T.C.
KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ
FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ

ISI ŞOKU PROTEİN GENLERİNİN (HSP) BAZI *POPULUS* TAKSONLARINDA FONKSİYONEL GENOM ANALİZİ VE ABİYOTİK STRES KOŞULLARINDA HSP GENLERİNİN İFADE SEVİYELERİNİN BELİRLENMESİ

Esra Nurten YER

Danışman	**Prof. Dr. Sezgin AYAN**
II. Danışman	**Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU**
Jüri Üyesi	**Prof. Dr. Ali Ömer ÜÇLER**
Jüri Üyesi	**Prof. Dr. Ahmet SIVACIOĞLU**
Jüri Üyesi	**Doç. Dr. Halil Barış ÖZEL**
Jüri Üyesi	**Yrd. Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU**

DOKTORA TEZİ
ORMAN MÜHENDİSLİĞİ ANA BİLİM DALI

KASTAMONU – 2017

TEZ ONAYI

Esra Nurten YER tarafından hazırlanan **"Isı Şoku Protein Genlerinin (HSP) Bazı *Populus* Taksonlarında Fonksiyonel Genom Analizi ve Abiyotik Stres Koşullarında HSP Genlerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi"** adlı tez çalışması aşağıdaki jüri üyeleri önünde savunulmuş ve **oy birliği** ile Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Orman Mühendisliği Ana bilim Dalı**'nda **DOKTORA TEZİ** olarak kabul edilmiştir.

Danışman	Prof. Dr. Sezgin AYAN Kastamonu Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Ali Ömer ÜÇLER Karadeniz Teknik Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Ahmet SIVACIOĞLU Kastamonu Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Doç. Dr. Halil Barış ÖZEL Bartın Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Yrd. Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU Kastamonu Üniversitesi	.....

15/12/2017

Enstitü Müdür V. Doç. Dr. Mehmet Altan KURNAZ .....

TAAHHÜTNAME

Tez içindeki 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 bildirir ve taahhüt ederim.



Esra Nurten YER

ÖZET

Doktora Tezi

ISI ŞOKU PROTEİN GENLERİNİN (HSP) BAZI POPULUS TAKSONLARINDA FONKSİYONEL GENOM ANALİZİ VE ABİYOTİK STRES KOŞULLARINDA HSP GENLERİNİN İFADE SEVİYELERİNİN BELİRLENMESİ

Esra Nurten YER
Kastamonu Üniversitesi
Fen Bilimleri Enstitüsü
Orman Mühendisliği Ana bilim Dalı

Danışman: Prof. Dr. Sezgin AYAN

II. Danışman: Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU

Isı şoku proteinleri (Hsps: Heat Shock Proteins), canlı organizmalarda bulunan bir grup protein ailesidir ve aynı zamanda stres proteinleri olarak da isimlendirilmektedir. Isı şoku protein genleri stres anında (tuzluluk, kuraklık, ağır metal ve ekstrem sıcaklık vb.) değişimlerin düzenlenmesinde anahtar bir rol üstlenmektedir.

Orman ağaçlarının abiyotik streslere cevap mekanizmalarına ilişkin moleküler temelli çalışmalar; 2006 yılında model ağaç türü olarak genom sekansı tamamlanan "*Populus trichocarpa*" türü üzerinde başlatılmıştır. Son yıllarda türe ait fonksiyonel gen bölgelerini belirleyici biyoinformatik analizler yapılmaktadır.

Bu tez çalışması iki bölümden oluşmaktadır. İlk bölümde; Hsps ailelerinden oluşan tüm Hsp (sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100) protein ailesi üyelerinin biyoinformatik yöntemler kullanılarak tanımlanması, kromozomlar üzerinde dağılımı, tandem ve segmental duplikasyonların hesaplanması, filogenetik analizleri, gen yapısı tahmini, korunmuş motif bölgelerinin çıkarılması, gen ontoloji kategorilerinin oluşturulması, proteinlerin üç boyutlu modellenmesi, miRNA hedef genlerinin tespit edilmesi ve diğer bitki türlerinde bulunan Hsps proteinleri ile karşılaştırılması hedeflenmiştir.

P. trichocarpa genomunda yapılan biyoinformatik analizler sonucunda diğer; *sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90* ve *Hsp100* gen ailesi üyelerine ait sırasıyla 60, 145, 49, 34, 12 ve 90 adet gen ilk olarak bu tez kapsamında tanımlanmıştır. Bu çalışmada tüm *Hsps* gen ailelerine ait toplamda 390 adet gen tanımlanmıştır.

Biyoinformatik yaklaşımlar ile de abiyotik streslere karşı direnç mekanizmasının genetik yolakları belirlenebilmektedir. Tez çalışmasının ikinci bölümde ise; veri tabanlarında bulunan transkriptom verileri kullanılarak (RNASeq ve Mikroarray) Hsps

proteinlerini kodlayan genlerin ifade seviyeleri araştırılmıştır. Gen ifade seviyelerinin artmış olması; tespit edilen genin (ifadesi artan gen) metabolizmayı strese karşı koruyucu bir molekül gibi davranması şeklinde düşünülebilir. Ayrıca, kavak tür/klonlarında belirlenen *Hsps* genlerinin kuraklık, tuzluluk ve kadmiyum stresi altında ifade seviyeleri kavak taksonlarının yaprak dokuları kullanılarak qRT-PZR (eş zamanlı PZR) yöntemi ile incelenmiştir. Böylece bu önemli gen ailesinin fonksiyonlarının çözümlenmesi ve belirlenen streslere karşı direnç gösteren kavak taksonlarının tespiti amaçlanmıştır.

Sonuç olarak; Kuraklık stresi için; *PtHsp70-25* ve *PtHsp70-33* genlerinin stres koşullarında sadece dayanıklı klon için yüksek ifade olduğu ve bitkiyi strese karşı koruyucu bir rol üstelendiği söylenebilir. *PtHsp70-16* ve *PtHsp70-26* genlerinin ise hem hassas (Klon A: N.03.368A) hem de dayanıklı (Klon B: N.62.191) klonda strese bağlı gen ifade düzeyleri yüksek olarak belirlenmiştir. Bu nedenle özellikle bu genlerin kuraklık stresine cevapta kilit bir rol üstlendiği ifade edilebilir. Tuzluluk stresi için; *PtsHsp-11, PtsHsp-21, PtsHsp-36, PtHsp40-113, PtHsp40-117, PtHsp60-31, PtHsp60-33, PtHsp60-38, PtHsp60-49, PtHsp70-09, PtHsp70-12, PtHsp70-25, PtHsp70-33, PtHsp90-09, PtHsp90-12, PtHsp100-21* ve *PtHsp100-75* genlerinin ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir. Kadmiyum stres koşullarında ise; PtsHsp-44, *PtsHsp-54, PtHsp40-117, PtHsp60-06, PtHsp60-12, PtHsp70-21, PtHsp70-28, PtHsp90-02, PtHsp90-10, PtHsp90-12, PtHsp100-22* ve *PtHsp100-71* genlerinin anlatım seviyelerinin yüksek olduğunu tespit edilmiştir. Ayrıca çalışmada; kavak taksonlarında en yüksek kadmiyum birikiminin görüldüğü dokunun kök olduğu tespit edilmiştir.

Bu tez çalışması ile; bitkilerde stres toleransını geliştirmeye yönelik daha sonraki çalışmalarda kullanılabilecek klonlama ve fonksiyonel analizler için yeni imkanlar sağlanması öngörülmüştür. Bu sayede bitkiler de stres ile ilgili moleküler mekanizmalar hakkında ön bilgiler edinilmiş olup ve bu da yeni projelerin üretilmesine olanak sağlayacaktır. Sonuç olarak bu genom analizinin tanımlanması ile hızlı gelişen ve Türkiye odun hammaddesi açığının kapatılmasında önemli bir tür olan kavak için; strese karşı toleransın geliştirilmesi açısından ve genom analizleri tamamlanan diğer orman ağaçları için de gelecek çalışmalara yeni bir perspektif sağlanacaktır.

Anahtar Kelimeler: Isı şoku proteinleri, kavak, gen ifade analizleri, biyoinformatik analizler, qRT-PZR

2017, 404 sayfa
Bilim Kodu: 1205

ABSTRACT

Ph. D. Thesis

GENOME-WIDE SURVEY OF HEAT SHOCK PROTEINS (HSP) AND EXPRESSION ANALYSIS OF HSP GENES UNDER ABIOTIC STRESS CONDITIONS IN SOME *POPULUS* TAXONS

Esra Nurten YER
Kastamonu University
Graduate School of Natural and Applied Sciences
Department of Forestry Engineering

Supervisor: Prof. Sezgin AYAN

Co-Supervisor: Assoc. Prof. Mehmet Cengiz BALOĞLU

Heat shock proteins (Hsps) are a group of proteins found in living organisms and also called stress proteins. Heat-shock protein genes play a key role in the regulation of the changes at the moment of stress (salinity, drought, heavy metal and extreme temperature etc.).

Molecular-based studies on the response mechanisms of forest trees to abiotic stresses In 2006, it was started on "*Populus trichocarpa*" type, whose genome sequence was completed as a model tree species. In recent years bioinformatic analyzes have been carried out to determine functional gene regions of the species.

In this thesis work consists of two parts. In the first chapter; identification of all Hsps (*sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90* and *Hsp100*) gene family members by using bioinformatic methods, distribution on chromosomes, calculation of tandem and segmental duplications, phylogenetic analysis, prediction of gene structure, extraction of conserved motif regions, gene ontology categories, three-dimensional modeling of proteins, detection of miRNA target genes and comparison with Hsps proteins found in other plant species.

As a result of bioinformatic analyzes made on *P. trichocarpa* genome; 60, 145, 49, 34, 12 and 90 genes belonging to members of *sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90* and *Hsp100* genes families were firstly defined within the scope of this thesis. In this study, a total of 390 genes belonging to all Hsps gene families were identified.

Bioinformatic approaches can also determine the genetic pathways of the resistance mechanism to abiotic stresses. In the second part of the thesis study, expression levels of genes encoding Hsps proteins were investigated using transcriptomic data (RNASeq and Microarray) found in the databases. Increased gene expression levels; it can be thought that the detected gene (the expression of the growing gene) acts as a protective

molecule against the stresses. In addition, the expression levels of the *Hsps* genes identified in the poplar clones under drought, salinity and cadmium stress were examined using qRT-PCR (real-time PCR) method using leaf tissues of poplar clones. Thus, it is aimed that to analyze the functions of this important gene family and to determine the poplar taxons which are resistant to the determined stresses.

As a result; For drought stress; The *PtHsp70-25* and PtHsp70-*33* genes are high expression only for the resistant clone under stress conditions and can be said to have a protective role against the plant. The gene expression levels of PtHsp70-16 and *PtHsp70- 26* genes were high in both sensitive (Clone A: N03.368A) and resistant (Clone B: N.62.191) clones. For this reason, it can be speculated that these genes play a key role in responding to drought stress. For salinity stress; *PtsHsp-11, PtsHsp-21, PtsHsp-36, PtHsp40-113, PtHsp40-117, PtHsp60-31, PtHsp60-33, PtHsp60-38, PtHsp60-49, PtHsp70-09, PtHsp70-12, 33, PtHsp90-09, PtHsp90-12, PtHsp100-21,* and *PtHsp100-75* expression levels of genes were increased. In the cadmium stress conditions; *PtsHsp-44, PtsHsp-54, PtHsp40-117, PtHsp60-06, PtHsp60-12, PtHsp70-21, PtHsp70-28, PtHsp90-02, PtHsp90-10, PtHsp90-12, PtHsp100-22,* and PtHsp1*00-71* the expression levels of the genes were high. In addition, it was determined that the highest level of cadmium accumulation of the root in poplar taxa.

With this thesis study, it is anticipated that new possibilities will be provided for gene cloning and functional analyzes that can be used in subsequent studies to improve stress tolerance in plants. In this regard, plants have obtained preliminary information on molecular mechanisms related to stress, which will enable the production of new projects. As a result, defining this genomic analysis will provide a new perspective for future work on other forest trees in terms of developing tolerance against poplar, which is an important species for rapidly developing and deficit in Turkish wood raw materials.

Key words: Heat shock proteins, poplar, gene expressions analyses, bioinformatic analyses, qRT-PCR

2017, 404 pages
Science Code: 1205

TEŞEKKÜR

Tezin fikir aşamasından sonuçlanmasına kadar geçen süreçte değerli vaktini ayıran ve bilimsel desteğini sunan, yardımını hiçbir zaman esirgemeyen, karşılaştığım sıkıntı ve engelleri aşmamı sağlayan; lisans ve yüksek lisans öğrenimimde emeği bulunan, mesleğimi sevmemi sağlayan, kendisini her yönüyle örnek aldığım özel insan, değerli danışman hocam, Sayın Prof. Dr. Sezgin AYAN'a sonsuz saygı ve şükranlarımı sunarım.

Çalışmanın başlangıcında bu konuyu çalışmam için beni teşvik eden, çalışma süresince deneyim, bilgi ve desteklerini esirgemeyen çalışmanın sonuca ulaştırılmasında ve karşılaşılan güçlüklerin aşılmasında yön gösterici olan, bilim insanı olmasının yanında benim için çok özel bir önemi olan, yanında yetişmekten onur ve mutluluk duyduğum, değerli hocam Sayın Doç. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU'na yürekten teşekkür ederim.

2015 yılında doktora tez dönemi içerisinde başvuruda bulunduğum; TÜBİTAK Bilim İnsanı Destekleme Daire Başkanlığı 2211-C Kodlu Yurtiçi Öncelikli Alanlar Doktora Bursunu (2015/2) almaya hak kazandım. TÜBİTAK-BIDEB daire başkanlığı 2211-C kodlu yurtiçi öncelikli alanlar doktora burs programına teşekkürlerimi sunarım.

Tez çalışması üç farklı KÜBAP projesi ile tamamlanmıştır. Projelerde farklı stres faktörleri çalışılmıştır. İlk proje KÜ-BAP01/2014-09 kodlu - "Isı Şoku Protein (Hsp70: Heat Shock Protein70) Genlerinin *Populus nigra*'da (Karakavak) Tanımlanması, Biyoinformatik Analizleri ve Kuraklık Stresi Altında Gen İfade Seviyelerinin Belirlenmesi" konuludur. İkinci proje KÜ-BAP01/2015-21 kodlu "Isı Şoku Protein (Hsp60/Hsp100/sHsp: Heat Shock Protein) Genlerinin Populus Taksonlarında Tanımlanması, Biyoinformatik Analizleri ve Tuzluluk Stresi Altında Gen İfade Seviyelerinin Belirlenmesi" başlıklı projedir. Üçüncü proje ise; KÜBAP-01/2016-39 kodlu "Hsp40 ve Hsp90 Isı Şoku Proteinlerinin Kavak Genomunda Tanımlanması, Biyoinformatik Analizleri ve Kadmiyum Stresi Altında Populus Taksonlarında Gen İfade Seviyelerinin Belirlenmesi" isimli projedir. Kastamonu Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Yönetimi Koordinatörlüğü Birim Başkanlığı'na teşekkür ederim.

Araştırmanın her aşamasında görüş ve önerilerinden yararlandığım, desteklerini hep hissettiğim, yol göstericilerim; Sayın Prof. Dr. Ahmet SIVACIOĞLU ve Yrd. Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU'na içten teşekkür ederim.

Doktora öğrenimim boyunca aldığım derslerde kendimi geliştirmemde bana rehber olan sevgili hocalarım Sayın Prof. Dr. Ali ERGÜL ve Sayın Prof. Dr. Hilal ÖZDAĞ'a teşekkürü bir borç bilirim. Ayrıca; eğitimim süresince bilgi ve tecrübelerinden faydalandığım her konuda desteğini hissettiğim çalışma arkadaşım Sayın Yrd. Doç. Dr. Seda ERKAN BUĞDAY'a yürekten teşekkür ederim.

Tez ölçümlerim boyunca desteklerini hissettiğim laboratuvar çalışma arkadaşlarım Uzman Pınar BALOĞLU'na, Sibel KARA'ya ve Arş. Gör. Ferhat ULU'ya, Yüksek lisans öğrencileri Mehmet ÜNEL, ve Fadime ÇETİN'e, Doktora öğrencisi Şerife YERLİKAYA'ya çok teşekkür ederim.

Tüm yaşamım boyunca bana güvenen, maddî manevî karşılaştığım zorluklara destek veren, çalışmalarımda beni teşvik eden, önüme fırsatlar sunan, bu günlere gelebilmem için hiç bir fedakarlıktan kaçınmayan, başarılarımın asıl sahipleri sevgili babam Fatih YER'e ve annem Vildan YER'e gönülden teşekkür eder, sıcaklıklarını hep sırtımda hissettiğim ellerini, sonsuz şükranlarımla öperim. Sevgisi, dostluğu ve desteği ile her zaman yanımda olan yaşama sevincim canım kardeşim Batın Mehmet YER'e sonsuz sevgilerimi teşekkürlerimi sunarım. Ailem benim en büyük şansım, canlarımsınız!

Lisans Eğitiminde Gazi Üniversitesi Orman Mühendisliği bölümünden birincilikle mezun olmam, Kastamonu Üniversitesi Orman Mühendisliği Bölümü Silvikültür Anabilim dalına ÖYP kapsamında atanmam hayatımda büyük bir onur vesilesi olmuştur.

Çalışmanın bilim dünyasına, ülkemiz ormancılığına, araştırıcılara ve ilgilenenlere yararlı olmasını dilerim.

Esra Nurten YER
Kastamonu, Aralık, 2017

İÇİNDEKİLER

	Sayfa
TAAHHÜTNAME	iii
ÖZET	iv
ABSTRACT	vi
TEŞEKKÜR	viii
İÇİNDEKİLER	x
SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ	xvii
ŞEKİLLER DİZİNİ	xix
TABLOLAR DİZİNİ	xxi
FOTOĞRAFLAR DİZİNİ	xxv
1.GİRİŞ	1
2.KAVRAMSAL ÇERÇEVE	9
2.1. Kavak (*Populus L.*) Cinsine ait Özellikler	9
2.1.1. Taksonomik sınıflandırması	9
2.1.2. Dünya Üzerinde Yayılış Sahası	10
2.1.3. Türkiye'de Yayılış Alanı	11
2.1.4. Karakteristik Özellikleri	12
2.1.5. Yetişme Ortamı Özellikleri	13
2.1.6. Türkiye'de Kavak Fidanı Üretim Yöntemleri ve Plantasyon Sahaları	14
2.1.7. Endüstiyel Kullanım Alanları	15
2.1.8. Türkiye'de Uygulanan Islah Metodları	16
2.2. Orman Ağaçlarının Abiyotik Stres Koşullarına Cevap Mekanizmaları	18
2.2.1. Abiyotik Stres Kavramı ve Orman Ağaçları	18
2.2.1.1. Kuraklık stresi ve moleküler mekanizmalar	23
2.2.1.2. Tuzluluk stresi ve moleküler mekanizmalar	25
2.2.1.3. Ağır metal (kadmiyum) stresi ve moleküler mekanizmalar	28
2.3. Fonksiyonel Genomik Çalışmalarda Kullanılan Moleküler Teknikler	32
2.3.1. Transkriptom ve Gen İfadesinin İncelenmesi	34

2.3.2. Gen İfadesi Analiz Yöntemleri 36
2.3.2.1. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR) 37
2.3.2.2. Gerçek zamanlı-kantitatif PZR (RT-PZR) 38
2.4. Stres Proteinleri-Isı Şoku Protein Ailesi 41
2.4.1. sHsp Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları 46
2.4.2. Hsp40 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları 47
2.4.3. Hsp60 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları 47
2.4.4. Hsp70 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları 48
2.4.5. Hsp90 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları 49
2.4.6. Hsp100 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları 49
2.5. Yapılan Çalışmalar 50
BÖLÜM I 56
3. ISI ŞOKU PROTEİN GEN AİLESİNİN Hsps FONKSİYONEL GENOM ANALİZLERİ 56
3.1. Materyal ve Yöntem 56
3.1.1. Kavak Genomunda *Hsps* Genlerinin Tanımlanması 56
3.1.2. Hsps Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Dağılımlarının İncelenmesi 57
3.1.3. Tandem ve Segmental Duplikasyonların Hesaplanması (Ka/Ks) 57
3.1.4. *Hsps* Genlerinin Fonksiyonel Dizi Hizalamaları ile Filogenetik İlişkilerinin Belirlenmesi ve Gen Yapısının Tahmini 58
3.1.5. Kalıtım Sürecinde Korunmuş Motif Bölgelerinin Çıkarılması 59
3.1.6. *Hsps* Genlerine Ait Gen Ontoloji (GO) Kategorilerinin Oluşturulması 59
3.1.7. *Hsps* Genlerinin Üç Boyutlu (3D) Modellenmesi 59
3.1.8. *Hsps* Genlerini Hedef Alan miRNA Gruplarının Tespit Edilmesi 60
3.1.9. Başka Türler ile *Hsps* Genlerinin Ortolog İlişkilerinin Belirlenmesi 60
3.1.10. Başka Bitkiler ile *Hsps* Genlerinin Ayrılma Oranlarının Hesaplanması 60
3.2. Bulgular 62
3.2.1. Kavak Genomunda sHsp Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri 62
3.2.1.1. sHsp protein dizilerinin tanımlanması 62

3.2.1.2. sHsp genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı 62
3.2.1.3. sHsp proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması 69
3.2.1.4. sHsp genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi 70
3.2.1.5. sHsp amino asitlerininde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi..... 71
3.2.1.6. sHsp protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin gruplandırılması 74
3.2.1.7. sHsp amino asitlerine ait homoloji modellemesi 75
3.2.1.8. sHsp genlerini hedef alan miRNA grupları..... 75
3.2.1.9. Kavak sHsp genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi..... 77
3.2.2. Kavak Genomunda Hsp40 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri 78
3.2.2.1. Hsp40 protein dizilerinin tanımlanması..... 78
3.2.2.2. Hsp40 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı..... 79
3.2.2.3. Hsp40 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması 79
3.2.2.4. Hsp40 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi..... 81
3.2.2.5. Hsp40 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi..... 81
3.2.2.6. Hsp40 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin gruplandırılması 82
3.2.2.7. Hsp40 amino asitlerine ait homoloji modellemesi..... 84
3.2.2.8. Hsp40 genlerini hedef alan miRNA grupları 86
3.2.2.9. Kavak Hsp40 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi 86
3.2.3. Kavak Genomunda Hsp60 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri 87
3.2.3.1. Hsp60 protein dizilerinin tanımlanması..... 87
3.2.3.2. Hsp60 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı..... 93
3.2.3.3. Hsp60 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması 93
3.2.3.4. Hsp60 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi..... 94
3.2.3.5. Hsp60 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi..... 94
3.2.3.6. Hsp60 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin gruplandırılması 96

3.2.3.7. Hsp60 amino asitlerine ait homoloji modellemesi 97
3.2.3.8. Hsp60 genlerini hedef alan miRNA grupları 100
3.2.3.9. Kavak Hsp60 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi 100
3.2.4. Kavak Genomunda Hsp70 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri 101
3.2.4.1. Hsp70 protein dizilerinin tanımlanması..... 101
3.2.4.2. Hsp70 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı 102
3.2.4.3. Hsp70 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması..... 106
3.2.4.4. Hsp70 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi 106
3.2.4.5. Hsp70 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi..... 107
3.2.4.6. Hsp70 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin çıkarılması..... 108
3.2.4.7. Hsp70 amino asitlerine ait homoloji modellemesi..... 109
3.2.4.8. Hsp70 genlerini hedef alan miRNA grupları 109
3.2.4.9. Kavak Hsp70 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi..... 111
3.2.5. Kavak Genomunda Hsp90 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri 112
3.2.5.1. Hsp90 protein dizilerinin tanımlanması..... 112
3.2.5.2. Hsp90 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı 113
3.2.5.3. Hsp90 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması 113
3.2.5.4. Hsp90 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi 116
3.2.5.5. Hsp90 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi..... 116
3.2.5.6. Hsp90 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin çıkarılması..... 118
3.2.5.7. Hsp90 amino asitlerine ait homoloji modellemesi..... 119
3.2.5.8. Hsp90 genlerini hedef alan miRNA grupları 120
3.2.5.9. Kavak Hsp90 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi 120
3.2.6. Kavak Genomunda Hsp100 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri 122
3.2.6.1. Hsp100 protein dizilerinin tanımlanması..... 122

3.2.6.2. Hsp100 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı 122
3.2.6.3. Hsp100 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması 125
3.2.6.4. Hsp100 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi 125
3.2.6.5. Hsp100 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi 126
3.2.6.6. Hsp100 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin çıkarılması 127
3.2.6.7. Hsp100 amino asitlerine ait homoloji modellemesi 128
3.2.6.8. Hsp100 genlerini hedef alan miRNA grupları 128
3.2.6.9. Kavak Hsp100 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi 128
3.3. Sonuç ve Tartışma 129
3.3.1. Hsps (Heat Shock Proteins) Protein Dizilerinin Tanımlanması 129
3.3.2. Hsps Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimleri ve Gen Yapısı 132
3.3.3. Hsps Proteinlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması 134
3.3.4. *Hsps* Genlerine ait Filogenetik Grupların Belirlenmesi 135
3.3.5. Hsps Amino asitlerinde Korunmuş Motif Bölgelerinin İncelenmesi 135
3.3.6. Hsps Protein Dizilerinin Gen Ontoloji Kategorilerinin Gruplandırılması 136
3.3.7. Hsps Amino asitlerine ait Homoloji Modellemesi 137
3.3.8. *Hsps* Genlerini Hedef Alan miRNA Grupları 138
3.3.9. *Hsps* Genlerinin Farklı Organizmalarda Ortologlarının ve Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 139
BÖLÜM II 141
4. ISI ŞOKU PROTEİN GENLERİNİN (Hsps) ABİYOTİK STRES KOŞULLARINDA İNCELENMESİ 141
4.1. Materyal ve Yöntem 141
4.1.1. Deneysel Çalışma Materyali 141
4.1.2. Kavak Taksonlarında Stres Uygulamaları 144
4.1.2.1. Kuraklık stresi uygulaması 145
4.1.2.2. Tuz stresi uygulaması 145

4.1.2.3. Ağır metal-kadmiyum stres uygulaması 146
4.1.3. Laboratuvarda Kullanılan Sarf Malzemeler ve Cihazlar..... 147
4.1.4. Açık Veri Bankası Arşivleri Kullanılarak *Hsps* genlerinin Abiyotik Stres Koşullarında Gen İfadelerinin Belirlenmesi 149
4.1.5. Moleküler Genetik Analizler..... 151
4.1.6. Atomik Absorbsiyon Cihazı (AAS) ile Kavak Dokularında Kadmiyum Birikiminin Ölçülmesi 160
4.2. Bulgular..... 163
4.2.1. Kuraklık Stresi Altında Hsp70 Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 163
4.2.1.1. PtHsp70 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi 163
4.2.1.2. Kuraklık stresi uygulaması yapılan klonlarda morfolojik değişiklikler..... 166
4.2.1.3. qRT-PZR deney öncesi seçilen PtHsp70 genlerinde sıcaklık optimizasyonu 166
4.2.1.4. PtHsp70 genlerinin gen ifade seviyelerinin belirlenmesi 167
4.2.2. Tuzluluk Stresi Altında *Hsps* Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin 170
4.2.2.1. Transkriptom verilerinin incelenmesi 170
4.2.2.2. Tuzluluk stresi uygulaması yapılan klonlarda morfolojik değişiklikler..... 184
4.2.2.3. qRT-PZR deney öncesi seçilen PtHsps genlerinde sıcaklık optimizasyonu 184
4.2.2.4. PtHsps genlerinin gen ifade seviyelerinin belirlenmesi..... 187
4.2.3. Kadmiyum Stresi Altında Hsps Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 192
4.2.3.1. Transkriptom verilerinin incelenmesi 192
4.2.3.2. Kadmiyum stresi uygulaması yapılan klonlarda morfolojik değişiklikler..... 199
4.2.3.3. qRT-PZR deney öncesi seçilen PtHsps genlerinde sıcaklık optimizasyonu 199
4.2.3.4. PtHsps genlerinin gen ifade seviyelerinin belirlenmesi..... 202
4.2.4. Atomik Absorbsiyon Cihazı (AAS) ile Kadmiyum Birikiminin Belirlenmesi 206
4.2.4.1. Kavak taksonları yaprak dokusunda kadmiyum birikim miktarı 206

4.2.4.2. Kavak taksonları kök dokusunda kadmiyum birikim miktarı 207
4.2.4.3. Kavak taksonları dal dokusunda kadmiyum birikim miktarı 207
4.3. Sonuç ve Tartışma 209
4.3.1. Isı Şoku Protein Genlerinin Hsps (*sHsp-Hsp40-Hsp60-Hsp70-Hsp90-Hsp100*) Abiyotik Stres Koşullarında İncelenmesi 209
4.3.1.1. Kuraklık stresi altında Hsp70 gen ailesi üyelerinin transkriptom analizleri ve belirlenen genlerin kavak taksonlarında gen ifade seviyeleri 210
4.3.1.2. Tuzluluk stresi altında Hsps gen ailesi üyelerinin transkriptom analizleri ve belirlenen genlerin kavak taksonlarında gen ifade seviyeleri 212
4.3.1.3. Kadmiyum stresi altında Hsps gen ailesi üyelerinin transkriptom analizleri ve belirlenen genlerin kavak taksonlarında gen ifade seviyeleri 221
4.3.1.4. Farklı kavak taksonlarında ve stres faktörlerinin etkisinde gen ifadesi artan/azalan Hsp gen ailesi üyeleri 221
4.3.2. Atomik Absorbsiyon Cihazı (AAS) ile Kavak Dokularında Kadmiyum Birikiminin Ölçülmesi 235
5. ÖNERİLER 237
KAYNAKLAR 239
EKLER 270
ÖZGEÇMİŞ 398

SİMGELER ve KISALTMALAR DİZİNİ

aa	Aminoasit
AB	Avrupa Birliği
ABA	Absisik Asit
AFPs	Anti-Freezeing Proteins
BLAST	Temel Yerel Hizalama Arama Aracı
bp	Base Pair (Baz çifti)
bZIP	Basic Leucine Zipper
cDNA	Komplementer DNA
cm	Santimetre
PtHsp	*Populus trichocarpa* için tanımlanan *Hsp* genleri
CO_2	Karbondioksit
Cd	Kadmiyum
Ct	Cycle Threshold (Döngü Eşiği)
Da	Dalton- Atomik kütle birimi
DEPC	Dietil pyrokarnonat
dk	Dakika
DNA	Deoksiribo Nükleik Asit
dNTP	Deoksiribonükleotid trifosfat
DPT	Türkiye Devlet Planlama Teşkilatı
EDTA	Etilendiamin Tetraasetik Asit
ESP	Değişebilir Sodyum Yüzdesi
E-value	Beklenti Değeri
FAO	Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü
Hsps	Isı Şoku Protein gen ailesi üyeleri
sHsp	Küçük ısı şoku protein gen ailesi
IPC	Uluslararası Kavak Komitesi
Ka	Homolog Olmayan Değişim Oranı
kDa	Kilodalton
Ks	Homolog Değişim Oranı
Ks/Ka	Homolog Değişimlerin Homolog Olmayan Değişimlere Oranı
L	Litre
m	Metre
M	Molar
Mbp	Mega Base Pair (Bir Milyon Baz Çifti)
MEME	Multiple EM for Motif Elicitation
mg	Miligram
$MgCl_2$	Magnezyum Klorür
miRNA	Mikro RNA
ml	Mililitre
mRNA	Mesajcı Ribo Nükleik Asit
M.Ö	Milattan Önce
Mya	Milyonlarca Yıl Önce
NCBI	Uluslararası Biyoteknoloji Veritabanı

ng	Nanogram
OGM	Orman Genel Müdürlüğü
PEG	Polietilen Glikol 6000
PZR	Polimer Zincir Reaksiyonu
pl	İzoelektronik Etki Değeri
Ppi	Pirofosfat
RNA	Ribo Nükleik Asit
RNAze	RiboNükleaz
ROS	Reaktif Oksijen Türleri
rpm	Revolution Per Minute (Dakikadaki Devir Sayısı)
qRT-PZR	'Real Time' PZR (Eş Zamanlı PZR)
SAR	Adsorbe Edilen Sodyum
sn	Saniye
SRA	Sequence Read Archive
TAE	Tris-Asetat Tamponu
TF	Transkripsiyon Faktörleri
Tm	Erime Sıcaklığı- Hidrojen Bağlarının Oluştuğu Sıcaklık
Tris	Tris (hidroksimetil)aminomethane
UTR	Untranslated Region (Çevrilmeyen Bölgeler)
°C	Santigrad
~	Yaklaşık olarak
α	Alfa
µ	Mikro
µmol	Mikromol
µM	Mikromolar
µl	Mikrolitre
Ψs	Çözünen Potansiyeli
β	Beta

ŞEKİLLER DİZİNİ

		Sayfa
Şekil 2.1.	Kavak cinsinin taksonomik sınıflandırması	9
Şekil 2.2.	Abiyotik stres cevap mekanizmasında kullanılan Omik stratejiler	20
Şekil 2.3.	Abiyotik stres koşullarında moleküler mekanizmalar	21
Şekil 2.4.	Bitkilerde strese cevap mekanizmaları	22
Şekil 2.5.	Dünya Kaynakları Enstitüsü 2040 yılı su sıkıntısı senaryosu	24
Şekil 2.6.	Dünya üzerindeki tuzluluk kategorileri	25
Şekil 2.7.	Tuz stresinde sinyal iletimi	27
Şekil 2.8.	Ağır metallerin hücresel etki mekanizması	29
Şekil 2.9.	Fitoremediasyon (bitkisel arıtım) teknikleri	30
Şekil 2.10.	Ağır metallere karşı savunma mekanizmaları	31
Şekil 2.11.	Genomik bilim dalı çalışma alanları	32
Şekil 2.12.	Biyoinformatik biliminin multidisipliner yapısı	33
Şekil 2.13.	Gen ifadesi olaylar dizisi (Santral Doğma)	34
Şekil 2.14.	Transkripsiyonun üç aşaması	35
Şekil 2.15.	Gen anlatımı analiz yöntemleri	36
Şekil 2.16.	DNA ve RNA izolasyon aşamaları	36
Şekil 2.17.	PZR döngüsü aşamaları	37
Şekil 2.18.	PZR tekniklerinin farklılıkları	38
Şekil 2.19.	a) Reaksiyonda SYBR green boya ile ışımanın görülmesi	39
	b) Amplifikasyon artışı ve erime eğrisi	39
Şekil 2.20.	Stres cevabında ısı şoku proteinleri ve şarepon ağı.	42
Şekil 2.21.	Polipettid zincirinin katlanması	45
Şekil 3.1.	Kromozomlar üzerinde 60 *PtsHsp* genin lokasyonları	67
Şekil 3.2.	*PtsHsp* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri	68
Şekil 3.3.	*PtsHsp* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması	71
Şekil 3.4.	*PtsHsp* genlerine ait motif kompozisyonu	72
Şekil 3.5.	*PtsHsp* gen ailesinin fonksiyonel analizleri	74
Şekil 3.6.	*28 adet PtsHsp* geninin tahmini protein yapısı	76
Şekil 3.7.	*PtsHsp* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları	78
Şekil 3.8.	Kromozomlar üzerinde 145 *PtHsp40* genin lokasyonları	80
Şekil 3.9.	*PtHsp40* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması	82
Şekil 3.10.	*PtHsp40* gen ailesinin fonksiyonel analizleri	83
Şekil 3.11.	36 adet *PtHsp40* geninin tahmini protein yapısı	84
Şekil 3.12.	*PtHsp40* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları	87
Şekil 3.13.	Kromozomlar üzerinde 49 *PtHsp60* genin lokasyonları	91
Şekil 3.14.	*PtHsp60* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri	92
Şekil 3.15.	*PtHsp60* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması	94
Şekil 3.16.	*PtHsp60* genlerine ait motif kompozisyonu	95
Şekil 3.17.	*PtHsp60* gen ailesinin fonksiyonel analizleri	96
Şekil 3.18.	39 adet *PtHsp60* geninin tahmini protein yapısı	97
Şekil 3.19.	*PtHsp60* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları	101
Şekil 3.20.	*PtHsp70* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri	102

Şekil 3.21. Kromozomlar üzerinde 34 *PtHsp70* genin lokasyonları 105
Şekil 3.22. *PtHsp70* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması 106
Şekil 3.23. *PtHsp70* gen ailesinin fonksiyonel analizleri 108
Şekil 3.24. *28 adet PtHsp70* geninin tahmini protein yapısı 110
Şekil 3.25. *PtHsp70* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları 112
Şekil 3.26. Kromozomlar üzerinde 12 *PtHsp90* geninin lokasyonları 115
Şekil 3.27. *PtHsp90* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri 115
Şekil 3.28. *PtHsp90* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması 116
Şekil 3.29. *PtHsp90* genlerine ait motif kompozisyonu 117
Şekil 3.30. *PtHsp90* gen ailesinin fonksiyonel analizleri 118
Şekil 3.31. 12 adet *PtHsp90* genlerinin protein yapısı 119
Şekil 3.32. *PtHsp90* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları 121
Şekil 3.33. Kromozomlar üzerinde 90 *PtHsp100* genin lokasyonları 123
Şekil 3.34. *PtHsp100* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri 124
Şekil 3.35. *PtHsp100* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması 126
Şekil 3.36. *PtHsp100* gen ailesinin fonksiyonel analizleri 127
Şekil 3.37. *PtHsp100* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları 129
Şekil 4.1. RNA izolasyon aşamaları 152
Şekil 4.2. RNA örneklerinin agaroz jel elektroforezinde yürütülmesi 154
Şekil 4.3. İzole edilen RNA'ların agaroz jel ile kontrol edilmesi 154
Şekil 4.4. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP005997 163
Şekil 4.5. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP024267 164
Şekil 4.6. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP033028 165
Şekil 4.7. Seçilen *PtHsps* genlerine ait PZR sonrası jel görüntüsü 167
Şekil 4.8. *PtHsp70* genlerinin kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi 168
Şekil 4.9. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP003271 171
Şekil 4.10. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP033639 172
Şekil 4.11. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP028829 172
Şekil 4.12. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP003271 173
Şekil 4.13. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP033639 174
Şekil 4.14. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP028829 174
Şekil 4.15. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP003271 174
Şekil 4.16. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP033639 176
Şekil 4.17. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP028829 176
Şekil 4.18. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP003271 177
Şekil 4.19. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP033639 178
Şekil 4.20. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP028829 179
Şekil 4.21. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP003271 180
Şekil 4.22. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP033639 180
Şekil 4.23. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP028829 181
Şekil 4.24. *PtHsp100* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP003271 182
Şekil 4.25. *PtHsp100* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP033639 183
Şekil 4.26. *PtHsp100* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP028829 183
Şekil 4.27. *PtsHsp* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü .. 185
Şekil 4.28. *PtHsp40* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 185
Şekil 4.29. *PtHsp60* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 185
Şekil 4.30. *PtHsp70* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 186

Şekil 4.31. *PtHsp90* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 186
Şekil 4.32. *PtHsp100* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 186
Şekil 4.33. Seçilen *PtsHsp* genlerinin tuzluluk stresinde gen ifade seviyesi 187
Şekil 4.34. Seçilen *PtHsp40* genlerinin tuzluluk stresinde gen ifade seviyesi... 188
Şekil 4.35. Seçilen *PtHsp60* genlerinin tuzluluk stresinde gen ifade seviyesi... 189
Şekil 4.36. Seçilen *PtHsp70* genlerinin tuzluluk stresinde gen ifade seviyesi... 190
Şekil 4.37. Seçilen *PtHsp90* genlerinin tuzluluk stresinde gen ifade seviyesi... 190
Şekil 4.38. Seçilen *PtHsp100* genlerinin tuzluluk stresinde gen ifade seviyesi 191
Şekil 4.39. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP018922..... 193
Şekil 4.40. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP018922 194
Şekil 4.41. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-E-MEXP-3741 195
Şekil 4.42. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP018922 196
Şekil 4.43. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP018922 197
Şekil 4.44. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP018922 197
Şekil 4.45. *PtHsp100* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri-SRP018922 198
Şekil 4.46. Seçilen *PtsHsp* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü..... 200
Şekil 4.47. Seçilen *PtHsp40* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 200
Şekil 4.48. Seçilen *PtHsp60* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 200
Şekil 4.49. Seçilen *PtHsp70* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 201
Şekil 4.50. Seçilen *PtHsp90* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 201
Şekil 4.51. Seçilen *PtHsp100* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü 201
Şekil 4.52. Seçilen *PtsHsp* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi 202
Şekil 4.53. Seçilen *PtHsp40* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi 203
Şekil 4.54. Seçilen *PtHsp60* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi 204
Şekil 4.55. Seçilen *PtHsp70* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi 204
Şekil 4.56. Seçilen *PtHsp90* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi 205
Şekil 4.57. Seçilen *PtHsp100* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi 206
Şekil 4.58. Kavak taksonları yaprak dokusunda kadmiyum birikim miktarı..... 206
Şekil 4.59. Kavak taksonları kök dokusunda kadmiyum birikim miktarı 207
Şekil 4.60. Kavak taksonları dal dokusunda kadmiyum birikim miktarı..... 207
Şekil 4.61. Kavak taksonlarına ait yaprak, kök ve dal doku kadmiyum miktarları 208

TABLOLAR DİZİNİ

Sayfa

Tablo 2.1. Kavak cinsinin seksiyon, takson ve İngilizce karşılıkları 9
Tablo 2.2. Kavak (*Populus* L.) cinsi karakteristik özellikleri 12
Tablo 2.3. Kavak odununun endüstriyel kullanımı 15
Tablo 2.4. Isı şoku proteinlerine ait Escherichia coli bakterisinde farklı kısaltmalar 43
Tablo 2.5. Isı şoku protein gen ailesi (*Hsps)* özellikleri 44
Tablo 3.1. Fonksiyonel genom analizlerinde kullanılan veri tabanları ve paket programları 61
Tablo 3.2. Kavakta belirlenen 60 adet *PtsHsp* genine ait tanımlayıcı özellikler 63
Tablo 3.3. *PtsHsp* genlerine ait tandem duplikasyonlar 69
Tablo 3.4. *PtsHsp* genlerine ait segmental duplikasyonlar 69
Tablo 3.5. PtsHsp aminositlerinde belirlenen motiflerin özellikleri 73
Tablo 3.6. *PtHsp40* genlerine ait tandem duplikasyonlar 81
Tablo 3.7. Kavakta belirlenen 49 adet *PtHsp60* genine ait tanımlayıcı özellikler 88
Tablo 3.8. *PtHsp60* genlerine ait tandem duplikasyonlar 93
Tablo 3.9. PtHsp60 aminoasitlerinde belirlenen motiflerin özellikleri 95
Tablo 3.10. Kavakta belirlenen 34 adet *PtHsp70* genine ait tanımlayıcı özellikler 103
Tablo 3.11. PtHsp60 aminoasitlerinde belirlenen motiflerin özellikleri 107
Tablo 3.12. Kavakta belirlenen 12 adet *PtHsp90* genine ait tanımlayıcı özellikler 114
Tablo 3.13. *PtHsp90* genlerine ait tandem duplikasyonlar 115
Tablo 3.14. PtHsp90 aminoasitlerinde belirlenen motiflerin özellikleri 117
Tablo 3.15. *PtHsp100* genlerine ait tandem duplikasyonlar 125
Tablo 3.16. *Hsps* gen ailesi üyelerine ait kısmi veriler 130
Tablo 3.17. *Hsp* gen ailesi üyelerinin bazı bitkiler ile karşılaştırılması 130
Tablo 3.18. *Hsps* gen ailelerine ait duplikasyon oranları 134
Tablo 3.19. *PtHsps* gen ailelerinin ortolog ilişkileri (%) 139
Tablo 3.20. *PtHsps* gen ailelerine ait Ka/Ks oranları ve ayrılma zamanları 140
Tablo 4.1. Çelik üretim tekniği ile fidanların yetiştirilme safhaları 143
Tablo 4.2. Uygulanan farklı abiyotik streslere ait çalışma takvimi 144
Tablo 4.3. Laboratuvarda kullanılan sarf malzeme listesi 147
Tablo 4.4. Laboratuvarda kullanılan cihazlar listesi 148
Tablo 4.5. Farklı abiyotik streslerin açık veri bankası arşivlerinde taranması ve seçilen okumaların erişim numaraları 150
Tablo 4.6. DNase kit protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları 155
Tablo 4.7. cDNA kit protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları 155
Tablo 4.8. PZR kit protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları 157
Tablo 4.9. Primerlerin bağlanma sıcaklıklarını PZR koşulları 157
Tablo 4.10. qRT-PZR protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları 158

Tablo 4.11. Real Time PZR (qRT-PZR) deney koşulları 159
Tablo 4.12. Kuraklık stresinde-RNA'ların spektrofotometrik değerleri..... 167
Tablo 4.13. Tuzluluk stresinde-RNA'ların spektrofotometrik değerleri 184
Tablo 4.14. Kadmiyum stresinde-RNA'ların spektrofotometrik değerleri..... 199
Tablo 4.15. *P.nigra*-Geyve klonunda *Hsps* genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi..... 230
Tablo 4.16. *P.nigra*-N.03.368A klonunda *Hsps* genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi..... 231
Tablo 4.17. I-214 klonunda *Hsps* genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi..... 232
Tablo 4.18. Samsun klonunda *Hsps* genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi. 233
Tablo 4.19. Titrek kavak (TK) türünde *Hsps* genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi..... 233
Tablo 4.20. P. nigra-N.62.191 klonunda *Hsps* genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi..... 234
Tablo 5.1. Kuraklık-Tuzluluk-Kadmiyum streslerinde yüksek ifade olan gen aileleri..... 237

GRAFİKLER DİZİNİ

		Sayfa
Grafik 2.1.	Stres süresi ve tolerans seviyesine ait genel dinamikler	22
Grafik 2.2.	Topraktaki tuzluluk ile toprak verimliliği arasındaki ilişki	26
Grafik 2.3.	Bitkilerde farklı genotiplerde tuzluluk cevabının büyüme oranına etkisi	27
Grafik 2.4.	Eş zamanlı PZR döngü seyri	22

FOTOĞRAFLAR DİZİNİ

		Sayfa
Fotoğraf 4.1.	a)Çelik dikimi için toprak hazırlığının yapılması	142
	b)Çeliklerin dikim için hazırlanması	142
	c)Çelik üretim tekniğine uygun kesimlerin yapılması	142
	d)Çeliklere köklenmeyi teşvik edici IBA uygulaması	142
	e)Dikim sonrası çeliklere su verilmesi	142
	f)Çeliklerden su kaybını azaltmak için macun ile kapatılması	142
	g)Çeliklerin sürgün vermesini takiben seranın hazırlanması	142
	h)Çeliklerin dış ortam koşullarına alıştırılması	142
	ı-j)Kavak taksonlarının daha geniş kaplara alınması	142
	k)Kül ve toprak karışımı ile üretim yastıklarının oluşturulması	142
Fotoğraf 4.2.	a) Kavak zararlısı ile mücadele (*Scoliopteryx libatrix*)	143
	b) Köklenme oluşumu görülmeyen çelik gövdeleri ve kurumalar	143
	c) Büyüme sürecine devam eden kavak taksonları	143
	d) Köklenme-gövde oluşumu tamamlanan farklı kavak taksonları	143
Fotoğraf 4.3.	Tuzluluk ve Kadmiyum streslerine ait hazırlık süreci ve kavak taksonlarının stres uygulama öncesi son durumları	146
Fotoğraf 4.4.	RNA örneklerinin konsantrasyonlarının ve temizliklerinin MultiScanGo spektrofotometresi ile ölçülmesi	153
Fotoğraf 4.5.	Primerlerin sıcaklık optimizasyonunda kullanılan PZR cihazı	157
Fotoğraf 4.6.	Streril ortam koşullarında qRT-PZR analizi için 96'lık plate üzerinde deneylerin gerçekleştirilmesi	158
Fotoğraf 4.7.	qRT-PZR analizi için kullanılan Light Cycler 480 II -Roche	159
Fotoğraf 4.8.	Kavak taksonlarında yaprak, dal ve kök örneklerinin homojenize edilmesi	160
Fotoğraf 4.9.	Kavak dokularına kapalı sistem yakma cihazı ile asit uygulaması	161
Fotoğraf 4.10.	Grafit fırın sistem tekniği ile çalışan AAS cihazı	162
Fotoğraf 4.11.	Alevli atomik absorbsiyon tekniği ile çalışan AAS cihazı	162
Fotoğraf 4.12.	Kuraklık stresi uygulaması yapılan karakavak klonlarına ait morfolojik gözlemleri	166

1. GİRİŞ

Ormanların devamlılığının sağlanması, gençliğin yeniden oluşması, dinamik sistemin korunması ve planlanması silvikültür (orman yetişme) bilim dalının araştırma konusunu oluşturmaktadır.

Sanayi devrimi öncesinde insanoğlunun temel ihtiyaçlarına (ısınma, pişirme vs.) cevap veren en önemli kaynaklardan biri odun hammaddesi olmuştur. Ormanlara yapılan baskı sonucunda tahribat boyutları artmış ve ormanlar insan ihtiyaçlarına mevcut potansiyelleri ile cevap verememiştir. Sanayi devrimi sonrasında ise; kömür; yakın tarihte de; petrol - doğal gaz gibi fosil yakıtların ve nükleer enerjinin insanlar tarafından kullanım payı artmıştır. Bu yönlü tüketim ekolojik dengenin bozulmasına neden olmuştur. Bu nedenle, enerji arzının yenilenebilir kaynaklar ile doğaya uygun yöntemler kullanılarak sağlanması gerekliliği gündeme gelmiştir.

Yenilenebilir doğal kaynaklara yönelim ile, ülkelerin dışa bağımlılığını (petrol, doğal gaz vs.) azaltılabilecek, dinamik süreci tehdit eden olumsuzluklar minimum düzeyde tutulabilecek, tahrip olan doğal ormanlarımızda genetik çeşitlilik korunabilecek, odun hammaddesi arz - talep dengesi sağlanabilecektir. Ayrıca, bitki gen kaynakları varyasyonu yüksek olan Türkiye için, silvikültürel amaçlara uygun ıslah stratejilerinin gelişmesine imkan tanınmış olacaktır. Bu sayede; mevcut kaynaklara alternatif olacak, doğal kaynaklar üzerindeki baskıyı azaltacak ve odun hammaddesine olan arz açığını kapatabilecek; "Kavak ve Hızlı Gelişen Tür Plantasyonları İşletme Modeli" ormancılık faaliyetlerine katkı sağlayacaktır (Koçer, 1999; Karaosmanoğlu, 2003; Saraçoğlu, 2008; Asan, 2008; Birler, 2010; McKay, 2011; Anonim, 2014).

Avrupa Birliği (AB) toplam enerji tüketiminde, yenilebilir enerji kaynaklarının payının arttırılması ve güvenli enerji arzını sağlamak için, fosil yakıtlara yönelik ithalata bağımlılığın azaltılmasını amaçlamıştır. Bu nedenle, toplam enerji tüketimi içerisinde yenilenebilir enerji kaynaklarının payını 2020 yılına kadar %20'ye ulaştırmayı hedeflemiştir (Baxter ve Anderson, 2008). ABD, İsveç, Yeni Zelanda,

Brezilya, Güney Kore, Şili ve Kanada petrol fiyatlarındaki gelişmeler ve artan karbon emisyonunun iklim üzerindeki olumsuz etkileri nedeniyle, yenilenebilen enerji kaynaklarının kullanımına önem vermiştir. Nitekim Finlandiya (%22), İsveç (%18) ve Avusturya (%11) toplam enerji ihtiyaçlarını enerji ormanlarından sağlamaktadır (Saraçoğlu, 2006). Ayrıca bu ülkeler birim alandan kantite ve kalite olarak daha fazla odun hammaddesi üretmeyi hedeflemektedirler. Yeni Zellanda *Pinus radiata*'da üçüncü generasyon tohum bahçelerini tesis edip, genetik ıslah ile kültürel yöntemler kullanarak 50 yılda üretimi %90-100 artırmıştır (Jayawickrama ve Carson, 2000).

Dünyada ki bu gelişmelere karşılık Türkiye'de ormancılık sektöründe bozuk baltalık alanların verimli hale getirilmesi yaklaşımı, fosil yakıtlara alternatif oluşturabilecek düzeyde değildir. Diğer ülkelerde olduğu gibi Türkiye'de endüstriyel enerji ormancılığı plantasyonları; kavak ve hızlı büyüyen ağaç türlerinin yaygın olarak bulunduğu, verim gücü yüksek ve mekanizasyona uygun alanlarda, bitkisel kütle üretimini amaçlayan ve 4-7 yıllık idare süreleri ile işletilen baltalık işletmeciliği olarak düşünülmelidir (Birler, 1995; Tunçtaner, 2000; Boydak, 2003; Asan, 2008; Saraçoğlu, 2010; OGM, 2013).

Uluslararası Kavak Komitesi (IPC) raporlarına göre; Dünya'da 54 milyon ha üzerindeki bir alanda doğal olarak kavak ağacı yetişmektedir. Bu alanın %99'u Rusya Federasyonu, Kanada, Amerika Birleşik Devletleri ve Çin gibi gelişmiş ülkelerde yer almaktadır. Bu ülkelerde doğal kavak sahalarının %83'ü çok amaçlı kullanılmakta, %17'si ise çevre koruma amaçlı yaklaşım ile işletilmektedir (Anonim, 2016).

2016 yılı Kavak ağaçlandırma sahaları ise; Dünya'da 31,4 milyon ha'dır. Bu sahanın %58'i (18,3 milyon ha) çok amaçlı, %30'u (9,4 milyon ha) odun üretimi amaçlı, %9'u (2,9 milyon ha) çevre koruma ve %3'ü (0,9 milyon ha) yakıt eldesi amaçlı işletilmektedir. Fransa'da 253,5 milyon m^3, Macaristan'da 156,7 milyon m^3; İtalya'da 118,8 milyon m^3; Romanya'da 60,7 milyon m^3; Belçika'da 40 milyon m^3; İspanya'da 102,8 milyon m^3; Bulgaristan'da 25,6 milyon m^3; Kanada'da 17,9 milyon m^3; Çin'de 9 milyon m^3 kavak odunu üretimi gerçekleştirilmektedir (DPT, 2007; Anonim, 2011; Anonim, 2016).

Türkiye toplam 77 945 200 ha yüzey alanına sahiptir. Bu alanın %28,6'si (22 342 935 ha) ormanlık alandır. Orman Genel Müdürlüğü (OGM) 2015 yılı verilerine göre; Türkiye orman alanının %57'si (12 704 148 ha) normal kapalı , %34'ü (9 638 787 ha) ise boşluklu kapalı ormanlık alandır. Toplam yıllık eta ise 18,3 milyon m^3'dür. Bu üretime karşılık Türkiye'de toplam 30 milyon m^3 odun hammadesi tüketilmektedir (Konukçu, 2001). Buna rağmen 2016 yılı verilerine göre 21 milyon m^3 endüstriyel odun, 4,8 milyon m^3 de yakacak odun üretilmektedir. Türkiye'de kişi başı odun hammaddesi tüketim düzeyi 0,5 m^3/kişi/yıl belirlenmiştir. Ekonomik açıdan ileri ülkelerde kişi başına odun hammaddesi tüketimi 1,5 m^3/kişi/yıl olarak belirlenmiştir (Anonim, 1999; Boydak ve Çalışkan, 2014; Anonim, 2015). Üçler (2017) "Dünya ve Türkiye'de hızlı gelişen tür endüstriyel plantasyonların durumunu değerlendirdiği çalışmasında; Türkiye için endüstriyel plantasyonlarda beklenilen hedefin gerçekleşmesine dair; hızlı gelişen türlerle ilgili ıslah edilmiş üretim materyalinin kullanılmasına dikkat çekmiştir. Bu noktada hızlı nüfus artışına bağlı olarak gittikçe artan bu odun hammaddesi açığının kapatılmasında; kısa idare süreli, kavak ve hızlı gelişen türler ile tesis edilen endüstriyel plantasyonlara önem verilmesi gerekmektedir.

Türkiye'de planlı kavakçılık için ilk uygulamalar, 1955 yılında "Milli Kavak Komisyonu'nun kurulması ile başlamıştır. Birleşmiş Milletler FAO teşkilatı ve komisyon toplantılarında "*Kavakçılık Araştırma Enstitüsü*" kurulması önerisi kabul edilerek; 1962 yılında "*Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü*" kurulmuştur. Enstitünün kurulması ile birlikte; endüstriyel ve ekonomik değeri yüksek kavak, söğüt ve diğer hızlı gelişen diğer orman ağaçlarının belirlenmesi, geliştirilmesi, yaygınlaştırılması, ürünlerin değerlendirilmesi ve bu konularda ortaya çıkacak sorunların çözümü için uygulamalı araştırmalar yapılmaya başlanmıştır. Ayrıca, kavak ve söğüt türlerinin, bitkisel kaynaklı yenilenebilir enerji ile ilgili yapılan çalışmalarda biyoenerji eldesinde hammadde olarak kullanılması konusunda ıslah ve yetiştirme çalışmaları yapılmıştır (Birler, 2010). Enstitü kuruluş yılı verilerinde; kavak odunu üretimi 300 bin m^3/yıl iken; Türkiye Devlet Planlama Teşkilatı (DPT) 2007 yılı verilerine göre; Türkiye'de 4,3 milyon m^3 kavak odunu üretimi yapılmıştır.

Türkiye genelinde doğal olarak yetişen dört kavak türü mevcuttur. Bunlar; *Populus nigra* L. (Karakavak), *Populus tremula* L. (Titrek kavak), *Populus alba* L. (Ak kavak) ve *Populus eupratica* O. (Fırat kavağı)'dır. Türkiye'de kavak odun üretiminin yaklaşık %55'i (2,4 milyon m^3) melez kavak klonlarından kalan %45'i (1,9 milyon m^3) karakavak ağaçlandırmalarından sağlanmaktadır. Türkiye'de normal kapalı 6.445 ha, boşluklu kapalı 9.843 ha olmak üzere toplam 16 228 ha alanda OGM tarafından kavak işletmeciliği yapılmaktadır (Anonim, 2015). 2011 FAO verilerinde; Türkiye'de kavak yetiştirme alanlarının 7 963 ha doğal ormanlar, 125 000 ha plantasyon alanları olmak üzere toplam 132 963 ha olarak belirlenmiştir. Ayrıca, FAO tarafından yayınlanan raporlarda; ülkenin sulanabilen tarım alanlarının ve taban suyundan faydalanabilir sahaların %5'inin kavak yetiştiriciliğine ayrılmasının tarım alanlarını etkilemeyeceği bildirilmiştir. Bu hususta Türkiye'de minimum 344 869 ha uygun alan olduğu tespit edilmiştir (Zengin vd., 2003).

Türkiye'de endüstriyel odun hammaddesi açığının 2020 yılında en az 40-50 milyon m^3/yıl olacağı dikkate alındığında, genetik ıslah çalışmalarının önem ve ivediliği belirgin olarak ortaya çıkmaktadır (Birler, 1995). Bu nedenle Türkiye'de nispeten geniş yayılış alanına sahip olan, hızlı büyüme özelliği gösteren ve odunu hafif olmasından dolayı endüstri kuruluşları tarafından kullanılan "*Kavak*" türleri çalışma konusu orman ağacı olarak seçilmiştir. Türkiye'de *"Kavak*" odunsu bitki örtüsü kaldırılan yerlerde, çoğunlukla geçici orman toplumları kurarak kendinden sonra gelecek ağaç türlerine elverişli iklim ve toprak koşulları hazırlayan "*öncü ağaç*"tır. Kavağın "*fitoremediasyon"* (bitki kullanılarak kirlenmiş alanların temizlenmesi) amaçlı kullanılabilir bir ağaç türü olması, 10-20 yıl gibi kısa idare süreleri ile işletilebilir olması, diğer orman ağaçlarına göre yatırılan sermayenin daha kısa zamanda geri alınabilir olması, vejetatif yollarla kolay üretilebilir olması, orman ürünü işleyen endüstri kuruluşları (Kağıt, Sunta, Kibrit ve Palet sanayisi) tarafından da kavak odunu talebi olması, özellikle kırsal kesimde geleneksel metodlarla tarımsal ormancılık (agroforestry) sistemlerinden yol-nehir-kanal kenarı dikimleri ve aynı zamanda ziraat alanlarında rüzgar perdesi, toprak ve su koruma amaçlı kullanılabilir olması ayrıca akarsu yataklarının ıslahında da kullanılabilirliği gibi özellikleri nedeniyle halk tarafından en çok benimsenen ve kullanılan ağaç türüdür. Hatta

Anadolu'da doğan her çocuk için bir kavak ağacı dikilmektedir Eski Roma'da ise *Populus* kelimesinin "*Arbor Populi*" deyim anlamı "*Halk Ağacı*" olarak ifade edilmektedir (Sarıbaş, 1993).

Türkiye için bu denli öneme sahip olan; Kavak üretimi bugün istenen kalite ve miktar da değildir. Bu noktada uygun kavak kültivarlarının ortaya çıkarılması, ıslah çalışmalarının temelini oluşturmaktadır. Odun üretimine bağlı yetiştirilen kavak klonları genellikle akarsu boylarında yetiştirilmektedir. Bu hususda araştırmacılar, rutubet sıkıntısının bulunduğu yamaç arazilere uyum sağlayabilen kavak klonlarının belirlenmesi ve üretimine yönelik ıslah projeleri başlatmışlardır. 1980'lerde Güney Kore'de yamaç arazilerde hızlı büyüme yapabilen ve kuraklığa dayanıklı olan Titrek kavak klonları seçimine dair ıslah stratejileri geliştirilmiştir. Karasal iklimin hüküm sürdüğü bölgelerde don zararları kavak odununda çatlaklar oluşturmaktadır. Bu sahalar için dona dayanıklı kavak türlerinin seçimine yönelik ıslah çalışmaları yapılmıştır. Türkiye'de Kırşehir-Kocabey karakavak populetumlarında don çatlağına maruz kalan birey sayısının %69 oranında bulunması tahribatın boyutunu göstermektedir (Tunçtaner, 1998). Bu noktada "*hem abiyotik hem de biyotik zararlara karşı mukavemeti yüksek olan kavak klonlarının üretimine*" dair ıslah çalışmaları, İzmit Araştırma Fidanlığında klon denemeleri (populetumlar) ile başlatılmıştır. Kuzey Amerika'da doğal olarak yetişen *Populus deltoides* ve *Populus trichocarpa* türleri ithal edilmiş ve araştırmalarda kullanılmıştır. "*Türkiye Kavakçılığını Geliştirme Projesi*" kapsamında İtalya'dan çeşitli kavak klonlarına ait çelikler getirilmiş ve ülkemizdeki büyüme performansları incelenmiştir. Bu gelişmeler ışığında Türkiye'de mevcut *Populus euphratica* tohumları da 1992 İspanya'da yapılan Uluslararası Kavak Komitesi toplantısında talep edilmiştir. Farklı amaçlara hizmet edebilecek kavak klonların seçimlerine yönelik ıslah araştırmaları tüm ülkelerce ortak anlaşmalar dâhilinde başlatılmıştır (Birler, 2010).

Türkiye 1965 yılında karasal iklim şartlarına sahip Orta, Doğu ve Güneydoğu Anadolu bölgelerinde geleneksel olarak yetiştirilen yerli piramidal karakavak kültivarlarının arasından en uygun olanlarının seçimine yönelik Uluslararası Kavak Komisyonuna başvuruda bulunmuştur. TR-56/52 nolu klon için "GAZİ"; TR-56/75 nolu klon için

"ANADOLU" ismi; TR-62/154 klon için "BEHİÇBEY"; TR-67/1 klon için "GEYVE" ve TR-77/10 klon için ise "KOCABEY" isimleri tescil edilmiştir. Türkiye'de karakavağın yayılış gösterdiği bölgelerde 302 adet fert seçimi gerçekleştirilmiştir. Bunların bir kısmı Avrupa Orman Genetik Kaynakları Programı-EUFORGEN (Europen Forest Genetic Resources Programme) kapsamında "*ex-situ*" koleksiyon içinde yer almıştır (Tunçtaner, 1998).

Türkiye'de yetiştirilmesi en uygun yabancı kavak klonununda ise *Populus euramericana* cv. klon "I-214" olarak belirlenmiştir. Özellikle sahil ve sahil ardı bölgelerde 1000 m yüksekliğe kadar ağaçlandırmalarda kullanılmaktadır. Kurulan populetumların başarı durumu incelendiğinde; klonun Orta ve Güneydoğu Anadolu bölgelerinde de kullanılabileceğine karar verilmiştir. 1978 yılında Samsun (Terme)'de ve İzmit'te denemesi kurulan Amerikan karakavağı (*Populus deltoides* Bart.) klonu olan "I-77/51" nolu klon için "SAMSUN" ismi ile tescilleri yapılmıştır. Samsun klonunun olumsuz çevre koşullarına karşı daha duyarlı olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca, "I-45/51" nolu Euramerican melez klonunun olumsuz çevre şartlarına karşı diğer klonlardan daha dirençli olduğu bildirilmiştir (Tunçtaner, 1998; Birler, 2010). Seçilen kavak klonlarına ait çelik materyalleri ile İzmit ve Behiçbey-Ankara fidanlıklarında ex-situ koleksiyonlar kurulmuştur. Bunların dışında Akkavak (*Populus alba* L.), Titrek kavak (*Populus tremula* L.), Ak kavak ve Titrek kavağın doğal melezi olan Boz kavak (*Populus x canascens*) ve Fırat kavağı (*Populus eupratica* Dode. Guinier)'na ait "*in-situ*" koruma alanları belirlenmiştir.

Son yıllarda birçok ülkede; kavak türlerine ve klonlarına ait genetik varyasyonlar araştırılmakta, abiyotik ve biyotik stres faktörlerine karşı dayanıklı fertleri seçilmekte ve melez kavak seleksiyonlarına dair klasik ve moleküler ıslah çalışmaları gerçekleştirilmektedir. Nitekim Türkiye'de Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Müdürlüğü 2000-2014 yılları arasında 3 büyük proje başlamıştır. Bunlar; "Karakavak'ta (*Populus nigra* L.) Islah Çalışmaları"; "İç Anadolu, Doğu ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinde Melez kavak (*Populus x euramericana* Dode.) ve Amerikan Karakavak'larında (*Populus deltoides* Bartr.) Genetik Islah Çalışmaları"; ve "Marmara, Karadeniz, Doğu Akdeniz ve Güneydoğu Anadolu Bölgelerinde kitlesel

odun üretimine yönelik kavak klonlarının tespiti' konusundadır. Bu projelerde temel amaç klonların köklenme başarısı, büyüme özelliklerine göre yüksek hacim üretimi yapan klonların seçimi, odunun teknolojik özellikleri (lif-yonga vb.) ve özellikle abiyotik-biyotik zararlılara karşı dirençli klonların belirlenmesi olmuştur. Araştırma sonuçları Türkiye kavak genetik ıslah çalışmalarına yön vermiştir.

Dünya'da genetik çalışmalar bugüne kadar genom sekansı (dizisi) yapılmış olan *Arabidopsis thaliana* bitkisi üzerinde yürütülmüştür. Fakat odunsu bitkiler için; *A. thaliana* genom çalışmalarından elde edilen bilgiler yetersiz kalmıştır. Odunsu bitkiler için model bir bitkiye ihtiyaç duyulmuştur (Taylor, 2002). Biyoteknolojik yöntemlerin gelişimiyle birlikte 2002 yılında ABD-Enerji Bakanlığı *Populus trichocarpa*'nın genom dizisinin yapılacağını duyurmuştur. *Pinus* türlerinden dört kat daha küçük genoma sahip olan (500 Mbp) *P. trichocarpa* genom analizi tüm verileri 2006 yılında tamamlanmıştır (Tuskan vd., 2006). Tamamlanan genom analizlerine dayalı olarak; genlerin fonksiyonlarının tespiti, genom haritalanması, genomik dizileri kodlayıcı bölgelerin tanımlanması ile gen ifadesi ve düzenlemesi ile ilgili araştırmalar büyük bir hızda gelişme göstermiştir.

Türkiye'de "*Türkiye Karakavak Gen Kaynaklarının Genetik Karakterizasyonu ve Karakavak Moleküler Islah Programının Geliştirilmesi*" isimli TOVAG (Tarım, Ormancılık ve Veterinerlik Araştırma Destek Grubu) projesi başlatılmış ve proje 2014 yılında sonuçlandırılmıştır. Proje kapsamında; Türkiye'de ekonomik, sosyal, ekolojik ve çevresel öneme sahip olan kavakçılığın sürdürülebilir olması için iklim değişimi beklentileri kapsamında değişecek çevresel koşullarıda dikkate alan karakavak gen kaynaklarının karakterizasyonu, kullanımı, korunmasına yönelik genetik verilerin elde edilmesi ve moleküler ıslah çalışmalarında etkin markörlerin belirlenerek kullanılması amaçlanmıştır (Kaya vd., 2014).

Bu gelişmeler ışığında; Türkiye'de "*biyoinformatik temelli moleküler ıslah yöntemleri"* ile Kavak cinsine ait yapılan çalışmaların az olması ve bu yöntemlerin TÜBİTAK tarafından da öncelikli alanlar olarak belirlenmesi; doktora tez çalışma

konusunun oluşmasına ve tez çalışmasında Kavak cinsinin seçilmesine etken olmuştur.

Tez çalışması iki ana bölümden oluşmaktadır. Birinci bölüm'de Kavak cinsinin bazı tür ve klonlarında; genom düzeyinde belirlenen, stres anında üretilen, proteinlerin ve membranların yapısının korunmasını sağlayan; "*Stres proteinleri - Isı Şoku Proteinleri*" (*Hsps*) gen ailesinin analizleri yapılmıştır. Bu analizler; Kavak genomunda *Hsps* gen ailelerinin tanımlanması, kromozomlar üzerinde dağılımının incelenmesi, tandem ve segmental duplikasyonlarının hesaplanması, birbirlerinden ayrılma oranlarının belirlenmesi, dizi hizalamalarının, gen yapısının, filogenetik ilişkilerinin tespiti, korunmuş motif bölgelerinin çıkarılması, gen ontoloji kategorilerinin oluşturulması, üç boyutlu modellemeleri, genleri hedef alan miRNA gruplarının tespiti ve başka türler ile ortolog ilişkilerinin belirlenmesidir. İkinci bölüm de ise; Kavak genomunda *Hsps* gen ailelerine ait tanımlanan korunmuş dizilerin seçilmesi, kavak taksonlarında bu gen bölgelerinin abiyotik stres koşullarındaki (kuraklık-tuzluluk-kadmiyum) ifade seviyeleri ortaya konulmaya çalışılmıştır.

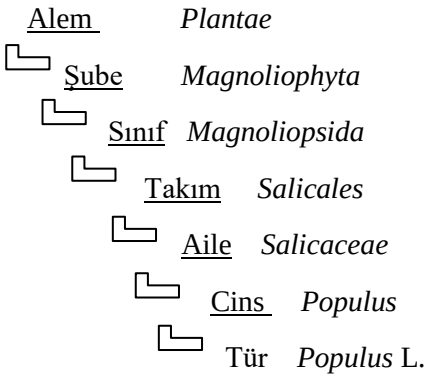
Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Orman Mühendisliği Anabilim Dalında moleküler seviyede ele alınan bu tez çalışmasının; Türkiye ormancılığımıza dair teorik ve pratik bir temel oluşturması öngörülmektedir. Ayrıca, çalışma kapsamında belirlenen genlerin gerek ıslah çalışmalarında biyobelirteç olarak kullanılması önerilerek gerekse de gen transferi çalışmalarına altlık oluşturma potansiyeli ve gen kaynaklarımızın korunması noktasında dayanıklı ormanların kurulmasını ve ormanlarımızın sürekliliğini sağlayabilecektir.

2. KAVRAMSAL ÇERÇEVE

2.1. Kavak (*Populus* L.) Cinsine ait Özellikler

2.1.1. Taksonomik sınıflandırması

Kavak (*Populus* L.) *Spermathopyhta* (tohumlu bitkiler) grubundan *Angiospermae* (kapalı tohumlar) alt şubesinde *Dicotyledonae* (İki çenekliler) sınıfı içerisinde *Monochlamydeae* ait sınıfının *Salicales* takımına ait *Salicaceae* familyası grubunda bulunmaktadır (Şekil 2.1) (Davis, 1982).



Şekil 2.1. Kavak cinsinin taksonomik sınıflandırması (Davis, 1982)

Kavaklar taksonomik olarak altı seksiyona ayrılarak incelenmektedir (Eckenwalder, 1996; Dickmann ve Kuzovkina, 2014) (Tablo 2.1).

Tablo 2.1. *Kavak cinsinin seksiyon, takson ve İngilizce karşılıkları*

	Seksiyon	Takson	İngilizce Karşılığı
1.	Abaso	*P. mexicana* Wesmael	Yaqui cottonwood
2.	Turanga-Bunge (Afro-Asian poplars)	*P. euphratica* Olivier	Euphrates poplar
		P. ilicifolia (Engler) Rouleau	Kenyan poplar
		P. pruinosa Schrenk	Desert poplar
3.	Leucoides (Swamp poplars)	*P. glauca* Haines	Asianswamp cottonwood
		P. heterophylla Linnaeus	Swamp cottonwood
		P. lasiocarpa Oliver	Heart-leaf poplar

Tablo 2.1'in devamı

4.	Aigeiros (Cottonwoods, black poplar)	*P. deltoides* Marshall	Eastern cottonwood
		P. fremontii S. Watson	Fremont cottonwood
		P. nigra Linnaeus	Black poplar
5.	Tacamahaca (Balsam poplars)	*P. angustifolia* James	Narrowleaf cottonwood
		P. balsamifera Linnaeus	Balsam poplar
		P. cathayana Rehder	Cathay poplar
		P. ciliata Royle	Himalayan poplar
		P. koreana Rehder	Korean poplar
		P. laurifolia Ledebour)	Laurel poplar
		P. maximowiczii Henry	Japanese poplar
		P. simonii Carrière	Simon poplar
		P. suaveolens Fischer	Siberian poplar
		P. szechuanica Schneider	Szechuan poplar
		P. trichocarpa Torrey & Gray	Black cottonwood
		P. yunnanensis Dode	Yunnan poplar
6.	Populus (White poplars and aspens)	*P. alba* Linnaeus	White poplar
		P.guzmanantlensis Vaz.&Cuevas	Manantlán poplar
		P. monticola Brandegee	Baja poplar
		P. simaroa Rzedowski	Balsas poplar
		P. adenopoda Maximowicz	Chinese aspen
		P. gamblei Haines	Himalayan aspen
		P. grandidentata Michau	Bigtooth aspen
		x P. sieboldii Miquel	Japanese aspen
		P. tremula Linnaeus	Common aspen
		P. tremuloides Michaux	Quaking aspen

2.1.2. Dünya Üzerinde Yayılış Sahası

Dünya üzerinde çoğunlukla kuzey yarımkürenin ılıman rejyonlarında yayılış alanı bulmaktadır. *Salicaceae* familyası içerisinde yer alan *Populus* ve *Salix* cinsine ait toplamda 400-500 takson bulunmaktadır (Dickmann ve Kuzovkina, 2014). Asya, Avrupa ve Kuzey Amerika'da yayılış bulan *Populus* cinsine ait yaklaşık 35 tür mevcuttur (Tunçtaner, 2008).

2.1.3. Türkiye'de Yayılış Alanı

Türkiye'de Kavak; Orta Anadolu, Karadeniz ve Trakya mıntıkalarında çok iyi gelişme göstermekte olup, Güneydoğu ve İç Anadolu step bölgesi dışında kalan tüm orman mıntıkalarındaki yapraklı ve iğne yapraklı karışık ormanlarında kümeler halinde veya serpili olarak, yangın geçirmiş ve tıraşlama alanlarında ise saf meşcereler halinde yayılış göstermektedir (Öner ve Aslan, 2002; Birler, 2010).

Türkiye'de toplam beş kavak türü doğal yayılış göstermektedir. Bunlardan biri *P. alba* ve *P. tremula*'nın doğada oluşturduğu melez kavak türü olarak tescil edilen Leuce seksiyonu Albidae alt seksiyonunda yer alan 1-*Populus x canescens* (Grey poplar-Boz kavak)'dir. Türün örneklerini Trakya Longos ormanlarında görmek mümkün olmaktadır (Toplu, 2001).

Diğer dört kavak türü: *Turanga* seksiyonunda sadece bir tür ile temsil eden 2-*P. eupratica* (Fırat Kavağı)'dir. Türkiye'de güney ve güneydoğu kısımlarda Fırat, Göksu ve Dicle nehirleri kenarlarında görülmektedir.

