,1072	0,0486	16,96692308
CpHsp100-130	18	Glyma.13G096200	13	2,2068	0,157	0,0711	16,97538462
CpHsp100-130	18	Glyma.17G063900	17	2,6824	0,1785	0,0666	20,63384615
CpHsp100-132	18	Glyma.06G165200	6	1,4812	0,0482	0,0326	11,39384615
CpHsp100-132	18	Glyma.05G201100	5	1,5023	0,0539	0,0359	11,55615385
CpHsp100-132	18	Glyma.08G008400	8	1,4572	0,0581	0,0398	11,20923077
CpHsp100-133	19	Glyma.12G061200	12	2,1886	0,1656	0,0757	16,83538462
CpHsp100-133	19	Glyma.11G137700	11	2,2545	0,1921	0,0852	17,34230769
CpHsp100-133	19	Glyma.12G061400	12	2,2626	0,01974	0,0873	17,40461538
CpHsp100-134	19	Glyma.19G183400	19	1,4835	0,021	0,0141	11,41153846
CpHsp100-134	19	Glyma.03G182800	3	1,7646	0,023	0,013	13,57384615

EK 29'un devamı

CpHsp100-134	19	Glyma.03G182800	3	1,7646	0,023	0,013	13,57384615
CpHsp100-134	19	Glyma.10G057100	10	1,8074	0,0236	0,013	13,90307692
CpHsp100-134	19	Glyma.13G323600	13	2,7130	0,0347	0,0128	20,86923077
CpHsp100-134	19	Glyma.11G194900	11	2,7340	0,0476	0,0173	21,03076923
CpHsp100-135	19	Glyma.11G069000	11	1,9467	0,1538	0,079	14,97461538
CpHsp100-135	19	Glyma.01G174000	1	1,9820	0,1641	0,0828	15,24615385
CpHsp100-137	20	Glyma.17G077500	17	3,9188	0,0717	0,0183	30,14461538
CpHsp100-137	20	Glyma.04G163200	4	1,5271	0,1419	0,0929	11,74692308
CpHsp100-137	20	Glyma.05G022200	5	2,6069	0,069	0,0265	20,05307692
CpHsp100-137	20	Glyma.06G202200	6	2,2079	0,0766	0,0347	16,98384615
CpHsp100-140	20	Glyma.04G194900	4	1,4956	0,1523	0,1018	11,50461538
CpHsp100-140	20	Glyma.06G171000	6	1,5687	0,1577	0,1005	12,06692308
CpHsp100-140	20	Glyma.17G129200	17	1,4820	0,1423	0,096	11,4
CpHsp100-140	20	Glyma.05G047400	5	1,5446	0,1446	0,0936	11,88153846
CpHsp100-141	20	Glyma.07G195900	7	1,3017	0,102	0,0784	10,01307692
CpHsp100-141	20	Glyma.13G180100	13	1,3008	0,1063	0,0817	10,00615385
CpHsp100-142	20	Glyma.08G008400	8	1,7203	0,061	0,0355	13,23307692
CpHsp100-142	20	Glyma.05G201100	5	1,7779	0,0617	0,0347	13,67615385
CpHsp100-143	20	Glyma.14G192100	14	1,6195	0,1529	0,0944	12,45769231
CpHsp100-143	20	Glyma.18G065600	18	1,6636	0,1688	0,1015	12,79692308
CpHsp100-146	Scaffold	Glyma.15G018800	15	2,3261	0,1874	0,0806	17,89307692
CpHsp100-146	Scaffold	Glyma.13G355400	13	2,0721	0,1948	0,094	15,93923077
CpHsp100-147	Scaffold	Glyma.15G018800	15	2,3261	0,1874	0,0806	17,89307692
CpHsp100-147	Scaffold	Glyma.13G355400	13	2,0721	0,1948	0,094	15,93923077
CpHsp100-148	Scaffold	Glyma.17G151100	17	1,4059	0,1108	0,0788	10,81461538
CpHsp100-148	Scaffold	Glyma.05G068600	5	1,4625	0,1102	0,0753	11,25
CpHsp100-148	Scaffold	Glyma.01G203100	1	1,3600	0,1012	0,0744	10,46153846
CpHsp100-151	Scaffold	Glyma.18G254200	18	8,8667	0,2178	0,0254	68,20538462
CpHsp100-151	Scaffold	Glyma.09G241600	9	8,9504	0,2216	0,0248	68,84923077
ORTALAMA				**3,2102**	**0,202433636**	**0,054322965**	**24,69409091**

EK 30 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kormozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp100-05	1	LOC_Os11g47970.1	11	20,3213	0,1573	0,007740647	156,3176923
CpHsp100-07	1	LOC_Os05g31220.1	5	5,0514	0,2476	0,049016114	38,85692308
CpHsp100-08	1	LOC_Os02g35630.1	2	12,0316	0,3239	0,026920775	92,55076923
		LOC_Os02g19150.1	2	46,0335	0,3843	0,008348268	354,1038462
CpHsp100-09	1	LOC_Os02g53500.1	2	4,2838	0,1668	0,038937392	32,95230769
CpHsp100-12	1	LOC_Os11g47970.1	11	11,6941	0,1437	0,012288248	89,95461538
CpHsp100-14	2	LOC_Os06g51029.1	6	4,5859	0,093	0,020279553	35,27615385
CpHsp100-15	2	LOC_Os01g39250.1	1	2,5166	0,1624	0,064531511	19,35846154
		LOC_Os01g39260.1	1	2,9625	0,1365	0,046075949	22,78846154
CpHsp100-16	2	LOC_Os12g07720.1	12	2,0178	0,1246	0,061750421	15,52153846
CpHsp100-18	2	LOC_Os02g19150.1	2	49,0487	0,2952	0,006018508	377,2976923
		LOC_Os01g66330.1	1	2,818	0,3545	0,125798439	21,67692308
CpHsp100-19	2	LOC_Os05g44340.1	5	13,1762	0,0946	0,007179612	101,3553846
CpHsp100-20	2	LOC_Os02g43350.1	2	4,6139	0,2052	0,044474306	35,49153846
CpHsp100-22	2	LOC_Os04g32560.1	4	3,1437	0,0727	0,023125616	24,18230769
		LOC_Os12g12850.1	12	4,5753	0,0929	0,020304679	35,19461538
		LOC_Os11g16590.1	11	5,8766	0,1933	0,03289317	45,20461538
CpHsp100-23	2	LOC_Os03g31300.1	3	4,4032	0,1108	0,025163517	33,87076923
CpHsp100-25	3	LOC_Os10g30580.1	10	3,3276	0,0512	0,015386465	25,59692308
		LOC_Os03g05730.1	3	8,8664	0,053	0,005977623	68,20307692
CpHsp100-32	4	LOC_Os06g45820.1	6	5,4937	0,0883	0,016072956	42,25923077
CpHsp100-33	4	LOC_Os02g11050.1	2	2,6732	0,0487	0,018217866	20,56307692
		LOC_Os06g39870.1	6	2,1743	0,077	0,035413696	16,72538462
CpHsp100-37	4	LOC_Os03g05730.1	3	10,7976	0,0732	0,006779284	83,05846154
		LOC_Os10g30580.1	10	11,09	0,0732	0,006600541	85,30769231
CpHsp100-38	4	LOC_Os04g32560.1	4	3,9556	0,109	0,02755587	30,42769231
		LOC_Os12g12850.1	12	12,2571	0,1130	0,009219146	94,28538462
CpHsp100-39	5	LOC_Os03g18690.1	3	6,5757	0,0389	0,00591572	50,58230769
		LOC_Os07g49150.1	7	6,9172	0,0373	0,005392355	53,20923077
CpHsp100-40	5	LOC_Os01g04814.1	1	2,746	0,0644	0,023452294	21,12307692
CpHsp100-43	5	LOC_Os01g43150.1	1	2,8939	0,2331	0,08054874	22,26076923
CpHsp100-46	5	LOC_Os05g38400.1	5	3,1446	0,1706	0,054251733	24,18923077
CpHsp100-47	5	LOC_Os11g47970.1	11	22,8268	0,1824	0,007990608	175,5907692
CpHsp100-48	5	LOC_Os02g21970.1	2	3,5379	0,0586	0,016563498	27,21461538
CpHsp100-51	6	LOC_Os06g51029.1	6	4,5053	0,1017	0,022573414	34,65615385
CpHsp100-53	6	LOC_Os02g08490.1	2	5,6272	0,1526	0,027118283	43,28615385
CpHsp100-60	7	LOC_Os07g48960.1	7	4,5188	0,1467	0,032464371	34,76
CpHsp100-61	7	LOC_Os06g07630	6	3,6206	0,0309	0,0085	27,85076923
CpHsp100-62	7	LOC_Os06g40560	6	4,667	0,0517	0,0111	35,9
CpHsp100-62	7	LOC_Os02g10640	2	4,5011	0,0363	0,0081	34,62384615
CpHsp100-63	7	LOC_Os06g40560	6	4,9721	0,0436	0,0088	38,24692308
CpHsp100-68	8	LOC_Os10g30580	10	5,1157	0,0554	0,0108	39,35153846
CpHsp100-68	8	LOC_Os03g05730	3	10,1546	0,0532	0,0052	78,11230769
CpHsp100-69	9	LOC_Os06g50050	6	6,5376	0,1846	0,0282	50,28923077
CpHsp100-70	9	LOC_Os02g19140	2	4,008	0,127	0,0317	30,83076923
CpHsp100-70	9	LOC_Os02g35630	2	6,2496	0,3484	0,0558	48,07384615
CpHsp100-76	9	LOC_Os01g55260	1	9,9308	0,1873	0,0189	76,39076923
CpHsp100-77	10	LOC_Os10g30580	10	5,1096	0,0451	0,0088	39,30461538
CpHsp100-77	10	LOC_Os03g05730	3	6,4544	0,0455	0,0071	49,64923077
CpHsp100-83	11	LOC_Os02g10640	2	5,405	0,0414	0,0077	41,57692308
CpHsp100-83	11	LOC_Os06g40560	6	5,6467	0,0574	0,0102	43,43615385
CpHsp100-84	11	LOC_Os02g10640	2	4,4045	0,0374	0,0085	33,88076923
CpHsp100-84	11	LOC_Os06g40560	6	6,0682	0,0529	0,0087	46,67846154
CpHsp100-85	11	LOC_Os03g18690	3	3,1441	0,0426	0,0136	24,18538462
CpHsp100-85	11	LOC_Os07g49150	7	7,7084	0,0459	0,0060	59,29538462
CpHsp100-88	11	LOC_Os06g07630	6	3,5393	0,0305	0,0086	27,22538462
CpHsp100-88	11	LOC_Os02g56000	2	3,4694	0,0377	0,0109	26,68769231
CpHsp100-89	11	LOC_Os02g11050	2	1,8697	0,0454	0,0243	14,38230769
CpHsp100-89	11	LOC_Os06g39870	6	2,7557	0,0808	0,0293	21,19769231
CpHsp100-91	12	LOC_Os01g49000	1	5,316	0,13	0,0245	40,89230769
CpHsp100-92	12	LOC_Os06g09290	6	5,7507	0,0131	0,0023	44,23615385
CpHsp100-95	13	LOC_Os01g43150	1	2,2976	0,1965	0,0855	17,67384615
CpHsp100-98	13	LOC_Os02g53500	2	2,2751	0,1548	0,0680	17,50076923
CpHsp100-101	13	LOC_Os06g45820	6	47,2277	0,2871	0,0061	363,29
CpHsp100-101	13	LOC_Os06g12370	6	20,5415	0,2407	0,0117	158,0115385
CpHsp100-105	14	LOC_Os06g50050	6	11,6473	5,2919	0,4544	89,59461538
CpHsp100-111	14	LOC_Os04g48060	4	52,0191	0,0874	0,0017	400,1469231
CpHsp100-112	14	LOC_Os09g36300	9	2,5186	0,1194	0,0474	19,37384615
CpHsp100-113	15	LOC_Os03g18690	3	8,4862	0,0387	0,0046	65,27846154
CpHsp100-113	15	LOC_Os07g49150	7	5,8509	0,0411	0,0070	45,00692308
CpHsp100-115	15	LOC_Os06g45820	6	3,703	0,0769	0,0208	28,48461538
CpHsp100-116	16	LOC_Os02g46990	2	7,9523	0,2135	0,0268	61,17153846
CpHsp100-117	16	LOC_Os05g38400	5	2,8456	0,1779	0,0625	21,88923077

EK 30'un devamı

CpHsp100-117	16	LOC_Os01g62500	1	2,8455	0,1779	0,0625	21,88846154
CpHsp100-119	16	LOC_Os02g21970	2	4,0866	0,0571	0,0140	31,43538462
CpHsp100-120	16	LOC_Os01g04814	1	2,7792	0,0611	0,0220	21,37846154
CpHsp100-120	16	LOC_Os02g06490	2	6,3749	0,1699	0,0266	49,03769231
CpHsp100-120	16	LOC_Os01g04840	1	4,0883	0,1702	0,0416	31,44846154
CpHsp100-121	17	LOC_Os01g49000	1	3,8134	0,1311	0,0344	29,33384615
CpHsp100-122	17	LOC_Os02g54340	2	9,1428	0,0133	0,0015	70,32923077
CpHsp100-122	17	LOC_Os06g09290	6	6,9249	0,0134	0,0019	53,26846154
CpHsp100-128	18	LOC_Os02g11050	2	4,5999	0,1183	0,0257	35,38384615
CpHsp100-128	18	LOC_Os06g39870	6	2,5141	0,1453	0,0571	19,33923077
CpHsp100-132	18	LOC_Os04g32560	4	2,6054	0,0755	0,0290	20,04153846
CpHsp100-132	18	LOC_Os12g12850	12	5,3045	0,0868	0,0164	40,80384615
CpHsp100-132	18	LOC_Os11g16590	11	11,1857	0,2166	0,0194	86,04384615
CpHsp100-134	19	LOC_Os03g05730	3	7,9036	0,0497	0,0063	60,79692308
CpHsp100-134	19	LOC_Os10g30580	10	4,755	0,049	0,0103	36,57692308
CpHsp100-137	20	LOC_Os05g44340	5	14,9155	0,0924	0,0062	114,7346154
CpHsp100-141	20	LOC_Os05g44310	5	2,8643	0,1703	0,0595	22,03307692
CpHsp100-142	20	LOC_Os04g32560	4	2,6827	0,0794	0,0296	20,63615385
CpHsp100-142	20	LOC_Os12g12850	12	3,5353	0,1024	0,0290	27,19461538
CpHsp100-142	20	LOC_Os11g16590	11	7,9089	0,2071	0,0262	60,83769231
CpHsp100-143	20	LOC_Os02g43350	2	4,4923	0,2329	0,0519	34,55615385
CpHsp100-148	Scaffold	LOC_Os09g36300	9	3,0815	0,1244	0,0404	23,70384615
ORTALAMA				**7,7395**	**0,17396**	**0,02951517**	**59,53449393**

EK 31 Kabak *Hsp100* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kormozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsp100-03	1	Potri.001G097600.2	1	1,6215	0,1519	0,093678693	12,47307692
		Potri.003G133700.3	3	1,5187	0,1583	0,104233884	11,68230769
CpHsp100-05	1	Potri.008G058500.1	8	1,3786	0,1184	0,08588423	10,60461538
		Potri.010G200500.1	10	1,393	0,1281	0,091959799	10,71538462
CpHsp100-08	1	Potri.015G012900.1	15	4,3479	0,3516	0,080866625	33,44538462
CpHsp100-09	1	Potri.002G081200.3	2	1,8514	0,1235	0,066706276	14,24153846
CpHsp100-10	1	Potri.010G241600.1	10	2,3786	0,3728	0,15673085	18,29692308
CpHsp100-12	1	Potri.010G200500.1	10	1,3077	0,0905	0,069205475	10,05923077
		Potri.008G058500.1	8	1,2149	0,0945	0,07778418	9,345384615
CpHsp100-13	1	Potri.001G331200.1	1	1,193	0,1692	0,141827326	9,176923077
CpHsp100-14	2	Potri.002G012000.1	2	2,5291	0,0516	0,020402515	19,45461538
		Potri.005G249200.1	5	2,3279	0,0686	0,02946862	17,90692308
CpHsp100-15	2	Potri.006G227700.3	6	1,3463	0,0754	0,056005348	10,35615385
CpHsp100-16	2	Potri.005G181300.1	5	1,1856	0,0947	0,079875169	9,12
		Potri.002G080100.2	2	1,083	0,1383	0,127700831	8,330769231
CpHsp100-18	2	Potri.015G012900.1	15	6,4142	0,275	0,042873624	49,34
CpHsp100-19	2	Potri.015G057000.1	15	2,2016	0,069	0,031340843	16,93538462
CpHsp100-20	2	Potri.001G249100.1	1	1,3495	0,1315	0,097443498	10,38076923
CpHsp100-22	2	Potri.012G105900.1	12	1,4955	0,0701	0,046873955	11,50384615
CpHsp100-23	2	Potri.004G124800.1	4	1,7274	0,0877	0,050769943	13,28769231
CpHsp100-25	3	Potri.016G091600.1	16	1,3935	0,0259	0,018586294	10,71923077
		Potri.006G125500.1	6	1,3896	0,0304	0,021876799	10,68923077
CpHsp100-29	3	Potri.018G081000.1	18	1,41	0,1283	0,090992908	10,84615385
		Potri.006G158600.1	6	1,4095	0,1391	0,098687478	10,84230769
CpHsp100-32	4	Potri.002G220366.1	2	1,3958	0,0598	0,042842814	10,73692308
		Potri.014G139500.1	14	1,782	0,0888	0,04983165	13,70769231
		Potri.002G215100.1	2	1,7361	0,0892	0,051379529	13,35461538
CpHsp100-33	4	Potri.008G144100.1	8	1,2909	0,0363	0,028119916	9,93
		Potri.010G098300.1	10	1,3698	0,033	0,024091108	10,53692308
CpHsp100-35	4	Potri.006G169000.1	6	5,6835	0,1723	0,030315827	43,71923077
CpHsp100-37	4	Potri.012G088200.1	12	1,5254	0,0532	0,034876098	11,73384615
		Potri.015G080600.1	15	1,7155	0,0522	0,030428447	13,19615385
CpHsp100-38	4	Potri.012G105900.1	12	1,9256	0,0977	0,050737432	14,81230769
CpHsp100-39	5	Potri.002G252600.1	2	1,9624	0,0215	0,010955972	15,09538462
		Potri.014G194700.1	14	1,8786	0,0276	0,014691792	14,45076923
CpHsp100-40	5	Potri.009G144300.1	9	2,5889	0,0492	0,01900421	19,91461538
CpHsp100-42	5	Potri.015G007700.1	15	1,6163	0,0887	0,054878426	12,43307692
CpHsp100-43	5	Potri.015G020700.1	15	1,4833	0,2047	0,138003101	11,41
CpHsp100-44	5	Potri.015G026900.1	15	1,6581	0,1193	0,071949822	12,75461538
CpHsp100-46	5	Potri.009G033600.1	9	1,7701	0,1382	0,078074685	13,61615385
CpHsp100-47	5	Potri.010G200500.1	10	1,4796	0,1316	0,088942958	11,38153846
		Potri.008G058500.1	8	1,4396	0,1282	0,089052515	11,07384615
CpHsp100-48	5	Potri.016G028000.1	16	3,587	0,0399	0,011123502	27,59230769
		Potri.006G031000.1	6	2,7091	0,0378	0,013952973	20,83923077
CpHsp100-49	5	Potri.010G171300.1	10	1,3303	0,1451	0,109073141	10,23307692
CpHsp100-50	5	Potri.011G143300.1	11	1,9221	0,1099	0,057177046	14,78538462
CpHsp100-51	6	Potri.002G012000.1	2	2,4227	0,0533	0,022000248	18,63615385
CpHsp100-53	6	Potri.004G124800.1	4	13,7348	0,2202	0,016032268	105,6523077
CpHsp100-54	6	Potri.001G375900.1	1	1,9386	0,2411	0,124368101	14,91230769
CpHsp100-57	6	Potri.009G054300.1	9	2,0635	0,1869	0,090574267	15,87307692
CpHsp100-60	7	Potri.005G017600.1	5	1,9234	0,1179	0,061297702	14,79538462
CpHsp100-61	7	Potri.013G016800	13	1,6953	0,0173	0,0102	13,04076923
CpHsp100-61	7	Potri.005G025100	5	1,5453	0,0162	0,0105	11,88692308
CpHsp100-62	7	Potri.002G031400	2	1,1534	0,0279	0,0242	8,872307692
CpHsp100-62	7	Potri.005G231700	5	1,3910	0,0268	0,0193	10,7
CpHsp100-62	7	Potri.004G158600	4	2,3059	0,0288	0,0125	17,73769231
CpHsp100-62	7	Potri.009G120500	9	2,1740	0,0303	0,0139	16,72307692
CpHsp100-63	7	Potri.005G231700	5	1,6200	0,0435	0,0269	12,46153846
CpHsp100-63	7	Potri.002G031400	2	1,2283	0,0487	0,0397	9,448461538
CpHsp100-63	7	Potri.004G158600	4	2,4025	0,0374	0,0156	18,48076923
CpHsp100-63	7	Potri.009G120500	9	2,2509	0,0405	0,018	17,31461538
CpHsp100-64	8	Potri.018G081000	18	1,5782	0,1461	0,0926	12,14
CpHsp100-64	8	Potri.006G158600	6	1,6949	0,1535	0,0906	13,03769231
CpHsp100-68	8	Potri.016G091600	16	1,5544	0,0298	0,0192	11,95692308
CpHsp100-68	8	Potri.006G125500	6	1,5483	0,0366	0,0236	11,91
CpHsp100-68	8	Potri.015G080600	15	6,6058	0,0547	0,0083	50,81384615
CpHsp100-68	8	Potri.012G088200	12	5,3740	0,0611	0,0114	41,33846154
CpHsp100-69	9	Potri.015G007700	15	1,4862	0,1171	0,0788	11,43230769

EK 31'in devamı

CpHsp100-70	9	Potri.012G015500	12	1,4854	0,1038	0,0699	11,42615385
CpHsp100-70	9	Potri.015G013000	15	1,4455	0,1008	0,0697	11,11923077
CpHsp100-70	9	Potri.002G171500	2	51,7410	0,0989	0,0019	398,0076923
CpHsp100-70	9	Potri.014G099200	14	53,7722	0,0984	0,0018	413,6323077
CpHsp100-70	9	Potri.013G089500	13	7,0238	0,35	0,0498	54,02923077
CpHsp100-72	9	Potri.004G043900	4	1,3629	0,0628	0,046	10,48384615
CpHsp100-74	9	Potri.012G096300	12	1,1523	0,1536	0,1333	8,863846154
CpHsp100-77	10	Potri.016G091600	16	1,4146	0,024	0,017	10,88153846
CpHsp100-77	10	Potri.006G125500	6	1,4896	0,0309	0,0208	11,45846154
CpHsp100-77	10	Potri.015G080600	15	4,8206	0,0546	0,0113	37,08153846
CpHsp100-77	10	Potri.012G088200	12	5,3764	0,0578	0,0108	41,35692308
CpHsp100-77	10	Potri.017G108200	17	3,2334	0,1036	0,032	24,87230769
CpHsp100-78	10	Potri.005G059700	5	1,3564	0,1259	0,0928	10,43384615
CpHsp100-79	10	Potri.007G023900	7	1,4240	0,1233	0,0866	10,95384615
CpHsp100-83	11	Potri.002G031400	2	1,2871	0,0267	0,0207	9,900769231
CpHsp100-83	11	Potri.005G231700	5	1,7301	0,0253	0,0146	13,30846154
CpHsp100-83	11	Potri.004G158600	4	2,7966	0,0287	0,0103	21,51230769
CpHsp100-83	11	Potri.009G120500	9	2,1504	0,0305	0,0142	16,54153846
CpHsp100-84	11	Potri.002G031400	2	1,2959	0,0255	0,0196	9,968461538
CpHsp100-84	11	Potri.005G231700	5	1,5097	0,0245	0,0162	11,61307692
CpHsp100-84	11	Potri.004G158600	4	2,3995	0,0279	0,0116	18,45769231
CpHsp100-84	11	Potri.009G120500	9	2,2492	0,0296	0,0132	17,30153846
CpHsp100-85	11	Potri.002G252600	2	2,7748	0,0219	0,0079	21,34461538
CpHsp100-85	11	Potri.014G194700	14	2,4200	0,0293	0,0121	18,61538462
CpHsp100-88	11	Potri.013G016800	13	1,5831	0,0173	0,0109	12,17769231
CpHsp100-88	11	Potri.005G025100	5	1,4871	0,0163	0,011	11,43923077
CpHsp100-89	11	Potri.010G098300	10	1,3650	0,0454	0,0333	10,5
CpHsp100-90	12	Potri.003G050600	3	1,9049	0,1859	0,0976	14,65307692
CpHsp100-91	12	Potri.003G057800	3	2,4562	0,075	0,0305	18,89384615
CpHsp100-91	12	Potri.001G176900	1	2,4993	0,0818	0,0327	19,22538462
CpHsp100-92	12	Potri.001G161700	1	1,5160	0,0284	0,0187	11,66153846
CpHsp100-92	12	Potri.006G216600	6	3,2898	0,0274	0,0083	25,30615385
CpHsp100-92	12	Potri.018G056600	18	2,3463	0,0305	0,013	18,04846154
CpHsp100-94	13	Potri.015G026900	15	1,5623	0,1216	0,0778	12,01769231
CpHsp100-95	13	Potri.015G020700	15	1,5092	0,1566	0,1037	11,60923077
CpHsp100-97	13	Potri.015G007700	15	1,6269	0,1057	0,065	12,51461538
CpHsp100-98	13	Potri.002G081200	2	1,4654	0,0975	0,0665	11,27230769
CpHsp100-101	13	Potri.017G084000	17	1,7407	0,1761	0,1011	13,39
CpHsp100-101	13	Potri.002G215100	2	39,4649	0,2794	0,0071	303,5761538
CpHsp100-101	13	Potri.014G139500	14	48,0372	0,2942	0,0061	369,5169231
CpHsp100-105	14	Potri.015G007700	15	35,7516	4,4255	0,1238	275,0123077
CpHsp100-111	14	Potri.003G123200	3	1,0633	0,0592	0,0557	8,179230769
CpHsp100-112	14	Potri.003G086000	3	1,0024	0,0707	0,0705	7,710769231
CpHsp100-113	15	Potri.002G252600	2	1,9864	0,0212	0,0107	15,28
CpHsp100-113	15	Potri.014G194700	14	2,0149	0,0276	0,0137	15,49923077
CpHsp100-115	15	Potri.014G139500	14	1,7646	0,1059	0,06	13,57384615
CpHsp100-115	15	Potri.002G215100	2	1,4009	0,0921	0,0658	10,77615385
CpHsp100-115	15	Potri.017G084000	17	12,6205	0,2314	0,0183	97,08076923
CpHsp100-116	16	Potri.011G143300	11	1,9389	0,114	0,0588	14,91461538
CpHsp100-117	16	Potri.009G033600	9	1,6769	0,1402	0,0836	12,89923077
CpHsp100-119	16	Potri.016G028000	16	2,2129	0,031	0,014	17,02230769
CpHsp100-119	16	Potri.006G031000	6	1,9002	0,0379	0,0199	14,61692308
CpHsp100-120	16	Potri.009G144300	9	2,5605	0,0505	0,0197	19,69615385
CpHsp100-120	16	Potri.004G184500	4	2,4051	0,0487	0,0202	18,50076923
CpHsp100-120	16	Potri.008G022216	8	2,3634	0,107	0,0453	18,18
CpHsp100-121	17	Potri.003G057800	3	1,9202	0,0832	0,0433	14,77076923
CpHsp100-121	17	Potri.001G176900	1	2,2142	0,0895	0,0404	17,03230769
CpHsp100-122	17	Potri.001G161700	1	1,5306	0,0242	0,0158	11,77384615
CpHsp100-122	17	Potri.006G216600	6	3,0232	0,0211	0,007	23,25538462
CpHsp100-122	17	Potri.018G056600	18	2,2149	0,024	0,0109	17,03769231
CpHsp100-123	17	Potri.007G069800	7	1,5521	0,1749	0,1127	11,93923077
CpHsp100-126	17	Potri.007G127900	7	1,6911	0,1619	0,0957	13,00846154
CpHsp100-128	18	Potri.010G098300	10	1,7263	0,1074	0,0622	13,27923077
CpHsp100-128	18	Potri.008G144100	8	1,7954	0,1109	0,0618	13,81076923
CpHsp100-130	18	Potri.006G169000	6	5,2419	0,01809	0,0345	40,32230769
CpHsp100-132	18	Potri.012G105900	12	1,4312	0,0647	0,0452	11,00923077
CpHsp100-133	19	Potri.009G033600	9	1,7588	0,1706	0,097	13,52923077
CpHsp100-134	19	Potri.016G091600	16	1,3974	0,0236	0,0169	10,74923077
CpHsp100-134	19	Potri.006G125500	6	1,4009	0,0288	0,0206	10,77615385
CpHsp100-134	19	Potri.015G080600	15	5,4374	0,0554	0,102	41,82615385
CpHsp100-134	19	Potri.012G088200	12	5,4304	0,0587	0,0108	41,77230769