Aigeiros seksiyonuna ait 3-*P. nigra* (Karakavak) ise genellikle Orta Asya'da dağınık olarak bulunmaktadır. *Populus* (eski adı=Leuce) seksiyonu iki alt seksiyondan oluşmaktadır.

Albidae alt seksiyonun'da 4-*P. alba* (Akkavak)'dir. Genellikle nehir, yol, dere ve su kenarlarında yayılış yapmaktadır. *Trepidae* alt seksiyonunda 5-*P. tremula* (Titrek kavak) daha çok Türkiye'de dağlık ve ormanlık alanlarda yayılış göstermektedir (Anonim, 1994).

Bunlar Tablo 2.1'de altı çizili olarak belirtilmiştir. Türkiye'de plantasyonlarda yaygın olarak kullanılan ticari klonlar ise *P.* × *canadensis* çeşitleri ve I-45/51, *P. deltoides* çeşitleri Samsun (I-77/51) ve İzmit ve *P. nigra* çeşitleri "Afghanica, Kocabey, Gazi, Anadolu, Geyve ve Behicbey" olmaktadır (Ayan ve Sıvacıoğlu, 2006).

2.1.4. Karakteristik Özellikleri

Kavak cinsine ait karakteristik özellikler Tablo 2.2'de özetlenmiştir (Yaltırık, 1993; Taylor, 2002; Zengin, 2003; Dickmann ve Kuzovkina, 2014).

Tablo 2.2. *Kavak (Populus L.) cinsi karakteristik özellikleri*

Karakter	Kavak Cinsi
Genom	2n=38 / n=19 kromozomu; 485±10 milyon DNA baz çifti; 45,555 çekirdek gen dizisi; 153 kloroplast ve mitokodri gen dizisi bulunmaktadır.
Habitus	Genel olarak ağaç, nadiren çalı görünümlü bir cinsli iki evcikli odunsu bitkilerdendir. Bazı türlerinde bir evcikli yapı görülebilmektedir.
Çiçekler	Çiçek kurulları aşağıya sarkık görünümdedir. Hem dişi çiçekler hem de erkek çiçekler salkım halinde (kedicik biçiminde) birleşmiştir. Yapraklar görülmeden çiçekler açılır ve çoğunlukla rüzgar yoluyla döllenme olur. Çiçek tozlarını yakalayabilmek adına iki-üç -dört parçalı stigma (tepecik) gelişmiştir. Mart başında çiçeklenme görülmektedir.
Meyve	Meyveler lokolosid şeklinde kapsül görünümlüdür. Kapsül içerisinde çok sayıda tohum taşınmaktadır. Tohumlar pamuksu olup tüy demeti şekliyle uçarak taşınmaktadır. 5-10 yaşlarından sonra tohum vermektedirler.
Yaprak	Kavak türlerine ait belirgin farklılıklar mevcuttur. Yaprak ayası kenarlarındaki dişler genellikle ince, kaba ve tam görünümlüdür. Kulakçıklar büyük gözükmektedir. Yaprak sapı silindirik, köşeli ve bir taraftan basık olabilmektedir. Yaprakları üçgen, elips, kalp biçimli, loplu veya dar şerit görünümlü olabilmektedir. Mart ortası ile Nisan başı yapraklanma görülmektedir.
Sürgün	Sürgünleri uzun ve kısa olabilmektedir.
Tomurcuk	Tomurcuk uzun, sivri, bazılarında reçineli ve kokulu monopodial görünümlüdür. Nadir olarak pseudo-terminal (*Populus euphratica* Oliv.) tomurcuk görülmektedir. Tomurcuklar sürgünlere çok sıralı sarmal dizilmiştir ve eşit büyüklükte olmayan fazla sayıda pul ile örtülüdür.
Habitat	Çoğunlukla ılık ve soğuk ılıman bölgeler; sulak alanlarda, kıyı koridorlarında veya yaylalarda yaygın olarak görülür; tundra ve dağ bölgelerinde az sayıda taksonu bulunmaktadır.

2.1.5. Yetişme Ortamı Özellikleri

Hızlı büyüme özelliklerine paralel olarak yetişme ortamı özellikleri de oldukça yüksek olmaktadır. Kavak plantasyon alanlarının genel olarak su geçirgenliği iyi olan, besin maddelerince zengin, taban suyu derinliği olmayan, toprak havalanması yeterli olan, pH nötr ve nötre yakın (6,5-7,5 arasında) arasında olan derin ve tuzsuz topraklarda kurulması potansiyel yetişme özelliklerinin ortaya çıkarılmasına imkan vermektedir. Kavak, ışık ağacıdır. Açık alanlarda ve orman içi boşluklarda büyüyen öncü karakterli türdür. Kavaklarda fotosentez yoğunluğu fazladır. Asimile edilen CO_2 miktarı oldukça yüksek olup, 25-30 dm^2/saat olmaktadır. Kavakların gövdeleri ışığa karşı yönelim (Fototropizma) göstermektedir. Gövdelerde bu nedenle şekilsel değişiklikler görülebilmektedir. Kavak türleri diğer odunsu bitkilere kıyasla çok yüksek bir kök solunumu yapmaktadırlar. 1-2 yaşındaki genç fidanları kökleriyle 24 saat içinde verdikleri CO_2 miktarının kök kuru ağırlığının 1 gr'i için "mg" olarak 403 mg/CO_2 /saat olmaktadır. Bu nedenle kökler taban suyunda ve toprak içindeki boşluklarda bulunan oksijenden faydalanmaktadır. Toprak içerisindeki boşluk hacmi %10'dan fazla olmalıdır. Aksi durumda kökler oksijen yokluğundan Asphixiation (Boğulma-Ölme) olayına maruz kalmaktadır. Genel olarak yabancı kavaklar yayvan bir kök sistemi geliştirmektedirler. Yerli kavaklar ise derince bir kazık kök sistemi oluşturmaktadırlar. Kavakların su istekleri diğer türlere göre daha fazla olmaktadır. Kavaklar bu nedenle "hidrofil" bitki grubunda bulunmaktadırlar. Genel olarak nehir ve su kenarlarında bolca bulunmaktadırlar. Doğal taban arazilerde ve nemli topraklarda yetişmektedirler. Genç yaşlarda daha çok sulanmalıdırlar. Kavak yetiştirilmesine en uygun toprak içerisinde kil miktarının %35'in altında bulunduğu kumlu balçık, balçık veya kumlu killi balçık türündeki topraklardır. Kavaklar için en uygun taban suyu seviyesi yaz ayları içinde 1,0-1,5 m derinlikte olmalıdır. Kireç miktarının %4-7 arasında olması yeterli olmaktadır. Ancak besin maddelerince zengin olan topraklarda %8-15 seviyesinde tutulabilir. Asit reaksiyonlu topraklara kireç atılması iyi bir gelişim sağlamaya yardımı olabilmektedir. Azot, fosfor, potasyum, kalsiyum ve magnezyum mineralleri bakımından zengin bir toprak yapısı isteği bulunmaktadır. Toprağın fiziksel özelliklerini iyileştirmek için yeşil gübre ya da çiflik

gübresi sahalarda kullanılmaktadır (Ayık, 1989; Zengin, 1991; Anonim, 1994; Çepel, 1995; Zengin, 2003; Kantarcı, 2005).

2.1.6. Türkiye'de Kavak Fidanı Üretim Yöntemleri ve Plantasyon Sahaları

Dikim materyali olarak kavak gövde çeliği, kavak fidanı veya kavak sırık çeliği kullanılmaktadır. Anaçlık köklerden çıkan çok sayıda sürgün (bir yaşlı kavak gövdesi) toprak yüzeyinden 10-15 cm yukarıdan kesilerek alınmakta ve kavak çeliği üretiminde çeliklik kavak gövdesi veya kavak sırık çeliği olarak kullanılmaktadır. Çelik hazırlama işlemi vejetasyon dönemi dışında bir zamanda gerçekleştirilmelidir. Kış sonu veya ilkbahar başlangıcı uygun dönemlerdir. Çeliklik materyal hemen dikilmeyecek ise güneş almayan, serin ve korumalı bir yerde gömüye alınmalıdır. 20-25 cm kalınlıkta hafif nemli bir kum ile üzerleri kapatılmalıdır. Soğuk hava deposu mevcut ise +3 ºC ile +5 ºC arasındaki sıcaklıkta nemli ortamda depolarda saklanabilir. Toprak tavının iyi olduğu, don tehlikesinin olmadığı aylarda genellikle vejetasyon mevsimi dışında; fidan sıra aralığının 1,50 m ve 2,00 m arasında bırakıldığı; çelikler arası mesafenin yabancı kavaklarda 55 cm, yerli kavaklarda 40 cm alındığı sahalara dikimleri yapılmalıdır. Güçlü bir gübreleme programı ile yabancı kavak ağaçlandırmalarında yaygın olarak köksüz gövde sürgünleri (sırık çelikleri) kullanımı daha pratik, ekonomik sonuçlar vermektedir. Kavak klonları ile ağaçlandırmalar tesis etmek için bir araziyi blok olarak kaplayan *"tam alan kavak ağaçlandırmaları"* yöntemi tercih edilmektedir. Kavak plantasyon sahalarında bugün bir çok ülke Agroforestry *"Tarımsal ormancılık"* faaliyetlerinde bulunmaktadır. Bu şekilde kavak ağaçlandırmalarının ilk üç yıllık dönemlerinde ara tarım uygulamaları yapılabilmektedir. Kavak ağaçlandırmaları altında fasulye, domates, mısır, şeker pancarı, kavun, karpuz, biber, patlıcan, kabak ve salatalık gibi tarımsal ürünler yetiştirilebilmektedir. Böylelikle ilk üç yıl %80 atıl durumda olan saha değerlendirilmiş olacaktır. Ayrıca, kavak ağaçlandırmaları için ilk üç yıl yapılacak bakım bu şekilde çapalama vs. işlemler ile tarımsal ürünlerin yetiştirilmesinde yapılacak bakım giderlerinden tasarruf olabilecektir. Dördüncü yıldan itibaren kavak ağaçlandırmalarının kökleri ve taçları yeterli bir genişliğe ulaşacaktır. Ağaçlandırma arazisinin önemli bir kısmını da kaplamış olacaktır. Bu durumda sadece marul, kıvırcık

salata ve maydonoz gibi kış ürünleri ile bir süre daha ara tarım yapılabilecektir. Bonitet sınıfının daha zayıf olduğu araziler bu şekilde kullanılarak ekonomik açıdan karlılık düzeyini arttıracaktır. Türkiye'de "Tam alan kavak ağaçlandırmaları" büyük bir paya sahiptir. Bunun yanında *"Baltalık kavakçılık", "Galeri kavakçılığı"* ve *"Sıra dikim kavakçılık"* da yapılmaktadır (Tolay, 1988; Anonim, 1994; Zengin, 2011).

2.1.7. Endüstiyel Kullanım Alanları

Kavak odunu farklı endüstri kuruluşlarınca değişik amaçlarla kullanılmaktadır. Odunu yumuşak olan ağaçlar grubundadır. Bu yönüyle endüstri kuruluşlarınca kolaylıkla işlenebilmektedir. Dünya'da ve Türkiye'de endüstri kuruluşlarınca kullanımı alanları Tablo 2.3'de gösterilmektedir (Stanturf ve Oosten, 2014).

Tablo 2.3. *Kavak odununun endüstriyel kullanımı*

Kullanım Alanı	Ürünler	Ülkeler
Biyoenerji	Yakacak odun, talaş, pellet, odun kömürü	Hindistan, İtalya, Sırbistan, Karadağ, Türkiye, Çin, Kanada, ABD, Almanya, Avusturya, İsviçre, Finlandiya, İsveç
Kağıt hamuru (Pulpwood)	Kağıt, Suni ipek	Hindistan, ABD, Kanada, Arjantin, İsveç, Estonya, Finlandiya, İtalya, Fransa, Sırbistan, Karadağ, İran, Çin, Kore, Yeni Zelanda
Panel	Kontrplak, yönlendirilmiş büküm levhası (OSB), orta yoğunluklu fiber levha (MDF), yonga levha, havza panosu, lamine ahşap	Hindistan, ABD, Kanada, Şili, Arjantin, Sırbistan, Karadağ, Türkiye, Kore, İtalya

Tablo 2.3'ün devamı

İşlenmiş ahşap (Sawn wood)	Kereste, inşaat, kaplama	Hindistan, ABD, Kanada, Arjantin, Şili, İsveç, Rusya, İtalya, Fransa, Sırbistan, Karadağ, Türkiye, İran, Özbekistan, Çin, İtalya
Kaplama (hafif ambalaj ve kibritler)	Ambalaj dolapları, kasalar, meyve ve sebze kutuları, ahşap yünü, sepetçilik, kibritler	Hindistan, Arjantin, Brezilya, Şili, Fransa, Sırbistan, Karadağ, İran, Özbekistan, Yeni Zelanda, İtalya
Özel Ürünler	Dondurma kaşıkları, çubuklar, kürdanlar, spor malzemeleri, kalemler, mobilyalar, kalıplama, alet tutamakları	Hindistan, ABD, Şili, Türkiye, İran, Özbekistan, Çin, Kore, Yeni Zelanda
Tarım Yemi, Direkler vs.	Çit direkleri, tarımsal bitkiler için destekler, çatı kirişleri	Hindistan, Türkiye, Çin, Şili, Arjantin

2.1.8. Türkiye'de Uygulanan Islah Metodları

Türkiye'de tohumdan doğal olarak yetişen Titrek kavak türüne ait Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü tarafından tescil edilen 2 adet tohum meşceresi (Erzurum/ Horasan - Hasankale – 360 ha – 2010; Sivas – 323,3 ha - 2016) ve 2 adet gen koruma ormanı (Kastamonu/Araç - Karkalmaz - 109,3 ha - 1999; Giresun/Şebinkarahisar 39,4 ha - 2013) bulunmaktadır (URL-2).

Kavak ıslah çalışmaları; ithal edilen klonlar, yurt içinde selekte edilen ve yapay melezleme çalışmaları ile elde edilen klonların eklenmesi ile fidanlık ve arazi denemeleri aşamalarını kapsamaktadır. Islah programı dahilinde klonların köklenme başarıları, büyüme özellikleri, biyotik ve abiyotik zararlılara karşı dayanıklılık özellikleri ve odununun teknolojik özellikleri konusunda araştırmalar yapılmıştır (Anonim, 1994; Gözükırmızı vd., 1998; Çavuşoğlu vd., 2001).

"Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Müdürlüğü" tarafından ıslah programlarında aşağıdaki hususlar dikkate alınmakta ve ıslah programı oluşturulmaktadır;

-Doğal olarak yetiştirilen türlerden seleksiyon yapılarak, tohum temini sağlanması ve döl denemelerine başlanması,

-Melez kavak türlerinden çelik ve tohum materyal temini sağlanması ve gen kaynağı olarak koleksiyon ağaçlandırmalarının kurulması,

-Ebeveyn ağaçlardan istenilen karakterlerin seçilmesi ve bunlar arasında çaprazlamaların yapılması, değişik yetişme ortamlarında populetumlarının kurulması, ağaçlandırmalar için klon önerilmesi (Anonim, 1994).

Türkiye'de; kavak genetik ıslah çalışmaları, farklı yetişme ortamlarına adapte olabilen, verim gücü yüksek kavak klonlarının tespitine yönelik devam etmektedir. Türkiye'de özellikle son yıllarda biyoteknoloji ve genetik alanlarında araştırmalar yürütülmektedir. Yürütülen yüksek lisans tez çalışmarında; Çiftçi (2013) *Populus nigra* L.'da mikrosatellit DNA belirteçleri (markörleri) kullanılarak klonlarda kimlik karışıklığı problemini çözmeyi amaçlamıştır. Ağba (2013) kadmiyum (Cd) metal stresinde *Populus tremula x Populus alba* - 717-1B4 de ekofizyolojik araştırmalar yapmıştır. Bülbül (2013) aynı genotipte *Populus tremula* x *Populus alba* - 717-1B4 tuz stresini proteomik yöntemler kullanarak ele almıştır. Yürütülen doktora tez çalışmalarında ise; Yıldırım (2013) *P. nigra*'da transkriptomik ve fizyolojik tepkileri incelemiştir. Zeybek (2014) *P. nigra* klonlarında soğuğa dirençli genlerin ifade seviyelerini belirlemiştir.

2.2. Orman Ağaçlarının Abiyotik Stres Koşullarına Cevap Mekanizmaları

2.2.1. Abiyotik Stres Kavramı ve Orman Ağaçları

Sürdürülebilir çağdaş dünya için; yenilebilir doğal kaynaklardan biri olan ormanların da önemli bir payı bulunmaktadır. 2017 yılı Birleşmiş Milletler raporuna göre, 7,6 milyar olan mevcut dünya nüfusunun 2030 yılında 8,6 milyar, 2050 yılında 9,8 milyar ve 2100 yılında 11,2 milyar'a ulaşması beklenmektedir. Her yıl dünya nüfusuna yaklaşık 83 milyon insanın eklenmesiyle hızlı bir nüfus artış eğilimi görülmektedir (URL-3).

Dünya nüfusundaki artışa paralel olarak insan ihtiyaçları da her geçen yıl farklılaşmış, doğal kaynaklar üzerindeki baskı ve tehditler artmıştır. Antropojenik faktörler yanında son yıllarda görülen ortalama sıcaklık artışlarının olması, kutuplarda buzların erimesi, doğal afetlerin artışı, yağışların azalması, biyoçeşitliliğin azalması vb. çevresel değişikliklerde doğrudan ve dolaylı olarak mevcut dengenin bozulmasına sebep olmuştur. Tüm canlılarda olduğu gibi bitkiler alemi de; bulundukları sabit yaşam alanlarında (sesil yaşam döngüsü), büyüme ve gelişmelerini olumsuz etkileyen abiyotik (kuraklık, tuzluluk, soğuk, sıcak, rüzgar, ağır metaller, su fazlalılığı, radyasyon, kimyasallar) ve biyotik stres (mikroorganizmalar) faktörlerine maruz kalmaktadırlar. Nitekim bu süreçte hayatta kalma savaşları başlamakta ve çevresel tehditlere yönelik strese tepki, tolerans kazanma, adaptasyon, morfolojik, yapısal, fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler mekanizmalar ile bir cevap oluşturmaktadır (Gürel ve Avcıoğlu, 2001; Wang, Vinocur ve Altman, 2003; Kalefetoğlu ve Ekmekçi, 2005; Mahajan ve Tuteja, 2005; Janz vd., 2010).

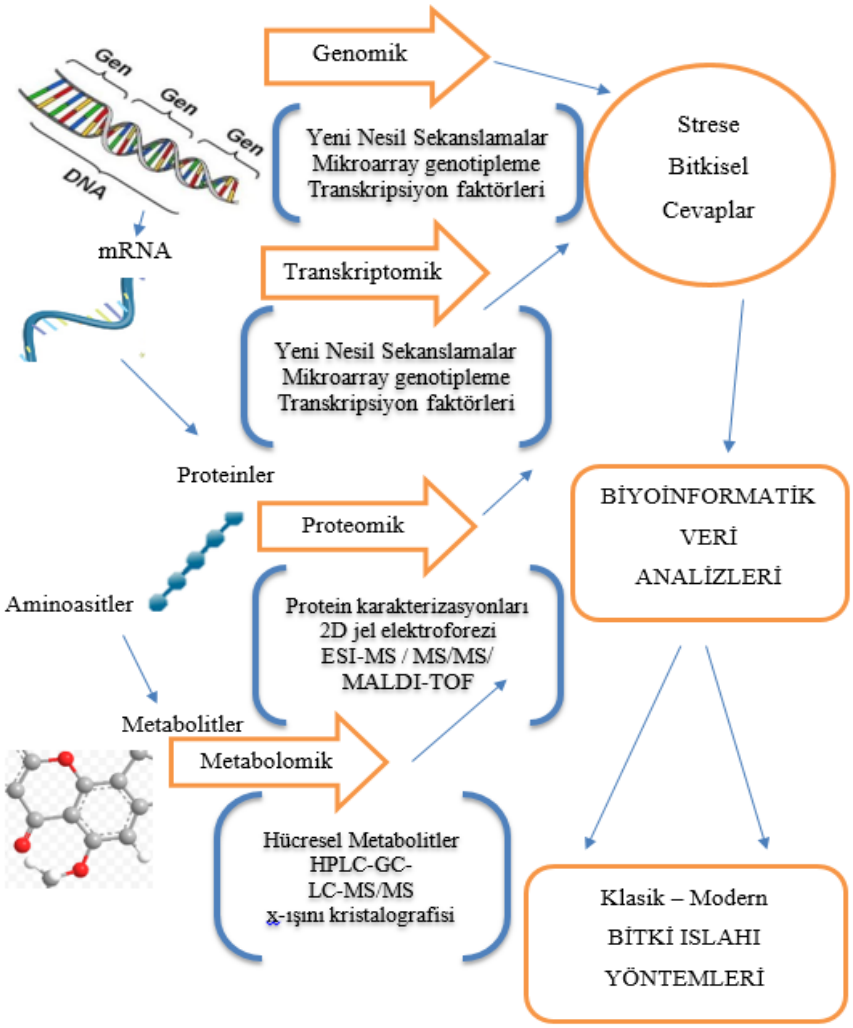
Bitkiler stres sinyallerine karşı fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler düzeyde adaptasyon sağlamaktadırlar. Hatta bazı bitkiler olumsuz çevre koşullarına doğal bir şekilde uyum sağlamıştır. Tuzcul koşullarda yetişebilen bitkilere "Halofit", kurakçıl şartlara uyum sağlayan bitkilere "Kserofit" ve alçı taşlı topraklarda yetişen bitkiler için "Cipsli" kavramları kullanılarak bir sınıflandırma yapılmıştır (Boscaiu vd., 2008).

Son on yılda bitkilerde abiyotik stres toleransına yönelik karmaşık mekanizmaları anlamaya yönelik çalışmalar, gelişen biyoinformatik sistemlerle birlikte artış göstermiştir. İlk çalışılan model organizma olarak seçilen bitki *"Arabidopsis thaliana"* olmuştur. Orman ağaçlarının abiyotik streslere cevap mekanizmalarına ilişkin moleküler temelli çalışmalar da; 2006 yılında model ağaç türü olarak genom sekansı (dizisi) tamamlanan "*Populus trichocarpa*" türü üzerinde başlatılmıştır. Yaklaşık 10 yıldır "Omik" (genomik, transkriptomik, proteomik, metabolomik vb.) temelli çalışmaların dörtte üçü *Populus* cinsine ait olmuştur. Geri kalan çalışmalar en fazla yoğunlukta Okaliptüs ve Çam türleri üzerinde; daha az oranlarda ise meşe, kayın ve Douglas göknarında yapılmıştır. Bitkilerin strese cevap mekanizmalarının belirlenmesinde "Omik" temelli yöntemler kullanılmaktadır (Şekil 2.2). Stres sinyallerinin bitki tarafından algılanması; türler arası görülen genetik farklılıklar yanında, stresin süre ve şiddetine, stres uygulanan doku tipine bağlı olarak da değişiklik gösterebilmektedir (Chinnusamy, Schumaker ve Zhu, 2004; Madhova, Raghavendra ve Janardhan 2005; Vinocur ve Altman, 2005; Kosová, Vítámvása, Prášila ve Renaut, 2011; Harfouche, Milan ve Altman, 2014; Soda, Wallaceb ve Ratma, 2015; Öztürk, 2015; Plomion vd., 2016; Korkmaz ve Durmaz, 2017).

Gaspar vd. (2002)'de "Adaptasyon" kavramını stres koşullarında bitkilerin sahip olduğu uygun gen kombinasyonları olarak tanımlamıştır. "Uyum-aklimasyon" kavramı ise; stres koşullarına karşı verilen fenotipik bir cevap olarak tanımlanmıştır. Stres koşullarına kısa süreli uyum geliştirildiğinde; transkripsiyon, translasyon, protein sentez hızı ve çeşitli büyüme hormonlarının miktarlarında değişiklikler gözlemlenmektedir. Uzun süreli uyum sürecinde ise bitki bazı kısımlarını kaybedebilmekte fakat bu doku ve organlar tekrar işlevsel yapı kazanabilmektedir. Ayrıca, bitkiler hayatta kalabilmek için stres direnç mekanizmalarına sahiptirler.

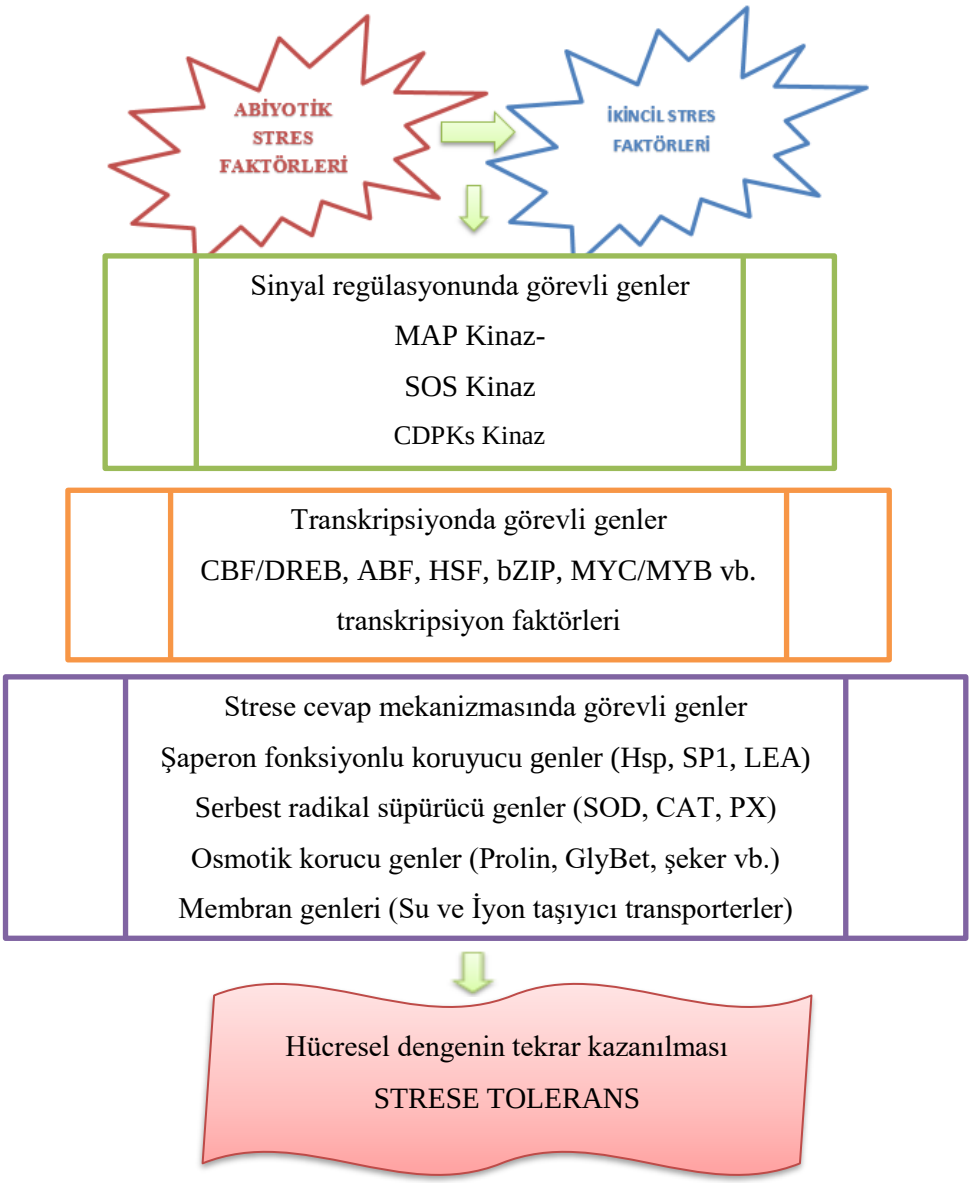
Bitkiler tarafından, strese karşı; "sakınma (kaçınma)" stresin bitki tarafından dış ortamda bırakılması ve "tolerans" stres koşullarında oluşan olumsuz etkinin onarılması şeklinde cevaplar oluşturulmaktadır (Levitt, 1980; Hale ve Orcutt, 1987; Larcher, 1995; Bray, Bailey-Serres ve Weretilnyk, 2000; Cassels ve Curry, 2001). Stres sinyallerinin bitki tarafından algılanması, tepki oluşturulması, direnç kazanımı ve

adaptasyon süreçleri oldukça karmaşık mekanizmaların işleyişlerinin çözümlenmesini gerekli kılmıştır (Ashraf ve Foolad, 2007).



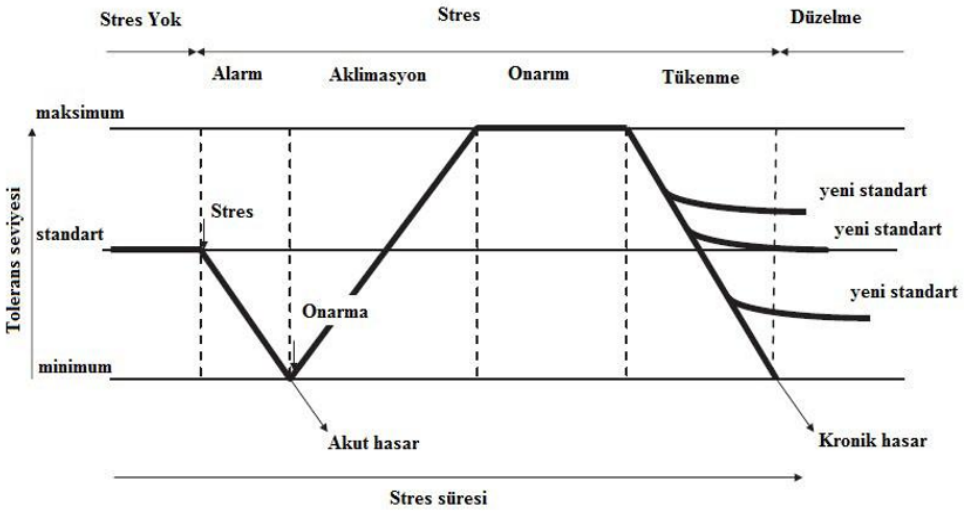
Şekil 2.2. Abiyotik streslere cevap mekanizmasında kullanılan "Omik" stratejiler (Perez-Clemente vd., 2013; Meena vd., 2017).

Sinyal iletiminde "erken cevap genleri" ve "geç cevap genleri" oluşmaktadır. Erken cevap genleri, hızlı ve geçici olarak indüklenir ve geç cevap genlerinin aktivasyonunda görev alan transkripsiyon genlerini ve stres genlerini kodlamakta görev alırlar (Zhu, 2002; Saira ve Tyagi, 2004; Kalefetoğlu ve Ekmekçi, 2005). Stres sinyallerin algılanmasından tepki oluşturulmasına kadar geçen süreçteki moleküler düzenleyici ağların (sinyal yolaklar) rolleri Şekil 2.3'de verilmiştir (Wang vd., 2003).

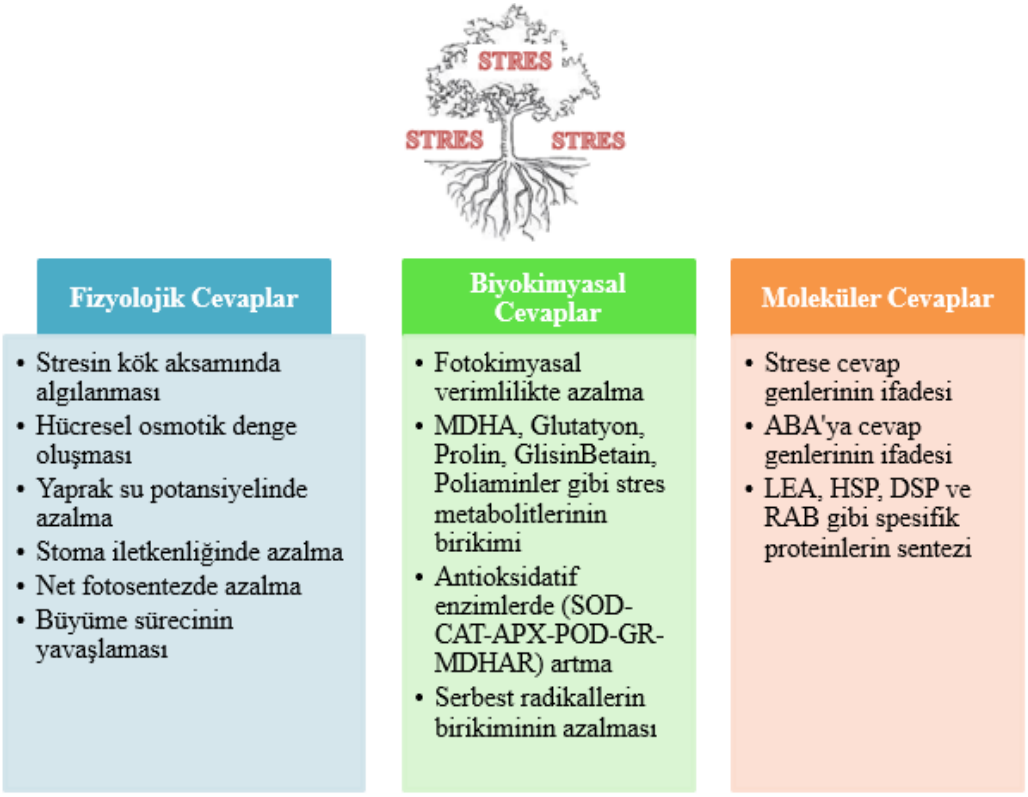


Şekil 2.3. Abiyotik stres koşullarında moleküler mekanizmalar (Wang vd., 2003)

Kosova vd. (2011) bitkilerin stres sürecinde izlediği aşamaları dört farklı kategorik sınıflandırmaya bağlı olarak açıklamıştır (Grafik 2.1). Yüksek bitkilerde strese karşı geliştirilen fizyolojik, biyokimyasal ve moleküler cevaplar Şekil 2.4'de özetlenmiştir (Ramachandra Reddya, Chaitanya ve Vivekanandan, 2004).



Grafik 2.1. Stres süresi ve tolerans seviyesine ait genel dinamikler (Kosova vd., 2011)



Şekil 2.4. Bitkilerde strese cevap mekanizmaları (Ramachandra vd., 2004)

2.2.1.1. Kuraklık stresi ve moleküler mekanizmalar

Hızlı nüfus artışına bağlı olarak kişi başına düşen su tüketimi de artmıştır. Dünya Kaynakları Enstitüsü 2040 yılında yüksek düzeyde "su kıtlığı" yaşayabilecek 33 ülke belirlemiştir (URL-4). Türkiye bu listede 27. sırada yer almıştır (Şekil 2.5). Dünya su tüketiminin %66'sı önemli tarım alanlarının bulunduğu Asya kıtasındadır. Tüketilen suyun % 84'ü ise tarımsal faaliyetlerde kullanılmaktadır (Shiklomanov, 2000).

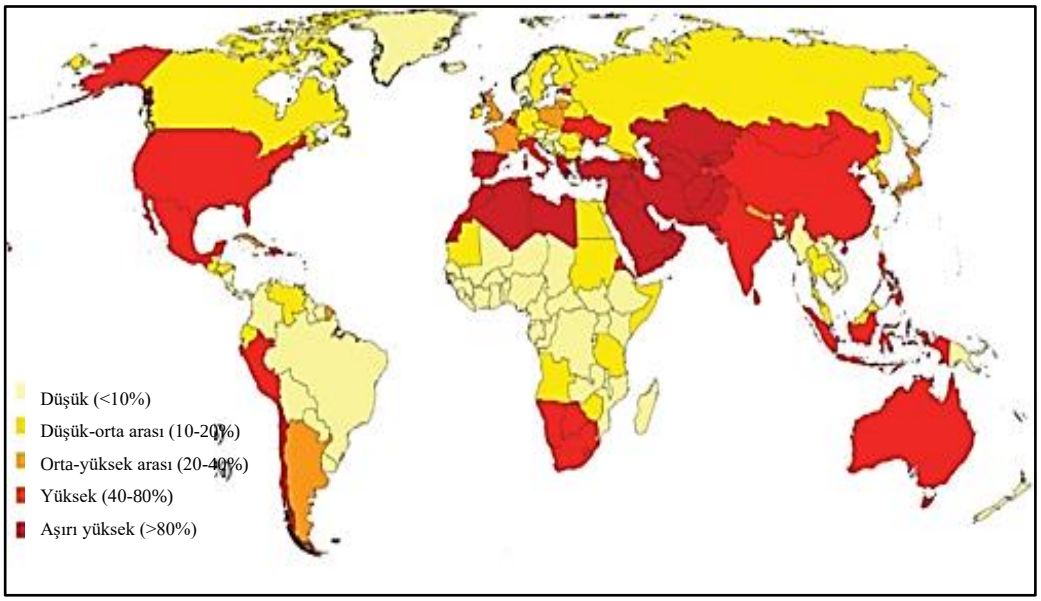
Bitki yetiştiriciliğinde suyun kullanımı hayati bir önem taşımaktadır. Bitkilerin büyüme-gelişim seyirlerinde toprakta var olan suyun alınabilir olması gerekmektedir. Bitki için bu husus sağlanamadığında "su stresi-kuraklık stresi" yaşanmaktadır. Dünya'da her yıl kurak ve yarıkurak sahalar artmakta ve canlı yaşamını etkileyecek seviyeye ulaşmaktadır. "Kuraklık" kavramı farklı disiplin gruplarına bağlı olarak değişik şekillerde tanımlanmıştır. Bunlar meterolojik, hidrolojik, tarımsal ve sosyo-ekonomik kuraklık olarak ifade edilebilir. Dünya'da çeşitli örgüt ve kuruluşlarda (WMO, UNCCD) farklı yaklaşımlarda tanımlamalar yapmıştır (Mishra ve Singh, 2010).

Bitki gelişiminde olumsuz bir koşul olan kuraklık stresine karşı bitkiler hayatiyetlerine devam edebilmek amacıyla farklı savunma mekanizmaları geliştirerek bir cevap oluşturmaktadırlar (Bray, 1997). Bitkiler strese yönelik "geri dönüşümlü=elastik" ve geri dönüşümsüz "irreversible=plastik" cevaplar geliştirmektedirler. Bu durum bitkide iki durumdan kaynaklanmaktadır. Bunlar; "fiziksel kuraklık (su kıtlığı)" ve "fizyolojik kuraklık (donma ve mineral eksikliği-fazlalığı)" şeklinde isimlendirilmiştir (Korkmaz ve Durmaz, 2017).

Shinozaki ve Yamaguchi-Shinozaki (1997) kuraklık stresine tolerans gösteren gen ürünlerini "Fonksiyonel Proteinler"; kuraklık stresine cevap veren gen ürünlerini ise "Regülatör Proteinler" olarak sınıflandırmıştır. "Fonksiyonel protein" grupları: şaperonlar, su kanal proteinleri, osmolit (prolin, betain ve şekerler) sentezi, geç embriyogenez, proteazlar, detoksifikasyon enzimleri olarak sınıflandırılırken;

“Regülatör protein” gruplarını: transkripsiyon faktörleri, protein kinazlar, fosfolipazlar olarak saptamışlardır.

Bitkiler ilk olarak kuraklık stresini algılamaktadırlar. Bir sonraki aşamada su kaybı ile birlikte bitkide sinyal iletim mekanizması aktive olmakta ve strese karşı direnç mekanizmaları oluşmaktadır. Son yıllarda gelişen biyoinformatik yöntemler ve biyoteknolojik araştırmalar ile bitkilerde gerçekleşen bu sinyal iletimi ve oluşan direnç mekanizmaları mRNA seviyesinde karakterize edilebilmektedir (Plomion vd., 2016).

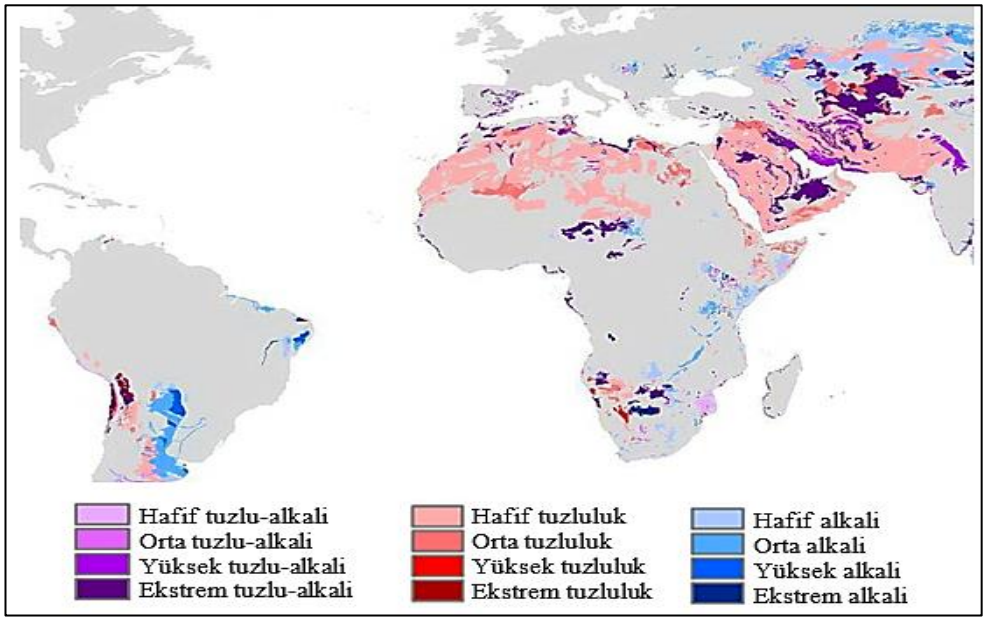


Şekil 2.5. Dünya kaynakları enstitüsü 2040 yılı su sıkıntısı senaryosu (URL-5)

Moleküler çalışma konusu olan “gen ifade” analizleri ile stres de rol alan genler belirlenebilmektedir. Gen ürünlerinin rollerinin anlaşılması ile birlikte modern ıslah yöntemleri yapılabilecektir. “Orman Ağaçları Islahına” yönelik gen kaynaklarımız olan ormanlarımızda anne ve baba bireyler için polimorfizimler belirlenebilecek, kuraklık stresine dayanıklı bireylerin gen ürünleri tespit edilebilecektir. Bu karmaşık hücresel işleyişte sinyal ağlarında görevli proteinlerin tespit edilmesi ormanlarımızın sürekliliği noktasında bir teminat sağlayacaktır (Bray, 1997; Chinnusamy vd., 2004; Madhova vd., 2005; Vinocur ve Altman, 2005; Kosova vd., 2011; Harfouche vd., 2014; Öztürk, 2015; Plomion vd., 2016; Korkmaz ve Durmaz, 2017).

2.2.1.2. Tuzluluk stresi ve moleküler mekanizmalar

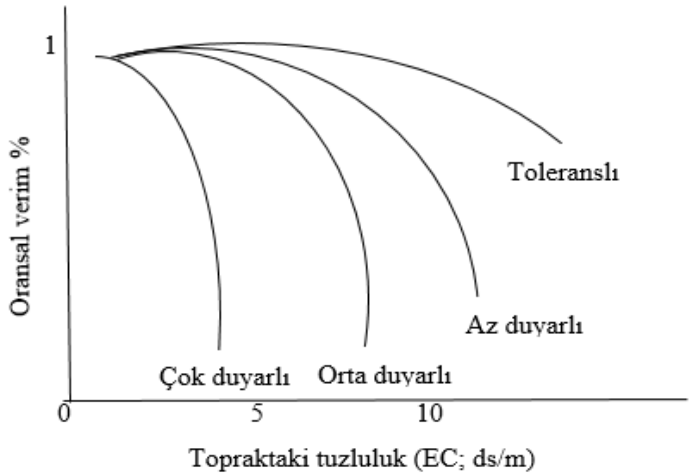
Birleşmiş Milletler Gıda ve Tarım Örgütü-FAO çalışmalarına göre; Dünya topraklarının %8-9'u tuzluluktan etkilendiği açıklanmıştır. Toplamda 900 -1000 milyon hektar saha tuzlu ve alkali (sodik) topraklardan oluşmaktadır (Şekil 2.6). Alkali (sodik) toprak yapısı fakir ve verimsiz toprak alanları olarak nitelendirilmektedir. Yüksek oranlarda sodyum Na^+ katyonu içermektedirler. Genel olarak kurak ve yarı kurak bölgelerde "Değişebilir Sodyum Yüzdesi" (ESP) – "Adsorbe edilen sodyum" (SAR) değeri >15'ten büyük çıkmaktadır. Tuzlu topraklarda ise bu oran <15 belirlenmiştir. FAO raporlarında; tuzluluk için "Sessiz Düşman" kavramı rapor edilmiştir (Kanber, Kırda ve Tekinel, 1992; Parida ve Das, 2005; URL-6).



Şekil 2.6. Dünya üzerindeki tuzluluk kategorileri (URL-6)

Türkiye'de tuzluluk kategorilerine göre; 1.518.722 ha alan bulunmakta olup, Türkiye yüzölçümünün %2'sini oluşturmaktadır. Hafif tuzluluk ve orta tuzluluk sınıfında yer alan toprakların kapladığı alan ise 1.119.260 ha olarak saptanmıştır. Bu alan sulanabilir tarım arazilerinin % 17'lik kısmını oluşturmaktadır. Sulanabilir tuzlu alanların, entansif kültürel uygulamalar ile iyileştirilmesi ve tuzluluğa dayanıklı türler ile bitkilendirilmesi potansiyel saha kazanımları sağlanabilecektir (Anonim, 2013).

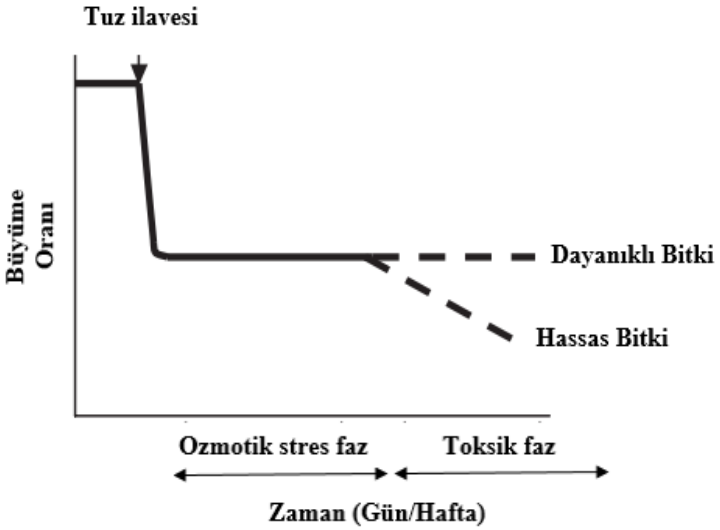
Tuzluluk yeraltı suyunda bulunan çözülebilir tuzların kapillarite yoluyla toprak yüzeyine ulaşması ve evapotranspirasyon yolu ile toprak yüzeyinde birikmesi olarak tanımlanmaktadır. Toprak yüzeyinde bulunan çözünebilir tuzlar bitkiler tarafından alınmakta ve ozmotik basınç 20 atm düzeyinde olduğunda bu konsantrasyon bitki gelişimini engelleyici boyutta olmaktadır. Genel olarak; OP-Ozmotik basınç (atm) = 0.36 (saturasyon ekstraktı elektriksel iletkenlik-ds/m, 25 $^{\circ}$C - EC X 10^3) hesaplaması ile belirlenmektedir. 40 atm değeri bitki hayatiyetine yönelik büyük tehdit olduğunu göstermektedir. EC değeri 4 ds/m'den fazla (=40 mM NaCI) olan topraklar tuzlu sınıfına girmektedir. 6 ds/m ve üzerinde bitki gelişimi önemli oranda azalmaktadır (Munns ve Tester, 2008; Zhu, 2007). Toprak tuz miktarlarına göre bitkilerde verim kayıpları görülmektedir. Tuzluluk konsantrasyonu arttıkça bitkinin strese toleransı düşmektedir (Grafik 2.2).



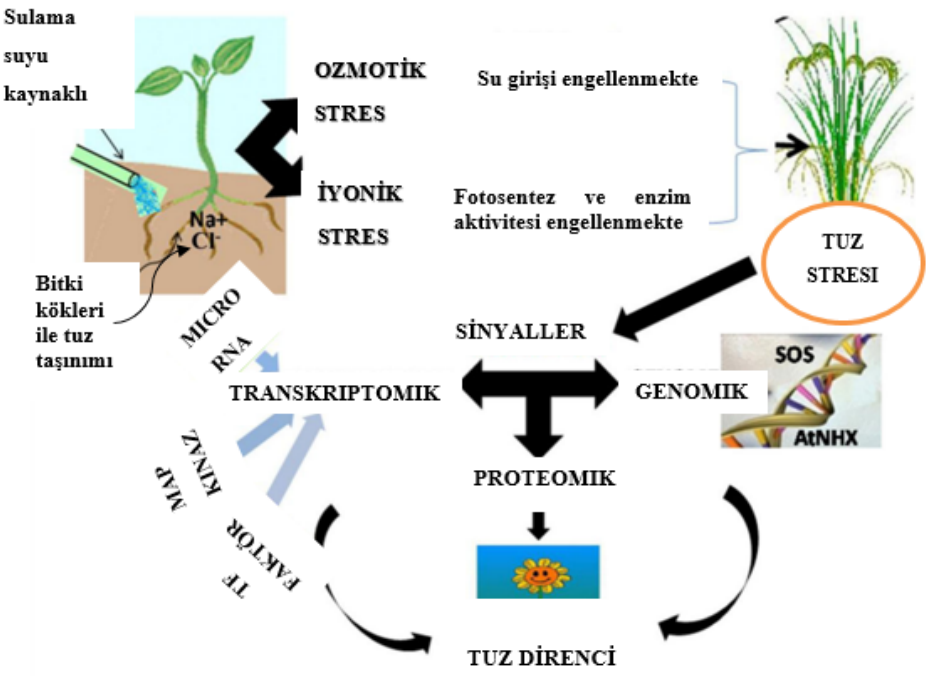
Grafik 2.2. Topraktaki tuzluluk ile bitkisel verimlilik arasındaki ilişki (Singer ve Munns, 2002)

Bitkiler tuz stresinden ilk olarak ozmotik basınç etkisi (fiziksel etki) ile cevap oluşturmaktadır. Bir sonraki safhada toksik iyon birikimleri (kimyasal etki) görülmektedir. Dayanıklı bitkiler bu şartlara karşı savunma mekanizmaları ve genotiplerinde var olan gen ürünleri ile cevap oluşturmaktadırlar (Volkmar, Hu ve Steppuhn, 1998; Läuchli ve Grattan, 2007) (Grafik 2.3). Tuza dayanıklılığı yüksek bitkiler; popülasyonlardan seçim yaparak belirleneceği gibi gelişen teknolojik yöntemler sayesinde moleküler düzeyde mekanizmayı kontrol eden genlerin

belirlenmesi ve bu gen bölgelerinin bitkiye aktarılması (gen transformasyonu) şeklinde de yapılabilmektedir. Stres genlerinin ürünleri, bitkinin adaptasyonuna önderlik ederek bitkinin hayatiyetinin devamını sağlamaktadır (Rajendran, Tester ve Roy, 2009; Parihar, Singh, Singh, Singh ve Prasad, 2015) (Şekil 2.7).



Grafik 2.3. Bitkilerde farklı genotiplerde gerçekleşen tuzluluk cevabının büyüme oranına etkisi (Läuchli ve Grattan, 2007).



Şekil 2.7. Tuz stresinde sinyal iletimi (Parihar vd., 2015)

Tuz stresinde uyarılan genlerin ürünleri iki grup oluşturmaktadır. Bunlar, çevresel streslere karşı "Efektör Moleküller" (koruyucu moleküller) ve "Regülatör Moleküller" (düzenleyici moleküller) olarak görev almaktadırlar. Efektör moleküller; Şaperonlar (Hsp), geç embriyogenez (LEA) proteinleri, su kanal proteinleri, detoksifikasyon enzimleri, su kanal proteinleri, iyon taşıyıcılar olarak alt gruplarda incelenmektedir. Regülatör moleküller ise; protein kinazlar, transkripsiyon faktörleri, fosfolipazlar olarak stres gen anlatımında görev almaktadırlar (Wu, Fan, Guo, Li, Chen ve Qu, 2005; Hussain, Chandrasekhar, Hazara ve Sultan, 2008).

2.2.1.3. Ağır metal (kadmiyum) stresi ve moleküler mekanizmalar

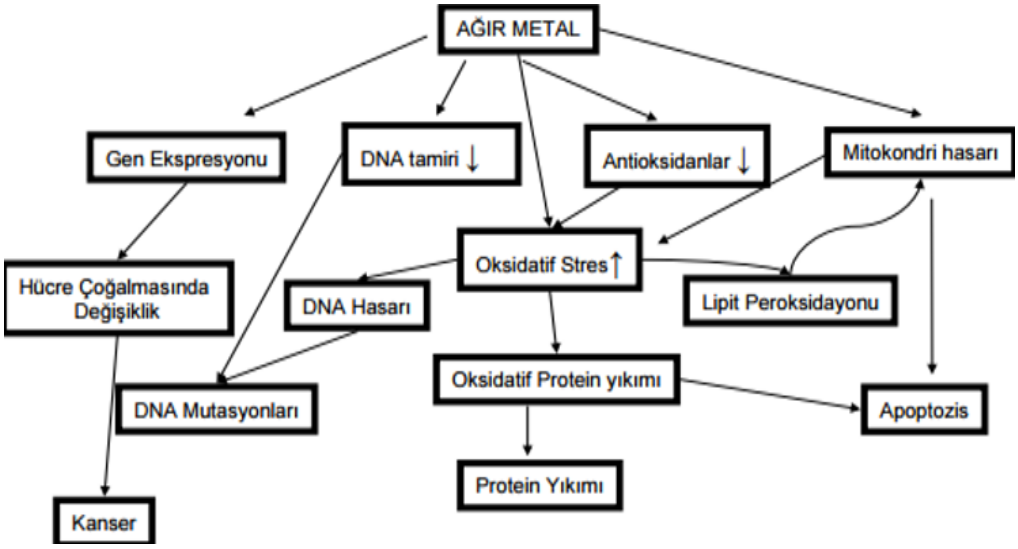
Özgül ağırlıkları (yoğunlukları) 5 g/cm^3'den büyük olan metaller "ağır metal" olarak bilinmektedir. Bazı kaynaklarda ise atom ağırlığı 63.547 ile 200.560 arasında bulunan elementler olarak ifade edilmiştir. Ağır metal grubunda; Civa (Hg), Mangan (Mn), Demir (Fe), Kobalt (Co), Nikel (Ni), Bakır (Cu), Çinko (Zn), Kadmiyum (Cd), Arsenik (As), Krom (Sn), Kurşun (Pb), Gümüş (Ag) ve Selenyum (Se) olmak üzere 60' tan fazla metal bulunmaktadır. Ağır metaller genellikle karbonat, oksit, silikat ve sülfür halinde stabil bileşik olarak veya silikatlar içinde hapis olarak ince partikül şeklinde bulunurlar (Schulze, Beck ve Müller-Hohenstein, 2005; Anonim, 2008; Nagajyoti, Lee ve Sreekanth, 2010; Shah, Ahmad, Masood, Peralta-Videa ve Ahmad, 2010).

Ağır metaller arasında Zn, Ni, Cu, Co, Mg, Mn, K, Fe ve Cr düşük konsantrasyonda toksik olmayan ağır elementlerdir. Hg, Ag, Sb, Cd, Pb ve Al gibi metaller ise mikrobesin olarak tepkimelerde bir işlev almazlar. Bu metallerin bitkiler ve mikroorganizmalar için toksik olduğu saptanmıştır (Niess, 1999; Hasan, Fariduddin, Ali, Hayat ve Ahmad 2009).

Ağır metaller farklı endüstri kuruluşlarının atıkları şeklinde çevresel kirlilik oluşturmaktadır. Böylelikle toksik düzeyde metal birikimi gerçekleşerek ekolojik denge olumsuz yönde değişmektedir (Anonim, 2008). Yüksek konsantrasyonlarda esansiyel olan ve olmayan bütün metaller hücre zarı hasarına yol açıp, enzim spesifikliğini değiştirebilir, hücresel fonksiyonları bozabilir ve DNA'nın yapısına

zarar verebilmektedir (Sanita di Toppi ve Gabbrielli, 1999; Abolghassem, Yulong, Farzad ve Yinfeng, 2015). Şekil 2.8'de ağır metallerin hücre içerisinde oluşturduğu etkiler gösterilmiştir (Özbolat ve Tuli, 2016).

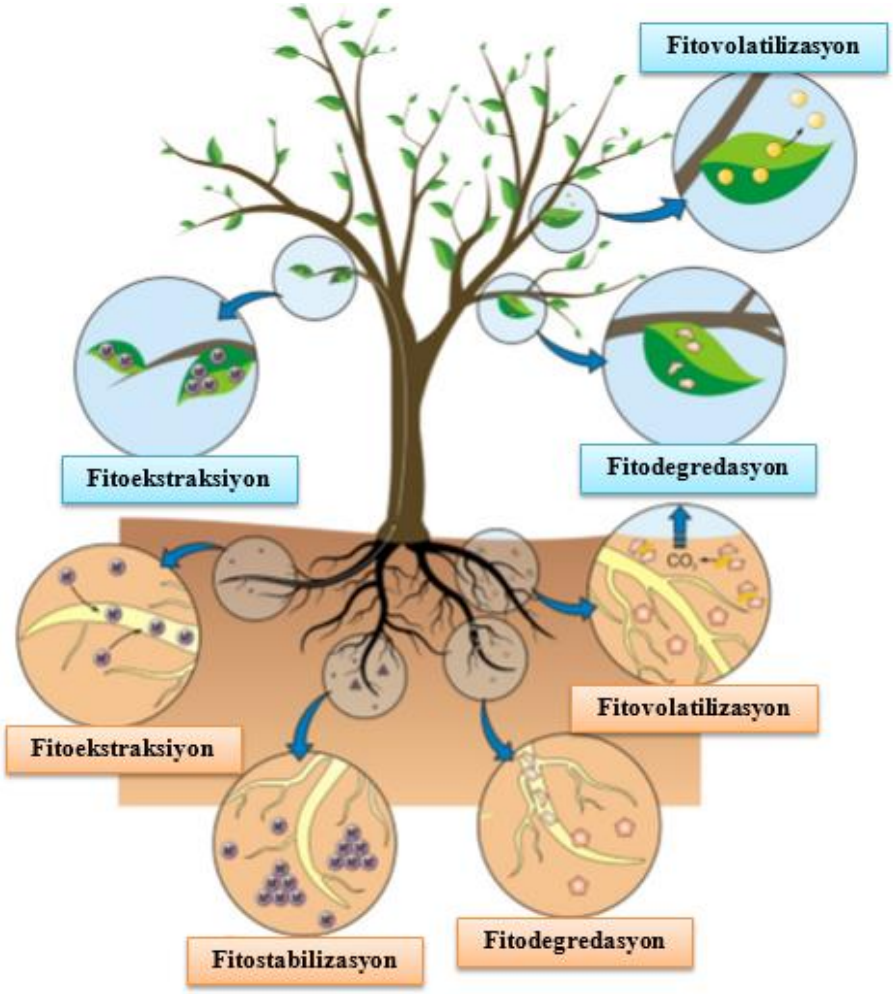
Dünya üzerinde oluşan bu tehditlerin önlenebilmesi amacıyla gelişmiş arıtma mekanizmaları kullanılmaya başlanmıştır. Fakat ilk yatırım maliyetlerinin ve işletme masraflarının yüksek olması, kalifiye eleman gereksinimi vb. bu sistemlerin kullanımını kısıtlamıştır. Bu noktada doğal arıtma sistemlerinin "Bitkisel Islah Sistemlerinin" oluşturulması gerekliliği gündeme alınmıştır (Schulze vd., 2005; White ve Brown, 2010).



Şekil 2.8. Ağır metallerin etki mekanizması (Özbolat ve Tuli, 2016)

Bitki aksamları tarafından kirliliğin arındırılmasına "yeşil ıslah" "Fitoremediasyon" denilmektedir. Arıtma sistemlerine göre bu yöntemde kirliliğin genişliği ve parçalı lokasyonlarda var olması bir tehdit oluşturmamaktadır. Ayrıca daha ucuz, teknik ve ekolojik üstünlükleri vardır. Yeşil ıslah'da başarılı sonuçlar alabilmek için seçim yapılacak türün; kök derinliğinin, metal toplayabilme kapasitesinin yüksek olması gerekmektedir. Bunun yanında çok miktarda biyokütle üretebilme ve hızlı büyüme yeteneğinde olması iyileştirmede avantaj sağlayacaktır (Clemens, Palmgren ve Krämer, 2002; Schulze vd., 2005; Hasan vd., 2009; White ve Brown, 2010).

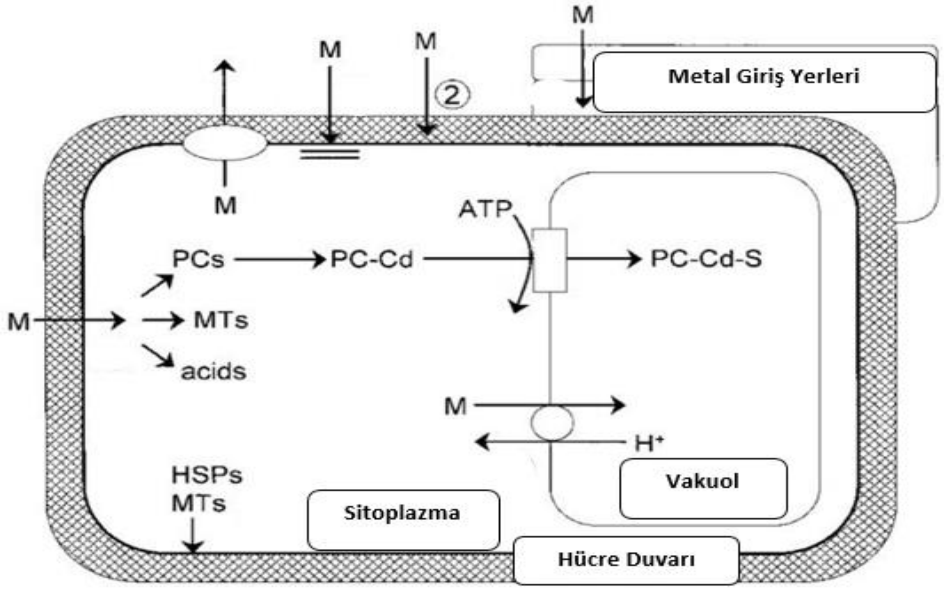
Yeşil ıslah; bitki aksamlarında gerçekleşen metabolik farklılıklara göre sınıflandırılmaktadır. Bu fitoremediasyon stratejileri; fitoekstraksiyon (bitkisel özümleme), fitostabilizasyon (bitki tarafından kirleticinin etkisizleştirilmesi), fitodegredasyon (bitki aksamları ile kirleticiyi giderme), fitovolatilizasyon (bitki aracılığı ile kirleticiyi buharlaştırma) olmaktadır. Şekil 2.9'da fitoremediasyon teknikleri gösterilmiştir (Favas, Pratas, Varun, D'Souza ve Paul, 2014).



Şekil 2.9. Fitoremediasyon (bitkisel arıtım) teknikleri (Favas vd., 2014)

Metal iyonları bitki kökleri tarafından hem hücreden hücreye geçerek taşınım (simplast yol) ile hem de hücre arası boşluklardan geçerek taşınım (apoplast yol) şeklinde gerçekleşmektedir (Tester, 2001; Clemens vd., 2002; Schulze vd., 2005; Tack, 2010). Bitkiler ağır metal stresine karşı savunma mekanizmaları geliştirmişlerdir. İlk olarak metal iyonlarının alımından kaçma, gövdeye taşınımını

engelleme kısaca metali dışlama şeklinde cevap oluşturulmasıdır. İkinci savunma sistemi metali biriktirme (hiperakümülatör bitkiler tarafından) kısaca aktif metal akışının hücresel düzeyde engellenmesi'dir (Hall, 2002; Ramírez-Rodríguez, López-Bucio ve Herrera-Estrella, 2007; Christiaens, Du Laing, Hanssens ve Steppe, 2012) (Şekil 2.10).



Şekil 2.10. Ağır metallere karşı savunma mekanizmaları (Christiaens vd., 2012)

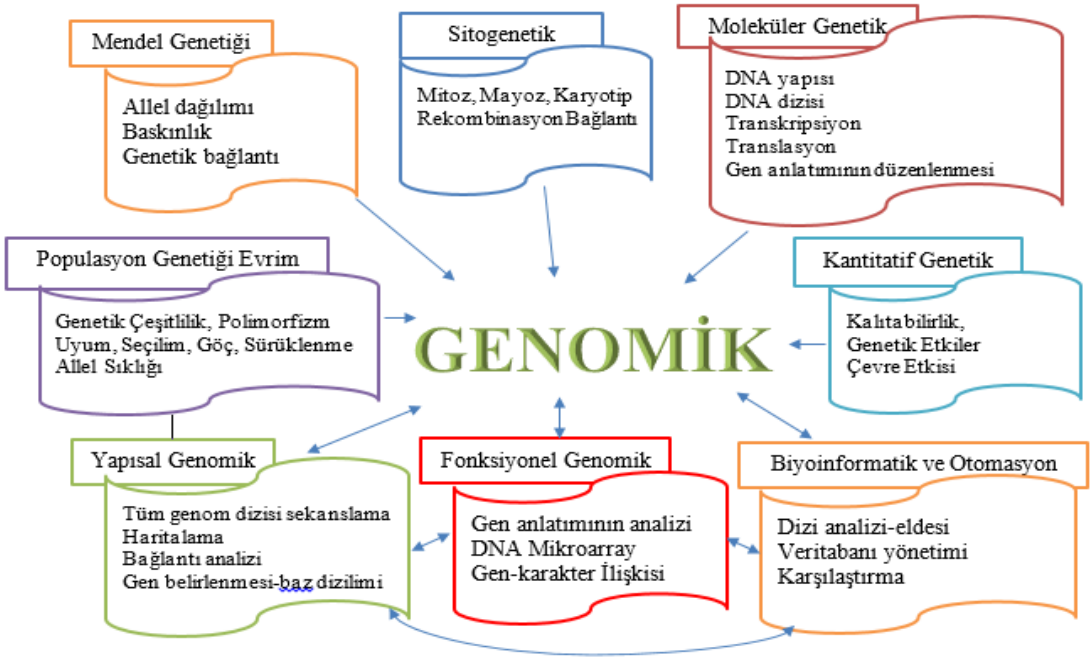
Kadmiyum gümüş renginde, yumuşak-işlenebilir, atom ağırlığı 112,41 g/mol, yoğunluğu 8,7 g/cm^3, atom numarası 48 olan, periyodik tabloda 12. sutunda, 5. satırda ve 2B grubu içerisinde yer alan geçiş metalidir. Kadmiyum doğada tek başına bulunmaz genel olarak $CdSO_2$, CdS ve $CdCI_2$ tuzları ile bulunmaktadır. Kadmiyum genellikle Zn, Pb ve Cu madeni mineralleri ile birlikte bulunmaktadır. Yan ürün olarak kadmiyum elde edilmektedir (Prasad ve Fretias, 2003; Punshon, Neal, Jackson , 2004; Kahvecioğlu, Kartal, Güven ve Timur, 2007).

Kadmiyumun suda çözünme özelliği çok yüksek olup, doğada yayılma hızı da yüksek bulunmuştur. Topraktan bitkiye geçişi de düşük konsantrasyona sahip olsa bile kolay olmaktadır. Bitkiler aracılığı ile vücuda alınan kadmiyum (besin zinciri yoluyla) sağlık açısından da büyük tehditler oluşturmaktadır. Toprak yüzeyinde 3-4 mg/kg, bitki kuru maddesinde 1-1,5 mg/kg dan fazla kadmiyum toksik etki yapmaktadır. İnsan

vücudunda 40 mg/kg kadar kadmiyum bulunabilmekte günlük aynı miktarda vücuttan atılabilmektedir. Bitkilerde kadmiyum kök bölgesinde tutulmaktadır. Bazı araştırmacılar meyve aksamında hiç kadmiyum görülmediğini belirlemişlerdir. Kadmiyum birikimi bitki aksamlarında en çok birikim gösterenden en az bulunan kısma göre; kök>gövde>yaprak>meyve>tohum şeklinde bir sıralama oluşturmaktadır (Hall, 2002; Benavides, Gallego ve Tomaro, 2005).

2.3. Fonksiyonel Genomik Çalışmalarında Kullanılan Moleküler Teknikler

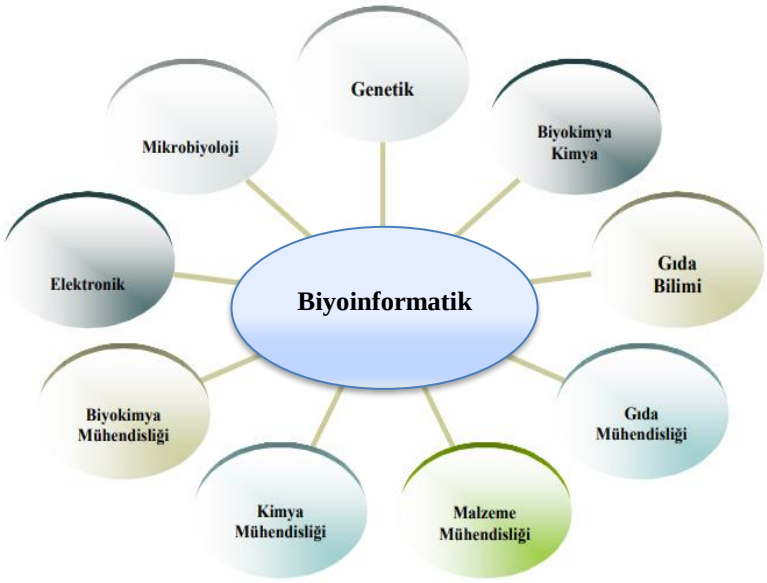
Genler; canlıların kalıtsal karakterlerinin temel mimarisini belirleyen, kromozomlar üzerinde lokalize olan düzenleyici fonksiyonel bölgelerdir. Genom; kalıtım birimine şifrelenen tüm genetik bilginin talimatıdır (Kuska, 1998; Pearson, 2006). Genomik; canlı organizmalara ait bütün yapısal ve işlevsel fonksiyonları kodlayan genleri tanımlayan, farklı organizmalar ile gen bölgelerini karşılaştıran, genlerin birbirleri ve çevre etkileşimi ile zaman, yer ve miktar olarak aktivasyonunu kontrol eden, bu bilgiyi veritabanlarına işleyen, anlamlandıran bilim dalıdır (Sıddık, Gürkan, Güz ve Aygün, 2003) (Şekil 2.11).



Şekil 2.11. Genomik bilim dalı çalışma alanları (URL-7)

Genomu anlama çalışmaları iki grupda incelenmiştir. Çalışma alanlarına göre "Yapısal genomik" temelde genom dizisinin haritalanması, DNA baz dizilerinin tespit edilmesi yöntemlerini işlemekte iken; "Fonksiyonel genomik" çalışmaları; gen ifadesinin belirlenmesini miktar ve zaman açısından belirlemekte, genlerin fonksiyonlarını anlaşılmasına yardımcı olmaktadır. Bu disiplinler arasında "Karşılaştırmalı genomik" ise farklı organizmaların genomları arasındaki ilişkiyi (farklılık ve benzerlikleri) inceleyen yeni bir bilim dalıdır. Fonksiyonel gen bölgelerinin sekans (dizi) eşleme analizleri ile belirlenmesini sağlamaktadır (Şahin ve Çevik, 2005).

Elde edilen verilerin hızlı ve ayrıntılı bir şekilde değerlendirilmesi "Biyoinformatik" biliminin oluşmasını gerekli kılmıştır. İlk tanımı 1919 yılında biyolojik sistemlerin yardımıyla hammaddenin yeni ürünlere dönüştürüldüğü işlemler şeklinde yapılmıştır. Biyoinformatik, Amerikan Ulusal Biyoteknoloji Bilgi Merkezi (NCBI) tarafından biyoloji, bilgisayar bilimi ve bilgi teknolojilerinin birlikte kullanıldığı multidispliner bir bilim dalı olarak tanımlanmaktadır (Higgen, Sharma ve Wharburg, 1985) (Şekil 2.12).



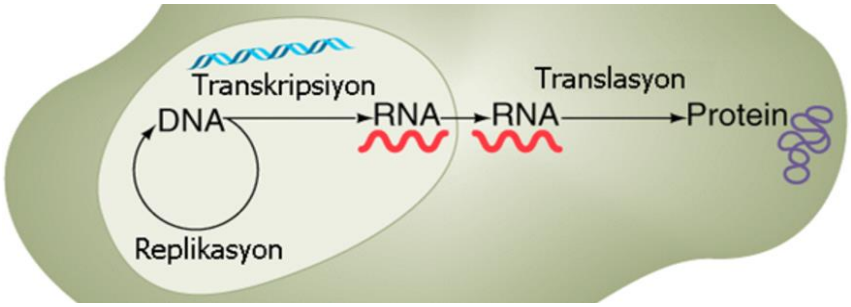
Şekil 2.12. Biyoinformatik biliminin multidisipliner yapısı (Higgen vd., 1985)

Orman ağaçları biyoteknojisi ise 1980'li yıllardan itibaren gelişmeye başlamıştır ve ağaç fizyolojisi, ağaç ıslahı ve çoğaltımını içeren araçları kapsayacak şekilde

günümüzde de gelişmeye devam etmektedir. Biyoteknolojik çalışmaları temelde dört ana gruba ayırmak mümkündür. Bunlar; 1- Doku Kültürü ve Klonal Çoğaltım; 2- Moleküler Belirteç (Markör) Uygulamaları, Seleksiyon ve Islah; 3- Genomik ve Proteomik; 4- Genetik Modifikasyon ve Genetik Mühendisliği uygulamalarıdır (Filiz vd., 2011).

2.3.1. Transkriptom ve Gen İfadesinin İncelenmesi

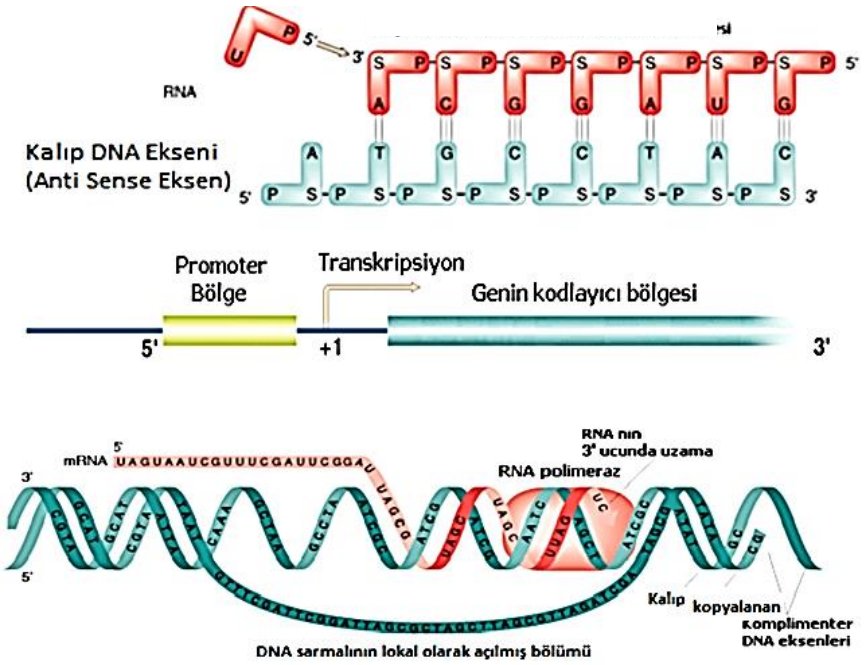
DNA'daki genetik bilgi transferi iki şekilde olabilmektedir. İlk olarak DNA'dan DNA kopyalama =Replikasyon'dur. İkincisi Transkriptom; DNA dizisinde saklı olan statik bilginin gen ürünlerine (genin bir kopyası olan ara molekül=RNA) transferidir. RNA çekirdekte sentezlenip bigiyi taşıyan aracı görevi ile protein sentezinin sitoplazmada gerçekleşmesine yardımcı olmaktadır. Bu olaya "Genetik Bilgi Tranferi" "Genetiğin Santral Doğması" "Gen İfadesi=Gen gen ifadesiu" denilmektedir. Kısaca; DNA dizisindeki genlerin, işlevsel protein yapılarına dönüştürülmesinde kullanılan terimdir (Fryer, 2002; Gündoğdu ve Karahan, 2008) (Şekil 2.13).



Şekil 2.13. Gen ifadesi olaylar dizisi (Santral Doğma) (URL-8)

Transkripsiyon üç aşamada gerçekleşmektedir. Ribonükleotid, RNA polimeraz enzimi ile tamamlayıcı DNA bazının zıttı yönde yerleşir. Enzim DNA'ya eklenerek sürekli bir RNA molekülü oluşur. Yeni RNA molekülü 5^{1} ucu karbonundan 3^{1} ucu karbonuna doğru sentezlenir. RNA polimeraz başlama bölgesi "promotor" = 5^{1} regülatör bölgeye yakın olan özgün bir DNA dizisidir. Promotor bölge başlangıç bölgesinin=+1 yukarısındadır. Başlama bölgesinin yukarısında bulunan genler – bazları; aşağı bölgede yer alan genler + bazları göstermektedir. RNA polimeraz II promotor bölgeye

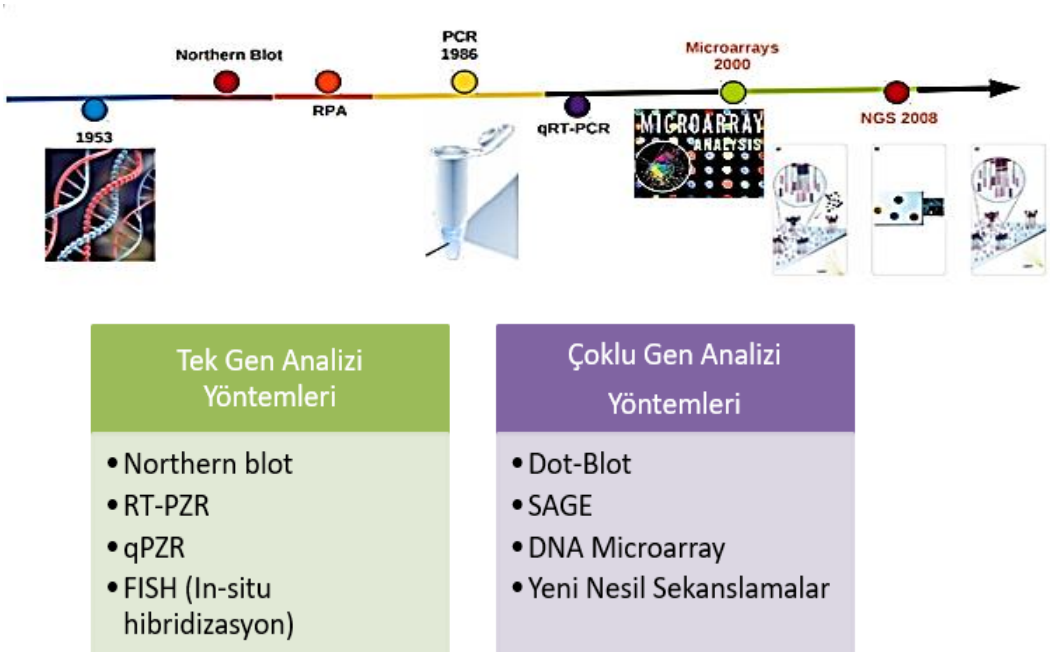
-10 ve -35 bölgesinde bağlanmaktadır. Bu bölge dizilerine "consensus" denilmektedir. Rna polimeraz beş alt üniteden (kor enzim) meydana gelmektedir. Bu kısımda kor enzim sigma faktörü ile hareket ederek DNA'ya konsensüs bölgede bağlanmaktadır (Fryer, 2002). Genin protein kodlayan kısmı ATG kodonu ile başlamaktadır. Transkripsiyon bu kodunun yukarısında başlar ve ATG'ye kadar olan ara bölge 5' UTR (untranslated region=tercüme edilmeyen bölge) bölge olarak isimlendirilmektedir. Transkripsiyonun başlaması için önce genel transikripsiyon faktörlerinin (GFT) promotor bölgeyi teşhis etmesi gerekmektedir. -30 bölgede TATA kutusu bulunmaktadır. Bu safhada TATA bağlanma proteinleri başlangıç kompleksini oluşturmaktadır. Transkript denilen yeni sentezlenen RNA ikinci aşamada uzamaya başlar ve transkripsiyon balonu oluşur. Bu safhada mRNA'ya 5' ucundan bir şapka başlık yerleştirilir ve splicing=RNA işleme intron bölgeler elimine edilir olgun mRNA meydana gelir. RNA sentezi devam eder. Üçüncü safhada transkripsiyonun sonlanması için UAA, UAG VE UGA stop=dur kodonları RNA polimeraz tarafından tanınır 3' UTR (proteine çevrilmeyen bölge) bölgesine kadar devam eder. 3' ucu için bir poli A kuyruğu denilen 150-200 Adenin bazı uzantısıdır. Bu dizi "poliadenilasyon" olarak bilinir. Intronlar bu safhada kesilerek ekzonlar eklenecektir (URL-8) (Şekil 2.14).



Şekil 2.14. Transkripsiyonun üç aşaması (URL-8)

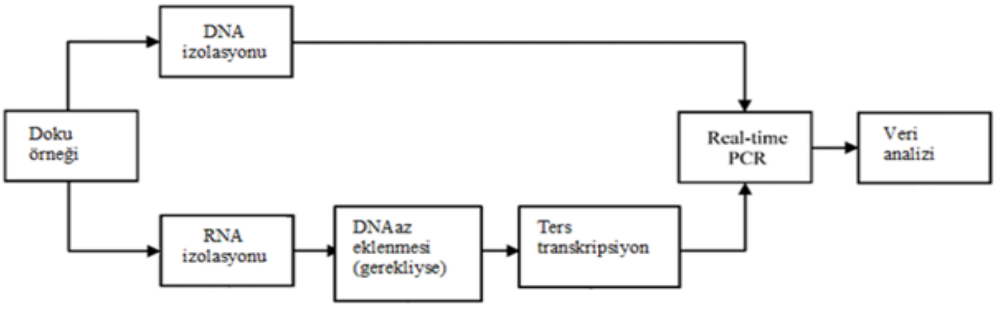
2.3.2. Gen İfadesi Analiz Yöntemleri

Fonksiyonel genomik alanında yapılan çalışmalarda farklı gen ifadesi yöntemleri kullanılmaktadır. Genel olarak bu teknikler; mRNA analiz yöntemleri; Northern blot=tek gen analizi, Ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu (RT-PZR), Eş zamanlı kantitatif PZR, Mikroçip (Microarray) (Genom boyunca analiz) ve Yeni Nesil Sekanslamalar'dir (Şekil 2.15) (Bustin, 2000; URL-9).



Şekil 2.15. Gen anlatımı analiz yöntemleri (URL-9)

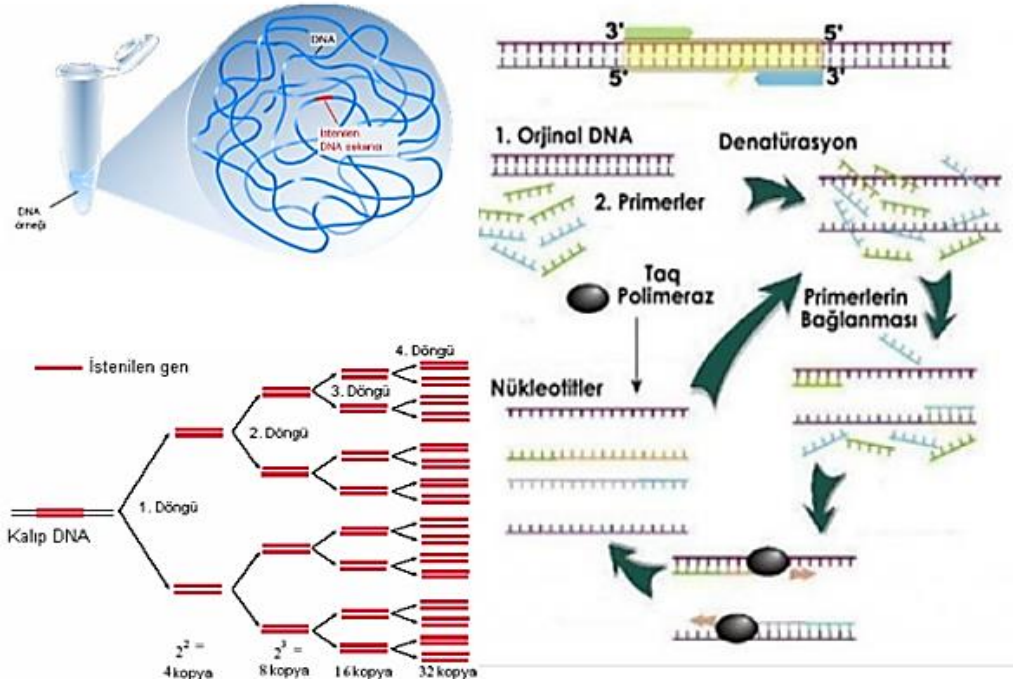
Doku örneklerinde RNA ve DNA izolasyonu analiz aşamaları Şekil 2.16'da verilmiştir (Günel, 2007).



Şekil 2.16. DNA ve RNA izolasyon aşamaları (Günel, 2007).

2.3.2.1. Polimeraz zincir reaksiyonu (PZR)

PZR tekniği, 1980'lerin ortalarında Amerika Birleşik Devletlerin'den Cetus Corporation'da çalışan Henry A. Erlich, Kary Mullis ve Randall K. Saiki tarafından geliştirilmiştir (Scharf, Horn ve Erlich, 1986; Schochetman ve Jones, 1988). 1993 yılında Kary Mullis, Nobel Kimya Ödülü almaya hak kazanmıştır (Kubista vd., 2006). Yöntem temeli DNA ve RNA (Genetik materyaller) dizilerinin; yapay olarak tasarlanan oligonükleotid primerler ve Taq DNA polimeraz enzimleri aracılığıyla bir otomatik ısı döngü sisteminde *in vitro* ortamda kopyalanmasından oluşmaktadır. Çift iplikli DNA molekülünde hedef dizilere iki oligonükleotid primerin bağlanması ve uzaması temeline dayanmaktadır. Bir PZR döngüsü 3 aşamadan oluşmaktadır. Bunlar; DNA'nın tek iplikçik haline gelmesi (denatürasyon/94-97 °C, 15-60 sn), primer bağlanması (annealing-hibridizasyon/50-65 °C, 30-60 sn) ve yeni zincir sentezi-uzama (elongasyon/72 °C)'dır. Ardı ardına tekrarlayan bu döngülerde DNA zincirlerinin sayısı her döngüde iki katına çıkar. Ortalama 25-35 döngü hedef DNA'nın çoğalmasını sağlamaktadır (Şekil 2.17) (Sambrook ve Russel, 2000; Okutucu ve Pehlivan, 2003).

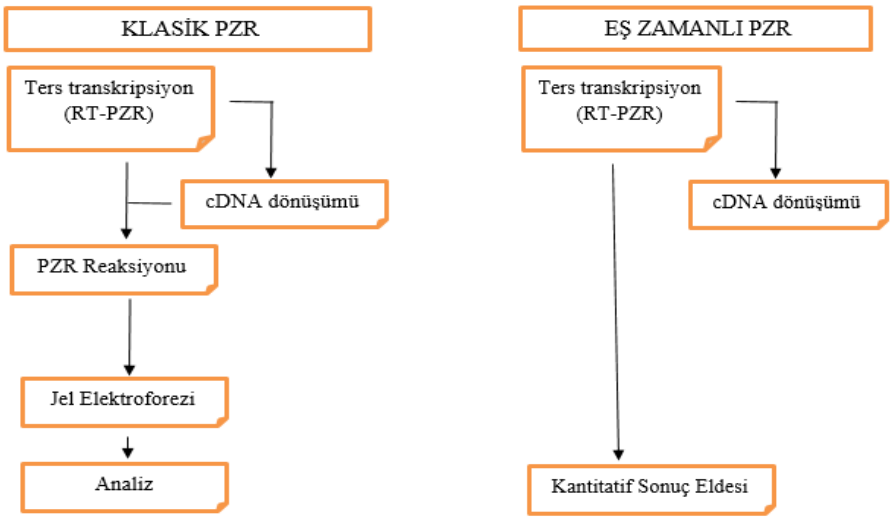


Şekil 2.17. PZR döngüsü aşamaları (URL-10)

PZR yönteminde; kalıp DNA, bu kalıp DNA'ya özgü tasarlanan tek zincirli primerler, dNTP'ler (deoksiribonükleotidtrifosfat), tampon, $MgCI_2$ ve DNA polimeraz reaksiyonun gerçekleşmesinde kullanılan temel bileşenlerdir. Kısaca PZR ile; Kalıp DNA molekülü yüksek sıcaklık derecelerinde denatüre edildikten sonra primerler tek iplikli DNA molekülü üzerinde eş bazlar oluşturular ve istenilen bölgeye bağlanırlar. Dna polimeraz enzimi Tag DNA; uygun tampon (Buffer) ve dört çeşit organik baz ile (dNTP=d**A**TP, d**C**TP, d**G**TP, d**T**TP) primerlerin 3' hidroksil ucundan uzamasını sağlar. Böylece kalıp DNA ipliğine tamamlayıcı olan yeni DNA molekülü sentezlenmiş olmaktadır (Kwok ve Higuchi, 1989; Temizkan vd., 2004).

2.3.2.2. Eş zamanlı-kantitatif PZR (RT-PZR)

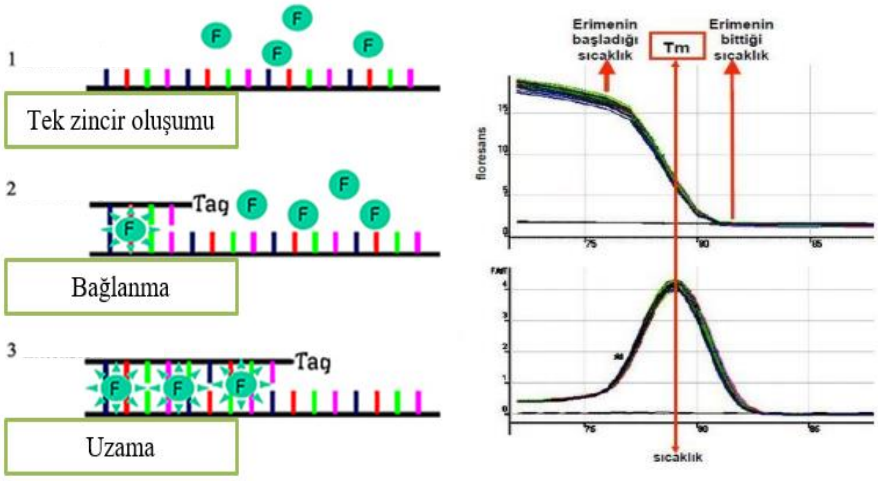
Eş zamanlı polimeraz zincir reaksiyonu (RT-PZR), klasik PZR yöntemine göre daha ucuz ve kolay kullanılabilen bir tekniktir. Bu teknik ile; floresan sinyalin gücünün doğrudan çoğaltılan ürün miktarı ile orantılı olması, reaksiyon boyunca veri toplanarak aynı anda analiz yapma imkanının sağlanması, az RNA miktarı ile çalışılabilmesi, PZR reaksiyonu sonrasında elektroforez gerektirmemesi, duyarlılığının ve tekrarlanabilirliğinin yüksek olması, özgün ve çok sayıda örnek ile çalışılabilmesi gibi çok sayıda parametre birlikte işlemektedir (Şekil 2.18) (Fryer, 2002; Valasek ve Repa, 2005).



Şekil 2.18. PZR tekniklerinin farklılıkları (Fryer, 2002)

Eş zamanlı PZR, nükleik asit amplifikasyonu ile eş zamanlı olarak artış gösteren floresans sinyalin ölçülmesi ile kısa sürede, kantitatif sonuç veren bir PZR yöntemidir (Higuchi, Fockler, Dollinger ve Watson, 1993; Lay ve Wittwer, 1997). Ticari olarak geliştirilmiş 3 tipi vardır. LightCycler (Roche), Taqman (PE Biosystem) ve İCycler (BIO-RAD)'dir (Klein, 2002).

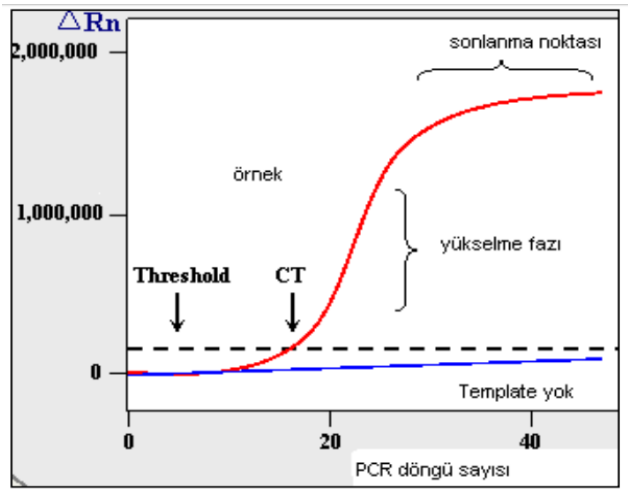
SYBR green floresan ışıma veren bir boya olup; çift sarmal DNA'ya bağlanabilen ancak tek zincirli DNA'ya bağlanamayan bir özellik taşımaktadır. Eş zamanlı PZR reaksiyonlarında ucuzluğu ve hassasiyeti sebebi ile çok tercih edilmektedir (Şekil 2.19a). Bu uygulamada floresan artışı her zaman spesifik bir çoğalma olduğunu göstermeyebilir. Primerlerin birbirleriyle dimer yapmaları durumunda da SYBR-green ışıma verebilmektedir. Bunun kontrolüne sağlayabilme adına PZR sonrasında primer setleriyle elde edilen ürünlerin erime eğrilerinin (Tm; çift sarmal DNA'nın %50'sinin tek sarmal hale gelmesi için gerekli sıcaklık) analizi, reaksiyon sırasında ortam sıcaklığını yükselterek ve belirli floresan miktarı kaydederek belirlenir (Heid, Stevens, Livak ve Klein, 1996; 2002; Nolan, Rebecca ve Stephen, 2006). Kısaca bu yöntem ile; her PZR döngüsü sonunda üretilen DNA miktarıyla orantılı olarak yükselen floresan sinyalin ölçülmesi sağlanır. Bu şekilde kantitatif ölçüm, her döngüde gerçek zamanlı olarak tamamlanmış olur (Şekil 2.19b).



a b

Şekil 2.19. a) Reaksiyonda SYBR green boya ile ışımanın görülmesi
b) Amplifikasyon artışı ve erime eğrisi (Bustin, 2002)

Reaksiyonda exponensiyel faz (yükselme faz) yanı sıra, linear faz (yüksek farklılık) ve plato faz (sonlanma noktası) şeklinde farklı basamaklar mevcuttur (Grafik 2.4). Exponensiyel fazda ürün miktarı iki katına çıkmaktadır. Linear faz safhasında reaksiyon içerikleri azalmaya başlamakta ve PZR ürünleri oluşumu da azalmaktadır. Plato faz son faz olmaktadır ve PZR ürün oluşumu tamamlanmaktadır. PZR ürünündeki ilk anlamlı artışın gözlendiği eksponensiyel (artış) faz da görüntülenmektedir. PZR ürününün eksponensiyel artış gösterdiği ilk döngü başlangıç materyalinin miktarı ile doğru orantılıdır. Başlangıçtaki hedef DNA miktarı ne kadar fazla ise ilk anlamlı artış o kadar erken olmaktadır. Herhangi bir DNA ürününün miktarı kalibrasyon eğrileriyle bulunurken, karşılaştırmalı kantitasyon (ΔΔ Ct) "threshold cycle" "Ct" (eşik döngüsü-ürün çoğaltımı sırasında linear faza ulaşmak için geçen döngü sayısı) farklılıklarıyla tespit edilmektedir. Bu değer analiz için temel parametre olmaktadır. CT değeri; ilk anlamlı artışın gerçekleştiği noktayı yani eksponensiyel faza ilk geçişi ifade etmektedir. Bu şekilde farklı örneklerde oluşan CT değerinin karşılaştırılması yapılabilmektedir. Bu teknikte; reaksiyona girecek olan tüm parametrelerin doğruluğunun kontrol edilebilmesi için; bütün doku örneklerinde, hücrelerde ve her türlü deneysel uygulamaya karşı ifadesi değişmeyen bir internal kontrol gen (referans gen) tespit edilmesi gerekmektedir. Referans gene göre normalize edilen hedef gen ifadesi, kontrol koşullarında elde edilen gen anlatımlarıyla karşılaştırılmalı olarak ifade edilmektedir. $2^{-\Delta\Delta CT}$ hesabı ile tespit edilmektedir (Wong ve Medrano, 2005).



Grafik 2.4. Eş zamanlı PZR döngü seyri (Wong ve Medrano, 2005)

2.4. Stres Proteinleri-Isı Şoku Protein Ailesi (Hsp=Heat Shock Protein Family)

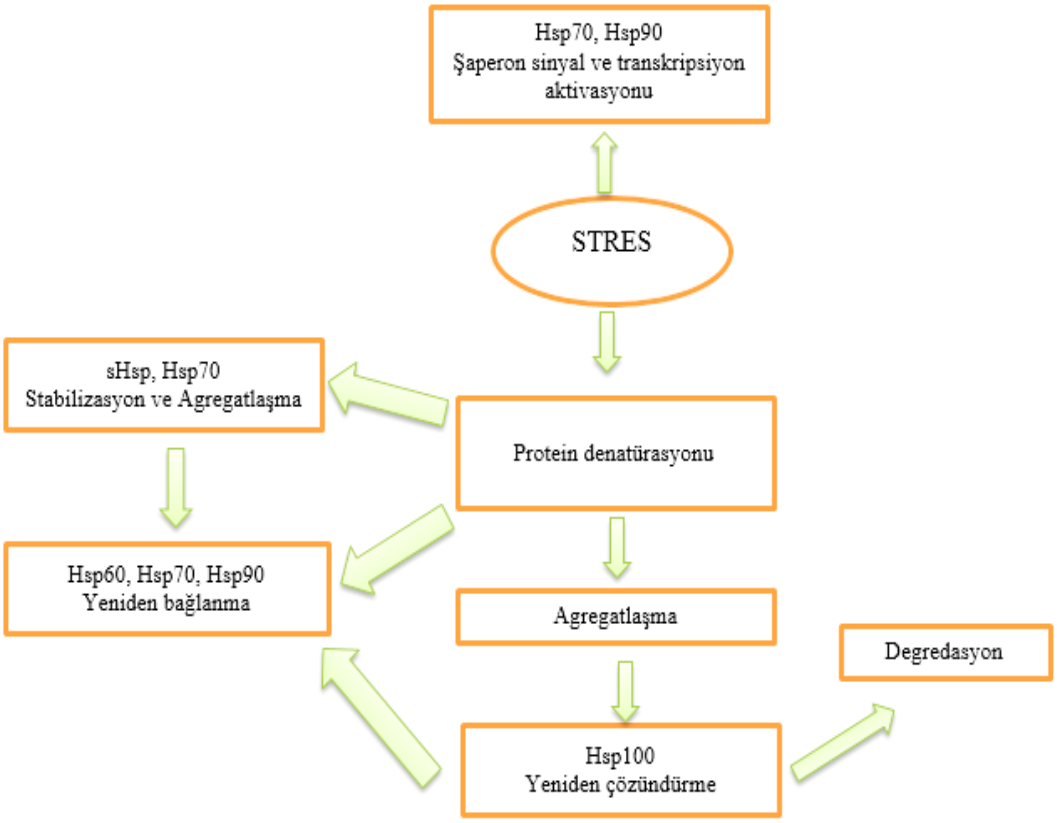
Canlı organizmalarda fizyolojik ve biyokimyasal denge bozulmasına neden olan iç ve dış etkenler "stres faktörleri" olarak ifade edilmektedir. Bu olumsuz koşullara karşı hücre tarafından "hücre stres yanıtı" oluşturulmaktadır (Parsel ve Linquist, 1993; Kregel, 2002).

Sesil organizmalar olarak bitkiler sürekli değişen stres faktörlerine maruz kalmaktadırlar. Kuraklık, tuzluluk, düşük ve yüksek sıcaklıklar ve kimyasallar gibi birincil stres faktörleri bitkiler üzerindeki etkilerinde birbiri ile bağlantılıdır. Bu faktörler bitki hücrelerinde hasara neden olurlar, ozmotik ve oksidatif stresler gibi ikincil streslere yol açabilirler. Bitkiler bu faktörlere maruz kalmaktan kaçınamazlar, fakat bazı başka mekanizmalarla morfolojik ve fizyolojik olarak adapte olabilirler (Young ve Elliott, 2002; Soransen, Kristensen ve Loeschcke, 2003)

Bitkiler hayatta kalabilmek için abiyotik ve biyotik kaynaklı stresin üstesinden gelmek zorundadır ve bu nedenle hücre zarı stabilitesinin korunması, reaktif oksijen türlerinin (ROS) yakalanması, antioksidanların sentezi, osmotik maddelerin toplanması ve osmoregülasyonu, strese tepki gösteren bazı kinazların, kalsiyuma bağlı kinaz proteinlerinin tetiklenmesi ve şaperonların sinyal transferinin iyileştirilmesi dahil bazı mekanizmalar geliştirmiştir (Ray, 1999; Wahid, Gelani, Ashraf ve Foolad, 2007).

Sürekli artan bir stres etkeni, hücrede korunma mekanizmalarının çalışmasını gerekli kılmaktadır. Neredeyse tüm stresler ısı şoku proteinleri (Hsp) veya strese dayalı proteinler olarak adlandırılan bir grup proteinin üretilmesine neden olmaktadır. Bu şekilde strese moleküler düzeyde bir tepki oluşturulmaktadır. Genotipik ifadede ani değişiklikler sonucunda stresin algılanması ve sinyal oluşumuna tepki olarak da "stres proteinleri" sentezlenmektedir. Sentezlenen polipettitlerin (proteinlerin) istenilen işlevi istenilen sürede yapabilmesi için üç boyutlu yapıya sahip olması gerekmektedir. Oluşan protein hasarının engellenmesine yardımcı olmak için stres proteinleri-ısı şoku proteinleri (Hsp) koruyucu rol üstlenmektedirler (Lindquist ve Craig, 1988; Feder ve

Hofmann, 1999; Swindell, Huebner ve Weber, 2007; Panaretou ve Zhai, 2008; Hu, Hu ve Han, 2009; Gupta, Sharma, Mishra, Mishra ve Chowdhuri, 2010).



Şekil 2.20. Stres cevabında ısı şoku proteinleri ve şarepon ağı (Wang vd., 2004; Grigorova, 2010).

Hsp genleri hücrede fizyolojik olarak taşıdıkları sorumlulukları ve hücre içerisinde yardımcı fonksiyonları sebebiyle, "moleküler şaperon" olarak adlandırılan refekatçi proteinlerdir (Şekil 2.20). Strese maruz kalan ve denatüre olan proteinleri onararak, stabil hale getirirler. Polipeptidleri yanlış bağlanmasını önleyerek, agregasyonu engellemekte görev alırlar (Hendrick ve Hartl, 1993). İtalyan bilim adamı Ferruccio Ritossa'nın *Drosophila melanogaster*'in (meyve sineği) tükürük salgısında ısı artışına bağlı spesifik gen ifadelerine dair değişiklikler gözlemlemiştir. Hücrenin strese karşı bir cevap oluşturduğu keşfedilmiştir. Modern stres cevabı ilk kez Isı Şok Proteinlerinin keşfi ile başlamıştır. (Ritossa, 1962). Bu rapordan sonra bu proteinler tanımlanmış ve ısı şok proteinleri olarak adlandırılmıştır (Tissieres vd., 1974).

Çevresel adaptasyonda ısı şoku proteinlerinin düzeyleri önemli olup, moleküler ağırlıklarına göre beş grup içinde sınıflandırılırlar. Sırasıyla *Hsp100, Hsp90, Hsp70, Hsp60* ve küçük ısı şoku proteinleri 17-30 kDA (sHsp) olarak adlandırılmaktadır (Tablo 2.4; Tablo 2.5; Şekil 2.21).

Bu proteinler (şaperonlar); kuvvetli hidrojen bağları, güçlü hidrofobik etkileşimleri ve çift kutuplu heliks stabilitesinden dolayı denatüre olmazlar. Ökaryotik hücrelere göre bakterilerde farklı adlandırmaların kısaltmaları yapılmıştır. Proteinlerin stabilitesinde ve denatüre olmuş proteinlerin katlanmalarında rol alırlar (Trent, 1996; Schöffl, Prandl ve Reindl, 1998; Wang, Vinocur, Shoseyov ve Altman, 2004; Gupta vd., 2010).

Tablo 2.4. *Isı şoku proteinlerine ait Escherichia coli bakterisinde farklı kısaltmalar*

Escherichia coli	Ökaryotik hücre
ClpB	HSP100
HtpG	HSP90
Dnak	HSP70
GroEL	HSP60

Isı şoku proteninin gen transkripsiyonu; ısı şok faktör transkripsiyon faktörleri ile ısı şok protein gen promotor bölgelerindeki ısı şok elementlerinin etkileşimi aracılığı ile sağlanır. Normal koşullar altında ısı şok faktör1 (HSF1) sitoplazma içinde DNA'ya bağlı olmayan bir monomer molekül gibi bulunur. Stres koşulları altında HSF1, DNA'ya bağlanma kapasitesine sahip olmak için üç fosfatlı forma dönüştürülür ve sitoplazmadan çekirdeğe geçer. Çekirdekte HSF DNA'nın promotör bölgelerine bağlanır. Böylece *Hsp* geninin transkripsiyonunu sağlayarak, Hsp sentezini arttırır (Pockley, 2001).

Stres proteinleri (Hsp), çeşitli çevre etkenlerinin canlılar üzerindeki biyolojik etkilerinin moleküler seviyede belirlenmesinde biyobelirteç olarak kullanılmaktadırlar. Son yıllarda ısı şoku proteinleri ıslah çalışmalarında da indikatör olarak kullanılmaktadır (Schöffl vd., 1998; Farcy, Serpentini, Fievet ve Lebel 2007).

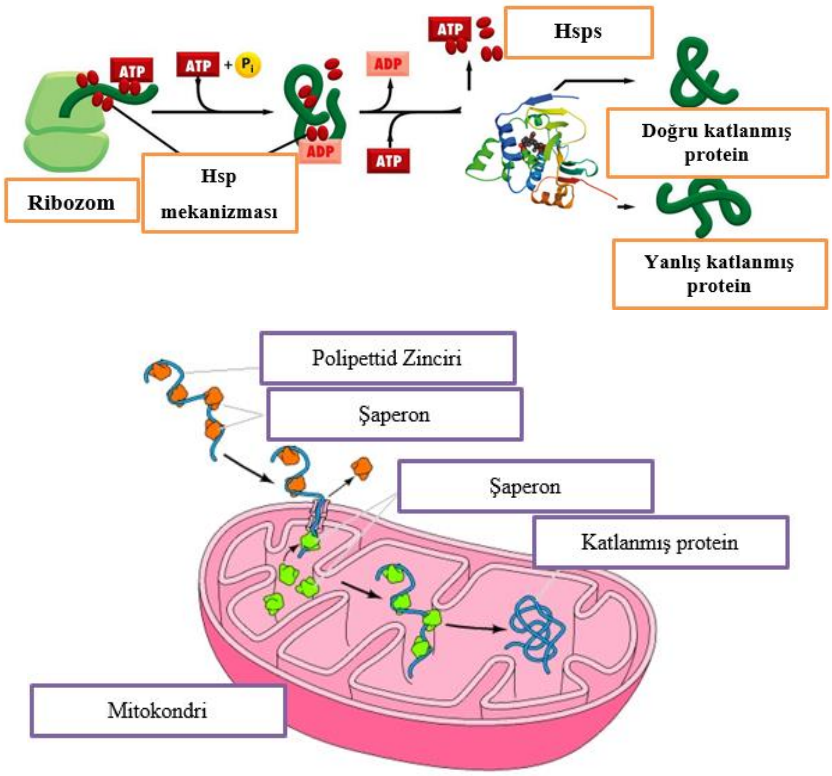
Tablo 2.5. *Isı şoku protein gen ailesi (Hsps) özellikleri (Wang vd., 2004)*

Hsp (Isı şoku protein) gen ailesi	Hsp	Moleküler ağırlık (kDa)	Fizyolojik yerleşim	Streste yerleşim	Fonksiyon
Hsp100 ailesi	**Hsp100**	100	Endoplazmik Retikulum (ER)	Endoplazmik Retikulum (ER)	Glukoz metabolizması
	Hsp104	104	Sitoplazma	Sitoplazma	Proteinlerin agregatlardan serbestleşmesi
	Hsp110	110	Nükleus/ Sitoplazma	Nükleus/ Sitoplazma	Nükleusun stresten korunması
Hsp90 ailesi	**Hsp90α**	86	Sitoplazma	Sitoplazma	Hormon aktivitesinin düzenlenmesi
	Hsp90β	84	Sitoplazma	Sitoplazma	Aktin
	grp 94	94	ER	ER	Protein kalite kontrolü
Hsp70 ailesi	**Hsp80**	80	ER	ER	Protein taşınımı
	grp78	78	ER	ER	Protein katlanması
	Hsp75	75	Mitokondri	Mitokondri	Glukoz metabolizması
	Hsp73	73	Sitoplazma	Nükleus	Protein katlanması
	Hsp70	70,72	Sitoplazma/ Nükleus	Nükleus	Çeşitli ajanlara karşı hücrenin korunması
Hsp60 ailesi	**Hsp60**	58,60	Sitoplazma/ Mitokondri	Mitokondri	Moleküler şaperon, hücre korunması

Tablo 2.5'in devamı

HSP40 ailesi	**HSP47**	47	Sitoplazma/ Mitokondri	Mitokondri/ Sitoplazma	Kollajen şaperon
Küçük sHsp ailesi	**HSP32 (Hem oksijenaz)**	32	Sitoplazma	Sitoplazma/ Nükleus	Moleküler şaperon, yıkıma taşınma
	HSP27	27	Sitoplazma/ Nükleus	Sitoplazma/ Nükleus	Moleküler şaperon, hücre korunması
	HSP25	25	Sitoplazma	Sitoplazma	α-kristallin
	HSP8 (Ubikitin)	8	Sitoplazma/ Membran	Sitoplazma/ Membran	Lizozomal olmayan yıkım

Hsp'lerin moleküler şaperon olarak rolleri hakkında üç ana işlev düşünülebilir. Bunlar: (1) denatüre proteinlerin uyarılması (yeniden katlanması), (2) yeniden sentezlenen proteinlerin doğru yapı ile sonuçlanması ve (3) protein kümeleşmesinin azaltılması (Trent, 1996).



Şekil 2.21. Polipettid zincirinin katlanması (Cooper, 2000; Wang vd., 2004)

Basit olarak Hsp'ler protein komplekslerinin olgunlaşmasında ve hasarlı veya yanlış katlanmış peptitlerin degradasyonunda rolleri ve pek çok sinyal proteinlerinin faaliyetlerinin düzenlemeleri ile bilinirler (Pratt ve Toft, 2003; Rutherford, 2003). Genel olarak stres sırasında geniş ölçüde ifade edilen HSP'ler uygunsuz katlama ve kümelenme sorunlarını düzeltici doğrudan ve dolaylı işlevlere sahiptirler (Queitsch, Hong, Vierling ve Lindquest, 2000).

Stres koşulları altında olmayan hücrelerde Hsp varlığı düşük düzeyde iken; stres koşullarına maruz hücrelerde yüksek seviyelerde saptanmıştır. Normal hücre fonksiyonlarının devamlılığında ise düşük konsantrasyonlar gözlenmiştir (Romano, Horton ve Gray, 2004). Hsps proteinlerinin moleküler ağırlıkları 7 ile 110 kDa arasındadır ve intraselüler, ekstraselüler yerleşimli olanlar, hemen her hücrenin sitoplazma, mitokondri, çekirdek gibi kompartmanlarında bulunmaktadır (Kiang ve Tsokos, 1998). Isı şoku proteinleri hücre metabolizması kontrolünde anahtar rol oynarlar (Pratt ve Toft, 2003) (Şekil 2.26).

2.4.1. sHsp Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları

sHsp monomer molekülü 8-40 kDa`luk kütleler halinde bulunur. Bu sınıfın karakteristik işlevlerinden bir tanesi uygunsuz katlanmış olan proteinlerin ayrıştırılmasıdır. Temsili protein sınırlandırılmış enzimleri ile sHsp ubikuitin'dir (moleküler ağırlığı 8.5 KD'dir) (Ferguson, Guikema ve Paulsen, 1990). Bu sHsp'leri başka şaperon sınıflarından ayıran diğer bir özellik bunların faaliyetlerinin ATP'den bağımsız oluşudur (Miernyk, 1999).

Hsp60 ve Hsp70' den farklı olarak, sHsp'ler proteinleri yeniden katlayamazlar, fakat kısmen katlanmış veya denatüre substrat proteinleri bağlayabilirler ve böylece geri alınamaz protein açılmasını veya yanlış protein kümelenmesini önleyebilirler (Sun, Motangu ve Verbruggen, 2002). sHSP'ler sadece strese karşı korunmada değil, aynı zamanda diğer hücresel fonksiyonların (apoptozis ve farklılaşma gibi) modülasyonunda görev aldığı bilinmektedir (Wang vd., 2004).

Organizmalardaki dağılımı çok değişkendir. Sitoplazma ve çekirdekte bulunur. Stres algısında hücrelerde belirgin olarak artış gösterir. Ayrıca, antioksidan özelliği vardır (Pockley, 2001). Kristal yapıdaki küçük ısı şoku protein (sHsp) ailesi üyelerinin hücre dengesi, hasar cevapları ve hastalıklarda önemli rolleri bulunmaktadır. Hücresel stres yanıtı esnasında kısmi katlanmış proteinler ile etkileşime girerek bu proteinleri stabilize ettikleri ve yapışarak çökelmelerini engelledikleri belirlenmiştir (Pantzartzi, Kourtidis, Drosopoulou, Yiangou ve Scouras, 2009).

2.4.2. Hsp40 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları

Hsp40 ökaryot organizmalarda Hsp70'in fonksiyonlarına yardımcı olur. Büyük moleküllü şaperon grubuna ait olup, Hsp70 ile aynı görevi yerine getirmektedir. Hsp47 özellikle fotofosforilizasyon sırasında hücredeki miktarı önemli düzeyde artar ve serin proteaz enziminin aktivitesinde rol oynar (Wang vd., 2004).

En az 50 üyeyi içeren ve üç alt gruba (DNAJA, DNAJB ve DNAJC) göre sınıflandırılan en büyük insan Hsp ailesidir (Kampinga vd., 2009). ATPaz aktivitesinin uyarılmasından sorumlu oldukları için protein katlama, yeniden katlama ve translokasyonda önemlidir (Qiu, Shao, Miao ve Wang, 2006; Kampinga vd., 2009). DNAJ ailesinin bazı üyeleri aynı zamanda diğer Hsp'lerin aktivitesini düzenler. Sitozol, çekirdek, ER, mitokondri, endozomlar ve ribozomlar gibi farklı hücre bölmelerinde bulunabilirler. Bazıları doku spesifik gen ifadesiunu göstermektedir (Qiu vd., 2006).

2.4.3. Hsp60 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları

Hsp60, proteinlerin sitoplazmadan mitokondrial matrikse taşınmasında ve aminoasit zincirlerinin işlevsel formlarına düzgün bir şekilde katlanmasında görev yapar. Aynı zamanda Hsp60 apoptozisi (programlı hücre ölümü) önlemede anahtar rol oynamaktadır. Hücrede sıcaklık şoku esnasında Hsp60 proteinini kodlayan genlerin transkripsiyonunda artış gözlemlenmiştir. Çünkü Hsp60 sadece moleküler şaperon olarak değil, aynı zamanda stres tepkisinde de görev yapmaktadır (Gonzalez,

Hernando ve Manso, 2007). Hsp60, ökaryot hücrelerin mitokondri ve kloroplastlarında yer alır (Matz, Treble ve Krone, 2007; Ellis, 1997). Hsp60 sınıfı şaperoninler olarak adlandırılırlar. Genel olarak, Rubisco gibi plastit proteinlere yardımcı olma konusunda önemli oldukları kabul edilmektedir (Wang vd., 2004). Bazı çalışmalar bu sınıfın kloroplastlar ve mitokondri gibi organellere taşınmış olan pek çok proteinin katlanmasına ve kümelenmesine katılımcı olabileceklerine işaret etmektedir (Lubben, Donaldson, Viitanen ve Gatenby, 1989).

Normal çevre koşulları değiştiği zaman, Hsp60'ın sentezi artar ve biyolojik aktivitenin devam edebilmesi için hasar gören proteinlerin agregasyonlarını önlemek suretiyle hasarı onarırlar. Ayrıca Hsp'ler, artan stres durumlarında immün yanıt oluşturmada da görev yaparlar (Choi, Jo ve Choi, 2008). Mitokondri ve sitoplazmada bulunur. Hsp70 ile birlikte proteinin doğal katlanmasına aracılık yapar. Stresten korunma ve protein katlanması için gereklidir. Hatalı katlanan polipeptidlere bağlanarak doğru katlanmalarına yardım ederler (Nollen, Brunsting, Roelofsen, Weber ve Kampinga, 1999).

2.4.4. Hsp70 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları

Hsp70 evrim süresince korunmuş olan en önemli stres uyarımlı proteindir (Ojima, 2005). Evrimsel süreçte büyük ölçüde korunmuşlardır. Yüksek sıcaklık ve diğer stres koşullarında uyarılmaktadırlar. Katlanmamış veya kısmen denature olmuş polipeptidlere bağlanırlar. Omurgalı, mantar, bakteri ve bitkilerdeki bazı Hsp70 grubu proteinleri fosforile edildiği ya da metillendiği bulunmuştur (Su ve Li, 2008).

Hsp70 neredeyse tüm organizmalarda kümeler halinde birikmelerini engellemek ve nihai konumlarına transferleri sırasında düzgün bir şekilde katlanmalarını sağlamak için yeni sentezlenmiş proteinler için şaperon işlevine sahiptirler (Sung, Kaplan ve Guy, 2001; Su and Li, 2008). Hsp70 ve sHsp'ler öncelikli olarak moleküler bir şaperon olarak faaliyet gösterirler ve bitki hücresini ısı stresinin zararlı etkilerine karşı korumada hayati bir rol oynarlar. Hücredeki sentezi en fazla yüksek ısı ve ağır metal etkisinde artmaktadır (Rouch, Bingham ve Sommerfeld, 2004).

Stres altında proteinleri korurlar. Katlanmamış proteinlerin kümeleşmesini önlerler. Katlanmamış ve yanlış katlanmış proteinler arasındaki dengeyi sağlamaktadırlar. Polipeptitleri birbirine bağlayarak HSF'nin aktivitelerini düzenlerler ve ısı şok proteinlerin transkripsiyonunun kontrolünü sağlar. ATP'ye bağlanır ve ATPaz aktivitesi gösterirler (Pockley, 2001). Yüksek sıcaklık ve diğer stres koşullarında uyarılmaktadırlar. Katlanmamış veya kısmen denature olmuş polipeptidlere bağlanırlar (Schroda, Vallon, Wollman ve Beck, 1999).

2.4.5. Hsp90 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları

Hücredeki en çok fonksiyonlu stres proteinidir (Zhang vd., 2009). Hsp90 proteinlere bağlanarak onların aktivasyonunu ve katlanmasını düzenler. Geri katlanan peptidlerin kümeleşmesini önler. Sitoplazma ve endoplazmik retikulumda bulunur. Endoplamik retikulumda en fazla bulunan ısı şok proteinidir (endoplazmik versiyon) Hsp90, Hsf1 (Isı şok faktör-1)'in fizyolojik koşullarda durumunun dengelenmesinde görev alır (Wiech, Buchner, Zimmermann ve Jakob, 1992). Hsp90 proteinleri yüksek düzeyde korunmuş yapılar olup, başlıca görevi protein katlanmasını gerçekleştirmektir (Lindquist ve Craig, 1988). Ayrıca sinyal iletme ağında, hücre döngüsünün kontrolünde, protein yıkımında ve protein taşınımında rol oynar. Toplam hücresel proteinin % 1-2' sini oluşturur. Birçok organizmada strese bağlı olarak artar (Wang vd., 2004).

Hsp90 sınıfı; Hsp70'i pek çok şaperon kompleksinde bağlayabilmesinden ve protein işlevini sinyalleme ve alışverişinde önemli bir role sahip olmasından dolayı diğer sınıflarla moleküler bir şaperon olma rolünü paylaşmaktadır (Pratt ve Toft, 2003).

2.4.6. Hsp100 Gen Ailesi ve Hücresel Fonksiyonları

100 ila 104 kDa moleküler ağırlık aralığındadırlar. Bu gruptaki proteinlerin hücrenin gelişmişliğiyle yakın ilişkili olduğu belirtilmiştir. Bununla birlikte stres koşullarına bağlı olarak hücredeki sentezi artış göstermektedir. Hsp100 grubunda bulunan proteinler daha çok proteinlerin yığılmasını ve/veya protein degradasyonunu

önlemekte görev yaparlar (Wang vd., 2004). Bu proteinler düzenleyiciler olarak işlev görürler ve moleküler koruyucu olarak çalışırlar (Burton ve Baker, 2005). Bu sınıfın özgün işlevlerinden bir tanesi işlevsel olmayan protein kümelerinin yeniden çözülmesi yoluyla ve aynı zamanda degrade, geri dönüştürülmez şekilde hasarlı polipeptitlere yardımcı olarak (Bösl, Grimminger ve Walter, 2006; Kim, Hwang ve Lee, 2007) kümelenmiş proteinlerin reaktivasyonunu sağlamaktır (Parsell ve Lindquist, 1993). Bu sınıf aynı zamanda stres sonrasında organizmanın normal durumunu da kolaylaştırmaktadır (Gurley, 2000).

2.5. Yapılan Çalışmalar

Hsp/şaperon sistemi hem normal büyüme koşullarında hem de stresin bulunduğu hücrelerde önemli bir rol oynamaktadır (Thomashow,1999; Diamant, Eliahu, Rosenthal ve Goloubinoff, 2001; Wang, Vinocur, Shoseyov ve Altman, 2004). *AtDREB2A*, cis-etkili dehidrate-cevaplayıcı element (DRE) dizisi ile etkileşen iyi bilinen transkripsiyon faktörüdür. Sadece kuraklık ve tuz-stres yanıtında değil, aynı zamanda sıcaklık stresiyle ilişkili birçok geninin gen ifadesiunu aktive eder (Sakuma vd., 2006). Arabidopsis'de Hsf=Isı şoku faktör ailesinin 21 üyesinden HsfA3, DREB2A tarafından ısı şoku sırasında transkripsiyonel olarak uyarılan ve Hsps kodlayan genlerin gen ifadesiunu düzenleyen tek transkripsiyon faktörüdür (Schramm, 2008).

Swindell, Huebner ve Weber (2007) yılında yaptıkları çalışmalarında; *Arabidopsis* Hsfs ve Hsps'nin transkripsiyonel yanıt profilleri ile bir dizi abiyotik ve biyotik stres örneklerinde (ısı, soğuk, ozmotik stres, tuz, kuraklık, ultraviyole ışığı, oksidatif stres, yaralanma ve patojen enfeksiyon) Hsp70 ve Hsp100 ailelerine ait genlerin, stres anında yüksek regüle olduğunu saptamışlardır. ClpB/Hsp100 olarak adlandırılan yaklaşık 100 kDa'lık bir proteini kodlar. *Arabidopsis* (Schirmer, Lindquist ve Vierling, 1994) ve soya fasulyesi (Lee, Nagao ve Key, 1994) için ClpB proteinlerinin termotoleransı yeniden kazandırdığı ve işlevsel olarak termik koruma sağladığı tespit edilmiştir. Hsp101 aşırı sentezleyen bitkilerin, yüksek sıcaklık stresine karşı daha güçlü bir

koruma yapısına sahip olduğunu belirlenmiştir (Queitsch, Hong, Vierling ve Lindquist, 2000).

Bitkilerde domates (Koning, Rose ve Comai, 1992), menekşe (Schroder, Langer, Hartl ve Bukau, 1993), mısır (Marrs vd., 1993), pirinç (Liu, Zhang, Cheng, Takano ve Liu, 2006) ve bitki tohum yağında (Krishna, Reddy, Sacco, Frappier ve Felsheim, 1997) Hsp90 genleri belirlenmiştir ve bunlar çeşitli abiyotik streslerden kuvvetle indüklenmiştir.

Arabidopsis'de Hsp90 aile üyelerinin sıcaklık, soğuk, yüksek tuzluluk, ağır metal (bakır, kadmiyum, kurşun ve arsenit) streslerinde ve bazı fitohormonların gelişimsel olarak düzenlenmelerinde ve indüklendikleri gözlemlenmiştir (Krishna ve Gloor, 2001; Milioni ve Hatzopoulos, 1997). Sitozolde ve organellerde *AtHsp90* genlerinin aşırı gen ifadesiu, tuz ve kuraklık streslerine karşı tolerans kazandırmıştır (Song vd., 2009).

Ispanak'da 10 adet Hsp70 geninin soğuk stresinde gen ifadesiu incelendiğinde, bazı genlerin geçici olarak yüksek ifade olduğu, diğerlerinin ise devamlı şekilde gen ifadesiun arttığı belirlenmiştir. Domateste, test edilen 15 molekül şaperondan 11'i için stres anında gen ifadesiun arttığı gözlenmiştir (Li, Haskell ve Guy, 1999). *At-Hsc70-1/Hsp70-1*'in, normal sıcaklıkta yapraklarda eksprese edildiği belirlenmiştir ayrıca, ısı şoku stresinde de uyarıldığı rapor edilmiştir (Sung, Vierling ve Guy, 2001).

Hsp70'in koruyucu şaperon aktivitelerinin, *Arabidopsis*'te sıcaklık ve kuraklık stresine toleransda katkıda bulunduğu belirlenmiştir (Sung ve Guy, 2003). Domates hücrelerinde (Banzet vd., 1998) Hsp22'in mitokondriyal bölgede, pirinçte (Lee vd., 2008) ise Hsp26'nin kloroplastda lokalize olduğu belirlenmiştir. Oksidatif stres koşullarında bu genlerin uyarıldığı ve stres yanıtında önemli bir rol oynadığı saptanmıştır. Stres faktörlerinin yokluğunda Hsf'ler (Isı şoku transkripsiyon faktörü) DNA'da herhangi bir bağlayıcı faaliyet söz konusu olmadığı için sitoplazmada münferit ve serbest olarak bulunurlar, fakat stres başladığında faktörler üçlü olarak kümelenir ve çekirdekte toplanır (Sorger ve Nelson, 1989).

Hse (ısı şok elemanı) DNA'daki gen aktivatör bölgesinde konumlu olan spesifik bir tanıma dizisidir. Hse 50-nGAAn-30 değişimli üniteler olarak tanımlanmıştır ve etkili bir bağlama için en az üç ünite gereklidir (Morimoto, Tissieres ve Georgopoulos, 1998; Schöffl vd., 1998). Isı şok proteinlerinin sentezlenmesine yönelik gen ifadelerine neden olan moleküler izyolu; gen ifadesinin aktivasyonunun ısı şok elemanının (Hse) DNA'da bağlanması ile gerçekleştiği Hsf'ye sinyal transfer mekanizmasına bağlı olan sıcaklık algılama mekanizması gibi birden fazla mekanizmadan oluşur (Schöffl vd., 1998; Larkindale Hall, Knight ve Vierling, 2005).

Domates (*Solanum lycopersicum*) fidelerinde Hsf'lerin DNA'ya bağlanması salisilik asit (SA) tarafından desteklenmiş olup, Hsp70 mRNA transkripsiyonunu veya HSFA2 ve HSFB1 gibi Hsf'lerin ifadesini desteklememiştir. Bu SA'nın bağlamak için Hsf'nin modülasyonunda bir rol oynadığına işaret edilebilir (Snyman ve Cronje, 2008).

Morimoto ve Santoro (1998) Hsp'lerin hücreleri yaralanmaya karşı koruduklarını ve normal büyüme koşullarına döndükten sonra iyileşmelerini ve hayatta kalmalarını kolaylaştırdıklarını belirtmiştir. Diğer tarafta Timperio, Egidi ve Zolla (2008) ısı stresi sonrasında Hsp'nin moleküler şaperon olarak rolünün şüphesiz olduğunu, termal olmayan streste işlevlerinin farklı olabileceğini ifade etmiştir. Gerçekleştirilen bir çalışmada (Nakamoto ve Vigh, 2007) küçük ısı şok proteinlerinin (sHsp) zar kalite kotrolünde ve potansiyel olarak özellikle stres koşulları altında zar bütünlüğünün korunmasında önemli bir rol oynadıklarına dair bazı ibarelerin bulunduğu sonucuna varılmıştır.

P. sativum ile gerçekleştirilen bir araştırmada; bu sınıfın faaliyetleri (proteinlerin katlanması) ve sHsp18.1 gibi küçük ısı şok proteinlerinin faaliyetleri (proteinlerin kümeleşmesinin engellenmesi) arasında bir işbirliği bulunduğu rapor edilmiştir (Lee ve Vierling, 2000). *A. thaliana* üzerinde gerçekleştirilen bir çalışma; kloroplastda bulunan Hsp70'nin çimlenen fidelerin ayrıştırılması ve bunların ısı toleransı için gerekli olduğunu göstermiştir (Su and Li, 2008). *Oryza sativa*'da Hsp90'ın gen ifadesinin incelenmediği çalışmada; Hsp87 ısı şoku proteninin; 2 saat süreyle ısı şoku

(28°C ila 45°C) uygulandığında ortaya çıktığını ve bunun miktarının uzun süreli (4 saat) ısı stresi sonrasında ve normal koşullara (stressiz) dönüş sırasında dahi yüksek ve sabit kaldığını tespit etmişlerdir. Aynı zamanda Hsp90'ın (Hsp85 ve Hsp87) tuzluluk, kuraklık ve soğuk gibi başka türlü stres ile de uyarılabileceği saptamışlardır. Bu araştırmada onbeş yabani pirinç türünde bu proteinlerin farklı birikme düzeyleri rapor edilmiştir (Pareek, Singla ve Grover, 1998).

Wyoming'de bulunan Yellowstone Milli Parkındaki doğal bir habitatta toprak sıcaklığının 40°C üzerinde olduğu yerde bazı bitkilerde (monokotlar ve dikotlar) Hsp'lerin böylesi zorlu çevrelere adaptasyondaki rolünü değerlendirmek için; bu bitkilerin filiz ve kök sistemlerindeki Hsp içeriğini tespit etmişlerdir. Sınıf I sitoplazmik sHsp varlığı rapor edilmiştir. Diğer tarafta, gerek yapraklarda gerekse kök sisteminde Hsp100 (Hsp101) tespit edilmiştir (Stout ve Al-Niemi, 2002).

Doğal saha koşullarını taklit eden iki veya daha fazla stres faktörüne maruz bırakılan bitkilerde Hsp varlığı konusunda araştırmalar mevcuttur. Sahada ısı stresine genellikle kuraklık, yüksek ışınlama, tuzluluk gibi bir veya daha fazla stres faktörü eşlik etmiştir. Bu araştırmalardan bir tanesi sulanan ve sulanmayan pamuk bitkileri (*Gossypium hirsutum* L.) üzerinde gerçekleştirilmiş olup sulanmayan bitkilerde çoğu büyüme parametreleri gerilemiştir (%80 ila %85) (Burke, Hatfield, Klein ve Mullet, 1985). Araştırma aynı zamanda sulanan bitkilere kıyasla gün ortasında azalan bir fotosentez (iki katlama) ortaya koymuştur ki sulanan bitkilerde üst bitki tabakası altındaki sıcaklık 30°C dereceye ulaşırken; sulanmayan bitkilerde üst bitki tabakası altında 40°C derecededir. İki işlem arasındaki bu farklara protein içeriğindeki farklar da eşlik etmektedir. Sulanmayan bitki yapraklarının birkaç hafta sonra istikrarlı bir şekilde moleküler ağırlığı 100, 94, 89, 75, 60, 58, 37, ve 21 kDa (kilodalton) protein düzeyleri biriktirilmiştir ve bu proteinler sulanan bitkilerin yapraklarında tespit edilmiştir. Bu araştırmanın nihai çıkarımında ise, pamuk bitkilerinin doğal kuraklık stresi koşullarında ve 40°C sıcaklıkta ısı şok proteinlerini biriktirdiği şeklinde rapor edilmiştir. Gündüz/gece sıcaklık döngüsü bitki büyümesini etkilemektedir ve etli çöl bitkilerinde 20/30°C sıcaklıktan 40/50°C sıcaklığa değişikliğin etkisini test etmek için bir deney gerçekleştirilmiştir (Kee ve Nobel, 1986). 10 gün sonra termal toleransta bir

artışın (6-8°C) olduğu ve her üç türün de yalnızca (40/50°C) döngüsünde moleküler ağırlığı 25-27 kDa olan protein biriktirdiği ve diğer Hsp tiplerini türe göre biriktirdiği rapor edilmiştir.

Doğal çevrede ışık yoğunluğu, en azından bazı bölgelerde, çok yüksektir. Işık Hsp'lerin sentezini uyarır ve bu nedenle; yüksek yoğunluktaki ışığın neden olduğu hasarı iyileştirebilir. Bu olasılık *Asteraceae* ailesinden *Solidago altissima* bitkisinin doğrudan güneş ışığına maruz kalmış olan yaprakları ile gölgede kalan yapraklarının sahada soğuk günlerde ve sıcak günlerde Hsp içeriğinin karşılaştırılması ile incelenmiştir (Barua ve Heckathorn, 2006). Sonuçlar doğrudan güneş ışığına ve doğal ısı stresine maruz bırakılan yapraklardaki Hsp içeriğinin belirgin bir şekilde daha yüksek olduğunu göstermiştir. Gerek ışık gerekse sıcaklık laboratuvar ortamında Hsp'lerin toplanmasını bariz bir şekilde etkilemiştir.

Çöl baklagili olan *Retama raetam* ile yapılan kurak bölgelerde stres faktörlerinin etkileşimi hakkında bir araştırma sonucunda, fotosentezin günlük seyrini ortaya koymuştur. Periyotlardan bir tanesi saat 07:00 ile 10:00 arasında; diğeri ise saat 15:00 ile 17:00 arasında belirlenmiştir (Merquiol vd., 2002). Benzer bir periyodiklik, Şili çölünde yetişen başka bir baklagil olan *Prosopis chilensis* için rapor edilmiştir (Ortiz and Cardemil, 2001). Fotosentez oranındaki azalma sırasında (saat 11.00 ile 15.00 arasında) savunmaya katılan enzim transkriptlerinde (reaktif oksijen aracılarının giderilmesi-süpürülmesi) ve Hsp sentezinde bir artış söz konusu olmuştur. Nihai olarak çıkarılan sonuç; *R. raetam*'ın çöl arazisinde hakim olan stresli koşullara dayanmak için kaçınma ve aktif savunma mekanizmalarının bir kombinasyonunu kullanıdığı seklinde olmuştur.

Abiyotik stres faktörlerine bitki tepkisi, karmaşık bir gen ağı tarafından kontrol edilmektedir. *AtGenExpress* başlıklı *A. thaliana* gen ifadesi veri tabanı projesinde çeşitli abiyotik streslerin (sıcaklık, soğukluk, tuzluluk, osmotik, UV-B, ışık ve yaralanma) etkisi *A. thaliana* fideleri üzerinde benzer koşullar altında araştırılmıştır (Kilian vd., 2007) ve sonuçlar *DNA Microarray Teknolojisi* ile analiz edilmiştir. Bu araştırma; UV-B, kuraklık ve soğuk streslerine tepkide gen ifadeleri bilgileri dahil

olmak üzere abiyotik stresler ile uyarılan gen ifade türlerini sunmaktadır. Sonuçlar bu bitkide transkripsiyon düzeyinde strese ilk tepkinin bir stres tepki gen grubunu içerdiğini göstermiştir. Bu genler farklı streslere tepkide hayati bir role ve de strese maruz kalan doku tarafından üretilen sistemik sinyallerin ana rolüne sahip olabilir. Analizin sonuçları tüm streslerin ısı şok proteinlerinin ve faktörlerinin tepki izyollarında etkileşimde bulunduğunu, fakat etkileşim düzeyinin farklı olduğunu göstermiştir ki bu da düzenleyici ağda bir çapraz iletişim olduğunu düşündürmektedir. Hu vd. (2009) ısı stresine maruz kalmış pirinç fideleri ile stres koşullarındaki ifade profillerini incelemiştir. Sonuçları soğuk, kuraklık ve tuz stresleri altındaki pirinç verileri ile karşılaştırmışlardır. Hsp'lerin ve Hsf'lerin farklı stres sinyali dönüştürme ağlarında önemli unsurlar olabileceği sonucuna varmışlardır.

Genel olarak Hsp'lerin ve bunun Hsf faktörlerinin ifadesi büyük ölçüde sıcaklık, soğukluk, tuzluluk ve osmotik stres tarafından uyarılmıştır. Başka stres faktörlerine tepki protein sınıfına ve dokuya bağlı olabilmektedir. Örnek olarak, tüm stres türleri altında sınıf Hsp20 için yüksek ifade tepkisi bilgilerinin yüksek benzerliği kaydedilmiştir. Bitkinin köklerinin yaralanması (12 saat sonra) sınıf Hsp20, Hsp70 ve Hsp100 için çeşitli genlerin ifade edilmesini uyarmıştır. UV-B stresi altında yüzeysel dokularda (filizlerde) Hsp'ler ve bunun Hsf faktörleri için yüksek gen ifade tepkisi gözlemlenmiş olup yüzeysel olmayan dokularda (kökler) gen ifadesi gerçekleşmemiştir (Swindell, Huebner ve Weber, 2007). Her iki stresin de Hsp'lerin ifade edilmesine/toplanmasına yol açan nedenleri uyardıkları için ısı stresine tepki ve oksidatif strese tepki arasındaki ilişkinin varlığına dikkat çekilmiştir (Dat, Foyer ve Scott, 1998; Lee vd., 2000).

Genom dizileri tamamlanan çoğu tür için fonksiyonel genom çalışmaları yapılmaktadır. Genlerin karakterizasyonlarına ait çalışmalar son yıllarda önem kazanmıştır. J. Zhang vd. (2013) ve (2015) yaptıkları çalışmalarda *Populus trichocarpa* genomunda *sHsp* (37), *Hsp60* (28), *Hsp70* (20), *Hsp90* (10) ve *Hsp100* (5) gen ailelerine toplam 100 adet gen tanımlamışlardır.

BÖLÜM I

3. ISI ŞOKU PROTEİN GEN AİLESİNİN (Hsps) FONKSİYONEL GENOM ANALİZLERİ

3.1. Materyal ve Yöntem

3.1.1. Kavak Genomunda *Hsps* Genlerinin Tanımlanması

Kavak genomunda (*Populus trichocarpa* Torrey & A. Gray) potansiyel Hsps genlerini tanımlamak için "Heat Shock Protein Database Information Resource" (HSPIR) (http://pdslab.biochem.iisc.ernet.in/Hspir/index.php) veri tabanı kullanılmıştır.

Veri tabanında yüklü olan farklı bitkilerde (*Arabidopsis thaliana, Cucumis sativus, Glycine max, Hordeum vulgare, Jatropha curcas, Medicago truncatula, Nicotiana tabacum, Oryza sativa, Physcomitrella patens subp. patens, Ricinus communis, Solanum lycopersicum, Solanum tuberosum, Sorghum bicolor, Triticum aestivum, Vigna radiate, Vitis vinifera* ve *Zea mays*) tanımlanması yapılmış *Hsps* genlerinin taramaları yapılarak ilgili diziler veri tabanından indirilmiştir (Kumar vd., 2012).

Belirlenen aday diziler için Phytozome veri tabanında (www.phytozome.net) Protein BLAST seçilerek The Hidden Markov Model (HMM) istatistik modeli kullanılarak *Populus trichocarpa* Torrey & A. Gray'ya ait dizi karşılaştırmaları yapılmıştır (Goodstein vd., 2012). Ayrıca, kavakta belirlenen aday Hsps protein dizilerini doğrulamak için NCBI (National Center Biotechnology Information) veri tabanı kullanılarak tekrar Protein BLAST yapılmıştır (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi). Veri tabanında istatistiki eşleşmelerde algoritma oluşturan E-değeri 0 olan ya da -50'den büyük olan diziler (sekanslar) seçilerek *Hsps* genleri tanımlanmıştır.

Expasy veri tabanı kullanılarak tekrar eden diziler elimine edilmiştir (web.expasy.org/decrease_redundancy) (Gasteiger vd., 2003). Hsps genlerine ait tanımlanan protein dizileri Smart (http://smart.emblheidelberg.de) ve Pfam (http://pfam.sanger.ac.uk) veri tabanları kullanılarak doğrulamaları yapılarak, korunmuş bölge olduklarına dair netlik kazandırılmıştır (Letunic, Doerks ve Bork, 2012). Tanımlanan *Hsps* genlerine ait protein, genomik ve mRNA (CDS) sekansları Pfam sonuçlarına bağlı olarak kaydedilmiştir. Bioinformatik analizler fasta formatlı diziler üzerinde yapılmıştır.

Tanımlanan her *Hsps* gen dizisi için (sHsp-Hsp40-Hsp60-Hsp70-Hsp90-Hsp100) ProtParam Tool (http://web.expasy.org/protparam) veritabanı kullanılarak diziye özgü moleküler ağırlıkları, protein uzunlukları, izoelektronik etki değerleri (pI), tahmini değişkenlik bileşenleri hesaplanmıştır.

3.1.2. Hsps Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Dağılımlarının İncelenmesi

Kavak genomunda *Hsps* proteinlerini kodlayan genlerin kromozomlar üzerindeki dağılımları, *Populus trichocarpa* Torrey & A. Gray dizilerinin Phytozome veritabanında BLASTP eşleştirmeleri yapılarak bulunmuştur. Tüm Hsps dizilerine ait kromozom lokasyonları MapChart program yazılımına veri olarak işlenmiştir. Bu program yardımıyla kromozomlar üzerinde genlerin yerleşimleri haritalanmıştır (Voorrips, 2002).

3.1.3. Tandem ve Segmental Duplikasyonların Hesaplanması (Ka/Ks)

Kromozomlar üzerinde dağılım gösteren *Hsps* genlerine ait aynı kromozomda bulunma (Tandem) ve farklı kromozomlarda yerleşim gösterme (Segmental) durumlarına ait eşlemelerin (duplikasyonların) belirlenmesi PGDD-Plant Genome Duplication veritabanına (http://chibba.agtec.uga.edu/duplication/) bağlı olarak tespit edilmiştir (Tang vd., 2008; Lee, Tang, Wang ve Paterson, 2013).

Hsps genlerinde belirlenen tandem ve segmental duplikasyonların Homolog (Ks) ve homolog olmayan (Ka) değişim oranlarını hesaplamak Clustal Omega (www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustal) tabanlı çoklu dizi hizalama veri tabanı kullanılmıştır (Sievers vd., 2011).

Hesaplanan dizi karşılaştırması CODEML (http://www.bork.embl.de/pal2nal/) veri tabanına yüklenerek, Hsps geninin duplikasyon ve ayrılma zamanı (milyonlarca yıl önce, MYÖ) λ değişimlerinin hesaplanması yapılmıştır (T = Ks/2λ (λ =6.5x10-9) (Lynch ve Conery, 2000; Suyama, Torrents ve Bork, 2006).

3.1.4. *Hsps* Genlerinin Fonksiyonel Dizi Hizalamaları ile Filogenetik İlişkilerinin Belirlenmesi ve Gen Yapısının Tahmini

Hsps genlerine ait aminoasit dizileri MEGA6 yazılım programına yüklenmiştir. Dizilerin hizalanması için ClustalW sekmesi kullanılmıştır. Belirlenen çoklu dizi hizalamaları fasta formatında kaydedilmiştir.

Tüm *Hsps* genlerinde; kaydedilen dizi dosyası seçilerek, Neighbor Joining (komşu birleştirme) metodu kullanılarak maksimum benzerlik değeri 1000 tekrarlı (Bootstrap: 1000) olacak şekilde filogenetik (akrabalık) ilişki haritaları çıkarılmıştır (Saitou ve Nei, 1987; Thompson, Gibson, Plewniak, Jeanmougin ve Higgins, 1997; Tamura, Stecher, Peterson, Filipski ve Kumar, 2013).

Programdan .nwk uzantılı alınan filogenetik ağaç kodlaması ITOL (Interactive Tree Of Life) veri tabanına yüklenerek Hsps genlerine ait oluşan gruplar dairesel formatta farklı renklerle oluşturulmuştur (Letunic ve Bork, 2016).

GSDS-Gene Structure Display Server (http://gsds.cbi.pku.edu.cn/) (Hu vd., 2015) kullanılarak *Hsps* genlerine ait genomik diziler ile kodlayıcı bölge dizileri (CDS) karşılaştırılmıştır. Gen organizasyonları kodlanan bölgeler (ekzon) ve kodlanmayan bölgeler (intron) belirlenmiştir.

3.1.5. Kalıtım Sürecinde Korunmuş Motif Bölgelerinin Çıkarılması

Hsps genlerine ait tanımlanan aminoasit dizileri genom içerisinde korunmuş matrisler oluşturmaktadır. Dizilere ait istatistiksel modellemelerin yapılabilmesi için MEME veritabanı (http://meme.nbcr.net/meme3/meme.html) kullanılmıştır (Timothy vd., 2009; Bailey, 2009). Analizde Hsps genlerinin incelenmesinde 15 motif modellemesi seçilerek, motif genişliklerinin de optimum ≥2 ve ≤300 arasında olmasına önem verilmiştir.

3.1.6. *Hsps* Genlerine Ait Gen Ontoloji (GO) Kategorilerinin Oluşturulması

GO-term/genlerin terimler sözlüğü anlamını taşımaktadır. Biyobilişim projesi kapsamında gen ve gen ürünlerinin davranışlarını standartlaşmak ve verilerin aynı terminoloji ile kullanılmasına imkan sağlamak amacıyla geliştirilmiştir. Bu karakterizasyonu sağlayan bir bioinformatik yazılım programı olan Blast2GO (http://www.blast2go.com) ile Hsps aminoasit dizilerine ait; biyolojik işlev organizasyonları, hücresel yerleşim bölgelerinin (hücre kısmı, hücre dış ortamı) belirlenmesi ve moleküler seviyede ana aktivitelerinin (bağlanma, katalaz vb.) incelenmesi sağlanmıştır (Conesa ve Götz, 2008).

Program çalışma prensibi olarak üç aşamalı analiz gerçekleştirmektedir. İlk aşamada programda yüklü olan diziler ile eşleşme gerçekleştirilmiştir (BLASTp), ikinci aşamada BLAST sonuçları ile ilişkili haritalamaları yapılmıştır (MAPPING), üçüncü aşamada ise sekanslara ilişkin bilgi dosyası dökümü hazırlanmıştır (ANNOTATION). GO kategorilerine ait biyolojik işlevler, hücresel yerleşimler ve moleküler fonksiyonlar tüm *Hsps* genleri için belirlenmiştir (Conesa ve Götz, 2008).

3.1.7. *Hsps* Genlerinin Üç Boyutlu (3D) Modellenmesi

Bütün kavak *Hsps* genlerinde tahmini üç boyutlu protein yapı modellenmesinin belirlenmesinde Protein Homology/analogY Recognition Engine V 2.0 (http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index)/PHYRE2 veri tabanı

kullanılmıştır. Hsps genlerine ait aminoasit dizileri tek tek programa yüklenmiştir. Üç boyutlu protein yapıları yoğun mod seçimi yapılarak modellenmiştir (Kelley ve Sternberg, 2009; Kelley, Mezulis, Yates, Wass ve Sternberg, 2015). Veri tabanlarında yüklü olan dizilerle karşılaştırmalar >% 90 güven seviyesinde analiz edilmiştir. Ayrıca, tahmini modellemeler için % 80 ile % 100 arasında bulunan benzerlik oranları kabul edilmiştir.

3.1.8. *Hsps* Genlerini Hedef Alan miRNA Gruplarının Tespit Edilmesi

Kavak genomunda Hsps genlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması için; veri tabanında yüklü olan mevcut bitkiler ile miRNA kontrollü gen hedefleri miRBase v20.0 (http://www.mirbase.org/) programı kullanılarak tespit edilmiştir. Ayrıca, miRNA veritabanı (http://bioinformatics.cau.edu.cn/PMRD/) kullanılarak psRNA Target Server (http://plantgrn.noble.org/psRNATarget/) bütün bilinen bitki miRNA'ları ile kavakta *Hsps* gen transkriptleri hizalanmıştır (Y. Zhang, 2005).

3.1.9. Başka Türler ile *Hsps* Genlerinin Ortolog İlişkilerinin Belirlenmesi

Hsps genlerinin ortolog ilişkilerin tespiti için aminoasit dizileri Phytozome veri tabanına tek tek yüklenmiştir (www.phytozome.net). Yüklenen diziler seçilen model türlerin gen bölgeleri ile (*Arabidopsis thaliana, Vitis vinifera, Zea mays, Oryza sativa, Glycine max, Eucalyptus grandis*) karşılaştırılmıştır. Benzerlik ölçütü olarak en az %80 eşleşme ve E-değeri ≤ 1e-5 kabul edilmiştir.

3.1.10. Başka Bitkiler ile *Hsps* Genlerinin Ayrılma Oranlarının Hesaplanması

Hsps genleri arasında ayrılma oranlarının tespiti için *Populus thichocarpa* dizileri seçilen model bitkilerin dizileri ile (*Arabidopsis thaliana, Vitis vinifera, Zea mays, Oryza sativa, Glycine max* ve *Eucalyptus grandis*) Clustal Omega (www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustal) veri tabanı kullanılarak hizalanmıştır (Sievers vd., 2011).

Hsps genlerinin duplikasyon ve ayrılma oranlarının belirlenmesi için elde edilen Clustal Omega sonuçları Codeml Pal2Nal veri tabanına aktarılmıştır. Elde edilen Ks (Homolog) ve Ka (Homolog olmayan) genler (T= Ks/2λ (λ =6.5x10-9) hesaplama yöntemiyle Milyonlarca Yıl Önce (MYÖ) farklılaşma ve tür oluşturabilme değerleri ortaya konulmuştur (Lynch ve Conery, 2000; Suyama vd., 2006).

Biyoinformatik analizlerin yapılmasını sağlayan veri tabanları ve paket programlar Tablo 3.1'de özet tablo şeklinde verilmiştir.

Tablo 3.1. *Fonksiyonel genom analizlerinde kullanılan veri tabanları ve paket* programlar

Veri Tabanları	**URL**
HSPIR	http://pdslab.biochem.iisc.ernet.in/Hspir/index.php
Phytozome	www.phytozome.net
NCBI-BLAST	https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi
Expasy	web.expasy.org/decrease_redundancy
Smart	http://smart.emblheidelberg.de
Pfam	http://pfam.sanger.ac.uk
ProtParam Tool	http://web.expasy.org/protparam
PGDD-Plant Genome Duplication Database	http://chibba.agtec.uga.edu/duplication
Clustal Omega	www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustal
CODEML	http://www.bork.embl.de/pal2nal
ITOL	https://itol.embl.de/
GSDS	http://gsds.cbi.pku.edu.cn/
MEME	http://meme.nbcr.net/meme3/meme.html
PHYRE2	http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index
miRBase	http://www.mirbase.org
psRNA Target Server	http://plantgrn.noble.org/psRNATarget
Primerler Beacon Designer™	http://www.premierbiosoft.com/qOligo/Oligo
ArrayExpress	http://www.ebi.ac.uk/arrayexpress
Paket Programlar	
CLC Genomik Workbench v.8	
MapChart	
MEGA6	
Blast2GO	
GeneSpringGX 11.0 (Agilent)	

3.2. Bulgular

3.2.1. Kavak Genomunda sHsp Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri

3.2.1.1. sHsp protein dizilerinin tanımlanması

Kavak genomunda yapılan biyoinformatik analizler sonucunda sHsp protein ailesine ait 60 adet gen tanımlanmıştır. Bulunan genlerin kromozom sıralamalarına bağlı kalınarak *PtsHsp-01* den *PtsHsp-60* a kadar bir isimlendirme yapılmıştır. Proteinlerin amino asit uzunlukları, moleküler ağırlıkları, (pI) izoelektronik etki değerleri ve NCBI'daki (Uluslararası biyoteknoloji veri tabanı) tanımlı ulaşım numaraları listelenmiştir.

Kavakta belirlenen sHsp proteinlerinin 53 (*PtsHsp-25*) ile 539 (*PtsHSP-16*) aminoasit uzunluğu arasında bir dağılım gösterdiği saptanmıştır. Proteinlerin ayrışmasında rol oynayan izoelektronik etki değeri *sHsp* ise sırasıyla (pI) ise 4,46 dan (pH<7=asidik) (*PtsHsp-57*) 9,89 (pH>7=bazik) (*PtsHsp-52*) arasında bulunmuştur.