EK 31'in devamı

CpHsp100-135	19	Potri.007G023900	7	1,5663	0,1311	0,0837	12,04846154
CpHsp100-137	20	Potri.015G057000	15	2,2308	0,072	0,0323	17,16
CpHsp100-139	20	Potri.015G084900	15	1,5165	0,1545	0,1019	11,66538462
CpHsp100-139	20	Potri.012G086400	12	1,4293	0,1548	0,1083	10,99461538
CpHsp100-140	20	Potri.012G096300	12	1,2097	0,1468	0,1214	9,305384615
CpHsp100-141	20	Potri.004G043900	4	1,4950	0,0682	0,0456	11,5
CpHsp100-142	20	Potri.012G105900	12	1,5237	0,0756	0,0496	11,72076923
CpHsp100-143	20	Potri.001G249100	1	1,3429	0,1583	0,1178	10,33
CpHsp100-146	Scaffold	Potri.003G050600	3	1,9175	0,1859	0,097	14,75
CpHsp100-147	Scaffold	Potri.003G050600	3	1,9175	0,1859	0,097	14,75
CpHsp100-148	Scaffold	Potri.003G086000	3	1,3083	0,0885	0,0676	10,06384615
ORTALAMA				**3,8593**	**0,120985956**	**0,047078101**	**29,68704186**

EK 32 Kabak *Hsf* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsf-09	3	AT4G14710.1	4	4.594	0.1469	0.031976	35.33846
		AT4G14716.1	4	3.7727	0.1311	0.03475	29.02077
		AT2G26400.1	2	2.7399	0.1672	0.061024	21.07615
CpHsf-13	4	AT1G76490.1	1	6.0846	0.1584	0.026033	46.80462
		AT2G17370.1	2	5.3525	0.1899	0.035479	41.17308
CpHsf-20	5	AT3G50360.1	3	2.4625	0.1012	0.041096	18.94231
CpHsf-22	5	AT1G76490.1	1	4.7025	0.2151	0.045742	36.17308
		AT2G17370.1	2	2.9928	0.2498	0.083467	23.02154
CpHsf-26	7	AT5G26780.1	5	2.9042	0.1949	0.06711	22.34
		AT4G37930.1	4	2.5659	0.207	0.080673	19.73769
CpHsf-28	7	AT2G24200.1	2	2.2143	0.1651	0.074561	17.03308
		AT4G30920.1	4	2.6584	0.2009	0.075572	20.44923
CpHsf-29	8	AT4G14710.1	4	3.3506	0.1449	0.043246	25.77385
		AT4G14716.1	4	2.372	0.1288	0.0543	18.24615
		AT2G26400.1	2	2.2188	0.1729	0.077925	17.06769
CpHsf-31	8	AT3G22845.1	3	6.355	0.1118	0.017592	48.88462
CpHsf-39	10	AT4G04890.1	4	3.8337	0.2479	0.064663	29.49
		AT4G21750.1	4	8.1834	0.2376	0.029034	62.94923
		AT1G05230.1	1	6.2323	0.3104	0.049805	47.94077
CpHsf-43	11	AT1G76490.1	1	3.3124	0.1609	0.048575	25.48
CpHsf-45	11	AT2G19480.1	2	9.9871	0.2994	0.029979	76.82385
		AT5G56950.1	5	5.9508	0.3322	0.055824	45.77538
		AT4G26110.1	4	5.652	0.328	0.058033	43.47692
CpHsf-46	12	AT4G00730.1	4	41.5357	0.1143	0.002752	319.5054
		AT3G61150.1	3	46.0031	0.1667	0.003624	353.87
CpHsf-48	12	AT4G17740.1	4	2.7361	0.2504	0.091517	21.04692
CpHsf-49	12	AT5G43850.1	5	1.7609	0.1441	0.081833	13.54538
CpHsf-58	16	AT3G50360.1	3	2.239	0.1361	0.060786	17.22308
CpHsf-59	16	AT1G76490.1	1	2.8071	0.1773	0.063161	21.59308
		AT2G17370.1	2	2.917	0.2284	0.0783	22.43846
CpHsf-60	16	AT1G05230.1	1	21.8201	0.1124	0.005151	167.8469
		AT4G04890.1	4	4.1535	0.1699	0.040905	31.95
		AT4G21750.1	4	5.9996	0.1748	0.029135	46.15077
CpHsf-61	17	AT4G17740.1	4	2.5945	0.2504	0.096512	19.95769
CpHsf-63	17	AT4G00730.1	4	46.2202	0.1506	0.003258	355.54
		AT3G61150.1	3	45.9098	0.1937	0.004219	353.1523
CpHsf-66	19	AT5G22840.1	5	61.0463	0.3218	0.005271	469.5869
		AT3G53030.1	3	1.7523	0.3024	0.172573	13.47923
		AT3G44850.1	3	54.3525	0.3411	0.006276	418.0962
ORTALAMA				**11.3933**	**0.2009**	**0.0495**	**87.6410**

EK 33 Kabak *Hsf* Genlerinin *Glycine max* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsf-02	1	Glyma.05G210400.1	5	1.899	0.2698	0.1420748	14.607692
CpHsf-04	1	Glyma.06G144200.1	6	1.8665	0.2325	0.1245647	14.357692
CpHsf-06	2	Glyma.16G178600.1	16	2.4755	0.185	0.0747324	19.042308
		Glyma.13G330300.1	13	1.586	0.1829	0.1153216	12.2
		Glyma.15G043700.1	15	1.7965	0.1843	0.1025884	13.819231
CpHsf-09	3	Glyma.10G244100.3	10	1.7391	0.1359	0.0781439	13.377692
		Glyma.20G150200.1	20	1.6936	0.1438	0.0849079	13.027692
CpHsf-12	3	Glyma.09G265200.1	9	3.5783	0.1526	0.0426459	27.525385
CpHsf-13	4	Glyma.16G113000.1	16	3.8331	0.1571	0.0409851	29.485385
		Glyma.11G088000.1	11	4.8498	0.1804	0.0371974	37.306154
		Glyma.14G045900.1	14	6.9833	0.1741	0.0249309	53.717692
		Glyma.09G196000.1	9	3.3085	0.1583	0.0478465	25.45
CpHsf-18	5	Glyma.05G210400.1	5	2.1054	0.1558	0.0740002	16.195385
		Glyma.08G017000.1	8	1.8029	0.1679	0.0931277	13.868462
CpHsf-19	5	Glyma.13G320900.1	13	2.2106	0.1864	0.084321	17.004615
		Glyma.12G179900.1	12	2.3435	0.1842	0.0786004	18.026923
		Glyma.10G064600.1	10	6.2699	0.231	0.0368427	48.23
CpHsf-20	5	Glyma.15G055100.1	15	1.8112	0.1164	0.0642668	13.932308
		Glyma.08G177600.3	8	1.8074	0.1278	0.0707093	13.903077
CpHsf-22	5	Glyma.02G273100.1	2	3.6803	0.2086	0.0566802	28.31
		Glyma.16G113000.1	16	4.869	0.2136	0.0438694	37.453846
		Glyma.20G058000.1	20	2.9065	0.2298	0.0790642	22.357692
		Glyma.14G045900.1	14	4.1999	0.2255	0.0536918	32.306923
		Glyma.09G196000.1	9	4.3238	0.2127	0.0491928	33.26
CpHsf-26	7	Glyma.18G150000.1	18	9.1055	0.1971	0.0216463	70.042308
		Glyma.08G274400.1	8	54.2634	0.2020	0.0037226	417.41077
CpHsf-28	7	Glyma.17G073800.1	17	1.735	0.1530	0.0881844	13.346154
		Glyma.19G077800.1	19	3.7072	0.1771	0.0477719	28.516923
CpHsf-29	8	Glyma.20G150200.1	20	3.0913	0.1477	0.0477793	23.779231
CpHsf-31	8	Glyma.20G150700.1	20	11.0908	0.121	0.0109099	85.313846
		Glyma.10G243500.1	10	13.5409	0.1214	0.0089654	104.16077
		Glyma.19G159700.1	19	2.3676	0.1818	0.0767866	18.212308
CpHsf-39	10	Glyma.11G003400.1	11	3.7645	0.2400	0.0637535	28.957692
		Glyma.01G240100.1	1	3.3522	0.2414	0.0720124	25.786154
		Glyma.12G100100.1	12	5.0166	0.2898	0.0577682	38.589231
		Glyma.13G308200.1	13	8.4981	0.2693	0.0316894	65.37
CpHsf-40	10	Glyma.03G135800.1	3	1.7294	0.2374	0.137273	13.303077
		Glyma.19G137800.1	19	1.71	0.2344	0.137076	13.153846
CpHsf-43	11	Glyma.02G273100.1	2	2.3861	0.1424	0.059679	18.354615
		Glyma.16G113000.1	16	2.9423	0.2052	0.0697414	22.633077
		Glyma.01G156700.1	1	5.7342	0.175	0.0305186	44.109231
		Glyma.11G088000.1	11	4.7389	0.1679	0.0354302	36.453077
		Glyma.14G045900.1	14	2.5693	0.1466	0.0570583	19.763846
		Glyma.09G196000.1	9	2.8336	0.2014	0.0710757	21.796923
CpHsf-45	11	Glyma.17G053800.1	17	4.4587	0.2275	0.0510238	34.297692
		Glyma.09G064400.1	9	3.7184	0.2795	0.0751667	28.603077
		Glyma.15G170700.1	15	6.303	0.3129	0.049643	48.484615
		Glyma.15G024700.1	15	10.5826	0.3075	0.0290571	81.404615
CpHsf-46	12	Glyma.07G076800.1	7	4.5592	0.0722	0.0158361	35.070769
		Glyma.09G265200.1	9	2.3038	0.0621	0.0269555	17.721538
		Glyma.03G016600.1	3	6.0931	0.0729	0.0119644	46.87
		Glyma.18G225800.1	18	3.1561	0.0666	0.021102	24.277692
		Glyma.10G238100.1	10	47.0284	0.1696	0.0036063	361.75692
CpHsf-48	12	Glyma.20G199000.1	20	1.8331	0.235	0.1281981	14.100769
CpHsf-49	12	Glyma.10G244300.1	10	1.7308	0.1274	0.0736076	13.313846
		Glyma.20G150100.1	20	1.607	0.1359	0.0845675	12.361538
CpHsf-51	13	Glyma.07G067500.1	7	6.5097	0.2605	0.0400172	50.074615
		Glyma.01G221600.1	1	3.3174	0.2455	0.0740037	25.518462
		Glyma.08G017000.1	8	2.1515	0.2013	0.0935626	16.55
		Glyma.11G022100.1	11	3.3344	0.2432	0.0729367	25.649231
		Glyma.05G210400.1	5	2.1625	0.1899	0.087815	16.634615
		Glyma.16G033500.1	16	5.4858	0.2601	0.0474133	42.198462
CpHsf-58	16	Glyma.15G055100.1	15	1.631	0.1207	0.0740037	12.546154
CpHsf-59	16	Glyma.16G113000.1	16	7.6307	0.1637	0.0214528	58.697692
		Glyma.02G273100.1	2	5.5766	0.1732	0.0310584	42.896923
		Glyma.09G196000.1	9	5.9978	0.1673	0.0278936	46.136923
CpHsf-60	16	Glyma.12G100100.1	12	2.8956	0.0714	0.0246581	22.273846
		Glyma.06G303700.1	6	3.137	0.1071	0.0341409	24.130769
		Glyma.13G308200.1	13	3.1294	0.0581	0.0185659	24.072308
		Glyma.12G194400.1	12	3.0476	0.0605	0.0198517	23.443077
CpHsf-61	17	Glyma.20G199000.1	20	1.8039	0.2215	0.1227895	13.876154
CpHsf-63	17	Glyma.07G076800.1	7	35.6273	0.0899	0.0025233	274.05615

EK 33'ün devamı

CpHsf-63	17	Glyma.03G016600.1	3	48,9429	0,1185	0,0024212	376,48385
		Glyma.09G265200.1	9	42,8685	0,0907	0,0021158	329,75769
		Glyma.18G225800.1	18	22,444	0,0985	0,0043887	172,64615
		Glyma.10G238100.1	10	45,7505	0,2062	0,0045071	351,92692
		Glyma.20G156500.1	20	45,6369	0,2183	0,0047834	351,05308
CpHsf-66	19	Glyma.12G179900.1	12	5,3037	0,2639	0,0497577	40,797692
		Glyma.12G083800.1	12	42,5704	0,3728	0,0087573	327,46462
		Glyma.13G320900.1	13	6,9337	0,2723	0,039272	53,336154
		Glyma.10G064600.1	10	2,4543	0,2262	0,0921648	18,879231
		Glyma.13G149200.1	13	2,5127	0,2234	0,0889083	19,328462
CpHsf-71	20	Glyma.13G330300.1	13	1,6347	0,2191	0,1340307	12,574615
		Glyma.15G043700.1	15	1,4835	0,2244	0,1512639	11,411538
		Glyma.16G178600.1	16	1,7002	0,2132	0,125397	13,078462
ORTALAMA				**7,94312**	**0,1849**	**0,0576509**	**61,100896**

EK 34 Kabak *Hsf* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsf-09	3	LOC_Os03g06620.1	3	7.2138	0.1836	0.025451218	55.49076923
		LOC_Os10g28350.1	10	5.8961	0.2179	0.036956632	45.35461538
CpHsf-13	4	LOC_Os08g40180.1	8	13.3272	0.1898	0.014241551	102.5169231
		LOC_Os09g31970.1	9	16.0952	0.1787	0.011102689	123.8092308
CpHsf-22	5	LOC_Os08g40180.1	8	11.5203	0.2032	0.01763843	88.61769231
		LOC_Os09g31970.1	9	13.4088	0.2391	0.017831573	103.1446154
CpHsf-26	7	LOC_Os03g52840.1	3	3.6134	0.217	0.060054243	27.79538462
CpHsf-28	7	LOC_Os02g55140.1	2	10.7407	0.2328	0.021674565	82.62076923
CpHsf-29	8	LOC_Os03g06620.1	3	4.3508	0.1854	0.042612853	33.46769231
		LOC_Os10g28350.1	10	3.9805	0.2123	0.053335008	30.61923077
CpHsf-31	8	LOC_Os03g53310.1	3	5.9037	0.1601	0.027118587	45.41307692
CpHsf-39	10	LOC_Os08g08820.1	8	7.5128	0.3244	0.04317964	57.79076923
		LOC_Os08g04190.1	8	56.0228	0.3358	0.005993988	430.9446154
		LOC_Os04g53540.1	4	11.4447	0.3023	0.026413973	88.03615385
CpHsf-45	11	LOC_Os06g05660.1	6	18.1549	0.3175	0.017488392	139.6530769
		LOC_Os05g46230.1	5	14.7806	0.3128	0.021162876	113.6969231
CpHsf-46	12	LOC_Os02g45250.1	2	40.0869	0.1513	0.0037743	308.3607692
CpHsf-59	16	LOC_Os08g40180.1	8	9.8540	0.216	0.021920032	75.8
		LOC_Os09g31970.1	9	12.1804	0.2126	0.017454271	93.69538462
CpHsf-60	16	LOC_Os08g08820.1	8	6.3820	0.166	0.026010655	49.09230769
		LOC_Os04g53540.1	4	9.3423	0.1486	0.015906147	71.86384615
		LOC_Os08g04190.1	8	36.0757	0.1674	0.004640243	277.5053846
CpHsf-61	17	LOC_Os02g57060.1	2	6.2988	0.2295	0.036435512	48.45230769
CpHsf-63	17	LOC_Os02g45250.1	2	47.7229	0.1698	0.00355804	367.0992308
CpHsf-66	19	LOC_Os03g53720.1	3	11.5521	0.3569	0.030894816	88.86230769
ORTALAMA				**15.3385**	**0.2252**	**0.0241**	**117.9881**

EK 35 Kabak *Hsf* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
CpHsf-04	1	Potri.013G093500.5	13	1.49	0.2011	0.1348307	11.473077
CpHsf-06	2	Potri.009G026300.1	9	3.08	0.1765	0.0572847	23.700769
CpHsf-08	3	Potri.001G196800.1	1	1.34	0.1795	0.1335963	10.335385
		Potri.003G041000.1	3	1.43	0.1864	0.1303679	10.998462
CpHsf-09	3	Potri.008G157500.1	8	2.25	0.1185	0.0525849	17.334615
CpHsf-10	3	Potri.008G157600.1	8	2.61	0.2039	0.0782485	20.044615
CpHsf-13	4	Potri.004G208500.1	4	2.42	0.1393	0.0574551	18.65
		Potri.001G457000.1	1	3.16	0.1619	0.0511662	24.34
		Potri.005G257000.1	5	4.63	0.1688	0.0364571	35.616154
		Potri.011G145000.1	11	3.92	0.1708	0.0436237	30.117692
CpHsf-16	4	Potri.018G132000.1	18	2.92	0.1729	0.0592936	22.430769
CpHsf-19	5	Potri.004G190400.1	4	2.19	0.1628	0.0743481	16.843846
		Potri.009G151500.1	9	2.37	0.1734	0.0731831	18.226154
		Potri.006G117800.1	6	4.26	0.2054	0.0482726	32.730769
CpHsf-20	5	Potri.005G138000.1	5	1.23	0.1122	0.0915171	9.4307692
CpHsf-22	5	Potri.001G457000.1	1	2.93	0.2188	0.0746503	22.546154
		Potri.011G145000.1	11	3.95	0.2142	0.0542856	30.352308
		Potri.002G004000.2	2	2.7	0.2201	0.0815487	20.761538
		Potri.004G208500.1	4	2.46	0.1629	0.0662276	18.920769
CpHsf-26	7	Potri.002G109200.1	2	1.84	0.1969	0.106976	14.158462
CpHsf-29	8	Potri.008G157500.1	8	2.18	0.1273	0.0584991	16.739231
CpHsf-31	8	Potri.010G081700.1	10	2.05	0.1111	0.0542348	15.757692
CpHsf-38	10	Potri.007G043800.1	7	3.36	0.2679	0.0796966	25.857692
CpHsf-39	10	Potri.002G230200.1	2	4.69	0.3087	0.0658167	36.079231
CpHsf-40	10	Potri.016G056500.1	16	1.75	0.1886	0.1077591	13.463077
CpHsf-43	11	Potri.001G457000.1	1	2.68	0.1574	0.0588081	20.588462
		Potri.011G145000.1	11	2.51	0.1718	0.0685582	19.276154
		Potri.005G257000.1	5	2.01	0.1611	0.0799543	15.499231
		Potri.004G208500.1	4	3.37	0.2013	0.0597471	25.916923
CpHsf-45	11	Potri.018G067800.1	18	3.17	0.2489	0.0784654	24.400769
CpHsf-46	12	Potri.002G154700.1	2	2.77	0.0688	0.0248807	21.270769
CpHsf-47	12	Potri.017G059300.1	17	2.47	0.0563	0.0227576	19.03
CpHsf-48	12	Potri.008G173900.1	8	1.53	0.2269	0.1487186	11.736154
CpHsf-49	12	Potri.008G157400.2	2	2.11	0.1283	0.0608432	16.220769
		Potri.008G157500.1	8	10.2	0.2167	0.0211458	78.83
CpHsf-58	16	Potri.005G138000.1	5	1.83	0.1403	0.0764786	14.111538
CpHsf-59	16	Potri.004G208500.1	4	3.31	0.1466	0.0442954	25.458462
		Potri.001G457000.1	1	3.27	0.1984	0.0607099	25.138462
CpHsf-60	16	Potri.002G230200.1	2	2.99	0.0518	0.0173175	23.009231
CpHsf-63	17	Potri.002G154700.1	2	####	0.0953	0.0370025	19.811538
CpHsf-66	19	Potri.006G117800.1	6	1.72	0.2086	0.1211664	13.243077
		Potri.004G190400.1	4	2.82	0.2535	0.0899032	21.69
		Potri.009G151500.1	9	####	0.253	0.0984397	19.77
CpHsf-71	20	Potri.009G026300.1	9	3.33	0.1982	0.0595714	25.593077
ORTALAMA				**2.83**	**0.1758**	**0.0704702**	**21.761451**

EK 36 Kabak *sHsp* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*CpsHsp-19-CpsHsp-14*	0.033729905	0.16295	0.206995428	Segmental	12.41996951
2	*CpsHsp-29-CpsHsp-20*	0.024967645	0.20755	0.120297013	Segmental	15.81935976
3	*CpsHsp-03-CpsHsp-25*	0.39465	0.5523	0.714557306	Segmental	42.09603659
4	*CpsHsp-32-CpsHsp-17*	0.4745	0.4671	1.015842432	Segmental	35.60213415
5	*CpsHsp-39-CpsHsp-04*	0.44345	0.49475	0.896311268	Segmental	37.70960366
6	*CpsHsp-33-CpsHsp-26*	0.34235	0.43775	0.78206739	Segmental	33.36509146
7	*CpsHsp-18-CpsHsp-05*	0.01767767	0.11468745	0.154137789	Segmental	8.741421494
8	*CpsHsp-06-CpsHsp-13*	0.19585	0.4276	0.458021515	Segmental	32.59146341
9	*CpsHsp-21-CpsHsp-12*	0.06487742	0.1836	0.353362854	Segmental	13.99390244
10	*CpsHsp-11-CpsHsp-01*	0.18585	0.41615	0.446593776	Segmental	31.71875
11	*CpsHsp-22-CpsHsp-30*	0.04833926	0.13645	0.35426354	Segmental	10.40015244
12	*CpsHsp-23-CpsHsp-02*	0.1071	0.13335	0.803149606	Segmental	10.16387195
13	*CpsHsp-27-CpsHsp-15*	0.39705	0.3757	1.056827256	Segmental	28.63567073
14	*CpsHsp-08-CpsHsp-28*	0.1980817	0.41135	0.481540537	Segmental	31.35289634
Ortalama		**0.209176686**	**0.322949104**	**0.560283408**		**24.61502314**