Genlerin %71'inin asidik karakterde olduğu tespit edilmiştir. Moleküler ağırlıkları sHsp genleri için 5994,97 (*PtsHsp-25*) den 60644,94 aralığında (*PtsHsp-16*) değişkenlik göstermektedir. Tanımlanan *PtsHsp* genlerinin % 77'sinin kararlı rol üstlendikleri belirlenmiştir. Amino asitlerin genetik kararsızlık indeksleri 40'dan küçük hesaplandığında protein yapısının kararlı olduğu tespit edilmiştir (Tablo 3.2).

3.2.1.2. sHsp genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı

PtsHsp gen ailesine ait tanımlanan 60 genin kromozomlar üzerindeki lokasyonları belirlenmiştir. *PtsHsp-60* geni Scaffold seviyesinde belirlenmiştir. Bu genler haricinde tüm *sHsp* genleri kromozomlar üzerinde dağılım göstermiştir. Tanımlanan 60 adet *sHsp* geninin kromozomal yerleşimlerinde farklılıklar tespit edilmiştir. *sHsp* gen ailesine ait kavak genomunda tanımlanan 60 adet genin kromozom 9'da (*PtChr9*) 11'i diğer bir ifadeyle %18 oranında en yüksek bulunduğu belirlenmiştir (Şekil 3.1).

Tablo 3.2. *Kavakta (Populus trichocarpa Torrey & A. Gray) belirlenen 60 adet PtsHsp genine ait tanımlayıcı özellikler*

Gen Kodları	Phytozome Kod No	Genom Üzerindeki Fiziksel Yerleşimi			Protein Uzun. (aa)	İzoelektrik Nokta (pl)	Molekül ağırlığı (Da)	Kararszlık indeksi	Protein Oluş. Durumu	Filo. Gen. Grup	NCBI Kod No	NCBI BLASTP Tanımlaması
		Krmz No	Başlangıç Lokusu (bp)	Bitiş Lokusu (bp)								
PtsHSP-01	Potri.001G164200.1	Chr01	13745313	13745675	92	6,59	10299,91	50,67	kararsız	IVe	XP_006369098.1	hypothetical protein POPTR_0001s16450g , partial [Populus trichocarpa]
PtsHSP-02	Potri.001G192600.1	Chr01	17527864	17529538	243	7,72	27252,93	41,17	kararsız	IVe	XP_002299753.1	265 kDa class I small heat shock family protein [Populus
PtsHSP-03	Potri.001G238700.1	Chr01	24983323	24984125	159	6,19	17854,27	47,86	kararsız	IVd	XP_002298362.1	174 kDa class I heat shock family protein
PtsHSP-04	Potri.001G254700.1	Chr01	26440417	26440879	142	5,69	16536,62	60,27	kararsız	IVa	XP_006369578.1	hypothetical protein POPTR_0001s26180g
PtsHSP-05	Potri.001G416200.1	Chr01	44114415	44115779	196	5,01	22368,84	38,08	kararlı	I	XP_006370607.1	hypothetical protein POPTR_0001s44190g
PtsHSP-06	Potri.001G456500.1	Chr01	49090288	49097704	517	5,5	57083,76	48,85	kararsız	I	XP_002298997.2	hypothetical protein POPTR_0001s46070g
PtsHSP-07	Potri.002G067700.1	Chr02	4588931	4590671	445	5,53	49934,45	46,95	kararsız	IVe	XP_002300917.2	heat shock family protein
PtsHSP-08	Potri.003G071100.1	Chr03	9935479	9937350	156	6,43	17551,98	38,65	kararlı	IVe	XP_002303326.2	174 kDa class III heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-09	Potri.003G075900.1	Chr03	10438778	10440584	225	5,99	25649,94	34,58	kararlı	IVe	XP_002304269.1	hypothetical protein POPTR_0003s07350g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-10	Potri.003G076000.1	Chr03	10442210	10443577	218	8,96	24033,28	62,04	kararsız	IVe	XP_002304270.1	hypothetical protein POPTR_0003s07360g
PtsHSP-11	Potri.003G109200.1	Chr03	13282693	13283998	213	6,35	23912,87	59,48	kararsız	IVe	XP_002303499.1	Heat shock 22 kDa family protein
PtsHSP-12	Potri.004G187200.1	Chr04	20265036	20269374	113	4,54	13053,36	42,60	kararsız	IVa	XP_006387303.1	175 kd heat shock family protein
PtsHSP-13	Potri.004G187400.1	Chr04	20268664	20271445	159	5,81	18249,62	46,45	kararsız	IVa	XP_006387302.1	hypothetical protein POPTR_1310s00200g

Tablo 3.2’in devamı

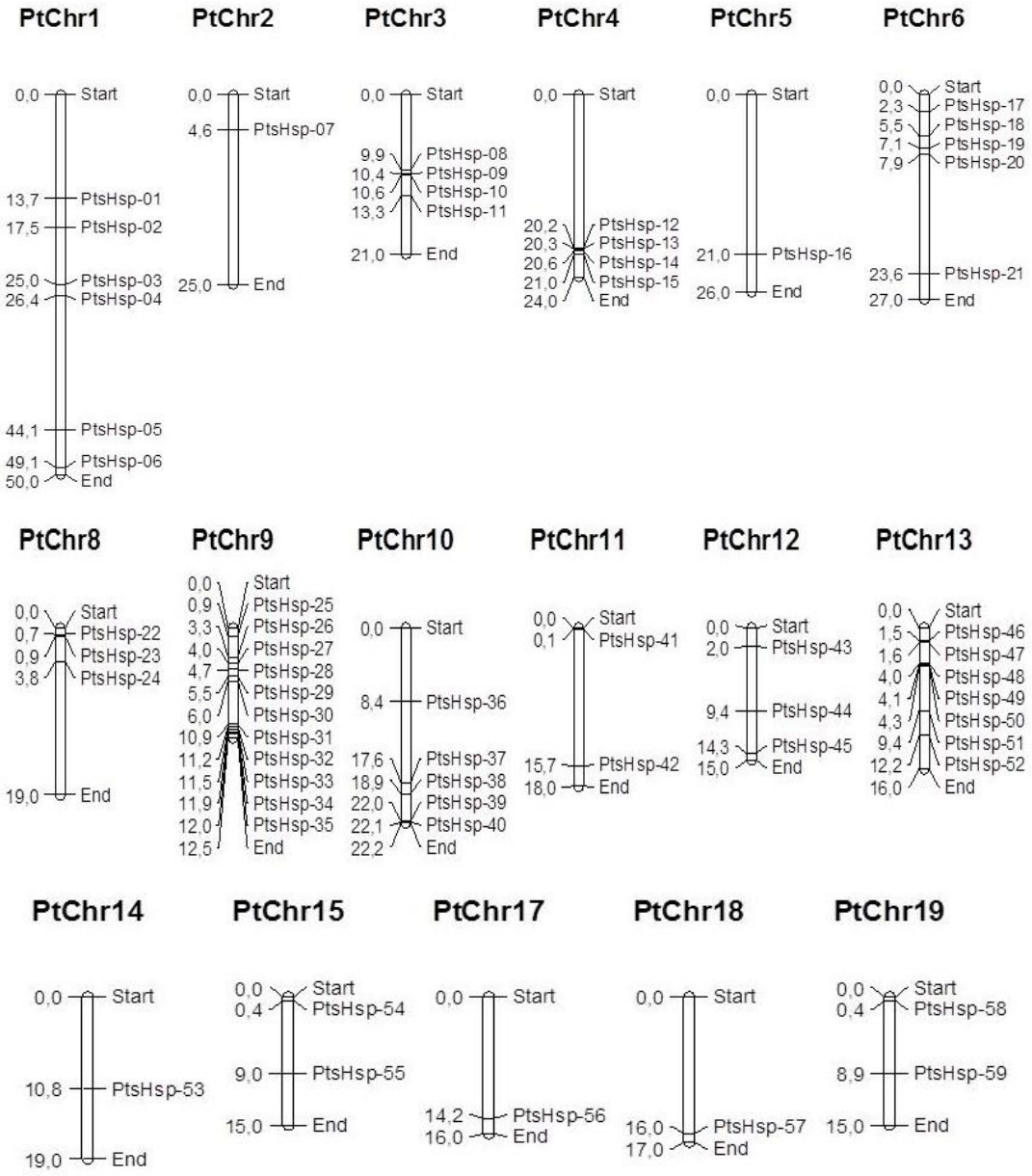
PtsHSP-14	Potri.004G191000.1	Chr04	20555217	20555810	138	9,12	15553,55	45,02	kararsız	IVe	XP_006384692.1	hypothetical protein POPTR_0004s20230g
PtsHSP-15	Potri.004G191200.1	Chr04	20564117	20565545	323	9,34	35804,61	47,18	kararsız	IVe	XP_006384694.1	heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-16	Potri.005G192700.1	Chr05	21016739	21018694	539	5,01	60644,94	43,44	kararsız	IVe	XP_002307498.2	heat shock family protein
PtsHSP-17	Potri.006G034600.1	Chr06	2340773	2342004	180	4,67	20452,04	51,06	kararsız	IVe	XP_002308868.2	hypothetical protein POPTR_0006s03310g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-18	Potri.006G073500.1	Chr06	5483421	5485361	225	6,52	25805,17	47,82	kararsız	IVd	XP_002308104.1	17.5 kd heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-19	Potri.006G093400.1	Chr06	7126313	7127064	174	6,78	19784,66	39,41	kararlı	IVe	XP_002309101.2	175 kd heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-20	Potri.006G093500.1	Chr06	7128709	7129529	140	5,82	15849,98	47,54	kararsız	II	XP_002308192.2	182 kDa class I heat shock family protein
PtsHSP-21	Potri.006G223900.1	Chr06	23594949	23596063	157	6,16	17519,14	33,40	kararlı	IVe	XP_002308537.1	heat shock protein 177 [Populus trichocarpa]
PtsHSP-22	Potri.008G013800.1	Chr08	745954	747805	370	9,28	40868,42	43,42	kararsız	IVe	XP_002310972.1	hypothetical protein POPTR_0008s01440g
PtsHSP-23	Potri.008G014000.1	Chr08	751111	753129	443	5,56	49250,25	43,79	kararsız	I	XP_002310974.2	heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-24	Potri.008G062300.1	Chr08	3765267	3766360	162	6,2	18340,75	54,14	kararsız	IVd	XP_002312132.1	182 kDa class I heat shock family protein
PtsHSP-25	Potri.009G004300.1	Chr09	915939	916542	53	6,12	5994,97	42,26	kararsız	IVe	XP_002314308.1	hypothetical protein POPTR_0009s00970g
PtsHSP-26	Potri.009G021400.1	Chr09	3327490	3328549	229	6,44	25253,92	42,74	kararsız	IVe	XP_002314235.2	hypothetical protein POPTR_0009s02650g
PtsHSP-27	Potri.009G029900.1	Chr09	4049770	4050240	125	9,15	14531,53	64,24	kararsız	IVd	XP_006379014.1	hypothetical protein POPTR_0009s03520g
PtsHSP-28	Potri.009G039200.1	Chr09	4715844	4717062	156	6,19	18040,38	57,60	kararsız	IVc	XP_002313410.1	hypothetical protein POPTR_0009s04410g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-29	Potri.009G049800.1	Chr09	5471571	5472038	155	6,19	17824,23	49,19	kararsız	IVb	XP_002313360.1	175 kd heat shock family protein
PtsHSP-30	Potri.009G049900.1	Chr09	5472133	5475352	171	6,93	19731,49	45,55	kararsız	IVb	XP_002313359.2	175 kd heat shock family protein [Populus trichocarpa]

Tablo 3.2’in devamı

PtsHSP-31	Potri.009G147900.1	Chr09	11651719	11652600	160	5,2	18541,91	52,76	kararsız	IVa	XP_006379320.1	hypothetical protein POPTR_0009s15010g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-32	Potri.009G148000.1	Chr09	11653964	11654820	158	6,2	18138,51	51,43	kararsız	III	XP_002312898.2	hypothetical protein POPTR_0009s15020g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-33	Potri.009G153000.1	Chr09	11981991	11983282	245	6,33	27218,72	33,77	kararlı	IVe	XP_002312873.1	hypothetical protein POPTR_0009s15510g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-34	Potri.009G153100.1	Chr09	11984109	11985292	277	5,47	30638,20	33,86	kararlı	IVe	XP_002312872.1	hypothetical protein POPTR_0009s15520g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-35	Potri.009G153200.1	Chr09	11987056	11988497	208	9,28	23691,27	33,49	kararlı	IVe	XP_002312871.1	heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-36	Potri.010G053400.1	Chr10	8367050	8368287	240	8,91	27258,04	53,34	kararsız	IVe	XP_002314566.2	hypothetical protein POPTR_0010s06320g
PtsHSP-37	Potri.010G175200.1	Chr10	17565834	17566824	155	6,18	17624,02	47,01	kararsız	IVe	XP_002316160.1	175 kd heat shock family protein
PtsHSP-38	Potri.010G195700.1	Chr10	18919869	18920815	162	6,2	18563,03	57,17	kararsız	IVd	XP_002315187.1	182 kDa class I heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-39	Potri.010G245500.1	Chr10	22027286	22029365	328	7,58	36407,27	50,32	kararsız	IVe	XP_002316467.1	hypothetical protein POPTR_0010s25180g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-40	Potri.010G245700.1	Chr10	22033032	22034178	287	5,44	32310,17	56,35	kararsız	IVe	XP_002316465.2	hypothetical protein POPTR_0010s25200g [Populus trichocarpa
PtsHSP-41	Potri.011G001600.1	Chr11	94425	95116	137	5,2	15646,60	63,14	kararsız	IVb	XP_006389645.1	hypothetical protein POPTR_0021s00950g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-42	Potri.011G131800.1	Chr11	15689717	15690714	202	5,03	23140,88	40,31	kararsız	I	XP_002316966.1	hypothetical protein POPTR_0011s13520g
PtsHSP-43	Potri.012G022400.1	Chr12	1977489	1978734	238	6,92	26202,75	34,59	kararlı	IVe	XP_002318460.1	heatshock22K protein[Populus trichocarpa]
PtsHSP-44	Potri.012G070100.1	Chr12	9375079	9376709	197	5,75	22404,24	44,18	kararsız	IVe	XP_002317990.1	hypothetical protein POPTR_0012s07190g
PtsHSP-45	Potri.012G123800.1	Chr12	14285603	14285917	104	8,82	12424,11	64,96	kararsız	IVb	XP_006377103.1	hypothetical protein POPTR_0012s14950g [Populus trichocarpa]

Tablo 3.2’in devamı

PtsHSP-46	Potri.013G024800.1	Chr13	1611990	1614633	255	8,25	28785,95	37,93	karalı	IVb	XP_002319025.1	hypothetical protein POPTR_0013s02570g
PtsHSP-47	Potri.013G024900.1	Chr13	1615859	1622145	395	5,72	43518,39	37,07	kararlı	IVb	XP_002319025.1	hypothetical protein POPTR_0013s02570g
PtsHSP-48	Potri.013G054700.1	Chr13	4075651	4076932	194	8,98	22422,02	59,77	kararsız	IVe	XP_006375882.1	hypothetical protein POPTR_0013s05160g
PtsHSP-49	Potri.013G054800.1	Chr13	4088517	4089315	168	8,36	19156,00	55,34	kararsız	IVe	XP_006387943.1	hypothetical protein POPTR_0464s00210g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-50	Potri.013G054900.1	Chr13	4090962	4092848	201	9,23	23050,43	49,31	kararsız	IVe	XP_002319682.1	hypothetical protein POPTR_0013s05170g
PtsHSP-51	Potri.013G089200.1	Chr13	9374722	9375608	192	5,91	21816,09	40,69	kararsız	IVe	XP_002319884.2	hypothetical protein POPTR_0013s09600g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-52	Potri.013G108800.1	Chr13	12213131	12213442	103	9,89	12177,75	53,67	kararsız	IVa	XP_006376246.1	hypothetical protein POPTR_0013s11320g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-53	Potri.014G141500.1	Chr14	10769206	10771164	267	8,88	29606,76	67,30	kararsız	IVe	XP_002320406.2	A-crystallin domain-containing family protein
PtsHSP-54	Potri.015G005800.1	Chr15	362192	363059	179	9,25	19948,93	51,33	kararsız	IVe	XP_002321964.2	heat shock 22K family protein
PtsHSP-55	Potri.015G064800.1	Chr15	8897402	8898673	204	5,53	22960,72	39,07	kararlı	IVe	XP_006374493.1	hypothetical protein POPTR_0015s07600g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-56	Potri.017G130700.1	Chr17	14151728	14152770	142	6,98	16054,26	55,17	kararsız	IVe	XP_006372560.1	hypothetical protein POPTR_0017s02810g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-57	Potri.018G140600.1	Chr18	16029312	16030193	150	4,46	16946,00	37,51	kararlı	IVd	XP_002324683.1	175 kd heat shock family protein
PtsHSP-58	Potri.019G037700.1	Chr19	4273824	4274707	171	6,21	19216,06	38,39	kararlı	IVe	XP_002325429.1	hypothetical protein POPTR_0019s05360g [Populus trichocarpa]
PtsHSP-59	Potri.019G081200.1	Chr19	11462395	11463169	152	6,34	17466,80	40,37	kararsız	IVb	XP_002325980.2	175 kd heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtsHSP-60	Potri.T125900.1	Scaf. 223	22752	23753	142	5,48	16186,60	50,56	kararsız	IVe	XP_002298579.2	175 kd heat shock family protein [Populus trichocarpa]

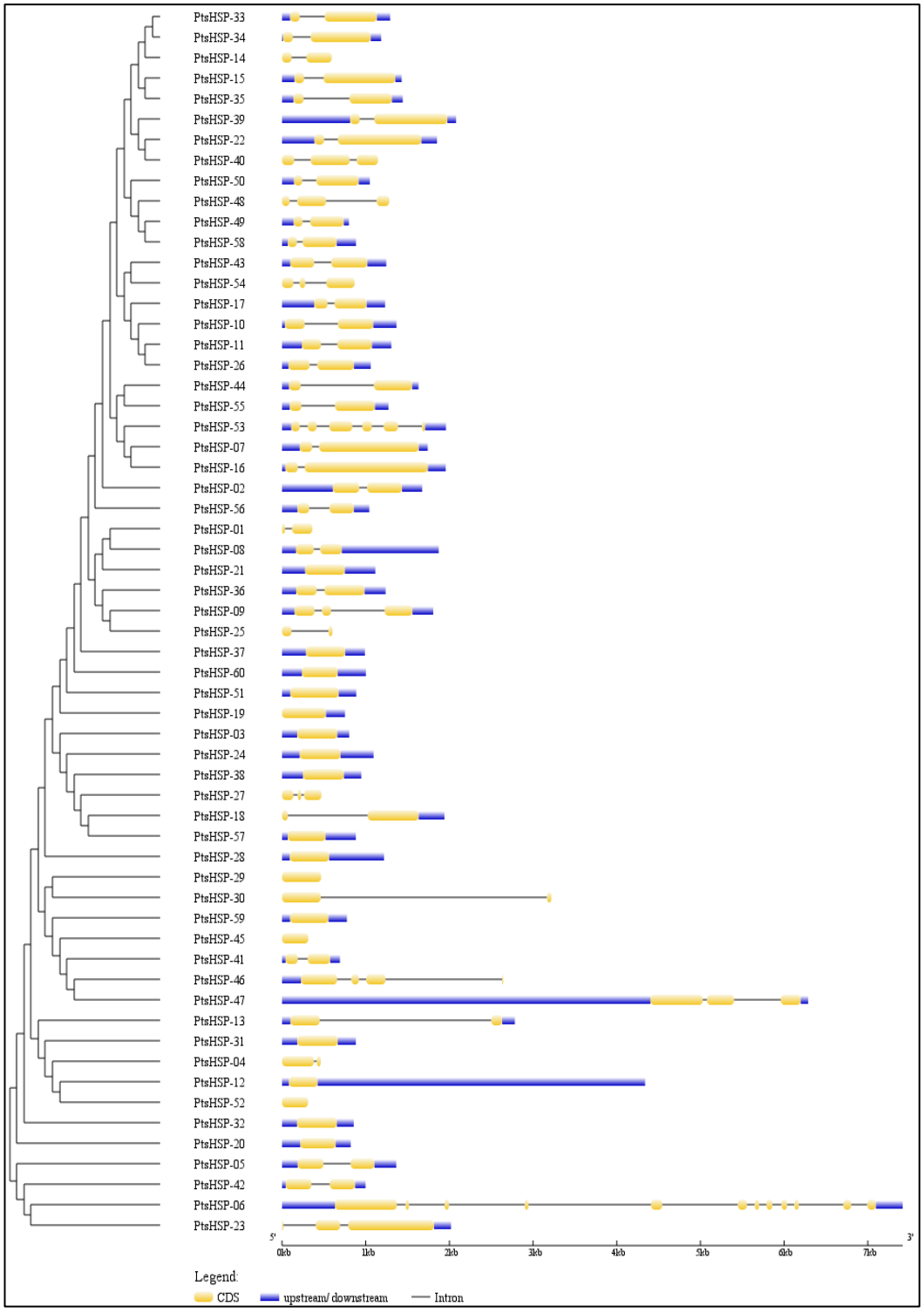


Şekil 3.1. Kromozomlar üzerinde 60 adet *PtsHsp* genin lokasyonları

Kavakta belirlenen 60 adet *sHsp* geninin yapısını incelenmek için ekzon ve intron bölgelerin analizleri yapılmıştır (Şekil 3.2).

Intron bölgeler genin farklı şekilde düzenlenmesinde ekzonların farklı kombinasyonlar ile birleşmelerinde ve gen ifadesinin kontrol edilmesinde rol almaktadırlar. sHsp genlerinin 16'sında intron bölgenin bulunmadığı görülmüştür. Tanımlanan 60 gen

içerisinde *PtsHsp-06* geni diğer genler ile karşılaştırıldığında en yüksek sayıda 11 adet intron bölge içermektedir.



Şekil 3.2. *Tanımlanan 60 adet PtsHsp* geninin intron ve ekzon bölgeleri

3.2.1.3. sHsp proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması

Genlerin tandem ve segmental duplikasyonlarının kaç yıl önce birbirlerinden ayrıldıkları hesaplanmıştır. *PtsHsp* gen ailesi üyelerinin tandem dup. için 0-394 MYÖ ve segmental dup. için 0-409 MYÖ (milyon yıl önce) aralıklarında birbirlerinden farklılaştıkları belirlenmiştir. Segmental dağılım tüm genlerin %43'unu oluşturmuştur. Tandem duplikasyonların kromozom yerleşimlerinin aynı olduğu, kromozom *PtChr13*'de yerleşim bulduğu saptanmıştır (Tablo 3.3, Tablo 3.4).

Tablo 3.3. *PtsHsp genlerine ait tandem duplikasyonlar*

Krmz	Gen No	Duplikasyn	Uzaklık	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
13	PtsHsp-46	PtsHsp-48	2463	51,2349	12,6020	0,2460	394,1146

Tablo 3.4. *PtsHsp genlerine ait segmental duplikasyonlar*

Gen No	Lokus	Krm	Gen No	Lokus	Krm.	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
PtsHsp-01	13745313 13745675	1	PtsHsp-08	9935479 9937350	3	0,3464	0,0796	0,2298	2,6646
PtsHsp-02	17527864 17529538	1	PtsHsp-29	5471571 5472038	9	53,1932	0,7710	0,0145	409,1785
			PtsHsp-30	5472133 5475352	9	51,8593	0,7606	0,0147	398,9177
PtsHsp-03	24983323 24984125	1	PtsHsp-24	3765267 3766360	8	35,0170	0,1923	0,0055	269,3615
			PtsHsp-38	18919869 18920815	10	4,2887	0,1780	0,0415	32,9900
PtsHsp-04	26440417 26440879	1	PtsHsp-13	20268664 20271445	4	0,9076	0,0970	0,1069	6,9815
			PtsHsp-29	5471571 5472038	9	0,4161	0,1077	0,2588	3,2008
			PtsHsp-30	5472133 5475352	9	0,4426	0,1272	0,2874	3,4046
			PtsHsp-32	11653964 11654820	9	0,5415	0,0941	0,1738	4,1654
			PtsHsp-59	11462395 11463169	19	0,8021	0,0833	0,1039	6,1700
PtsHsp-05	4411441 44115779	1	PtsHsp-42	15689717 15690714	11	0,3881	0,0714	0,1840	2,9854
PtsHsp-07	4588931- 4590671	2	PtsHsp-16	21016739 21018694	5	0,2964	0,2023	0,6825	2,2800
PtsHsp-12	20265036 20269374	4	PtsHsp-32	11653964 11654820	9	0,5277	0,1223	0,2318	4,0592
PtsHsp-13	20268664 20271445	4	PtsHsp-28	4715844 4717062	9	1,2142	0,0828	0,0682	9,3400
			PtsHsp-32	11653964 11654820	9	0,4636	0,0470	0,1014	3,5662
PtsHsp-14	20555217 20555810	4	PtsHsp-33	11981991 11983282	9	0,0879	0,1580	1,7975	0,6762
PtsHsp-15	20564117 20565545	4	PtsHsp-07	4588931 4590671	2	34,9937	1,0897	0,0311	269,1823
PtsHsp-21	23594949 23594949	6	PtsHsp-13	20268664 20271445	4	2,6960	0,7046	0,2614	20,7385

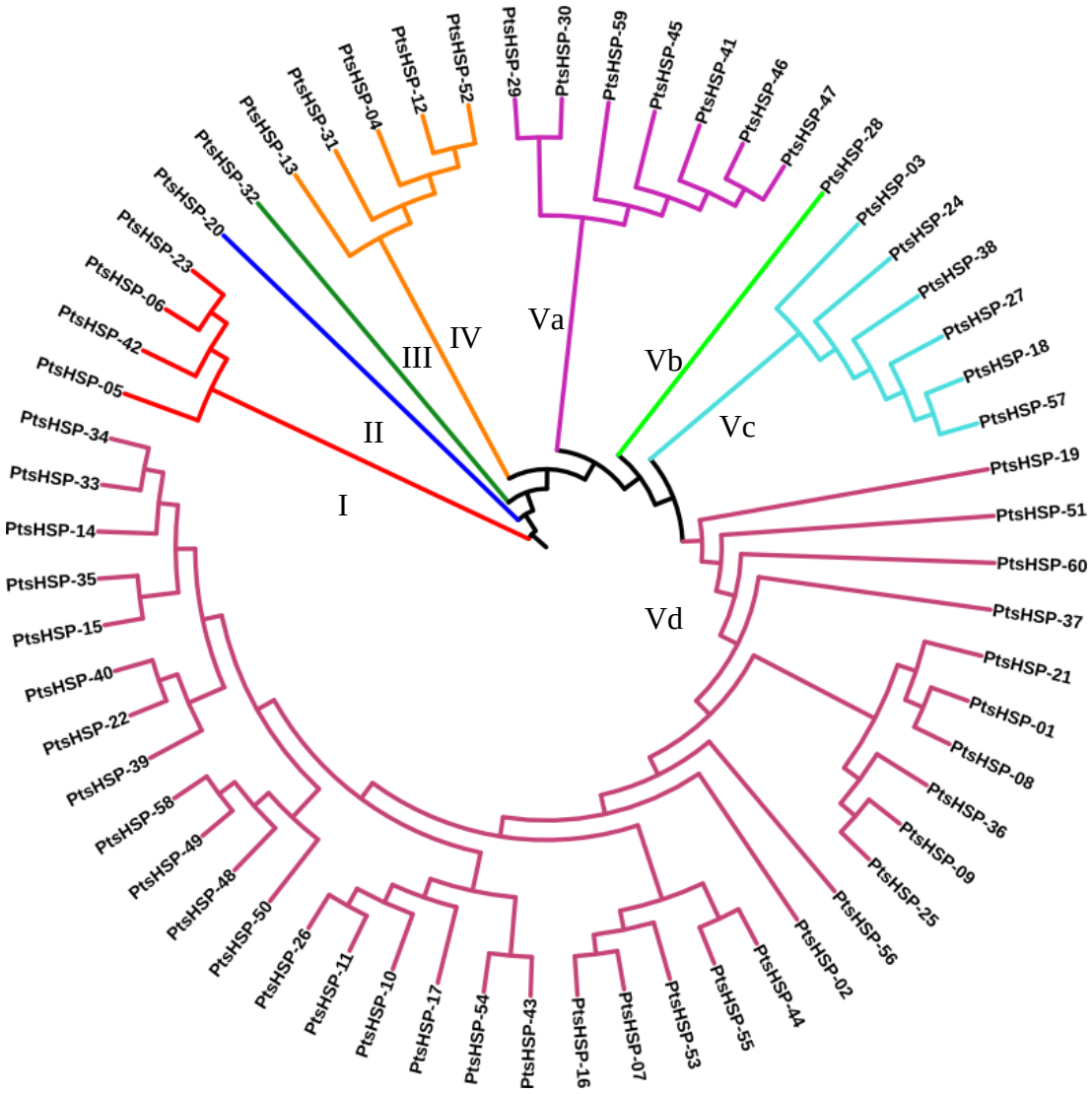
Tablo 3.4'ün devamı

			PtsHsp-32	11653964 11654820	9	16,9297	0,6884	0,0407	130,2285
PtsHsp-24	3765267 3766360	8	PtsHsp-28	4715844 4717062	9	1,8381	0,1629	0,0886	14,1392
			PtsHsp-38	18919869 18920815	10	0,3094	0,0540	0,1745	2,3800
PtsHsp-28	4715844 4717062	9	PtsHsp-13	20268664 20271445	4	1,2142	0,0828	0,0682	9,3400
PtsHsp-33	11981991 11983282	9	PtsHsp-14	20555217 20555810	4	0,0879	0,1580	1,7975	0,6762
PtsHsp-38	18919869 18920815	10	PtsHsp-24	3765267 3766360	8	0,3094	0,0540	0,1745	2,3800
PtsHsp-42	15689717 15690714	11	PtsHsp-05	44114415 44115779	1	0,3881	0,0714	0,1840	2,9854
PtsHsp-43	1977489 1978734	12	PtsHsp-54	362192 363059	15	0,2849	0,1379	0,4840	2,1915
PtsHsp-44	9375079 9376709	12	PtsHsp-55	8897402 8898673	15	0,3651	0,2524	0,6913	2,8085
PtsHsp-55	8897402 8898673	15	PtsHsp-48	4075651 4076932	13	5,0455	0,9645	0,1912	38,8115
			PtsHsp-44	9375079 9376709	12	0,3651	0,2524	0,6913	2,8085
Ortalama						**7,435155172**	**0,270607**	**0,31656322**	**57,1935**

3.2.1.4. sHsp genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi

Korunmuş PtsHsp proteinlerinin yapısının evrimsel olarak dağılımını anlamak için detaylı filogenetik sınıflandırma yapılmıştır. Filogenetik analiz sonucu 4 ana grup oluşmuştur (Grup I-II-III-IV). Sırasıyla her grupta 4, 1, 1 ve 54 protein bulunmaktadır (Şekil 3.3). Grup IV kendi arasında 5 alt grup oluşturmuştur (IVa-IVb-IVc-IVd-IVe). Grup II (*PtsHsp-20*) ve grup III (*PtsHsp-32*) tek gen ile temsil edilmiştir.

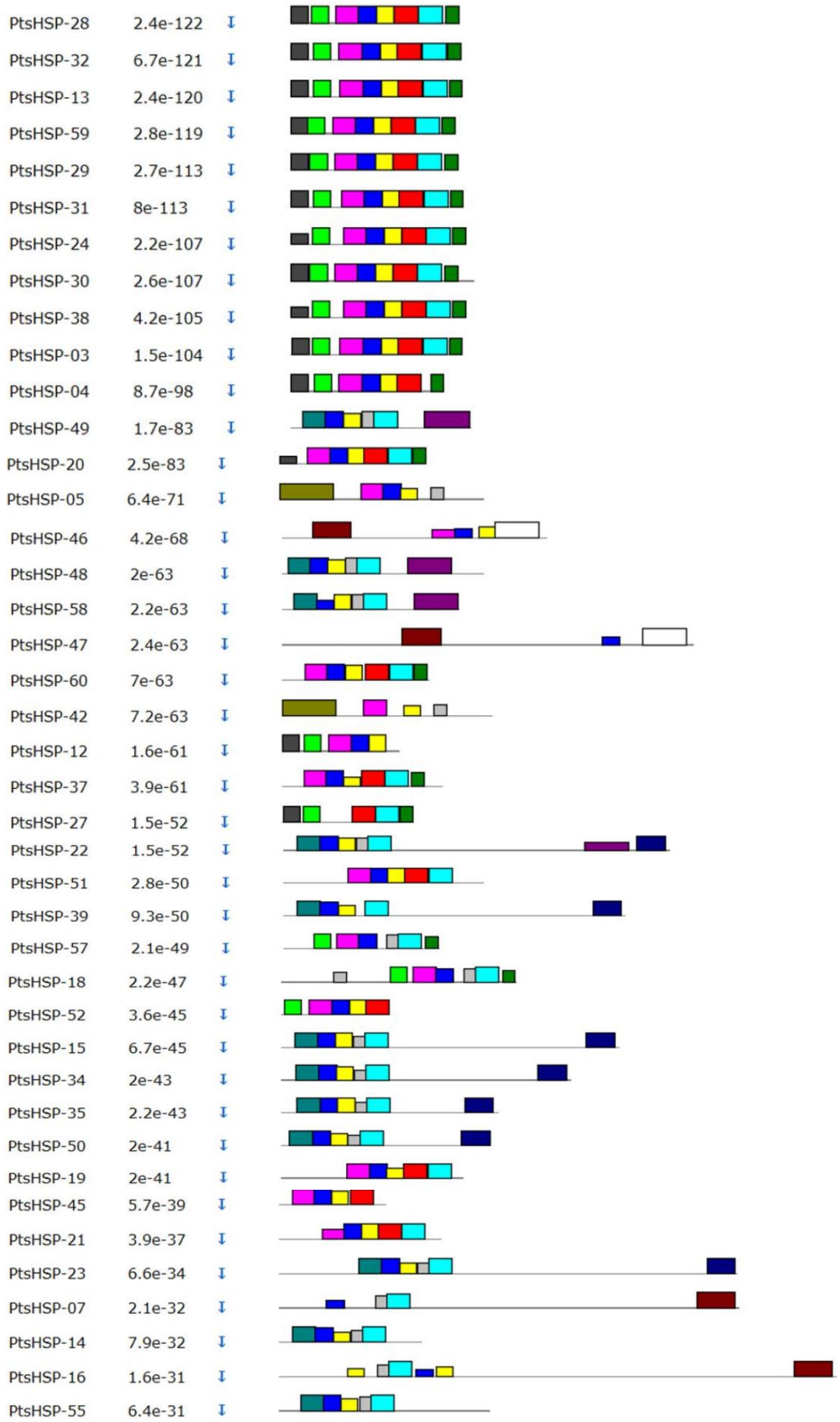
Genlerin yapısal özelliklerinde intron bölgelerin bulunmadığı görülmüştür. Tandem duplikasyon gösteren *PtsHsp-46* ve *PtsHsp-48* Grup IV içerisinde, farklı alt sınıflar içerisinde yer aldığı saptanmıştır. Filogenetik gruplandırmada aynı sınıf içerisinde yer alan gen ailelerinin yapılarının genel olarak benzer özellikler taşıdığı belirlenmiştir (Şekil 3.2).



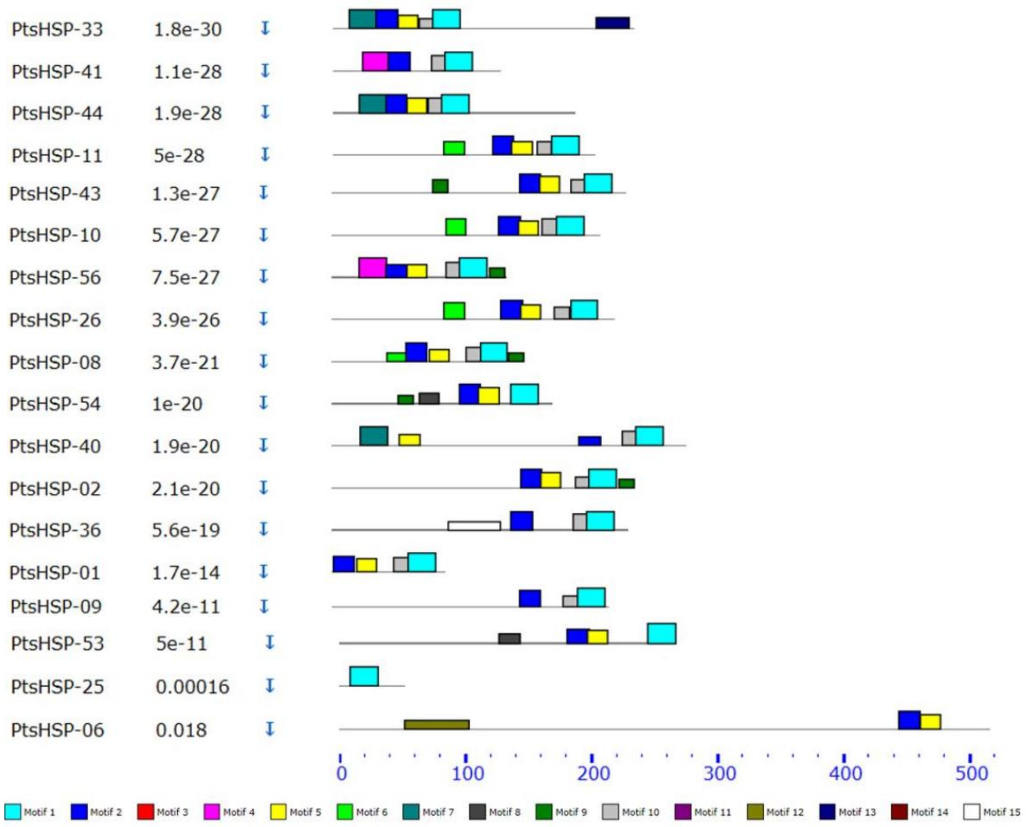
Şekil 3.3. PtsHsp gen ailesinin filogenetik sınıflandırması

3.2.1.5. sHsp amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi

Filogenetik ağacın doğruluğunu kontrol edebilmek için korunmuş motiflerin analizi yapılmıştır. MEME veri tabanına PtsHsp proteinlerinin tüm aminoasit dizileri yüklenmiştir. PtsHsp için 15 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır. Benzer motif kompozisyonları PtsHsp proteinleri arasında yapısal olarak bir benzerlik sağlamaktadır. Çoğunda 7 adet motif kompozisyonun korunduğu görülmüştür. PtsHsp proteinleri kendi içerisinde korunmuş bölgeler içermektedir (Tablo 3.5, Şekil 3.4).



Şekil 3.4. *PtsHsp* genlerine ait motif kompozisyonu



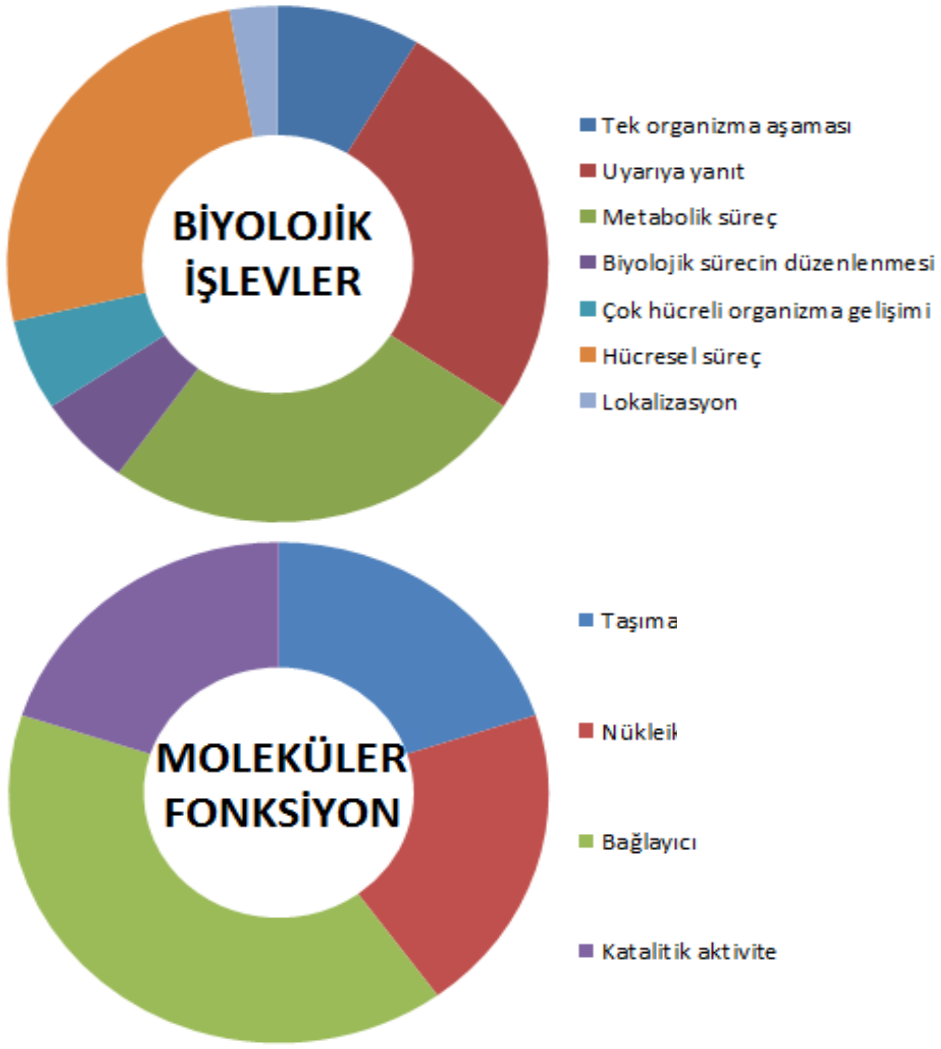
Şekil 3.4'ün devamı

Tablo 3.5. *PtsHsp aminositlerinde belirlenen motiflerin özellikleri*

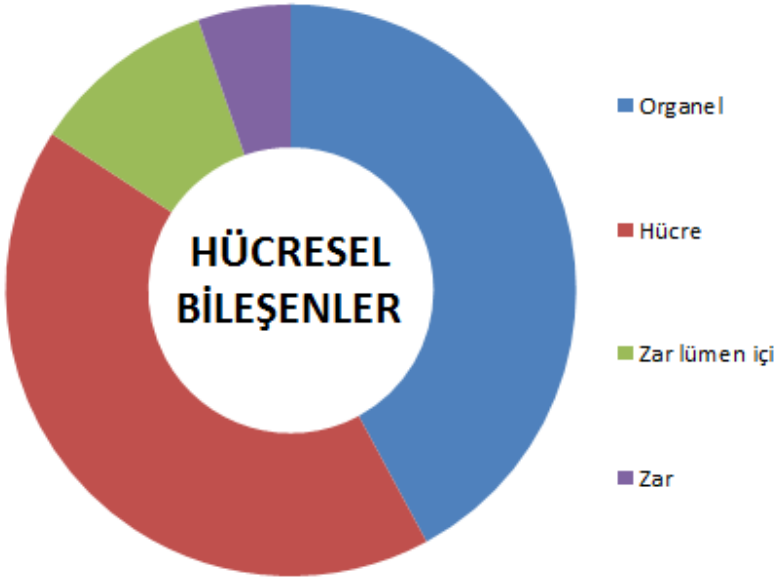
Motif No.	Bölge	Beklenti (E) değeri	sHsp aminoaitlerine ait motif özellikleri	Uzunluk (aa)
Motif 1	51	4.0e-406	CKMDQIKACMENGVLYVTVPK	21
Motif 2	50	8.9e-277	DLPGLKKEQVKVQIED	16
Motif 3	20	2.4e-237	NDTWHRVERSSGKFLRRFRLP	21
Motif 4	25	1.0e-237	SAFVNTRIDWKETPEAHVFKA	21
Motif 5	50	3.6e-140	RVLQISGERNVEKED	15
Motif 6	18	1.2e-078	SLDIWDPFQDFPFPS	15
Motif 7	15	2.7e-063	CYEDFQPFCEWKRDEGADTLL	21
Motif 8	11	1.1e-053	MAMIPSFFNNRRGNI	15
Motif 9	18	1.5e-036	KKPDVKAIEIS	11
Motif 10	31	5.8e-027	RFCRRFRLPEN	11
Motif 11	3	5.0e-018	YIESSNWTLEMNTKLALQVAGVLAVVVAFGAY AYKYCHCGH	41
Motif 12	2	2.6e-012	MASWKQLEVHTEDQTPHKWSVSLSEDMFKRFF AHGSPEVHKIFGDGSLFS	50
Motif 13	7	3.2e-010	QSMVNMVVAVLLIMALGMYMYYAYRS	26
Motif 14	4	6.9e-009	ATNRHNPVMFPTHLHPHLVMAGSYILVSIIIFINN W	36
Motif 15	2	4.8e-007	QKFEMLSRNLCPPGQFSISFQLPGPVDPRQFTGNF GDDGIL	41

3.2.1.6. sHsp protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin gruplandırılması

Belirlenen *PtsHsp* genlerinin fonksiyonel özelliklerinin anlaşılabilmesi amacıyla Blast2Go yazılım programı yardımıyla *PtsHsp* proteinleri için hücresel lokasyonlar moleküler fonksiyonlar ve biyolojik işlevler belirlenmiştir (Şekil 3.5). Yapılan analiz sonucunda biyolojik işlev de *PtsHsp* genleri 7 kategori de değerlendirilmiştir (Şekil 3.5). Yüksek oranda "uyarıya yanıt, metabolik ve hücresel işleyişlerd"e fonksiyon kazandığı belirlenmiştir. Moleküler işlev de *PtsHsp* genlerinin "bağlayıcı rol" üstlendikleri tespit edilmiştir. Hücresel yerleşimlerinin ise genellikle organellerde ve hücre de olduğu saptanmıştır (Ek 1).



Şekil 3.5. *PtsHsp* genlerinin fonksiyonel analizleri



Şekil 3.5'in devamı

3.2.1.7. sHsp aminoasitlerine ait homoloji modellemesi

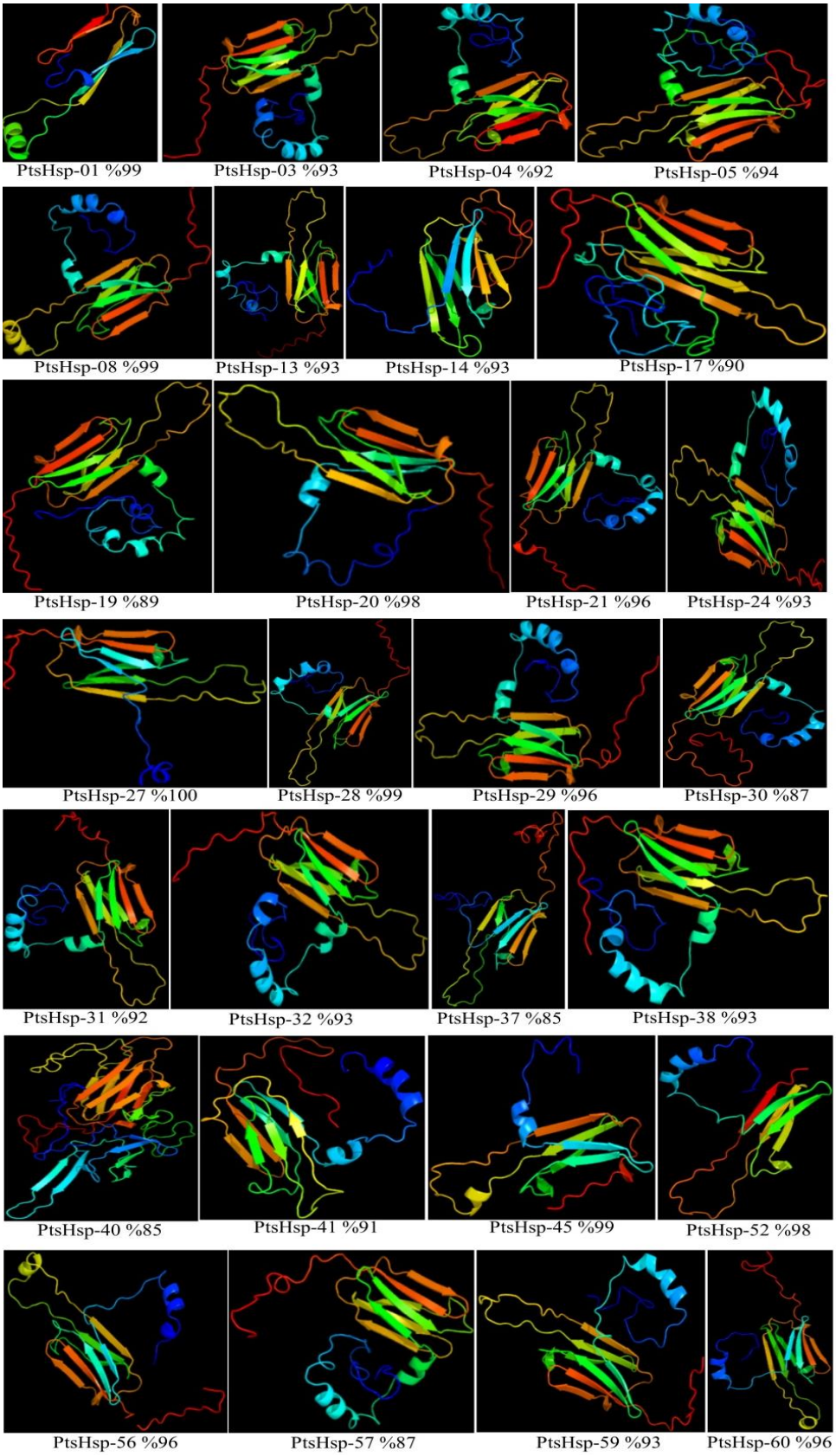
Phyre2 veri tabanında yapılan dizi taramalarına ait toplamda 28 sHsp proteinin modellenmesi yüzdesi >90% güven düzeyinde yapılmıştır. Protein modellemeleri % 85'den 100'e kadar değişiklik göstermiştir.

PtsHsp-27 geni için homoloji modellemesi %100 bulunmuştur. 4 gen için (PtsHsp-01-08-28-45) ise %99 oranında yoğun mod seçimi ile yüksek doğrulukta protein homolojisi belirlenmiştir (Şekil 3.6).

3.2.1.8. sHsp genlerini hedef alan miRNA grupları

Bitki küçük RNA hedef genlerinin hesaplandığı veri tabanı aracılığı ile (psRNA Target: A Plant Small RNA Target Analysis Server) 18 farklı bitkide 24 farklı miRNA hedef genleri tespit edilmiştir (Ek 2).

Toplamda 21 adet *PtsHsp* geni bu miRNA'lar tarafından hedeflenmiştir. PtsHsp-36 geni diğer genlere göre fazla sayıda farklı miRNA'lar tarafından hedeflenmiştir. miR482, miR414 ve miR529 en fazla bulunan miRNA olmuştur (Ek 2).



Şekil 3.6. 28 adet *PtsHsp* geninin tahmini protein yapısı

3.2.1.9. Kavak sHsp genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi

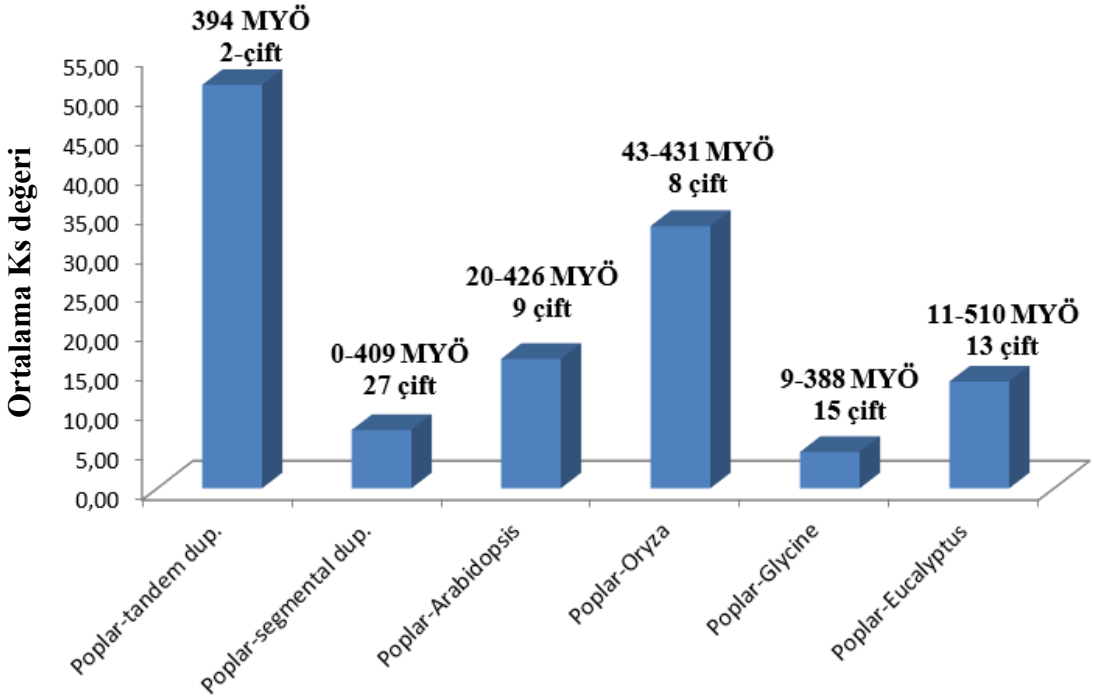
Genomda yapı bakımdan farklılık gösteren fakat fonksiyonel açıdan benzerlik taşıyan genlerin belirlenmesi "ortolog gen haritalarının çıkartılması" ile analiz edilebilmektedir.

Kavak genomunda tanımlanan 60 adet *sHsp* genlerine ait diziler *Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Glycine max ve Eucalyptus grandis* türlerinin gen dizileri ile karşılaştırılmıştır. *Arabidopsis thaliana*'da kromozom *AtChr1*'de lokasyon bulan AT1G07400.1 kod numaralı gen dizisi ile yüksek benzerlik saptanmıştır. *Oryza sativa*'da kromozom *OsChr1*'de lokasyon bulan LOC_Os01g04380.1 kod numaralı gen dizisi ve kromozom *OsChr3*'de yerleşim gösteren LOC_Os03g16030.1 kodlu gen dizileri ile benzerlik tespit edilmiştir. *Glycine max*'da özellikle kromozom 7'de (*GlymaChr7*-Glyma.07G200200.1), kromozom 8'de (*GlymaChr8*-Glyma.08G068700.1) ve kromozom 13'de (*GlymaChr13*- Glyma.13G175700.1) yüksek benzerlik belirlenmiştir. *Eucalyptus grandis* için ortolog ilişkiler incelendiğinde; genomda kod adı "scaffold_2314" nolu lokusda bulunan Eucgr.L03214.1 kodlu dizi ile kromozom 10'da yer alan Eucgr.J01975.1 kodlu dizi karşılaştırmalarının daha yüksek benzerlik taşıdığı görülmüştür (Ek 3).

Ortologları bulunan genomlarda; *Arabidopsis thaliana*'da 0.03, *Oryza sativa*'da 0.01, *Glycine max*'da 0.06 ve *Eucalyptus grandis*'de 0.03 Ka/Ks oranları belirlenmiştir. Genlerin birbirleri ile ne zaman farklılaştığı (ayrılma/izole olduğu) tespit edilmiştir. Ayrılma zamanları incelendiğinde; takriben 122 milyon yıl önce (MYÖ) *Arabidopsis thaliana*'da, 277 MYÖ *Oryza sativa*'da, 42 MYÖ *Glycine max*'da ve 112 MYÖ *Eucalyptus grandis*'de ayrılma gösterdiği belirlenmiştir. Ayrılma zamanına göre en erken farklılaşmanın *Oryza sativa* ile 277 MYÖ meydana geldiği düşünülmektedir (Ek 3).

Kavak genomunda belirlenen 60 adet *PtsHsp* geninin yaklaşık olarak %25'inde bu türler arasında ortolog ilişki gözlenmiştir. *Arabidopsis thaliana* ile %15, *Oryza sativa*

ile %13, *Glycine max* ile %25 *ve Eucalyptus grandis* ile %21 oranında *PtsHsp* genlerinin ortolog ilişkisinin olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.7).



Şekil 3.7. *PtsHsp* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları

3.2.2. Kavak Genomunda Hsp40 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri

3.2.2.1. Hsp40 protein dizilerinin tanımlanması

P. trichocarpa genomunda 145 *PtHsp40* geni tanımlanmıştır. Tanımlanan *Hsp40* genleri için *PtHsp40-01*'den *PtHsp40-145*'e kadar bir isimlendirme yapılmıştır. Bu genler *P. trichocarpa* genomu kromozomlarına kromozom 1'den, kromozom 19'a kadar dağılmıştır (Ek 4).

Hsp40 proteinlerinin amino asit uzunlukları, moleküler ağırlıkları, (pI) izoelektronik etki değeri ve NCBI'daki (Uluslararası Biyoteknoloji Veritabanı) tanımlı ulaşım numarası listelenmiştir. Bu tabloya göre *Hsp40* protein dizilerinin uzunlukları 70' den (*PtHsp40-125*) 2614'e (*PtHsp40-137*) kadar değişiklik göstermektedir. Aminoasitler üzerlerinde asidik ve bazik grupları taşımaktadır. Proteinlerin ayrışmasında rol

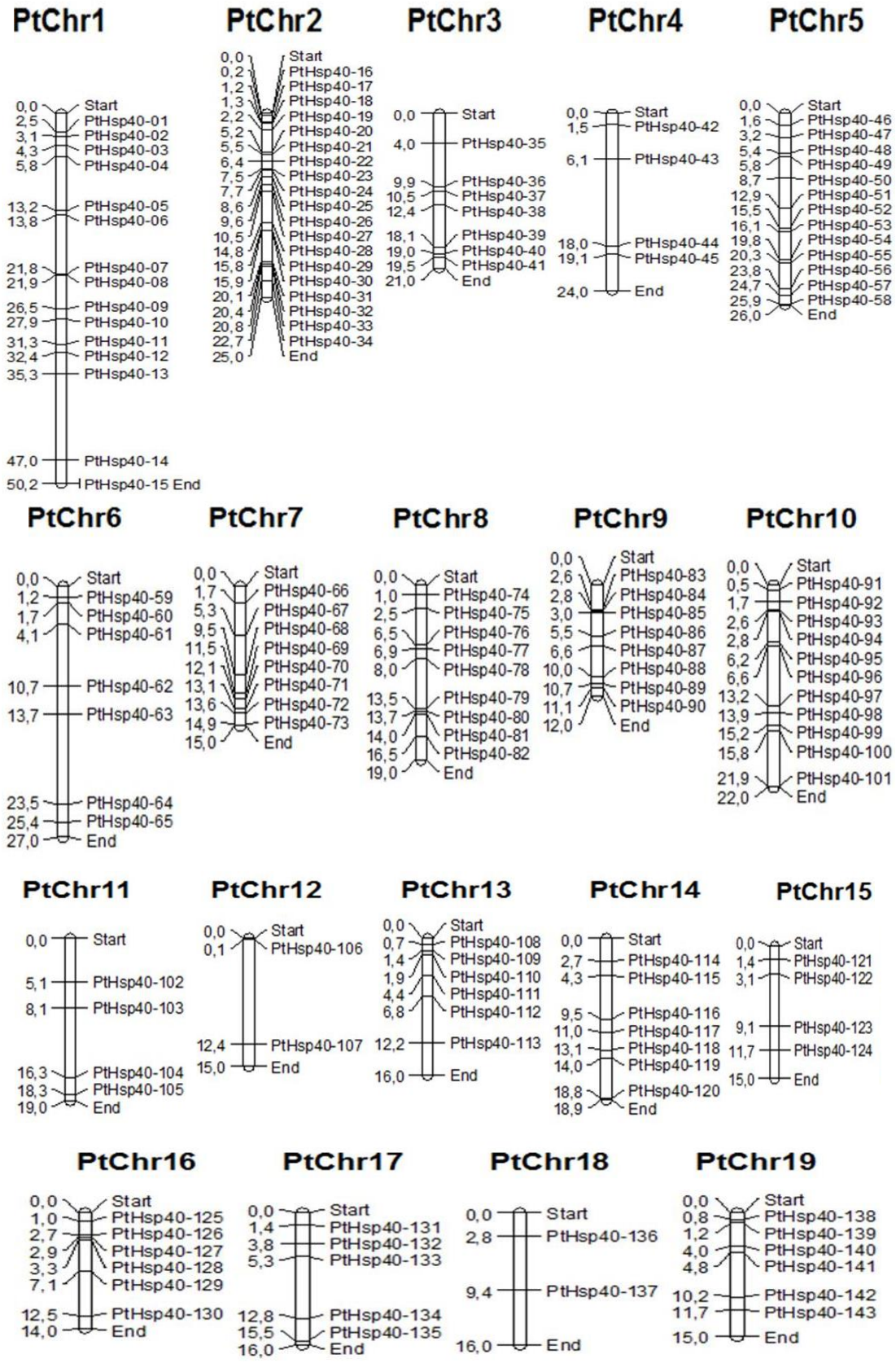
oynayan izoelektronik etki değeri *Hsp40* için (pI) ise 4,5 den (pH<7=asidik) (*PtHsp40-114*) 10,27 (pH>7=bazik) (*PtHsp40-62*) arasında bulunmuştur. Genlerin % 59'unun bazik özellikte olduğu tespit edilmiştir. Moleküler ağırlıkları, *Hsp40* genleri için 7764,55'den (*PtHsp40-125*), 286398,43 aralığında (*PtHsp40-137*) saptanmıştır. Aminoasitlerin genetik kararsızlık indeksleri 40'dan küçük hesaplandığında protein yapısının kararlı olduğu tespit edilmiştir. Tanımlanan PtHsp40 genlerinin % 66 kararlı yapı olduğu tespit edilmiştir.

3.2.2.2. Hsp40 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı

PtHsp40 gen ailesine ait tanımlanan 145 adet genin kromozomlar üzerindeki lokasyonları tespit edilmiştir. PtHsp40-144 ve PtHsp40-145 genleri Scaffold seviyesinde belirlenmiştir. Bu genler haricinde *Hsp40* genlerinin tamamı 19 kromozom üzerinde dağılım göstermiştir (Şekil 3.8). Hsp40 gen ailesine ait tanımlanan genlerin kromozom 2'de (*PtChr2*) %13 oranında en yüksek bulunduğu belirlenmiştir. Kromozomlar üzerinde *Hsp40* genlerinin dağılımı eşit olmamıştır. Kavakta tanımlanan 145 adet Hsp40 genin 19'unda intron bölge görülmemiştir. *PtHsp40-137* geninde diğer genler ile kıyaslandığında en yüksek sayıda 21 adet intron bölgenin varlığı dikkat çekmiştir (Ek 5).

3.2.2.3. Hsp40 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması

Genlerin tandem ve segmental duplikasyonlarının kaç yıl önce birbirlerinden ayrıldıkları hesaplanmıştır ve *PtHsp40* geni için tandem duplikasyonların sırasıyla 0-412 MYÖ ve segmental duplikasyonların 0-512 MYÖ farklılaşmaların olduğu ortaya konulmuştur (Tablo 3.6; Ek 6; Ek 7). Hsp40 gen ailesinin tandem ve segmental duplikasyonları Tablo 3.5'de belirlenmiştir. Kavakta Hsp40'da tanımlanan tüm genlerin birbirleri ile segmental bir dağılım oluşturduğu görülmüştür. Kromozom 1'de yer alan genlerin diğer kromozomlar üzerindeki genlerden daha yüksek duplikasyon gösterdiği görülmüştür. Hsp40 genlerinin dağılımlarına bakıldığında 81 adet genin % 56 oranında segmental dağılım gösterdiği tespit edilmiştir. Kromozom 8'de yer alan altı genin farklı kromozomlar üzerinde dağılım gösterdiği saptanmıştır (Şekil 3.8).



Şekil 3.8. Kromozomlar üzerinde 145 *PtHsp40* genin lokasyonları

Tablo 3.6. *PtHsp40 genlerine ait tandem duplikasyonlar*

Krmz	Gen Kod No	Duplikasyn	Uzaklık	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
2	PtHsp40-31	PtHsp40-21	14557	2,4387	0,4699	0,1927	18,7592
6	PtHsp40-65	PtHsp40-60	23673	43,6124	0,8063	0,0185	335,4800
7	PtHsp40-67	PtHsp40-76	6891	53,6730	1,0689	0,0199	412,8692
8	PtHsp40-78	PtHsp40-79	5446	26,2035	0,2950	0,0113	201,5654
10	PtHsp40-94	PtHsp40-93	265	0,0135	0,0051	0,3778	0,1038
10	PtHsp40-96	PtHsp40-98	7609	14,1476	0,2846	0,0201	108,8277
10	PtHsp40-99	PtHsp40-96	8930	7,4406	1,1001	0,1479	57,2354
10	PtHsp40-101	PtHsp40-100	16836	2,1818	5,7891	2,6534	16,7831
12	PtHsp40-107	PtHsp40-106	12294	3,3969	0,4426	0,1303	26,1300
14	PtHsp40-120	PtHsp40-119	4786	0,0001	0,0129	129,0000	0,0008
Ortalama				**15,311**	**1,0275**	**13,2572**	**117,7755**

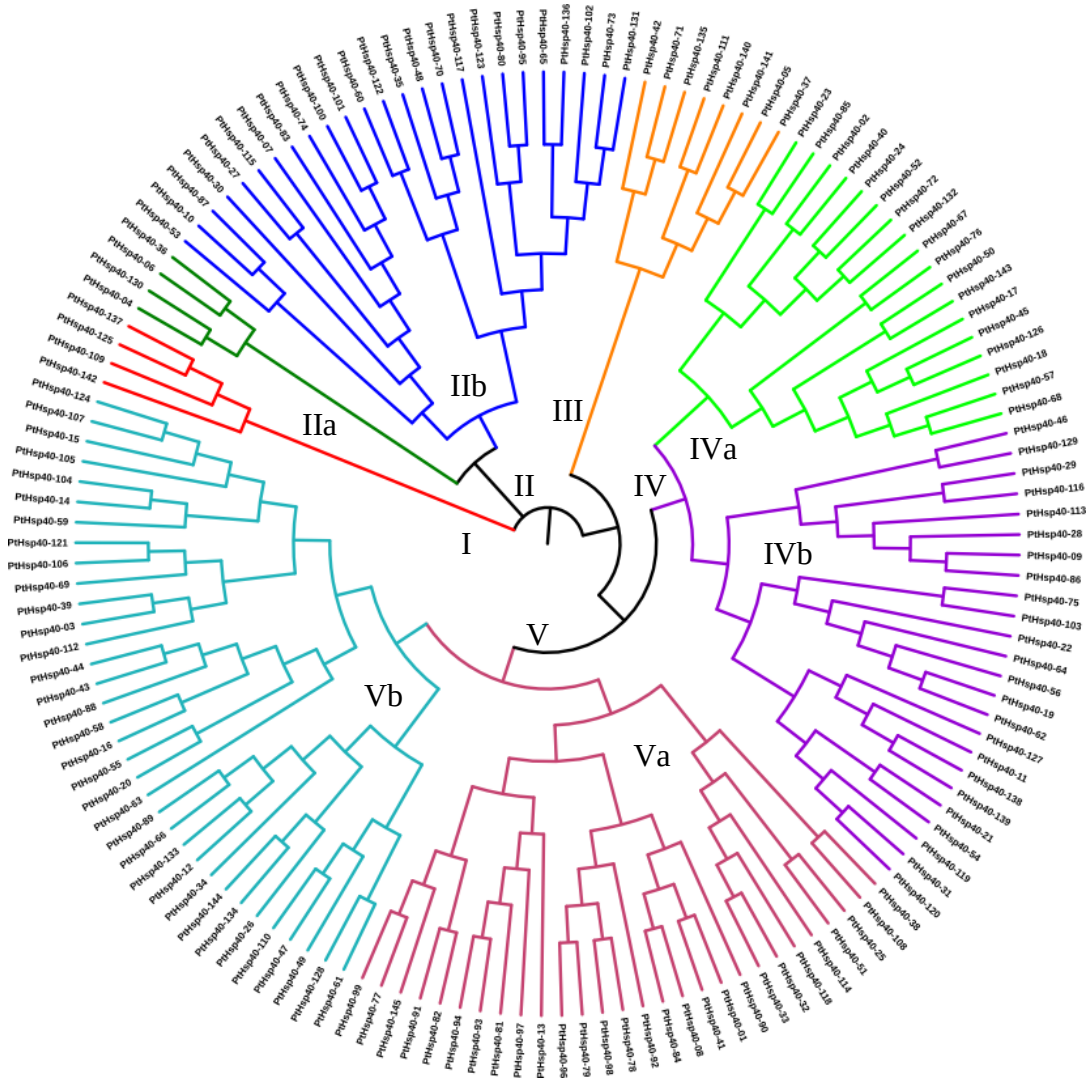
3.2.2.4. Hsp40 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi

Korunmuş Hsp40 proteinlerinin yapısının evrimsel olarak dağılımını anlamak için detaylı filogenetik sınıflandırma yapılmıştır. 145 adet *Hsp40* geni için filogenik ilişkilendirmede; 5 ana grup oluşmuştur. Sırasıyla her grupta 4, 29, 8, 42 ve 62 protein yer almıştır. Gruplar kendi içerisinde farklı alt gruplara ayrılmıştır (Şekil 3.9).

3.2.2.5. Hsp40 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi

Filogenetik ağacın doğruluğunu kontrol edebilmek için korunmuş motiflerin analizi yapılmıştır. MEME veri tabanına PtHsp40 proteinlerinin tüm aminoasit dizileri yüklenmiştir. *PtHsp40* genleri iki grup olarak MEME veri tabanına yüklenebilmiştir. *PtHsp40* genleri için 15 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır.

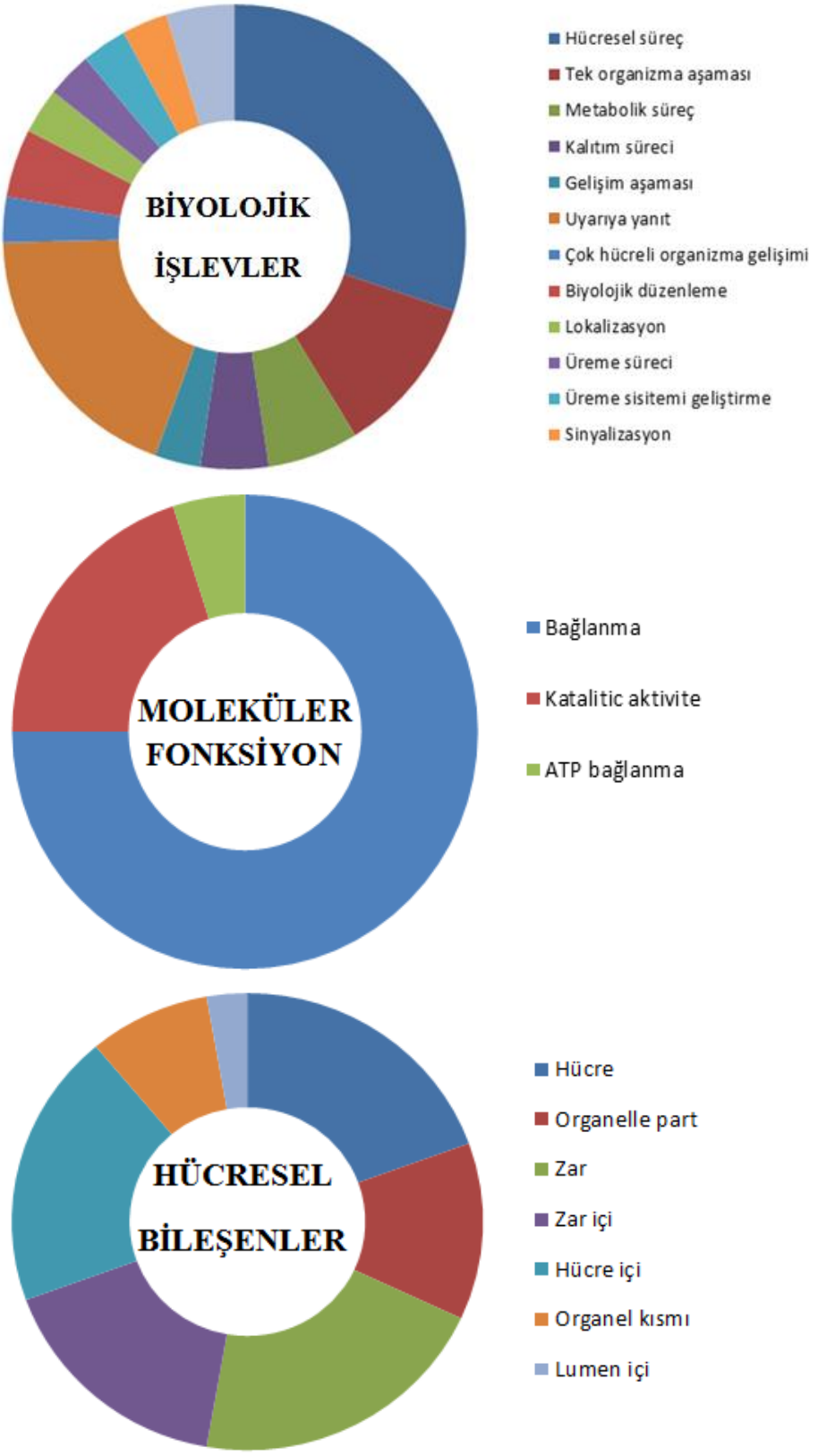
Benzer motif kompozisyonları PtHsp40 proteinleri arasında yapısal olarak bir benzerlik sağlar. Örneğin; tandem duplikasyonların aynı filogenetik grup içerisinde bulunduğu belirlenmiştir. Çoğunda 15 motif kompozisyonun korunduğu görülmüştür. PtHsp40 proteinleri kendi içerisinde korunmuş bölgeler içermektedir (Ek 8, Ek 9).



Şekil 3.9. *PtHsp40* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması

3.2.2.6. Hsp40 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin gruplandırılması

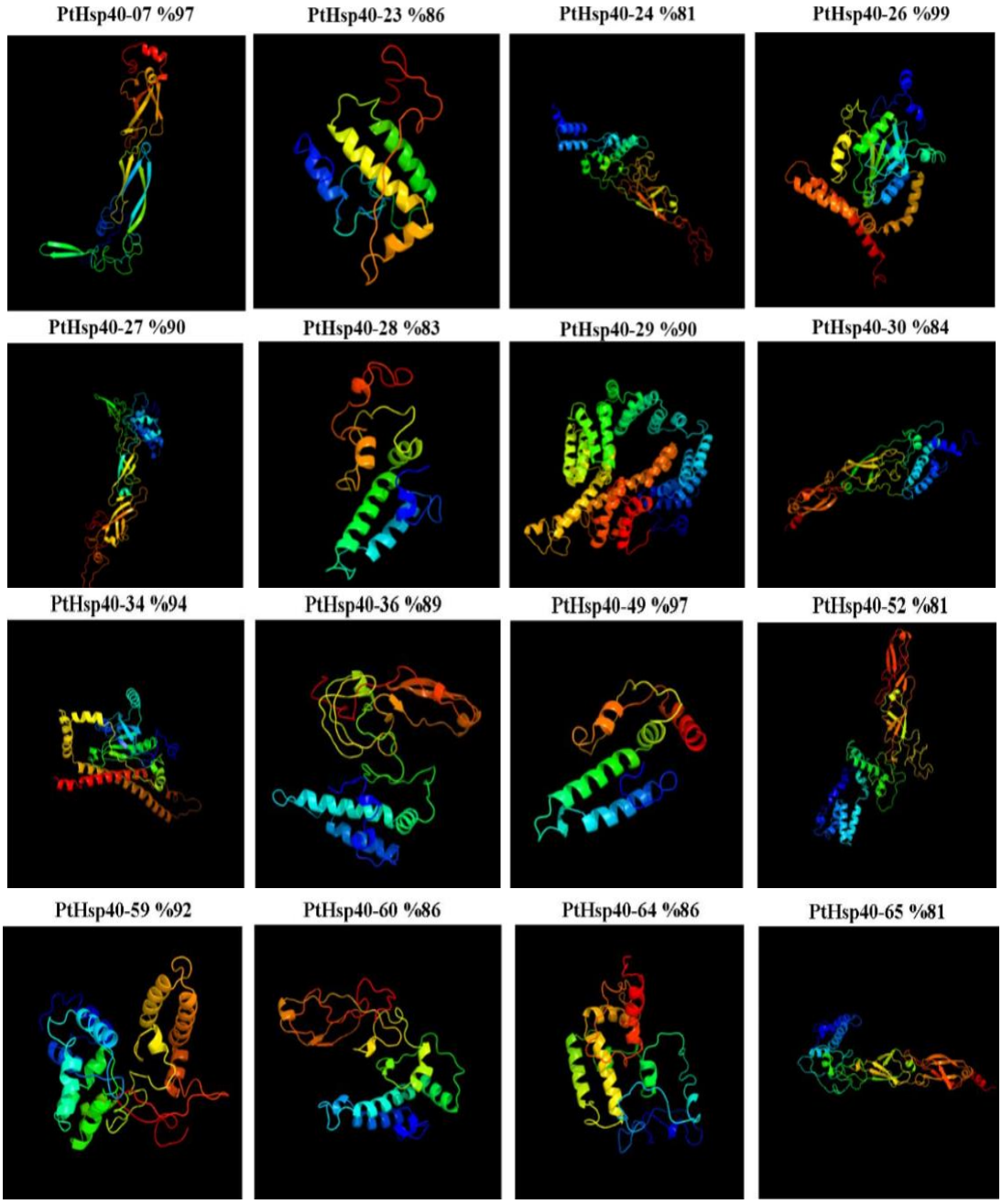
PtHsp40 genlerinin fonksiyonel işlevlerini belirlemek için 145 adet gen Blast2Go yazılım programı kategorilerinde ifade edilmiştir. PtHsp40 proteinleri için hücresel lokasyonlar, moleküler ve biyolojik işlevler belirlenmiştir (Şekil 3.10). Yapılan analiz sonucunda; biyolojik işlevde 12 farklı fonksiyon tespit edilmiştir. Moleküler işlevde *PtHsp40* genleri ise "Bağlanma"dan farklı olarak "katalitik aktivite" ve "ATP bağlama" olarak toplam üç kategoriye ayrılmıştır (Ek 10).