EK 37 Kabak *Hsp40* Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*CpHsp40-04-CpHsp40-27*	0.49075	0.59645	0.82278481	Segmental	45.46112805
2	*CpHsp40-13-CpHsp40-18*	0.4883	0.5094	0.95857872	Segmental	38.82621951
3	*CpHsp40-15-CpHsp40-30*	0.2973	0.3343	0.889320969	Segmental	25.48018293
4	*CpHsp40-14-CpHsp40-24*	0.3502	0.3862	0.90678405	Segmental	29.43597561
5	*CpHsp40-02-CpHsp40-07*	0.04624288	0.1123	0.411779875	Tandem	8.55945122
6	*CpHsp40-17-CpHsp40-33*	0.07823805	0.33475	0.233720836	Segmental	25.51448171
7	*CpHsp40-11-CpHsp40-29*	0.470942375	0.505	0.932559158	Segmental	38.49085366
8	*CpHsp40-20-CpHsp40-32*	0.1161	0.3688	0.314804772	Segmental	28.1097561
9	*CpHsp40-06-CpHsp40-19*	0.45515	0.52735	0.86308903	Segmental	40.19435976
10	*CpHsp40-03-CpHsp40-16*	0.3323	0.36495	0.91053569	Tandem	27.81631098
11	*CpHsp40-05-CpHsp40-23*	0.3752	0.487	0.770431211	Segmental	37.11890244
12	*CpHsp40-26-CpHsp40-31*	0.3123	0.41885	0.745612988	Segmental	31.92454268
13	*CpHsp40-08-CpHsp40-35*	0.3349	0.41325	0.810405324	Segmental	31.49771341
14	*CpHsp40-37-CpHsp40-39*	0.4802	0.59075	0.812865002	Segmental	45.02667683
15	*CpHsp40-38-CpHsp40-52*	0.4996	0.4947	1.009904993	Segmental	37.70579268
16	*CpHsp40-44-CpHsp40-69*	0.38635	0.3427	1.127370878	Segmental	26.12042683
17	*CpHsp40-47-CpHsp40-70*	0.39695	0.4298	0.923569102	Segmental	32.75914634
18	*CpHsp40-50-CpHsp40-51*	0.43355	0.48195	0.899574645	Tandem	36.7339939
19	*CpHsp40-56-CpHsp40-57*	0.36375	0.37805	0.962174316	Tandem	28.81478659
20	*CpHsp40-55-CpHsp40-59*	0.30605	0.3317	0.922671088	Tandem	25.2820122
21	*CpHsp40-41-CpHsp40-42*	0.3646	0.4528	0.805212014	Tandem	34.51219512
22	*CpHsp40-65-CpHsp40-68*	0.07668922	0.48555	0.157942992	Segmental	37.00838415
23	*CpHsp40-60-CpHsp40-61*	0.1496	0.4343	0.344462353	Segmental	33.10213415
24	*CpHsp40-45-CpHsp40-64*	0.4102	0.46955	0.873602385	Segmental	35.78887195
25	*CpHsp40-46-CpHsp40-62*	0.13565	0.47505	0.28554889	Segmental	36.20807927
26	*CpHsp40-49-CpHsp40-63*	0.4321	0.47315	0.913241044	Segmental	36.0632622
27	*CpHsp40-74-CpHsp40-100*	0.4855	0.5293	0.917249197	Segmental	40.3429878
28	*CpHsp40-93-CpHsp40-95*	0.104329065	0.28525	0.365746065	Segmental	21.74161585
29	*CpHsp40-73-CpHsp40-103*	0.4314	0.4179	1.032304379	Segmental	31.85213415
30	*CpHsp40-77-CpHsp40-88*	0.3995	0.39435	1.013059465	Segmental	30.05716463
31	*CpHsp40-91-CpHsp40-94*	0.1598	0.29285	0.545671846	Segmental	22.32088415
32	*CpHsp40-83-CpHsp40-84*	0.4288	0.4437	0.966418751	Segmental	33.81859756
33	*CpHsp40-78-CpHsp40-92*	0.4114	0.4689	0.877372574	Segmental	35.73932927
34	*CpHsp40-79-CpHsp40-80*	0.4099	0.4157	0.986047631	Tandem	31.68445122
35	*CpHsp40-101-CpHsp40-104*	0.3958	0.4038	0.980188212	Tandem	30.77743902
36	*CpHsp40-97-CpHsp40-105*	0.34805	0.3285	1.059512938	Segmental	25.03810976
37	*CpHsp40-90-CpHsp40-99*	0.3763	0.43655	0.861986027	Segmental	33.27362805
38	*CpHsp40-71-CpHsp40-86*	0.13935	0.4193	0.332339614	Segmental	31.95884146
39	*CpHsp40-76-CpHsp40-81*	0.487407275	0.43645	1.116753981	Tandem	33.2660061
40	*CpHsp40-82-CpHsp40-98*	0.03482533	0.20175	0.172616258	Segmental	15.37728659
41	*CpHsp40-108-CpHsp40-125*	0.48	0.6106	0.786112021	Segmental	46.53963415
42	*CpHsp40-121-CpHsp40-132*	0.3027	0.3194	0.947714465	Segmental	24.3445122
43	*CpHsp40-122-CpHsp40-149*	0.43035	0.4711	0.913500318	Segmental	35.9070122
44	*CpHsp40-120-CpHsp40-147*	0.3067	0.3311	0.926306252	Segmental	25.23628049
45	*CpHsp40-118-CpHsp40-129*	0.4579	0.4864	0.94140625	Segmental	37.07317073
46	*CpHsp40-116-CpHsp40-139*	0.33195	0.3654	0.908456486	Segmental	27.85060976
47	*CpHsp40-111-CpHsp40-117*	0.3666	0.3559	1.030064625	Segmental	27.12652439
48	*CpHsp40-119-CpHsp40-140*	0.39975	0.36395	1.09836516	Segmental	27.74009146
49	*CpHsp40-130-CpHsp40-145*	0.162	0.4236	0.382436261	Segmental	32.28658537
50	*CpHsp40-110-CpHsp40-124*	0.32725	0.41945	0.780188342	Segmental	31.97027439
51	*CpHsp40-126-CpHsp40-138*	0.40705	0.50565	0.805003461	Segmental	38.54039634
52	*CpHsp40-134-CpHsp40-136*	0.3798	0.38595	0.984065293	Segmental	29.41692073
53	*CpHsp40-131-CpHsp40-133*	0.45355	0.50245	0.902676883	Tandem	38.2964939
54	*CpHsp40-128-CpHsp40-137*	0.4191	0.4891	0.856879984	Segmental	37.27896341
55	*CpHsp40-142-CpHsp40-148*	0.051978605	0.3728	0.139427589	Segmental	28.41463415
56	*CpHsp40-112-CpHsp40-115*	0.42625	0.4297	0.991971143	Tandem	32.75152439
57	*CpHsp40-123-CpHsp40-143*	0.4187	0.47355	0.884172738	Segmental	36.09375
58	*CpHsp40-168-CpHsp40-171*	0.49645	0.45385	1.093863611	Tandem	34.59222561
59	*CpHsp40-160-CpHsp40-179*	0.02706467	0.13165	0.205580479	Segmental	10.03429878
60	*CpHsp40-153-CpHsp40-164*	0.4252	0.53785	0.790554987	Segmental	40.99466463
61	*CpHsp40-175-CpHsp40-177*	0.3907	0.46805	0.834739878	Segmental	35.67454268
62	*CpHsp40-170-CpHsp40-181*	0.4712	0.46915	1.004369605	Segmental	35.75838415
63	*CpHsp40-150-CpHsp40-155*	0.4341	0.4341	1	Tandem	33.08689024
64	*CpHsp40-158-CpHsp40-163*	0.37275	0.41285	0.902870292	Segmental	31.46722561
65	*CpHsp40-173-CpHsp40-182*	0.4232	0.4307	0.982586487	Segmental	32.8277439
66	*CpHsp40-174-CpHsp40-183*	0.32765	0.39555	0.828340286	Segmental	30.14862805
67	*CpHsp40-152-CpHsp40-165*	0.358	0.35485	1.00887699	Segmental	27.0464939
68	*CpHsp40-154-CpHsp40-186*	0.3137	0.3557	0.881922969	Segmental	27.11128049
69	*CpHsp40-161-CpHsp40-180*	0.034475645	0.17035	0.202381244	Segmental	12.9839939
70	*CpHsp40-159-CpHsp40-162*	0.4602	0.48265	0.953485963	Segmental	36.78734756
71	*CpHsp40-156-CpHsp40-167*	0.3453	0.3791	0.910841467	Segmental	28.89481707
72	*CpHsp40-151-CpHsp40-166*	0.49535	0.524	0.945324427	Segmental	39.93902439

EK 37'nin devamı

73	*CpHsp40-169-CpHsp40-185*	0.055809995	0.26815	0.208129759	Segmental	20.4382622
Ortalama		**0.33901854**	**0.41435068**	**0.79271822**		**31.5816071**

EK 38 Kabak *Hsp60* Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*CpHsp60-06-CpHsp60-13*	0.31675	0.4811	0.65838703	Segmental	36.66920732
2	*CpHsp60-01-CpHsp60-02*	0.04417721	0.1181	0.37406613	Tandem	9.00152439
3	*CpHsp60-19-CpHsp60-27*	0.04853067	0.11625	0.417468129	Segmental	8.860518293
4	*CpHsp60-37-CpHsp60-16*	0.00497418	0.11315	0.043960937	Segmental	8.624237805
5	*CpHsp60-17-CpHsp60-12*	0.006450685	0.100465095	0.064208221	Segmental	7.657400534
6	*CpHsp60-26-CpHsp60-14*	0.1436	0.35465	0.404906246	Segmental	27.03125
7	*CpHsp60-39-CpHsp60-03*	0.00470018	0.09070941	0.051815793	Segmental	6.913826982
8	*CpHsp60-23-CpHsp60-10*	0.015156595	0.10953031	0.138378089	Segmental	8.348346799
9	*CpHsp60-41-CpHsp60-11*	0.05558022	0.103611015	0.536431575	Segmental	7.897181021
10	*CpHsp60-22-CpHsp60-28*	0.007871455	0.100581505	0.078259467	Segmental	7.666273247
11	*CpHsp60-30-CpHsp60-40*	0.03763293	0.092234475	0.408013706	Segmental	7.030066692
12	*CpHsp60-20-CpHsp60-33*	0.41265	0.39165	1.053619303	Segmental	29.85137195
13	*CpHsp60-31-CpHsp60-07*	0.00590725	0.08831324	0.066889744	Segmental	6.731192073
14	*CpHsp60-38-CpHsp60-15*	0.18595	0.42125	0.441424332	Segmental	32.10746951
15	*CpHsp60-32-CpHsp60-08*	0.007907275	0.13415	0.058943533	Segmental	10.22484756
16	*CpHsp60-29-CpHsp60-25*	0.03351609	0.4317	0.077637457	Tandem	32.90396341
17	*CpHsp60-24-CpHsp60-42*	0.17763405	0.5129	0.346332716	Segmental	39.0929878
Ortalama		**0.088764046**	**0.221196768**	**0.307102495**		**16.85950973**

EK 39 Kabak *Hsp70* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*CpHsp70-23-CpHsp70-14*	0.02742261	0.111	0.247050541	Segmental	8.460365854
2	*CpHsp70-04-CpHsp70-09*	0.14985	0.40715	0.368046175	Segmental	31.03277439
3	*CpHsp70-25-CpHsp70-16*	0.01451277	0.1196	0.121344231	Segmental	9.115853659
4	*CpHsp70-24-CpHsp70-22*	0.1083	0.4926	0.219853837	Segmental	37.54573171
5	*CpHsp70-20-CpHsp70-03*	0.006046615	0.14385	0.042034168	Segmental	10.96417683
6	*CpHsp70-08-CpHsp70-18*	0.009141795	0.1414	0.064652016	Segmental	10.77743902
7	*CpHsp70-15-CpHsp70-28*	0.0025839	0.1619	0.015959852	Segmental	12.33993902
8	*CpHsp70-02-CpHsp70-19*	0.01436359	0.187	0.076810642	Segmental	14.25304878
9	*CpHsp70-10-CpHsp70-05*	0.020503595	0.082054535	0.249877658	Segmental	6.254156631
10	*CpHsp70-21-CpHsp70-01*	0.01115662	0.1334	0.083632834	Segmental	10.16768293
11	*CpHsp70-11-CpHsp70-06*	0.06186195	0.1808	0.342156803	Segmental	13.7804878
12	*CpHsp70-26-CpHsp70-17*	0.01556798	0.14235	0.109364103	Segmental	10.84984756
Ortalama		0.036775952	0.191925378	0.161731905		14.62845868

EK 40 Kabak *Hsp90* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*CpHsp90-04-CpHsp90-06*	0.036602355	0.17025	0.214991806	Segmental	12.97637195
2	*CpHsp90-02-CpHsp90-09*	0.01189443	0.225	0.052864133	Segmental	17.14939024
3	*CpHsp90-01-CpHsp90-07*	0.016066765	0.11815	0.135986162	Segmental	9.005335366
4	*CpHsp90-03-CpHsp90-10*	0.473554405	0.3738	1.266865717	Segmental	28.49085366
Ortalama		0.134529489	0.2218	0.417676955		16.9054878

EK 41 Kabak *Hsp100* Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*CpHsp100-14-CpHsp100-32*	0.22655	0.50935	0.444782566	Segmental	38.82240854
2	*CpHsp100-11-CpHsp100-49*	0.5177	0.5607	0.923310148	Segmental	42.73628049
3	*CpHsp100-48-CpHsp100-39*	0.16705	0.41605	0.401514241	Tandem	31.71112805
4	*CpHsp100-07-CpHsp100-33*	0.22623628	0.37563616	0.602275031	Segmental	28.63080488
5	*CpHsp100-26-CpHsp100-43*	0.4627	0.5062	0.914065587	Segmental	38.58231707
6	*CpHsp100-02-CpHsp100-44*	0.44555	0.4783	0.93152833	Segmental	36.45579268
7	*CpHsp100-03-CpHsp100-15*	0.33785	0.43375	0.778904899	Segmental	33.06021341
8	*CpHsp100-21-CpHsp100-36*	0.38965	0.46175	0.8438549	Segmental	35.19435976
9	*CpHsp100-34-CpHsp100-46*	0.38925	0.44935	0.866251252	Segmental	34.2492378
10	*CpHsp100-22-CpHsp100-18*	0.464445975	0.37245	1.247002215	Tandem	28.38795732
11	*CpHsp100-19-CpHsp100-08*	0.4154	0.4214	0.985761747	Segmental	32.11890244
12	*CpHsp100-10-CpHsp100-45*	0.39815	0.47195	0.843627503	Segmental	35.97179878
13	*CpHsp100-28-CpHsp100-24*	0.030354035	0.1622	0.18713955	Segmental	12.36280488
14	*CpHsp100-27-CpHsp100-04*	0.244	0.46525	0.524449221	Segmental	35.46112805
15	*CpHsp100-41-CpHsp100-35*	0.5189	0.6446	0.804995346	Segmental	49.13109756
16	*CpHsp100-01-CpHsp100-05*	0.01848394	0.16255	0.113712335	Tandem	12.38948171
17	*CpHsp100-12-CpHsp100-47*	0.052743265	0.35285	0.149477866	Segmental	26.89405488
18	*CpHsp100-13-CpHsp100-30*	0.40355	0.46185	0.87376854	Segmental	35.20198171
19	*CpHsp100-25-CpHsp100-37*	0.04068377	0.47495	0.085659059	Segmental	36.20045732
20	*CpHsp100-17-CpHsp100-23*	0.2307	0.4666	0.494427775	Tandem	35.56402439
21	*CpHsp100-09-CpHsp100-20*	0.36045	0.39755	0.906678405	Segmental	30.30106707
22	*CpHsp100-60-CpHsp100-70*	0.4815	0.5327	0.903885864	Segmental	40.60213415
23	*CpHsp100-59-CpHsp100-87*	0.056527845	0.1147	0.492832127	Segmental	8.742378049
24	*CpHsp100-89-CpHsp100-99*	0.40285	0.4333	0.929725363	Segmental	33.02591463
25	*CpHsp100-69-CpHsp100-97*	0.0535302	0.3186	0.168016949	Segmental	24.28353659
26	*CpHsp100-64-CpHsp100-67*	0.37955	0.41955	0.904659754	Tandem	31.97789634
27	*CpHsp100-66-CpHsp100-80*	0.2461	0.4509	0.545797294	Segmental	34.36737805
28	*CpHsp100-56-CpHsp100-81*	0.43025	0.4318	0.996410375	Segmental	32.91158537
29	*CpHsp100-75-CpHsp100-96*	0.2419	0.4319	0.560083353	Segmental	32.91920732
30	*CpHsp100-54-CpHsp100-90*	0.3863	0.431	0.896287703	Segmental	32.85060976
31	*CpHsp100-58-CpHsp100-86*	0.051927525	0.1587	0.327205577	Segmental	12.09603659
32	*CpHsp100-53-CpHsp100-57*	0.4021	0.41915	0.959322438	Tandem	31.94740854
33	*CpHsp100-72-CpHsp100-93*	0.38865	0.42385	0.916951752	Segmental	32.30564024
34	*CpHsp100-61-CpHsp100-88*	0.00142413	0.12705	0.011209209	Segmental	9.683689024
35	*CpHsp100-51-CpHsp100-73*	0.3178	0.4332	0.733610342	Segmental	33.01829268
36	*CpHsp100-65-CpHsp100-91*	0.2777	0.39775	0.698177247	Segmental	30.31631098
37	*CpHsp100-68-CpHsp100-85*	0.274	0.4014	0.682610862	Segmental	30.5945122
38	*CpHsp100-79-CpHsp100-95*	0.4015	0.4517	0.88886429	Segmental	34.42835366
39	*CpHsp100-74-CpHsp100-94*	0.20565	0.45345	0.45352299	Segmental	34.5617378
40	*CpHsp100-77-CpHsp100-92*	0.2579	0.43005	0.59969771	Segmental	32.77820122
41	*CpHsp100-78-CpHsp100-82*	0.37125	0.42735	0.868725869	Tandem	32.57240854
42	*CpHsp100-62-CpHsp100-63*	0.013573605	0.01986153	0.683411852	Tandem	1.513836128
43	*CpHsp100-103-CpHsp100-111*	0.43775	0.4538	0.964631996	Segmental	34.58841463
44	*CpHsp100-104-CpHsp100-112*	0.4527	0.50905	0.889303605	Segmental	38.79954268
45	*CpHsp100-119-CpHsp100-122*	0.20785	0.3854	0.539309808	Segmental	29.375
46	*CpHsp100-109-CpHsp100-114*	0.3704	0.41775	0.886654698	Segmental	31.84070122
47	*CpHsp100-101-CpHsp100-113*	0.24105	0.35785	0.67360626	Segmental	27.27515244
48	*CpHsp100-123-CpHsp100-105*	0.21725	0.40035	0.542650181	Segmental	30.51448171
49	*CpHsp100-110-CpHsp100-117*	0.3266	0.43985	0.742525861	Segmental	33.52515244
50	*CpHsp100-124-CpHsp100-116*	0.3824	0.4216	0.907020873	Segmental	32.13414634
51	*CpHsp100-120-CpHsp100-121*	0.21095	0.4012	0.525797607	Segmental	30.57926829
52	*CpHsp100-118-CpHsp100-125*	0.374	0.3945	0.948035488	Segmental	30.06859756
53	*CpHsp100-115-CpHsp100-102*	0.2704	0.4107	0.658388118	Segmental	31.30335366
54	*CpHsp100-108-CpHsp100-126*	0.39075	0.4135	0.944981862	Segmental	31.51676829
55	*CpHsp100-137-CpHsp100-147*	0.4662	0.4859	0.959456678	Segmental	37.03506098
56	*CpHsp100-142-CpHsp100-132*	0.0147884	0.1481	0.099854153	Segmental	11.28810976
57	*CpHsp100-130-CpHsp100-133*	0.33815	0.4229	0.799598014	Segmental	32.23323171
58	*CpHsp100-128-CpHsp100-139*	0.32505	0.42335	0.767804417	Segmental	32.26753049
59	*CpHsp100-136-CpHsp100-143*	0.40655	0.51615	0.787658626	Segmental	39.34070122
60	*CpHsp100-134-CpHsp100-135*	0.34805	0.32975	1.055496588	Tandem	25.13338415
61	*CpHsp100-138-CpHsp100-151*	0.124726015	0.4615	0.270262221	Segmental	35.17530488
62	*CpHsp100-127-CpHsp100-146*	0.38385	0.49075	0.782170148	Segmental	37.40472561
63	*CpHsp100-140-CpHsp100-144*	0.39885	0.42455	0.939465316	Tandem	32.3589939
64	*CpHsp100-129-CpHsp100-131*	0.39765	0.4266	0.932137834	Tandem	32.5152439
Ortalama		**0.29794289**	**0.404505433**	**0.699390715**		**30.83120676**

EK 42 Kabak *Hsf* Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*CpHsf-08-CpHsf-25*	0.4984	0.5366	0.928811032	Segmental	40.89939024
2	*CpHsf-12-CpHsf-39*	0.17165	0.47305	0.362858049	Segmental	36.05564024
3	*CpHsf-26-CpHsf-21*	0.4069	0.44255	0.919444131	Segmental	33.73094512
4	*CpHsf-18-CpHsf-02*	0.087751415	0.3562	0.246354337	Segmental	27.14939024
5	*CpHsf-22-CpHsf-13*	0.05596342	0.40615	0.137790028	Segmental	30.95655488
6	*CpHsf-29-CpHsf-09*	0.016992995	0.10935	0.155400046	Segmental	8.334603659
7	*CpHsf-17-CpHsf-35*	0.2096	0.38385	0.546046633	Segmental	29.25685976
8	*CpHsf-38-CpHsf-15*	0.2561	0.3705	0.69122807	Segmental	28.23932927
9	*CpHsf-37-CpHsf-14*	0.190174145	0.3247	0.585691854	Segmental	24.74847561
10	*CpHsf-24-CpHsf-05*	0.02291138	0.15945	0.14369006	Segmental	12.15320122
11	*CpHsf-11-CpHsf-32*	0.038799585	0.09837958	0.394386569	Segmental	7.498443598
12	*CpHsf-30-CpHsf-10*	0.08132473	0.23575	0.344961739	Segmental	17.96875
13	*CpHsf-23-CpHsf-27*	0.2595	0.483	0.537267081	Segmental	36.81402439
14	*CpHsf-33-CpHsf-16*	0.40245	0.4991	0.806351433	Segmental	38.04115854
15	*CpHsf-36-CpHsf-28*	0.44815	0.48745	0.919376346	Segmental	37.15320122
16	*CpHsf-19-CpHsf-04*	0.4563	0.4953	0.921259843	Segmental	37.75152439
17	*CpHsf-34-CpHsf-07*	0.063464105	0.105205785	0.603237788	Segmental	8.018733613
18	*CpHsf-03-CpHsf-01*	0.03124882	0.10665	0.293003469	Tandem	8.128810976
19	*CpHsf-71-CpHsf-68*	0.243819605	0.36675	0.664811466	Segmental	27.9535061
20	*CpHsf-51-CpHsf-55*	0.12325	0.4163	0.296060533	Segmental	31.73018293
21	*CpHsf-58-CpHsf-64*	0.38745	0.4033	0.960699231	Segmental	30.73932927
22	*CpHsf-62-CpHsf-47*	0.0954859	0.19735	0.483840385	Segmental	15.04192073
23	*CpHsf-49-CpHsf-66*	0.39985	0.40535	0.986431479	Segmental	30.89557927
24	*CpHsf-60-CpHsf-50*	0.3964	0.49965	0.793355349	Segmental	38.08307927
25	*CpHsf-63-CpHsf-46*	0.042550175	0.24835	0.171331488	Segmental	18.92911585
26	*CpHsf-61-CpHsf-48*	0.03361969	0.11435	0.294006909	Segmental	8.71570122
27	*CpHsf-54-CpHsf-74*	0.48185	0.48395	0.995660709	Segmental	36.88643293
28	*CpHsf-56-CpHsf-53*	0.33495	0.4579	0.731491592	Tandem	34.90091463
29	*CpHsf-43-CpHsf-59*	0.08970744	0.3941	0.227626085	Segmental	30.03810976
30	*CpHsf-67-CpHsf-42*	0.249	0.39435	0.63141879	Segmental	30.05716463
31	*CpHsf-75-CpHsf-45*	0.026203795	0.02467965	1.061757156	Segmental	1.881070884
32	*CpHsf-69-CpHsf-57*	0.2641	0.42805	0.616983997	Segmental	32.6257622
33	*CpHsf-73-CpHsf-52*	0.093583485	0.1718	0.544723428	Segmental	13.0945122
34	*CpHsf-41-CpHsf-70*	0.2498	0.3459	0.722174039	Segmental	26.36432927
Ortalama		**0.212038255**	**0.336040148**	**0.57998621**		**25.61281612**

EK 43 Kabak sHsp Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
A. thaliana					
ath-miR167a-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
ath-miR167b	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
ath-miR167d	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUGG	GAAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
ath-miR8167a	CpsHsp-34	5.0	-1.0	AGAUGUGGAGAUCGUGGGGAUG	ACAACUCACUAUCUCCUCGUCU
ath-miR8167b	CpsHsp-34	5.0	-1.0	AGAUGUGGAGAUCGUGGGGAUG	ACAACUCACUAUCUCCUCGUCU
ath-miR8167c	CpsHsp-34	5.0	-1.0	AGAUGUGGAGAUCGUGGGGAUG	ACAACUCACUAUCUCCUCGUCU
ath-miR8167d	CpsHsp-34	5.0	-1.0	AGAUGUGGAGAUCGUGGGGAUG	ACAACUCACUAUCUCCUCGUCU
ath-miR8167e	CpsHsp-34	5.0	-1.0	AGAUGUGGAGAUCGUGGGGAUG	ACAACUCACUAUCUCCUCGUCU
ath-miR8167f	CpsHsp-34	5.0	-1.0	AGAUGUGGAGAUCGUGGGGAUG	ACAACUCACUAUCUCCUCGUCU
C. melo					
cme-miR167a	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
cme-miR167b	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
cme-miR167c	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUU	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
cme-miR167d	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
cme-miR167f	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
G. max					
gma-miR167a	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167b	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167c	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167d	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167e	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUU	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167f	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUU	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167g	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUGA	GAAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167j	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
gma-miR167k	CpsHsp-20	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCCU--GAUCUUA	GAGGAUCCAAUUCUGGCAGCUUCA
O. sativa					
osa-miR167a-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167b	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167c-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167d-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167e-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167f	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167g	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167h-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167i-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
osa-miR167j	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
Z. Mays					
zma-miR167a-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167b-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167c-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167d-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUA	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167e-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167f-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167g-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167h-3p	CpsHsp-11	5.0	-1.0	GAUCAUGUUGCAGCUUCAC	GUCGAGCUUCAGGAUGAUC
zma-miR167h-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167i-3p	CpsHsp-11	5.0	-1.0	GAUCAUGUUGCAGCUUCAC	GUCGAGCUUCAGGAUGAUC
zma-miR167i-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA
zma-miR167j-5p	CpsHsp-29	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCA--UGAUCUG	AAGAUCCAUUUCUGGCAGCUUCA

EK 44 Kabak Hsp40 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
A. thaliana					
ath-miR156a-3p	CpHsp40-26	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUUUCUGUCAGA	UAUGACGUAAGGAGCAGUGGUU
ath-miR156a-3p	CpHsp40-26	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUUUCUGUCAGA	UAUGACGUAAGGAGCAGUGGUU
ath-miR156a-3p	CpHsp40-183	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUUUCUGUCAGA	UAUGACGUAAGGAGCAGUGGUU
ath-miR156a-3p	CpHsp40-18	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUUUCUGUCAGA	CGCGUCAGAGAGAGAGGUGGGA
ath-miR156a-3p	CpHsp40-179	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUUUCUGUCAGA	GUGAGCAUGAGGAGCAGUGGGA
ath-miR156a-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
ath-miR156a-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
ath-miR156a-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
ath-miR156b-3p	CpHsp40-88	5.0	-1.0	UGCUCACCUCUCUUUCUGUCAGU	GAAGGCA-AAGGAGGGGUGAGGA
ath-miR156b-3p	CpHsp40-181	5.0	-1.0	UGCUCACCUCUCUUUCUGUCAGU	GCCAAGAGAAAGAGGGAUGAUUA
ath-miR156b-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
ath-miR156b-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
ath-miR156b-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
ath-miR156c-3p	CpHsp40-109	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUAUCUGUCAGA	AGAGACAAUUGGAGAAGUGAGA
ath-miR156c-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
ath-miR156c-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
ath-miR156c-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
ath-miR156d-3p	CpHsp40-160	5.0	-1.0	GCUCACUCUCUUUUUGUCAUAAC	AAUGUGGAAGAAAAAGCGUGAGC
ath-miR156d-3p	CpHsp40-86	5.0	-1.0	GCUCACUCUCUUUUUGUCAUAAC	AGCCUUACAGGAGGAUAGUGAGA
ath-miR156d-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
C. melo					
cme-miR156a	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
cme-miR156a	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
cme-miR156a	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
cme-miR156b	CpHsp40-129	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
cme-miR156b	CpHsp40-13	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
cme-miR156c	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
cme-miR156c	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
cme-miR156c	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
cme-miR156d	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
cme-miR156d	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
cme-miR156d	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
cme-miR156f	CpHsp40-42	5.0	-1.0	UGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AUGCU-UCUACCUUUUGUUG
cme-miR156g	CpHsp40-100	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGGGAGCAC	CGGCUGUCUUGCUUUUGUCA
cme-miR156h	CpHsp40-100	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGGGAGCAC	CGGCUGUCUUGCUUUUGUCA
cme-miR156i	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
cme-miR156i	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
cme-miR156i	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
cme-miR156j	CpHsp40-97	5.0	-1.0	GUUGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AACUUCGUUCUAGUCUGUCAGC
cme-miR156j	CpHsp40-79	5.0	-1.0	GUUGACAGAAGAGAGUGAGCAC	UUCUUCAGUUUCUUCUGUGGAA
G. max					
gma-miR156a	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
gma-miR156a	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
gma-miR156a	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
gma-miR156ab	CpHsp40-54	5.0	-1.0	AUUUAAGUGAUGGGAGCUCCG	UAGAGCUCUCGUUGCUGAGAA
gma-miR156ab	CpHsp40-76	5.0	-1.0	AUUUAAGUGAUGGGAGCUCCG	AGCAGAUUCCAUCACAUAAAC
gma-miR156ab	CpHsp40-76	5.0	-1.0	AUUUAAGUGAUGGGAGCUCCG	UUGAGUACCCAUUGUUUGAGG
gma-miR156b	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGA-GAGCACA	UGUGCUCAUUUUUUAUUCUGUUA
gma-miR156b	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGAGAGCACA	UCUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
gma-miR156c	CpHsp40-129	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156c	CpHsp40-13	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156d	CpHsp40-129	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156d	CpHsp40-13	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156e	CpHsp40-129	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156e	CpHsp40-13	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156f	CpHsp40-99	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAGAGAGAGCACA	CGGGCACUUUCUUUUGUUUCAA
gma-miR156h	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
gma-miR156h	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
gma-miR156h	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
gma-miR156i	CpHsp40-129	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156i	CpHsp40-13	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
gma-miR156j	CpHsp40-129	5.0	-1.0	UUGACAGAAGAUAGAGAGCAC	AAGUUCUCCGUCUUCUUUUGA
O. sativa					
osa-miR156a	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
osa-miR156a	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
osa-miR156a	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
osa-miR156b-3p	CpHsp40-170	5.0	-1.0	GCUCACUCUCUAUCUGUCAGC	AUUGUCACAUUGAGAGAGAGC
osa-miR156b-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
osa-miR156b-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
osa-miR156b-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
osa-miR156c-3p	CpHsp40-18	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUCUCUGUCAGC	AAAGAGAGAGGGAGAGAUUAGC

EK 44'ün devamı

O. sativa					
osa-miR156c-3p	CpHsp40-109	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUCUCUGUCAGC	AGAGACAAUUGGAGAAGUGAGA
osa-miR156c-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
osa-miR156c-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
osa-miR156c-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
osa-miR156d	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
osa-miR156d	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
osa-miR156d	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
osa-miR156e	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
osa-miR156e	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
osa-miR156e	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
osa-miR156f-3p	CpHsp40-164	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAUCUGAGGAAGAGAAGAGAGC
osa-miR156f-3p	CpHsp40-104	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	CGGCACAGAAAGAGAAAUAAGA
osa-miR156f-3p	CpHsp40-17	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AGAAACUGUGGGAGAAGUGAGG
osa-miR156f-3p	CpHsp40-109	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AGAGACAAUUGGAGAAGUGAGA
osa-miR156f-3p	CpHsp40-88	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	GAAGGCA-AAGGAGGGGUGAGG
osa-miR156f-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
osa-miR156f-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
osa-miR156f-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
osa-miR156g-3p	CpHsp40-18	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUCUCUGUCAGC	AAAGAGAGAGGGAGAGAUUAGC
osa-miR156g-3p	CpHsp40-109	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUCUCUGUCAGC	AGAGACAAUUGGAGAAGUGAGA
osa-miR156g-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
osa-miR156g-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
Z. Mays					
zma-miR156a-3p	CpHsp40-18	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUCUCUGUCAGU	AAAGAGAGAGGGAGAGAUUAGC
zma-miR156a-3p	CpHsp40-109	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUCUCUGUCAGU	AGAGACAAUUGGAGAAGUGAGA
zma-miR156a-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
zma-miR156a-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
zma-miR156a-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
zma-miR156b-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
zma-miR156b-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
zma-miR156b-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
zma-miR156c	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
zma-miR156c	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
zma-miR156c	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
zma-miR156d-3p	CpHsp40-164	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAUCUGAGGAAGAGAAGAGAGC
zma-miR156d-3p	CpHsp40-104	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	CGGCACAGAAAGAGAAAUAAGA
zma-miR156d-3p	CpHsp40-17	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AGAAACUGUGGGAGAAGUGAGG
zma-miR156d-3p	CpHsp40-109	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AGAGACAAUUGGAGAAGUGAGA
zma-miR156d-3p	CpHsp40-88	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	GAAGGCA-AAGGAGGGGUGAGG
zma-miR156d-5p	CpHsp40-177	5.0	-1.0	UGACAGAA-GAGAGUGAGCAC	GUGCUCAUUUUUAUUCUGUUA
zma-miR156d-5p	CpHsp40-27	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	CUUCUUCCUCUUCUUUGUCA
zma-miR156d-5p	CpHsp40-07	5.0	-1.0	UGACAGAAGAGAGUGAGCAC	AAGCAUAUUCACUUCUGUCG
zma-miR156e-3p	CpHsp40-109	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUCUCUGUCAUC	UAUGGCGGAGGAAGCAUUGGGC
zma-miR156e-3p	CpHsp40-68	5.0	-1.0	GCUCACUGCUCUCUCUGUCAUC	UAUGGCGGAGGAAGCAUUGGGC

EK 45 Kabak Hsp60 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
A. thaliana					
ath-miR166a-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
ath-miR166b-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
ath-miR166c	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
ath-miR166d	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
ath-miR166e-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
ath-miR166e-5p	CpHsp60-11	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGCACGAGG	AAUUGUUCUGGACACCAUUUU
ath-miR166f	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
ath-miR166g	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
C. melo					
cme-miR166a	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
cme-miR166b	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
cme-miR166c	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
cme-miR166d	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
cme-miR166e	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCUC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
cme-miR166f	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
cme-miR166g	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
cme-miR166h	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
G. max					
gma-miR166a-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166b	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166c-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166d	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166e	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166f	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166g	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166h-5p	CpHsp60-11	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAGG	AUUCAAGUCAAACAGC-UUCC
gma-miR166i-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166j-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCG	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166j-5p	CpHsp60-11	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAGG	AUUCAAGUCAAACAGC-UUCC
gma-miR166n	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166o	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166q	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166r	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166s	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
gma-miR166t	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
O. sativa					
osa-miR166a-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166b-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166c-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166d-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166f	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166g-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCUC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166h-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCUC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166i-5p	CpHsp60-29	5.0	-1.0	AAUGCAGUUUGAUCCAAGAUC	AAUUCUAGAUUGAACUGCAGU
osa-miR166j-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
osa-miR166k-5p	CpHsp60-02	5.0	-1.0	GGUUUGUUGUCUGGCUCGAGG	CUUUGA-CCAGACAUCAAGCU
osa-miR166l-5p	CpHsp60-06	5.0	-1.0	GGAUUGUUGUCUGGUUCAAGG	GAGUGGACCAGAUAAUAAUGU
osa-miR166l-5p	CpHsp60-02	5.0	-1.0	GGAUUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCUUUGACCAGACAUCAAGCU
osa-miR166m	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCU	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
Z. Mays					
zma-miR166a-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166b-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166c-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166d-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166e	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166f	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166g-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166g-5p	CpHsp60-38	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGUUGGAGA	CUUCCUACCAUAAAACAUUCA
zma-miR166h-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166i-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCC	GGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166j-5p	CpHsp60-01	5.0	-1.0	GGUUUGUUUGUCUGGUUCAAGG	GGAUGGAACAGAAAAGCAAGUU
zma-miR166j-5p	CpHsp60-32	5.0	-1.0	GGUUUGUUUGUCUGGUUCAAGG	UGCUAAGCUAGUCAGACAAGCU
zma-miR166j-5p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	GGUUUGUUUGUCUGGUUCAAGG	UGCUAAGCUAGUCAGACAAGCU
zma-miR166j-5p	CpHsp60-38	5.0	-1.0	GGUUUGUUUGUCUGGUUCAAGG	UGGUGGACAAAAUAAAGAAACC
zma-miR166j-5p	CpHsp60-38	5.0	-1.0	GGUUUGUUUGUCUGGUUCAAGG	GGAAGAUCGAGACGAGCAGAUC
zma-miR166k-5p	CpHsp60-30	5.0	-1.0	GGAUUGUUGUCUGGCUCGGGG	CUCCGAGGCAAAUAGAAAUCC
zma-miR166k-5p	CpHsp60-32	5.0	-1.0	GGAUUGUUGUCUGGCUCGGGG	GCUUGAUUCGGACUAUAAUCC
zma-miR166l-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCUC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166m-3p	CpHsp60-08	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCUC	UGGGAGUUACUCUUGGUCCGA
zma-miR166n-5p	CpHsp60-30	5.0	-1.0	GGAUUGUUGUCUGGCUCGGUG	CUCCGAGGCAAAUAGAAAUCC

EK 45'in devamı

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
zma-miR166n-5p	CpHsp60-32	5.0	-1.0	GGAUUGUUGUCUGGCUCGGUG	GCUUGAUUCGGACUAUAAUCC

EK 46 Kabak Hsp70 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
A. thaliana					
ath-miR167a-3p	CpHsp70-21	5.0	-1.0	GAUCAUGUUCGCAGUUUCACC	GAUGAAAUUGAGAAAAUGGUG
ath-miR167a-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
ath-miR167a-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
ath-miR167b	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
ath-miR167b	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
ath-miR167d	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	GUUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
ath-miR167d	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	GUUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
C. melo					
cme-miR167a	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167a	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167b	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167b	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167c	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167c	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167d	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167d	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167e	CpHsp70-28	5.0	-1.0	UCAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	CAGUUCAAGCUGCCAUCUUGA
cme-miR167f	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
cme-miR167f	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
G. max					
gma-miR167a	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167a	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167b	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167b	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167c	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167c	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167d	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167d	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167e	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167e	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167f	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167f	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUU	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167g	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA	GUUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167g	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGA	GUUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167h	CpHsp70-28	5.0	-1.0	AUCAUGCUGGCAGCUUCAACUGGU	CGCAGUUCAAGCUGCCAUCUUGAG
gma-miR167h	CpHsp70-02	5.0	-1.0	AUCAUGCUGGCAGCUUCAACUGGU	UGCUGUUCAAGCUGCCAUCCUGAG
gma-miR167i	CpHsp70-15	5.0	-1.0	UCAUGCUGGCAGCUUCAACUGGU	UGCAGUCCAAGCUGCCAUCUUGA
gma-miR167j	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
gma-miR167j	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
O. sativa					
osa-miR167a-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167a-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167b	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167b	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167c-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167c-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167d-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167d-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167e-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167e-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167f	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167f	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167g	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167g	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167h-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167h-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167i-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167i-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167j	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
osa-miR167j	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
Z. Mays					
zma-miR167a-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167a-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167b-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167b-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167c-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167c-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167d-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167d-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167e-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167e-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA

Z. Mays					
zma-miR167f-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167f-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167g-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167g-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167h-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167h-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167i-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167i-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167j-5p	CpHsp70-02	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA
zma-miR167j-5p	CpHsp70-19	5.0	-1.0	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UUGUUCUUGUUGGUGGCUCCA

EK 47 Kabak Hsp90 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Arabidopsis thaliana					
ath-miR156d-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GCUCACUCUCUUUUUGUCAUAAC	UGACUGAUAAAGAGAUAUUGGGU
ath-miR167a-3p	CpHsp90-09	5.0	-1.0	GAUCAUGUUCGCAGUUUCACC	GGUGCUGAUGUGAGCAUGAUU
ath-miR167a-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GAUCAUGUUCGCAGUUUCACC	GGUGCUGAUGUGAGCAUGAUU
ath-miR167a-3p	CpHsp90-05	5.0	-1.0	GAUCAUGUUCGCAGUUUCACC	GGUGCUGAUGUGAGCAUGAUU
ath-miR2111b-3p	CpHsp90-09	5.0	-1.0	AUCCUCGGGAUACAGUUUACC	AUUACCCUGUAUCUCAAGGAA
ath-miR390a-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
ath-miR390b-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
ath-miR400	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UAUGAGAGUAUUAUAAGUCAC	CGUUUUUGGAAUACUCUUAUA
ath-miR406	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UAGAAUGCUAUUGUAAUCCAG	GUGGAGUUCAGGAGUGUUCUA
ath-miR414	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	AGCCGUUGAGGAGGAAGAUGA
ath-miR414	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UCACUUUAAUGCUGAAGGUGA
ath-miR419	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UUAUGAAUGCUGAGGAUGUUG	CUGGAACUUCAGCAUUCGUGG
ath-miR4221	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UUUUCCUCUGUUGAAUUCUUGC	AGAAGAACUCAAAGAAGGAGAA
ath-miR4221	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUUUCCUCUGUUGAAUUCUUGC	CUAAGAUGUCAGCAAAGGAAAU
ath-miR4221	CpHsp90-06	5.0	-1.0	UUUUCCUCUGUUGAAUUCUUGC	CCGAAAGCUCAGAAGAGGAAGA
ath-miR4221	CpHsp90-06	5.0	-1.0	UUUUCCUCUGUUGAAUUCUUGC	CAAAGAAGU-GACAGAGGAAGA
ath-miR5016	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUCUUGUGGAUUCCUUGGAAA	GGACCAAGGAAUUCAUGGAAG
ath-miR5016	CpHsp90-09	5.0	-1.0	UUCUUGUGGAUUCCUUGGAAA	GGACCAAGGAAUUCAUGGAAG
ath-miR5016	CpHsp90-05	5.0	-1.0	UUCUUGUGGAUUCCUUGGAAA	GGACCAAGGAAUUCAUGGAAG
ath-miR5021	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UGAGAAGAAGAAGAAGAAAA	CUCCCUUCCUCUUUUUCUCA
ath-miR5632-3p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUGGAUUUAUAGUUGGAUAAG	UCUAUACAACUUUGAAUGUAA
ath-miR5633	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UAUGAUCAUCAGAAAACAGUG	UGUUUAUUUCUGAUGAUUUUG
ath-miR5648-5p	CpHsp90-06	5.0	-1.0	UUUGGAAAUAUUUGGCUUGACU	UACGAAGACAAAAAAUUCCAAA
ath-miR5648-5p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UUUGGAAAUAUUUGGCUUGACU	UACGAAGACAAAAAAUUCCAAA
ath-miR5650	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUGUUUUGGAUCUUAGAUACA	UGU-UGUAAGCUCUAAAACAA
ath-miR5652	CpHsp90-05	5.0	-1.0	UUGAAUGUGAAUGAAUCGGGC	UGGGGGUUCAUUCACAGUCAC
ath-miR5658	CpHsp90-06	5.0	-1.0	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAAA	UCUCAUGGACAUUAUUAUCAA
ath-miR5664	CpHsp90-10	5.0	-1.0	AUAGUCAAUUUUAUCGGUCUG	AAGGCCGGUGGAAUUGAUGAG
ath-miR5666	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AUGGGACAUCGAGCAUUUAAU	GGUCAAUACUUUAUGUCCCAG
ath-miR5998a	CpHsp90-01	5.0	-1.0	ACAGUUUGUGUUUUGUUUUGU	GCAAGAGAAGUCAAAAACUGU
ath-miR5998b	CpHsp90-01	5.0	-1.0	ACAGUUUGUGUUUUGUUUUGU	GCAAGAGAAGUCAAAAACUGU
ath-miR5999	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UCUUCACUAUUAGACGGACAA	GAGUCACUUUAAUGCUGAAGG
ath-miR773b-3p	CpHsp90-09	5.0	-1.0	UUUGAUUCCAGCUUUUGUCUC	AAUGUUGAAGCUGGGAUUAAG
ath-miR774b-3p	CpHsp90-06	5.0	-1.0	CAUCCAUAUUUUCAUCUCGAA	UGUGACAUCCAAGUAUGGAUG
ath-miR779.1	CpHsp90-09	5.0	-1.0	UUCUGCUAUGUUGCUGCUCAU	GAGGGUAGCAAGAUGGAGGAA
ath-miR779.1	CpHsp90-05	5.0	-1.0	UUCUGCUAUGUUGCUGCUCAU	GAGGGUAGCAAGAUGGAGGAA
ath-miR824-3p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	CCUUCUCAUCGAUGGUCUAGA	CUGAGACUCUUGGUGAGAAGU
ath-miR825	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUCUCAAGAAGGUGCAUGAAC	UGACAUGCCUCCUCUUGAGGA
ath-miR830-5p	CpHsp90-06	5.0	-1.0	UCUUCUCCAAAUAGUUUAGGUU	UUAUUGGACAAUUUGGAGUAGG
ath-miR830-5p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UCUUCUCCAAAUAGUUUAGGUU	GCUCAAGAAUACUUGGAGGAGG
ath-miR831-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	AGAAGCGUACAAGGAGAUGAGG	UGAUCUCCCCUUGAACGUUUCU
ath-miR832-5p	CpHsp90-08	5.0	-1.0	UGCUGGGAUCGGGAAUCGAAA	UAUUGACUUCUGGUUUCAGCC
ath-miR832-5p	CpHsp90-08	5.0	-1.0	UGCUGGGAUCGGGAAUCGAAA	UGUUGAAACUUGGUCUUAGCA
ath-miR833b	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGUUUGUUGACAUCGGUCUAG	GAGGGCGGAUGUUGACAAGAA
ath-miR835-5p	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UUCUUGCAUAUGUUCUUUAUC	GAUAAACAAUAUGUUUGGGAA
ath-miR837-5p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	AUCAGUUUCUUGUUCGUUUCA	AAGAGUGAAGAAGAAGAUGAU
ath-miR837-5p	CpHsp90-08	5.0	-1.0	AUCAGUUUCUUGUUCGUUUCA	GAAAAUGAAGGAGGAGAUGAU
ath-miR838	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUUUCUUCUACUUCUUGCACA	GGUGGAAGAAGAAGAAGAACC
ath-miR838	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UUUUCUUCUACUUCUUGCACA	GGUGGAAGAAGAAGAAGAACU
ath-miR838	CpHsp90-10	5.0	-1.0	UUUUCUUCUACUUCUUGCACA	AUUGAAGAAGGUUGGAGAAAA
ath-miR842	CpHsp90-08	5.0	-1.0	UCAUGGUCAGAUCCGUCAUCC	CCGUCAAGGAUUUGGUCAUGC
ath-miR843	CpHsp90-09	5.0	-1.0	UUUAGGUCGAGCUUCAUUGGA	CUCAAGGAAGAUCAACUUGAA
ath-miR844-5p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGGUAAGAUUGCUUAUAAGCU	AACUUAUCAGCAAUUCUUCCG
ath-miR859	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UCUCUCUGUUGUGAAGUCAAA	AGGGACAUUGCAAGGGAGAGA
Cucumis melo					
cme-miR171i	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUGAGCCGUUCCAAUAUCACA	ACUGGCAUUGGAAUGACUAAA
cme-miR390a	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
cme-miR390b	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
cme-miR390c	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
cme-miR390d	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
cme-miR396e	CpHsp90-09	5.0	-1.0	UUCCACGGCUUUCUUGAACUG	UGGGUGGAGAAGGUCGUGGUA
Glycine max					
gma-miR1517	CpHsp90-08	5.0	-1.0	AGUCUUGGUCAAUGUCGUUCGAAA	CCUCUGACG-CAUUGGACAAGAUU
gma-miR1530	CpHsp90-06	5.0	-1.0	UUUUCACAUAAAUUAAAAUAU	AGCUUUUGAAUGAUGUGAAAG
gma-miR1530	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UUUUCACAUAAAUUAAAAUAU	AGCUUUUGAAUGAUGUGAAAG
gma-miR166h-3p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UCUCGGACCAGGCUUCAUUCC	UCAAAGAUGUCUUGUUUGAGA
gma-miR166h-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAGG	AGUGGAUUCAAAUGACCUUCC
gma-miR166j-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUUUGGCUCGAGG	AGUGGAUUCAAAUGACCUUCC
gma-miR166k	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UCUCGGACCAGGCUUCAUUCC	UCAAAGAUGUCUUGUUUGAGA
gma-miR166u	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UCUCGGACCAGGCUUCAUUC	CAAAGAUGUCUUGUUUGAGA
gma-miR169l-3p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	CGGGCAAGUUGUUUUUGGCUAC	GGAGCAGAUAACAGCUUGAUCG
gma-miR390a-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU

EK 47'nin devamı

Glycine max					
gma-miR390b-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCACC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
gma-miR390d	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCACC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
gma-miR390f	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
gma-miR390g	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
gma-miR393c-3p	CpHsp90-08	5.0	-1.0	AUCAUGCUAUCCCUUUGGAUU	ACUCGGAAGGGGUACCAAGAU
gma-miR395d	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	UCAGUGACCCCAAGGACUUUG
gma-miR395e	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	UCAGUGACCCCAAGGACUUUG
gma-miR395f	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	UCAGUGACCCCAAGGACUUUG
gma-miR395g	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	UCAGUGACCCCAAGGACUUUG
gma-miR396g	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UUCUUGAACUUCUUAUGCAUC	AAUGCAAAAGAGGUU-GAGAA
gma-miR396g	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UUCUUGAACUUCUUAUGCAUC	UGUAUACAAGAGGUGCAGGAA
gma-miR4366	CpHsp90-06	5.0	-1.0	CUACUUAGUAGAGAUUUGUUGG	AUUUGAACUUUUUGCUGAGUAG
gma-miR4393a	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UGAGAAAAGGACGGCAGAAAAGCC	UUCACUUCCUUCCUCUUUUUCUUA
gma-miR4400	CpHsp90-08	5.0	-1.0	UUCGGAAAAAUUCUG--GAAGACGUC	GAGCUUUUCAUCAGAAUUGUUCCGGA
gma-miR4405	CpHsp90-04	5.0	-1.0	AUUCUAAGACGGUUAUCUGGGACC	ACUAACAGA-AACCGUCUUGCAAA
gma-miR4992	CpHsp90-07	5.0	-1.0	AUUCUAAGAUGGUUUUUGUUAG	AGCUCAAAAGCAAACUUAGAGU
gma-miR4993	CpHsp90-01	5.0	-1.0	GAGCGGCGGCGGUGGAGGAUG	AUGCUUCUGCUGCUGCUGCUG
gma-miR4994-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	GGUUA-GCUCAAGGAUCUCAC	CUAAGAUUCUUGAGCGUGACC
gma-miR5032	CpHsp90-07	5.0	-1.0	AGAGCCACUUUUGGGUUCCCUAU	GAAAUGGGCUCAGAAAUGGCUUU
gma-miR5040	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AUGAUAUAUAACAAGCAUGAG	UGCAUGUGUGUAAUAUGUAAU
gma-miR5369	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UGAGAAAAGGAGGAUGUCA	UUCCUUCCUCUUUUUCUUA
gma-miR5370	CpHsp90-06	5.0	-1.0	CUAAAGAUUGUCCAAAAGGAA	AUCUUAUUGGACAAUUUGGAG
gma-miR5380c	CpHsp90-04	5.0	-1.0	AUGAAUGGUGAAGAUGAAGAG	UUUAUCAACUUCCCUAUUUAU
gma-miR5380c	CpHsp90-04	5.0	-1.0	AUGAAUGGUGAAGAUGAAGAG	AUCUGGAACUUCAGCAUUCGU
gma-miR5773	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUUUUAAAAGGUUCAGUUAGGU	CGAUAUUUGAGCUUUGUGAAAG
gma-miR5773	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UUUUUAAAAGGUUCAGUUAGGU	CGAUAUUUGAGCUUUGUGAAAG
gma-miR5780b	CpHsp90-06	5.0	-1.0	UCUGAGUCCAUGAUAUAUUAAA	GAGAAUA-GUCAAGGAUUCGGA
gma-miR9737	CpHsp90-09	5.0	-1.0	UUGUGGCUGAAAUCACUGUUGC	GAAAAGGUGAUUGUAACCACAA
gma-miR9740	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGUAGGUUCCAGUGAGGGAAA	UCGUCCUUGCUGGAGCUAACA
gma-miR9742	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UGUGUUGUUUGUUUUGUAGCA	AGCUCUAAAACAAAGAAUAUC
gma-miR9746i	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAAGUGUUUGAAUUUCAAUUAGAU	UAAAUACUGGAAUUCAGGCGUUCU
gma-miR9752	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UGCUUCUUCUUUUCCCUGUUU	AAAAACUGAGAAGAAGAAGAA
Oryza sativa					
osa-miR1320-3p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UGUAAAAUUCAUU-CGUUCCAA	GAGGAAUACAAUGAGUUUUACA
osa-miR1429-3p	CpHsp90-05	5.0	-1.0	GUUGCACGGGUUUGUAUGUUG	AUUCAUGGAAGCCCUUGCAGC
osa-miR1432-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	AUCAGGAGAGAUGACACCGAC	UCCAGUGGAUUCUCUCCUGAU
osa-miR1432-5p	CpHsp90-01	5.0	-1.0	AUCAGGAGAGAUGACACCGAC	UCCAGUGGAUUCUCUCCUGAU
osa-miR1438	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AGGGUAAUUUUAUCAUUUUUAA	AUCCAAUUGAUGAAGUUGCCAU
osa-miR1438	CpHsp90-06	5.0	-1.0	AGGGUAAUUUUAUCAUUUUUAA	AGAAGAACUAUGAGGUUAUCUU
osa-miR1442	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AUUCAUAGUACUAGAUGUGU	GUGUGACUAGUGCUAAGAAU
osa-miR156f-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAGUAUAGCAGAAGAAGUGAGU
osa-miR156h-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAGUAUAGCAGAAGAAGUGAGU
osa-miR156l-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAGUAUAGCAGAAGAAGUGAGU
osa-miR166k-5p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GGUUUGUUGUCUGGCUCGAGG	AAUCGA-UUGGACAACACACC
osa-miR168a-5p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCGCUUGGUGCAGAUCGGGAC	UCGGCCAGCUGCACCAAGCGU
osa-miR1857-5p	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UGGUUUUUUUGGAGCAUGAGG	AGUGAUGCUUUAGACAAGCUA
osa-miR1857-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UGGUUUUUUUGGAGCAUGAGG	AGAAAUUCUUCAAGAAAGCCG
osa-miR1860-3p	CpHsp90-06	5.0	-1.0	AUCUGGAAGCUAGGUUUUCUCU	UUCGAGAGUUUCGCUUCUGGGU
osa-miR1862d	CpHsp90-06	5.0	-1.0	ACUAGGUUUGUUUAUUUUGGGACG	UUUGGCAAAUCAAUUAAACUUGGU
osa-miR1863b.2	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AGAGACUUGGCUGAUGCAUUACU	CAGAGUGGAACUGCCAAGUUUUU
osa-miR1876	CpHsp90-07	5.0	-1.0	AUAAGUGGGUUUGUGGGCUGGCCC	UAAUGAGUUUCUAGACCCACUUGC
osa-miR2055	CpHsp90-10	5.0	-1.0	UUUCCUUGGGAAGGUGGUUUC	GAAACCAAAUGUCCAAGGGAA
osa-miR2093-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	GUGCAUUAAUUGGAAGAACA	AGUUGAUCCAAUUGAUGAAG
osa-miR2095-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	CUGAUAAUUUUACGAUGAAUAG	UUUUUCUUCGUGAGCUUAUAAG
osa-miR2105	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUGUGAUGUGAAUGAUUCAU	CUGAAACGUUUGCAUUCCAG
osa-miR2118l	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUCCUAAUGCUUCCCAUUCCUA	AACAACUGAGAAGUAUUGGGAC
osa-miR2864.1	CpHsp90-08	5.0	-1.0	UUUUGCUGCCCUUGUUUUGCA	UUCCGGACAAGGACAACAAAA
osa-miR2921	CpHsp90-04	5.0	-1.0	AAGAACUUAAUAUAACUUUAAAGC	UGCUGAAGGUGAUGUUGAGUUCAA
osa-miR2921	CpHsp90-06	5.0	-1.0	AAGAACUUAAUAUAACUUUAAAGC	UGCAGAAGGUGAUGUUGAGUUCAA
osa-miR2926	CpHsp90-06	5.0	-1.0	AGGUCGUCGACGUUGGUGCU	UUCGACAACGUUGACGAUGU
osa-miR2930	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UUCUCUUCUCUCGCGCGUGGCC	CUCCAUGAGUGAGAACAGAGAA
osa-miR390-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
osa-miR395b	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395d	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395e	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395g	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395h	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395i	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395j	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395k	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395l	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395m	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395n	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC