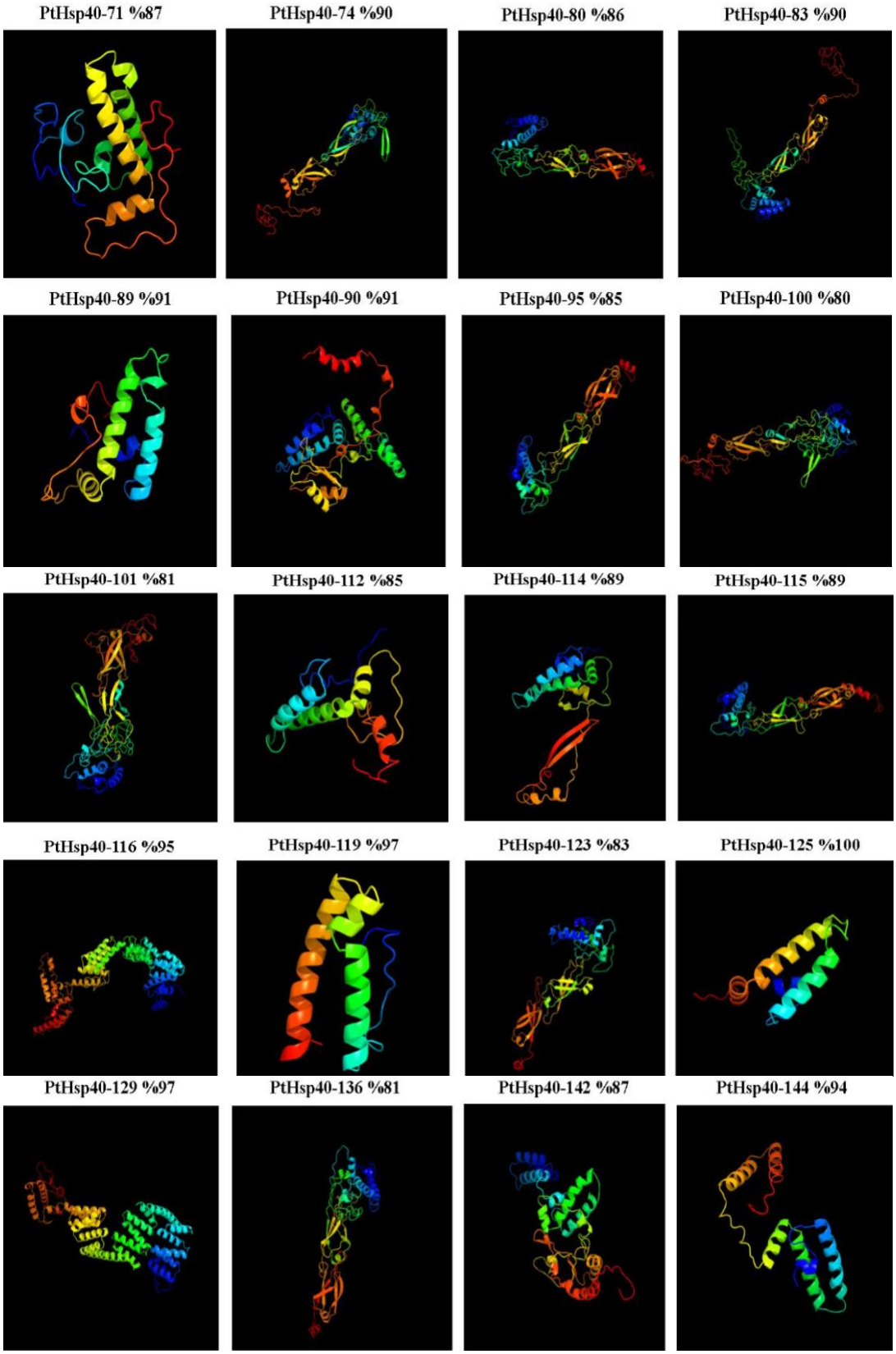
Şekil 3.10. PtHsp40 genlerinin fonksiyonel analizleri

3.2.2.7. Hsp40 aminoasitlerine ait homoloji modellemesi

PtHsp40 proteinlerinin modellenme yüzdesi >90% güven düzeyinde 80'den 100'e kadar değişiklik gösteren oran belirlenmiştir. Toplamda 36 adet Hsp40 proteini yüksek homoloji göstermiştir (Şekil 3.11). Sadece *PtHsp40-125* proteininde dizisi %100 homoloji belirlenmiştir.



Şekil 3.11. 36 adet *PtHsp40* geninin tahmini protein yapısı



Şekil 3.11'in devamı

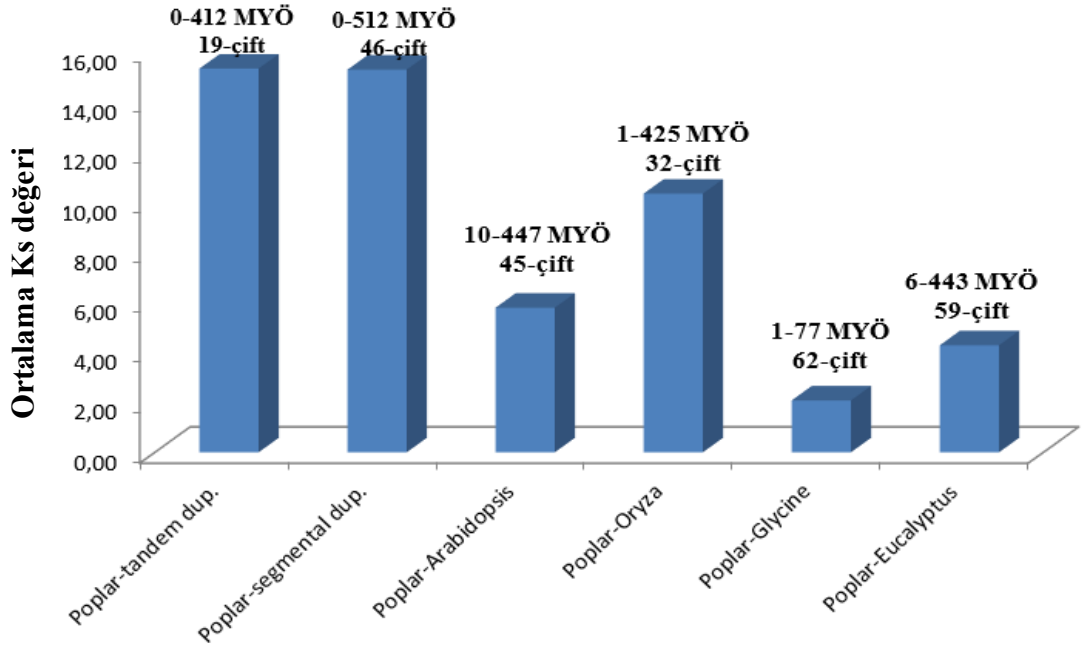
3.2.2.8. Hsp40 genlerini hedef alan miRNA grupları

Bitki küçük RNA hedef genlerinin hesaplandığı veri tabanından (psRNA Target: A Plant Small RNA Target Analysis Server) hedef genler tespit edilmiştir. Toplamda 67 *PtHsp40* geni 43 farklı bitki miRNA'sında hedeflenmiştir. *PtHsp40-96* geni diğer genlerden fazla sayıda farklı miRNA'lar ile hedeflenmiştir. Tanımlanan 145 farklı PtHsp40 geninden 72 farklı miRNA tespit edilmiştir. En fazla sayıda bulunan miRNA ise; miR5272, miR156, miR166, miR2673, miR482 ve miR414 olmuştur (Ek 11).

3.2.2.9. Kavak Hsp40 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi

Kavak genomunda tanımlanan 145 adet *Hsp40* genlerine ait diziler *Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Glycine max ve Eucalyptus grandis* türlerinin gen dizileri ile karşılaştırılmıştır. *Arabidopsis thaliana*'da kromozom *AtChr3*'de lokasyon bulan AT3G44110.1 kod numaralı gen dizisi ile yüksek benzerlik saptanmıştır. *Oryza sativa*'da kromozom *OsChr3*'de lokasyon bulan LOC_Os03g44620.2 kod numaralı gen dizisi ile benzerlik tespit edilmiştir. *Glycine max*'da özellikle kromozom 12'de (*GlymaChr12-Glyma.12G095700.1*) yüksek benzerlik belirlenmiştir. *Eucalyptus grandis* için ortolog ilişkiler incelendiğinde; genomda kromozom 10'da yer alan Eucgr.J00292.1 ve Eucgr.J00583.1 kodlu dizi karşılaştırmalarının daha yüksek benzerlik taşıdığı görülmüştür (Ek 12). Ortologları bulunan genomlarda; *Arabidopsis thaliana*'da 0.15, *Oryza sativa*'da 1.84, *Glycine max*'da 0.61 ve *Eucalyptus grandis*'de 0.18 Ka/Ks oranları belirlenmiştir. Ayrıca, genlerin birbirleri ile ne zaman farklılaştığı (ayrılma/izole olduğu) tespit edilmiştir. Ayrılma zamanları incelendiğinde ortalama takriben 44 milyon yıl önce (MYÖ) *Arabidopsis thaliana*'da, 79 MYÖ *Oryza sativa*'da, 16 MYÖ *Glycine max*'da ve 32 MYÖ *Eucalyptus grandis*'de ayrılma gösterdiği belirlenmiştir. Ayrılma zamanına göre en erken farklılaşmanın *Oryza sativa* ile 79 MYÖ meydana geldiği düşünülmektedir (Ek 12). Kavak genomunda belirlenen 145 adet *PtHsp40* geninin yaklaşık olarak %45'inde bu türler arasında ortolog ilişki gözlenmiştir. *Arabidopsis thaliana* ile %31, *Oryza sativa* ile %22, *Glycine max* ile 42

ve Eucalyptus grandis ile %40 oranında *PtHsp40* genlerinin ortolog ilişkisinin olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.12).



Şekil 3.12. *PtHsp40* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları

3.2.3. Kavak Genomunda Hsp60 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri

3.2.3.1. Hsp60 protein dizilerinin tanımlanması

P. trichocarpa genomunda 49 adet *PtHsp60* geni tanımlanmıştır. Bulunan *Hsp60* genleri için *PtHsp60-01*'den *PtHsp60-49*'a kadar bir isimlendirme yapılmıştır. Bu genler *P. trichocarpa* genomu kromozomlarına dağılmıştır (Tablo 3.6). Tablo 3.6'ya göre Hsp60 protein dizilerinin uzunlukları 95 den (*PtHsp60-07*) 1828'e (*PtHsp60-04)* kadar değişiklik göstermektedir. Aminoasitler üzerlerinde asidik ve bazik grupları taşımaktadır. Proteinlerin ayrışmasında rol oynayan izoelektronik etki değeri Hsp60 için (pI) ise 4,75'den (pH<7=asidik) (*PtHsp60-07*) 9,37 (pH>7=bazik) (*PtHsp60-11*) arasında bulunmuştur. Genlerin % 75'inin asidik özellikte olduğu tespit edilmiştir. Moleküler ağırlıkları *Hsp60* genleri için 10260,91 Da (*PtHsp60-07*) dan 203474,5 Da aralığında (*PtHsp60-04*) olduğu saptanmıştır. Tanımlanan *PtHsp60* genlerinin % 79'unun kararlı yapıda olduğu tespit edilmiştir.

Tablo 3.7. *Kavakta (Populus trichocarpa Torrey & A. Gray) belirlenen 49 adet PtHsp60 genine ait tanımlayıcı özellikler*

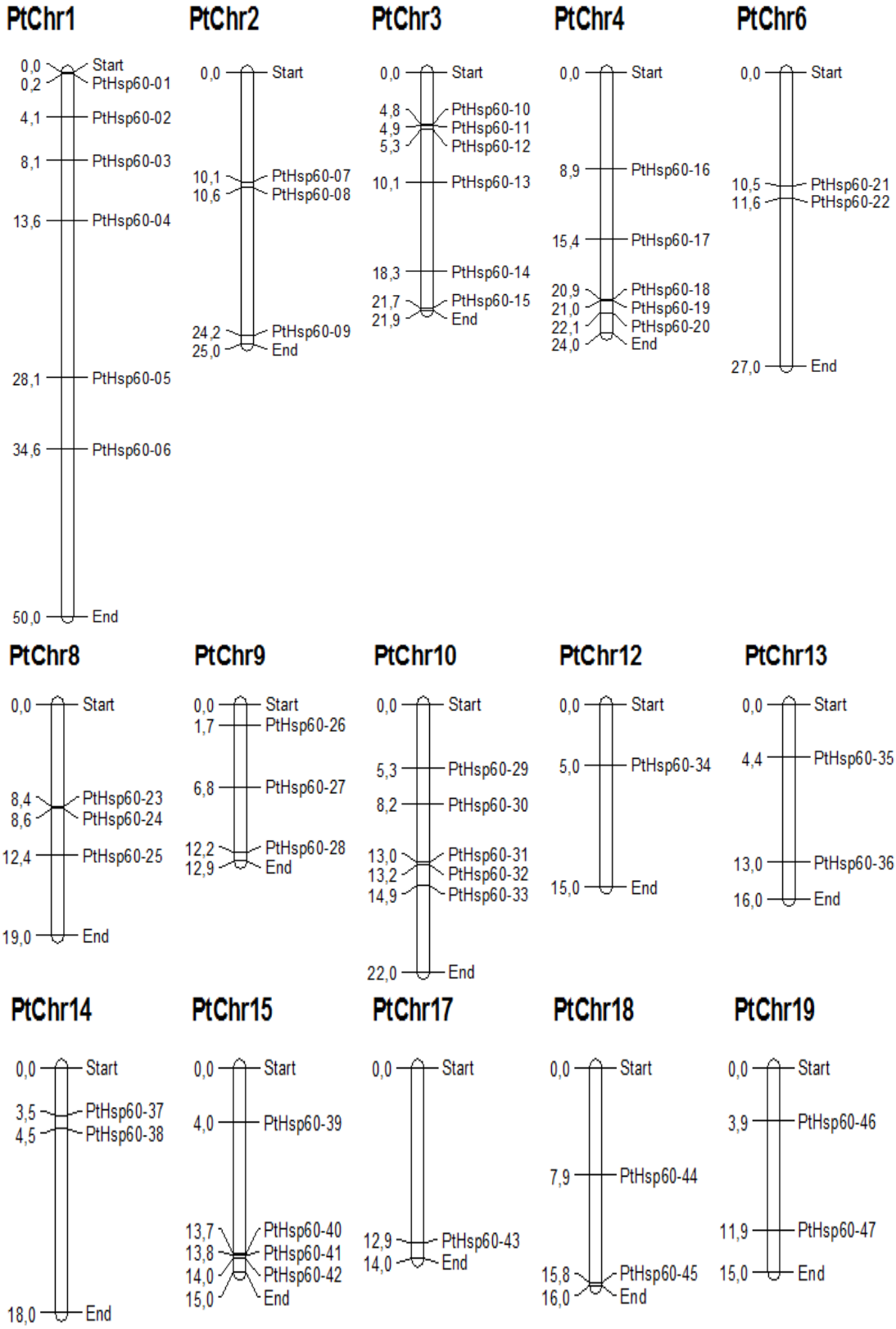
Gen Kodları	Phytozome Kod No	Genom Üzerindeki Fiziksel Yerleşimi			Protein Uzun. (aa)	İzoelektrik Noktası (pI)	Molekül ağırlığı (Da)	Kararszlık indeksi	Protein Oluş. Durumu	Filo. Gen. Grup	NCBI Kod No	NCBI BLASTP Tanımlaması
		Krom. No	Başlangıç Lokusu (bp)	Bitiş Lokusu (bp)								
PtHsp60-01	Potri.001G002500.2	Chr01	155848	160490	607	5,62	64244,53	27,94	kararlı	IVa	XP_002297617.1	hypothetical protein POPTR_0001s03980g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-02	Potri.001G054400.1	Chr01	4122156	4127012	574	5,66	60991,01	26,89	kararlı	IVb	XP_002299295.2	Chaperonin CPN60-2 family protein [Populus
PtHsp60-03	Potri.001G101200.1	Chr01	8051875	8054179	338	4,96	38192,87	64,60	kararsız	I	XP_002298019.1	hypothetical protein POPTR_0001s09680g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-04	Potri.001G163200.1	Chr01	13644365	13654263	1828	5,44	203474,5	53,63	kararsız	I	XP_006369088.1	phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase family protein [Populus
PtHsp60-05	Potri.001G274300.1	Chr01	28074920	28077557	97	7,93	10679,46	18,49	kararlı	IVa	XP_002299972.1	10 kDa chaperonin family protein [Populus
PtHsp60-06	Potri.001G341100.1	Chr01	34593578	34598640	526	5,65	57135,15	30,46	kararlı	III	XP_002298565.2	hypothetical protein POPTR_0001s35790g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-07	Potri.002G135700.1	Chr02	10108124	10109821	95	4,75	10260,91	19,1	kararlı	II	XP_002302485.2	hypothetical protein POPTR_0002s13670g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-08	Potri.002G142700.1	Chr02	10586089	10592711	546	5,97	59122,44	28,97	kararlı	III	XP_002301257.2	t-complex polypeptide 1 family protein [Populus
PtHsp60-09	Potri.002G252900.1	Chr02	24201975	24206840	575	5,84	61124,36	25,59	kararlı	IVb	XP_002303091.1	Chaperonin CPN60-2 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp60-10	Potri.003G037400.1	Chr03	4848067	4853070	383	5,28	41523,91	24,90	kararlı	III	XP_006385442.1	hypothetical protein POPTR_0003s04540g
PtHsp60-11	Potri.003G037500.1	Chr03	4864279	4866659	224	9,37	23564,27	19,13	kararlı	IVb	XP_006385443.1	hypothetical protein POPTR_0003s04550g
PtHsp60-12	Potri.003G039600.1	Chr03	5265608	5269898	447	5,94	47749,84	27,48	kararlı	III	XP_002299295.2	Chaperonin CPN60-2 family protein [Populus
PtHsp60-13	Potri.003G072300.1	Chr03	10119265	10127787	1819	5,39	202599,1	50,87	kararsız	I	XP_002303331.2	hypothetical protein POPTR_0003s06990g
PtHsp60-14	Potri.003G173900.1	Chr03	18305437	18310287	574	5,75	61175,32	25,40	kararlı	IVb	XP_002299295.2	Chaperonin CPN60-2 family protein [Populus trichocarpa]

Tablo 3.7'nin devamı

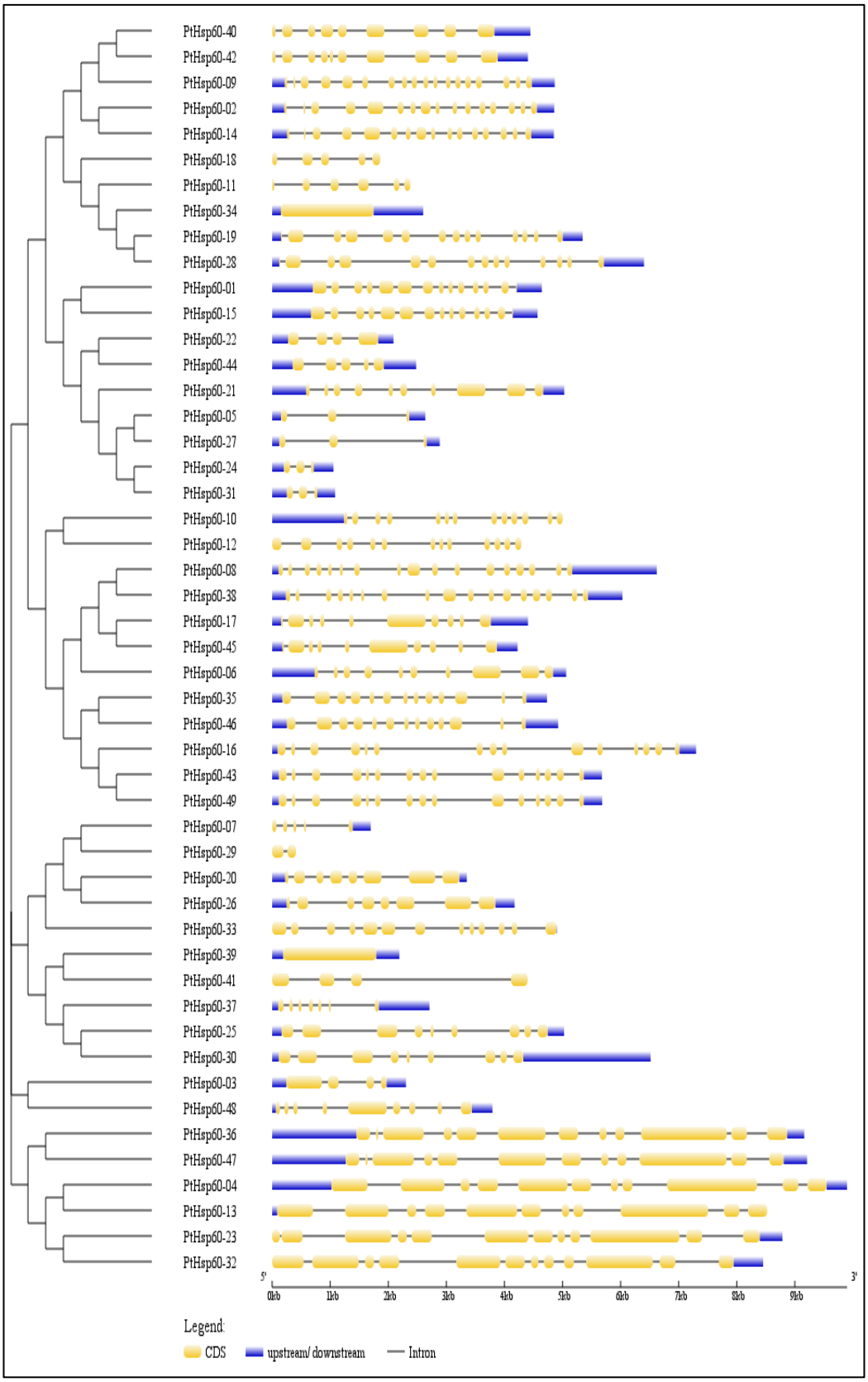
PtHsp60-15	Potri.003G222400.1	Chr03	21675609	21680178	607	5,73	64543,96	27,11	kararlı	IVa	XP_002303983.1	chaperonin precursor family protein [Populus
PtHsp60-16	Potri.004G101500.1	Chr04	8897354	8904653	535	6,08	59085,11	33,94	kararlı	III	XP_006384204.1	hypothetical protein POPTR_0004s10100g
PtHsp60-17	Potri.004G133800.1	Chr04	15403164	15407569	556	5,92	60464,80	39,00	kararlı	III	XP_002305345.1	hypothetical protein POPTR_0004s14120g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-18	Potri.004G195100.1	Chr04	20867139	20869001	214	4,82	23584,74	37,04	kararlı	IVb	XP_006384733.1	chaperonin family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp60-19	Potri.004G195300.2	Chr04	20877413	20882759	561	6,2	60440,14	38,28	kararlı	IVb	XP_006384733.1	chaperonin family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp60-20	Potri.004G213400.1	Chr04	22114421	22117772	587	5,16	62072,93	32,75	kararlı	II	XP_006384931.1	Rubısco subunıt bındıng-protein alpha subunıt
PtHsp60-21	Potri.006G128600.4	Chr06	10479639	10484668	527	5,54	57207,17	35,21	kararlı	IVa	XP_006381460.1	hypothetical protein POPTR_0006s13050g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-22	Potri.006G138600.1	Chr06	11565228	11567317	285	8,63	30364,92	33,14	kararlı	IVa	XP_006381585.1	20 kDa chaperonin family protein [Populus
PtHsp60-23	Potri.008G128800.1	Chr08	8386523	8395308	1752	6,06	195872,7	48,23	kararsız	I	XP_002312432.2	hypothetical protein POPTR_0008s127802g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-24	Potri.008G130500.1	Chr08	8575891	8576946	97	6,58	10451,11	32,67	kararlı	IVa	XP_002311504.1	hypothetical protein POPTR_0008s12950g
PtHsp60-25	Potri.008G182300.1	Chr08	12417992	12423018	535	5,68	59185,17	42,52	kararsız	II	XP_002312651.1	T-complex protein 1
PtHsp60-26	Potri.009G009300.1	Chr09	1670392	1674566	586	5,24	61990,80	33,37	kararlı	II	XP_002313525.1	Rubısco Subunıt Bındıng-Protein Alpha Subunıt [Populus
PtHsp60-27	Potri.009G068900.1	Chr09	6817730	6820615	97	7,81	10753,62	21,08	kararlı	IVa	XP_002313267.1	10 kDa chaperonin family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp60-28	Potri.009G157400.1	Chr09	12216807	12223209	561	6,03	60330,99	36,62	kararlı	IVb	XP_002312854.1	chaperonin family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp60-29	Potri.010G033200.1	Chr10	5340367	5340777	114	5,85	13012,87	15,00	kararlı	II	XP_006378148.1	hypothetical protein POPTR_0010s04010g [Populus trichocarpa]
PtHsp60-30	Potri.010G051700.2	Chr10	8224480	8230995	535	5,71	59039,07	42,61	kararsız	II	XP_002315646.1	T-complex protein 1 [Populus trichocarpa]

Tablo 3.7'nin devamı

PtHsp60-31	Potri.010G111600.1	Chr10	13027255	13028339	97	8,01	10435,11	36,63	kararlı	IVa	XP_002315880.1	hypothetical protein POPTR_0010s12180g
PtHsp60-32	Potri.010G113700.1	Chr10	13207129	13215582	1684	5,77	187919,7	47,88	kararsız	I	XP_002314813.2	phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase family protein [Populus
PtHsp60-33	Potri.010G135100.1	Chr10	14902623	14907528	627	8.01	67868,68	31,01	kararlı	II	XP_002315987.2	hypothetical protein POPTR_0010s14520g
PtHsp60-34	Potri.012G051300.1	Chr12	5009097	5011697	531	7,13	57368,81	34,19	kararlı	IVb	XP_002317895.1	Chaperonin family protein [Populus
PtHsp60-35	Potri.013G058500.1	Chr13	4384719	4389451	545	5,28	58663,41	36,60	kararlı	III	XP_002319163.1	hypothetical protein POPTR_0013s05500g
PtHsp60-36	Potri.013G116400.1	Chr13	12981303	12990464	1654	5,60	184678,7	45,79	kararsız	I	XP_006376330.1	hypothetical protein POPTR_0013s12070g
PtHsp60-37	Potri.014G044300.1	Chr14	3538916	3541624	138	8,91	14988,49	25,57	kararlı	II	XP_006375101.1	chaperonin 10 family protein [Populus
PtHsp60-38	Potri.014G058500.1	Chr14	4528355	4534386	546	5,74	59275,48	30,60	kararlı	III	XP_006375264.1	t-complex polypeptide 1 family protein [Populus
PtHsp60-39	Potri.015G042600.1	Chr15	4040696	4042886	533	6,54	57663,11	34,71	kararlı	II	XP_002322076.1	chaperonin family protein [Populus
PtHsp60-40	Potri.015G122800.1	Chr15	13653311	13657757	585	8.33	62225,12	30,23	kararlı	IVb	XP_006374694.1	hypothetical protein POPTR_0015s15270g
PtHsp60-41	Potri.015G123200.1	Chr15	13691247	13695646	337	7,56	35830,68	27,77	kararlı	II	XP_006374694.1	hypothetical protein POPTR_0015s15270g
PtHsp60-42	Potri.015G123600.1	Chr15	13711820	13716224	574	8,34	60978,57	30,40	kararlı	IVb	XP_006374694.1	hypothetical protein POPTR_0015s15270g
PtHsp60-43	Potri.017G113600	Chr17	12871958	12877635	535	6,19	59048.13	32.68	kararlı	III	XP_006373443.1	chaperonin family protein
PtHsp60-44	Potri.018G063200.2	Chr18	7866478	7868957	258	7,77	27115.13	27.13	kararlı	IVa	XP_002324138.1	20 kDa chaperonin family protein [Populus
PtHsp60-45	Potri.018G138200.1	Chr18	15789719	15793944	556	6,04	60518.92	40.04	kararsız	III	XP_002325286.2	hypothetical protein POPTR_0019s00210g
PtHsp60-46	Potri.019G034200.1	Chr19	3851384	3856308	545	5,34	58735.38	35.57	kararlı	III	XP_002325835.1	hypothetical protein POPTR_0019s04980g
PtHsp60-47	Potri.019G087000.1	Chr19	11891036	11900246	1633	5,54	183513.3	45.58	kararsız	I	XP_002326011.2	phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase family protein [Populus
PtHsp60-48	Potri.T046300.1	Scaf. 42	305469	309262	479	5,36	52351.38	38.39	stable	I	XP_002325286.2	hypothetical protein POPTR_0019s00210g
PtHsp60-49	Potri.T147600.1	Scaf. 480	8579	14261	535	6,08	59049.11	32.14	stable	III	XP_006373443.1	chaperonin family protein [Populus



Şekil 3.13. Kromozomlar üzerinde 49 *PtHsp60* genlerinin lokasyonları



Şekil 3.14. *PtHsp60* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri

3.2.3.2. Hsp60 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı

PtHsp60 gen ailesine ait tanımlanan 49 genin kromozomlar üzerindeki lokasyonları tespit edilmiştir. *PtHsp60-48* ve *PtHsp60-49* genleri Scaffold (kromozom üzerinde yerleşim yerleri belirlenememiş) seviyesinde belirlenmiştir. Bu genler haricinde *Hsp60* genleri kromozom üzerinde (PtChr1/2/3/4/6/8/9/10/12/13/14/15/17/18/19) dağılım göstermiştir (Şekil 3.13). *Hsp60* gen ailesine ait tanımlanan genlerin kromozomlara dağılımın oransal olarak yakın bulunduğu belirlenmiştir. Kavakta tanımlanan 49 *Hsp60* genin 2'sinde (*PtHsp60-34-39)* intron bölge görülmemiştir (Şekil 3.14).

3.2.3.3. Hsp60 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması

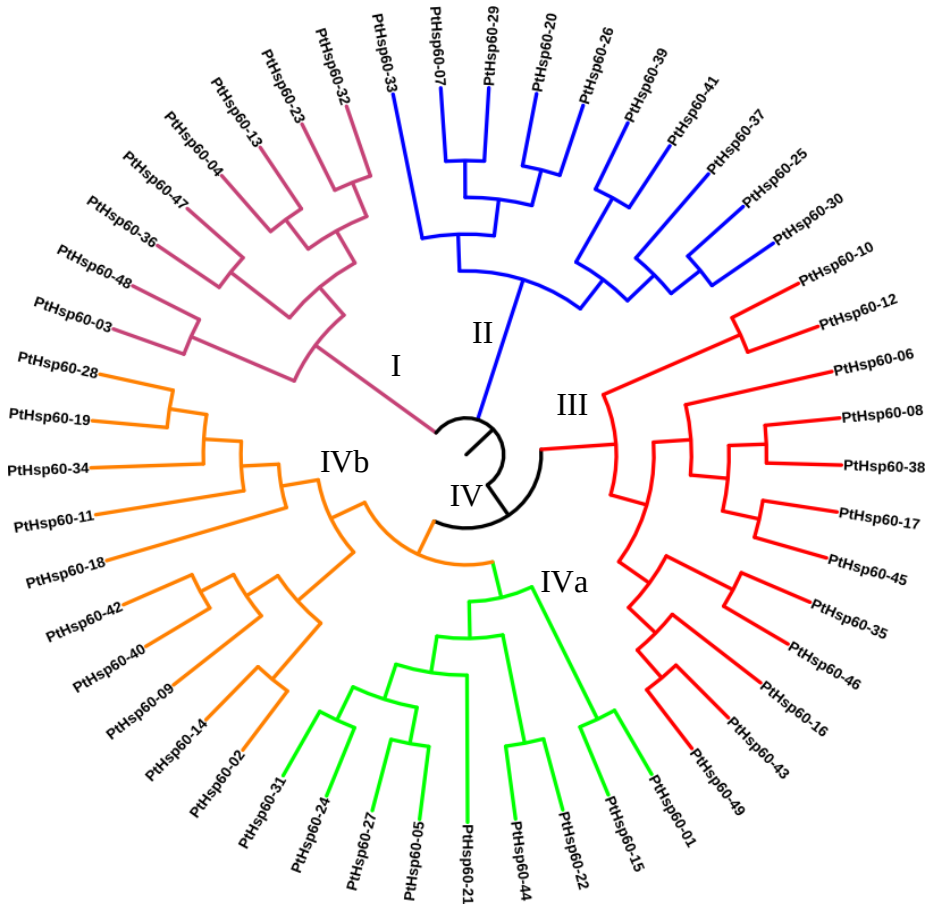
Genlerin tandem ve segmental duplikasyonlarının kaç yıl önce birbirlerinden ayrıldıklarına bakıldığında; *PtHsp60* gen ailesi üyelerinin tandem duplikasyonları için 0-419 MYÖ ve segmental duplikasyonlar için 0-432 MYÖ (milyon yıl önce) aralıklarında birbirlerinden farklılaştıkları belirlenmiştir. Segmental dağılım tüm genlerin %91'ini oluşturmuştur. PtHsp60-20 geni diğer genlerden daha fazla sayıda gen (8 gen) ile duplikasyon göstermiştir (Ek 13). Tandem duplikasyonların kromozom PtChr1-3 ve 15'de dağılım gösterdiği tespit edilmiştir (Tablo 3.8).

Tablo 3.8. *PtHsp60 genlerine ait tandem duplikasyonlar*

Krmz.	Gen Kod	Duplikasyon	Uzaklık	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
3	PtHsp60-3	PtHsp60-12	5317403	0,1778	17,602	99,0011	1,3677
		PtHsp60-15	2786267	54,5641	1,0596	0,0194	419,7238
3	PtHsp60-11	PtHsp60-12	401329	0,0087	0,0129	1,4828	0,0669
3	PtHsp60-13	PtHsp60-11	5254986	55,154	0,993	0,0180	424,2615
3	PtHsp60-14	PtHsp60-10	13457370	5,4895	0,1961	0,0357	42,2269
		PtHsp60-12	13039829	5,7235	0,1763	0,0308	44,0269
		PtHsp60-15	3370172	50,2432	0,5551	0,0110	386,4862
15	PtHsp60-41	PtHsp60-40	37936	0,0209	0,008	0,3828	0,1608
Ortalama				**21,4227**	**2,5754**	**12,6227**	**164,7901**

3.2.3.4. *Hsp60 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi*

Korunmuş Hsp60 proteinlerinin yapısının evrimsel olarak dağılımını anlamak için detaylı filogenetik sınıflandırma yapılmıştır. Hsp60 için filogenetik analiz sonucu 4 ana grup oluşmuştur (Cluster I-II-III-IV). Sırasıyla her grupta 8, 10, 12, 9 ve 10 protein bulunmaktadır. Gruplar kendi içerisinde farklı alt gruplara ayrılmıştır (Tablo 3.6, Şekil 3.15).

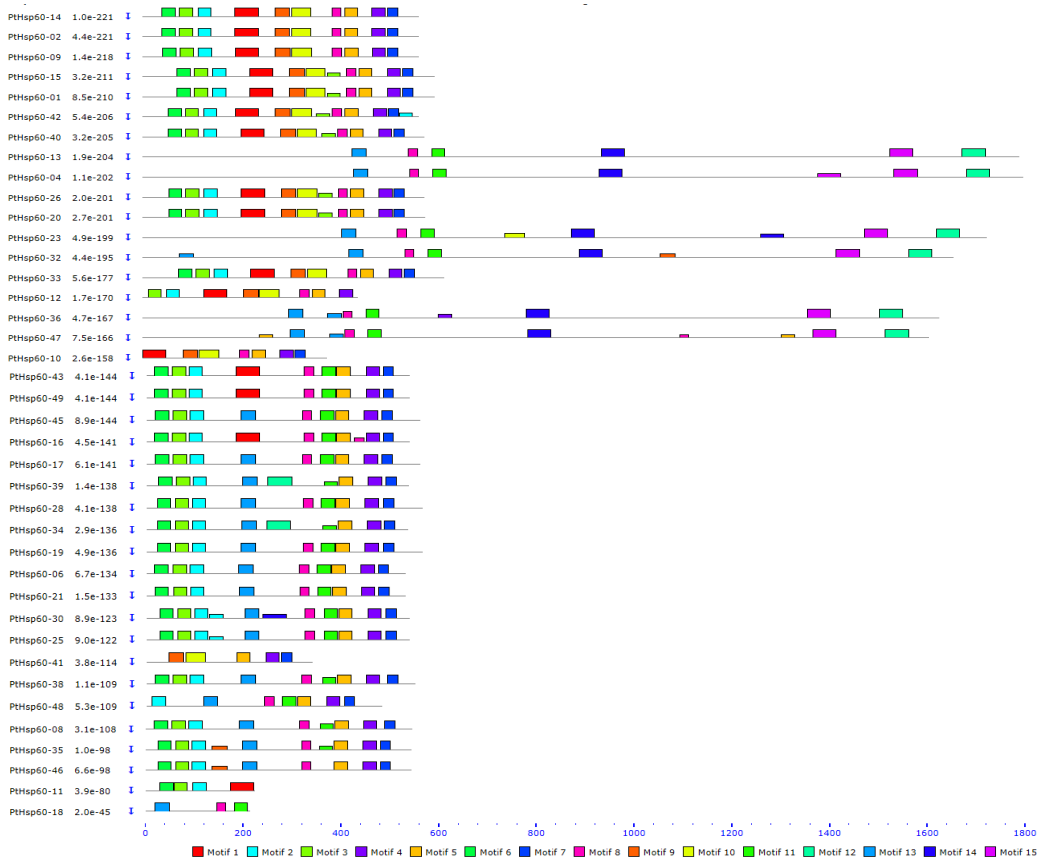


Şekil 3.15. *PtHsp60* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması

3.2.3.5. *Hsp60 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi*

Filogenetik ağacın doğruluğunu kontrol edebilmek için korunmuş motiflerin analizi yapılmıştır. MEME veri tabanına PtHsp60 proteinlerinin aminoasit dizileri iki grup

olarak MEME veri tabanına yüklenebilmiştir. PtHsp60 için 15 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır (Tablo 3.9, Şekil 3.16).



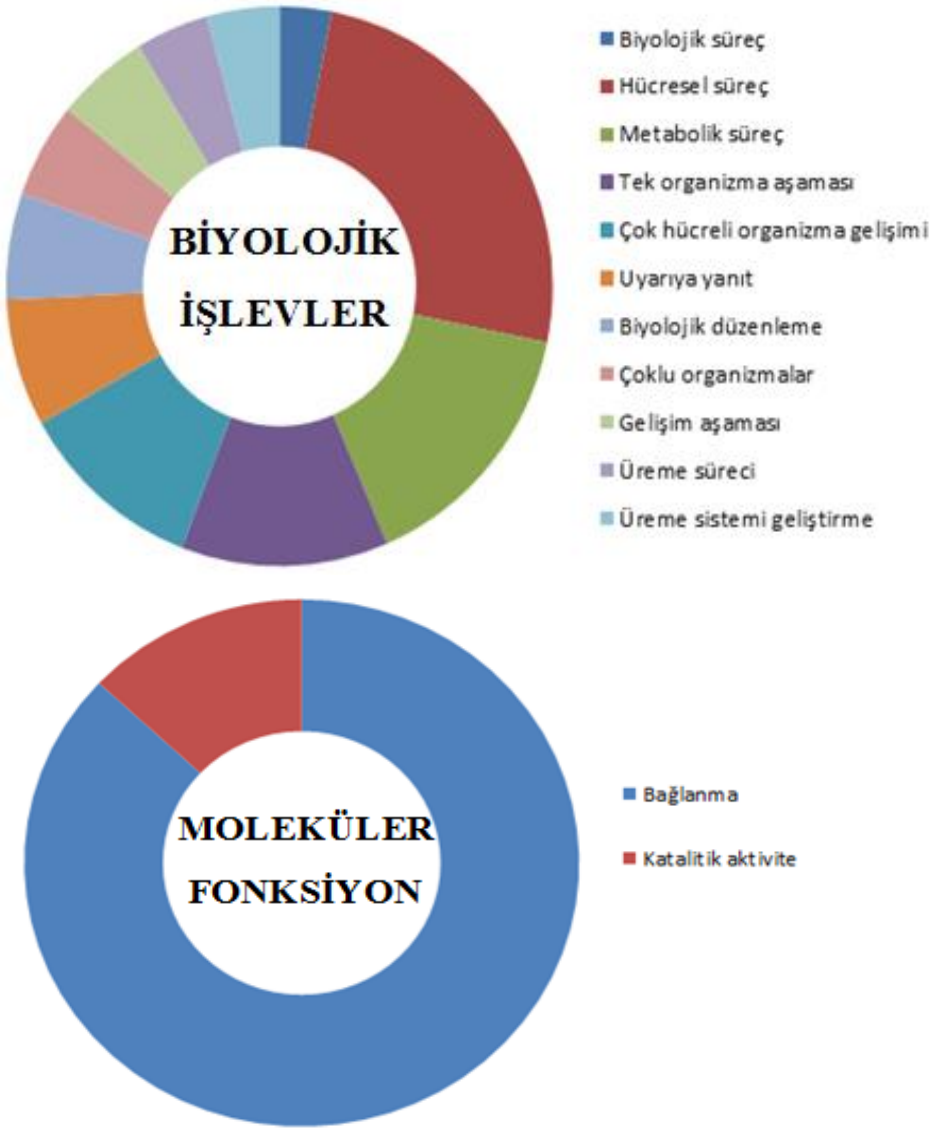
Şekil 3.16. *PtHsp60* genlerine ait motif kompozisyonu

Tablo 3.9. *PtHsp60 aminoasitlerinde belirlenen motiflerin özellikleri*

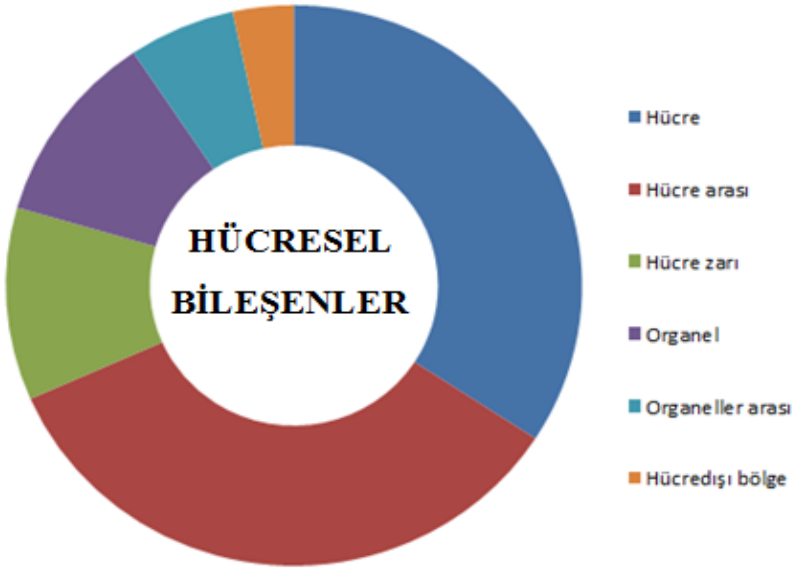
Motif	Böl.	E-değeri	Hsp60 aminoasitlerine ait motif özellikleri	Uzk.
Motif 1	16	9.9e-313	IAKAMEKVGKDGVITIEDGKTLDNELEVVEGMKLDRGYISPYFITBQEKQ	50
Motif 2	30	5.2e-304	AGDGTTTVVVLAGEJLKZAEKLVAAGIHP	29
Motif 3	29	5.5e-260	VKVTNDGATILKELELQDPAAKILAELSK	29
Motif 4	31	9.9e-256	ALEAIPKTJAENAGVBGAVVVEKLRAQHA	29
Motif 5	31	4.7e-270	LEERKRRVHDALNATKAAVEEGIVVGGGG	29
Motif 6	28	7.9e-254	DARHANJAGVKALADAVKTTLGPKGMBKM	29
Motif 7	30	7.4e-180	GIBAATGEYEDMVEAGIIDPYKV	23
Motif 8	34	1.1e-159	EKLLERJAKATGGVAVLKVGN	21
Motif 9	13	6.6e-139	RPLLIVAEDVESEALATLVLNKLRGGLKVAAI	32
Motif 10	13	3.1e-202	PGFGERRKALLQDJAILTGAEVISEDLGLTLEKVGIEMLGTA	42
Motif 11	19	8.8e-159	KKGEETLMFFEGCPNPLACTILLRGANDD	29
Motif 12	8	6.2e-158	RAVWNDTSFLASIDVMDYSLLVGVDEERRELVLGIIDFMRQYTWDKHLET	50
Motif 13	22	5.6e-148	DPLDYIKVKKVPGGSLEDSELVKGVVFKKDV	31
Motif 14	6	1.3e-140	DGKIWMWHRCLRCPHINGFPPATRRVVMSDAAWGLSFGKFLELSFSNHA	49
Motif 15	6	5.3e-138	RSLSRCKKWGAQGGKSNVFFAKTLDDRFIIKQIKKTELESFIKFAPEYFK	50

3.2.3.6. Hsp60 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin gruplandırılması

PtHsp60 genlerinin fonksiyonel işlevlerini belirlemek için 49 adet gen Blast2Go yazılım programı kategorilerinde gruplandırılmıştır. PtHsp60 protein için hücresel lokasyonlar, moleküler fonksiyon ve biyolojik işlevler belirlenmiştir Yapılan analiz sonucunda biyolojik işlevde 11 farklı fonksiyon tespit edilmiştir. Moleküler işlevde *PtHsp60* genleri ise bağlanmadan farklı olarak Katalitik aktivite olarak toplam iki kategoriye ayrılmıştır. Hücresel bileşenler incelendiğinde; sıklıkla hücrelerde ve organellerde bulunduğu saptanmıştır (Şekil 3.17, Ek 14).



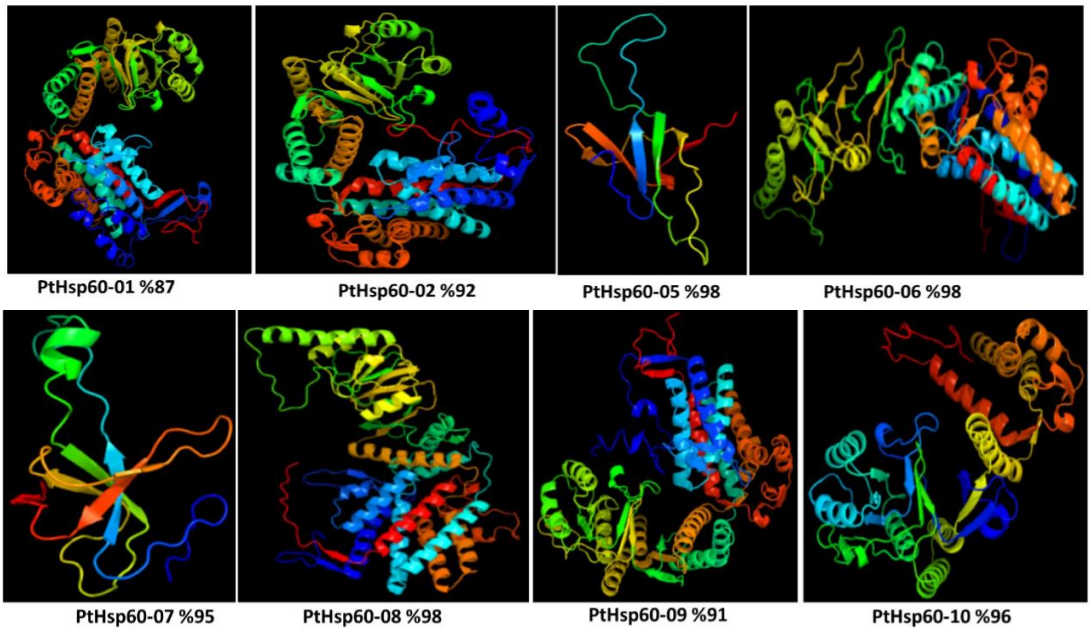
Şekil 3.17. *PtHsp60* genlerinin fonksiyonel analizleri



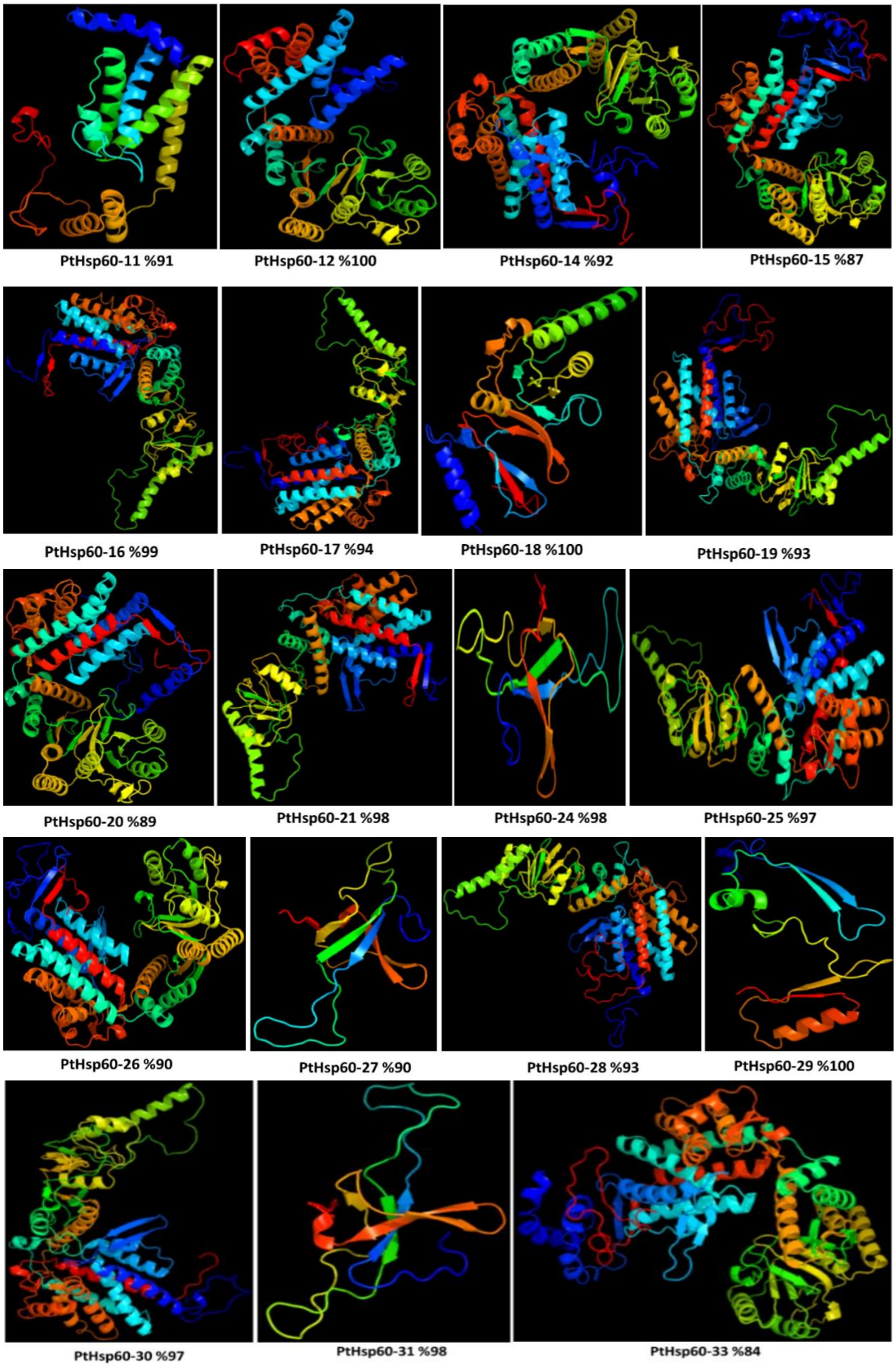
Şekil 3.17'in devamı

3.2.3.7. Hsp60 aminoasitlerine ait homoloji modellemesi

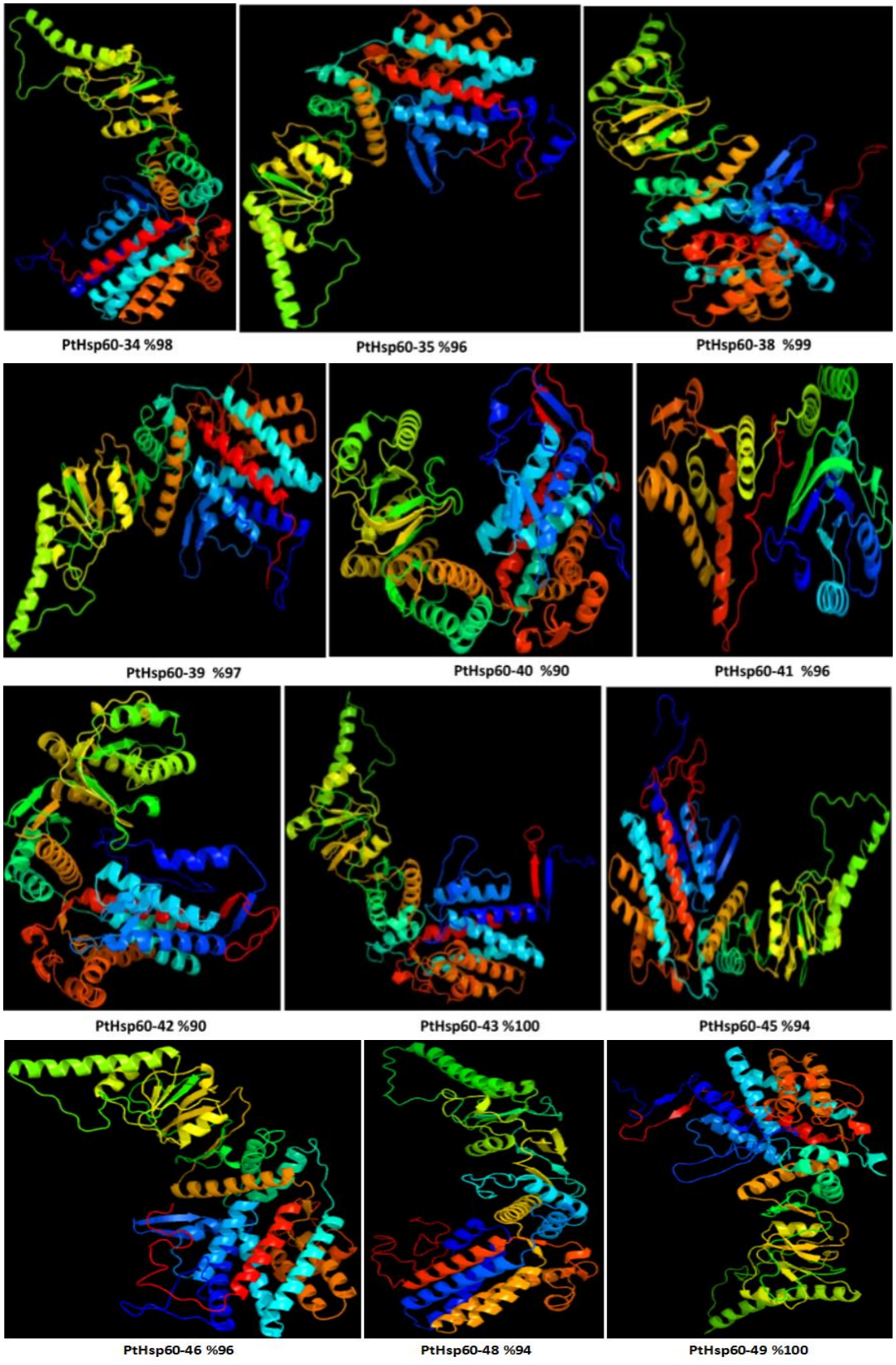
PtHsp60 proteinlerinin modellenme yüzdesi >90% güven düzeyinde 80'den 100'e kadar değişiklik gösteren oran belirlenmiştir. Toplamda 49 genin 39'unda Hsp60 proteini modellenmiştir (Şekil 3.18).



Şekil 3.18. 39 adet *PtHsp60* genlerinin tahmini protein yapısı



Şekil 3.18'in devamı



Şekil 3.18'in devamı

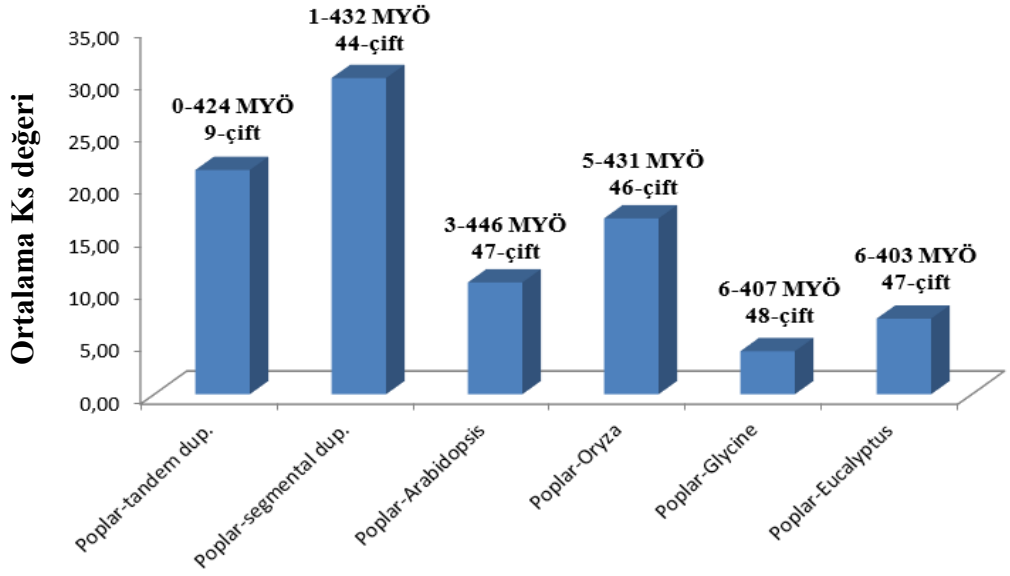
3.2.3.8. Hsp60 genlerini hedef alan miRNA grupları

Bitki küçük RNA hedef genlerinin hesaplandığı veri tabanından (psRNA Target: A Plant Small RNA Target Analysis Server) hedef genler tespit edilmiştir. Toplamda 9 *PtHsp60* geni 12 farklı bitkide 14 adet farklı miRNA ile hedeflenmiştir. miR414'ün en fazla bulunan miRNA olduğu tespit edilmiştir. PtHsp90-10 geni diğer genlere göre daha fazla miRNA ile hedef gösterilmiştir (Ek 15).

3.2.3.9. Kavak Hsp60 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi

Kavak genomunda tanımlanan 49 adet *Hsp60* genlerine ait diziler *Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Glycine max ve Eucalyptus grandis* türlerinin gen dizileri ile karşılaştırılmıştır. *Arabidopsis thaliana*'da kromozom *AtChr3*'de lokasyon bulan AT3G11830.2 ve AT3G13860.1 kod numaralı gen dizisi ile yüksek benzerlik saptanmıştır. *Oryza sativa*'da kromozom 3, 5, 10 ve 12'de (*OsChr3- OsChr5, OsChr10 ve OsChr12)* lokasyon bulan sırasıyla LOC_Os03g04970.1, LOC_Os05g46290.1, LOC_Os10g32550.1 ve LOC_Os12g17910.1 kod numaralı gen dizileri ile yüksek benzerlik tespit edilmiştir. *Glycine max*'da özellikle kromozom 7'de (*GlymaChr7- Glyma.07G009600.1*), kromozom 20'de (*GlymaChr20-Glyma.20G197100.1)* ve yüksek benzerlik belirlenmiştir. *Eucalyptus grandis* için ortolog ilişkiler incelendiğinde; kromozom 2, 6, 8 ve 10'da yer alan Eucgr.B03593.1, Eucgr.F03134.1, Eucgr.H02866.1 ve Eucgr.J00618.1 kodlu dizi karşılaştırmalarının daha yüksek benzerlik taşıdığı görülmüştür (Ek 16). Ortologları bulunan genomlarda; *Arabidopsis thaliana*'da 0.05, *Oryza sativa*'da 0.04, *Glycine max*'da 0.07 ve *Eucalyptus grandis*'de 0.07 Ka/Ks oranları belirlenmiştir. Genlerin birbirleri ile ne zaman farklılaştığı (ayrılma/izole olduğu) tespit edilmiştir. Ayrılma zamanları incelendiğinde takriben 82 milyon yıl önce (MYÖ) *Arabidopsis thaliana*'da, 129 MYÖ *Oryza sativa*'da, 32 MYÖ *Glycine max*'da ve 55 MYÖ *Eucalyptus grandis*'de ayrılma gösterdiği belirlenmiştir. Ayrılma zamanına göre en erken farklılaşmanın *Oryza sativa* ile 129 MYÖ meydana geldiği düşünülmektedir (Ek 16).

Kavak genomunda belirlenen 49 adet *PtHsp60* geninin %100'ünde bu türler ile ortolog ilişki gözlenmiştir. *Arabidopsis thaliana* ile %95, *Oryza sativa* ile %93, *Glycine max* ile %97 *ve Eucalyptus grandis* ile %95 oranında *PtHsp60* genlerinin ortolog ilişkisinin olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.19).



Şekil 3.19. *PtHsp60* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları

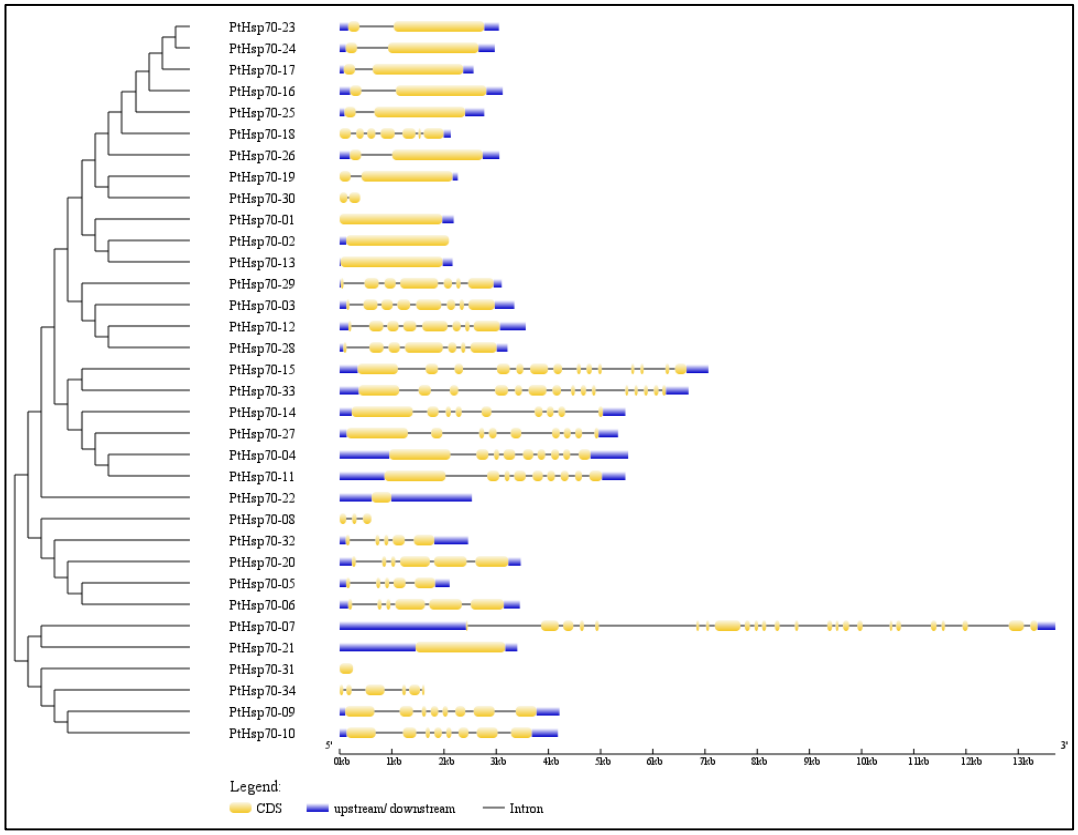
3.2.4. Kavak Genomunda Hsp70 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri

3.2.4.1. Hsp70 protein dizilerinin tanımlanması

P. trichocarpa genomunda 34 adet *PtHsp70* geni tanımlanmıştır. Tanımlanan *Hsp70* genleri için *PtHsp70-01* den *PtHsp70-34* e kadar bir isimlendirme yapılmıştır. Bu genler *P. trichocarpa* genomu kromozomlarına kromozom 1'den, kromozom 19'a kadar dağılmıştır. Hsp70 proteinlerinin amino asit uzunlukları, moleküler ağırlıkları, (pI) izoelektronik etki değeri ve NCBI'daki (Uluslararası Biyoteknoloji Veritabanı) tanımlı ulaşım numarası listelenmiştir. Bu tabloya göre; PtHsp70 protein dizilerinin uzunlukları 99'dan (*PtHsp70-30*) 972'ye (*PtHsp70-07*) kadar değişiklik göstermektedir. İzoelektronik etki değeri (pI) ise 4,77 (*PtHsp70-22*) - 9,94 (*PtHsp70-05*) arasında tespit edilmiştir (Tablo 3.10).

3.2.4.2. Hsp70 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı

Kavakta kromozomlar üzerinde 34 adet *Hsp70* geninin lokasyonları haritalanmıştır (Şekil 3.21). Kromozomlar üzerinde *Hsp70* genlerinin dağılımı eşit olmamıştır. Bazı kromozomlarda yoğun bir şekilde bir bölgede toplanmıştır. Tüm kromozomlar içerisinde kromozom 1 de en yüksek oranda (20.5 %) Hsp70 genlerinin bulunduğu tespit edilmiştir. 10 farklı kromozomda (Kromozom 2, 4, 6, 9, 11, 12, 14, 15, 16 and 19) ise sadece bir *Hsp70* geni (2.94 %) belirlenmiştir. Tablo 3.9'da *PtHsp70* genlerinin kromozom üzerindeki tam lokasyonları gösterilmiştir. Kromozomlar üzerindeki *PtHsp70* genlerinin lokasyonları kromozomların bazılarında üst tarafta bazılarında ise alt tarafta olacak şekilde toplanmıştır (Şekil 3.21). Kavakta belirlenen *PtHsp70/34* geni yapı bakımından incelenmek için ekzon ve intron bölgelerin analizleri yapılmıştır. 34 genin %17 oranında (6 adet) intron bölgesi içermediği görülmüştür. *PtHsp70-07* geninde 23 adet intron bölgesi olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.20).



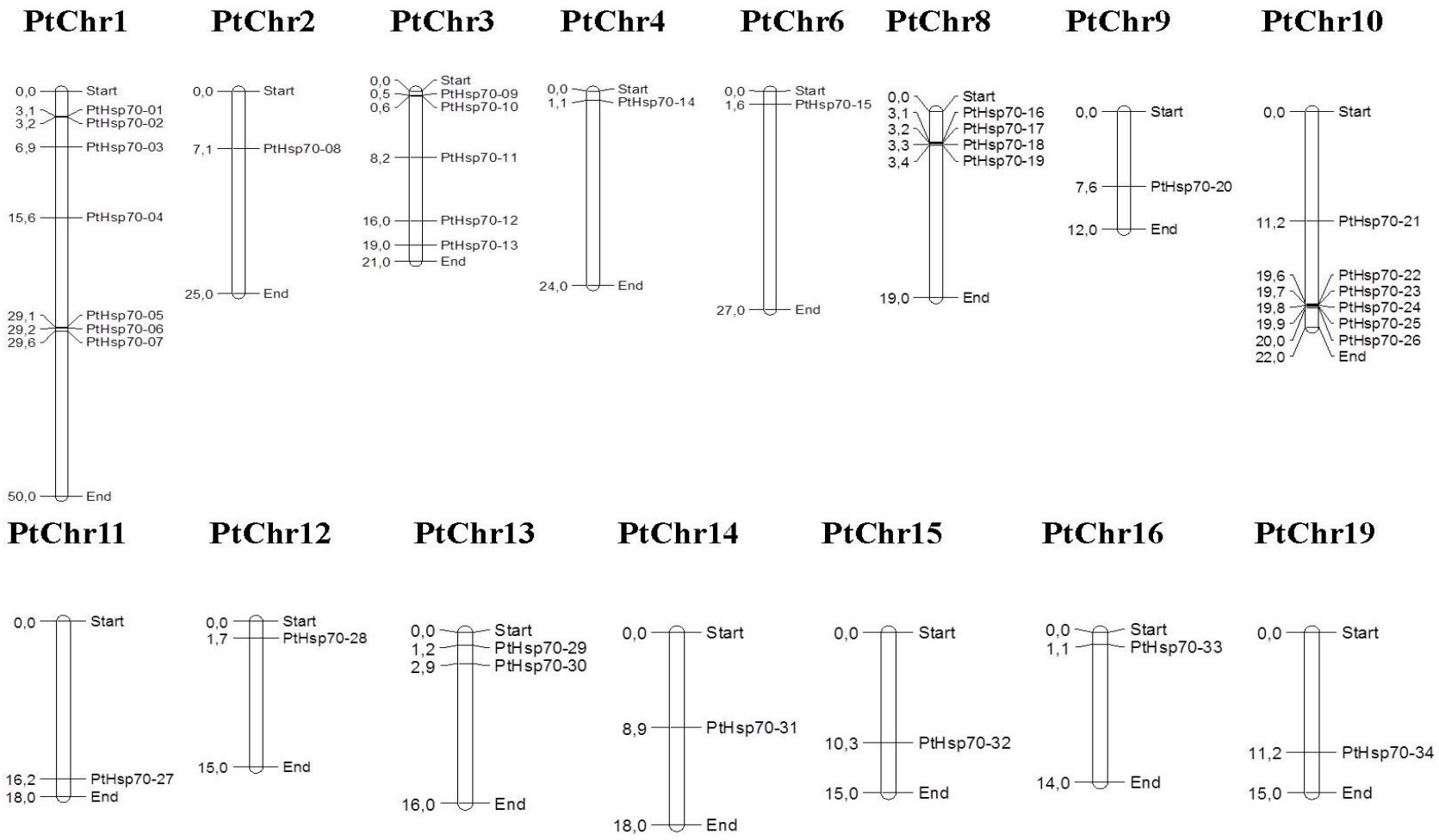
Şekil 3.20. *PtHsp70* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri

Tablo 3.10. *Kavakta (Populus trichocarpa Torrey & A. Gray) belirlenen 34 adet PtHsp70 genine ait tanımlayıcı özellikler*

Gen Kodları	Phytozome Kod No	Genom Üzerindeki Fiziksel Yerleşimi			Protein Uzun. (aa)	İzoelektrik noktası (pl)	Molekül ağırlığı (Da)	Kararszlık indeksi	Protein Oluş. Durumu	Filo. Gen. Grup	NCBI Kod No	NCBI BLASTP Tanımlaması
		Krmz. No	Başlangıç Lokusu (bp)	Bitiş Lokusu (bp)								
PtHsp70-1	Potri.001G042600.1	Chr01	3098600	3100784	655	5,40	71881.3	34.33	kararlı	III c	XP_002332067.1	predicted protein [Populus trichocarpa]
PtHsp70-2	Potri.001G042700.1	Chr01	3102549	3104642	655	5,34	71903.3	34.49	kararlı	III c	XP_002332049.1	predicted protein [Populus trichocarpa]
PtHsp70-3	Potri.001G087500.1	Chr01	6920967	6924312	666	5,05	73510.3	29.46	kararlı	III c	XP_002299448.1	BiP isoform A family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp70-4	Potri.001G180100.1	Chr01	15589912	15595439	852	5,24	94160.8	42.92	kararsız	III b	XP_002299641.1	heat shock protein 70 [Populus trichocarpa]
PtHsp70-5	Potri.001G285100.1	Chr01	29161925	29164031	282	9,94	30559.3	41.80	kararsız	II	XP_002300314.2	hypothetical protein POPTR_0001s29170g [Populus trichocarpa]
PtHsp70-6	Potri.001G285500.1	Chr01	29177059	29180511	683	5,56	73209.9	35.91	kararlı	II	XP_002300311.2	heat shock protein 70 [Populus trichocarpa]
PtHsp70-7	Potri.001G289800.2	Chr01	29563381	29577092	972	6,55	111276.3	61.34	kararsız	I	XP_002300284.2	hypothetical protein POPTR_0001s29710g [Populus trichocarpa]
PtHsp70-8	Potri.002G098500.1	Chr02	7108528	7109134	184	8,15	20434.6	42.11	kararsız	II	XP_002301061.2	hypothetical protein POPTR_0002s09870g
PtHsp70-9	Potri.003G006300.1	Chr03	522434	526644	706	5,24	75343.9	29.89	kararlı	I	XP_002331133.1	predicted protein [Populus
PtHsp70-10	Potri.004G224400.1	Chr03	522434	526644	766	5,72	82079.7	32.90	kararlı	I	XP_006385039.1	Stromal 70 kDa heat shock-related family protein [Populus
PtHsp70-11	Potri.003G055800.1	Chr03	8248685	8254158	858	5,32	94625.4	39.98	kararlı	III b	XP_002304187.1	heat shock protein 70 [Populus trichocarpa]
PtHsp70-12	Potri.003G143600.1	Chr03	16000920	16004484	666	5,10	73466.2	29.28	kararlı	III c	XP_002303672.1	BiP isoform A family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp70-13	Potri.003G184000.1	Chr03	19025261	19027423	651	8,16	72153.2	31.23	kararlı	III c	XP_002303859.2	heat shock protein 70 cognate [Populus
PtHsp70-14	Potri.004G016700.2	Chr04	1118346	1123819	757	5,09	85169.2	42.62	kararsız	III b	XP_002305580.2	hypothetical protein POPTR_0004s01640g [Populus trichocarpa]

Tablo 3.10'un devamı

PtHsp70-15	Potri.006G022100.1	Chr06	1560362	1567426	899	5,34	100119.3	38.96	kararlı	III b	XP_002308826.1	hypothetical protein POPTR_0006s02290g
PtHsp70-16	Potri.008G054000.1	Chr08	3189756	3192879	648	5,14	71265.7	34.29	kararlı	III c	XP_002311161.1	heat shock protein 70
PtHsp70-17	Potri.008G054600.1	Chr08	3220568	3223132	648	5,09	71173.6	32.77	kararlı	III c	XP_002312089.1	heat shock protein 70 cognate
PtHsp70-18	Potri.008G054800.1	Chr08	3232998	3235127	482	5,86	54080.1	47.53	kararsız	III c	XP_002312091.1	shock protein 70 cognate]
PtHsp70-19	Potri.008G054900.1	Chr08	3236615	3238878	651	5,29	72101.0	37.83	kararlı	III c	XP_002312092.1	heat shock protein 70 cognate [Populus
PtHsp70-20	Potri.009G079700.1	Chr09	7632192	7635660	682	5,56	73261.0	38.42	kararlı	II	XP_002313955.1	heat shock protein 70
PtHsp70-21	Potri.010G088600.1	Chr10	11243707	11247110	572	5,31	62378.8	40.02	kararsız	I	XP_002315776.1	heat shock protein 70
PtHsp70-22	Potri.010G205500.1	Chr10	19638188	19640721	124	4,77	13550.7	28.82	kararlı	III a	XP_002332590.1	predicted protein [Populus trichocarpa]
PtHsp70-23	Potri.008G054700.1	Chr10	19646950	19649921	648	5,13	71116.4	32.62	kararlı	III c	XP_002312090.1	heat shock protein 70 cognate [Populus trichocarpa]
PtHsp70-24	Potri.010G205700.1	Chr10	19646950	19649921	648	5,12	71139.4	33.29	kararlı	III c	XP_002332589.1	predicted protein [Populus
PtHsp70-25	Potri.010G205800.1	Chr10	19657381	19660151	649	5,09	71044.4	32.89	kararlı	III c	XP_006378715.1	hypothetical protein POPTR_0010s21280g
PtHsp70-26	Potri.010G206600.1	Chr10	19697773	19700832	648	5,09	71131.6	35.33	kararlı	III c	XP_002316294.1	heat shock protein 70
PtHsp70-27	Potri.011G139100.2	Chr11	16158448	16163780	770	5,41	85904.8	46.27	kararsız	III b	XP_002317001.1	hypothetical protein POPTR_0011s14240g
PtHsp70-28	Potri.012G017600.1	Chr12	1650883	1654098	668	5,13	73406.1	28.63	kararlı	III c	XP_002317789.2	BiP isoform A family protein [Populus
PtHsp70-29	Potri.013G018000.1	Chr13	1178017	1181121	660	5,13	73463.5	30.74	kararlı	III c	XP_002318993.2	heat shock protein 70 cognate [Populus
PtHsp70-30	Potri.013G041500.1	Chr13	2920427	2920819	99	6,39	11005.4	22.35	kararlı	III c	XP_006375837.1	hypothetical protein POPTR_0013s03880g
PtHsp70-31	Potri.014G114600.1	Chr14	8938972	8939227	131	9,40	14870.6	43.85	kararsız	I	XP_002320948.1	hypothetical protein POPTR_0014s10990g
PtHsp70-32	Potri.015G078000.1	Chr15	10312625	10315085	282	9,64	30173.0	44.80	kararsız	II	XP_002321606.2	hypothetical protein POPTR_0015s08910g
PtHsp70-33	Potri.016G019800.2	Chr16	1078329	1085012	881	5,44	98330.6	36.86	kararlı	III b	XP_002322555.2	hypothetical protein POPTR_0016s02100g
PtHsp70-34	Potri.019G077900.1	Chr19	11174655	11176280	291	6,85	31665.6	41.94	kararsız	I	XP_006371453.1	hypothetical protein POPTR_0019s10660g partial [Populus trichocarpa]



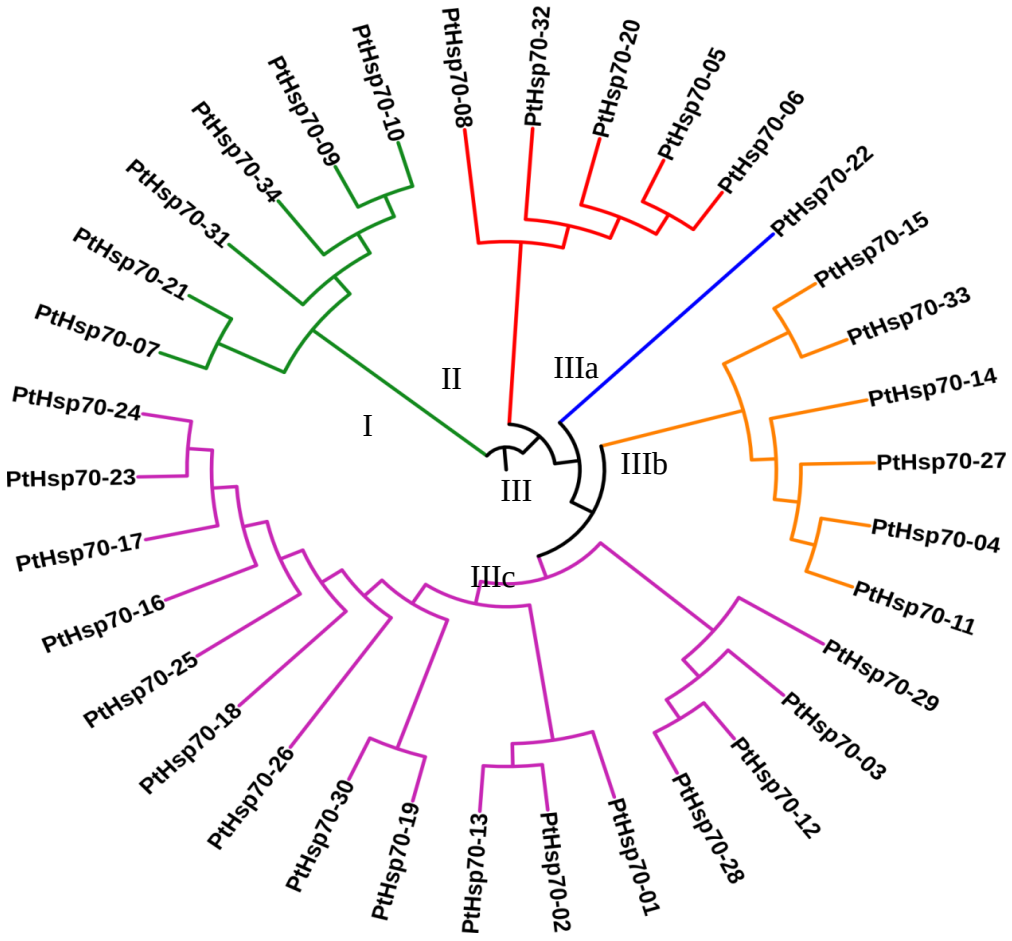
Şekil 3.21. Kromozomlar üzerinde 34 *PtHsp70* genlerinin lokasyonları

3.2.4.3. *Hsp70 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması*

PtHsp70 gen ailesinin tandem ve segmental duplikasyonları Ek 17 ve Ek 18'de belirlenmiştir. Kromozom 10 da tandem duplikasyonların yüksek bir oran taşıdığı görülmüştür. Kromozom 1 (*PtHsp70-01*, *PtHsp70-02*, *PtHsp70-03*), Kromozom 3 (*PtHsp70-12*, *PtHsp70-13*) ve Kromozom 8 (*PtHsp70-16*, *PtHsp70-17*) de tandem duplikasyonlar tekrar etmiştir (Şekil 3.21). Kavakta *Hsp70* geninde 20 segmental duplikasyon belirlenmiştir. Bu toplam *PtHsp70* genlerinin 59% (20/34)'dur (Ek 17, Ek 18).

3.2.4.4. *Hsp70 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi*

34 adet PtHsp70 proteini için filogenetik analiz sonucu 3 ana grup oluşmuştur (Cluster I-II-III).



Şekil 3.22. *PtHsp70* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması

Sırasıyla her grupta 6, 5 ve 23 protein bulunmaktadır (Şekil 3.22). Cluster III kendi içinde üç alt grup oluşturmuştur (IIIa-IIIb-IIIc).

3.2.4.5. Hsp70 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi

Filogenetik ağacın doğruluğunu kontrol edebilmek için korunmuş motiflerin analizi yapılmıştır. MEME veri tabanına Hsp70 proteinlerinin tüm aminoasit dizileri yüklenmiştir. Hsp70 için 15 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır (Tablo 3.11, Ek 19).

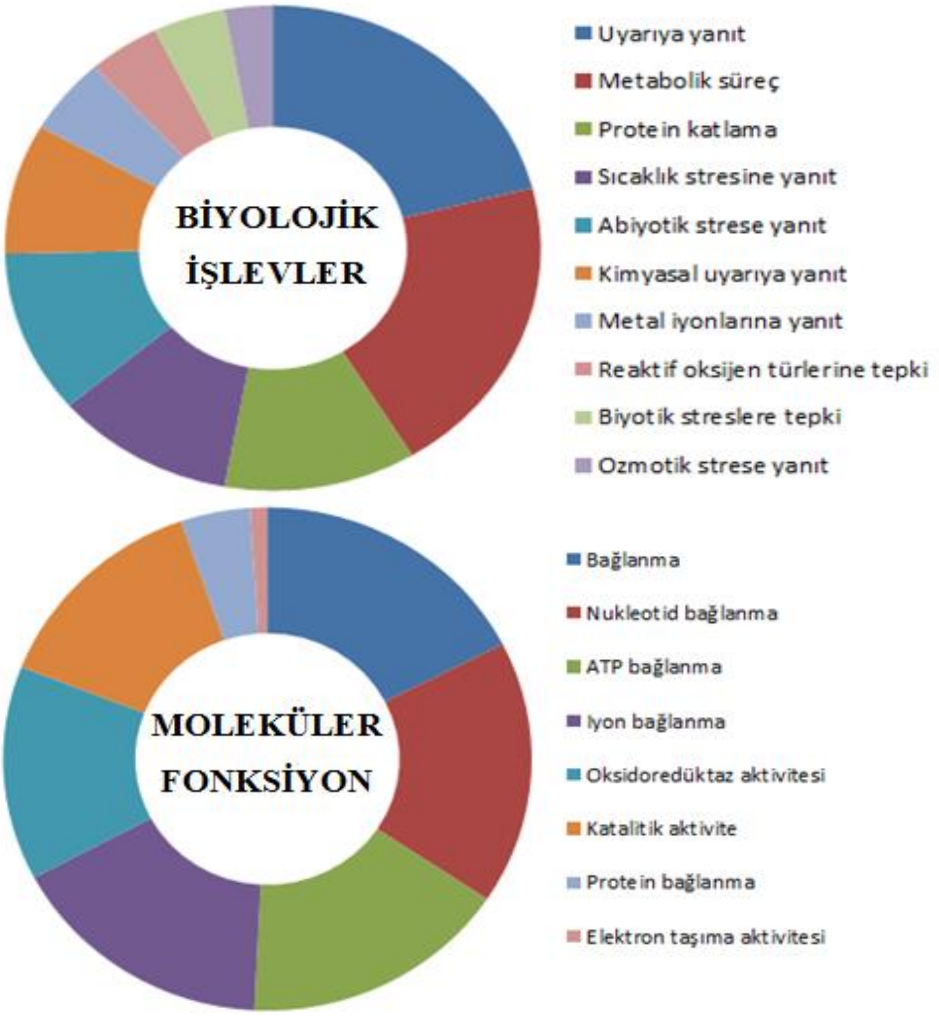
Benzer motif kompozisyonları Hsp70 proteinleri arasında yapısal olarak bir benzerlik sağlar. Örneğin tandem duplikasyonlar genel olarak Cluster IIIc de (*PtHsp70-01*, *PtHsp70-02*, *PtHsp70-03*, *PtHsp70-12*, *PtHsp70-13*, *PtHsp70-16*, *PtHsp70-17*, *PtHsp70-19*, *PtHsp70-23*, *PtHsp70-24*, *PtHsp70-25*, *PtHsp70-26*, *PtHsp70-28*) bulunmuştur.

Tablo 3.11. *PtHsp70 aminoasitlerinde belirlenen motiflerin özellikleri*

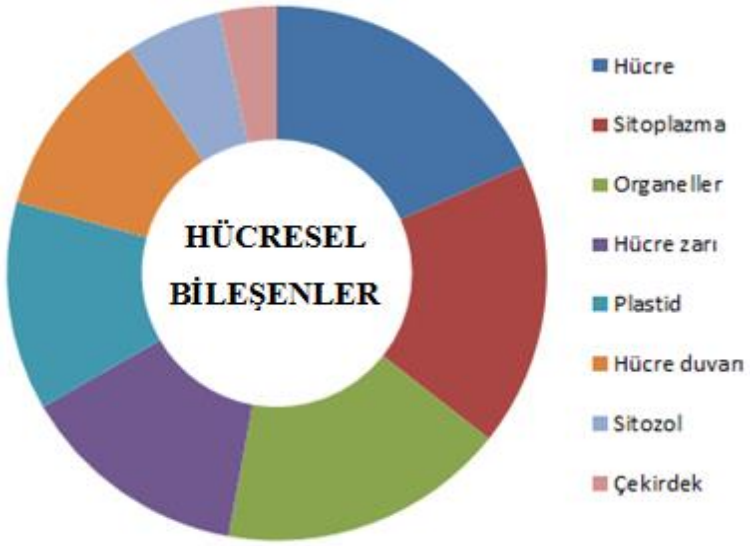
Motif No.	Böl.	E-değeri	Hsp70 aminoasitlerine ait motif özellikleri	Uzun. (aa)
Motif 1	25	2.4e-782	[IV]K[ND]AV[VI][TG]VPAYFND[SAL]QR[QR]ATKDA[GA][VA]IAGLN V[LM]R[IL]INEPTAAA[IL]AYG[LI]DKK	50
Motif 2	26	4.6e-603	[AV][IV]GIDLGTT[YN]SCV[GA]V[WM][QE][GNH][DG]RVE[IV]IAN[D A][QE]GNRTTPS[YV]VAFTD	41
Motif 3	25	2.8e-447	DF[YR]ST[IL]TR[AE][RKE]FEE[LM]N[MN]DL[FL][RE][KR][CT]MEPV[EK]K[CA]LRD[AS][KG][LMI][DS][KV]ST[VI][HD]	41
Motif 4	28	5.2e-392	[FL][NF]GKE[LP][CNS]K[SG][IV]NPDEAVAYGAA[VL]Q[AG][AG]ILS G	29
Motif 5	26	1.1e-401	FEV[KL][AS]TAGDTHLGG[ER]DFDNR[LM]V[NE][HY]F[VA]QEF	29
Motif 6	21	9.4e-516	GGVMT[VK]LIPRNTTIPTKK[ES]QVF[ST]T[YA][SA]DNQ[TP]GVLI[QK]V[YF][EQ]GER	41
Motif 7	23	5.9e-400	[TS]ERLIG[DE]AAKNQ[VA][AV]MNP[EI]NT[VI]FD[AV]KRLIGR[RK]F	32
Motif 8	22	5.5e-381	IPPAPRGVPQI[ET]V[CT]FDIDANGILNVSAED	29
Motif 9	25	3.7e-467	[KG][KI]D[IV]S[GK][ND][PK][RK]ALR[RK]LRTACE[RK]AKRTLS[SA][TN][TA]Q[TA][TP]I[EN][IL][DE]SLY[ED]G	41
Motif 10	25	1.9e-285	G[EN]EKQF[SA][AP]E[EQ]I[SL][ASG]M[VI]L[TI]K[ML][KR][ED][IT]AE [AK][YF]LG[KT]	29
Motif 11	15	1.8e-263	NQ[LN]AE[AKV][DE][ED][FY]E[DE]K[LM]KE[LV]E[SA][IVL]CNPII[A T]K[MV]YQ[GR][AS]G[GA][DA][MP]G[GM]G[MG]	39
Motif 12	19	9.8e-250	[IT][TI]NDKGRLS[KQ][ED][ED]IE[KR]MVQEAE[KE][YF][KA][SAE]ED [EK][EK][HV]	30
Motif 13	20	6.0e-220	EKN[VI]L[IV]FDLGGGTFDVS[LVI]L[TE]I	21
Motif 14	16	6.5e-178	[DE][VI]VLVGGSTRIPKVQQLL[QK]D[FY]	21
Motif 15	20	1.1e-175	[KE][KE][KT][VIK][ED]A[KR]N[AS]LE[NT]Y[VA]YNM[RK]N[TK][VIL]	21

3.2.4.6. Hsp70 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin çıkarılması

34 adet *Hsp70* protein için hücresel lokasyonlar, moleküler ve biyolojik işlevler belirlenmiştir. Yapılan analiz sonucunda; biyolojik işlev 11 kategori de değerlendirilmiştir (Şekil 3.23). Biyolojik işlevde abiyotik etki anında uyarıcı özellik taşıyan cevaplar ve hücresel işlevler yüksek değer gösterirken metal iyonlara, reaktif oksijene, biyotik uyarıcılara ve protein bağlanmasına ikincil cevaplar düşük oranlar ile belirlenmiştir. Moleküler işlev de bağlanma, transkripsiyon, katalitik ve enzim düzenleme aktiveleri şeklinde 4 kategori tespit edilmiştir. 17 adet gen hücresel lokalizasyonda hücre içerisinde, sitoplazmada, mebranda, hücre duvarında, sitozolde ve çekirdekte lokalize olmuştur (Ek 20).



Şekil 3.23. *PtHsp70* genlerinin fonksiyonel analizleri



Şekil 3.23'ün devamı

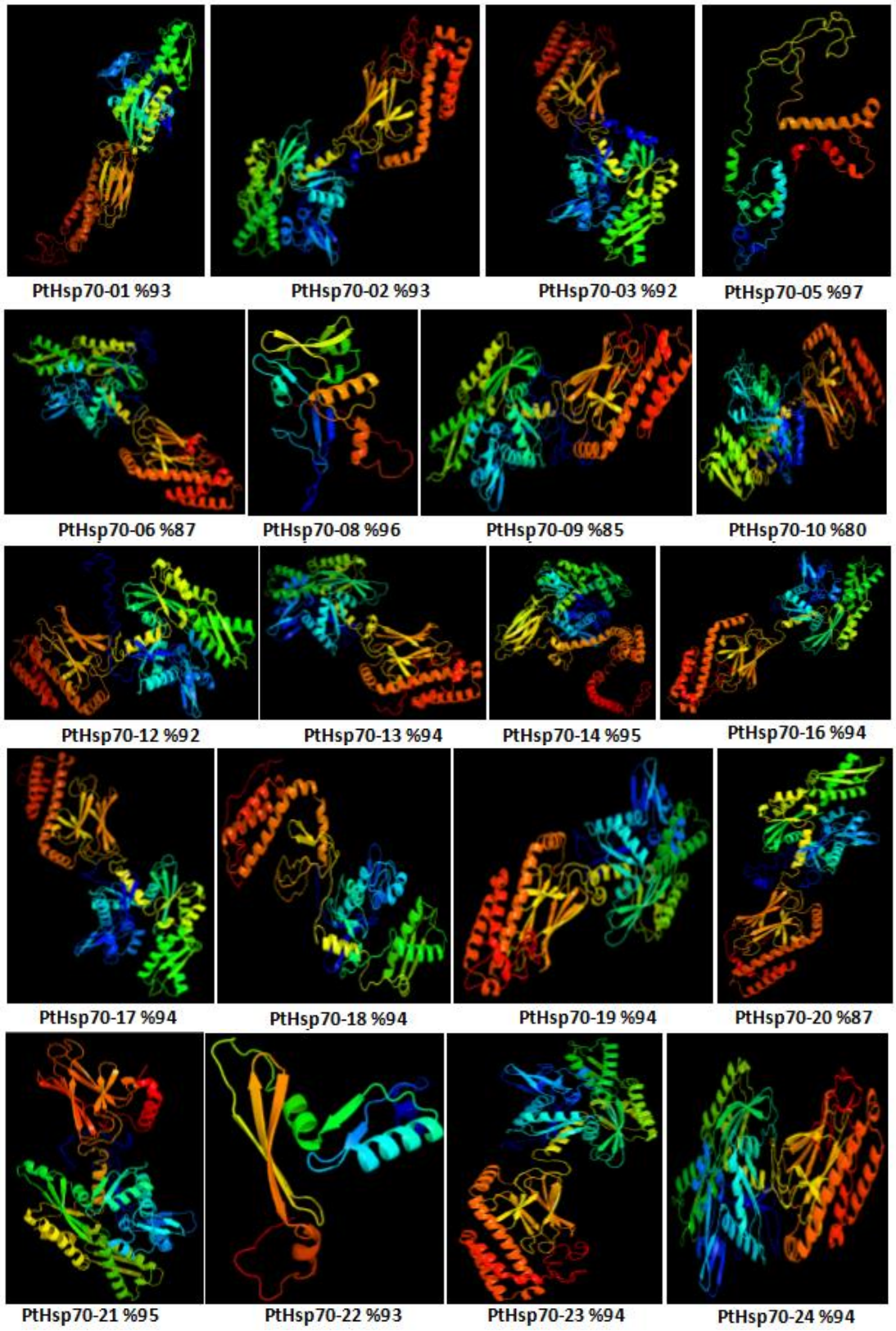
3.2.4.7. Hsp70 aminoasitlerine ait homoloji modellemesi

Toplamda 28 adet Hsp70 proteini yüksek homoloji göstermiştir. Yüksek doğruluk belirleyebilmek için Phyre2 programında yoğun mod (intensive mod) seçilmiştir. Belirlenen 28 Hsp70 proteinin modellenme yüzdesi >90% güven düzeyinde 80'den 100'e kadar değişiklik gösteren oran belirlenmiştir (Şekil 3.24).

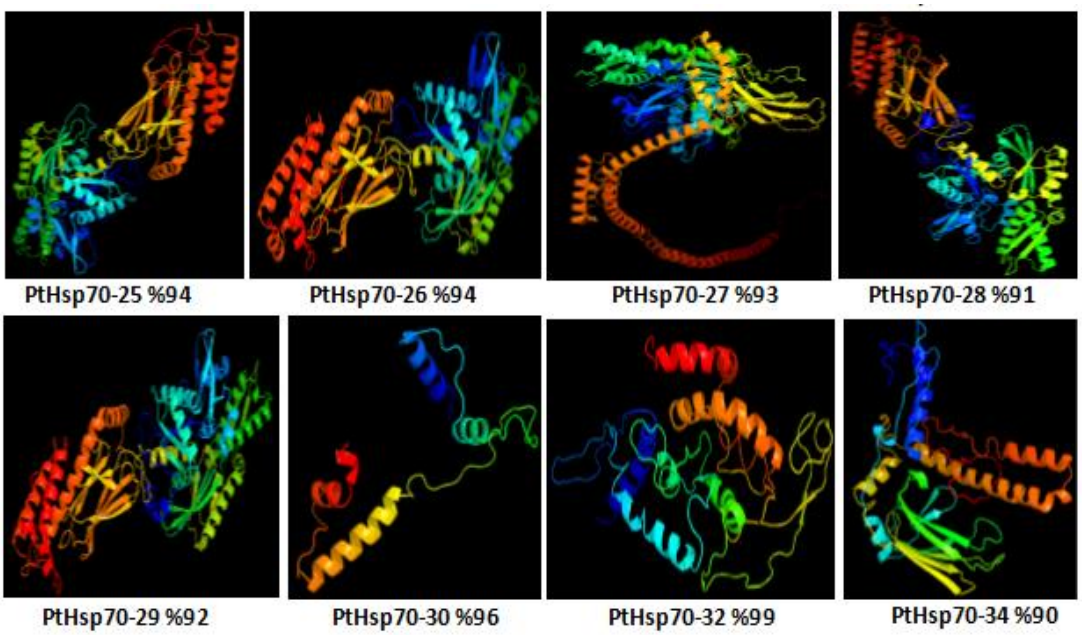
3.2.4.8. Hsp70 genlerini hedef alan miRNA grupları

Bitki küçük RNA hedef genlerinin hesaplandığı veri tabanından (psRNATarget:A Plant Small RNA Target Analysis Server) 26 bitki miRNA'sı için hedef genler tespit edilmiştir. 19 *PtHsp70* genin hedef genleri Ek 21'de gösterilmiştir.

Ayrıca, hedef genler arasında *PtHsp70-14* genlerinin neredeyse tüm bitkilerde yer aldığı belirlenmiştir. Tespit edilen 42 miRNA arasından en fazla sayıda hedeflenen miR390 olmuştur (Ek 21).



Şekil 3.24. *28 adet PtHsp70* genlerinin tahmini protein yapısı



Şekil 3.24'ün devamı

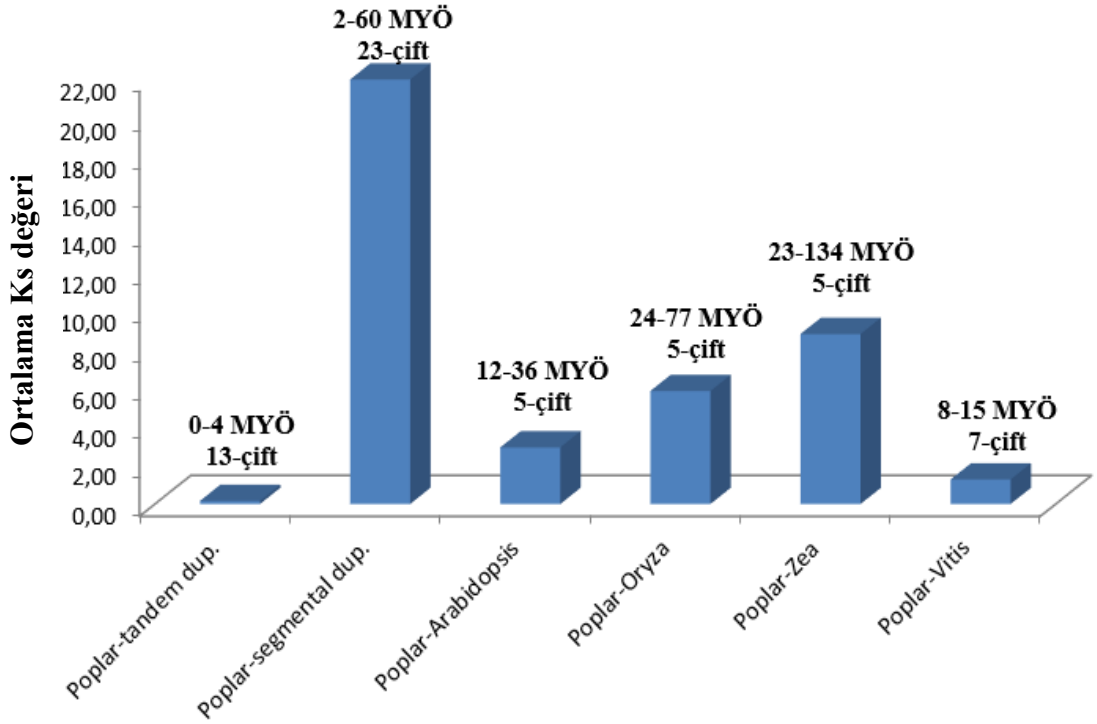
3.2.4.9. Kavak Hsp70 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi

Kavak genomunda tanımlanan 34 adet *Hsp70* genlerine ait diziler *Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Zea mays ve Vitis vinifera* türlerinin gen dizileri ile karşılaştırılmıştır.

Arabidopsis thaliana'da kromozom *AtChr1* ve *AtChr5*'de; *Oryza sativa*'da kromozom *OsChr1, OsChr2, OsChr3, OsChr12* 'de; Zea mays'da özellikle kromozom 2, 4, 5 ve 7'de; *Vitis vinifera* için ortolog ilişkiler incelendiğinde ise; kromozom 2, 3, 4, 5, 9 ve 18'de benzerlik taşıyan lokusların bulunduğu görülmüştür (Ek 22).

Ortologları bulunan genomlarda; *Arabidopsis thaliana*'da 0.03, *Oryza sativa*'da 0.02, *Zea mays*'da 0.02 ve *Vitis vinifera'da* 0.08 Ka/Ks oranları belirlenmiştir. Genlerin birbirleri ile ne zaman farklılaştığı (ayrılma/izole olduğu) tespit edilmiştir. Ayrılma zamanları incelendiğinde; takriben 22 milyon yıl önce (MYÖ) *Arabidopsis thaliana*'da, 45 MYÖ *Oryza sativa*'da, 68 MYÖ *Zea mays*'da ve 9 MYÖ Vitis vinifera'da ayrılma gösterdiği belirlenmiştir. Ayrılma zamanına göre en erken

farklılaşmanın *Zea mays* ile 68 MYÖ meydana geldiği düşünülmektedir (Ek 22). Kavak genomunda belirlenen 34 adet *PtHsp70* geninin yaklaşık olarak %32'sinde bu türler arasında ortolog ilişki gözlenmiştir. *Arabidopsis thaliana* ile %14, *Oryza sativa* ile %14, *Zea mays* ile %14 *ve Vitis vinifera* ile %20 oranında *PtHsp70* genlerinin ortolog ilişkisinin olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.25).



Şekil 3.25. *PtHsp70* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları

3.2.5. Kavak Genomunda Hsp90 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri

3.2.5.1. Hsp90 protein dizilerinin tanımlanması

P. trichocarpa genomunda 12 adet *PtHsp90* geni tanımlanmıştır. *Hsp90* genleri için *PtHsp90-01*'den *PtHsp90-12*'ye kadar bir isimlendirme yapılmıştır. Bu genler *P. trichocarpa* genomu kromozomlarına dağılmıştır.

Hsp90 proteinlerinin amino asit uzunlukları, moleküler ağırlıkları, (pI) izoelektronik etki değeri ve NCBI'daki (Uluslararası Biyoteknoloji Veritabanı) tanımlı ulaşım

numarası listelenmiştir. Hsp90 protein dizilerinin uzunlukları 151'den (*PtHsp90-03*) 823'e (*PtHsp90-06*) kadar değişiklik göstermiştir.

Hsp90 genlerinin tümünün asidik rol üstlendikleri görülmektedir. Değerler 4,46'dan (*PtHsp90-03*) 5,21'e (*PtHsp90-04*) kadar değişiklik göstermiştir. Aminoasitlerin genetik kararsızlık indeksleri 40'dan küçük hesaplandığında; protein yapısının kararlı olduğu tespit edilmiştir. *Hsp90* genlerinin ise %26 oranında kararlı rol üstlendikleri tespit edilmiştir (Tablo 3.12).

3.2.5.2. Hsp90 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı

PtHsp90 gen ailesine ait tanımlanan 12 genin kromozomlar üzerindeki lokasyonları belirlenmiştir (Şekil 3.26). 12 *Hsp90* geni kromozamlara oransal olarak eşit dağılmıştır. Kavakta belirlenen *Hsp90* geni yapı bakımından incelemek için ekzon ve intron bölgelerin analizleri yapılmıştır (Şekil 3.27).

Hsp90 genine ait ekzon ve intron bölgelerin 12 genin tamamında bulunduğu görülmüştür. *PtHsp90-10* geninde diğer genler ile karşılaştırıldığında en yüksek sayıda (19 adet) intron bölge tespit edilmiştir.

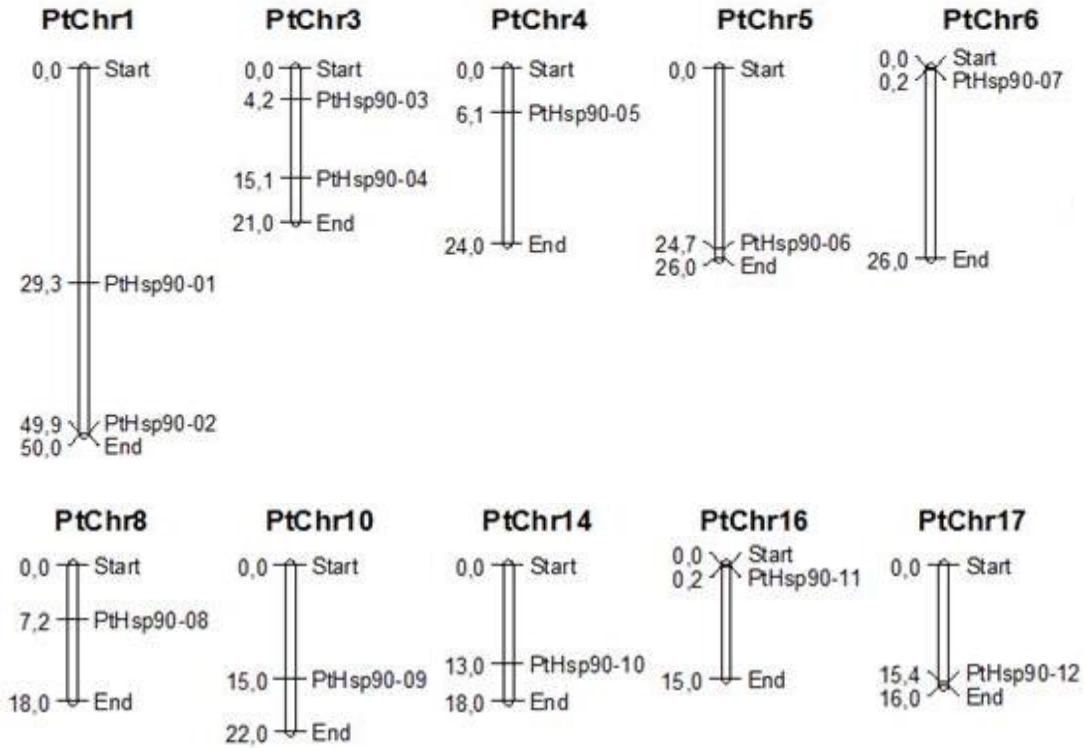
3.2.5.3. Hsp90 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması

PtHsp90 genleri için tandem ve segmental duplikasyonlarının kaç yıl önce birbirlerinden ayrıldıkları hesaplanmıştır. 1. Kromozom üzerinde yer alan *PtHsp90-01* ve *PtHsp90-02* genlerinin birbirlerinden ayrılmalarının 12 MYÖ (milyon yıl önce) olduğu saptanmıştır (Tablo 3.13).

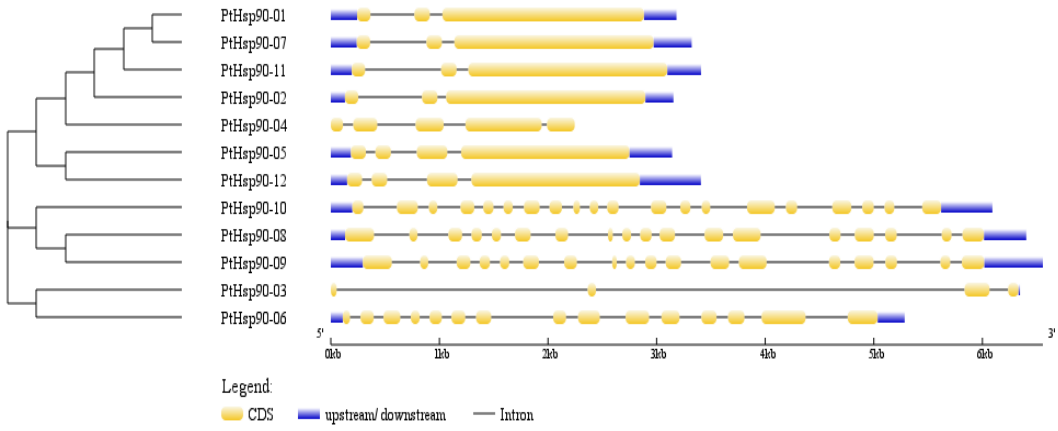
Segmental duplikasyonların ise birbirlerinden 1-435 MYÖ ayrılmış olduğu tespit edilmiştir (Ek 23). Hsp90'da tanımlanan tüm genlerin birbirleri ile segmental bir dağılım oluşturduğu görülmüştür.

Tablo 3.12. *Kavakta (Populus trichocarpa Torrey & A. Gray) belirlenen 12 adet PtHsp90 genine ait tanımlayıcı özellikler*

Gen Kodları	Phytozome Kod No	Genom Üzerindeki Fiziksel Yerleşimi			Protein Uzun. (aa)	İzoelektrik noktası (pl)	Molekül ağırlığı (Da)	Kararszlık indeksi	Protein Oluş. Durumu	Filo. Gen. Grup	NCBI Kod No	NCBI BLASTP Tanımlaması
		Krmz. No	Başlangıç Lokusu (bp)	Bitiş Lokusu (bp)								
PtHsp90-01	Potri.001G286700.1	Chr01	29295547	29298729	706	4,88	80861,59	36,99	kararlı	IIIb	XP_002300303.1	HSP80 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp90-02	Potri.001G466000.1	Chr01	49936276	49939430	699	4,95	80026,07	37,26	kararlı	IIIb	XP_002299048.1	hypothetical protein POPTR_0001s47020g [Populus trichocarpa]
PtHsp90-03	Potri.003G033400.1	Chr03	4204372	4210717	151	4,46	17540,71	37,68	kararlı	I	XP_002315997.1	heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp90-04	Potri.003G131900.1	Chr03	15137078	15139323	515	5,21	58759,44	42,44	kararsız	IIIb	XP_006385775.1	hypothetical protein POPTR_0003s13180g [Populus trichocarpa]
PtHsp90-05	Potri.004G073600.1	Chr04	6143799	6146941	703	5,01	80719,75	39,23	kararlı	IIIa	XP_002305263.1	hypothetical protein POPTR_0004s07190g [Populus trichocarpa]
PtHsp90-06	Potri.005G241100.1	Chr05	24712685	24717968	823	4,85	94046,84	31,49	kararlı	I	XP_002307732.1	hypothetical protein POPTR_0005s26260g
PtHsp90-07	Potri.006G002800.1	Chr06	219117	222439	699	4,91	80006,64	38,52	kararlı	IIIb	XP_002307846.1	HSP80 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp90-08	Potri.008G112700.1	Chr08	7190800	7197203	791	4,92	90155,63	47,03	kararsız	II	XP_002311417.1	heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp90-09	Potri.010G136800.1	Chr10	15004039	15010595	793	4,96	90151,7	45,71	kararsız	II	XP_002315997.1	heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp90-10	Potri.014G164900.1	Chr14	13043761	13049852	795	5,15	90572,06	40,94	kararsız	II	XP_002321183.2	hypothetical protein POPTR_0014s16280g [Populus trichocarpa]
PtHsp90-11	Potri.016G003400.1	Chr16	167702	171110	698	4,94	79954,77	37,45	kararlı	IIIb	XP_006373573.1	HSP80 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp90-12	Potri.017G146600.2	Chr17	15369800	15373207	703	4,98	80826,77	38,79	kararlı	IIIa	XP_006372391.1	hypothetical protein POPTR_0017s01160g [Populus trichocarpa]



Şekil 3.26. Kromozomlar üzerinde 12 *PtHsp90* genlerinin lokasyonları



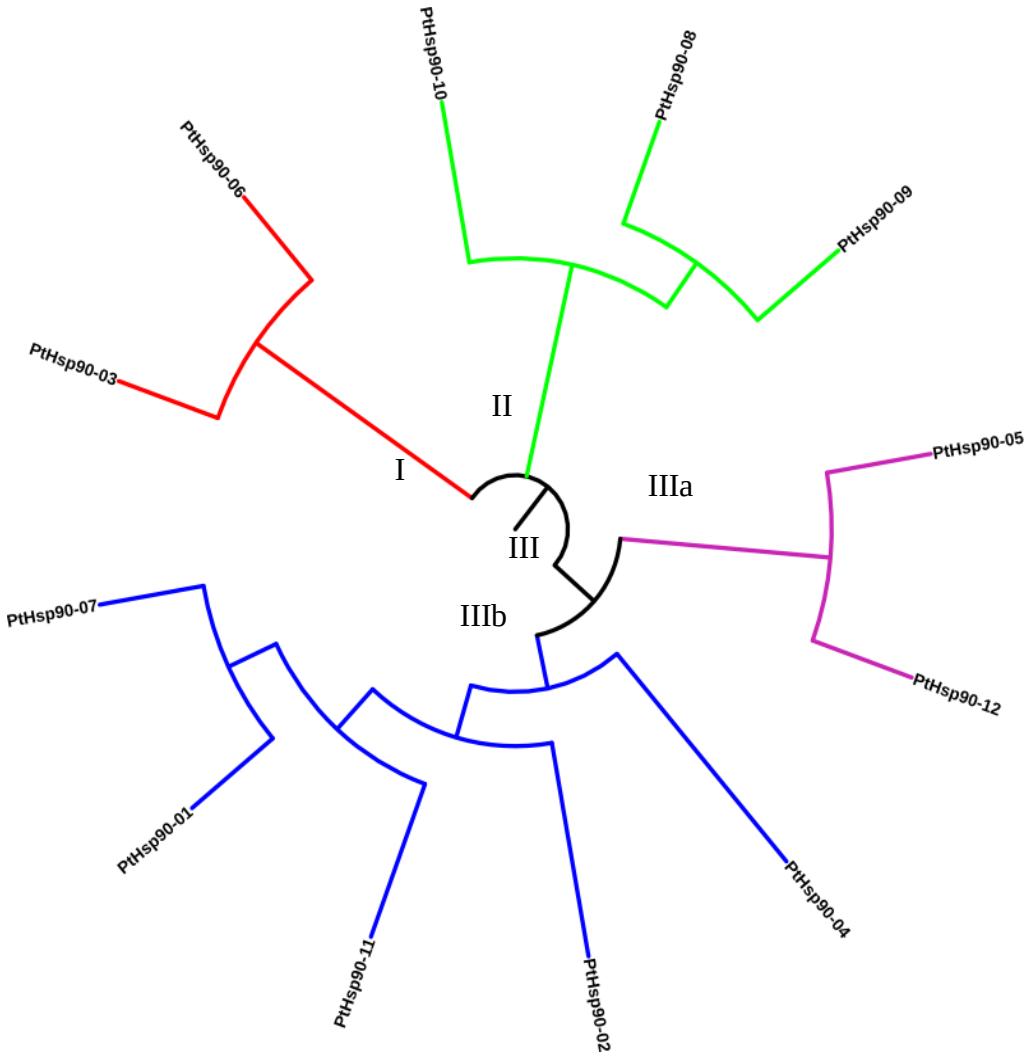
Şekil 3.27. *PtHsp90* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri

Tablo 3.13. *PtHsp90 genlerine ait tandem duplikasyonlar*

Krmz	Gen No	Duplikasyn	Uzaklık	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
1	PtHsp90-01	PtHsp90-02	20640729	1,6552	0,0349	0,0211	12,7323

3.2.5.4. *Hsp90 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi*

Hsp90 için filogenetik analiz sonucu 3 ana grup oluşmuştur (Cluster I-II-III). Sırasıyla her grupta 2, 3 ve 7 protein bulunmaktadır (Şekil 3.28). Cluster III kendi arasında iki alt grup oluşturmuştur (IIIa-IIIb).



Şekil 3.28. *PtHsp90* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması

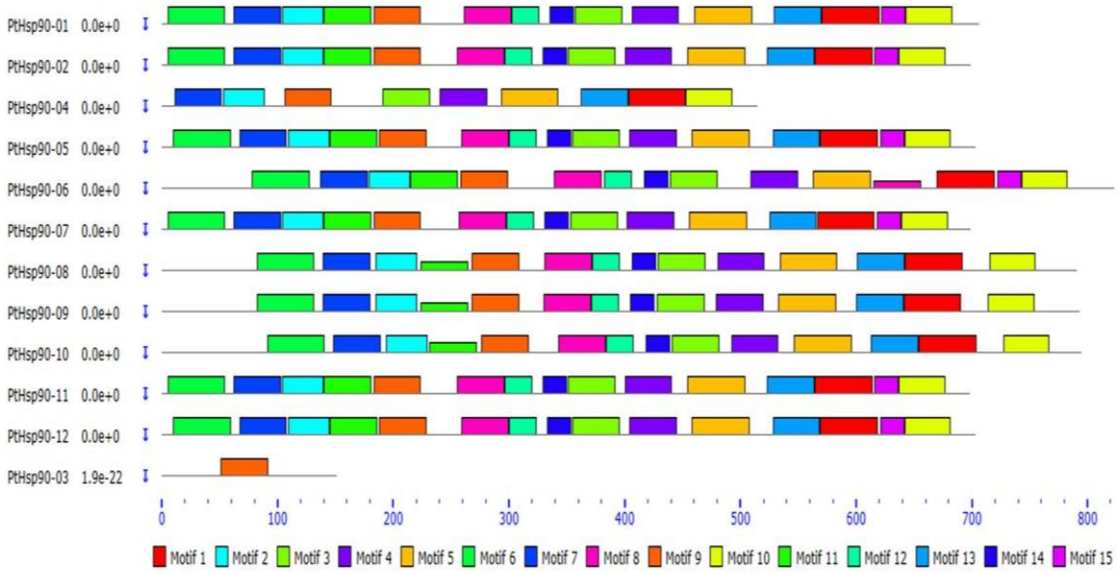
3.2.5.5. *Hsp90 amino asitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi*

Filogenetik ağacın doğruluğunu kontrol edebilmek için korunmuş motiflerin analizi yapılmıştır. PtHsp90 için 15 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır (Tablo 3.14). Benzer motif kompozisyonları PtHsp90 proteinleri arasında yapısal olarak bir

benzerlik sağlar. Örneğin tandem duplikasyonların aynı filogenetik grup içerisinde bulunduğu belirlenmiştir. Çoğunda 15 motif kompozisyonun korunduğu görülmüştür. PtHsp90 proteinleri kendi içerisinde korunmuş bölgeler içermektedir (Şekil 3.29).

Tablo 3.14. *PtHsp90 aminoasitlerinde belirlenen motiflerin özellikleri*

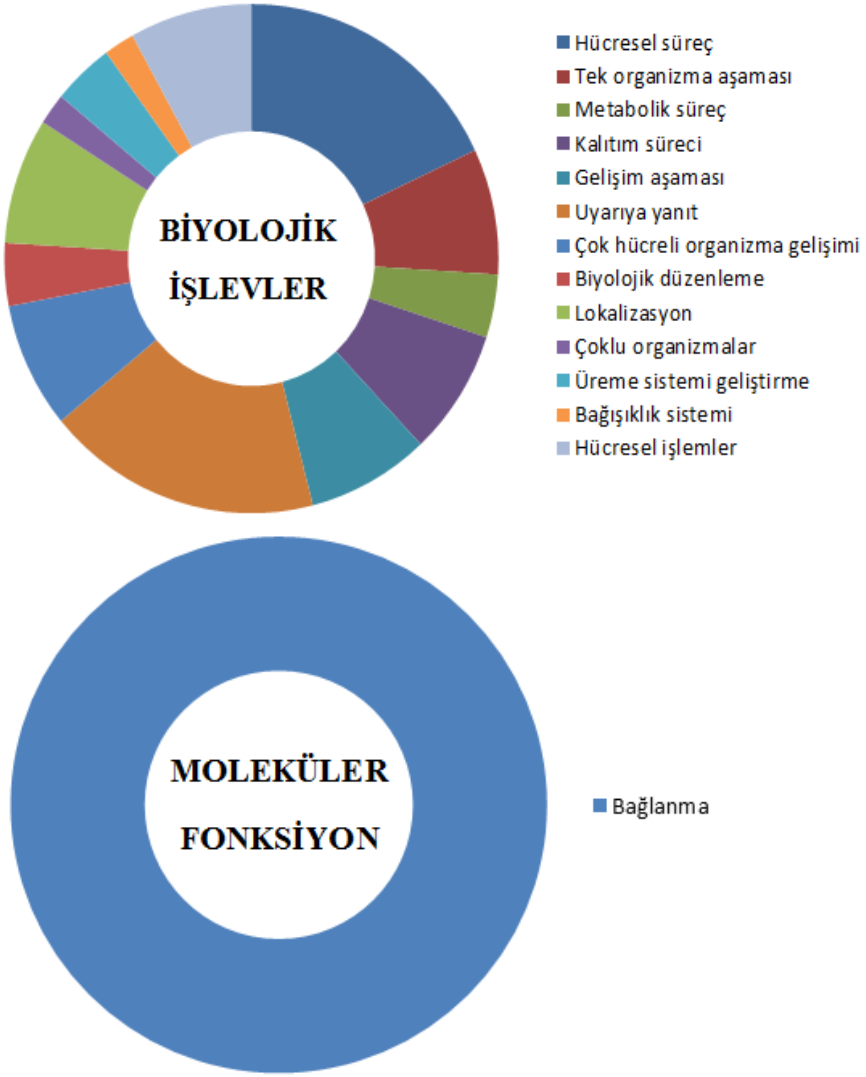
Motif No.	Bölge	E-değeri	HSP90 aminoasitlerine ait motif özellikleri	Uzun. (aa)
Motif 1	11	6.1e-316	DSPCCLVTGEYGWSANMERIMKAQALRDSSMAGYMSSKKTMEINPENPIM	50
Motif 2	11	2.7e-210	FMEALQAGADVSMIGQFGVGFYSAYLVAEKVVVTTK	36
Motif 3	11	4.7e-232	YLSFVKGVVDSDDLPLNISREMLQQNKILKVIRKNLVKKCI	41
Motif 4	11	1.9e-219	NKEDYDKFYEAFSKNLKLGIHEDSQNKSKJAELLRYHSTKS	41
Motif 5	11	1.0e-261	MKEGQKDIYYITGESKKAVENSPFLEKLKKKGYEVLYMVDAIDEYAVGQL	50
Motif 6	10	3.2e-267	TFAFQAEINQLLSLIINTFYSNKEIFLRELISNASDALDKIRFESLTDKS	50
Motif 7	11	1.5e-222	LFIRIVPDKDNNTLTIIDSGIGMTKADLVNNLGTIARSGTK	41
Motif 8	10	1.0e-202	HEWELVNKQKPIWMRKPEEITKEEYAAFYKSLTNDWEEHLA	41
Motif 9	12	1.4e-200	EYLEERRJKDLVKKHSEFISYPIYLWIEKTTEKEISDDEDE	41
Motif 10	11	7.6e-173	FETALLTSGFSLDDPNTFGSRIHRMLKLGLSIDEDEADGD	40
Motif 11	7	1.1e-145	HNDDEQYVWESQAGGSFTVTRDTSGENLGRGTKITLFLKED	41
Motif 12	10	2.9e-105	VKHFSVEGZLEFKAVLFVPKRAPF	24
Motif 13	10	1.8e-123	ETEDEKKKKEELKZKFEGLCKVIKDVLGDKVEKVVVSDRVV	41
Motif 14	10	2.4e-100	NNIKLYVRRVFIMDBCEELLP	21
Motif 15	7	8.8e-043	LRKRADADKNDKSVKDLVLLL	21



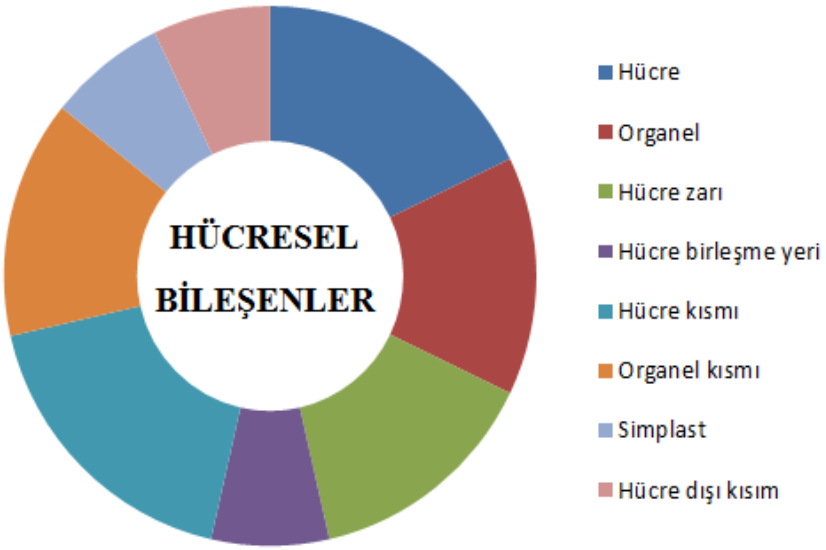
Şekil 3.29. *PtHsp90* genlerine ait motif kompozisyonu

3.2.5.6. Hsp90 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin çıkarılması

Belirlenen *PtHsp90* genlerinin fonksiyonel analizleri sonucunda biyolojik işlev de *PtHsp90* genleri için 13 kategori de işlevleri belirlenmiştir. Moleküler işlev de *PtHsp90* genlerinin tümü bağlanma kategorisinde bulunmuştur. Hücresel bileşenlerde genlerin yerleşim yerlerinin genel olarak hücre ve organel de olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.30, Ek 24).



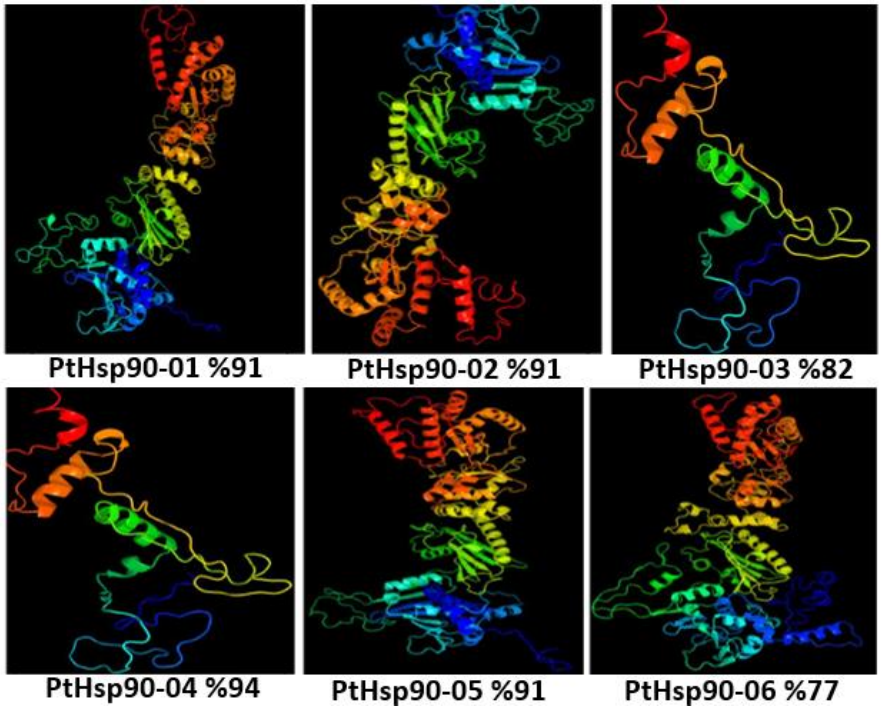
Şekil 3.30. *PtHsp90* genlerinin fonksiyonel analizleri



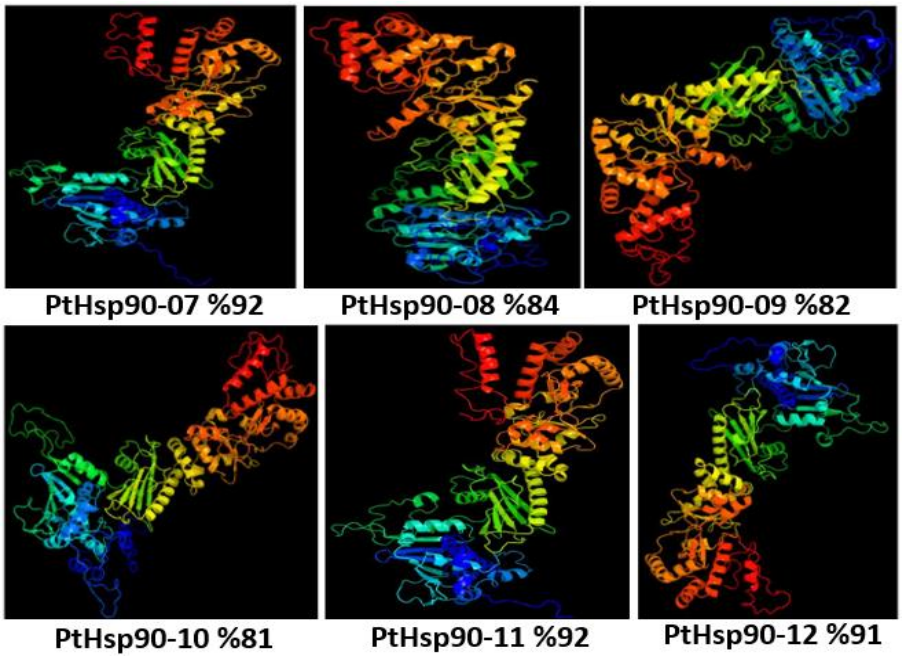
Şekil 3.30'un devamı

3.2.5.7. Hsp90 aminoasitlerine ait homoloji modellemesi

PtHsp90 proteinlerinin tamamı için modellenme yüzdesi; >90% güven düzeyinde 77' den 94'e kadar değişiklik gösteren bir oran ile belirlenmiştir (Şekil 3.31).



Şekil 3.31. 12 adet *PtHsp90* genlerinin tahmini protein yapısı



Şekil 3.31'in devamı

3.2.5.8. Hsp90 genlerini hedef alan miRNA grupları

12 farklı bitki grubunda toplamda 14 adet miRNA 9 adet *PtHsp90* geni tarafından hedeflenmiştir. miR414'ün genlere dağılımının daha fazla sayıda olduğu saptanmıştır. PtHsp90-10 geni farklı miRNA'lar ile hedeflenmiştir (Ek 25).

3.2.5.9. Kavak Hsp90 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi

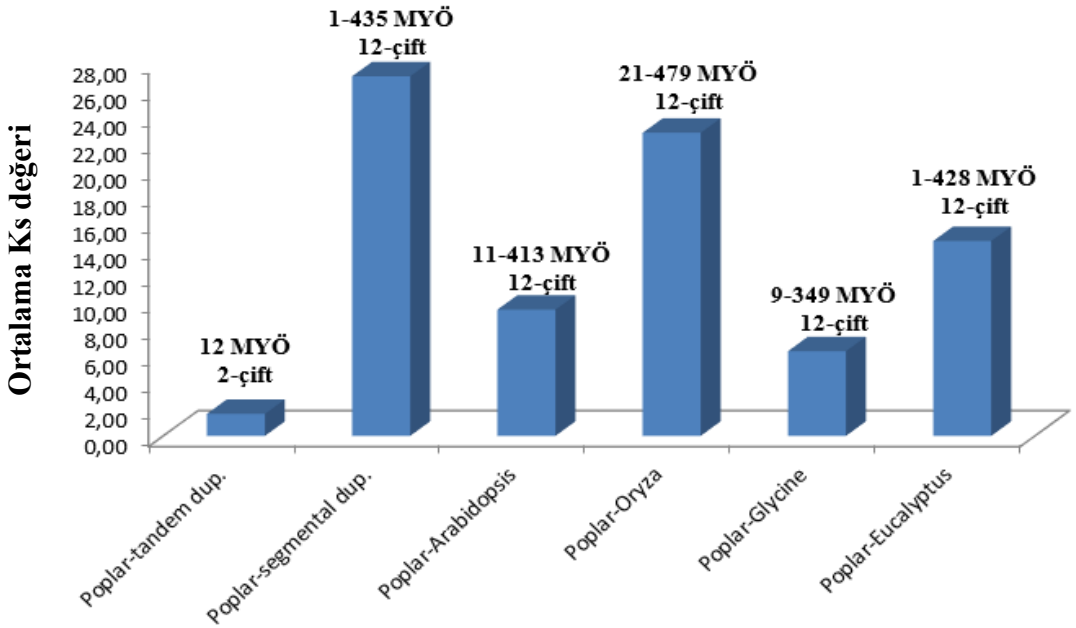
Kavak genomunda tanımlanan 12 adet *Hsp90* genlerine ait diziler *Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Glycine max ve Eucalyptus grandis* türlerinin gen dizileri ile karşılaştırılmıştır.

Arabidopsis thaliana'da kromozom *AtChr5*'de lokasyon bulan AT5G56030, AT5G56000, AT5G52640 ve AT3G07770 kod numaralı gen dizisi ile yüksek benzerlik saptanmıştır. *Oryza sativa*'da kromozom *OsChr8*'de lokasyon bulan Os08g39140.1 kod numaralı gen dizisi ile benzerlik tespit edilmiştir. *Glycine max*'da

özellikle kromozom 2'de Glyma.02G124500.1 kod numaralı gen dizisi ile yüksek benzerlik belirlenmiştir. *Eucalyptus grandis* için ortolog ilişkiler incelendiğinde; kromozom 1'de yer alan Eucgr.A02734 kodlu dizi karşılaştırmalarının daha yüksek benzerlik taşıdığı görülmüştür (Ek 26).

Ortologları bulunan genomlarda; *Arabidopsis thaliana*'da 0.04, *Oryza sativa*'da 0.01, *Glycine max*'da 0.04 ve *Eucalyptus grandis*'de 0.02 Ka/Ks oranları belirlenmiştir. Genlerin birbirleri ile ne zaman farklılaştığı (ayrılma/izole olduğu) tespit edilmiştir. Ayrılma zamanları incelendiğinde; takriben 73 milyon yıl önce (MYÖ) *Arabidopsis thaliana*'da, 175 MYÖ *Oryza sativa*'da, 49 MYÖ *Glycine max*'da ve 112 MYÖ *Eucalyptus grandis*'de ayrılma gösterdiği belirlenmiştir. Ayrılma zamanına göre en erken farklılaşmanın *Oryza sativa* ile 175 MYÖ meydana geldiği düşünülmektedir (Ek 26).

Kavak genomunda belirlenen 12 adet *PtHsp90* geninin %100'ünde bu türler arasında ortolog ilişki gözlenmiştir. Farklı organizmalar ile de *(Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Glycine max ve Eucalyptus grandis)* %100 oranında *PtHsp90* genlerinin ortolog ilişkisinin olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.32).



Şekil 3.32. *PtHsp90* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları

3.2.6. Kavak Genomunda Hsp100 Proteinini Kodlayan Dizilerin Analizleri

3.2.6.1. Hsp100 protein dizilerinin tanımlanması

Kavak genomunda yapılan biyoinformatik analizler sonucunda; Hsp100 protein ailesine ait 90 adet gen tanımlanmıştır. Bulunan genlerin kromozom sıralamalarına bağlı kalınarak *PtHsp90-01*'den *PtHsp90-90*'a kadar bir isimlendirme yapılmıştır. Proteinlerin amino asit uzunlukları, moleküler ağırlıkları, (pI) izoelektronik etki değerleri ve NCBI'daki (Uluslararası biyoteknoloji veri tabanı) tanımlı ulaşım numaraları listelenmiştir.

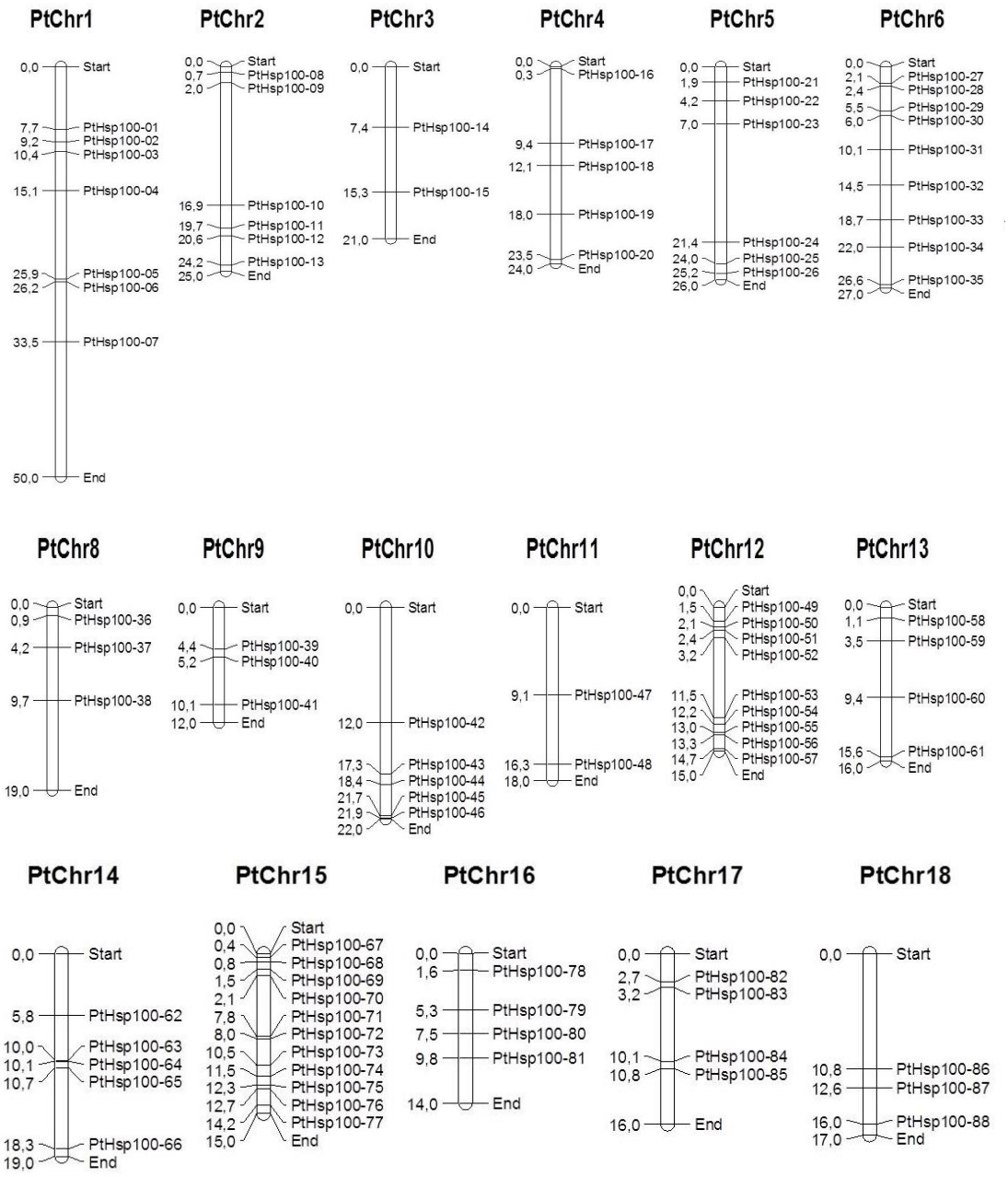
Kavakta belirlenen Hsp100 proteinlerinin 69 (*PtHsp100-31*) ile 5410 (*PtHsp100-83*) aminoasit uzunluğu arasında bir dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Proteinlerin ayrışmasında rol oynayan izoelektronik etki değeri Hsp100 ise sırasıyla (pI) ise 4,94 dan (pH<7=asidik) (*PtHsp100-22*) 10,2 (pH>7=bazik) (*PtHsp100-50*) arasında bulunmuştur. Genlerin %62'sinin asidik karakterde olduğu tespit edilmiştir.

Moleküler ağırlıkları Hsp100 genleri için 103236,75 (*PtHsp100-64*) den 99338,31 aralığında (*PtHsp100-76*) değişkenlik göstermektedir. Aminoasitlerin genetik kararsızlık indeksleri 40'dan küçük hesaplandığında protein yapısının kararlı olduğu tespit edilmiştir. Tanımlanan *PtHsp100* genlerinin % 51'inin kararlı rol üstlendikleri belirlenmiştir (Ek 27).

3.2.6.2. Hsp100 genlerinin kromozomlar üzerinde yerleşimleri ve gen yapısı

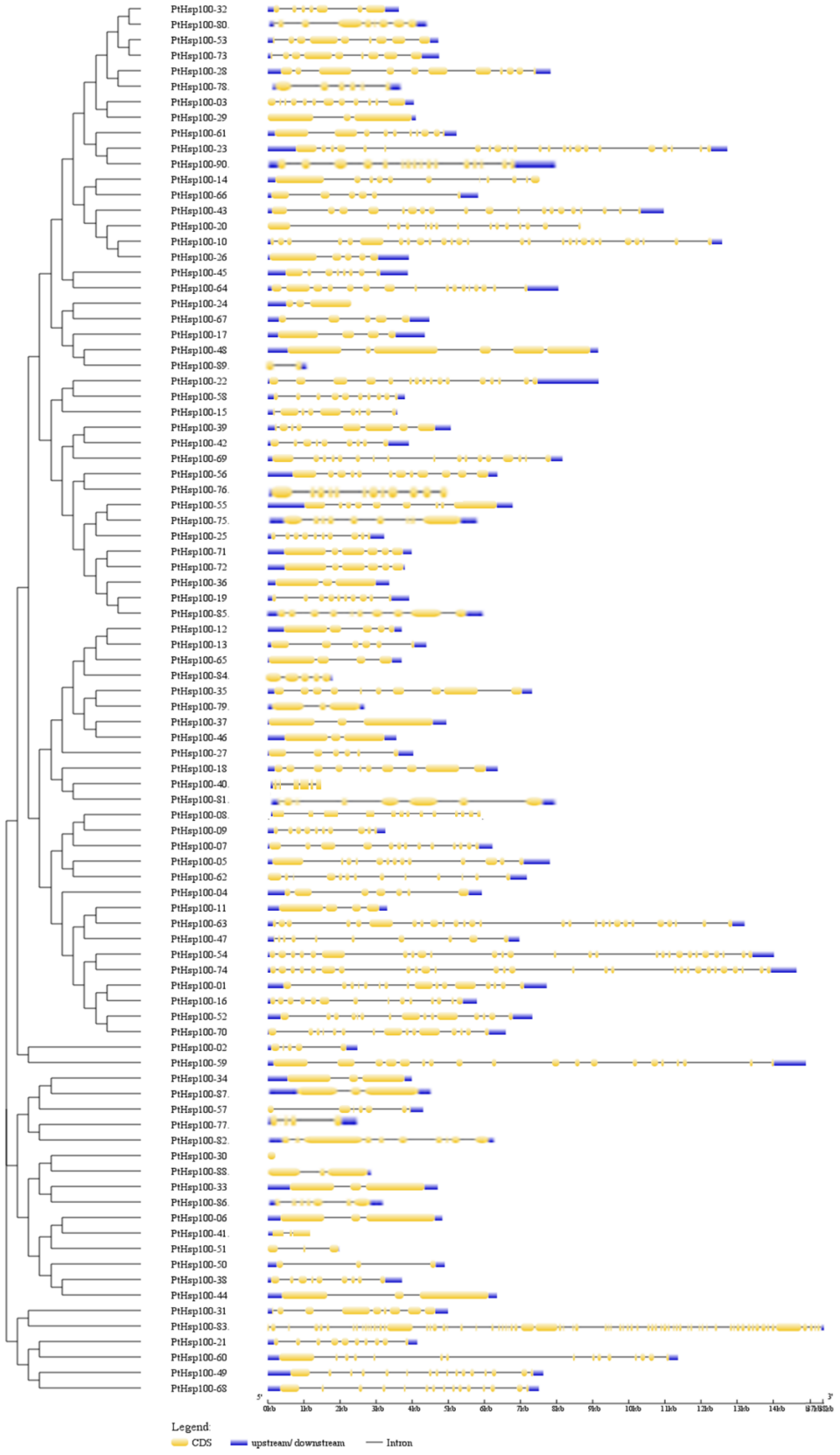
PtHsp100 gen ailesine ait tanımlanan 90 genin kromozomlar üzerindeki lokasyonları belirlenmiştir. Kromozomlara dağılım incelendiğinde; kromozom 15'de (PtChr15) genlerin % 12 oranla en yüksek dağılım gösterdiği tespit edilmiştir.

PtChr3 ve PtChr11'de ise sadece iki gen yerleşim göstermiştir. 90 Hsp100 geni kromozamlara oransal olarak eşit dağılmadığı görülmüştür. Genlerin çoğunluğunun kromozomun alt kısmında ya da üst kısmında bulunduğu saptanmıştır (Şekil 3.33).



Şekil 3.33. Kromozomlar üzerinde 90 *PtHsp100* genin lokasyonları

Kavakta belirlenen Hsp100 geni yapı bakımından incelemek için ekzon ve intron bölgelerin analizleri yapılmıştır (Şekil 3.34). Hsp100 genine ait ekzon ve intron bölgelerin 89 genin tamamında bulunduğu görülmüştür. Sadece *PtHsp100-30* geninde intron bölge bulunmamaktadır. Tüm genlerin fazla sayıda intron bölge içerdiği belirlenmiştir.



Şekil 3.34. *PtHsp100* genlerinin intron ve ekzon bölgeleri

3.2.6.3. Hsp100 proteinlerinin genomik duplikasyonlarının hesaplanması

Genlerin tandem ve segmental duplikasyonlarının kaç yıl önce birbirlerinden ayrıldıkları hesaplanmıştır ve *PtHsp100* geni için tandem duplikasyonların sırasıyla 0-418 MYÖ ve segmental duplikasyonların 1-442 MYÖ farklılaşmaların olduğu tespit edilmiştir (Tablo 3.15; Ek 28).

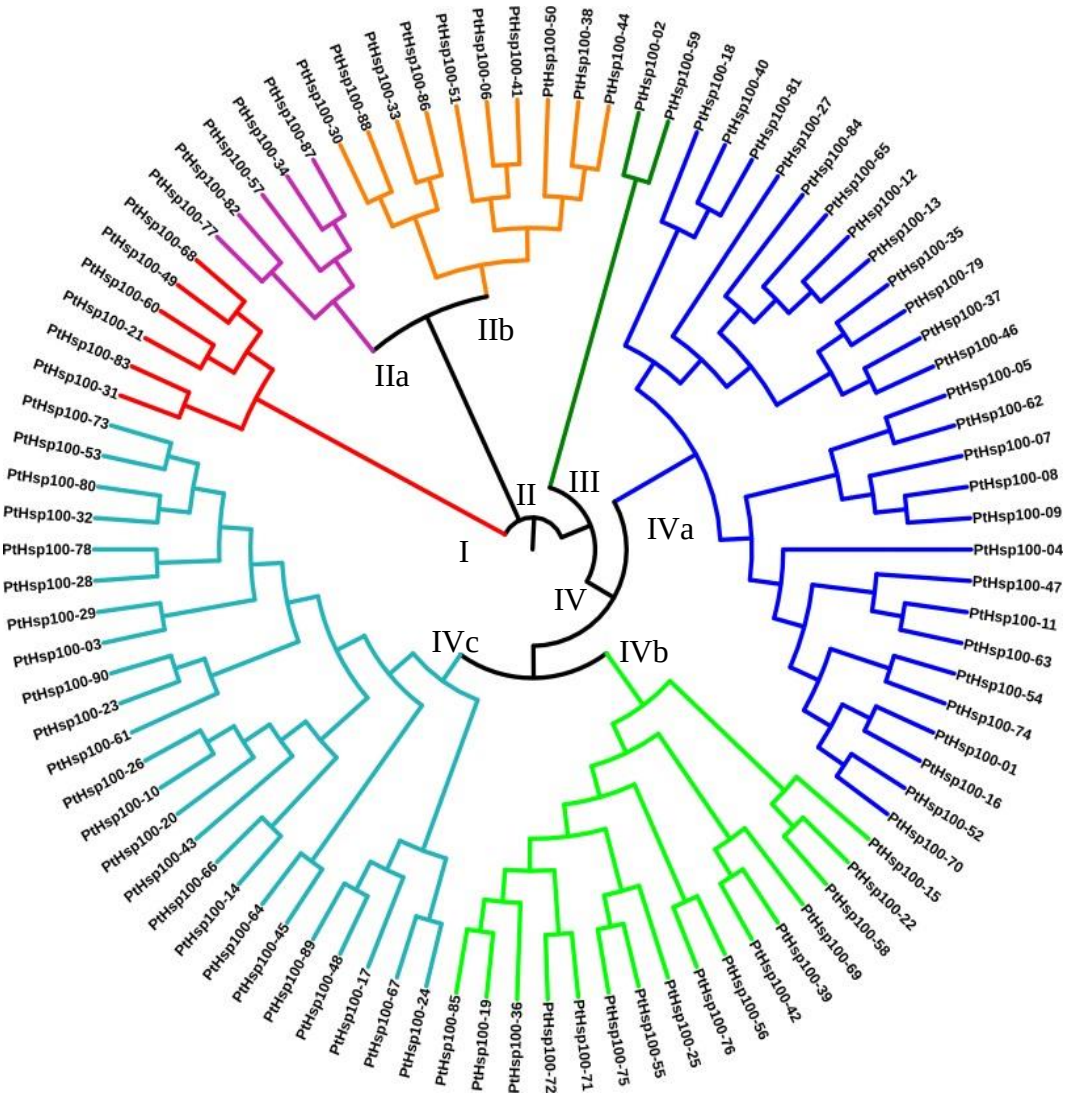
Tablo 3.15. *PtHsp100 genlerine ait tandem duplikasyonlar*

Kromozom	Gen No	Duplikasyn	Uzaklık	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
4	PtHsp100-17	PtHsp100-20	14089484	2,8855	16,8800	5,8499	22,1962
6	PtHsp100-37	PtHsp100-35	22349279	1,4749	5,6128	3,8055	11,3454
12	PtHsp100-52	PtHsp100-54	9087541	54,4432	0,5418	0,0100	418,7938
12	PtHsp100-55	PtHsp100-56	375896	54,3452	0,4805	0,0088	418,0400
15	PtHsp100-70	PtHsp100-74	9415458	7,9178	0,5308	0,0670	60,9062
15	PtHsp100-71	PtHsp100-75	4495942	38,3064	0,5323	0,0139	294,6646
15	PtHsp100-72	PtHsp100-71	10830	0,0073	0,0010	0,1370	0,0562
15	PtHsp100-74	PtHsp100-70	770553	7,9160	0,5308	0,0671	60,8923
15	PtHsp100-75	PtHsp100-76	360827	53,6323	0,4896	0,0091	412,5562
Ortalama				**24,5476**	**2,8444**	**1,1076**	**188,8279**

Kavakta *Hsp100* için tanımlanan tüm genlerin birbirleri ile segmental bir dağılım oluşturduğu görülmüştür. *Hsp100* genlerinin dağılımlarına bakıldığında 63 adet genin % 70 oranında segmental dağılım gösterdiği tespit edilmiştir. Kromozom 3 ve 14'de yer alan beş genin tamamının farklı kromozomlar üzerinde dağılım gösterdiği saptanmıştır (Ek 28).