EK 47'nin devamı

osa-miR395n	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395q	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395r	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395s	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395t	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGAAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR395u	CpHsp90-01	5.0	-1.0	GUGAAGCGUUUGGGGGAAAUC	ACCUCCCCCUAAAUGUUUCUC
osa-miR395w	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	AGGAAUCCUUCAAAGAUCUUAC
osa-miR395x	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGUAGCUC	CAGCUGCACCAAGCGUCUCGC
osa-miR395y	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
osa-miR396d	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCCACAGGCUUUCUUGAACGG	AGGAUUGAGAAGGCUGGUGGG
osa-miR396e-5p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UCCACAGGCUUUCUUGAACUG	CGAUUCGAGAGACCCAGUGGA
osa-miR396e-5p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCCACAGGCUUUCUUGAACUG	AGGAUUGAGAAGGCUGGUGGG
osa-miR396g	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCCACAGGCUUUCUUGAACGG	AGGAUUGAGAAGGCUGGUGGG
osa-miR396h	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCCACAGGCUUUCUUGAACGG	AGGAUUGAGAAGGCUGGUGGG
osa-miR3980a-5p	CpHsp90-09	5.0	-1.0	AAUCGACGGCCUCAGUCAGGG	AUCUGACCG-GGUUGUCGAUU
osa-miR3980b-5p	CpHsp90-09	5.0	-1.0	AAUCGACGGCCUCAGUCAGGG	AUCUGACCG-GGUUGUCGAUU
osa-miR414	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	AUAUGA-GAUGAUGGGUAUGG
osa-miR419	CpHsp90-06	5.0	-1.0	UGAUGAAUGCUGACGAUGUUG	AGAGAUAUUCAGAAUUUAUCA
osa-miR419	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UGAUGAAUGCUGACGAUGUUG	AGAGAUAUUCAGAAUUUAUCA
osa-miR444a-3p.1	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GAAGGAAGUUUGAGAGGGCAA
osa-miR444b.1	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGUUGUCUCAAGCUUGCUGCC	GGAAGGAAGUUUGAGAGGGCA
osa-miR444c.1	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGUUGUCUCAAGCUUGCUGCC	GGAAGGAAGUUUGAGAGGGCA
osa-miR444d.1	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	GAAGGAAGUUUGAGAGGGCAA
osa-miR444d.3	CpHsp90-10	5.0	-1.0	UUGUGGCUUUCUUGCAAGUUG	AAUCUAGCGAGGAAGUUGCAG
osa-miR444f	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGCAGUUGUUGCCUCAAGCUU	CCCCUGGGGGCAAUAAUGGCA
osa-miR5073	CpHsp90-09	5.0	-1.0	GUUUGGUGAAUCGGAAACUAUUU	ACCGGGUUGUCGAUUCGCCGUGC
osa-miR5077	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GUUCGCGUCGGGUUCACCA	UGGAGAAGCCGAUGCUGAC
osa-miR5148a	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UGAGGGGUAGAAAUGUCAUAUCAU	CCAUUAUUGCGUUUUUACACCUCC
osa-miR5148b	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UGAGGGGUAGAAAUGUCAUAUCAU	CCAUUAUUGCGUUUUUACACCUCC
osa-miR5148c	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UGAGGGGUAGAAAUGUCAUAUCAU	CCAUUAUUGCGUUUUUACACCUCC
osa-miR529b	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AGAAGAGAGAGAGUACAGCUU	UUGCUUCGAUUUUUCUCUUCU
osa-miR5489	CpHsp90-07	5.0	-1.0	CAGGUGUUCUCGAUGGCUUCC	ACAGGCCCUUGGGGAUACUUC
osa-miR5491	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGAAAUGGAGGCUCGUUGUAC	GGUCAACAAGCCUCCACUUUC
osa-miR5524	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UGGAAAAUGUGUUCAUGACGG	UUGGAAUGGGUAUGUUUUCUA
osa-miR5528	CpHsp90-04	5.0	-1.0	AAGACGGUUUUAGAU-GUUGCC	UGCAACUAACAGAAACCGUCUU
osa-miR5543	CpHsp90-03	5.0	-1.0	UAUGAAUGGUAUAUUUUCUUG	AUACGGAUUGUGCCAUUCGUG
osa-miR5791	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UUGCAGGAGACUAGAGACCAG	UGUGUC-CUAGUUUCCGGCAA
osa-miR5812	CpHsp90-09	5.0	-1.0	AGCAACGAUUUUAAGAUUGUGGCA	GUGAACAAUCUUGGAACCAUUGCG
osa-miR5812	CpHsp90-05	5.0	-1.0	AGCAACGAUUUUAAGAUUGUGGCA	GUGAACAAUCUUGGAACCAUUGCA
osa-miR5814	CpHsp90-07	5.0	-1.0	AAUCAAGUUAGGAACCAUGCAAGU	GACAUUGAGGUUCUUUACUUGAUU
osa-miR5817	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AUCGAAUUUGAAAGAAAAAGGUAU	UGUCGCAGUUCUUUCCAAUUCGGU
osa-miR5819	CpHsp90-02	5.0	-1.0	AGGACGAGGGGAACGGCGGCG	GGACCUCGUUCUCCUCCUCUU
Zea mays					
zma-miR156d-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAGUAUAGCAGAAGAAGUGAGU
zma-miR156f-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAGUAUAGCAGAAGAAGUGAGU
zma-miR156g-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GCUCACUUCUCUUUCUGUCAGC	AAGUAUAGCAGAAGAAGUGAGU
zma-miR164e-3p	CpHsp90-05	5.0	-1.0	CAUGUGUCCGCCCUCUCCACC	AAGGAAGAGGGCGGACGCAGA
zma-miR166j-5p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	GGUUUGUUUGUCUGGUUCAAGG	UCAUGAGCAGGGUCAACAAGCC
zma-miR168a-5p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCGCUUGGUGCAGAUCGGGAC	UCGGCCAGCUGCACCAAGCGU
zma-miR168b-5p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCGCUUGGUGCAGAUCGGGAC	UCGGCCAGCUGCACCAAGCGU
zma-miR172b-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	CAGCACCAUCAAGAUUCACA	AGUUAUUCUUGAUGGUAAUG
zma-miR172d-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	CAGCACCAUCAAGAUUCACA	AGUUAUUCUUGAUGGUAAUG
zma-miR2275a-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UUUGUUUUCCUCCAAUAUCUCA	AGAGAUAUUGGGUGAGGGCGAC
zma-miR2275a-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUUGUUUUCCUCCAAUAUCUCA	GAAGAAAUUGCAGGUAGACAGA
zma-miR2275b-3p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUCAGUUUCCUCUAAUAUCUCA	AUGGCUGUUGGAGGAAGAUGGG
zma-miR2275c-3p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	UUCAGUUUCCUCUAAUAUCUCA	AUGGCUGUUGGAGGAAGAUGGG
zma-miR2275d-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UUUGUUUUCCUCUAA-UAUCUCA	AAGAAUACUUGGAGGAGGGCAAA
zma-miR2275d-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UUUGUUUUCCUCUAAUAUCUCA	CAUGAAAGGAAAGGAAAGCAAA
zma-miR390a-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
zma-miR390b-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGCC	GAGGUUUUUCUUCGUGAGCUU
zma-miR395a-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395b-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395d-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395e-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395e-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	GUUCCCUUCAAGCACUUCACAU	GUUUGGAGUUCAUGAGGGGAAG
zma-miR395f-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395g-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395h-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395h-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	GUUCCCUUCAAGCACUUCACAU	GUUUGGAGUUCAUGAGGGGAAG
zma-miR395i-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395j-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395j-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	GUUCCCUUCAAGCACUUCACAU	GUUUGGAGUUCAUGAGGGGAAG
zma-miR395k-5p	CpHsp90-01	5.0	-1.0	GUUUCCUUCAAGCACUUCACAU	UCUUGAAGGCCCUGAAGGAAAA
zma-miR395n-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC

EK 47'nin devamı

Zea mays					
zma-miR395o-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	GUUCUCUUCAAGCACUUCACGA	ACGUGAAAUCCUUCAAGAGAGU
zma-miR395p-3p	CpHsp90-04	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGUGACCCCAAGGACUUUGC
zma-miR395p-5p	CpHsp90-07	5.0	-1.0	GUUCCCUUCAAGCACUUCACAU	GUUUGGAGUUCAUGAGGGGAAG
zma-miR396c	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UUCCACAGGCUUUCUUGAACUG	CGAUUCGAGAGACCCAGUGGAU
zma-miR396d	CpHsp90-04	5.0	-1.0	UUCCACAGGCUUUCUUGAACUG	CGAUUCGAGAGACCCAGUGGAU
zma-miR399e-5p	CpHsp90-01	5.0	-1.0	GGGCUUCUCUUUCUUGGCAGG	AAGUCCAAGAAAGAGAAACUA
zma-miR408b-5p	CpHsp90-06	5.0	-1.0	CAGGGACGAGGCAGAGCAUGG	GCUUUCUCUCCCUCGUACCUG
zma-miR482-3p	CpHsp90-02	5.0	-1.0	UCUUCCUUGUUCCUCCCAUU	CAUGGAAGAACUGAGGAAGA
zma-miR482-3p	CpHsp90-05	5.0	-1.0	UCUUCCUUGUUCCUCCCAUU	CAUGGAAGAGCUAAGGAAGA
zma-miR482-5p	CpHsp90-01	5.0	-1.0	UGGGAGAUGAAGGAGCCUU	AGCGUGUCUUCAUCUCCGA
zma-miR529-5p	CpHsp90-03	5.0	-1.0	AGAAGAGAGAGAGUACAGCCU	UUGCUUCGAUUUUUCUCUUCU

EK 48 Kabak Hsp100 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
A. thaliana					
ath-miR395a	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
ath-miR395b	CpHsp100-99	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GAGUCGCUUUGGUCACUUCAG
ath-miR395b	CpHsp100-58	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	AACUCCUCUCAUCCACUUCAG
ath-miR395b	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
ath-miR395b	CpHsp100-134	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
ath-miR395b	CpHsp100-77	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
ath-miR395c	CpHsp100-99	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GAGUCGCUUUGGUCACUUCAG
ath-miR395c	CpHsp100-58	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	AACUCCUCUCAUCCACUUCAG
ath-miR395c	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
ath-miR395c	CpHsp100-134	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
ath-miR395c	CpHsp100-77	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
ath-miR395d	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
ath-miR395e	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
ath-miR395f	CpHsp100-99	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GAGUCGCUUUGGUCACUUCAG
ath-miR395f	CpHsp100-58	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	AACUCCUCUCAUCCACUUCAG
ath-miR395f	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
ath-miR395f	CpHsp100-134	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
ath-miR395f	CpHsp100-77	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
C. melo					
cme-miR395a	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
cme-miR395b	CpHsp100-131	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CUGUUCUUCCAAUCAUUAUAA
cme-miR395b	CpHsp100-73	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGCAUCUCUAAAUGCUUCAG
cme-miR395b	CpHsp100-77	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UGGUUGCCCCGGACACUGAAA
cme-miR395b	CpHsp100-77	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
cme-miR395b	CpHsp100-134	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
cme-miR395c	CpHsp100-131	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CUGUUCUUCCAAUCAUUAUAA
cme-miR395c	CpHsp100-73	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CAGCAUCUCUAAAUGCUUCAG
cme-miR395c	CpHsp100-77	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UGGUUGCCCCGGACACUGAAA
cme-miR395c	CpHsp100-77	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
cme-miR395c	CpHsp100-134	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCUCAAACACUGCAG
cme-miR395d	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
cme-miR395e	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
cme-miR395f	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
G. max					
gma-miR395a	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
gma-miR395b	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
gma-miR395c	CpHsp100-13	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	AAGUACUUUCAGGCCCUUCAG
gma-miR395d	CpHsp100-117	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGAGUUUUCAGGAAUACUUCA
gma-miR395d	CpHsp100-13	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GAAGUACUUUCAGGCCCUUCA
gma-miR395d	CpHsp100-68	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395d	CpHsp100-25	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395e	CpHsp100-117	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGAGUUUUCAGGAAUACUUCA
gma-miR395e	CpHsp100-13	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GAAGUACUUUCAGGCCCUUCA
gma-miR395e	CpHsp100-68	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395e	CpHsp100-25	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395f	CpHsp100-117	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGAGUUUUCAGGAAUACUUCA
gma-miR395f	CpHsp100-13	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GAAGUACUUUCAGGCCCUUCA
gma-miR395f	CpHsp100-68	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395f	CpHsp100-25	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395g	CpHsp100-117	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGAGUUUUCAGGAAUACUUCA
gma-miR395g	CpHsp100-13	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GAAGUACUUUCAGGCCCUUCA
gma-miR395g	CpHsp100-68	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395g	CpHsp100-25	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GGCAUUUGCACAAACACUUCA
gma-miR395h	CpHsp100-137	5.0	-1.0	AUGAAGUGUUUGGGAGAACUC	AGGUUCUUUGGAAUAUUUUGU
gma-miR395h	CpHsp100-87	5.0	-1.0	AUGAAGUGUUUGGGAGAACUC	GCAUUCUCUCAAACACAUGGU
O. sativa					
osa-miR395u	CpHsp100-103	5.0	-1.0	GUGAAGCGUUUGGGGGAAAUC	CGUUGCGCUCAAGGGUUUCAC
osa-miR395v	CpHsp100-10	5.0	-1.0	GUGAAGUAUUUGGCGGAACUC	CAAUUCUGUCAAGGGUUUCAC
osa-miR395w	CpHsp100-140	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	GAAGAUACUCCAAGCUCUUCAA
osa-miR395w	CpHsp100-130	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	UCGCCGCCCUCAAACUCUUCAC
osa-miR395w	CpHsp100-129	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	GGCAAACUCAUAAACACUGCAC
osa-miR395w	CpHsp100-44	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	UCCAAUCCUCCAAA-ACUUCGG
osa-miR395w	CpHsp100-94	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	UCCAAUCCUCCAAA-ACUUCGG
osa-miR395w	CpHsp100-68	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	GGCAUUUGCACAAACACUUCAG
osa-miR395w	CpHsp100-25	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	GGCAUUUGCACAAACACUUCAG
osa-miR395w	CpHsp100-132	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	UGAAAUCCACCACAAACUUCGU
osa-miR395w	CpHsp100-22	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	UGAAAUCCACCACAAACUUCGU
osa-miR395w	CpHsp100-127	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	GUCGAUGCUCCAAACAUCUUAU
osa-miR395w	CpHsp100-37	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	GUCAAUCUAUCAGAUCUUUCAC
osa-miR395w	CpHsp100-57	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAUUCUC	UGAAAUGUUUCAAGCACCUCAU
osa-miR395x	CpHsp100-51	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGUAGCUC	ACCCAAUUUUGAACACUUCAA

EK 48'in devamı

O. sativa					
osa-miR395x	CpHsp100-51	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGUAGCUC	CGGCGAGUCCCAGCACUUCAA
osa-miR395x	CpHsp100-49	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGUAGCUC	GCGCUGCGCCGAACGUCUCAU
osa-miR395x	CpHsp100-82	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGUAGCUC	UCGAUGCUCCGAACAUCUUAU
osa-miR395y	CpHsp100-130	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CGCCGCCCUCAAACUCUUCAC
osa-miR395y	CpHsp100-68	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
osa-miR395y	CpHsp100-25	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
Z. Mays					
zma-miR395a-3p	CpHsp100-130	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CGCCGCCCUCAAACUCUUCAC
zma-miR395a-3p	CpHsp100-68	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
zma-miR395a-3p	CpHsp100-25	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
zma-miR395a-5p	CpHsp100-117	5.0	-1.0	GUUCUCCUCAAACCACUUCAGUU	GCAUUGAGUCAUUUGAGGAGAAG
zma-miR395a-5p	CpHsp100-46	5.0	-1.0	GUUCUCCUCAAACCACUUCAGUU	GUAUUGAGUCAUUUGAGGAGAAG
zma-miR395a-5p	CpHsp100-94	5.0	-1.0	GUUCUCCUCAAACCACUUCAGUU	CUUCUAAAUGGUUUGGGGAAGAU
zma-miR395a-5p	CpHsp100-113	5.0	-1.0	GUUCUCCUCAAACCACUUCAGUU	UGGAGGAGUUGAUUGAUGAGAAU
zma-miR395b-3p	CpHsp100-130	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CGCCGCCCUCAAACUCUUCAC
zma-miR395b-3p	CpHsp100-68	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
zma-miR395b-3p	CpHsp100-25	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
zma-miR395c-3p	CpHsp100-94	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	CUUUUUCUUCAGUCACUUUAU
zma-miR395c-3p	CpHsp100-140	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	AAGAUACUCCAAGCUCUUCAA
zma-miR395c-3p	CpHsp100-73	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	CAGCAUCUCUAAAUGCUUCAG
zma-miR395c-3p	CpHsp100-127	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCGAUGCUCCAAACAUCUUAU
zma-miR395c-5p	CpHsp100-102	5.0	-1.0	GUUCCCUGCAAACACUUCACCA	UGUUGAAAUGUUUGUGGGAAGA
zma-miR395c-5p	CpHsp100-26	5.0	-1.0	GUUCCCUGCAAACACUUCACCA	GAGUGUGGUGGUUGUAGGGGAG
zma-miR395d-3p	CpHsp100-130	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CGCCGCCCUCAAACUCUUCAC
zma-miR395d-3p	CpHsp100-68	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
zma-miR395d-3p	CpHsp100-25	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG
zma-miR395e-3p	CpHsp100-130	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CGCCGCCCUCAAACUCUUCAC
zma-miR395e-3p	CpHsp100-68	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	GCAUUUGCACAAACACUUCAG

EK 49 Kabak Hsf Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
A. thaliana					
ath-miR395b	CpHsf-52	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UUUACUUCCCAAAUACUUUAA
ath-miR395b	CpHsf-14	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UGUUCUUCCCAACUACUUCAA
ath-miR395b	CpHsf-56	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UCUUUUGCCCAAAUAUUUCAA
ath-miR395b	CpHsf-33	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UCUUUUGCCCAAAUAUUUCAA
ath-miR395c	CpHsf-52	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UUUACUUCCCAAAUACUUUAA
ath-miR395c	CpHsf-14	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UGUUCUUCCCAACUACUUCAA
ath-miR395c	CpHsf-56	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UCUUUUGCCCAAAUAUUUCAA
ath-miR395c	CpHsf-33	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UCUUUUGCCCAAAUAUUUCAA
ath-miR395f	CpHsf-52	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UUUACUUCCCAAAUACUUUAA
ath-miR395f	CpHsf-14	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UGUUCUUCCCAACUACUUCAA
ath-miR395f	CpHsf-56	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UCUUUUGCCCAAAUAUUUCAA
ath-miR395f	CpHsf-33	5.0	-1.0	CUGAAGUGUUUGGGGGGACUC	UCUUUUGCCCAAAUAUUUCAA
C. melo					
cme-miR395b	CpHsf-52	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUUACUUCCCAAAUACUUUAA
cme-miR395b	CpHsf-34	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UAGAGCCUUCAAACAUGUCAA
cme-miR395b	CpHsf-37	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUUAUUGCCUAAAUACUUUAA
cme-miR395b	CpHsf-68	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUUGUUGCCUAAGUACUUCAA
cme-miR395c	CpHsf-52	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUUACUUCCCAAAUACUUUAA
cme-miR395c	CpHsf-34	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UAGAGCCUUCAAACAUGUCAA
cme-miR395c	CpHsf-37	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUUAUUGCCUAAAUACUUUAA
cme-miR395c	CpHsf-68	5.0	-1.0	UUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUUGUUGCCUAAGUACUUCAA
G. max					
gma-miR395d	CpHsf-35	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGG--AACUUU	AGAUUUGCUCCCCAAGCAUUUCA
gma-miR395d	CpHsf-34	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GUAGAGCCUUCAAACAUGUCA
gma-miR395e	CpHsf-35	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGG--AACUUU	AGAUUUGCUCCCCAAGCAUUUCA
gma-miR395e	CpHsf-34	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GUAGAGCCUUCAAACAUGUCA
gma-miR395f	CpHsf-35	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGG--AACUUU	AGAUUUGCUCCCCAAGCAUUUCA
gma-miR395f	CpHsf-34	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GUAGAGCCUUCAAACAUGUCA
gma-miR395g	CpHsf-35	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGG--AACUUU	AGAUUUGCUCCCCAAGCAUUUCA
gma-miR395g	CpHsf-34	5.0	-1.0	UGAAGUGUUUGGGGGAACUUU	GUAGAGCCUUCAAACAUGUCA
gma-miR395h	CpHsf-10	5.0	-1.0	AUGAAGUGUUUGGGAGAACUC	CCUCCUUCCCAAAUACUUCAA
O. Sativa					
osa-miR395a	CpHsf-35	5.0	-1.0	GUGAAGUGCUUGGGGGAACUC	UUUGCUCCCCAAGCAUUUCAA
osa-miR395b	CpHsf-05	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCUCCAAGCAAUUCAU
osa-miR395b	CpHsf-24	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCCCCAAGUAAUUCAU
osa-miR395c	CpHsf-69	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	CUGAUCCUCCAAAAGUUGCAC
osa-miR395c	CpHsf-45	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCUUCUCCCCAAAUACUUCAA
osa-miR395c	CpHsf-30	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	CCUUCUCCCCAAAUACUUCAA
osa-miR395c	CpHsf-75	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCUUCUCCCCAAAUACUUCAA
osa-miR395c	CpHsf-41	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCGAUACUUCAAACACUCCAA
osa-miR395d	CpHsf-05	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCUCCAAGCAAUUCAU
osa-miR395d	CpHsf-24	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCCCCAAGUAAUUCAU
osa-miR395e	CpHsf-05	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCUCCAAGCAAUUCAU
osa-miR395e	CpHsf-24	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCCCCAAGUAAUUCAU
osa-miR395f	CpHsf-70	5.0	-1.0	GUGAAUUGUUUGGGGGAACUC	AUGAUCCUUCAACCAAUUCGA
Z. Mays					
zma-miR395l-3p	CpHsf-75	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCUUCUCCCCAAAUACUUCAA
zma-miR395l-3p	CpHsf-41	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCGAUACUUCAAACACUCCAA
zma-miR395m-3p	CpHsf-69	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	CUGAUCCUCCAAAAGUUGCAC
zma-miR395m-3p	CpHsf-45	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCUUCUCCCCAAAUACUUCAA
zma-miR395m-3p	CpHsf-30	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	CCUUCUCCCCAAAUACUUCAA
zma-miR395m-3p	CpHsf-75	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCUUCUCCCCAAAUACUUCAA
zma-miR395m-3p	CpHsf-41	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UCGAUACUUCAAACACUCCAA
zma-miR395n-3p	CpHsf-05	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCUCCAAGCAAUUCAU
zma-miR395n-3p	CpHsf-24	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCCCCAAGUAAUUCAU
zma-miR395n-5p	CpHsf-36	5.0	-1.0	GUUCUCUACAAGCACUUCACGA	ACAUGAUGUGCUUGUAUACAAA
zma-miR395o-3p	CpHsf-05	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGUGAACUC	UGGUUCAUCAAAAAGCUUCGU
zma-miR395p-3p	CpHsf-05	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCUCCAAGCAAUUCAU
zma-miR395p-3p	CpHsf-24	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	CCGUCGCCCCAAGUAAUUCAU

EK 50 Kabak sHsp Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
CpsHsp-01	Alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	1200	5.83E-124	82.54		GO terimleri yok
CpsHsp-02	inaktif protein KISITLI TEV HAREKETİ 2	311	1.20E-157	66.97	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-03	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik benzeri	236	8.73E-160	83.72	P: ısıya tepki	P: ısıya tepki
CpsHsp-04	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 6 izoformu X1	455	0	85.94	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; C:çekirdek	F:DNA bağlama
CpsHsp-05	17,1 kDa sınıf II ısı şoku protein benzeri	156	4.91E-83	95.74	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-06	17,1 kDa sınıf II ısı şoku protein benzeri	159	7.09E-104	86.4	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-07	22.0 kDa sınıf IV ısı şoku proteini	68	1.33E-13	69.66	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-08	22.0 kDa sınıf IV ısı şoku proteini	182	1.81E-108	83.6	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-09	17,8 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	155	1.81E-108	73.1	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-10	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	110	6.20E-73	95.38	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-11	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	150	2.36E-96	79.43	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-12	17.3 kDa sınıf I ısı şoku proteini	197	1.97E-129	80.76	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-13	17.4 kDa sınıf III ısı şoku proteini	158	1.60E-83	87.02	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-14	nodulin 22	217	2.96E-123	89.03	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-15	inaktif protein KISITLI TEV HAREKETİ 2 benzeri	206	3.04E-115	76.68	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-16	inaktif protein KISITLI TEV HAREKETİ 2 benzeri	271	9.81E-128	70.88	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-17	inaktif protein KISITLI TEV HAREKETİ 2 benzeri	445	6.26E-95	68.97	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-18	17.9 kDa sınıf II ısı şoku proteini	137	1.01E-57	98.8	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	GO terimleri yok
CpsHsp-19	nodulin 22	175	8.53E-102	85.51	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-20	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik benzeri izoform X1	172	1.50E-101	80.7		GO terimleri yok

EK 50'nin devamı

CpsHsp-21	18,1 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	197	1,38E-133	83,95	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-22	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 3 benzeri	510	0	88,75	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; C:çekirdek	F:DNA bağlama
CpsHsp-23	Aktif olmayan protein KISITLI TEV HAREKETİ 2	408	0	67,31	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-24	18,1 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	143	1,50E-72	91,81	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-25	Artan DNA metilasyonu 3	146	1,68E-98	90,58	P: DNA demetilasyonunun pozitif regülasyonu; C:çekirdek	GO terimleri yok
CpsHsp-26	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik	225	2,35E-143	86,4	P: ısıya tepki	P: ısıya tepki
CpsHsp-27	15.7 kDa ısı şoku proteini, peroksizomal	141	4,59E-99	88,2	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması; C: peroksizomal matris	GO terimleri yok
CpsHsp-28	17,8 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	333	1,51E-118	92,54	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F:UDP-glikosiltransferaz aktivitesi; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	GO terimleri yok
CpsHsp-29	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik benzeri izoform X2	270	7,55E-81	86,24		GO terimleri yok
CpsHsp-30	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 3 benzeri	465	0	81,19	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; C:çekirdek	F:DNA bağlama
CpsHsp-31	22.0 kDa ısı şoku protein benzeri	154	6,25E-88	87,33	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	GO terimleri yok
CpsHsp-32	Hsp20/alfa kristalin	256	0	82,58		GO terimleri yok
CpsHsp-33	iki işlevli D-sistein desülfhidraz/1-aminosiklopropan-1-karboksilat deaminaz, mitokondriyal benzeri	793	0	73,13	P:etilen biyosentetik işlemi; P:D-sistein katabolik süreci; P:kadmiyum iyonuna stres tepkisi; F:D-sistein desülfhidraz aktivitesi; F: kobalt iyonu bağlama; C: mitokondri; C:sitosol; C: kloroplast	GO terimleri yok
CpsHsp-34	15,4 kDa sınıf V ısı şoku proteini	137	6,34E-95	79,19	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-35	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	162	7,75E-113	92,07	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-36	21,7 kDa sınıf VI ısı şoku proteini	198	6,95E-143	81,58		GO terimleri yok
CpsHsp-37	nörofilament orta polipeptit benzeri	446	0	63,82	C: zar	GO terimleri yok
CpsHsp-38	17,8 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	155	9,08E-109	73,03	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpsHsp-39	nörofilament orta polipeptit benzeri	434	0	65,07	C: zar	GO terimleri yok
CpsHsp-40	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	162	5,22E-113	92,63	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok

EK 50’nin devamı

CpsHsp-41	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	160	4,26E-84	94,2	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-42	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	160	1,33E-113	93,68	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-43	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	110	6,20E-73	95,38	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması	GO terimleri yok
CpsHsp-44	18,5 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	81	1,52E-48	89,98	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: tuz stresine tepki; P: hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: protein kendi kendine birleşme; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	GO terimleri yok

EK 51 Kabak Hsp40 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
CpHsp40-01	şaperon proteini DnaJ	111	4.96E-75	85.92	C:çekirdek; C: sitoplazma	GO terimleri yok
CpHsp40-02	şaperon protein dnaJ C76, kloroplastik benzeri	501	0	80.83	C:kloroplast; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-03	dnaJ homolog alt aile C üyesi 2 benzeri	646	0	91.26	P: çeviri sadakatinin düzenlenmesi; P: 'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması; C:çekirdek	P: çeviri sadakatinin düzenlenmesi; P: 'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması
CpHsp40-04	Chaperone DnaJ-domeni üst ailesi protein izoformu 1	810	0	93.21	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-05	şaperon protein dnaJ A6, kloroplastik izoform X1	567	8.87E-151	92.82	P:çeviri; P: ısıya tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: ribozomun yapısal bileşeni; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C:ribozom; C: kloroplast thylakoid membran	P:çeviri; P: protein katlanması; F: ribozomun yapısal bileşeni; F: katlanmamış protein bağlanması; C:ribozom
CpHsp40-06	DEAD-box ATP'ye bağımlı RNA helikaz 32	625	0	95.75	P:rRNA işleme; F:RNA bağlanması; F:helikaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; C: çekirdekçik	F:nükleik asit bağlanması; F:RNA helikaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsp40-07	şaperon protein dnaJ C76, kloroplastik benzeri	355	0	79.38	F: demir-kükürt küme bağlanması; C:kloroplast; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-08	dnaJ protein homologu	413	0	97.78	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C:sitosol; C:plazma zarı	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-09	şaperon protein dnaJ 15	395	0	84.4	P:pozitif yerçekimi	GO terimleri yok
CpHsp40-10	dnaJ homolog alt aile B üyesi 1 benzeri	315	0	90.52	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-11	şaperon protein dnaJ 15 benzeri izoform X1	412	0	94.73	P:pozitif yerçekimi	GO terimleri yok
CpHsp40-12	şaperon protein dnaJ 15 benzeri izoform X1	317	8.33E-111	63.84	P:pozitif yerçekimi	GO terimleri yok
CpHsp40-13	oksilin ile ilgili protein 2	576	0	78.23	P: vezikül aracılı taşıma; C: hücre içi anatomik yapı; C: zarla çevrili organel	GO terimleri yok
CpHsp40-14	şaperon protein dnaJ 10 benzeri izoform X1	392	0	71.98		GO terimleri yok
CpHsp40-15	şaperon protein dnaJ C76, kloroplastik benzeri	522	0	83.89	F: metal iyonu bağlama; F: demir-kükürt kümesi bağlanması	GO terimleri yok
CpHsp40-16	NAD(P)H-kinon oksidoredüktaz alt birimi T, kloroplastik	241	1.02E-136	86.14	C:kloroplast thylakoid membran; C:NAD(P)H dehidrojenaz kompleksi (plastokinon); C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-17	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3 benzeri	199	9.31E-116	77.46	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi	GO terimleri yok
CpHsp40-18	oksilin benzeri protein 1	1457	0	79.04	P: klatrin kaplamanın sökülmesi; P: klatrin bağımlı endositoz; F: klatrin bağlama; C:sitoplazma; C: vezikül; C:hücre içi zarla çevrili organel	GO terimleri yok

EK 51'in devamı

CpHsp40-19	arabinosiltransferaz RRA2 benzeri	1152	0	88,26	P: hücre duvarı organizasyonu; P: klatrin kaplamanın sökülmesi; P: klatrin bağımlı endositoz; P:kök tüylü hücre gelişimi; F: glikosiltransferaz aktivitesi; F: klatrin bağlama; C: Golgi zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C: vezikül	P:kök tüylü hücre gelişimi; F: glikosiltransferaz aktivitesi
CpHsp40-20	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG8	290	1,30E-129	96,59	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C:sitosol; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-21	dnaJ homolog alt aile C üyesi 14 benzeri	335	0	83,75		GO terimleri yok
CpHsp40-22	şaperon proteini DnaJ	132	1,50E-93	87,51	C:çekirdek; C: sitoplazma	GO terimleri yok
CpHsp40-23	dnaJ homolog alt aile B üyesi 4	373	0	84,93	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-24	dnaJ homolog alt aile B üyesi 13 benzeri	359	0	76,52	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-25	şaperon protein dnaJ 11, kloroplastik benzeri	122	1,39E-51	76,19		GO terimleri yok
CpHsp40-26	şaperon proteini DnaJ	480	0	74,46	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-27	Tetratrikopeptid tekrar izoformu 1 ile ısı şoku proteini DnaJ	525	0	81,44		F: protein bağlanması
CpHsp40-28	şaperon protein dnaJ 8, kloroplastik benzeri	159	1,56E-107	84,48	P: ışık uyaranına yanıt; C:çekirdek; C: kloroplast stroması	GO terimleri yok
CpHsp40-29	şaperon proteini DnaJ izoformu X1	509	0	91,05	P: ısıya tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C: kloroplast thylakoid membran	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-30	dnaJ proteini ERDJ3A	571	0	86,81		GO terimleri yok
CpHsp40-31	dnaJ homolog alt aile B üyesi 13	340	0	83,3	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-32	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3	220	6,02E-152	95,85	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:liyaz aktivitesi; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-33	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG7	215	2,46E-142	95,33	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C:sitosol; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-34	demir-kükürt kümesi yardımcı şaperon proteini HscB homologu	279	0	83,45	P:[2Fe-2S] küme düzeneği; P: katalitik aktivitenin düzenlenmesi; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; P: demir-kükürt kümesi transferi ile protein olgunlaşması; F:ATPase aktivatör aktivitesi; F: refakatçi bağlama	P:protein kompleksi oligomerizasyonu; P: demir-kükürt kümesi transferi ile protein olgunlaşması; F:ATPase aktivatör aktivitesi; F: refakatçi bağlama
CpHsp40-35	şaperon protein dnaJ 6 benzeri	285	3,41E-177	94,53		GO terimleri yok
CpHsp40-36	şaperon protein dnaJ 8, kloroplastik	160	7,55E-80	91,64	P: ışık uyaranına yanıt; C:çekirdek; C: kloroplast stroması	GO terimleri yok

EK 51'in devamı

CpHsp40-37	DNAJ ısı şoku N-terminal alanı içeren protein, varsayılan izoform 1	971	0	83,35		GO terimleri yok
CpHsp40-38	şaperon proteini DnaJ	234	4,61E-174	74,22		GO terimleri yok
CpHsp40-39	şaperon protein dnaJ 20, kloroplastik benzeri	206	5,84E-149	83,7	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	GO terimleri yok
CpHsp40-40	pentatrikopeptid tekrar içeren protein At2g36730 izoformu X1	489	0	90,74		F: protein bağlanması
CpHsp40-41	DnaJ alanı içeren protein	853	0	68,55	P:defosforilasyon; P:peptidil-tirozin fosforilasyonu; F: protein tirozin fosfataz aktivitesi	GO terimleri yok
CpHsp40-42	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 1A	559	0	76,92		GO terimleri yok
CpHsp40-43	şaperon protein dnaJ 20, kloroplastik benzeri	159	1,62E-100	72,53	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	GO terimleri yok
CpHsp40-44	L-askorbat peroksidaz 3 benzeri	286	0	96,02	P:etilene tepki; P: oksidatif strese hücresel yanıt; P: hidrojen peroksite yanıt; P:hidrojen peroksit katabolik süreç; P: tohum trikom uzaması; P: hücresel oksidan detoksifikasyon; F:L-askorbat peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama; F: metal iyonu bağlama; C: mitokondri; C: vakumlu zar; C:plazmodesma; C:kloroplast zarfı; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C: glioksizomal zar	P:oksidatif strese tepki; P: oksidatif strese hücresel yanıt; F:peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama
CpHsp40-45	Şaperon proteini DnaJ	707	0	88,66	P:nükleositoplazmik taşıma; F: nükleer gözeneğin yapısal bileşeni; C:çekirdek; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-46	dnaJ homolog alt aile B üyesi 1 benzeri	347	0	93,39	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-47	şaperon protein dnaJ C76, kloroplastik	279	0	86	P:elektron taşıma zinciri; F:demir iyonu bağlama; F:elektron transfer aktivitesi; F: demir-kükürt küme bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:demir iyonu bağlama; F:elektron aktarım etkinliği
CpHsp40-48	DNAJ proteini JJJ1 homologu	584	0	86,65	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
CpHsp40-49	dnaJ homolog alt ailesi C üyesi 16	732	0	73,43	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-50	serin/treonin-protein kinaz Nek5 benzeri izoform X2	689	0	72,25	P: protein fosforilasyonu; P:mikrotübül bazlı süreç; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: kortikal mikrotübül	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsp40-51	TPR tekrarı içeren tioredoksin TTL2 benzeri	1093	0	86,35		F: protein bağlanması
CpHsp40-52	---NA---	775				GO terimleri yok
CpHsp40-53	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG1	218	4,14E-146	96,1	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-54	L-askorbat peroksidaz, sitosolik benzeri	226	5,20E-165	94,23	P: reaktif oksijen türlerine yanıt; P: oksidatif strese hücresel yanıt; P:hidrojen peroksit katabolik süreç; P: hücresel oksidan detoksifikasyon; F:L-askorbat peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama; F: metal iyonu bağlama; C: kloroplast	P:oksidatif strese tepki; P: oksidatif strese hücresel yanıt; F:peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama
CpHsp40-55	şaperon proteini DnaJ izoformu X1	341	3,61E-180	72,2	P: protein katlanması	GO terimleri yok
CpHsp40-56	GDP-mannoz taşıyıcı GONST1	387	0	78,79	P:GDP-mannoz transmembran taşıma; F:GDP-mannoz transmembran taşıyıcı aktivitesi; F: taşıyıcı karşıtı aktivite; C: Golgi zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:GDP-mannoz transmembran taşıyıcı aktivitesi

EK 51'in devamı

CpHsp40-57	varsayılan Chaperone DnaJ alanı süper aile proteini	278	0	79,83		GO terimleri yok
CpHsp40-58	RNA bağlayıcı protein Musashi homologu 1	330	0	77,45	F:RNA bağlanması	F:nükleik asit bağlanması
CpHsp40-59	şaperon protein dnaJ 10	339	0	91,62		GO terimleri yok
CpHsp40-60	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG5 benzeri	179	6,57E-107	71,19	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:hidrolaz aktivitesi, N-glikosil bileşiklerini hidrolize etme; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-61	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG8	216	1,84E-159	93,94	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-62	dnaJ homolog alt aile B üyesi 4	335	0	89,92	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-63	argininosüksinat liyaz, kloroplastik benzeri	917	0	88,87	P: ornitin aracılığıyla arginin biyosentetik süreci; F: argininosüksinat liyaz aktivitesi; C: sitozol	P: ornitin aracılığıyla arginin biyosentetik süreci; F:katalitik aktivite; F: argininosüksinat liyaz aktivitesi
CpHsp40-64	dnaJ homolog alt aile B üyesi 13 benzeri	337	0	75,85	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-65	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG1	218	2,76E-146	95,3	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-66	mitokondriyal ithalat iç zar translokaz alt birimi PAM16 benzeri 2 benzeri	116	3,64E-79	94,64	P: mitokondriyal matrise protein aktarımı; C:TIM23 mitokondriyal ithal iç zar translokaz kompleksi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: mitokondriyal matrise protein aktarımı; C: TIM23 mitokondriyal içe aktarma iç zar translokaz kompleksi
CpHsp40-67	dnaJ proteini ERDJ3B benzeri	94	7,97E-57	87,04	C:çekirdek; C: sitoplazma	GO terimleri yok
CpHsp40-68	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG1 benzeri	231	1,42E-152	96,57	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-69	DPH4 homologu	180	3,03E-129	92,03	P:tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; P: peptidil-histidin'den peptidil-diftamid biyosentetik prosesi; F: metal iyonu bağlama; C:çekirdek; C: sitozol	P: peptidil-histidin'den peptidil-diftamid biyosentetik prosesi; F: metal iyon bağlama
CpHsp40-70	dnaJ homolog alt aile C üyesi 7 homolog izoform X1	242	1,17E-145	90,81	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-71	şaperon protein dnaJ 16 benzeri	416	0	86,41		GO terimleri yok
CpHsp40-72	dnaJ homolog alt aile B üyesi 8	142	4,03E-88	79,32		GO terimleri yok
CpHsp40-73	pentatrikopeptid tekrar içeren protein At3g05340	220	1,58E-145	83,15	F: çinko iyonu bağlama; C: kloroplast	GO terimleri yok
CpHsp40-74	serin/treonin-protein kinaz Nek2 benzeri izoform X1	676	0	88,82	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsp40-75	J alanı içeren protein DDB_G0295729	327	0	81,38	P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C:kloroplast; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-76	şaperon proteini DnaJ	243	0	77,74		GO terimleri yok
CpHsp40-77	şaperon protein dnaJ 20, kloroplastik benzeri	204	1,67E-148	82,74	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	GO terimleri yok

EK 51'in devamı

CpHsp40-78	pentatrikopeptit tekrar içeren protein DOT4, kloroplastik benzeri	604	0	83,1	F: mRNA bağlanması	F: protein bağlanması
CpHsp40-79	şaperon protein dnaJ 13	541	0	95,44	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-80	J proteini JJJ2	605	0	74,98		GO terimleri yok
CpHsp40-81	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG7	201	1,31E-128	88,07	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C:sitosol; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-82	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3 benzeri	169	3,92E-113	82,35	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-83	şaperon protein dnaJ 6 benzeri	441	5,05E-179	93,01		F: protein bağlanması
CpHsp40-84	dnaJ proteini ERDJ2A benzeri	685	0	95,27	P: SRP'ye bağımlı kotranslasyonel protein, membranı hedef alır; P: endoplazmik retikulum zarını hedefleyen posttranslasyonel protein; P: protein transmembran taşıma; F:RNA bağlanması; F: protein transmembran taşıyıcı aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C:Sec62/Sec63 kompleksi	GO terimleri yok
CpHsp40-85	dnaJ homolog alt aile B üyesi 1 benzeri	315	0	90,48	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-86	şaperon protein dnaJ 15	385	0	87,58		GO terimleri yok
CpHsp40-87	dnaJ protein homologu	238	1,75E-58	89,66	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C:sitosol; C:plazma zarı	P: protein katlanması; F:magnezyum iyonu bağlanması; F:5'-nükleotidaz aktivitesi; F:Hsp70 protein bağlanması; C: sitoplazma
CpHsp40-88	Şaperon dnaJ 3 benzeri protein	313	0	92,53	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-89	mitokondriyal ithalat iç zar translokaz alt birimi tim14-1	64	3,34E-38	96,56	P: mitokondriyal matrise protein aktarımı; P: katalitik aktivitenin düzenlenmesi; F:ATPase aktivatör aktivitesi; C:PAM kompleksi, Tim23 ile ilişkili içe aktarma motoru; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-90	şaperon proteini DnaJ	169	1,65E-91	87,84	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-91	oksilin ile ilişkili protein 2 izoformu X2	359	2,01E-139	81,43		GO terimleri yok
CpHsp40-92	şaperon protein dnaJ 50	297	0	92,75	P: protein katlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: protein katlanması
CpHsp40-93	dnaJ homolog alt aile B üyesi 1	345	0	88,33	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-94	varsayılan tirozin-protein fosfataz oksilin izoformu X1	357	8,61E-101	94,76		GO terimleri yok
CpHsp40-95	dnaJ protein homologu 1 benzeri	350	0	92,11	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-96	mitokondriyal ithalat iç zar translokaz alt birimi TIM14-1	112	4,23E-69	95,58	P: mitokondriyal matrise protein aktarımı; P: katalitik aktivitenin düzenlenmesi; F:ATPase aktivatör aktivitesi; C:PAM kompleksi, Tim23 ile ilişkili içe aktarma motoru	GO terimleri yok
CpHsp40-97	dnaJ proteini P58IPK homologu	524	0	95,86	C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F: protein bağlanması

EK 51'in devamı

CpHsp40-98	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3	211	1,49E-142	96,53	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-99	DnaJ benzeri protein alt ailesi C üyesi 16	539	0	84,81		GO terimleri yok
CpHsp40-100	oksilin benzeri protein 1	1500	0	77,99	P: klatrin kaplamanın sökülmesi; P: klatrin bağımlı endositoz; F: klatrin bağlama; C:sitoplazma; C: vezikül; C:hücre içi zarla çevrili organel	GO terimleri yok
CpHsp40-101	şaperon protein dnaJ 11, kloroplastik	162	1,71E-86	88,76		GO terimleri yok
CpHsp40-102	L-askorbat peroksidaz 3	265	5,88E-173	81,28	P: reaktif oksijen türlerine yanıt; P: oksidatif strese hücresel yanıt; P:hidrojen peroksit katabolik süreç; P: hücresel oksidan detoksifikasyon; F:L-askorbat peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama; F: metal iyonu bağlama; C:kloroplast; C: zar	P:oksidatif strese tepki; P: oksidatif strese hücresel yanıt; F:peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama
CpHsp40-103	serin/treonin-protein kinaz Nek6 benzeri	557	0	77,82	P: protein fosforilasyonu; P: etilen ile aktive olan sinyal yolunun düzenlenmesi; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: endoplazmik retikulum; C: Golgi aygıtı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsp40-104	Tetratrikopeptid tekrarlı, varsayılan izoform 1 ile ısı şoku proteini DnaJ	1372	0	69,17	F:transferaz aktivitesi	F: protein bağlanması
CpHsp40-105	dnaJ homolog alt aile C üyesi 7 homolog	256	2,70E-178	84,42		GO terimleri yok
CpHsp40-106	dnaJ homolog alt aile C üyesi 7 homolog izoform X1	238	3,18E-138	89,93	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-107	DPH4 homologu	179	2,70E-126	88,61	P:tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; P: peptidil-histidin'den peptidil-diftamid biyosentetik prosesi; F: metal iyonu bağlama; C:çekirdek; C: sitozol	P: peptidil-histidin'den peptidil-diftamid biyosentetik prosesi; F: metal iyon bağlama
CpHsp40-108	pentatrikopeptid tekrar içeren protein At1g19720	544	0	75,61	P:RNA modifikasyonu; F:mRNA bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F: karbonhidrat bağlanması; C:hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlanması
CpHsp40-109	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG1 benzeri	200	2,53E-140	97,42	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:liyaz aktivitesi; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-110	DnaJ alanı içeren protein	299	0	87,71		GO terimleri yok
CpHsp40-111	karakterize edilmemiş J alanı içeren protein C4H3.01	271	0	90,16		GO terimleri yok
CpHsp40-112	şaperon proteini DnaJ	191	1,62E-109	88,35	C:çekirdek; C: sitoplazma	GO terimleri yok
CpHsp40-113	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG5 benzeri izoform X2	167	8,21E-76	85,09	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-114	dnaJ homolog alt aile B üyesi 8	162	8,51E-108	91,72		GO terimleri yok
CpHsp40-115	serin/treonin-protein kinaz Nek2 benzeri izoform X1	568	0	90,11	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsp40-116	şaperon protein dnaJ 20, kloroplastik benzeri	207	3,33E-153	82,45		GO terimleri yok

EK 51'in devamı

CpHsp40-117	DNAJ ısı şoku N-terminal alanı içeren protein	932	0	76,75		GO terimleri yok
CpHsp40-118	şaperon protein dnaJ 49	350	0	84,43	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; P:yanlış katlanmış proteine hücresel yanıt; F:Hsp70 protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-119	DnaJ benzeri protein alt ailesi C üyesi 14	729	0	85,2	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-120	dnaJ homolog alt aile B üyesi 6 benzeri	229	5,87E-110	78,55	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-121	şaperon proteini dnaJ GFA2, mitokondriyal benzeri	448	0	89,97	P: ısıya tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-122	Tetratrikopeptid tekrar izoformu 1 ile ısı şoku proteini DnaJ	582	0	89,07		F: protein bağlanması
CpHsp40-123	dnaJ proteini ERDJ3B	365	0	91,43	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-124	şaperon proteini DnaJ benzeri	158	5,49E-114	90,91		GO terimleri yok
CpHsp40-125	serin/treonin-protein kinaz Nek4	609	0	89,37	P: protein fosforilasyonu; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsp40-126	Kavisli DNA bağlayıcı protein	767	0	86,98	F:DNA bağlama	GO terimleri yok
CpHsp40-127	şaperon proteini DnaJ benzeri izoform X1	90	1,93E-31	83,74	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-128	şaperon protein dnaJ 15 benzeri izoform X1	424	0	92,45		GO terimleri yok
CpHsp40-129	oksilin ilişkili protein 1 benzeri	578	0	68,95	C: hücresel anatomik varlık	GO terimleri yok
CpHsp40-130	şaperon protein dnaJ 10 benzeri izoform X1	402	0	87,36		GO terimleri yok
CpHsp40-131	dnaJ proteini ERDJ2A benzeri	685	0	95,28	P: SRP'ye bağımlı kotranslasyonel protein, membranı hedef alır; P: endoplazmik retikulum zarını hedefleyen posttranslasyonel protein; P: protein transmembran taşıma; F:RNA bağlanması; F: protein transmembran taşıyıcı aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C:Sec62/Sec63 kompleksi	GO terimleri yok
CpHsp40-132	dnaJ homolog alt aile C üyesi 2 benzeri	648	0	90,63	P: çeviri sadakatinin düzenlenmesi; P: 'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması; C:çekirdek	P: çeviri sadakatinin düzenlenmesi; P: 'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması
CpHsp40-133	Tat bağlayıcı 7 benzeri protein	1944	0	87,84	F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp40-134	Chaperone DnaJ-domeni üst ailesi protein izoformu 1	531	0	88,57	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-135	şaperon protein dnaJ 13	541	0	95,8	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-136	şaperon protein dnaJ 20, kloroplastik benzeri	164	1,12E-105	73,36	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	GO terimleri yok

EK 51'in devamı

CpHsp40-137	dnaJ homolog alt aile B üyesi 4 benzeri	364	0	87,02	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-138	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 1A	572	0	77,14		GO terimleri yok
CpHsp40-139	L-askorbat peroksidaz 3 benzeri	329	0	95,72	P:etilene tepki; P: oksidatif strese hücresel yanıt; P: hidrojen peroksite yanıt; P:hidrojen peroksit katabolik süreç; P: tohum trikom uzaması; P: hücresel oksidan detoksifikasyon; F:L-askorbat peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama; F: metal iyonu bağlama; C: mitokondri; C: vakumlu zar; C:plazmodesma; C:kloroplast zarfı; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C: glioksizomal zar	P:oksidatif strese tepki; P: oksidatif strese hücresel yanıt; F:peroksidaz aktivitesi; F: heme bağlama
CpHsp40-140	dnaJ homolog alt ailesi C üyesi 17	291	2,32E-163	91,7	F:RNA bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:nükleik asit bağlanması
CpHsp40-141	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG5 benzeri	184	7,83E-111	74,26	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:hidrolaz aktivitesi, N-glikosil bileşiklerini hidrolize etme; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-142	dnaJ homolog alt aile B üyesi 1 benzeri	338	0	93,76	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-143	şaperon protein dnaJ C76, kloroplastik	281	2,28E-145	67,7	F: metal iyon bağlama	GO terimleri yok
CpHsp40-144	RNA bağlayıcı protein Musashi homologu 1	364	0	88,62	F:RNA bağlanması	F:nükleik asit bağlanması
CpHsp40-145	şaperon protein dnaJ 10 benzeri	323	0	88,19		GO terimleri yok
CpHsp40-146	şaperon protein dnaJ 11, kloroplastik benzeri	146	3,14E-95	80,74		GO terimleri yok
CpHsp40-147	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG5 benzeri	237	1,75E-176	92,57	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-148	dnaJ homolog alt aile B üyesi 1 benzeri	348	0	87,61	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-149	DnaJ benzeri protein alt ailesi C üyesi 7	1323	0	86,25		F: protein bağlanması
CpHsp40-150	DnaJ benzeri protein alt ailesi C üyesi 14	605	0	88,64	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-151	DNAJ ısı şoku N-terminal alanı içeren protein	881	0	74,13		GO terimleri yok
CpHsp40-152	şaperon protein dnaJ 20, kloroplastik benzeri	206	6,39E-135	82,21	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	GO terimleri yok
CpHsp40-153	fosfomannomutaz	245	0	96,45	P: mannoz metabolik süreci; P:protein N-bağlı glikozilasyon; P:GDP-mannoz biyosentetik süreci; F:fosfomannomutaz aktivitesi; C: sitozol	P:GDP-mannoz biyosentetik süreci; F:fosfomannomutaz aktivitesi
CpHsp40-154	dnaJ homolog alt aile B üyesi 6 benzeri	230	2,83E-96	85,64	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-155	şaperon protein dnaJ GFA2, mitokondriyal	402	0	81,05	P: ısıya tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması

EK 51'in devamı

CpHsp40-156	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG1 benzeri izoform X1	235	2,24E-170	93,48	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C:sitosol; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-157	Tetratrikopeptid tekrar izoformu 1 ile ısı şoku proteini DnaJ	495	0	93,34	F:transferaz aktivitesi	F: protein bağlanması
CpHsp40-158	dnaJ proteini ERDJ3B	346	0	96,16	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-159	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein At1g05910	1201	0	94,42	P: kromatin susturmanın negatif regülasyonu; P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun pozitif regülasyonu; F: kromatin bağlanması; F:ATP bağlanması; F:histon bağlanması; C:çekirdek	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp40-160	dnaJ homolog alt ailesi C üyesi 8 benzeri	240	1,59E-125	88,31		GO terimleri yok
CpHsp40-161	DNAJ proteini	458	4,15E-130	81,27	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-162		2638				GO terimleri yok
CpHsp40-163	şaperon protein dnaJ 49 benzeri	526	0	92	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; P:yanlış katlanmış proteine hücresel tepki; F:Hsp70 protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum zarı	F:RNA bağlanması; C: çekirdekçik
CpHsp40-164	DNAJ proteini JJJ1 homologu	571	0	85,84	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
CpHsp40-165	serin/treonin-protein kinaz Nek6 benzeri	638	0	81,7	P: protein fosforilasyonu; P: etilen ile aktive olan sinyal yolunun düzenlenmesi; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: endoplazmik retikulum; C: Golgi aygıtı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsp40-166	oksilin ile ilişkili protein 2 benzeri	992	0	82,19	P: klatrin kaplamanın sökülmesi; P: klatrin bağımlı endositoz; F: klatrin bağlama; C:sitoplazma; C: vezikül; C:hücre içi zarla çevrili organel	GO terimleri yok
CpHsp40-167	şaperon protein dnaJ 72	187	3,39E-93	77,73	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-168	dnaJ proteini P58IPK homologu	485	0	95,15	C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F: protein bağlanması
CpHsp40-169	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3	165	1,03E-96	85,98	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi	GO terimleri yok
CpHsp40-170	tRNA üridin 5-karboksimetilaminometil modifikasyon enzimi MnmG	736	0	85,67	P:tRNA metilasyonu; P: mitokondriyal tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; F: flavin adenin dinükleotid bağlanması; C: mitokondri	P:tRNA işleme; F: flavin adenin dinükleotid bağlanması
CpHsp40-171	oksilin benzeri protein 1	1440	0	82,53	P: klatrin kaplamanın sökülmesi; P: klatrin bağımlı endositoz; F: klatrin bağlama; C:sitoplazma; C: vezikül; C:hücre içi zarla çevrili organel	GO terimleri yok
CpHsp40-172	şaperon protein dnaJ 11, kloroplastik	163	1,40E-90	86,18		GO terimleri yok
CpHsp40-173	varsayılan tirozin-protein fosfataz oksilin izoformu X1	406	1,13E-120	90,97		GO terimleri yok

EK 51'in devamı

CpHsp40-174	dnaJ homolog alt aile B üyesi 1 benzeri izoform X1	412	0	91,87	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: sitozol	P: protein katlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-175	şaperon protein dnaJ 50	300	0	91,99	P: protein katlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: protein katlanması
CpHsp40-176	GDP-mannoz taşıyıcı GONST2 benzeri izoform X1	381	0	89,45	P:GDP-mannoz transmembran taşıma; F:GDP-mannoz transmembran taşıyıcı aktivitesi; F: taşıyıcı karşıtı aktivite; C: Golgi aygıtı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-177	şaperon protein dnaJ 16 benzeri	417	0	94,76		GO terimleri yok
CpHsp40-178	şaperon protein dnaJ 16 benzeri	92	4,44E-22	93,51		GO terimleri yok
CpHsp40-179	dnaJ homolog alt ailesi C üyesi 8	244	3,32E-134	89,74	C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-180	DNAJ proteini	319	3,68E-173	90,63	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-181	DNA ligaz 1	602	0	83,84	F:ligaz aktivitesi	GO terimleri yok
CpHsp40-182	şaperon protein dnaJ 10 benzeri	545	1,41E-158	90,18		GO terimleri yok
CpHsp40-183	şaperon proteini DnaJ	327	0	71,56	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: protein katlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp40-184	NAD(P)H-kinon oksidoredüktaz alt birimi T, kloroplastik	241	1,02E-136	86,14	C:kloroplast thylakoid membran; C:NAD(P)H dehidrojenaz kompleksi (plastokinon); C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-185	sitokinin ribosit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG1 benzeri	168	9,43E-119	96,96	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:liyaz aktivitesi; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenozin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C: sitozol	GO terimleri yok
CpHsp40-186	dnaJ homolog alt ailesi C üyesi 17	242	4,07E-104	91,53	F:RNA bağlanması	GO terimleri yok
CpHsp40-187	NAD(P)H-kinon oksidoredüktaz alt birimi T, kloroplastik	154	3,08E-81	94,18	C:kloroplast thylakoid membran; C:NAD(P)H dehidrojenaz kompleksi (plastokinon); C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp40-188	DPH4 homologu	135	1,02E-93	90,53	P:tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; P: peptidil-histidin'den peptidil-diftamid biyosentetik prosesi; F: metal iyonu bağlama; C:çekirdek; C: sitozol	P: peptidil-histidin'den peptidil-diftamid biyosentetik prosesi; F: metal iyon bağlama

EK 52 Kabak Hsp60 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
CpHsp60-01	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1C	1677	0	79.43	P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp60-02	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1C	1729	0	85.77	P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; C:endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp60-03	T-kompleks proteini 1 alt birim beta	527	0	99.15	P:mRNA poliadenilasyon; P: protein katlanması; F:mRNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C:şaperonin içeren T-kompleks; C:mRNA bölünme faktörü kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması; C:sitosol; C: şaperonin içeren T kompleksi
CpHsp60-04	T-kompleks proteini 1 alt birim alfa	531	0	96.38	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-05	varsayılan pentatrikopeptit tekrar içeren protein At1g17630	473	0	82.06		F: protein bağlanması
CpHsp60-06	T-kompleks proteini 1 alt birim teta	557	0	95.09	P: protein katlanması; P: pozitif ulaşım düzenlemesi; F:ATP bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; C:şaperonin içeren T-kompleks; C:plazmodesma	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-07	T-kompleks proteini 1 alt birim eta	561	0	98.9	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-08	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birim beta, kloroplastik	594	0	95.24	P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C:kloroplast stroması; C: sitozolik ribozom	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-09	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birim alfa	497	0	98.49	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlama	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-10	T-kompleks proteini 1 alt birim gama	537	0	93.28	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-11	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1D	1522	0	80.06	P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp60-12	T-kompleks proteini 1 alt birim epsilon	671	0	98,52	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-13	T-kompleks proteini 1 alt birim teta	545	0	97,6	P: protein katlanması; P: pozitif ulaşım düzenlemesi; F:ATP bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; C:şaperonin içeren T-kompleks; C:plazmodesma	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması

EK 52'nin devamı

CpHsp60-14	10 kDa şaperonin 1, kloroplastik benzeri	235	1,21E-71	93,87	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: mitokondriyal matris	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-15	şaperonin 60 alt birim beta 4, kloroplastik benzeri	590	0	92,35	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: kloroplast stroması	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-16	T-kompleks proteini 1 alt birim deltası	533	0	98,59	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-17	T-kompleks proteini 1 alt birim epsilon	535	0	99,24	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-18	şaperonin CPN60-2, mitokondriyal	529	0	98,58	P:fosforilasyon; P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:kinaz aktivitesi; C: mitokondri; C: sitozol	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-19	1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1B benzeri	1811	0	90,36	P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; C:endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz; F: metal iyon bağlama
CpHsp60-20	şaperonin CPN60 benzeri 2, mitokondriyal	540	0	89,56	P: protein yeniden katlanması; P: kadmiyum iyonuna tepki; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C: vakumlu zar; C:sitosol; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-21	uzama faktörü Tu, mitokondriyal	450	0	96,13	P: kadmiyum iyonuna tepki; P: mitokondriyal translasyonel uzama; F: çeviri uzatma faktörü aktivitesi; F:GTPaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:GTP bağlama; F: çinko iyonu bağlama; F:nükleotidiltransferaz aktivitesi; F: kobalt iyonu bağlama; C: hücre duvarı; C: mitokondri	P: öteleme uzaması; F: çeviri uzatma faktörü aktivitesi; F:GTPaz aktivitesi; F:GTP bağlama
CpHsp60-22	T-kompleks protein 1 alt birim zeta 1	537	0	98,53	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-23	T-kompleks proteini 1 alt birim gama	566	0	93,37	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-24	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birim alfa	611	0	97,77	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlama	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-25	şaperonin CPN60-2, mitokondriyal	575	0	97,95	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C: sitozol	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-26	10 kDa şaperonin 1, kloroplastik benzeri	230	1,20E-87	90,52	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: mitokondriyal matris	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-27	1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1B benzeri	2067	0	87,89	P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; C:endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz; F: metal iyon bağlama
CpHsp60-28	T-kompleks protein 1 alt birim zeta 1	535	0	98,78	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması

EK 52'nin devamı

CpHsp60-29	şaperonin CPN60-2, mitokondriyal	573	0	96,06	P: protein yeniden katlanması; F:RNA bağlanması; F: bakır iyonu bağlama; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C: vakumlu zar; C:sitosol; C:plazma zarı; C:kloroplast stroması; C: kloroplast zarfı	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-30	1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1B benzeri	1799	0	84,51	P: vakuol organizasyonu; P: polen gelişimi; P:iç zar sistemi organizasyonu; P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; C:endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz; F: metal iyon bağlama
CpHsp60-31	T-kompleks proteini 1 alt birim eta	516	0	89,23	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-32	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birim beta, kloroplastik	881	0	94,14	P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C:kloroplast stroması; C: sitozolik ribozom	P: protein fosforilasyonu; P: protein yeniden katlanması; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-33	20 kDa şaperonin, kloroplastik benzeri	255	4,27E-180	93,72	P: protein katlanması; P: süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F: geçiş metali iyon bağlanması	P: protein katlanması; P: süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: geçiş metali iyon bağlanması
CpHsp60-34	20 kDa şaperonin, kloroplastik benzeri	233	1,67E-158	85,51	P: protein katlanması; P: süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F: geçiş metali iyon bağlanması	P: protein katlanması; P: süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: geçiş metali iyon bağlanması
CpHsp60-35	10 kDa şaperonin, mitokondri benzeri	97	6,47E-61	96,03	P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; F: refakatçi bağlama; C: mitokondriyal matris	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-36	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At4g13650	692	0	90,41	P:mRNA işleme; P: protein fosforilasyonu; P:RNA fosfodiester bağı hidrolizi; F:ribonükleaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:oksidoredüktaz aktivitesi; F: protein serin kinaz aktivitesi; F: protein treonin kinaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F: protein bağlanması
CpHsp60-37	T-kompleks proteini 1 alt birim deltası	533	0	98,36	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp60-38	şaperonin 60 alt birim alfa 2, kloroplastik izoform X1	576	0	91,34	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlama	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp60-39	T-kompleks proteini 1 alt birim beta	527	0	98,5	P:mRNA poliadenilasyon; P: protein katlanması; F:mRNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C:şaperonin içeren T-kompleks; C:mRNA bölünme faktörü kompleksi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması; C:sitosol; C: şaperonin içeren T kompleksi
CpHsp60-40	1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1B benzeri	1770	0	88,55	P: vakuol organizasyonu; P: polen gelişimi; P:iç zar sistemi organizasyonu; P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; C:endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz; F: metal iyon bağlama

EK 52’nin devamı

CpHsp60-41	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1D	1499	0	81,59	P:fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik süreci; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp60-42	refakatçi GroEL	548	0	99,63	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 53 Kabak Hsp70 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
CpHsp70-01	ısı şoku 70 kDa protein, mitokondriyal	680	0	98	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakumlu zar	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp70-02	ısı şoku kökenli 70 kDa protein 2 benzeri	495	0	99.41	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-03	RNA polimeraz II transkripsiyon alt birimi 37c'nin olası aracısı	475	0	98.2	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-04	O-fukosiltransferaz 16	575	0	94.2	P:fukoz metabolik süreci; F: glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp70-05	ısı şoku 70 kDa protein 17	898	0	92	P: hipoksi kaynaklı içsel apoptotik sinyal yolunun negatif regülasyonu; F:ATP bağlanması; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-06	ısı şoku 70 kDa protein 16 benzeri	731	0	85.73	F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: endoplazmik retikulum; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-07	ısı şoku 70 kDa protein 8	619	0	93.32	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-08	lümen bağlayıcı protein 5	660	0	97.81	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: endoplazmik retikulum katlanmamış protein tepkisi; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C:çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C:zar; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-09	protein KÖK SAÇ ÖZEL 17-benzeri	1086	0	91.29	P:fukoz metabolik süreci; F:oksidoredüktaz aktivitesi; F: glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok

EK 53'ün devamı

CpHsp70-10	ısı şoku 70 kDa protein 17	898	0	91,42	P: hipoksi kaynaklı içsel apoptotik sinyal yolunun negatif regülasyonu; F:ATP bağlanması; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-11	ısı şoku 70 kDa protein 16 benzeri	694	0	78,39	F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-12	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik benzeri	677	0	94,2	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: kloroplast	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp70-13	O-fukosiltransferaz 9	619	0	77,74	P:fukoz metabolik süreci; F: glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp70-14	O-fukosiltransferaz 29	570	0	91,63	P:fukoz metabolik süreci; F: glikosiltransferaz aktivitesi; C:endozom; C:trans-Golgi ağı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp70-15	ısı şoku kökenli 70 kDa protein 2	490	0	98,9	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:2-alkenal redüktaz [NAD(P)+] aktivitesi; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-16	ısı şoku 70 kDa protein 15 benzeri	840	0	93,85	F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-17	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik	706	0	96,46	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: kloroplast	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp70-18	lümen bağlayıcı protein 5	665	0	99,14	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: endoplazmik retikulum katlanmamış protein tepkisi; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C:çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C:zar; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-19	RNA polimeraz II transkripsiyon alt birimi 37c izoformu X2'nin olası aracısı	413	0	83,95	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-20	RNA polimeraz II transkripsiyon alt birimi 37c'nin olası aracısı	476	0	99,13	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-21	ısı şoku 70 kDa protein, mitokondriyal	680	0	98,54	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakumlu zar	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp70-22	olası 1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz 2, kloroplastik	659	0	86,34	P:tiamin biyosentetik süreci; P:terpenoid biyosentetik işlem; P:1-deoksi-D-ksilüloz 5-fosfat biyosentetik prosesi; F:1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz aktivitesi; F: metal iyon bağlama	P:terpenoid biyosentetik işlem; F:katalitik aktivite; F:1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz aktivitesi

EK 53'ün devamı

CpHsp70-23	O-fukosiltransferaz 29	572	0	91,82	P:fukoz metabolik süreci; F: glikosiltransferaz aktivitesi; C:endozom; C:trans-Golgi ağı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsp70-24	varsayılan 1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz, kloroplastik	668	0	88,13	P:çeviri; P:tiamin biyosentetik süreci; P: klorofil biyosentetik süreci; P:terpenoid biyosentetik işlem; P:1-deoksi-D-ksilüloz 5-fosfat biyosentetik prosesi; F: ribozomun yapısal bileşeni; F:1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz aktivitesi; F: metal iyonu bağlama; C:ribozom; C: kloroplast	P:terpenoid biyosentetik işlem; F:katalitik aktivite; F:1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz aktivitesi
CpHsp70-25	ısı şoku 70 kDa protein 15 benzeri	835	0	93,27	F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp70-26	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik	706	0	95,88	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: kloroplast	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp70-27	selüloz sentaz A katalitik alt birim 7 [UDP oluşturan] izoform X2	1654	0	93,19	P: bitki tipi birincil hücre duvarı biyogenezi; P:bitki tipi sekonder hücre duvarı biyogenezi; P:rhamnogalacturonan I yan zincir metabolik süreci; P:selüloz biyosentetik süreci; F: protein bağlanması; F:selüloz sentaz (UDP oluşturan) aktivitesi; F: metal iyonu bağlama; C:trans-Golgi ağı; C:plazma zarı; C:kloroplast; C:selüloz sentaz kompleksi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:selüloz biyosentetik süreci; F:ATP bağlanması; F:selüloz sentaz (UDP oluşturan) aktivitesi; F:ATPaz; C: zar
CpHsp70-28	ısı şoku kökenli 70 kDa protein 2	477	0	98,58	P: katlanmamış proteine hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:2-alkenal redüktaz [NAD(P)+] aktivitesi; F: protein katlama refakatçisi; F: katlanmamış protein bağlanması; F:yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 54 Kabak Hsp90 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
CpHsp90-01	ısı şoku proteini 90-5, kloroplastik	794	0.0	95.12	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: su yoksunluğuna tepki; P: tuz stresine tepki; P: etiol giderme; P:klorata tepki; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; F:ATP bağlanması; F:protein homodimerizasyon aktivitesi; F: katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakumlu zar; C: endoplazmik retikulum; C:kloroplast stroması; C:kloroplast zarfı; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-02	Isı şoku proteini Hsp90	711	0.0	89.45	P: çeviri ön başlatma kompleksinin oluşumu; P: çeviri yeniden başlatma; P: protein katlanması; F:RNA bağlanması; F: ribozomun yapısal bileşeni; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C:sitoplazma; C:ribozom	P: protein katlanması; F:RNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-03	ısı şoku proteini 90-6, mitokondriyal	1383	0.0	92.6	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; F: katlanmamış protein bağlanması; C: hücre duvarı; C:çekirdek; C: mitokondri; C: endoplazmik retikulum; C:kloroplast stroması; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-04	endoplazmin homologu	704	0.0	92.78	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-05	Isı şoku proteini Hsp90	292	6.14E-175	87.58	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-06	endoplazmin homologu	783	0.0	84.5	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-07	ısı şoku proteini 90-5, kloroplastik	855	0.0	94.97	P: protein katlanması; P: ısıya tepki; P: su yoksunluğuna tepki; P: tuz stresine tepki; P: etiol giderme; P:klorata tepki; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; F:ATP bağlanması; F:protein homodimerizasyon aktivitesi; F: katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakumlu zar; C: endoplazmik retikulum; C:kloroplast stroması; C:kloroplast zarfı; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-08	Isı şoku proteini 83	396	0.0	89.48	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-09	Isı şoku proteini Hsp90	356	0.0	89.64	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp90-10	54S ribozomal protein L24, mitokondriyal	220	2.81E-130	92.51	P:çeviri; F: ribozomun yapısal bileşeni; C: mitokondriyal büyük ribozomal alt birim	P:çeviri; F: ribozomun yapısal bileşeni; C:ribozom

EK 55 Kabak Hsp100 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
CpHsp100-01	ribuloz bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz 2, kloroplastik benzeri	442	0	94.12	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivatör aktivitesi; C:kloroplast stroması; C: thylakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-02	ATPaz WRNIP1	587	0	85.91	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P: DNA onarımının düzenlenmesi; P:DNA çift yönlü çözme; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F: enzim aktivatör aktivitesi; F: tek sarmallı DNA helikaz aktivitesi; C:çekirdek; C: plastid	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-03	kalmodulin etkileşimli protein 111 benzeri izoform X2	827	0	92.1	P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlanması; C: plastid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-04	AAA-ATPase At5g17760 benzeri	495	0	88.83	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-05	ribuloz bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz 2, kloroplastik benzeri	448	0	92.4	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivatör aktivitesi; C:kloroplast stroması; C: thylakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-06	hücre bölünmesi kontrol proteini 48 homolog B	345	0	80.77	P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-07	hücre bölünmesi kontrol proteini 48 homolog B	561	0	83.69	P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-08	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX2, mitokondriyal izoform X1	1136	0	92.76	P: protein katlanması; P:proteoliz; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp100-09	Çoğaltma faktörü C alt birim 3	363	0	93.62	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; P: savunma yanıtının olumsuz düzenlemesi; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-10	protein SMAX1-GİBİ 3 benzeri	553	0	86.03		GO terimleri yok
CpHsp100-11	protein SMAX1-GİBİ 7 benzeri	1116	0	83.11	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-12	ribuloz bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz, kloroplastik	478	0	95.12	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F:ribuloz-1,5-bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivatör aktivitesi; C:kloroplast stroması; C: thylakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-13	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein FIGL1	682	0	90.67	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül kesme; F:ATP bağlanması; F:mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi; C:çekirdek	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-14	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH, kloroplastik	716	0	97.86	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar

EK 55’in devamı

CpHsp100-15	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 4, mitokondriyal	827	0	96,57	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
CpHsp100-16	replikasyon faktörü C alt birim 4	324	0	96,46	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; P:proteoliz; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; F:sistein tipi peptidaz aktivitesi; C:çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi; C: plastid	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-17	Şaperon proteini ClpD, kloroplastik	983	0	88,5	P: protein içeren kompleks yapı; F:ATP bağlanması; C:kloroplast stroması; C:kloroplast zarfı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-18	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX3, mitokondriyal	700	0	93,15	P: protein katlanması; P:proteoliz; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: katlanmamış protein bağlanması	P: protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması
CpHsp100-19	şaperon proteini ClpB1	909	0	98	P: ısıya hücresel tepki; F:ATP bağlanması; C: plastid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-20	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 9, kloroplastik izoform X1	740	0	86,62	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; C: zarın ayrılmaz bileşeni
CpHsp100-21	protein SMAX1-GİBİ 6	852	0	80,52	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-22	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homologu CD4B, kloroplastik	923	0	98,16	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; P:proteoliz; P: oksin ile aktive olan sinyal yolu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; C:çekirdek	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-23	şaperon proteini ClpB3, kloroplastik	972	0	95,88	P: ısıya hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; C: sitoplazma	P: ısıya tepki; P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: sitoplazma
CpHsp100-24	AAA-ATPase At4g25835 benzeri	517	0	87,87	P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-25	hücre bölünmesi döngüsü proteini 48 homologu	804	0	98,98	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: retrograd protein taşınması, ER'den sitozole; P:mitotik iğ sökme; P:hücre bölünmesi; P:ER ile ilişkili yanlış katlanmış protein katabolik süreci; P: otofagozom olgunlaşması; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F: polyubikitin modifikasyonuna bağlı protein bağlanması; C:çekirdek; C:sitosol; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPaz kompleksi	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp100-26	protein SMAX1-GİBİ 3 benzeri	776	0	75,03		GO terimleri yok
CpHsp100-27	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	1057	0	92,02	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-28	AAA-ATPase At4g25835 benzeri	503	0	87,55	P:hücre bölünmesi; F: kalsiyum iyonu bağlama; F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-29	protein CbxX, kromozomal	479	0	96,49	F:ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-30	AAA-ATPase At2g46620	481	0	89,78	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-31	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	483	0	86,55	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55’in devamı

CpHsp100-32	ATP'ye bağlı çinko metaloproteaz FTSH 2, kloroplastik	707	0	92	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
CpHsp100-33	26S proteazom düzenleyici alt birim 8 homolog A	402	0	94,76	P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom kompleksi; C: sitoplazma	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-34	MAX2 1 protein BASTIRICI	1032	0	86,06		GO terimleri yok
CpHsp100-35	AAA-ATPase At5g57480 benzeri	529	0	90,47	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-36	protein SMAX1-GİBİ 4 benzeri	1036	0	81,26	P:proteoliz; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi	GO terimleri yok
CpHsp100-37	hücre bölünmesi döngüsü proteini 48 homologu	799	0	94,76	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: retrograd protein taşınması, ER'den sitozole; P:mitotik iğ sökme; P:hücre bölünmesi; P:ER ile ilişkili yanlış katlanmış protein katabolik süreci; P: otofagozom olgunlaşması; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F: polyubikitin modifikasyonuna bağlı protein bağlanması; C:çekirdek; C:sitosol; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPaz kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-38	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homologu CD4B, kloroplastik	589	0	99,5	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; P:proteoliz; P: oksin ile aktive olan sinyal yolu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; C:çekirdek	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-39	26S proteazom düzenleyici alt birim 4 homolog A	445	0	98,77	P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C:çekirdek; C:sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-40	K(+) TAŞIMA BÜYÜME DEFEKTİNİN PROTEİN BASKILAYICISI 1	392	0	89,6	P: vakuol organizasyonu; P:endozomal taşıma; F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-41	replikasyon faktörü C alt birim 1	976	0	90,68	P: mayotik rekombinasyon ara maddelerinin çözülmesi; P:DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; P: absisik aside tepki; P: kromatin susturma düzenlemesi; P: histon H3-K9 metilasyonunun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi	P:DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi
CpHsp100-42	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 1 benzeri	340	0	83,02	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-43	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 11, kloroplastik/mitokondriyal	809	0	85,76	P:proteoliz; P: ısıya tepki; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C:kloroplast thylakoid; C:kloroplast zarfı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
CpHsp100-44	nükleer valosin içeren protein benzeri	857	0	93,94	P:protein otofosforilasyonu; F:ATP bağlanması; F: protein serin kinaz aktivitesi; F: protein treonin kinaz aktivitesi; C:plazma zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-45	olası aktif olmayan ATP'ye bağlı çinko metalloproteaz FTSHI 5, kloroplastik	1229	0	82,06	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

CpHsp100-46	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 10, mitokondriyal benzeri	815	0	94,82	P: mitokondriyal füzyon; P: mitokondriyal protein işleme; P:kristal oluşumu; P: protein içeren kompleks yapı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: mitokondriyal iç zar; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; C:zar; C: zarın ayrılmaz bileşeni
CpHsp100-47	ribuloz bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz, kloroplastik benzeri	437	0	96,36	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-48	26S proteazom düzenleyici alt birim 6B homologu	418	0	98,58	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-49	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 12, kloroplastik	1001	0	92	P: mitokondriyal füzyon; P: tohum dormansisinde sona eren embriyo gelişimi; P: mitokondriyal protein işleme; P:kristal oluşumu; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; P: protein içeren kompleks yapı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: kloroplast proteini taşıyan ATPaz aktivitesi; C: mitokondriyal iç zar; C:kloroplast iç zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C:Ycf2/FtsHi kompleksi	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-50	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 3-B	674	0	88,44	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: mitokondri	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: mitokondri
CpHsp100-51	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH, kloroplastik	689	0	93,07	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
CpHsp100-52	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	242	1,16E-137	80,85	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-53	şaperon proteini ClpB3, mitokondriyal	986	0	93,49	P:sinyal peptit işleme; P: ısıya hücresel tepki; P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C:sinyal peptidaz kompleksi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: ısıya tepki; P: protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: sitoplazma
CpHsp100-54	Protein FİDE PLASTİD GELİŞİMİ 1	565	0	85,51	F:ATP bağlanması; C: kloroplast	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-55	şaperon proteini ClpD, kloroplastik benzeri	926	0	88,75	P: protein içeren kompleks yapı; F:ATP bağlanması; C:kloroplast stroması; C: kloroplast zarfı	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-56	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX3, mitokondriyal izoform X1	1417	0	90,17	P: protein katlanması; P:proteoliz; P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondriyal matris	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-57	replikasyon orijini karmaşık alt birim 1B benzeri izoform X1	786	0	87,97	P:DNA replikasyonu başlatma; P:kromatin organizasyonu; P:mitotik DNA replikasyonu kontrol noktası sinyali; F: kromatin bağlanması; F: DNA replikasyonu orijini bağlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyonu bağlama; C: replikasyon tanıma kompleksinin nükleer orijini	F: kromatin bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-58	MAX2 protein BASTIRICI 1 benzeri	878	0	77,99	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-59	protein SMAX1-GİBİ 4 benzeri	987	0	75,64		GO terimleri yok