3.2.6.4. Hsp100 genlerine ait filogenetik grupların belirlenmesi

Hsp100 için filogenetik analiz sonucu 4 ana grup oluşmuştur (Grup I-II-III-IV). Sırasıyla her grupta 6, 15, 2 ve 67 protein bulunmaktadır (Şekil 3.35). Gruplar kendi içerisinde alt gruplar oluşturmuştur. Grup II içinde 5 ve10 gen ile temsil edilen iki alt grup, Grup IV'de ise kendi içerisinde üç alt grup oluşturmuştur. Sırasıyla IVa, IVb ve IVc için 27, 16 ve 24 gen dağılımı görülmüştür (Şekil 3.35).



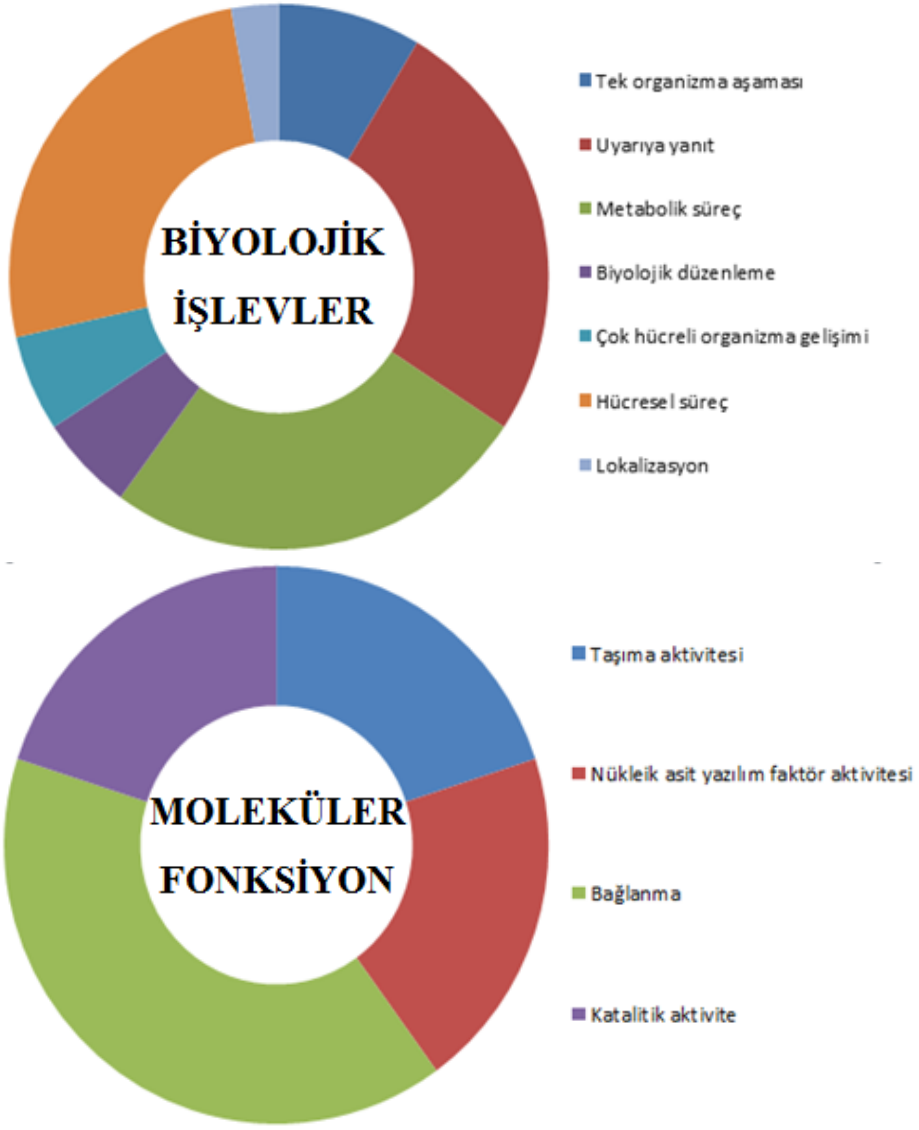
Şekil 3.35. *PtHsp100* gen ailesinin filogenetik sınıflandırması

3.2.6.5. Hsp100 aminoasitlerinde korunmuş motif bölgelerinin incelenmesi

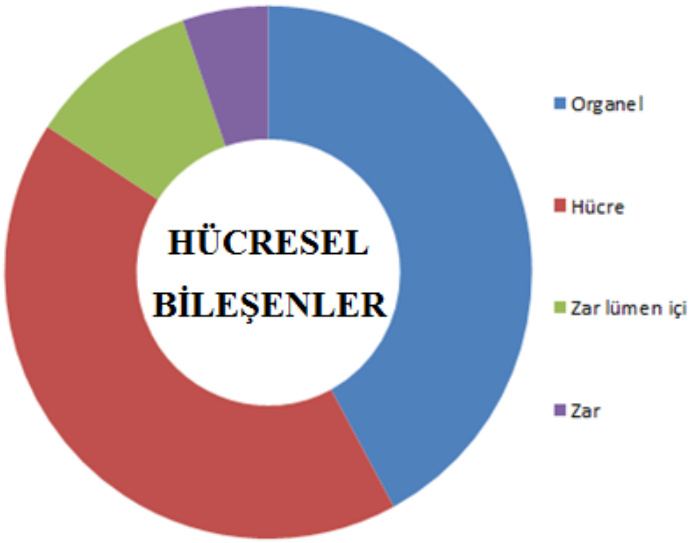
Filogenetik ağacın doğruluğunu kontrol edebilmek için korunmuş motiflerin analizi yapılmıştır. PtHsp100 genleri iki grup olarak MEME veri tabanına yüklenebilmiştir. PtHsp100 genleri için 15 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır. Motif kompozisyonları PtHsp100 proteinleri arasında yapısal olarak benzerlik göstermiştir. Örneğin; tandem duplikasyonların aynı filogenetik grup içerisinde bulunduğu belirlenmiştir. Çoğunda 15 motif kompozisyonun korunduğu görülmüştür. PtHsp100 proteinleri kendi içerisinde korunmuş bölgeler içermektedir (Ek 29, Ek 30).

3.2.6.6. Hsp100 protein dizilerinin gen ontoloji kategorilerinin çıkarılması

Belirlenen *PtHsp100* genlerinin fonksiyonel analizleri sonucunda; biyolojik işlevde *PtHsp100* genleri için 7 kategori de işlevleri belirlenmiştir. Moleküler işlevde *PtHsp100* genleri 4 kategori oluşturmuştur. Hücresel bileşenlerde genlerin yerleşim yerlerinin genel olarak hücre ve organelde bulunduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.36, Ek 31).



Şekil 3.36. *PtHsp100* genlerinin fonksiyonel analizleri



Şekil 3.36'in devamı

3.2.6.7. Hsp100 aminoasitlerine ait homoloji modellemesi

PtHsp100 proteinlerinin modellenme yüzdesi >90% güven düzeyinde 80'den 99'a kadar değişiklik gösteren bir oran ile belirlenmiştir. *PtHsp100* genlerinin 48'inde (%53) üç boyutlu protein benzerlikleri modellenmiştir (Ek 32).

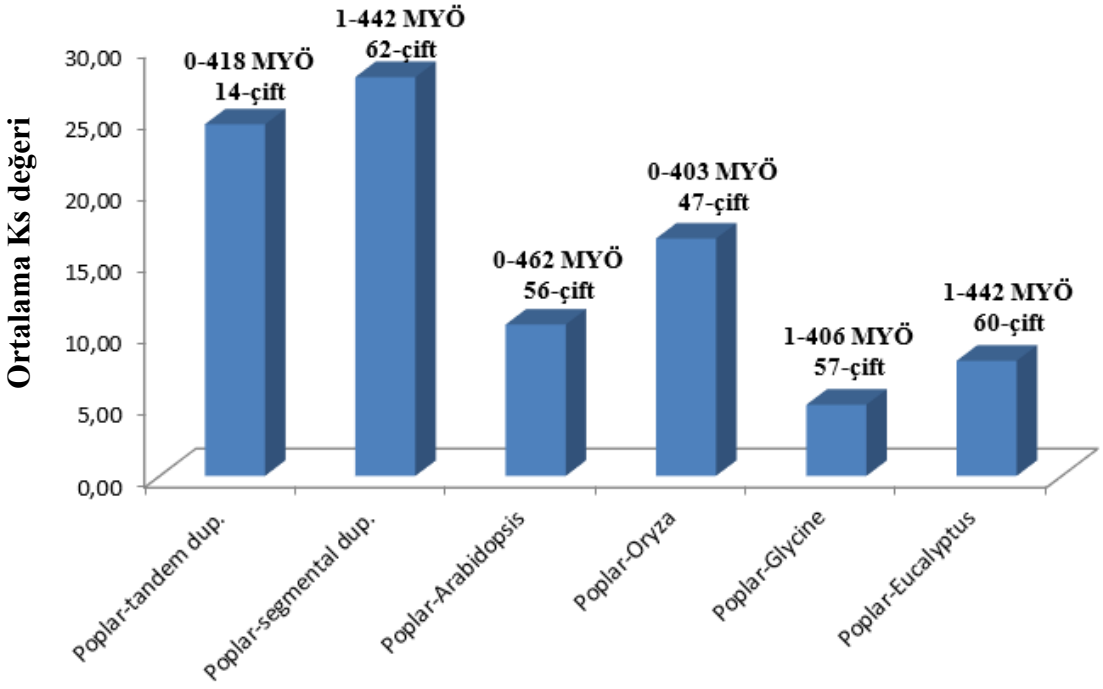
3.2.6.8. Hsp100 genlerini hedef alan miRNA grupları

32 farklı bitki grubunda toplamda 81 adet miRNA 58 adet *PtHsp100* geni tarafından hedeflenmiştir. *PtHsp100-55* geninin farklı miRNA tarafından hedeflendiği belirlenmiştir. miR414 ve miR2275 en fazla bulunan miRNA'lar olmuştur (Ek 33).

3.2.6.9. Kavak Hsp100 genlerinin farklı organizmalarda ortologlarının ve ayrılma oranlarının belirlenmesi

Kavak genomunda tanımlanan 90 adet *Hsp100* genlerine ait diziler *Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Glycine max ve Eucalyptus grandis* türlerinin gen dizileri ile karşılaştırılmıştır. Ortologları bulunan genomlarda; *Arabidopsis thaliana*'da 4.20, *Oryza sativa*'da 5.93, *Glycine max*'da 3.22 ve *Eucalyptus grandis*'de 4.33 Ka/Ks

oranları belirlenmiştir. Genlerin birbirleri ile ne zaman farklılaştığı (ayrılma/izole olduğu) tespit edilmiştir. Ayrılma zamanları incelendiğinde; takriben 81 milyon yıl önce (MYÖ) *Arabidopsis thaliana*'da, 127 MYÖ *Oryza sativa*'da, 38 MYÖ *Glycine max*'da ve 62 MYÖ *Eucalyptus grandis*'de ayrılma gösterdiği belirlenmiştir. Ayrılma zamanına göre en erken farklılaşmanın *Oryza sativa* ile 127 MYÖ meydana geldiği düşünülmektedir (Ek 34). Kavak genomunda belirlenen 90 adet *PtHsp*100 geninin yaklaşık olarak %67'sinde bu türler arasında ortolog ilişki gözlenmiştir. *Arabidopsis thaliana* ile %62, *Oryza sativa* ile %52, *Glycine max* ile %63 *ve Eucalyptus grandis* ile %66 oranında *PtsHsp* genlerinin ortolog ilişkisinin olduğu tespit edilmiştir (Şekil 3.37).



Şekil 3.37. *PtHsp100* genlerinin ortologları ve birbirinden ayrılma oranları

3.3. Sonuç ve Tartışma

3.3.1. Hsps (Heat Shock Proteins) Protein Dizilerinin Tanımlanması

Çalışmasının başlangıcını "Hsp70 protein gen ailesi üyelerinin kavak genomunda belirlenmesi ve kuraklık stresi koşullarında gen ifade seviyelerinin belirlenmesi"

oluşturmaktadır. İlk olarak *P. trichocarpa* genomunda Hsp70 protein ailesine ait 34 adet gen tanımlanmıştır (Yer, Baloğlu, Zıplar, Ayan ve Ünver, 2016).

P. trichocarpa genomunda yapılan biyoinformatik analizler sonucunda; diğer sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp90 ve Hsp100 protein ailesine üyelerine ait sırasıyla 60, 145, 49, 12 ve 90 adet gen tanımlanmıştır. Tez çalışmasında *Hsps* gen ailelerine ait toplamda 390 adet gen tanımlanmıştır. Bulunan genler kromozom sıralamalarına bağlı kalınarak numaralandırılmıştır. Proteinlerin amino asit uzunlukları, moleküler ağırlıkları, (pI) izoelektronik etki değerleri, kararlılık durumları ve NCBI'daki tanımlı ulaşım numaraları ayrıntılı ilgili bölüm tablolarında sunulmuştur. Yapılan çalışmalarda; kavak genomunda Hsps protein ailesi üyelerinin temel gruplandırmalarında (Beş sınıf=sHsp/Hsp60/Hsp70/Hsp90/Hsp100) genel olarak asidik karakterde özellik taşıdığı belirlenmiştir (J. Zhang vd., 2015; Çelik Altunoğlu, 2016; Yer vd., 2016). Bu çalışmada benzer sonuçlar elde edilmiştir. Buna karşın yardımcı şaperon olan *Hsp40* gen ailesi üyelerinin ise çoğunluğunun bazik özellik taşıdığı dikkat çekmiştir. Bu durum aminoasitlerin üzerlerinde var olan asidik ve bazik grupların proteinlerin ayrışmasında rol oynaması şeklinde açıklanabilir. Tablo 3.16'da gen ailesine ait özet bilgiler verilmiştir.

Tablo 3.16. *Hsps gen ailesi üyelerine ait kısmi veriler*

Hsp grubu/ Gen sayısı	**Min. (aa)**	**Mak. (aa)**	**Da**	**pI- (%)**	**Asidik/Bazik (%)**	**Kararlılık (%)**
sHsp (60)	53 (PtsHsp-25)	539 (PtsHSP-16)	5994,97-60644,94	4,46-9,89	71 Asidik	77
Hsp40 (145)	70 (PtHsp40-125)	2614 (PtHsp40-137)	7764,55-286398,43	4,5-10,27	59 Bazik	66
Hsp60 (49)	95 (PtHsp60-07)	1828 (PtHsp60-04)	10260,91-203474,5	4,75-9,37	75 Asidik	79
Hsp70 (34)	99 (PtHsp70-30)	972 (PtHsp70-07)	11005,4-111276,3	4,77-9,94	85 Asidik	67
Hsp90 (12)	151 (PtHsp90-03)	823 (PtHsp90-06)	17540,71-94046,84	4,46-5,21	100 Asidik	26
Hsp100 (90)	69 (PtHsp100-31)	5410 (PtHsp100-83)	7971,22-613915,80	4,94-10,2	62 Asidik	34

Genom dizileri tamamlanan çoğu tür için fonksiyonel genom çalışmaları yapılmaktadır. Genlerin karakterizasyonlarına ait çalışmalar son yıllarda önem

kazanmıştır. J. Zhang vd. (2013) ve (2015) yaptıkları çalışmalarda *Populus trichocarpa* genomunda sHsp (37), Hsp60 (28), Hsp70 (20), Hsp90 (10) ve Hsp100 (5) gen ailelerine toplam 100 adet gen tanımlamışlardır.

Tez çalışması kapsamında *Populus trichocarpa* genomuna ait Pfam sonuçlarına göre; sHsp-Hsp60-Hsp70-Hsp90-Hsp100 gen ailesi üyelerine ait 145 adet ilave gen (araştırmalarda tanımlanan genlere ek olarak) tanımlanmıştır. Bunun olası sebepleri gen taramalarının, genlerin karşılaştırılma (BLAST) analizlerinin CLC biyoinformatik (Genomics Workbench versiyon 8.0) programı yardımıyla yapılmış olmasıdır. Ayrıca, sadece bu çalışma ile kavak genomunda yardımcı şaperon olan Hsp40 geninin taraması yapılmıştır ve 145 adet *PtHsp40* geni tanımlanmıştır.

Arabidopsis thaliana'da ve *Oryza sativa* genomunda toplamda sırasıyla 163 ve 199 Hsps gen ailesi üyesi tespit edilmiştir (Swindell vd., 2007, Y.F. Wang vd., 2014). Yürütülen bu çalışma sonunda; en fazla sayıda *Hsps* geni kavak genomu içerisinde tespit edilmiştir (Tablo 3.17).

Tablo 3.17. *Hsp gen ailesi üyelerinin bazı bitkiler ile karşılaştırılması*

Hsps	Poplar (Tez çalışması)	Poplar (Zhang et al. 2015a)	A. thaliana	O. sativa	Eucalyptus spp.
sHsp	60	37	27	29	32
Hsp40	145	-	89	104	91
Hsp60	49	28	18	20	15
Hsp70	34	20	18	32	27
Hsp90	12	10	7	9	12
Hsp100	90	5	4	5	9
Total	390	100	163	199	186

Araştırmacılar *Hsps* gen ailesine ait ayrıntılı çalışmalarda da bulunmuşlardır. *sHsp* gen ailesine ait *Arabidopsis thaliana*'da 27 adet, *Oryza sativa*'da 29 ve *Populus trichocarpa* genomunda toplam 37 adet *sHsp* geni tanımlanmıştır (Scharf vd., 2001; Waters vd., 2008). *Hsp70* gen ailesine ait *Arabidopsis thaliana*'de 18 adet (Lin vd., 2001), *Oryza sativa*'da 32 adet (Sarkar vd., 2013), *Gossypium raimondii*'de 30 adet (Y. Zhang vd., 2014), *Glycine max*'da 61 adet (L. Zhang vd., 2015) gen tanımlanmıştır.

Krishna ve Gloor (2001) *Arabidopsis thaliana*'da *Hsp90* gen ailesine ait 7 adet gen belirlemişlerdir. Yürütülen bu araştırmada ise; *Hsp90* gen ailesine ait 12 adet gen tanımlanmıştır. Farklı organizmalar için gen ailesi üyelerinin sayısal verileri dikkate alındığında benzer sonuçlar ortaya çıkmaktadır. Bu sonuç, genomda gen ailesi üyelerinin korunmuş bölge olduklarını kanıtlamaktadır.

Hsp40 gen ailesine ait *Arabidopsis thaliana*'da 89 ve *Oryza sativa*'da 104 adet gen tanımlanmıştır (Miernyk, 2001; Sarkar vd., 2013). Bu çalışma sonucunda ise kavak genomunda *Hsp40* gen ailesine ait 145 adet gen tanımlanmıştır. Bu durum, kavak cinsinin genom büyüklüğü ile açıklanabilir. Yapılan çalışmalar incelendiğinde; *Hsps* gen ailesine ait en fazla sayıda tanımlama; yürütülen bu tez çalışması kapsamında kavak genomunda tespit edilmiştir.

3.3.2. Hsps Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimleri ve Gen Yapısı

Hsps gen ailelerine ait tanımlanan [PtsHsp (60 gen); PtHsp40 (145 gen); PtHsp60 (49 gen); PtHsp90 (12 gen) ve PtHsp100 (90 gen)] genlerin kromozomlar üzerindeki lokasyonları belirlenmiştir. PtsHsp-60, PtHsp40-144/PtHsp40-145, PtHsp60-48/PtHsp60-49, PtHsp100-89/PtHsp100-90 genlerinin Scaffold seviyesinde olduğu tespit edilmiştir. Bu genler haricinde tüm genlerin (390 adet sHsp) kavak genomunun 19 kromozomu üzerinde dağılımları belirlenmiştir. Kromozom numaraları isimlendirmeleri *PtChr1, PtChr2, ..., PtChr19* şeklinde yapılmıştır.

Kromozomlar üzerinde genlerin dağılımları eşit olmamıştır. *PtChr1/Chr3/Chr4/Chr6/Chr8/Chr9/Chr10/Chr14*'de sHsp gen ailesi üyelerinin tümüne ait (sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100) genlerin yerleşim bulduğu tespit edilmiştir. *PtChr7*'de ise sadece *Hsp40* genlerinin yerleşim gösterdiği belirlenmiştir. 145 adet tanımlanan *Hsp40* gen ailesi üyeleri, kavak genomunun 19 kromozomu üzerinde belirlenmiştir. 12 adet tanımlanan *Hsp90* gen ailesi üyelerinin ise kavak genomunda belirli kromozomlarda yerleşim göstermesi; gen sayılarının kromozom üzerinde dağılıma bağlı belirleyici olduğunu kanıtlamaktadır.

Gen ailesi üyelerinin ayrıntılı incelemelerinde ise; bazı kromozomlarda *PtChr9* (sHsp), *PtChr2* (Hsp40), *PtChr15* (Hsp100) genlerin daha yoğun bulunduğu saptanmıştır. Bazı kromozomlarda ise sadece bir-iki genin yerleşim gösterdiği görülmüştür. J. Zhang vd. (2013) ve (2015)'de *Hsps* genlerinin farklı kromozomlarda yerleşimlerinin olduğunu tespit etmişlerdir. Bu durum gen ailesi üyelerinin genomda farklı bölgelerde bulunması ve evrimsel açıdan benzer korunmuş diziler taşıması şeklinde açıklanabilir.

Gen organizasyonları hakkında bilgi edinmek için ekzon ve intron yapılarına bakılmıştır. Intron bölgeler genin farklı şekilde düzenlenmesinde ekzonların farklı kombinasyonlar ile birleşmelerinde ve gen ifadesinin kontrol edilmesinde rol almaktadırlar (Xu et al., 2012). Bazı genlerde yüksek sayıda intron bölge olduğu tespit edilmiştir. Örneğin *PtHsp40-137* geninde diğer genler ile kıyaslandığında en yüksek sayıda (21 adet) intron bölgenin varlığı dikkat çekmiştir. *PtsHsp-06* geni de diğer s*Hsp* genleri ile karşılaştırıldığında en yüksek sayıda (11 adet) intron bölge içermektedir. *PtHsp90-10* gen yapısına ait en yüksek sayıda 19 adet intron bölge tespit edilmiştir. Bu karşın bazı *Hsps* genlerinde ise intron bölge gözlemlenmemiştir. Örneğin s*Hsp* genlerinin 16'sında intron bölgenin bulunmadığı görülmüştür. 49 *Hsp60* genin sadece 2'sinde (PtHsp60-34 ve PtHsp60-39) intron bölge görülmemiştir. *Hsp100* gen ailesinin yapı bakımından fazla sayıda intron bölge taşıdığı tespit edilmiştir. Tanımlanan *Hsp100* gen ailesine ait sadece *PtHsp100-30* geninde intron bölge bulunmamaktadır. Benzer çalışmalarda, bu araştırma bulgularını desteklemektedir.

Araştırmalarda PtHsf ve PtHsp gen ailelerinin çoğunda intron bölgelerin korunduğu, bazı genlerin de intron bölge içermediği ya da kısa ekzonlara sahip olduğu saptanmıştır (J. Zhang vd., 2015; Yer vd., 2016; Çelik Altunoğlu, 2016;). İntron sayısı ve ekzon uzunluğu incelendiğinde aynı fiziksel yapı taşıyan genlerin aynı filogenetik sınıflandırma bulunduğu tespit edilmiştir. Exon-intron yapıları filogenetik ağaç sonuçları ile benzerlik göstermektedir. Bu durum, belirlenen dizilerin tekrarlarının olması ve dizi kombinasyonlarının da yapısal organizasyonda bu yönlü benzer görülmesi şeklinde açıklanabilir. Ayrıca, sınıflandırmanın yüksek güvenilirlikte olduğunun kanıtı olabilir.

3.3.3. Hsps Proteinlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

Organizmalar arasında gen duplikasyonları; *Hsps* genlerin varlığına ait açıklayıcı bilgiler vermektedir. Gen duplikasyonları ile gen ailesinin genom seviyesinde farklılaşması açıklanabilmektedir (Cao vd., 2010; Chen ve Cao, 2014). Tandem ve segmental gen duplikasyonlarının gen ailelerine % oranında dağılımları ve kaç milyon yıl önce (MYÖ) birbirlerinden ayrıldıkları hesaplanmıştır. J. Zhang vd. (2015) yılında yaptıkları çalışma sonucunda *Hsf/Hsp* gen ailelerine ait % 47,5 (56/118) oranında segmental duplikasyon, %13,5 (16/118) oranında da tandem duplikasyon belirlemişlerdir. Tuskan vd.. (2006) da *P. trichocarpa* genomunda % 33,4 segmental % 15,6 tandem duplikasyon tespit etmişlerdir. Yürütülen bu araştırmada; % 64 oranında (251/390) segmental duplikasyon, % 28 oranında (112/390) tandem duplikasyon bulunmuştur. Tüm gen ailelerinde tandem ve segmental duplikasyonlara ait bilgiler Tablo 3.17'de özetlenmiştir. Duplikasyon analizleri ile benzer genlerin tespit edilmesi ve gen ailesinin evrimsel dağılımının belirlenmesi hedeflenmiştir. En yüksek tandem duplikasyon oranı %47 olarak Hsp70 ailesi için belirlenmiştir. En az sayıda ise sHsp gen ailesi (%3) üyeleri arasında görülmüştür. Segmental dağılımlarda ise Hsp90 üyeleri için duplikasyonlar %100 bulunmuştur. Bunu Hsp60 (%91) ve Hsp70 gen ailesi (%67) üyeleri izlemiştir.

Tablo 3.18. *Hsps genlerine ait duplikasyon oranları*

Hsps	**Tandem dup. (min.-mak.) /MYÖ**	**%**	**Segmental dup. (min.-mak.) /MYÖ**	**%**
PtsHsp (60 adet)	0-394	3	0-409	45
PtHsp40 (145 adet)	0-412	13	0-512	55
PtHsp60 (49 adet)	0-419	18	0-432	91
PtHsp70 (34 adet)	0-3	47	1-59	67
PtHsp90 (12 adet)	0-12	16	1-435	100
PtHsp100 (90 adet)	0-418	16	1-442	70

Segmental ya da tandem gen duplikasyonları çoğu bitkide transkripsiyon faktörü olarak TF örneğin bZIP, NAC, MBF aynı zamanda LEA ve HSPs olarak tespit edilmiştir (Nijhawan et al. 2008; Baloglu et al. 2014a; A. Wang et al. 2011; Puranik et al. 2012; Jain et al. 2007). Ayrıca, bu çalışmada (Ka) benzerlik göstermeyenler ile (Ks)

benzerlik oranları belirlenerek, protein kodlanabilme oranları (Ka/Ks) tüm tandem ve segmental duplikasyonlar için hesaplanmıştır.

3.3.4. *Hsps* Genlerine ait Filogenetik Grupların Belirlenmesi

Korunmuş PtsHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 proteinlerinin yapısının evrimsel olarak dağılımını anlamak için detaylı filogenetik sınıflandırma yapılmıştır. 1000 tekrarlı komşu birleştirme yöntemine göre; filogenetik analiz sonucu sırasıyla 4, 5, 4, 3, 3 ve 4 ana grup oluşmuştur. Grup isimleri Grup I-II-III-IV-V şeklinde gösterilmiştir. Tüm gruplarda farklı sayıda alt gruplara ayrılmıştır. Protein ailesi üyelerinin farklı alt gruplarda bulunduğu diğer çalışmalar ile de belirlenmiştir (Lin et al., 2001; Sarkar et al., 2013, J. Zhang et. al, 2013, J. Zhang et al., 2015). Bu araştırmada tanımlanan tüm Hsps genlerine ait toplu bir filogenetik ağaç oluşturulmuştur. Gen ailesi üyelerinin çoğunlukla ard arda filogenetik dağılım gösterdiği saptanmıştır (Ek 36). Sung vd. (2001)'da Arabidopsis'de farklı *Hsps* genlerinin farklı gruplarda yer aldıklarını tespit etmişlerdir. Farklı organizmalarda yer alan *Hsps* gen grupları arasında da evrimsel açıdan güçlü bir korelasyon oluşturduğu söylenebilir. Bu durum genom seviyesinde korunmuş benzer diziler taşımaları ile açıklanabilir.

3.3.5. Hsps Aminoasitlerinde Korunmuş Motif Bölgelerinin İncelenmesi

Filogenetik ağacın doğruluğunu kontrol edebilmek için korunmuş motiflerin analizi yapılmıştır. MEME veri tabanına PtsHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 proteinlerinin tüm aminoasit dizileri yüklenmiştir ve 15 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır. Benzer motif kompozisyonlarının proteinler arasında yapısal olarak benzer özellikler taşıdığını doğrulamaktadır. PtHsps proteinleri kendi içerisinde korunmuş bölgeler içermektedir. Motiflerde tekrar eden aminoasit kompozisyonları incelendiğinde; gen ailesi üyelerinine ait tanımlanan dizilerin kendi içlerinde benzer segmentler oluşturduğu gözlenmiştir. Çoğunlukla D-P-E-G-A-S-Y-N-C-L-K-W-S-R-F-T-M-V segmentlerinin tekrar ettiği tespit edilmiştir. İncelenen 15 motif kompozisyonunda aynı olan motif dizilimleri Hsps ailesi üyelerinin evrim sürecinde

aynı ya da farklı kökenlerde yer aldıkları ile açıklanabilir. Ayrıca, motif içeriklerinde de farklı ek diziler görülmüştür. Pirinç'de Sarkar vd. (2013) C uç bölgesinde ve ATP bağlanmalarında yüksek motif benzerliğinin olduğunu bulmuşlardır. Ayrıca Hsps proteinleri için filogenetik ağaç da görülen yakınlık incelendiğinde dizilerin motif yapısı olarak benzerlik gösterdiği belirlenmiştir (Sung vd., 2001). *Arabidopsis*'de N uç bölgesinin başlangıcı ATP bağlanmalarında yüksek oranda korunmuştur. *Arabidopsis*'de ATP bağlanmasında işlev alan motif, yürütülen bu tez çalışmasında da görülmüştür.

3.3.6. Hsps Protein Dizilerinin Gen Ontoloji Kategorilerinin Gruplandırılması

Belirlenen PtHsps genlerinin fonksiyonel özelliklerinin anlaşılabilmesi amacıyla Blast2Go yazılım programı yardımıyla hücresel lokasyonlar, moleküler fonksiyonlar ve biyolojik işlevler belirlenmiştir. Yapılan analiz sonucunda gen ailelerine ait farklı kategorilerde sınıflandırmalar ve değerlendirilmeler yapılmıştır. Hücresel bileşenlerde genlerin yerleşim yerlerinin genel olarak hücre, organel ve membran kısımlarında olduğu tespit edilmiştir. Moleküler işlev de genlerinin çoğunluğunun "bağlanma" ve "katalitik aktivitede" işlev kazandığı saptanmıştır. Biyolojik işlevde "abiyotik etki anında uyarıcı" özellik taşıyan cevaplar, hücresel süreç, metabolik süreç ve biyolojik düzenlemeler kategorileri yüksek eşleşme göstermiştir. Ek 1, Ek 10, Ek 14, Ek 20, Ek 24 ve Ek 31'de gen ailelerine ait detay sınıflandırmalar verilmiştir.

Benzer motif kompozisyonları taşıyan genlerin GO analizinde aynı fonksiyonel işlevde olduğu görülmüştür. Hsps proteinlerinin hücresel rolleri düşünüldüğünde; belirtilen analiz sonuçlarının işlevsel olarak uyumlu görüldüğü söylenebilir. Örneğin, proteinlerin doğru katlanmasındaki rolleri onların moleküler düzeyde bağlanma ile ilişkili kategoride yer almaları ile açıklanabilir. Biyolojik işlevde çoğunlukla uyarılara yanıt oluşturma ve metabolik-biyolojik süreçlerde görev almaları da genlerin şaperon özellikler taşıdıklarının göstergesi olabilmektedir.

J. Zhang vd. (2015) kavak genomu için Hsps gen ailesi üyelerini 5 farklı yerleşim bölgesinde bulunduklarını (sitozol, endoplazmik retikulum, perokzom, kloroplast ve

mitokondri) belirlemiştir. Sitozol de altı grup (C-I/ C-II/ CIII/ CIV/CV/CVI), mitokondride ise iki grup (M-I/ M-II) oluştuğunu saptamışlardır. Hsp60 gen ailesine ait Cpn60 sitozol lokusunda 18 gen, Cpn60-a kloroplast lokusunda 4 gen ve Cpn60-b için 3 gen tespit etmişlerdir. Hsp70'de buldukları 20 gen için de 10'unun sitozolde, 4'ünün endoplazmik retikulum'da, 2'sinin plastidlerde, 2'sinin mitokondride ve 2'sinin ara bölgelerde (truncated) yerleşim gösterdiğini belirlemişlerdir. Çoğunlukla hücresel bileşenlerde hücre ve organel içerisinde bulunmaları farklı lokasyonlarda çok sayıda görev almaları ile ilişkilendirilebilir.

3.3.7. Hsps Aminoasitlerine ait Homoloji Modellemesi

Phyre2 veri tabanında yapılan dizi taramaları ve proteinin modellenmesi yüzde >90% güven düzeyinde yapılmıştır. Protein modellemeleri için yoğun mod seçimi ile Hidden Markov Model (HMM) taraması yapılarak, yüksek doğrulukta protein homolojisi belirlenmiştir. 77'den 100'e kadar değişiklik gösteren benzerlik oranları kabul edilmiştir (Söding, 2005; Jefferys vd., 2010). *Hsps* genlerinin veri bankasına yüklü olan üç boyutlu modellemelerinde %100 eşleşme görüldüğü saptanmıştır. PtsHsp-27, PtHsp60-12, 18, 29, 43, 49 ve PtHsp40-125 genleri için %100 modelleme belirlenmiştir. %99 benzerlik oranında ise 10 adet Hsps geni tespit edilmiştir. Ayrıca, 95 ve üzeri benzerlik oranında toplam 57 adet Hsps geni saptanmıştır.

Hsps proteinlerin tahmini üç boyutlu yapılarında α-heliks zincirlerinin yüksek oranda ve β tabakalı yapıların ise az sayıda bulunduğu görülmüştür. Lund (2001) ve Mayer vd. (2001) bağlanma bölgelerinde (SBD=substrat bağlanma bölgesi) C terminal zincir alt kısmında α-heliks yapısının zengin olduğunu belirlemişlerdir. Bu yapısal özellik proteinlerin SBD bölgesine sıkıca bağlanmasını sağlamaktadır. Helikal kapak yapılarında ise yoğunlukta olarak β tabakalı yapının bir cep oluşturduğu görülmüştür. α-heliks ve β yapılarının moleküler fonksiyonlarda baskın olduğu ve bu nedenle önemli bir yapı biçimi oldukları söylenebilir. Bu yapısal özelliklerin tespiti proteinlerin yapı, fonksiyon ve mutasyon ilişkilerinin tespitine yönelik bir fikir sağlamaktadır (Mayer vd., 2001).

3.3.8. *Hsps* Genlerini Hedef Alan miRNA Grupları

Bitkilerde biyotik ve abiyotik stres ortamında, hedef genin ifade düzeyini baskılamada kullanılan yöntemlerden birisi de miRNA'lardır (Bartel, 2004; Ambros ve Chen, 2007; Ünver ve Budak, 2009; Khraiwesh vd., 2012). miRNA'lar müdahaleci RNA'ya (RNAi = RNA interference) dayalı gen sessizleştirme mekanizmasında görev alan küçük RNA'lardan biridir (Bodur ve Demirpençe 2010; Xin vd., 2010). Bitki küçük RNA hedef genlerinin hesaplandığı veri tabanı aracılığı ile (psRNA Target: A Plant Small RNA Target Analysis Server) farklı miRNA hedef genleri tespit edilmiştir. Bu veri tabanında iki önemli analiz yapılmaktadır. İlk olarak miRU skor şeması ile; miRNA ve hedef transkript arasında tersine tamamlayıcı eşleştirme sağlanır (Dai ve Zhao, 2011). Analize bağlı skor eşik değeri 3.0 olarak belirlenmiştir. İkinci analiz ise hedef bölge erişebilirliği olmaktadır. Bu analizde eşleşmemiş enerji (UPE) hesaplanmaktadır. Düşük enerjiye ihtiyaç duyulur ise miRNA'nın hedef mRNA ile bağlantısı kolaylaşacaktır. Bitkiler sadece bir strese maruz kalmazlar aynı anda birçok stres faktörü ile karşı karşıya kalabilirler (Gill vd., 2004).

Arabidopsis, mısır, çeltik ve buğdayla yapılan çalışmalarda; farklı stres koşularında bitkilerdeki hedef gen transkriptlerini yok etme yoluyla farklı miRNA ve siRNA'ların (küçük inhibe edici RNA'lar) görev aldığı görülmüştür (Bartel, 2004; Ambros ve Chen, 2007).

Toplam 51 farklı bitki miRNA'sı ile Hsps genleri hedef gösterilmiştir. miRNA dizilerinin farklı bitki türleri arasında korunması aynı işlevde farklı proteinler tarafından hedeflendikleri ile açıklanabilir. 43 farklı bitki ile en fazla sayıda 72 farklı miRNA Hsp40 gen ailesi üyelerinde tespit edilmiştir. Çoğunlukla Hsps genleri miR414 kodlu miRNA ile eşleşme göstermiştir. Bunun yanında miR390, miR482, miR529, miR156, miR166, miR5272, miR2673, miR2275 ile Hsps genlerinin yüksek oranda bu miRNA'lar ile hedeflendiği görülmüştür.

Yapılan çalışmalarda miR414 geninin öncelikli olarak transkripsiyon düzenlemelerinde ve transkripsiyon faktörlerinde (bZIP, WRKY, MYB, B3, ısı şoku

proteinleri ve TCP) korunduğu belirtilmiştir (Guleria and Yadav 2011; Eulgem et al. 2000; Gurley 2000; Jakoby et al. 2002; Suo et al. 2003; Romanel et al. 2009). Bitki miRNA grupları içinde yapılan analizler ile miRNA gen yapılarının zamanla tamamen tanımlanması, strese dayanıklılık ile ilgili sinyal yollakların belirlenmesi ve her dokuya özgü miRNA'ların belirlenmesi mümkün olacaktır.

3.3.9. *Hsps* Genlerinin Farklı Organizmalarda Ortologlarının ve Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

Kavak genomunda tanımlanan *Hsps* genlerinin ortolog ilişkilerin tespiti için; tanımlanan PtHsps dizileri, model bitki türlerinin (*Arabidopsis thaliana, Oryza sativa, Glycine max, Zea mays, Vitis vinifera* ve *Eucalyptus grandis)* gen bölgeleri ile karşılaştırılmıştır (Tablo 3.19).

Tablo 3.19. *PtHsps genleri ile ortolog ilişkiler (%)*

Hsps Gen Ailesi Üyeleri	**Ortologlar (%)**	***Arabidopsis thaliana***	***Oryza sativa***	***Glycine max***	***Eucalyptus grandis***
PtsHsp (60 adet)	25	15	13	25	21
PtHsp40 (145 adet)	45	31	22	42	40
PtHsp60 (49 adet)	100	95	93	97	95
PtHsp90 (12 adet)	100	100	100	100	100
PtHsp100 (90 adet)	67	62	52	63	66
Hsps Gen Ailesi Üyeleri	**Ortologlar (%)**	***Arabidopsis thaliana***	***Oryza sativa***	***Zea mays***	***Vitis vinifera***
PtHsp70 (34 adet)	32	14	14	14	20

Genomda ortolog genlerin fonksiyonel açıdan benzer özellikler taşıdıklarını söyleyebiliriz. *Hsps* genlerinin farklı organizmalarda da bulunduğu ve korunmuş diziler içerdikleri tespit edilmiştir. Kavak genomunda tanımlanan Hsp90 genlerinin tüm dizileri seçilen organizmaların genomlarında tespit edilmiştir. Bu nedenle %100 oranında benzerlik bulunmuştur (Tablo 3.18). Ortolog ilişkilerin tespitinde benzerlik göstermeyenler (Ka) ile benzerlik oranları (Ks) belirlenerek, protein kodlanabilme oranları (Ka/Ks) seçilen bitki türlerin tamamı için hesaplanmıştır. Bu hesap değerine bağlı olarak genlerin birbirlerinden ayrılma zamanları belirlenmiştir. Tüm gen ailelerinde ortolog ilişkileri gösteren bilgiler Tablo 3.18'de özetlenmiştir. Ka/Ks oranları incelendiğinde; seçilen organizmalar PtHsp100 gen ailesi üyelerinde >1 değer

elde edilmiştir. Diğer gen ailesi üyelerinde ise <1 değerler belirlenmiştir. Bu kavak genomunda güçlü bir seleksiyon olduğunu göstermektedir. Kavak genomundan sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70 ve Hsp90 gen ailesi üyelerinde en erken ayrılmaların *Oryza sativa* bitkisi ile olduğu görülmüştür. Buna karşın, Hsp70 gen ailesi için *Zea mays* bitkisinde saptanmıştır. En yakın evrimsel farklılaşmanın ise *Glycine max* ve *Vitis vinifera* ile olduğu tespit edilmiştir (Tablo 3.20). Farklı organizmalarda ayrılma zamanlarının belirlenmesi, türler arasındaki evrimsel ilişkinin anlaşılabilmesi açısından önem arz etmektedir. Ayrıca bitki ıslahı ve genetiği alanlarında ortolog genlerin izolasyon ve klonlama teknikleriyle kullanılabilmesine imkan sağlamaktadır.

Tablo 3.20. *PtHsps gen ailelerine ait Ka/Ks oranları ve ayrılma zamanları*

Hsps Gen Ailesi Üyeleri		***Arabidopsis thaliana***	***Oryza sativa***	***Glycine max***	***Eucalyptus grandis***
PtsHsp (60 adet)	**Ka/Ks**	0.03	0.01	0.06	0.03
PtHsp40 (145 adet)		0.15	1.84	0.61	0.18
PtHsp60 (49 adet)		0.05	0.04	0.07	0.07
PtHsp90 (12 adet)		0.04	0.01	0.04	0.02
PtHsp100 (90 adet)		3.98	5.93	3.22	4.33
PtsHsp (60 adet)	**MYÖ**	122	277	41	112
PtHsp40 (145 adet)		44	79	16	32
PtHsp60 (49 adet)		82	129	32	55
PtHsp90 (12 adet)		73	175	49	112
PtHsp100 (90 adet)		81	127	38	62
Hsp70 Gen Ailesi	**Ka/Ks**	***Arabidopsis thaliana***	***Oryza sativa***	***Zea mays***	***Vitis vinifera***
PtHsp70 (34 adet)		0.03	0.02	*0.02*	0.08
Hsp70 Gen Ailesi	**MYÖ**	***Arabidopsis thaliana***	***Oryza sativa***	***Zea mays***	***Vitis vinifera***
PtHsp70 (34 adet)		22	45	68	9

BÖLÜM II

4. ISI ŞOKU PROTEİN GENLERİNİN (Hsps) ABİYOTİK STRES KOŞULLARINDA İNCELENMESİ

4.1. Materyal ve Yöntem

4.1.1. Deneysel Çalışma Materyali

Ankara Behiçbey Orman Fidanlık Şefliği kavak klon bankasından vejetatif üretim yöntemi olan "çelik ile çoğaltım" tekniği kullanılarak farklı klonlarda gövde çelikleri alınmıştır. Karakavak (*Populus nigra* L.) türüne ait Geyve, N.62.191, N.03.368.A klonları kullanılmıştır. Ayrıca, Avrupa ve Amerika karakavaklarının doğal melezi olan *Populus euramericana* Dode. Guinier / I 214 klonu ve Amerikan karakavakları tür içi döllemelerinden oluşmuş *Populus deltoides* Bartr. Samsun-I-77/51 klonu ile çalışılmıştır. Bunun yanında Erzurum fidanlık şefliğinden generatif yolla üretilen 1+0 yaşlı 20 adet Titrek kavak (*Populus tremula* L.) fidanı temin edilerek deney materyali olarak kullanılmıştır (Fotoğraf 4.1). Çelikler, takriben 15-20 cm uzunluğunda 12±2 mm kalınlığında temin edilmiştir. Alınan çelik gövdelerinin üzerinde nod (boğum) bölgelerinin yeterli sayıda bulunmasına önem verilmiştir. Çeliklerin kök oluşturma faaliyetlerini hızlı bir şekilde gerçekleştirebilmesi amacıyla sıvı köklendirme hormonu (İçeriği: IBA indol-3-butrik asit, fungusit, borik asid (H_3BO_3), Farmatalk-8000 ppm) steril su ile seyreltilerek (5-10 saniye aralığında bekletilerek) kullanılmıştır. Sonrasında çelikler; 25x40 cm ebatlarında polietilen tüplere, 1/3 turba/perlit karışım oranlı katı ortam kültürlerine dikilmişlerdir. Her klon için dikimi yapılan 35 adet gövde çeliğinden, takribi 10-18 adet bireyde köklenme gerçekleştirilmiştir. Hayatiyetine devam eden fidanlar, kontrol ve stres uygulamalarında kullanılmıştır. Çeliklerin sürgün vermesini takiben yaklaşık 80-100 cm boyuna ulaştığı safhada, bitkilere stres uygulaması başlamıştır (Tablo 4.1).

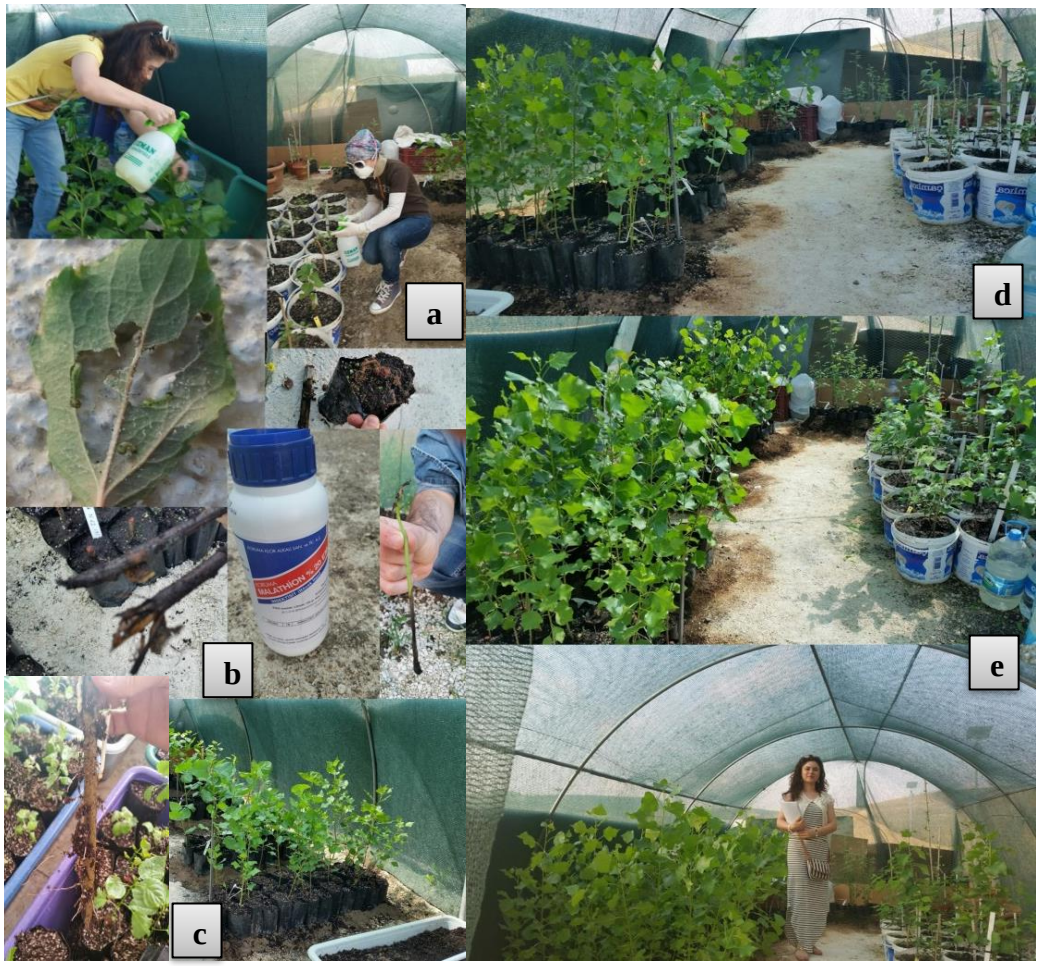


Fotoğraf 4.1. a) Çelik dikimi için toprak hazırlığının yapılması
b) Çeliklerin dikim için hazırlanması
c) Çelik üretim tekniğine uygun kesimlerin yapılması
d)Çeliklere köklenmeyi teşvik edici IBA uygulaması
e) Dikim sonrası çeliklere su verilmesi
f) Çeliklerden su kaybını azaltmak için macun ile kapatılması
g) Çeliklerin sürgün vermesini takiben seranın hazırlanması
h) Çeliklerin dış ortam koşullarına alıştırılması
ı-j) Kavak taksonlarının daha geniş kaplara alınması
k) Kül ve toprak karışımı ile üretim yastıklarının oluşturulması

Tablo 4.1. *Çelik üretim tekniği ile fidanların yetiştirilme safhaları*

Çelik Üretim Tekniği ile Fidanlarının Yetiştirilme Safhaları	**Yıl-Ay-Süre**
Çeliklerin Oda Koşullarında Polietilen Torbalara Dikimi	20 Mart 2015
İlk Sürgünlerin Gözlemlenmesi	7-14 Nisan 2015
Fidanların Sera Ortamına Taşınması	10 Mayıs 2015
Stres Uygulama Sürecinde Fidanların Saksılara Alınması	30 Ağustos 2015
Stres Uygulamalarının İzlenmesi	1 Eylül 2015 - 22 Eylül 2015

Sera ortamına taşınan fidanlara rutin bakım teknikleri uygulanmıştır (Fotoğraf 4.2).



Fotoğraf 4.2. a) Kavak zararlısı ile mücadele (*Scoliopteryx libatrix*)
b) Köklenme oluşumu görülmeyen çelik gövdeleri ve kurumalar
c) Büyüme sürecine devam eden kavak taksonları
d) Köklenme ve gövde oluşumu tamamlanan farklı kavak taksonları
e) Saksı ve tüplere taşınan kavak taksonları

4.1.2. Kavak Taksonlarında Stres Uygulamaları

Araştırma kapsamında kavak tür/klonlarına üç farklı abiyotik stres uygulaması (Kuraklık, Tuz ve Ağır metal-Kadmiyum) gerçekleştirilmiştir. Tablo 4.2' de stres uygulamasında kullanılan kavak taksonlarınına ait detay bilgiler sunulmuştur.

Tablo 4.2. *Kavak taksonlarına uygulanan farklı abiyotik streslere ait çalışma takvimi*

Yıl-Ay-Süre	Stres Uygulaması	Yetiştirilen Kavak Taksonları	Örnek Alımı
06 Ağustos 18 Ağustos 2014	Kuraklık Stresi	Karakavak (*Populus nigra* L.)-N.62.191 (Kuraklığa dayanıklı) ve N.03.368.A (Kuraklığa hassas) (2 adet) klonları	10. gün kontrol ve stres gruplarından yaprak örnekleri toplanmıştır.
20 Mart 2015 22 Eylül 2015	Tuz Stresi	Karakavak (*Populus nigra* L.) türüne ait Geyve ve N.03.368.A klonları; I-214 (*Populus euramericana* Dode. Guinier); Titrek kavak (*Populus tremula* L.) (4 adet) tür/klonları	Stres uygulamasının başlangıcından 14 gün sonra ve stres uygulama süresinin bitiminde -28. günde kontrol ve stres gruplarına ait yaprak örnekleri toplanmıştır.
20 Mart 2015 22 Eylül 2015	Ağır Metal (Kadmiyum) Stresi	Karakavak (*Populus nigra* L.) türüne ait Geyve ve N.03.368.A klonları; I-214 (*Populus euramericana* Dode. Guinier); Samsun-I-77/51-(*Populus deltoides* Bartr.); Titrek kavak (*Populus tremula* L.) (5 adet) tür/klonları	Stres uygulamasının bitiminde – 28. günde kontrol ve stres gruplarına ait yaprak örnekleri toplanmıştır.

4.1.2.1. Kuraklık stresi uygulaması

Kuraklık stresi için Kaya vd.'ın (2014) projelerinde kullandığı kuraklığa hassas *Populus nigra* L.- N.03.368. ve kuraklığa dayanıklı *Populus nigra* L.- N.62.191 klonlar seçilmiştir. Bu klonların morfolojik ve fizyolojik araştırma sonuçlarına bağlı olarak dayanıklı ve hassas klon oldukları belirlenmiştir (Yıldırım, 2013). Her bir uygulama için yaklaşık 10 çelik dikimi yapılmıştır. Bunların 5'er tanesine kuraklık stresi uygulanırken, diğer 5'er birey kontrol amaçlı sürekli sulanmıştır. Kuraklık stres uygulamasına başlamadan önce bitkiler tarla kapasitesine ulaşacak kadar sulanmıştır. Topraktaki su miktarı tartılarak başlangıç ağırlıkları eşitlenmiştir. Kontrol grubu 1 ila 3 gün ara ile sulanmıştır. Kuraklık uygulamasında ise toprak nemi kontrol edilmiştir. Kuraklık uygulaması 10 gün sürmüştür. 10. günde kuraklığa hassas ve kuraklığa dayanıklı bitkiden yaprak örnekleri alınmıştır. Üçer biyolojik örnekleme yapılarak alınan yaprak örnekleri, sıvı nitrojen ile dondurularak -80 ºC saklanmıştır. Gen ifade analizlerinde yaprak dokusu kullanılmıştır.

4.1.2.2. Tuz stresi uygulaması

Tuz stresinde *Hsps* genlerin ifade seviyelerinin belirlenmesinde; Titrek kavak (*Populus tremula* L.), *Populus euramericana* Dode. Guinier-I-214 ve Karakavak (*Populus nigra* L.) türüne ait Geyve, N.03.368.A klonları kullanılmıştır. Tuğrul vd. (2010) tuzluluk stresine karşı denedikleri klonlar içerisinde en iyi çap ve boy gelişimi gösteren klonun "Geyve" olduğunu saptamışlardır. Sodyum klorür (NaCl) uygulaması katı ortam kültürlerine 1/3-turba/perlit karışımına verilmiştir. Kontrol grubu bitkilerine ise hiçbir işlem yapılmamıştır. Düzenli şekilde sulanmalarına özen gösterilmiştir. Sulamalar her iki uygulama içinde gün aşırı Hoagland besin çözeltisi (pH:6,5) kullanılarak yapılmıştır (1 lt=1,63 gr) (Hoagland ve Arnon, 1950). Stres uygulaması için 10 L'lik (0,12 gr) 200 mM NaCI çözeltisi hazırlanmıştır (Brinker vd., 2010; Wanga, Zhoua, Wua, Guob, Jianga, 2011; J. Zhang, 2014; Song vd., 2016). Hazırlanan NaCI çözeltisi toprak nemi dikkate alınarak gün aşırı, akşam üstü serin saatlerde, 100 ml-250 ml aralığında ve yaklaşık bir ay boyunca yetişme ortamına verilerek gerçekleştirilmiştir.

4.1.2.3. Ağır metal-kadmiyum stres uygulaması

Ağır metal - Kadmiyum (Cd) stresinde *Hsps* genlerin ifade seviyelerinin belirlenmesinde Titrek kavak (*Populus tremula* L.), I-214 (*Populus euramericana* Dode. Guinier), Samsun (I-77/51- *Populus deltoides* Bartr.) ve Karakavak (*Populus nigra* L.) türüne ait Geyve, N.03.368.A. klonları kullanılmıştır. Stres ve kontrol gruplarına gün aşırı Hoagland besin çözeltisi (pH:6,5) (1 lt=1,63 gr) verilmiştir (Hoagland ve Arnon, 1950). Stres uygulaması için 10 L'lik (0,42 gr) 200 mM kadmiyum sülfat hidrat ($CdSO_4H_2O$) çözeltisi hazırlanmıştır (He vd., 2013a, 2013b; Baccioa, Castagna, Tognetti, Ranieri, Sebastiani, 2014).



Fotoğraf 4.3. Tuzluluk (NaCI) ve Kadmiyum ($CdSO_4$ H_2O) streslerine ait hazırlık süreci ve kavak taksonlarının stres uygulama öncesi son durumları

Son stresin verildiği tarihten bir gün sonra üçer biyolojik örnekleme yapılarak yaprak örnekleri toplanmıştır. Toplanan yaprak örnekleri etiketlenerek alüminyum folyo içerisine sarılarak sıvı nitrojen ile dondurulmuştur. -80 ^{o}C'de deney aşamasına kadar bekletilmiştir (Fotoğraf 4.3).

4.1.3. Laboratuvarda Kullanılan Sarf Malzemeler ve Cihazlar

Deneysel analizlerde kullanılan sarf malzemeler, Kastamonu Üniversitesi Bilimsel Araştırma Proje birimi tarafından desteklenen KÜBAP-01/2014-09; KÜ-BAP01/2015-21; KÜ-BAP01/2016-39'nolu projelerden sağlanmıştır (Tablo 4.3).

Tablo 4.3. *Laboratuvarda kullanılan sarf malzeme listesi*

Sarf Malzemeler	**Marka**	**Ülke**
TRIS	Applichem	Almanya
EDTA	Applichem	Almanya
CTAB Cetylthmenthylammoniumbromide	Applichem	Almanya
NaCI Sodium Chloride	Applichem	Almanya
PVP- Polyvinylpyrrolidone (K30)	Applichem	Almanya
Spermidine	Thermo Scientific	ABD
Etanol	Kimetsan	Türkiye
LICI (Lityum Klorür)	Applichem	Almanya
cDNA sentezi Thermo Scientific Fermentas RevertAid™	Thermo Scientific	ABD
RNAse zap	Ambion	ABD
DNase I, RNase-free	Thermo Scientific	ABD
İzopropanol	Applichem	Almanya
Kloroform	Applichem	Almanya
Nucleic Acid Staining Solution-Jel Boyası	İntron Biotechology	
Revertaid first strand cDNA synthesis	Thermo Scientifid	Litvanya
DEPCH	Taufkirchen	Almanya
Thin Wall PCR ve Reaksiyon tüpü	Greiner bio-one,	ABD
Pipet Takımı	Thermo Scientific	ABD

Deneysel çalışma, Kastamonu Üniversitesi Genetik ve Biyomühendislik Laboratuvarı'nda mevcut cihazlar ile gerçekleştirilmiştir (Tablo 4.4).

Tablo 4.4. *Laboratuvarda kullanılan cihazlar listesi*

Kullanılan Cihazlar	**Marka**	**Ülke**
Gerçek Zamanlı PZR	Light Cycler 480 Roche	Germany
Biosafety cabinet Class II	Tezsan	Türkiye
Buz makinesi	Hoshizaki	Avrupa Ltd.
Derin Dondurucu-82 °C	Glacier Nuaire Nu-9668E	Meksika
Derin Dondurucu -20 °C Buzdolabı +4 °C	Arçelik 4252N	Türkiye
Elektroforez EC1000XL2	Thermo Scientific	ABD
Hassas Terazi	Presica 350-8519	İsviçre
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
Multipurpose Vorteks	Wisd Laboratory İnstruments	Kore
PCR	Thermo	ABD
pH Metre/ Mettler Toledo	Jenco Quality Instruments	Çin
Spektrofotometre	Thermo Sci. Multiskan go	ABD
Soğutmalı Santrifüj	Hetrich Micro 220/220R	Almanya
Test kabini TK252	Nüve	Türkiye
Thermal Cycler Isı bloğu	Thermo	ABD
Thermo-Shaker	Biosan Ts-100	Letonya
Otoklav	Nüve	Türkiye
UV Fırın	LG Solar Dom	Kore
Distile Su Cihazı	Protek Lab	Türkiye

4.1.4. Açık Veri Bankası Arşivleri Kullanılarak *Hsps* genlerinin Abiyotik Stres Koşullarında Gen İfadelerinin Belirlenmesi

Biyolojik dizi verilerinin kaydedildiği açık veri bankası arşivi olan NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra) & DnaNexus (http://sra.dnanexus.com) - SRA, Sequence Read Archive yardımıyla RNA-Seq (Illimuna HiSeq, Roche454 ve AB Solid) analizleri gerçekleştirilmiştir. Veri tabanlarına kaydedilmiş olan okumalar; kavak türünde, Hsps proteinlerini kodlayan genlerin, abiyotik stres koşullarında (kuraklık, tuzluluk ve ağır metal) ifade seviyelerinin belirlenmesine yönelik taranmıştır. Bütün okumalar, ".sra" formatında ham sekans (dizi) verisi olarak indirilmiş ve "fastq" formatına dönüştürülmüştür. Düşük kalitedeki okumalar (Phred quality (Q) score < 20) çıkarıldıktan sonra temiz bütün okumalar her baz için dizi kalitesi, her baz için kalite skoru, her baz nükleotid içeriği ve dizi duplikasyon düzeyleri bakımından okuma kalitelerini kontrol etmek amacıyla FastQC analizine tabi tutulmuştur. CLC Genomic Workbench version 8 programı kullanılarak tüm okumalar için dönüşüm (transform) ve normalizasyon (normalized) yapılmıştır. PermutMatrix programı log2 RPKM değerlerinde gen gen ifadesi ölçümleri ve hiyerarşik kümeleme haritası (heatmap) yapılmıştır (Baloğlu vd., 2014b). Kadmiyum stresi için ise SRA veri tabanına yüklü RNA-Seq datası bulunamamıştır. Kullanılan RNA-seq datasının seçimi *Populus x canadensis* klon I-214 türüne ait farklı bir abiyotik stress olan Zn (Çinko) stresindeki gen ifadelerinin *Hsps* genleri ile karşılaştırılması sonucunda yapılmıştır. Ayrıca kadmiyum stresi için; *Populus x canescens* (*Populus alba x Populus tremula*) hibrit türünde yapılan Mikroarray-A-AFFY-131 (ArrayExpress) (http://www.ebi.ac.uk/arrayexpress/) verileri kullanılmıştır (Kolesnikov vd., 2015). Veri tabanına yüklü olan E-MEXP-3741 kodlu microarray sonuçları tüm *Hsps* genleri potri (erişim) numaraları ile karşılaştırılmıştır. Sadece *Hsp40* genlerine ait veri eldesi sağlanabilmiştir. Diğer *Hsps* gen aileleri için mevcut array sonuçları bulunamamıştır. Micro-array ham verileri, GeneSpringGX 11.0 (Agilent) yazılımı ile .CEL dosyası formatına dönüştürülmüştür. Verilerin optimizasyonu için Robust Multi-array Analysis (RMA) algoritması seçilerek; veriler hibridizasyon ve normalizasyon yapılmıştır ($p<0.05$; $FC\geq2$). Kullanılan okumaların erişim numaraları Tablo 4.5'de verilmiştir.

Tablo 4.5. *Populus taksonları için farklı abiyotik streslerin açık veri bankası arşivlerinde taranması ve seçilen okumaların erişim numaraları*

STRES TÜRÜ	**SRP-SRX NO**
Kuraklık Stresi	SRP005997 = SRX047542-Kontrol SRX047543-Stres (Tang vd., 2013).
	SRP033028 = SRX377987-Kontrol SRX472726-Stres (Tang vd., 2014).
	SRP024267 = (Cossu vd., 2014). SRX297950, SRX297104 SRX29795, SRX297952-Kontrol SRX297957, SRX297955, SRX297954, SRX297953-Orta stres SRX297964,SRX297963,SRX297962,SRX297961-Ağır stres
Tuzluluk Stresi	SRP003271 = (Li vd., 2013). SRX025571 = Kontrol SRX025568 = Kısa süreli stres SRX025570 = Uzun süreli stres
	SRP033639 = (Zhang vd., 2014). SRX389471 = 0. saat stres uygulaması (Kontrol) SRX389474 = 6. saat stres uygulaması SRX389476 = 12. saat stres uygulaması SRX389479 = 24. saat stres uygulaması SRX389481 = 48. saat stres uygulaması SRX389482 = 72. saat stres uygulaması
	SRP028829 = (Ma vd., 2013). SRX335458 = 0. saat stres uygulaması (Kontrol) SRX335459 = 6. saat stres uygulaması SRX335452 = 12. saat stres uygulaması SRX335446 = 24. saat stres uygulaması SRX335454 = 48. saat stres uygulaması
Ağır Metal Kadmiyum Stresi	SRP018922 = (Ariani vd., 2015). SRX246820 = Kontrol SRX247014 = Metal stres
	A-AFFY-131 Array Kod (Jiali vd., 2013) E-MEXP-3741= 0 – Kontrol – 20 gün 200 uM $CdSO_4$ stres uygulaması

4.1.5. Moleküler Genetik Analizler

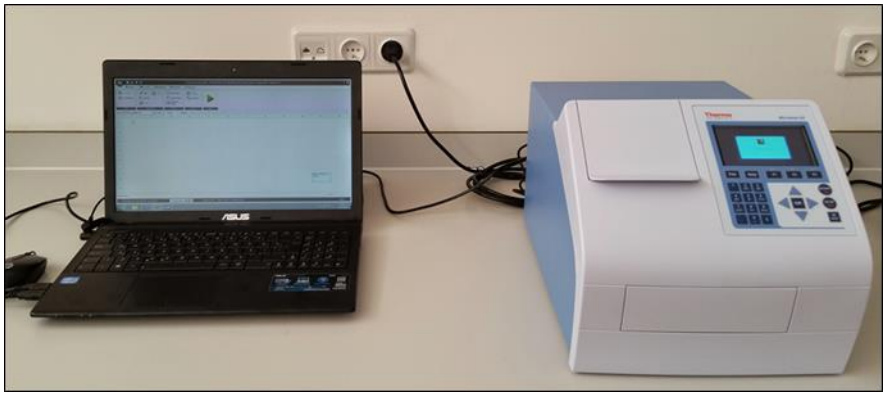
RNA örneklerini nükleazlardan temizlemek için; laboratuvar ortamı ve kullanılan tüm ekipmanlar (pipetler, pipet uçları, şişeler vs.) DEPC'li su ile muamele edilmiştir. DEPC'li su hazırlanışı: 1 mL DEPC (Sigma-D5758), 1000 mL suya eklenerek, karıştırılmıştır. Kullanılacak tüm malzemeler çeker ocak içerisinde bir gece bekletilmiştir. Sonrasında 121 C'de 20 dk otoklav yapılarak kullanıma hazırlanmıştır.

RNA izolasyonu için 50 mL ekstraksiyon buffer solüsyonu hazırlanmıştır. Buffer solüsyonunda 2% [w/v] CTAB, 100 mM Tris/HCl (pH 8.0), 25 mM EDTA, 2.0 M NaCl, 0.5 g/L Spermidine, 2% [w/v] PVP kullanılmıştır. Buffer solüsyonuna ek olarak izolasyonda kullanılacak %75'lik etil alkol, CIA -24:1 [v/v] , 10 M LiCl ayrı ayrı DEPC ile muamele edilen şişelere etiketleme yapılarak hazırlanmıştır. Ayrıca, RNA eldesi için 1 mL için 2% β-mercaptoethanol izolasyon sırasında CTAB solüsyonunun aktif çalışmasını sağlamak amacıyla ilave edilmiştir (Şekil 4.1).

Kontrol grubundan ve stres uygulanması yapılmış kavak fidanlarından alınan yaklaşık 150-200 mg yaprak örneği sıvı azot ile muamele edilmiştir. Yaprak örnekleri ile bu karışımın 65 °C de 10 dk inkübe olması sağlanmıştır. İki aşamalı izolasyon işleminde; ilk olarak 3 mL soğuk kloroform isoamil alkol [chloroform:isoamylalcohol (24:1, v:v)] ile örnekler muamele edilmiştir. Soğuk 10 M LiCI den 0.25 (1/4) oranında eklenerek RNA'nın çökmesi için 4 °C de 18 saat bekletilmişlerdir. İkinci gün 16 000 × g, 4 °C de 1 saat santrifüj yapılmışlardır daha sonra 4 mL soğuk 75% alkol ile −80 °C de 1 saat pellet için inkübasyon işlemi tamamlanmıştır. Tekrar 16 000 × g, 4 °C 20 dk santrifüj işlemi yapılmıştır. Tüplerden etil alkol uzaklaştırılmıştır. Pellet kurumaya bırakılmıştır (Şekil 4.1). Pelleti çözmek için RNase arı/saf su kullanılmıştır. RNA izolasyonu sonrasında elde edilen RNA örneklerinin konsantrasyonlarının ve temizlikliklerinin belirlenebilmesi için MultiScanGo Microplate Spectrophotometer cihazı kullanılarak kontrolleri yapılmıştır. Tüm RNA örneklerinin 260/280 nm'lik dalga boyunda absorbans değerleri (optimum A260/A280 oranı 1,8–2,1 arasında olmalıdır) alınmıştır (Fotoğraf 4.4).



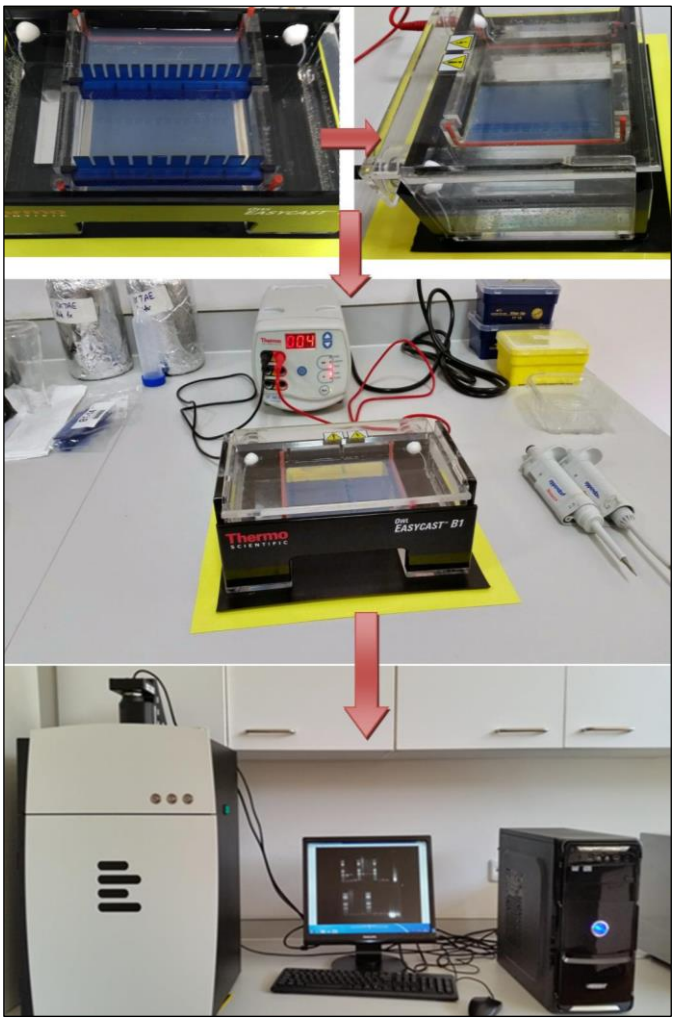
Şekil 4.1.RNA izolasyon aşamaları



Fotoğraf 4.4. RNA örneklerinin konsantrasyonlarının ve temizliklerinin MultiScanGo spektrofotometresi ile ölçülmesi

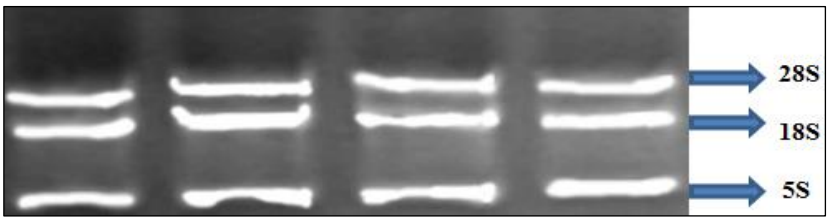
RNA'nın kalite kontrolünü yapmak için ayrıca, agaroz jel elektroforez cihazı ile bantların görüntüleri incelenmiştir. Agaroz ile tampon çözeltisi hazırlanması için % 1'lik Agaroz jel 0.7 gr tartılmıştır. 70 ml 1 X TAE tampon ilave edilerek karıştırılmıştır. Hazırlanan bu jel karışım önce Mikrodalga UV fırında kaynatılmıştır. Musluk altında soğutma işlemi yapaılarak yaklaşık 60 ºC olana kadar 2,5 ml Nucleic Acid Staining Solution- RedSafe jel boyası ilave edilmiştir. 10x TAE tamponu hazırlanışı: TRIS base 48,5 gr, 800ml distile su ile karıştırılmıştır. 11,4 mL Glasiyal Asidik asit (17.4M) ve 20 mL 0.5M EDTA (pH 8) ile 1000 mL distile su ilave edilerek hazırlanmıştır. 10 X TAE tampon çözeltisi 1 X olarak seyreltilerek kullanılmıştır. Agaroz jel; elektroforezin önceden hazırlanan kaset kısmına dökülmüştür. Jele yükleme yapılacak kuyucukların oluşması amacıyla taraklar batırılmıştır. Jelin donması için yaklaşık 30-40 dk bekletilmiştir.

Yüklemenin görüntülenebilmesi için 2 µl 6x DNA Loading Dye - 16 µl RNA ile karıştırılarak jele toplam 18 µl yükleme yapılmıştır. Yüklenen RNA örneklerine ait okuma yapabilmek amacıyla jel üzerinde ilk kuyucuklara DNA Marker (Ladder) yüklenmiştir. DNA Marker hazırlanışı: 1µl-DNA ladder (0,5-1 µg), 1µl 6X DNA loading dye, 4 µl deiyonize toplam 6 µl bir tüp içersinde karıştırılmıştır ve etiketlenmiştir. Yüklenen örnekler 110 voltta 35 dk yürütülmüştür. Jel üzerinde yürütülen RNA örneklerinin görüntüleri UV cihazı yardımıyla alınmıştır (Şekil 4.2).



Şekil 4.2. Yüklemesi yapılan RNA örneklerinin agaroz jel elektroforezinde yürütülmesi

Agaroz jel elektroforezi sonrasında elde edilen jel görüntüsünde rRNA amplifikasyonunu sağlayan 5S, 18S ve 28S bantlarının görüntülenmesi izolasyonun doğruluğunu teyit etmektedir (Şekil 4.3). Elde edilen stok RNA'ların uzun süreli kullanımlarını sağlamak için -80 ºC derin dondurucuda muhafazası sağlanmıştır.



Şekil 4.3. RNA'larda izolasyon sonucunda görülmesi beklenen bantlar

Saf RNA eldesinin sağlanabilmesi için Thermo-ABD DNase I kiti kullanılarak örneklerden DNA parçalarının uzaklaştırılması sağlanmıştır. Kit protokolünde belirtilen yöntem kullanılarak RNA örnekleri eldesi sağlanmıştır (Tablo 4.6). Tekrar RNA örneklerinin saflıklarına ve kalitelerine Spektrofotometre (Multiskan Go Thermo-ABD) yardımıyla bakılmıştır.

Tablo 4.6. *DNase kit protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları*

Kit Protokolü	**Miktar**
I. Uygulama (37 ºC'de 30 dk. inkübasyon)	
RNA örnekleri	1 µg
10X Reaksiyon Tampon	1 µl
$MgCl_2$	1 µl
DNazI enzimi	1 µl (1U)
DEPC ile muamele edilmiş su	10 l
II. Uygulama (65 ºC'de 10 dk. inkübasyon)	
50 Mm EDTA	1 µl

Elde edilen saf RNA örnekleri cDNA sentez kiti protokolü kullanılarak (RevertAid First Strand cDNA Synthesis Kiti) Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) 1500-2000 ng ve qRT-PZR 200 ng için çift iplikli hale getirilmiştir (Tablo 4.7). Elde edilen cDNA' lar -20 °C' de derin dondurucuda PZR ve qRT-PZR aşamasına kadar saklanmıştır.