EK 55’in devamı

CpHsp100-60	lon proteaz homolog 1, mitokondriyal	953	0	91,13	P:yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P: mitokondri organizasyonu; P: oksidatif strese hücresel yanıt; P: şaperon aracılı protein kompleksi düzeneği; P: oksidasyona bağlı protein katabolik süreci; F: tek sarmallı DNA bağlanması; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: diziye özgü DNA bağlanması; C: mitokondriyal matris	P:proteoliz; P:yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein katabolik süreci; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-61	26S proteazom düzenleyici alt birim 6A homologu	418	0	93,72	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C:çekirdek; C:sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-62	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B benzeri	398	0	99,45	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-63	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B benzeri	383	0	99,25	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C:çekirdek; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-64	protein CbxX, kromozomal	517	0	89,55	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-65	spastin izoformu X1	500	0	86,01	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül kesme; F:ATP bağlanması; F:mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi; C:çekirdek; C: mikrotübül hücre iskeleti; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-66	AAA-ATPase At2g46620 benzeri	481	0	89,01	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-67	Protein SMAX1-LIKE 3	801	0	63,74	C: plastid	GO terimleri yok
CpHsp100-68	hücre bölünmesi döngüsü proteini 48 homologu	1135	0	98,99	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: retrograd protein taşınması, ER'den sitozole; P:mitotik iğ sökme; P:hücre bölünmesi; P:ER ile ilişkili yanlış katlanmış protein katabolik süreci; P: otofagozom olgunlaşması; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F: polyubikitin modifikasyonuna bağlı protein bağlanması; C:çekirdek; C:sitosol; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPaz kompleksi	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp100-69	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 1-B benzeri	384	0	94,19	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-70	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX1, mitokondriyal benzeri	1422	0	87,54	P: protein katlanması; P: ubikuitine bağımlı protein katabolik süreci; P:çok hücreli organizma gelişimi; P: protein çoğalması; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: çinko iyonu bağlama; F:transferaz aktivitesi; F:ligaz aktivitesi; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P: protein katlanması; P: ubikuitine bağımlı protein katabolik süreci; P:çok hücreli organizma gelişimi; F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; F: katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma

EK 55'in devamı

CpHsp100-71	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim CLPT1, kloroplastik benzeri	264	4,17E-163	80,21	P:proteoliz; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; C:kloroplast stroması; C: tilakoid; C: kloroplast zarfı	GO terimleri yok
CpHsp100-72	Vezikül kaynaştırıcı ATPaz	666	0	87,06	P: Golgi içi vezikül aracılı taşıma; P:SNARE karmaşık sökme; P: Golgi'den plazma zarına protein taşınması; P: Golgi vezikül kenetlenmesi; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F: metal iyonu bağlama; C: Golgi yığını	P:SNARE karmaşık sökme; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-73	peroksizom biyogenez proteini 1 izoformu X1	1129	0	95,04	P: peroksizom organizasyonu; F:ATP bağlanması; C: peroksizom	P: peroksizom organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: peroksizom
CpHsp100-74	karakterize edilmemiş protein LOC111802436 izoformu X1	1223	0	96,45	F:ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-75	AAA-ATPase At3g28580 benzeri	531	0	82,8	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-76	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A benzeri 2 izoform X1	366	0	84,95	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-77	hücre bölünmesi döngüsü proteini 48 homologu	805	0	99,01	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: retrograd protein taşınması, ER'den sitozole; P:mitotik iğ sökme; P:hücre bölünmesi; P:ER ile ilişkili yanlış katlanmış protein katabolik süreci; P: otofagozom olgunlaşması; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F: polyubikitin modifikasyonuna bağlı protein bağlanması; C:çekirdek; C:sitosol; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPaz kompleksi	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp100-78	olası aktif olmayan ATP'ye bağlı çinko metalloproteaz FTSHI 4, kloroplastik	773	0	95,19	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-79	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 3	626	0	94,95	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: mitokondri	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: mitokondri
CpHsp100-80	protein HİPER HASSASİYET İLE İLGİLİ 4 benzeri	479	0	89,79	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-81	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A1 izoformu X1	848	0	89,05	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-82	hücre bölünmesi kontrol proteini 48 homolog C benzeri	794	0	88,52	P:ribozom biyogenezi; P:hücre bölünmesi; P: telomeraz aktivitesinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F: preribozom bağlanması; C:çekirdek	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-83	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B benzeri	398	0	98,84	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-84	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B benzeri	398	0	99,18	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma

EK 55'in devamı

CpHsp100-85	26S proteazom düzenleyici alt birim 4 homolog B benzeri	447	0	98,84	P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C:çekirdek; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: plastid	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-86	MAX2 protein BASTIRICI 1 benzeri	1094	0	78,3	F:hidrolaz aktivitesi	GO terimleri yok
CpHsp100-87	protein SMAX1-GİBİ 4 benzeri	945	0	72,61		GO terimleri yok
CpHsp100-88	26S proteazom düzenleyici alt birim 6A homologu	405	0	96,65	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C:çekirdek; C:sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-89	---NA---	418				P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-90	olası aktif olmayan ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 2, kloroplastik izoform X1	947	0	89,08	P:proteoliz; P:hücre bölünmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-91	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A1	520	0	96,8	P:biyosentetik süreç; P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül kesme; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi; F: izomeraz aktivitesi; F:piridoksal fosfat bağlanması; C:çekirdek; C:sitoplazma; C: mikrotübül	P:mikrotübül kesme; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp100-92	26S proteazom düzenleyici alt birim 7	460	0	99,51	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C:sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-93	AAA tipi ATPaz ailesi protein izoformu 1	1273	0	94,54	F:ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-94	nükleer valosin içeren protein benzeri	851	0	93,84	P:protein otofosforilasyonu; F:ATP bağlanması; F: protein serin kinaz aktivitesi; F: protein treonin kinaz aktivitesi; C:plazma zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-95	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 11, kloroplastik/mitokondriyal	847	0	92,17	P:proteoliz; P: ısıya tepki; P:hücre bölünmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C:kloroplast thylakoid; C:kloroplast zarfı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
CpHsp100-96	AAA-ATPase At2g46620 benzeri	479	0	86,39	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-97	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 1 benzeri	355	0	84,79	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-98	Çoğaltma faktörü C alt birim 3	455	0	94,88	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; P: savunma yanıtının olumsuz düzenlemesi; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-99	protein SMAX1-GİBİ 3 benzeri	638	0	82,57	F:hidrolaz aktivitesi	GO terimleri yok

EK 55'in devamı

CpHsp100-100	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	477	0	87,3	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-101	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 6, kloroplastik	671	0	93,52	P:proteoliz; P: apoptotik sürecin düzenlenmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
CpHsp100-102	olası aktif olmayan ATP'ye bağlı çinko metalloproteaz FTSHI 3, kloroplastik	624	0	84,49	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C:kloroplast thylakoid; C:kloroplast zarfı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; C: zarın ayrılmaz bileşeni
CpHsp100-103	protein SMAX1-GİBİ 7 benzeri	1157	0	82,39	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-104	ribuloz bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz, kloroplastik benzeri	479	0	95,06	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivatör aktivitesi; C:kloroplast stroması; C: thylakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-105	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 1-B benzeri	384	0	94,27	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-106	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX1, mitokondriyal benzeri izoform X1	546	0	81,09	P: protein katlanması; P:proteoliz; P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondriyal matris	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-107	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim CLPT1, kloroplastik	234	1,46E-158	90,62	P:proteoliz; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; C:kloroplast stroması; C: tilakoid; C: kloroplast zarfı	GO terimleri yok
CpHsp100-108	Tat bağlayıcı 7 benzeri protein	1944	0	88,62	F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-109	olası aktif olmayan ATP'ye bağlı çinko metaloproteaz FTSHI 1, kloroplastik	960	0	89,46	P:proteoliz; P: tohum dormansisinde sona eren embriyo gelişimi; P: kloroplast fisyon; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: kloroplast proteini taşıyan ATPaz aktivitesi; C:kloroplast thylakoid; C:kloroplast iç zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C:Ycf2/FtsHi kompleksi	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-110	varsayılan hücre bölünmesi döngüsü ATPaz	1008	0	88,24	P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlanması; C: plastid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-111	replikasyon faktörü C alt birim 2	333	0	98,6	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi; C: plastid	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-112	lon proteaz homolog 2, peroksizomal benzeri izoform X1	889	0	93,16	P:yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein işleme; P: peroksizom matrisine protein aktarımı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: peroksizomal matris	P:proteoliz; P:yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein katabolik süreci; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-113	26S proteazom düzenleyici alt birim 4 homolog A	445	0	98,8	P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C:çekirdek; C:sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma

EK 55'in devamı

CpHsp100-114	kalmodulin etkileşimli protein 111 izoformu X1	1055	0	92,81	F:ATP bağlanması; C: kloroplast	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-115	ATP'ye bağlı çinko metaloproteaz FTSH 2, kloroplastik	1135	0	94,62	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; P:hücre duvarı modifikasyonu; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:pektinesteraz aktivitesi; C: zar
CpHsp100-116	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 3-B	641	0	94,34	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: mitokondri	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: mitokondri
CpHsp100-117	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 10, mitokondriyal benzeri	819	0	94,64	P: mitokondriyal füzyon; P: mitokondriyal protein işleme; P:kristal oluşumu; P: protein içeren kompleks yapı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: mitokondriyal iç zar; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; C:zar; C: zarın ayrılmaz bileşeni
CpHsp100-118	ribuloz bisfosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz, kloroplastik izoform X1	503	5,06E-179	99,78	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-119	26S proteazom düzenleyici alt birim 6B homologu	418	0	98,57	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-120	K(+) TAŞIMA BÜYÜME DEFEKTİNİN PROTEİN BASKILAYICISI 1	433	0	98,5	P: vakuol organizasyonu; P:endozomal taşıma; F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-121	Katanin p60 ATPaz içeren alt birim A1	518	0	96,69	P:biyosentetik süreç; P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül kesme; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi; F: izomeraz aktivitesi; F:piridoksal fosfat bağlanması; C:çekirdek; C:sitoplazma; C: mikrotübül	P:mikrotübül kesme; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp100-122	26S proteazom düzenleyici alt birim 7	426	0	99,69	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C:sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreci; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
CpHsp100-123	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 1-A	1031	0	91,17	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-124	AAA tipi ATPaz ailesi protein izoformu 1	1259	0	90,93	F:ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-125	peroksizom biyogenez proteini 6	918	0	85,31	P: peroksizom matrisine protein aktarımı; F:ATP bağlanması; C: peroksizomal zar; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-126	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein At1g05910	1201	0	94,42	P: kromatin susturmanın negatif regülasyonu; P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun pozitif regülasyonu; F: kromatin bağlanması; F:ATP bağlanması; F:histon bağlanması; C:çekirdek	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-127	hücre bölünmesi kontrol proteini 48 homolog C benzeri	805	0	88,36	P:ribozom biyogenezi; P:hücre bölünmesi; P: telomeraz aktivitesinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F: preribozom bağlanması; C:çekirdek	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

CpHsp100-128	26S proteazom düzenleyici alt birim 8 homolog A	713	0	90,04	P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom kompleksi; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; F: proteazomu aktive eden aktivite
CpHsp100-129	MAX2'NİN PROTEİN BASTIRICI 1	900	0	82,77	F:ATP bağlama	GO terimleri yok
CpHsp100-130	AAA-ATPase At5g57480 benzeri	521	0	90,27	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-131	protein SMAX1-GİBİ 4 benzeri	1009	0	80,17		GO terimleri yok
CpHsp100-132	---NA---	1047				F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-133	ATP'ye bağlı çinko metalloproteaz FTSH 10, mitokondriyal benzeri izoform X1	835	0	96,25	P: mitokondriyal füzyon; P: mitokondriyal protein işleme; P:kristal oluşumu; P: protein içeren kompleks yapı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: mitokondriyal iç zar; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; C:zar; C: zarın ayrılmaz bileşeni
CpHsp100-134	hücre bölünmesi döngüsü proteini 48 homologu	805	0	99,61	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: retrograd protein taşınması, ER'den sitozole; P:mitotik iğ sökme; P:hücre bölünmesi; P:ER ile ilişkili yanlış katlanmış protein katabolik süreci; P: otofagozom olgunlaşması; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F: polyubikitin modifikasyonuna bağlı protein bağlanması; C:çekirdek; C:sitosol; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPaz kompleksi	F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; F:ATPaz
CpHsp100-135	ATPaz ailesi AAA alanı içeren protein 3	630	0	92,51	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C: mitokondri	P: mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: mitokondri
CpHsp100-136	AAA-ATPase At2g18193 benzeri	2067	0	93,58	F:ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-137	---NA---	1315				F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-138	AAA-ATPase At3g28580 benzeri	517	0	88,71	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-139	pachytene kontrol noktası proteini 2 homologu	497	0	85,87	P: karşılıklı mayotik rekombinasyon; P: mayotik DNA çift iplikli kırılma oluşumu; P: mayotik rekombinasyon kontrol noktası sinyali; F:ATP bağlanması; F:hidrolaz aktivitesi; C:çekirdek; C:kromozom	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-140	karakterize edilmemiş protein LOC111782918 izoformu X1	1251	0	96,99	F:ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-141	---NA---	734				P:SNARE karmaşık sökme; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-142	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homologu CD4B, kloroplastik benzeri	908	0	96,25	P:proteoliz; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-143	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 9, kloroplastik izoform X1	861	0	95,1	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama; F:ATPaz; C:zar; C: zarın ayrılmaz bileşeni
CpHsp100-144	protein SMAX1-GİBİ 6 benzeri	827	0	73,55	F:ATP bağlama	GO terimleri yok
CpHsp100-145	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	1059	0	92,2	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55’in devamı

CpHsp100-146	olası aktif olmayan ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 2, kloroplastik izoform X1	916	0	91,74	P:proteoliz; P:hücre bölünmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast thylakoid; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-147	---NA---	916				P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-148	---NA---	515				P:protein katabolik süreci; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-149	---NA---	390				P:proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F:metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
CpHsp100-150	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B izoformu X2	242	1,03E-173	99,77	P: ubikuitine bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P: proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif regülasyonu; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C:çekirdek; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: plastid; C: sitozolik proteazom kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-151	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	401	0	93,8	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
CpHsp100-152	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	321	0	93,77	F:ATP bağlanması; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 56 Kabak Hsf Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
CpHsf-01	Isı stresi transkripsiyon faktörü A-8	404	0	90.95	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-02	saçakla ilgili aile proteini	245	5.58E-156	89.71	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsf-03	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-8	376	0	89.71	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-04	tRNA (guanin(26)-N(2))-dimetiltransferaz	463	0	90.26	P:tRNA N2-guanin metilasyonu; F:tRNA bağlanması; F:tRNA (guanin-N2-)-metiltransferaz aktivitesi; C:çekirdek	P:tRNA işleme; F:RNA bağlanması; F:tRNA (guanin-N2-)-metiltransferaz aktivitesi
CpHsf-05	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4 benzeri	337	0	80.83	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-06	Glikoprotein-N-asetilgalaktozamin 3-beta-galaktosiltransferaz 1	217	4.22E-147	93.72	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsf-07	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-3	449	0	76.69	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-08	5'-nükleotidaz SurE benzeri	385	0	91.45	P:defosforilasyon; F:nükleotid bağlanması; F:5'-nükleotidaz aktivitesi; F: metal iyonu bağlama; C: sitoplazma	F:nükleotidaz aktivitesi; F:hidrolaz aktivitesi
CpHsf-09	1,2-dihidroksi-3-keto-5-metiltiopenten dioksijenaz 2-benzeri	200	7.95E-147	95.32	Metiltiyoadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F:demir iyonu bağlama; F:asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; C:çekirdek; C: sitoplazma	Metiltiyoadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F:asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; F:oksidoredüktaz aktivitesi
CpHsf-10	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-6b benzeri	286	3.32E-178	87.07	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-11	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-5 benzeri	448	0	85.54	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P:proteoliz; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:sistein tipi peptidaz aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-12	homeobox-lösin fermuar proteini ANTOSİYANİNSİZ 2-benzeri izoform X3	349	0	87.35	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F: DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F: lipid bağlanması; C:çekirdek	F: lipid bağlama

EK 56’nın devamı

CpHsf-13	3-hidroksi-3-metilglutaril-koenzim A redüktaz 1 benzeri	479	0	95,91	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C: peroksizomal zar; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, alıcı olarak donörlerin CH-OH grubuna, NAD veya NADP'ye etki eder
CpHsf-14	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4b benzeri	236	6,48E-139	77,06	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-15	ısı stresi transkripsiyon faktörü C-1 benzeri	291	0	81,01	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-16	ABC taşıyıcı I aile üyesi 17	299	0	84,8	P:alüminyum iyonuna tepki; P:UDP-glikoz transmembran taşıma; P:fosfat iyonu transmembran taşıma; F: inorganik fosfat transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:UDP-glikoz transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPase-coupled transmembrane transporter aktivitesi; C: vezikül zarı	P:fosfat iyonu transmembran taşıma; F: inorganik fosfat transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: zar
CpHsf-17	Isı stresi transkripsiyon faktörü B-2b	359	0	83,23	P: galaktoz metabolik süreci; P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:UDP-glikoz 4-epimeraz aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-18	glikosil grubu transferazın aktarılması	235	1,65E-156	92,42	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsf-19	serin/treonin-protein kinaz SRPK	408	0	94,04	P:spliceosomal kompleks düzeneği; P: protein fosforilasyonu; P:hücre içi sinyal iletimi; P: mRNA işlemenin düzenlenmesi; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: sitoplazma	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsf-20	olası kalsiyum bağlayıcı protein CML20	168	3,83E-117	94,51	P:mitotik hücre döngüsü; P: stoma hareketinde yer alan absisik asitle aktive olan sinyal yolu; F: kalsiyum iyonu bağlama; C:sitoplazma; C: merkezcil; C:plazma zarı	F: kalsiyum iyonu bağlama
CpHsf-21	kırmızı klorofil katabolit redüktaz benzeri	316	0	88,69	P: klorofil katabolik süreç; F:kırmızı klorofil katabolit redüktaz aktivitesi; C: kloroplast	F: kırmızı klorofil katabolit redüktaz aktivitesi
CpHsf-22	3-hidroksi-3-metilglutaril-koenzim A redüktaz 1 benzeri	525	0	94,89	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, alıcı olarak donörlerin CH-OH grubuna, NAD veya NADP'ye etki eder
CpHsf-23	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4c benzeri	315	0	74,56	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-24	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4 benzeri	332	0	80,48	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-25	---NA---	372				P: protein metilasyonu; F:metiltransferaz aktivitesi; F:protein metiltransferaz aktivitesi

EK 56'nın devamı

CpHsf-26	varsayılan pentatrikopeptit tekrar içeren protein At5g52630	1865	2,30E-143	82,8	P:DNA şablonlu transkripsiyon, başlatma; P: serinden glisin biyosentetik süreci; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F: çinko iyonu bağlama; F:piridoksal fosfat bağlanması; C:çekirdek	P: serinden glisin biyosentetik süreci; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F:katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: protein bağlanması; F: piridoksal fosfat bağlanması
CpHsf-27	ısı şoku faktörü proteini HSF30 benzeri	356	0	85,25	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-28	lösin aminopeptidaz 1 benzeri	653	0	87,94	P:proteoliz; F:mangan iyonu bağlama; F:metalloaminopeptidaz aktivitesi; C: sitoplazma	P:proteoliz; P:protein metabolik süreci; F:mangan iyonu bağlama; F:metalloaminopeptidaz aktivitesi; C: sitoplazma
CpHsf-29	1,2-dihidroksi-3-keto-5-metiltiopenten dioksijenaz 2-benzeri	200	9,46E-148	96,02	Metiltiyoadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F:demir iyonu bağlama; F:asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; C:çekirdek; C: sitoplazma	Metiltiyoadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F:asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; F:oksidoredüktaz aktivitesi
CpHsf-30	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-6b benzeri	349	0	76,76	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-31	Transmembran emp24 alanı içeren protein p24beta3	215	2,47E-129	96,52	P: hücre içi protein taşıma; P: endoplazmik retikulumdan Golgi vezikül aracılı taşımaya; P: Golgi organizasyonu; C:vakuol; C: endoplazmik retikulum; C:endoplazmik retikulum-Golgi ara bölmesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C:COPII kaplı ER'den Golgi taşıma vezikülüne; C: Golgi sarnıç zarı	GO terimleri yok
CpHsf-32	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-5 benzeri	470	0	88,53	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P:proteoliz; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:sistein tipi peptidaz aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-33	ısı şoku faktörü proteini HSF8 benzeri	520	0	88,37	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-34	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-3	547	0	77,5	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-35	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2a benzeri	600	0	85,8	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-36	pentatrikopeptid tekrar içeren protein At4g21705, mitokondriyal	500	0	92,27	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması; C: mitokondri	F: protein bağlanması
CpHsf-37	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2a benzeri	201	1,75E-131	86,93	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-38	ısı şoku faktörü proteini HSF24	302	0	81,17	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması

EK 56'nın devamı

CpHsf-39	homeobox-lösin fermuar proteini MERISTEM L1 benzeri	680	0	92,71	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F: DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F: lipid bağlanması; C:çekirdek	F: lipid bağlama
CpHsf-40	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-3	241	1,37E-151	86,26	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-41	ısı şoku faktörü proteini HSF30 benzeri	368	0	86,91	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-42	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4 benzeri	376	0	78,92	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-43	3-hidroksi-3-metilglutaril-koenzim A redüktaz 1	597	0	93,56	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C: peroksizomal zar; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni; C: mitokondriyal zar; C: plastid zar	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, alıcı olarak donörlerin CH-OH grubuna, NAD veya NADP'ye etki eder
CpHsf-44	ısı stresi transkripsiyon faktörü C-1 benzeri	286	1,12E-170	87,7	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-45	nükleozom montaj proteini 1;2 benzeri izoform X2	724	0	94,92	P:nükleozom düzeneği; P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması; C:çekirdek	P:nükleozom düzeneği; P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması; C:çekirdek
CpHsf-46	homeobox-lösin fermuar proteini ANTOSİYANİNSİZ 2-benzeri	310	0	93,15	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F: DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F: lipid bağlanması; C:çekirdek; C: zarın ayrılmaz bileşeni	F: lipid bağlama
CpHsf-47	serin hidroksimetiltransferaz 4	190	1,67E-73	94	P:L-serin katabolik süreç; P: serinden glisin biyosentetik süreci; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F: çinko iyonu bağlama; F:piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyonu bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma	P: serinden glisin biyosentetik süreci; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F:katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması
CpHsf-48	karboksil terminal işleme peptidaz 2, kloroplastik benzeri izoform X1	535	0	91,35	P:proteoliz; F:serin tipi peptidaz aktivitesi	P:proteoliz; F: protein bağlanması; F:serin tipi peptidaz aktivitesi
CpHsf-49	1,2-dihidroksi-3-keto-5-metiltiopenten dioksijenaz 4	187	2,45E-137	93,8	Metiltiyoadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F:demir iyonu bağlama; F:asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; C:çekirdek; C: sitoplazma	Metiltiyoadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F:asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; F:oksidoredüktaz aktivitesi
CpHsf-50	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-6b benzeri izoform X1	396	0	87,39	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-51	glikosil grubu transferazın aktarılması	518	0	89,05	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok

EK 56'nın devamı

CpHsf-52	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2b benzeri	347	0	82,31	P: galaktoz metabolik süreci; P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:UDP-glikoz 4-epimeraz aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-53	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2b benzeri	323	0	78,21	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-54	homeobox-lösin fermuar proteini ANTOSİYANİNSİZ 2 izoform X2	334	0	94,44	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F: DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F: lipid bağlanması; C:çekirdek	F: lipid bağlama
CpHsf-55	saçakla ilgili aile proteini	166	2,64E-119	85,73	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsf-56	ısı şoku faktörü proteini HSF8 benzeri	525	0	82,37	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-57	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-6b benzeri	472	0	82,45	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-58	olası kalsiyum bağlayıcı protein CML20	155	1,52E-100	93,73	P:mitotik hücre döngüsü; P: stoma hareketinde yer alan absisik asitle aktive olan sinyal yolu; F: kalsiyum iyonu bağlama; C:sitoplazma; C: merkezcil; C:plazma zarı	F: kalsiyum iyonu bağlama
CpHsf-59	3-hidroksi-3-metilglutaril-koenzim A redüktaz 1 benzeri	503	0	94,42	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C: peroksizomal zar; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın ayrılmaz bileşeni	P:izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, alıcı olarak donörlerin CH-OH grubuna, NAD veya NADP'ye etki eder
CpHsf-60	homeobox-lösin fermuar proteini HDG2 benzeri izoform X2	434	1,21E-172	93,11	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F: DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F: lipid bağlanması; C:çekirdek	GO terimleri yok
CpHsf-61	karboksil terminal işleme peptidaz 2, kloroplastik benzeri izoform X1	541	0	93,89	P:proteoliz; F:serin tipi peptidaz aktivitesi	P:proteoliz; F: protein bağlanması; F:serin tipi peptidaz aktivitesi
CpHsf-62	serin hidroksimetiltransferaz 4	181	1,24E-72	93,03	P:L-serin katabolik süreç; P: serinden glisin biyosentetik süreci; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F: çinko iyonu bağlama; F:piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyonu bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma	P: serinden glisin biyosentetik süreci; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F:katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması
CpHsf-63	homeobox-lösin fermuar proteini ANTOSİYANİNSİZ 2-benzeri	405	7,29E-164	93,89	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F: DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F: lipid bağlanması; C:çekirdek	GO terimleri yok
CpHsf-64	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4b benzeri	271	3,67E-156	74,87	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması

EK 56'nın devamı

CpHsf-65	ısı stresi transkripsiyon faktörü C-1 benzeri	283	0	75,43	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-66	SRSF protein kinaz 1 benzeri	342	0	89,66	P:spliceosomal kompleks düzeneği; P: protein fosforilasyonu; P:hücre içi sinyal iletimi; P: mRNA işlemenin düzenlenmesi; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:çekirdek; C: sitoplazma	P: protein fosforilasyonu; F:protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlama
CpHsf-67	Isı şoku faktörü proteini HSF24	290	3,86E-137	74,75	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-68	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2a benzeri	189	8,59E-130	88,04	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-69	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4c benzeri	407	0	81,79	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-70	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4c	411	0	84,32	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-71	glikoprotein-N-asetilgalaktozamin 3-beta-galaktosiltransferaz 1	155	3,25E-101	93,1	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın ayrılmaz bileşeni	GO terimleri yok
CpHsf-72	Isı stresi transkripsiyon faktörü B-3	194	3,05E-117	65,09	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-73	Isı stresi transkripsiyon faktörü B-2b	359	0	83,23	P: galaktoz metabolik süreci; P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:UDP-glikoz 4-epimeraz aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-74	kırmızı klorofil katabolit redüktaz benzeri	526	0	89,04	P: klorofil katabolik süreç; F: kalsiyum iyonu bağlama; F:kırmızı klorofil katabolit redüktaz aktivitesi; C: kloroplast	F: kırmızı klorofil katabolit redüktaz aktivitesi
CpHsf-75	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-2 benzeri	269	1,53E-66	82,15	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-76	ısı stresi transkripsiyon faktörü C-1 benzeri	72	4,12E-44	91,46	P: RNA polimeraz II ile transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis-düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması
CpHsf-77	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-5 benzeri	96	1,30E-28	99,25	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; P:proteoliz; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:sistein tipi peptidaz aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması; C:çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması

EK 57 qPZR Çalışmalarında Kullanılan Genlere Ait Erime Eğrileri