Tablo 4.7. *cDNA kit protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları*

Kit Protokolü	**Miktar**
I. Uygulama 65 °C'de 5 dk. inkübasyon	
Toplam RNA	1 -5 µg
Primer Oligo dT	1 µl (50 pmol/µl)
DNA-RNA içermeyen steril su	-
Toplam Hacim 12 µl'ye tamamlanır.	
II. Uygulama 42 °C' de 60 dk. / 70 ºC' de 5 dk. inkübasyon	
5X Reaksiyon Buffer Tamponu	4 µl
RiboLock Rnase Inhibitör	1 µl (20U/ µl)
10 mM dNTP karışım	2 µl
ReverAid RT	1 µl (200U/ µl)
Toplam Hacim 20 µl	

PZR ve qRT-PZR analizi için ise açık veri arşivlerinden tespiti yapılan *Hsps* genlerinin ifadelerine bağlı olarak; tanımladığımız tüm *Hsps* genleri için stres uygulamasında artış gösteren genler ve gen ifadeleri azalış gösteren genlerin seçimi yapılmıştır. Laboratuvar deneyleri kurgusu, seçilen genler üzerinde gerçekleştirilmiştir.

Seçimi yapılan genler için NCBI Primer BLAST veri tabanı kullanılarak (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/) nükleotit oligolar (yapay nükleotitler) tasarlanmıştır. Primerler Beacon Designer™ veri tabanı aracılığı ile (http://www.premierbiosoft.com/qOligo/Oligo) GC%, TM değerleri ve hairpin oluşumları kontrol edilmiştir. *Hsps* genlerine özgü en uygun bölgede yer alan değerleri kabul edilebilir olan Primerler tasarlanmıştır (EK 35).

Literatürden kavak için sıklıkla kullanılan 18S rRNA internal kontrol gen olarak kullanılmıştır. Primer dizileri ileri primer (forward) 5′-TCAACTTTCGATGGTAGGATAGTG, ve geri primer (reverse) 5′-CCGTGTCAGGATTGGGTAATTT şeklinde sentezlenmiştir (Tang vd., 2015). Tasarlanan primer dizilerinin laboratuvar analizinde kullanılabilmesi için Türkiye'deki mevcut firmalar (Sentegen) aracılıyla sentezlenmesi yapılmıştır. Sentezden gelen oligonükleotitler liyofilize (dondurulmuş-kurulmuş) halde gelmektedir.

İleri ve geri olarak tasarlanan primer tüpleri firma tarafından gönderilen sulandırma protokolüne bağlı kalınarak çözülmüştür ve porsiyone edilmiştir. Stok primerler -80 °C'de, tüplere porsiyone edilen primerler ise PZR için kullanılmak üzere -20 °C'de saklanmıştır.

Seçilen tüm *Hsps* genleri PZR ile çoğaltılmıştır ve primerlerin bağlanma sıcaklıklarının (Tm) optimizasyonu yapılmıştır (Tablo 4.8, Tablo 4.9, Fotoğraf 4.5). Sıcaklık optimizasyonu yapılan primerler ile qRT-PZR analizi yapılmıştır (Fotoğraf 4.6, Fotoğraf 4.7, Tablo 4.10, Tablo 4.11).

Tablo 4.8. *PZR kit protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları*

PZR Protokolü Bileşenleri	**Miktar (ul)**
10 X Buffer	2
dNTP	2
$MgCl_2$	3
Forward Primer (İleri Primer)	1
Reverse Primer (Geri Primer)	1
Tag DNA Polimeraz	0,3
cDNA(100ng-500ng/1000ml)	8
Su	2,7
Toplam PZR reaksiyonu = 20	

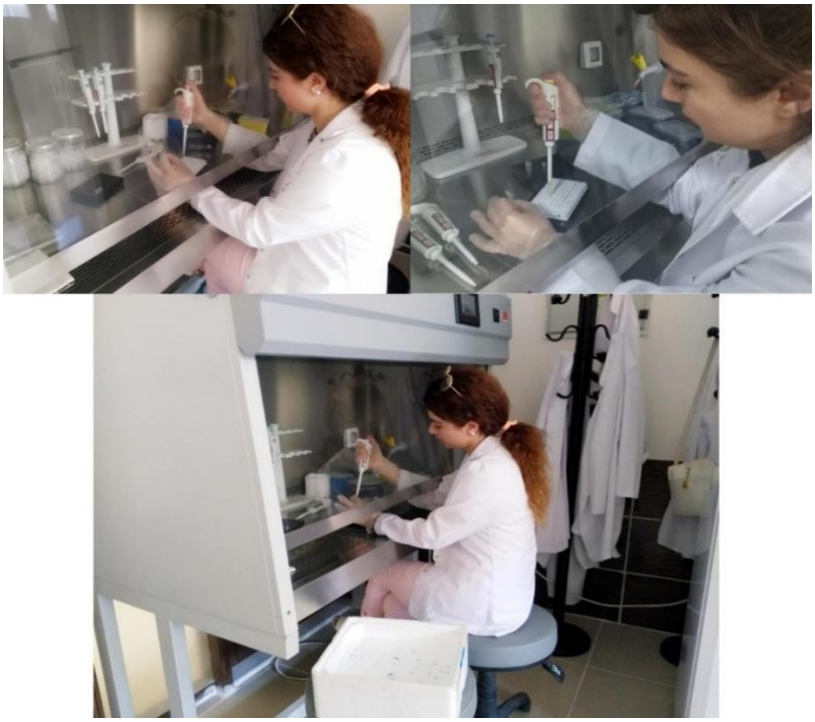


Fotoğraf 4.5. Primerlerin sıcaklık optimizasyonunda kullanılan PZR cihazı

Tablo 4.9. *Primerlerin bağlanma sıcaklıklarını (optimum TM) belirlemek için uygulanan PZR koşulları*

PZR Koşulları	**Sıcaklıklar**	**Zaman**
Kapak Isıtma	105 °C	1 dk
İlk denatürasyon	95 °C	5 dk
35 döngü (Denatürasyon, Primer bağlanma ve Dna sentezi)		
Denatürasyon	95 °C	1 dk
Bağlanma	50-62 °C	1 dk
Uzama	72 °C	1 dk
Final Uzama	72 °C	7 dk

Optimizasyonu yapılan primerlerin qRT-PZR analizlerinde kullanılacak Tm bağlanma sıcaklıkları belirlenmiştir. Ayrıca tüm örnekler için RNA'lardan cDNA sentezi yapılmıştır. qRT-PZR analizi deney kurgusunda örnekleme üç tekrarlı yapılmıştır. Light Cycler 480 II (Roche) cihazıyla SYBR Green I Master boyası (Roche, Germany) kullanılarak qRT-PZR deneyleri yapılmıştır. qRT-PZR reaksiyonu 96'lık tüplerde toplam konsantrasyonu 20 µl olacak şekilde firma protokolüne uygun şekilde yapılmıştır (Tablo 5.11).



Fotoğraf 4.6. Streril ortam koşullarında qRT-PZR analizi için 96'lık plate üzerinde deneylerin gerçekleştirilmesi

Tablo 4.10. *qRT-PZR protokolünde belirtilen bileşenler ve miktarları*

***qRT-PZR* Protokolü Bileşenleri**	**Miktar (ul)**
2 X SYBR Green Master Mix	10
Forward Primer (İleri Primer)	1
Reverse Primer (Geri Primer)	1
cDNA (200ng)	1
Su	7
Toplam PZR reaksiyonu =	**20**



Fotoğraf 4.7. qRT-PZR anlizleri için kullanılan Light Cycler 480 II -Roche cihazı

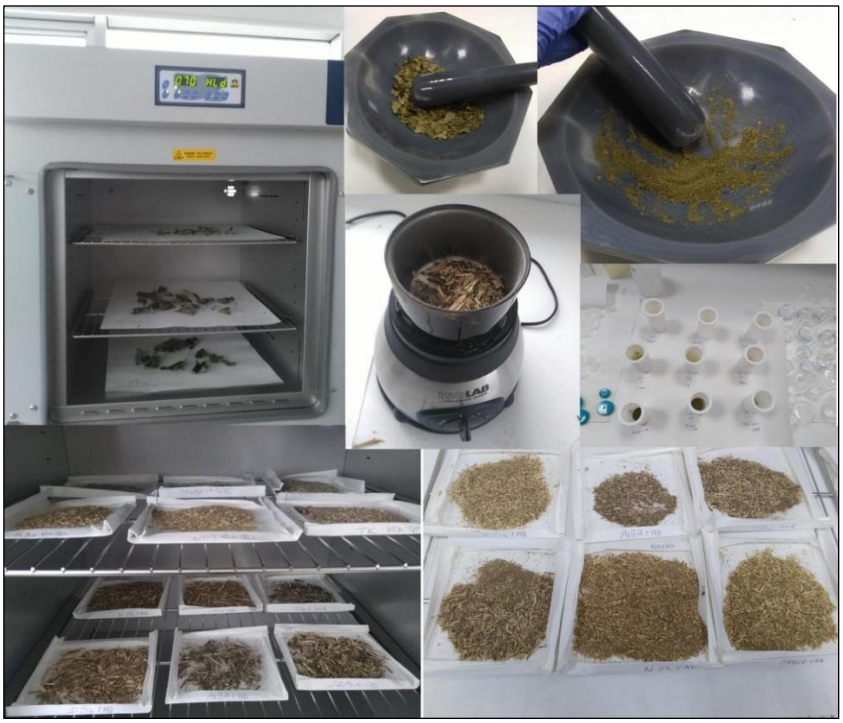
Tablo 4.11. *qRT-PZR deney koşulları*

Program Adı	Sıcaklık	Mod	Döngü sayısı	Bekleme süresi (hh:mm:ss)
İlk inkübasyon	95°C	Yok	1	00:05:00
Amplifikasyon I	95°C	Yok	55	00:00:10
Amplifikasyon II (Tm)	50-62°C	Yok		00:00:20
Amplifikasyon III	72°C	Tek		00:00:10
Erime I	95°C	Yok	1	00:00:05
Erime II	65°C	Yok		00:60:00
Erime III	97°C	Devamlı		-
Soğutma	40°C	Yok	1	00:00:10

Fluoresan sinyalleri 530 nm'de her bir 0,5 °C derecede her saniyede alınarak toplanmıştır. Bu pik profillerinden yola çıkılarak Ct (Cycle Threshold) değerleri elde edilmiştir. 18S rRNA gen gen ifadesiu referans olarak alınıp bağıl gen gen ifadesiları hesaplanmıştır. Sonuçlar; Roche yazılımı aracılığı ile analiz edilmiştir (Baloğlu, Eldem, Hajyzadeh ve Unver, 2014a). İstatistikler için Minitab 17 paket programı kullanılmıştır. İstatistiksel farkı göstermek için "*" P değeri <0.1; "**" P değeri <0.05; "***" P değeri <0.01 şeklinde gösterilmiştir. Ct değerleri tek yönlü ANOVA testine göre istatiksel olarak değerlendirilmiştir. ΔCT ve ΔΔCT değerleri, $\Delta CT = CT_{örnek} - CT_{referans}$ ve $\Delta\Delta CT = \Delta CT$ stres verilmiş örnek – ΔCT kontrol (0 saatte) olarak hesaplanıp, gen ifadesi seviyesindeki farklılık $2^{\Delta\Delta Ct}$ olarak belirlenmiştir (Livak ve Schmittgen, 2001; Baloğlu et al. 2014a; Kavas et al. 2015; Yer et al. 2016; Çelik Altunoglu et al. 2017).

4.1.6. Atomik Absorbsiyon Cihazı (AAS) ile Kavak Dokularında Kadmiyum Birikiminin Ölçülmesi

Ağır metal-kadmiyum stresi uygulanan ve stres uygulaması yapılmamış kontrol grubu kavak taksonlarına ait yaprak, kök ve dal örnekleri; laboratuvar ortamında etüvde 70 °C'de 3 gün kurutulmuştur (Marmiroli, Imperiale, Maestri, Marmiroli, 2013). Kurutulan örnekler blender yardımıyla ve havanda ezilerek homojenize edilmiştir. Örnekler 3 tekrarlı 0,5 gr tartılmıştır (Fotoğraf 4.8).



Fotoğraf 4.8. Kavak taksonlarında yaprak, dal ve kök örneklerin homojenize edilmesi

Örnekler üzerine çeker ocak içerisinde 1:4 oranında nitrik asit (HNO_3) ve % 70'lik perklorik asit ($HCIO_4$) karışımından 6 ml (1gr=12 ml) ilave edilmiştir (Twyman, 2005). Asit ile muamele edilen örnekler kapalı sistem yakma cihazında (Milestone-Ethos One-1.600Watt) cihaza ait özel kaplar içerisinde yaklaşık 1 saat bekletilmiştir (Fotoğraf 4.9).

Ölçümler Atomik Absorbsiyon Spektroskopi (AAS) cihazları ile yapılmıştır. Kavak klonlarına ait yaprak ve dal örneklerinde ölçümleri ng/mL (ppb) seviyesinde hassas

ölçüm yapabilen “Grafit Fırın Sistem” tekniği ile çalışan GBC, Avanta marka AAS cihazı ile saptanmıştır (Fotoğraf 4.10). Kök örneklerinde ise değerlerin okuması ug/mL (ppm) seviyesinde “Alevli Atomik Absorbsiyon” tekniği ile çalışan AAS cihazı ile gerçekleştirilmiştir (Fotoğraf 4.11).



Fotoğraf 4.9. Kavak dokularına kapalı sistem yakma cihazı ile asit uygulaması

Cd ölçümleri 228,8 nm lamba dalga boyunda yapılmıştır. Örnekler 3 farklı standartlar hazırlanmıştır. Standart hazırlanışı: 1 gr metalik kadmiyum tartılır ve 1 lt’lik balon jojeye aktarılır. Üzerine yaklaşık 30 ml hidroklorik asit (HCI) eklenir ve hacim çizgisine kadar deiyonize saf su ile tamamlanır. Bu şekilde 1000 ppm’lik Cd standartı hazırlanmıştır. Kök doku örneklerinde 0.200, 1.000, 2.000 ug/ml (ppm), dal doku örnekleri için 20.000, 50.000, 100.000 ng/ml (ppb) ve yaprak doku örnekleri için 10.000, 25.000, 50.000 ng/ml (ppb) standart çözeltileri hazırlanmıştır.

Standartların dalga boyunda okuduğu absorbanslardan faydalanarak konsantrasyonlara karşı absorbans grafiği çizdirilmiştir ve bir standart eğrisi oluşturulmuştur. Cihaz örneğin absorbansını okuduğunda kalibrasyon grafiğinden konsantrasyon ölçmüştür. Cd miktarı (mg/kg)=($C_{ö}$ x V x SF) / m hesaplamasına bağlı kalınarak belirlenmiştir. $C_{ö=}$ Standart eğrisinden yararlanarak okunan konsantrasyon, $V_{=}$ yakma işlemi sonrası örneğin konulduğu balonjojenin hacmi (ml), $m_{=}$ alınan örnek

miktarı (g), $SF_{=}$ Seyreltme faktörü. Örneğin; $C_{ö=}$10,731, V=50 SF=1 m=0,5 ise Cd miktarı = 1073,1 ppb (ng/ml); ppm seviyesinde 1,073 ppm okuması yapılmıştır ve örnek konsantrasyon değeri olarak alınmıştır (1 ppm =1000 ppb). Ölçümler cihaz sisteminde bir örnek için 3 tekrar ve her tekrar için 5 kez okuma değeri alınmıştır. Ortalama hesabına bağlı kalınarak kontrol ve stres uygulanan kavak dokularında (yaprak, dal ve kök) kadmiyum birikimine ait hesaplama kullanılarak saptanmıştır.



Fotoğraf 4.10. Grafit fırın sistem tekniği ng/mL (ppb) seviyesinde ile çalışan AAS cihazı



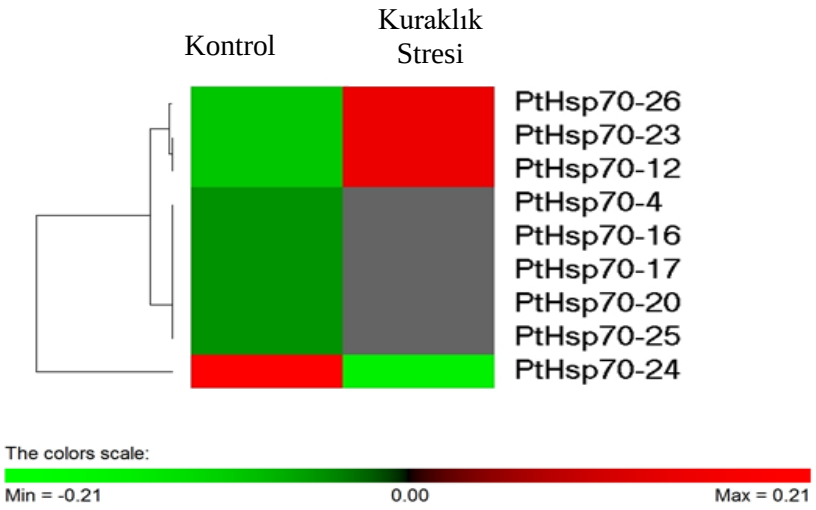
Fotoğraf 4.11. Alevli atomik absorbsiyon tekniği ug/mL (ppm) seviyesinde ile çalışan AAS cihazı

4.2. Bulgular

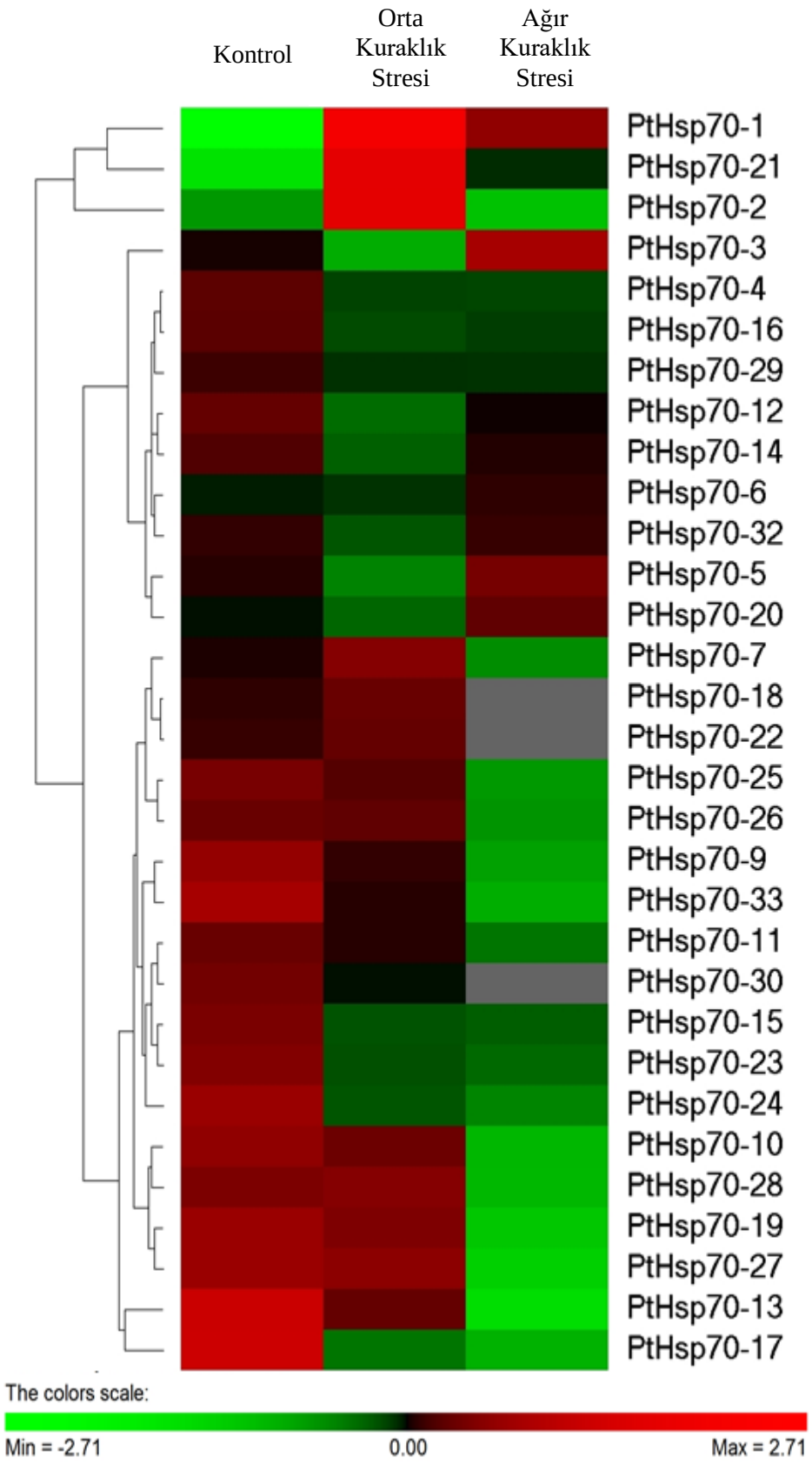
4.2.1. Kuraklık Stresi Altında Hsp70 Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

4.2.1.1. PtHsp70 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

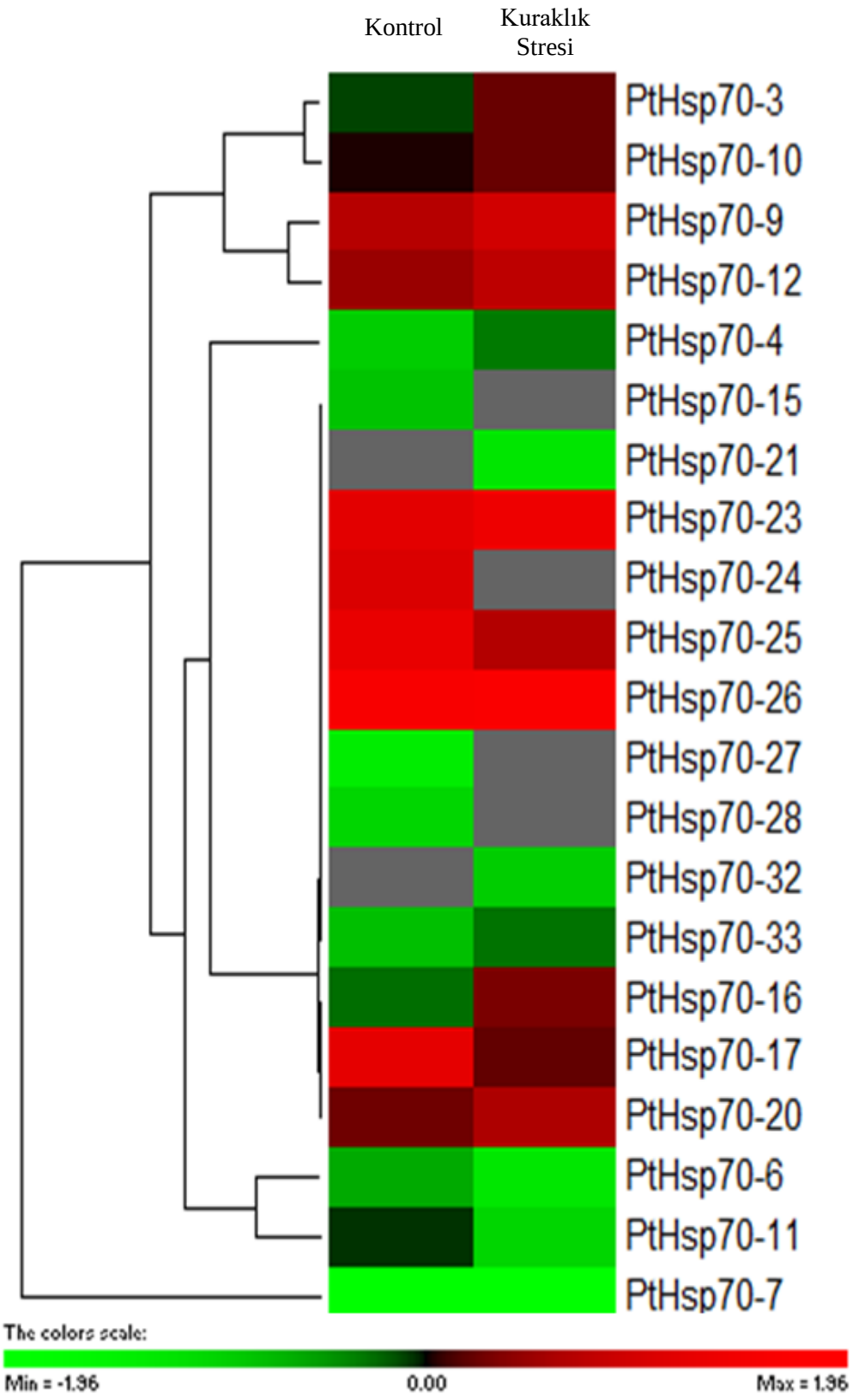
Sekans (dizi) okumaları veri tabanından (SRA-Sekans Read Archive) RNA-Seq verileri (kavak türü seçilerek kuraklık stresi için) taratılmıştır. Kuraklık stresi için SRP005997 (ilk transkriptom verisi), SRP033028 (ikinci transkriptom verisi) ve SRP024267 (üçüncü transkriptom verisi) deney sonuçları değerlendirilmiştir. İlgili okumalar veri tabanından indirilmiştir. Normalizasyon (normalization) ve dönüşüm (transformation) analizleri yapılmıştır. Bu analizlerde *PtHsp70* genlerinin kuraklıktaki ve kontrol grubundaki skorları ve farklı gen ifadesi seviyeleri gösterilmiştir. Kuraklık stresi altında PtHsp70-01, PtHsp70-02, PtHsp70-04, PtHsp70-07, PtHsp70-26 ve PtHsp70-33 yüksek gen ifadesi gösterirken, PtHsp70-03, PtHsp70-05, PtHsp70-16, PtHsp70-20, PtHsp70-21 ve PtHsp70-32 orta derecede bir gen ifadesi göstermiştir. Fakat ağır stres koşullarında PtHsp70-12, PtHsp70-17, PtHsp70-23, PtHsp70-24 ve PtHsp70-25 bu genlerin baskılandığı belirlenmiştir. Stres koşullarında transkripsiyon faktörleri aynı gen ifadesi formları gösterebilmektedirler (Şekil 4.4, Şekil 4.5, Şekil 4.6).



Şekil 4.4. PtHsp70 genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP005997 (Tang vd., 2013)



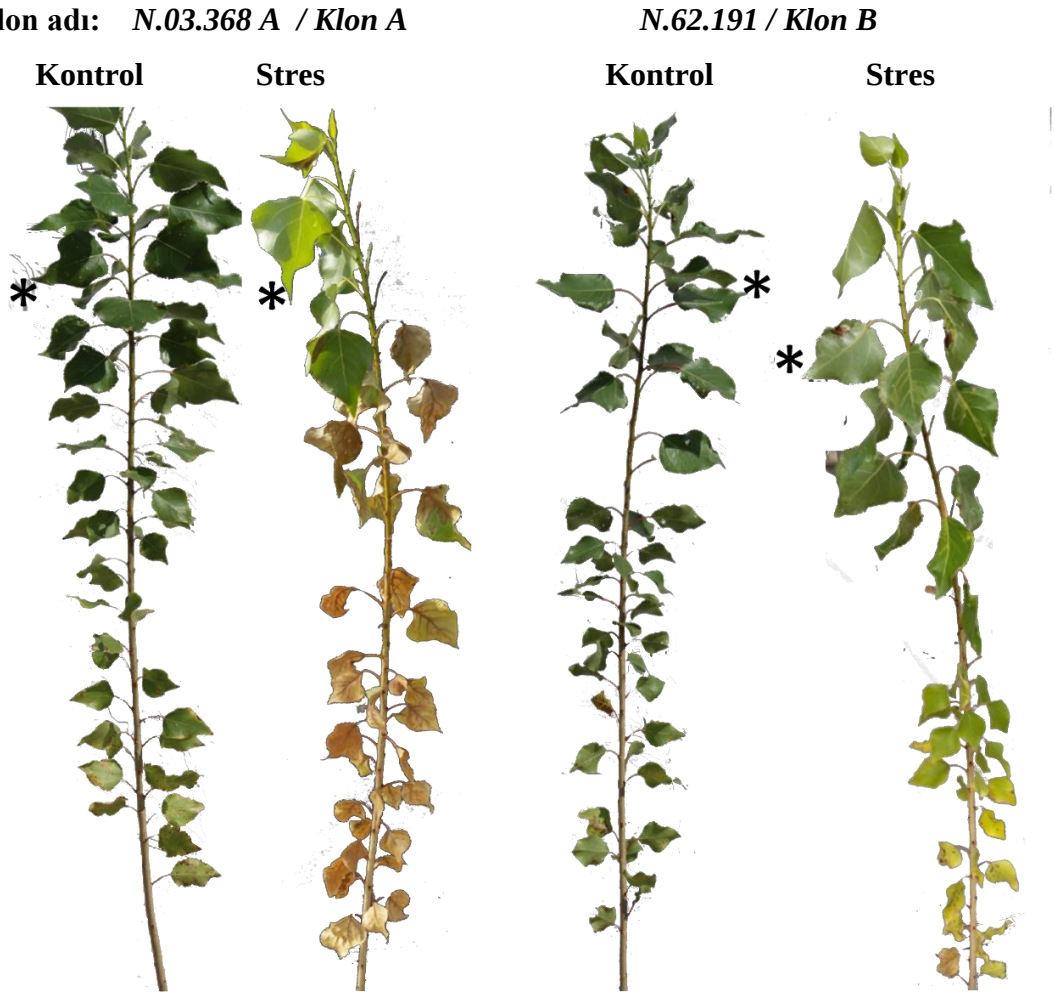
Şekil 4.5. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP024267 (Cossu vd., 2014)



Şekil 4.6. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP033028 (Tang vd., 2014)

4.2.1.2. Kuraklık stresi uygulaması yapılan klonlarda morfolojik değişiklikler

Karakavak (*Populus nigra* L.)-*N.62.191* (Kuraklığa dayanıklı) ve *N.03.368.A* (Kuraklığa hassas) klonları seçilerek, Tablo 4.2'de belirtilen koşullarda kuraklık stresi uygulaması yapılmıştır. Klonların kuraklık stresine karşı oluşturdukları cevap mekanizmaları morfolojik olarak Fotoğraf 4.12'de gözlemlenmiştir.

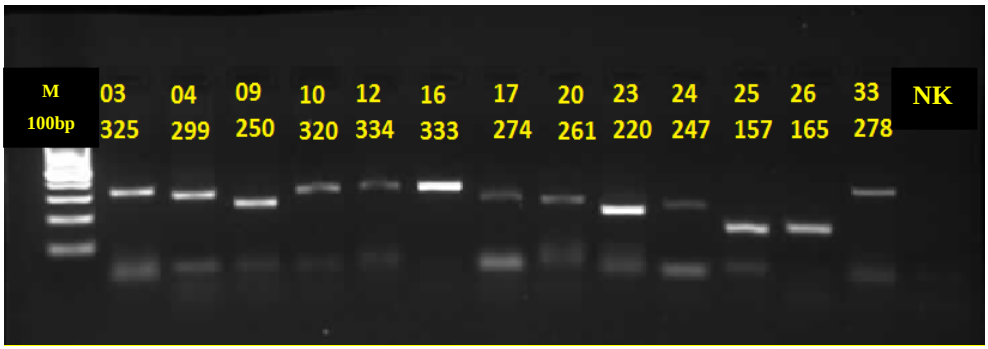


Fotoğraf 4.12. Kuraklık stresi uygulaması yapılan Karakavak (*Populus nigra* L.) klonlarına ait morfolojik gözlemler

4.2.1.3. qRT-PZR deney öncesi seçilen PtHsp70 genlerinde sıcaklık optimizasyonu

Kuraklığa hassas klon *Populus nigra* L.- *N.03.368*. (Klon A) ve kuraklığa dayanıklı klon *Populus nigra* L.- *N.62.191* (Klon B) yaprak örneklerinden RNA izolasyonu

yapılmıştır. İzolasyon sonrasında RNA miktarlarının ve saflığının belirlenebilmesi amacıyla RNA miktarları spektrofotometrik ölçüm cihazı yardımıyla (ng/ul) ölçülmüştür. Ayrıca nükleik asitlerde; saflık oranın (A260/A280) 1,8 ile 2,1 aralığında olması gerekmektedir. Ölçüm sonuçlarında değerlerin istenilen sınırlar içerisinde yer aldığı görülmüştür (Tablo 4.12). Jel görüntülerinde kırıksız bir bant görüntüsü kaliteli RNA izolasyonun göstergesi olmuştur (Şekil 4.7).



Şekil 4.7. Seçilen *PtHsps* genlerine ait PZR sonrası jel görüntüsü (Kuraklık stresi-% 1,5)

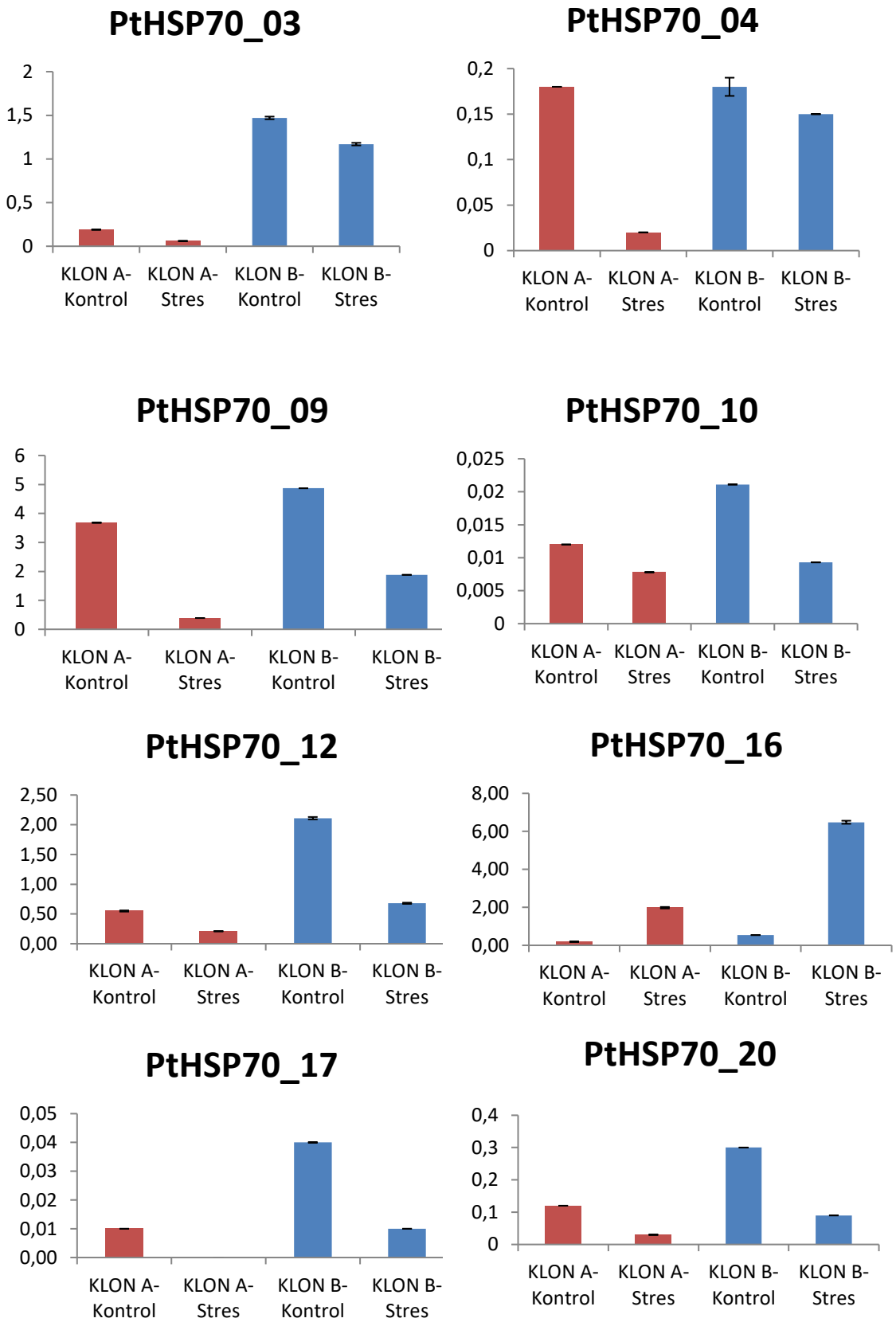
Tablo 4.12. *Kuraklık stresinde-RNA'ların spektrofotometrik değerleri*

Klon No		ng/ul (ort.)	A260/A280 (ort.)
N.03.368	-Kontrol	2530	1,9
N.03.368	-Stres	1912	2,1
N.62.19	-Kontrol	3215	2,0
N.62.19	-Stres	1850	2,0

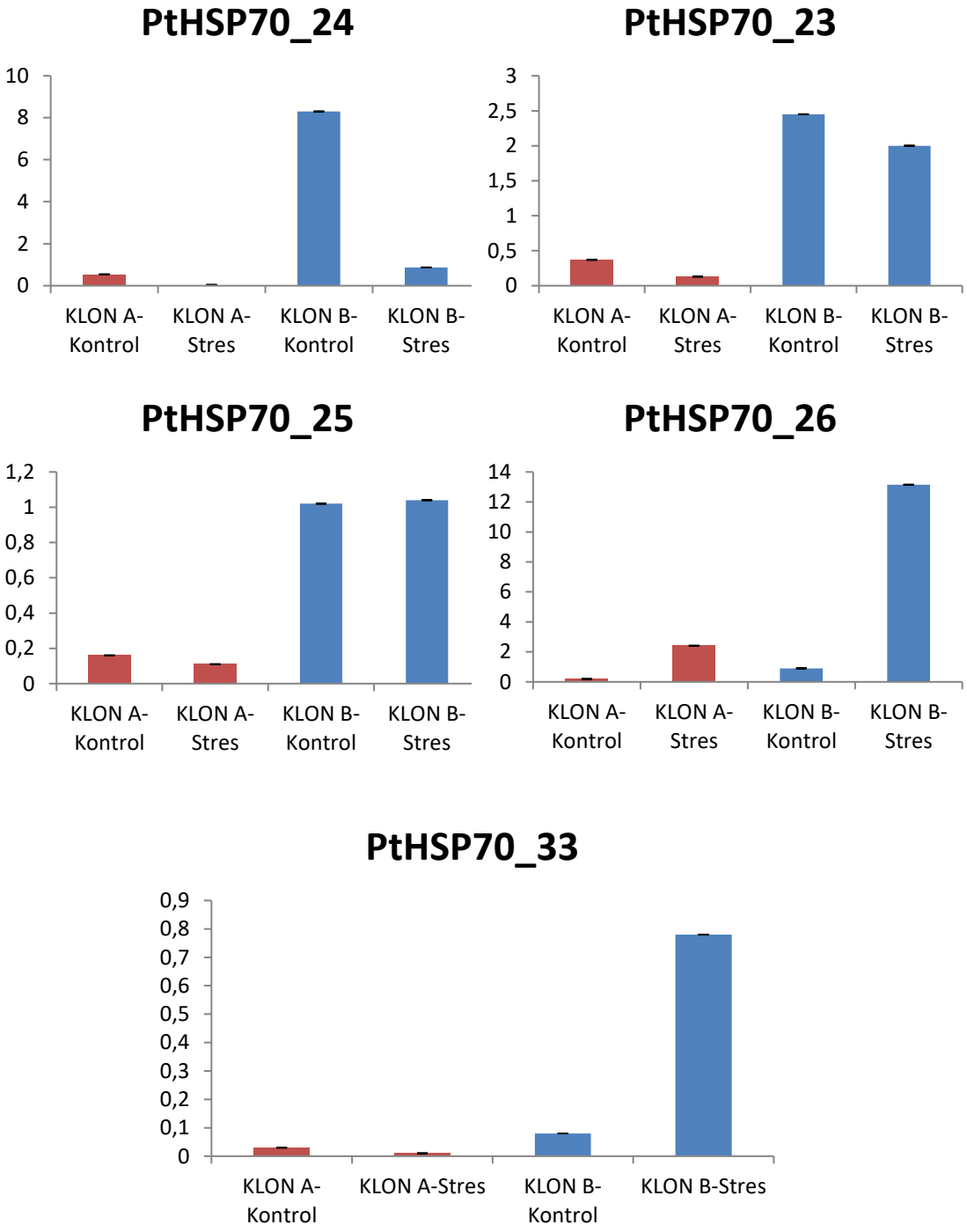
4.2.1.4. PtHsp70 genlerinin gen ifade seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri kullanılarak seçilen *PtHsp70* genlerinin kuraklık stresine karşı cevapları qRT-PZR analizi ile belirlenmiştir (Şekil 4.8). Toplamda 13 adet *PtHsp70* geni (*PtHsp70-03-04-09-10-12-16-17-20-23-24-25-26-33*) gen ifadesi analizi (gen ifade) için seçilmiştir.

Grafiklerde gösterilen standart hatalar (barlar) 3 biyolojik tekrar sonucunda elde edilmiştir. Genlere ait amplifikasyon ve erime eğrileri çizilmiştir (Ek 36). Klon A/ N.03.368 A (kuraklığa hassas) , Klon B/ N.62.191 (kuraklığa dayanıklı) klon olarak kodlanmıştır.



Şekil 4.8. Seçilen *PtHsp70* genlerinin kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi



Şekil 4.8'in devamı

Kavağın yaprak dokuları için *PtHsp70-03*, *PtHsp70-04*, *PtHsp70-09*, *PtHsp70-10*, *PtHsp70-12*, *PtHsp70-17*, *PtHsp70-20*, *PtHsp70-23*, *PtHsp70-24* genlerinin ifade seviyesinin düşük olduğu belirlenmiştir. *PtHsp70-16*, *PtHsp70-26* genlerinin ise yüksek ifade edildiği tespit edilmiştir (Şekil 4.8).

İki kavak klonu içinde *PtHsp70-16* ve *PtHsp70-26* genlerinin kuraklık stresine cevap da önemli bir rol üstlendiği düşülmüştür. Fakat *PtHsp70-25* ve *PtHsp70-33* genleri Klon A'da (kuraklığa hassas) düşük regülasyon gösterirken, Klon B'de (kuraklığa dayanıklı) indüklenmiştir. Klon B için (kuraklığa dayanıklı) *PtHsp70-25* ve *PtHsp70-33* genlerinin kuraklık stresine bir uyum sağladığı saptanmıştır (Şekil 4.8).

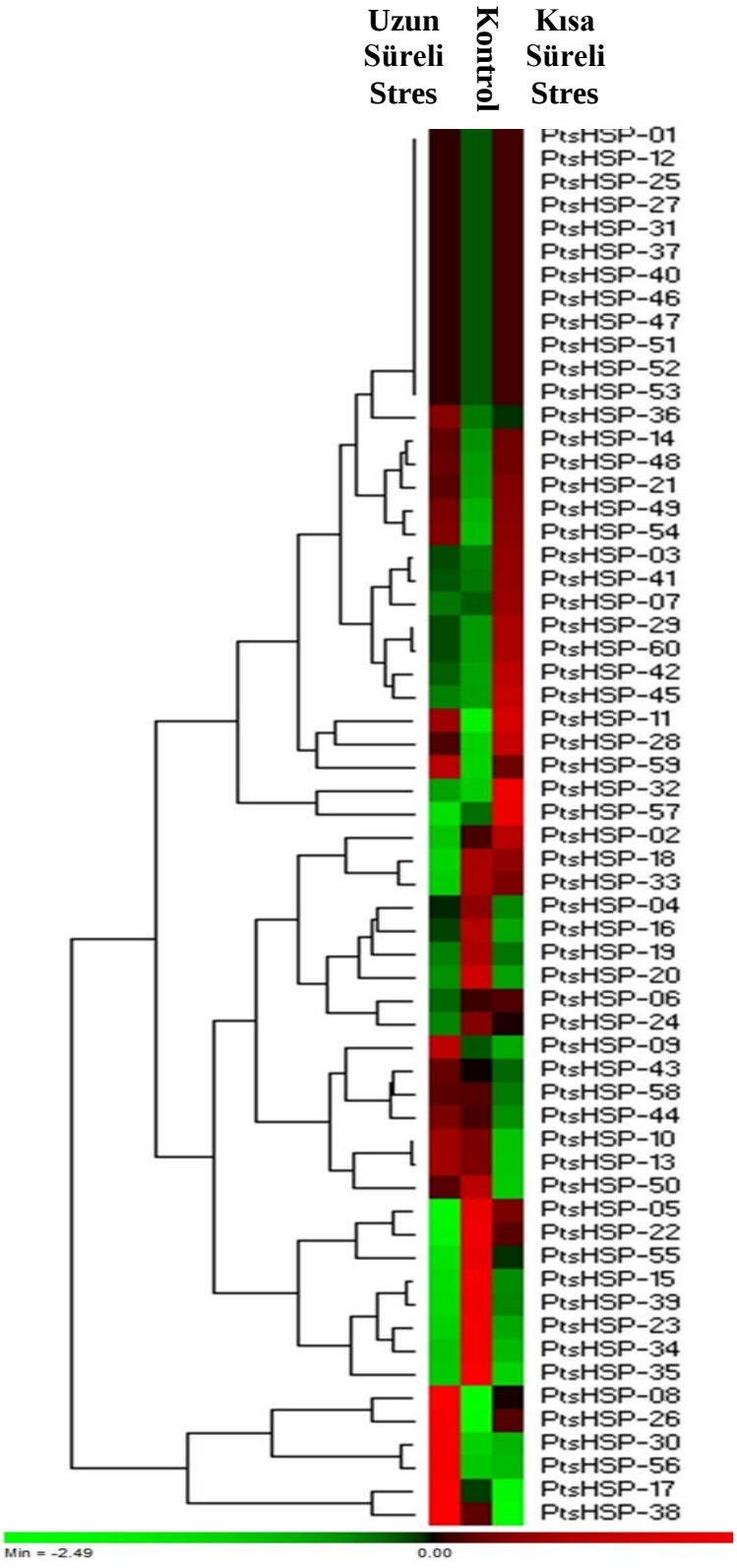
4.2.2. Tuzluluk Stresi Altında *Hsps* Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

4.2.2.1. Transkriptom verilerinin incelenmesi

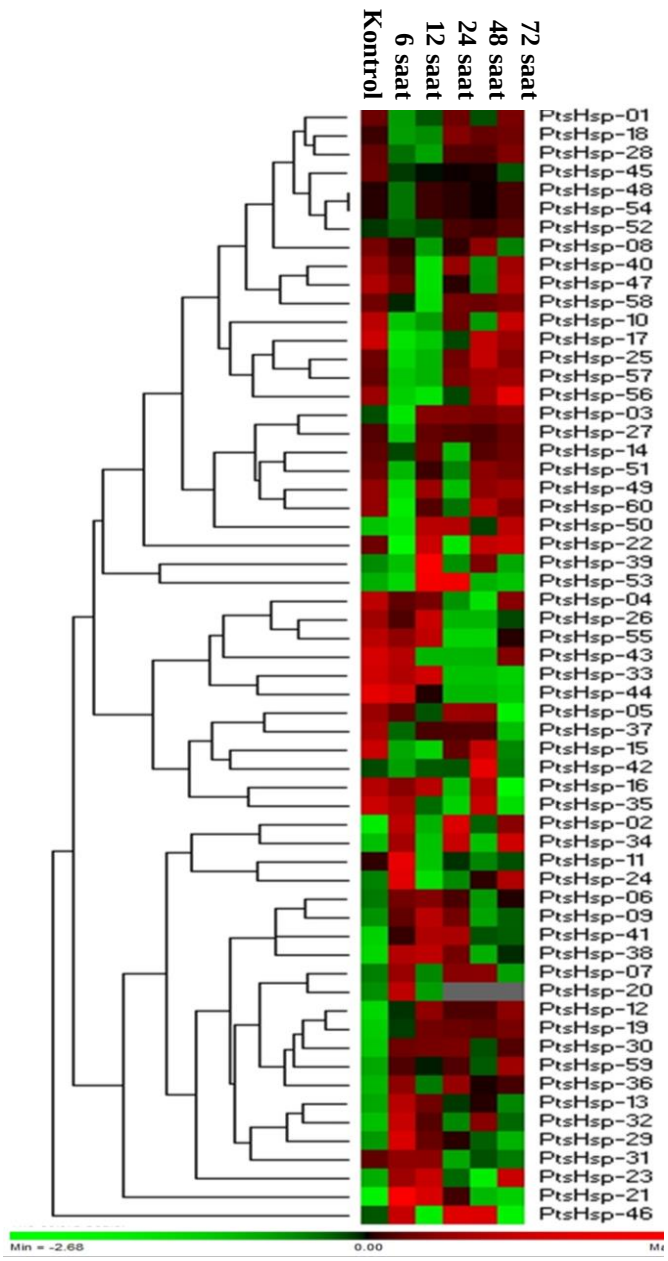
Sekans (dizi) okumaları veri tabanından (SRA-Sekans Read Archive) RNA-Seq verileri (kavak türü seçilerek tuzluluk stresi için) taratılmıştır. Tuzluluk stresi için SRP003271, SRP033639 ve SRP028829 deney sonuçları değerlendirilmiştir. İlgili okumalar veri tabanından indirilmiştir. Normalizasyon (normalization) ve dönüşüm (transformation) analizleri yapılmıştır. Bu analizlerde *PtsHsp-PtHsp40-PtHsp60-PtHsp70-PtHsp90-PtHsp100* genlerinin kuraklıktaki ve kontrol grubundaki skorları ve farklı gen ifadesi seviyeleri gösterilmiştir.

PtsHsp genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

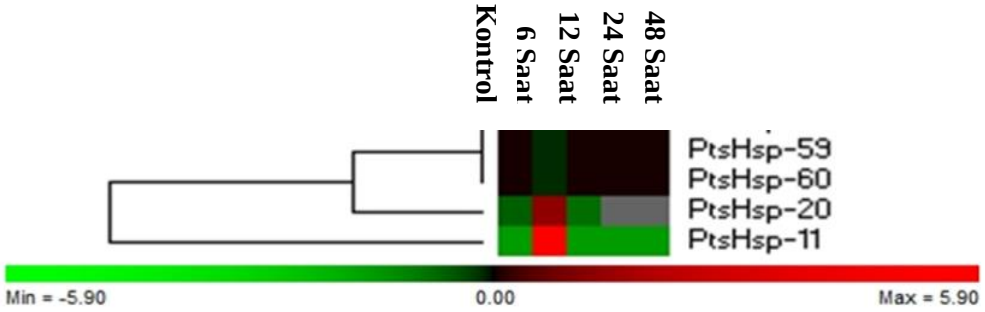
PtsHsp genlerinin tuzluluktaki ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir. 3 farklı transkriptom verisi üzerinden analiz yapılarak seçilim yapılmıştır. *PtsHsp* genlerine ait transkriptom verileri incelendiğinde; tuzluluk stresi altında SRP003271 transkriptom verisine bağlı olarak *PtsHsp-11-14-21-28-48-49-54-59* genlerinin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği görülmüştür. SRP033639 transkriptom verilerine göre; *PtsHsp-03-50* genleri için uzun süreli stres koşularında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (Şekil 4.9). *PtsHsp-39-42-50* genlerine ait ise orta derecede bir gen ifadesi tespit edilmiştir. Ayrıca *PtsHsp-13-38* genleri için kısa süreli stres koşullarında gen ifade seviyeleri artmıştır (Şekil 4.10). SRP028829 verilerine ait deney sonuçlarında *PtsHsp-11-20* genlerinin kısa süreli stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği saptanmıştır (Şekil 4.11).



Şekil 4.9. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP003271 (Li vd., 2013)



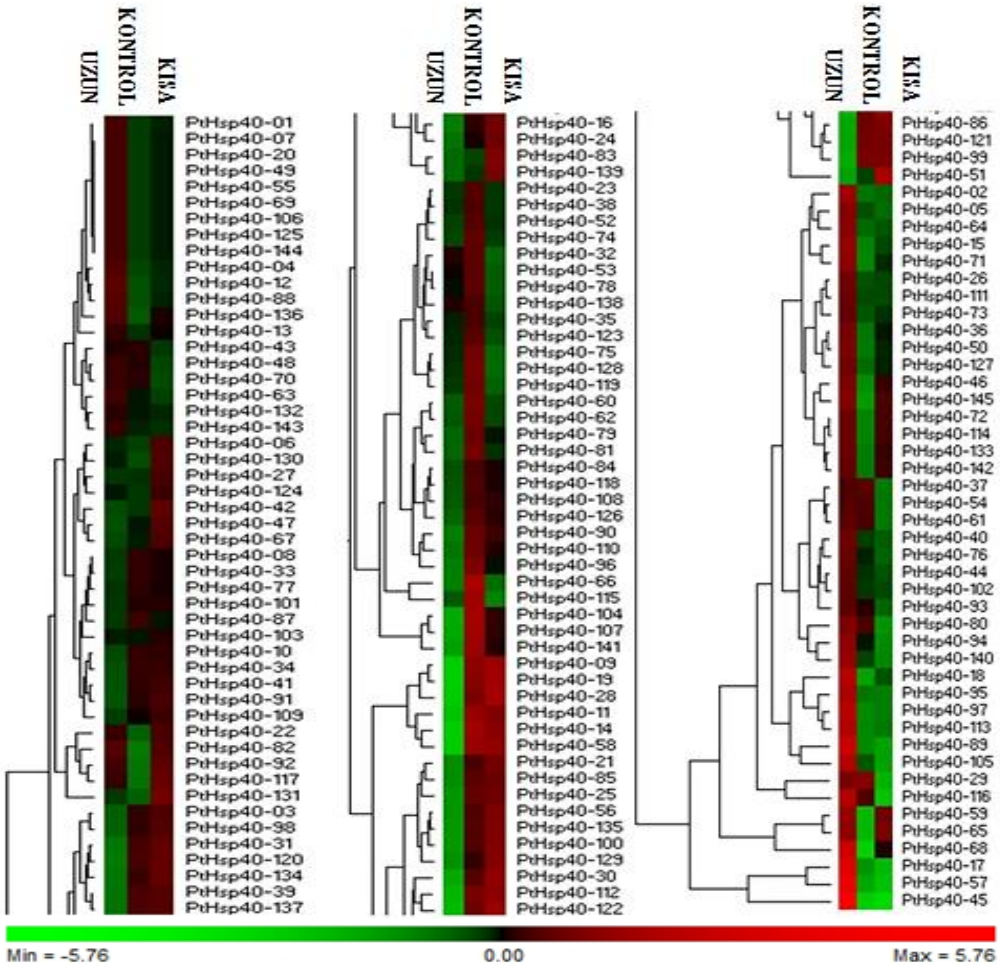
Şekil 4.10. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP033639 (Zhang vd., 2014)



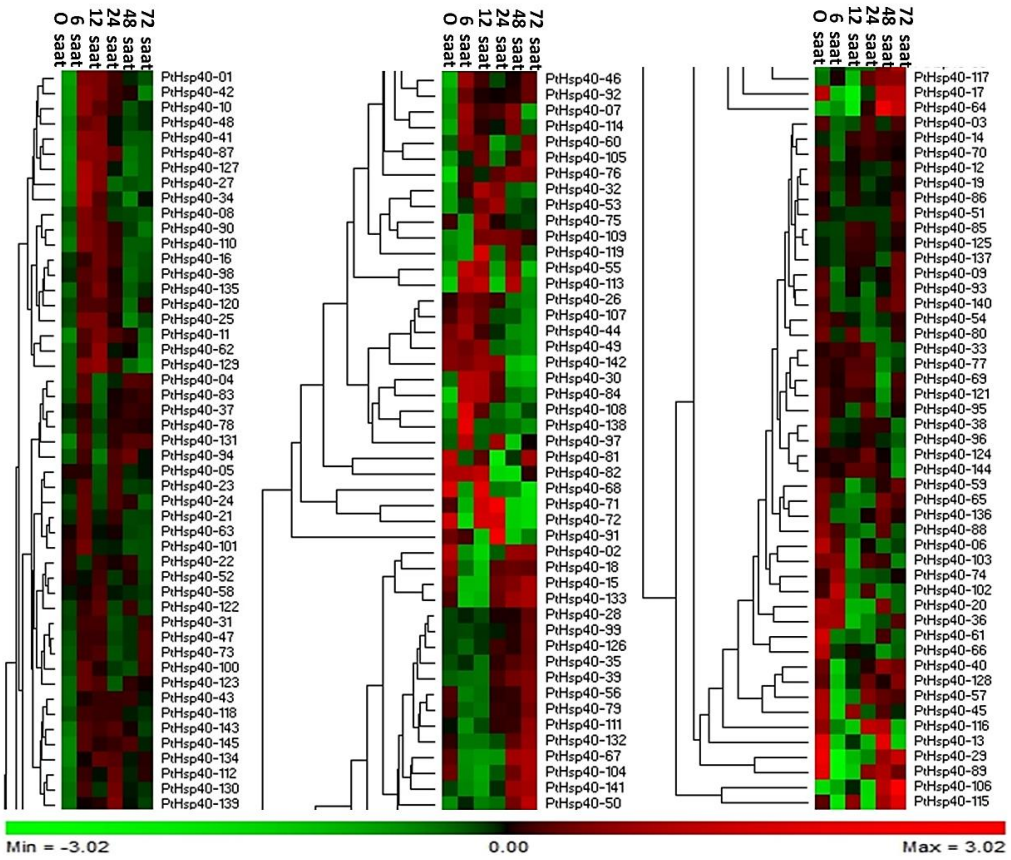
Şekil 4.11. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP028829 (Ma vd., 2013)

PtHsp40 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

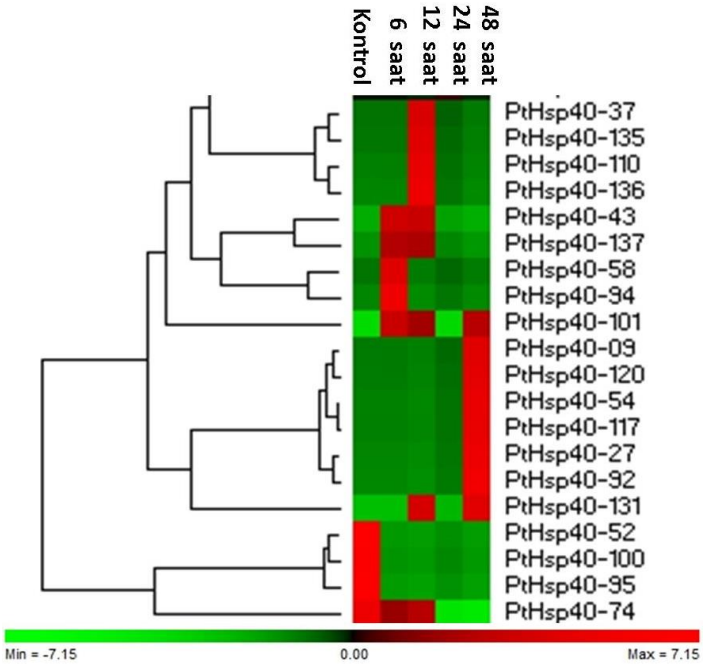
PtHsp40 genlerinin tuzluluktaki ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir. 3 farklı transkriptom verisi üzerinden analiz yapılarak seçilim yapılmıştır. PtHsp40 genlerine ait transkriptom verileri incelendiğinde; tuzluluk stresi altında SRP003271 transkriptom verisine bağlı olarak genlerinin % 20'sinin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.12). SRP033639 transkriptom verilerine göre; tanımlanan genlerin %22'sinin uzun süreli stres koşularında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (Şekil 4.13). SRP028829 nolu trankriptom verilerinin analizi sonucunda *PtHsp40-09-27-92-54-117-120* genlerinin uzun süreli stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği saptanmıştır (Şekil 4.14).



Şekil 4.12. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP003271 (Li vd., 2013)



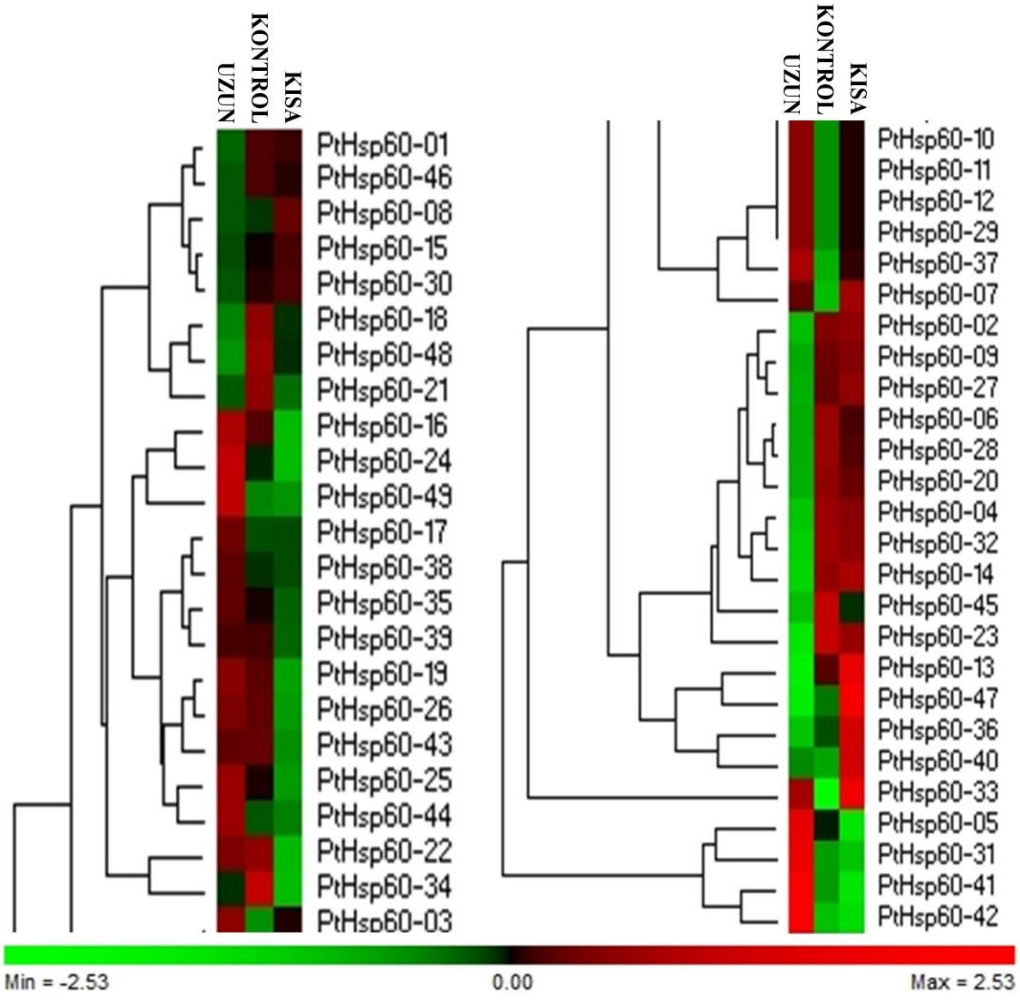
Şekil 4.13. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP033639 (Zhang vd., 2014)



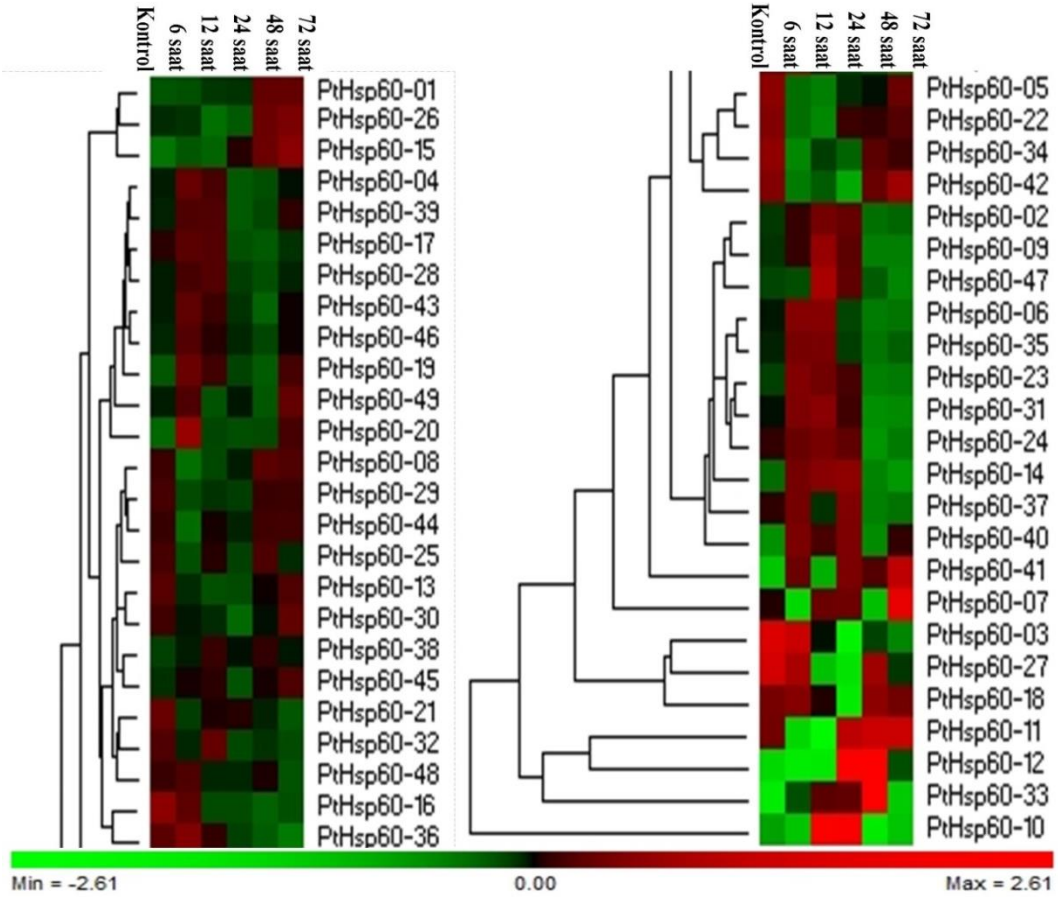
Şekil 4.14. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP028829 (Ma vd., 2013)

PtHsp60 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

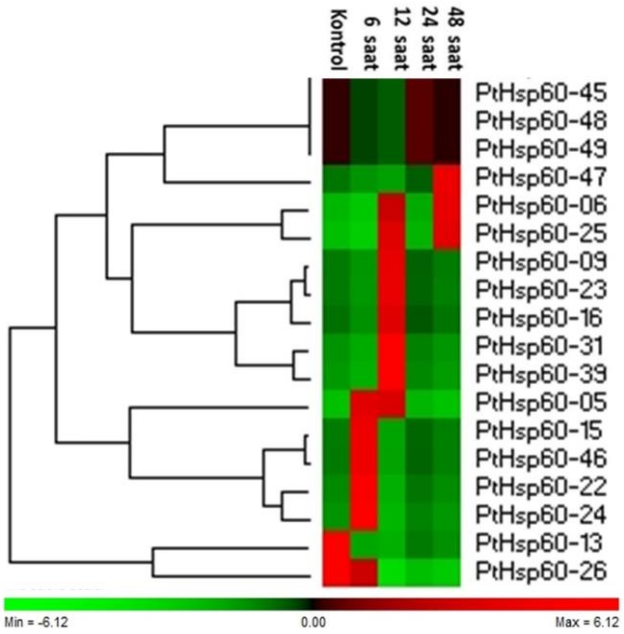
PtHsp60 genlerinin tuzluluktaki ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir. 3 farklı transkriptom verisi üzerinden analiz yapılarak seçilim yapılmıştır. *PtHsp60* genlerine ait transkriptom verileri incelendiğinde; tuzluluk stresi altında SRP003271 transkriptom verisine bağlı olarak PtHsp60 genlerinin %35'inin uzun süreli stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı görülmüştür (Şekil 4.15). SRP033639 transkriptom verilerine göre; *PtHsp60* genlerinin kontrol grubuna göre % 55'inin stres koşularında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (Şekil 4.16). SRP028829 transkriptom verileri incelendiğinde genlerinin %26 oranında stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği saptanmıştır (Şekil 4.17).



Şekil 4.15. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP003271 (Li vd., 2013)



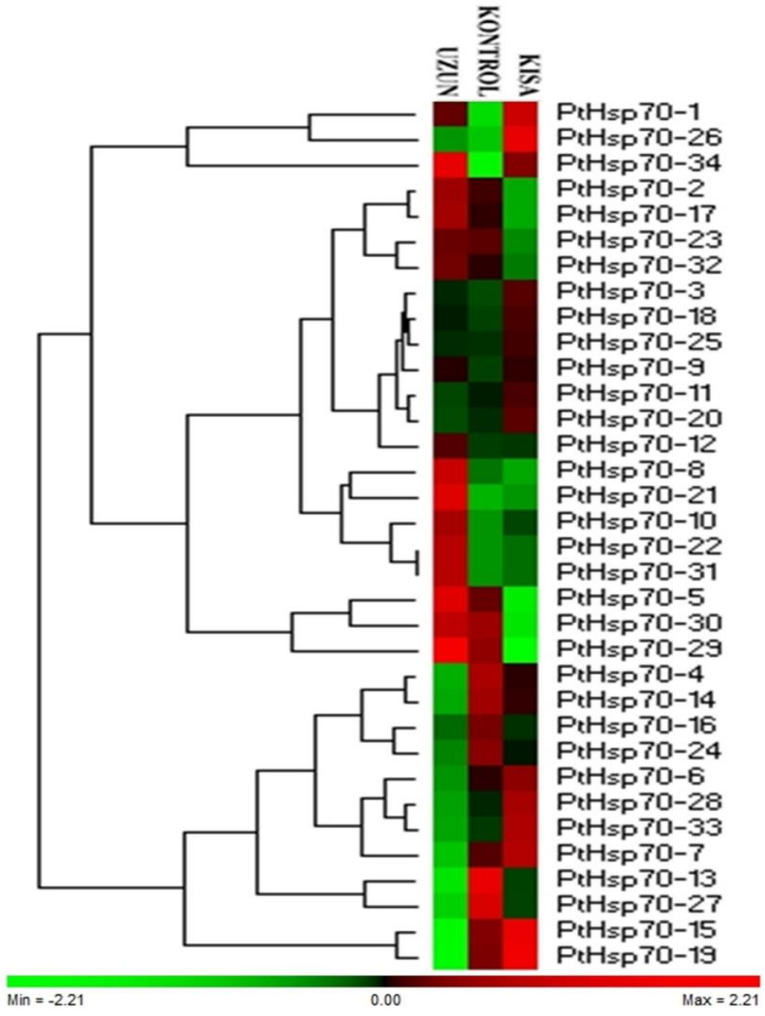
Şekil 4.16. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP033639 (Zhang vd., 2014)



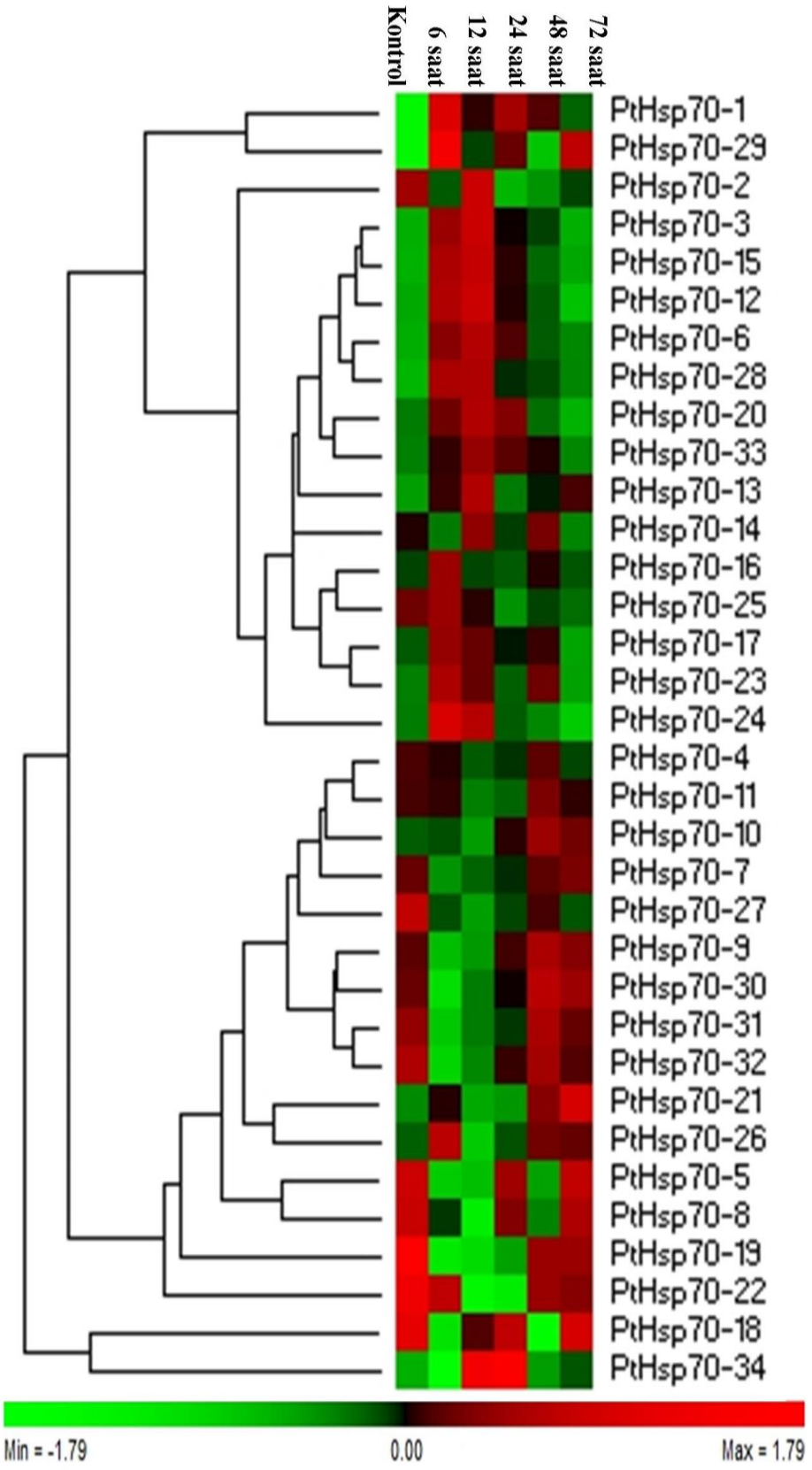
Şekil 4.17. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP028829 (Ma vd., 2013)

PtHsp70 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

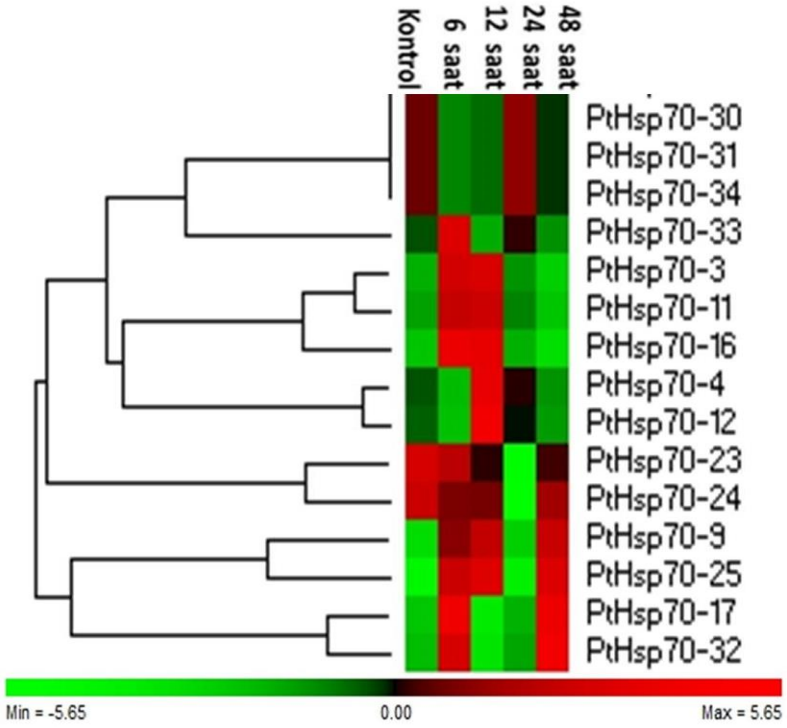
PtHsp70 genlerinin tuzluluktaki ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir. 3 farklı transkriptom verisi üzerinden analiz yapılarak seçilim yapılmıştır. *PtHsp70* genlerine ait transkriptom verileri incelendiğinde; tuzluluk stresi altında SRP003271 transkriptom verisine bağlı olarak *PtHsp70-01-34-09-12-8-21-10-22-31* genlerinin uzun süreli stres koşullarında gen ifadesi seviyelerinin yüksek olduğu görülmüştür (Şekil 4.18). SRP033639 transkriptom verilerine göre; *PtHsp70* genlerinin %55'inin farklı süreli stres koşullarında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (Şekil 4.19). SRP028829 transkriptom verilerine göre ise genlerin %29'unun stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği tespit edilmiştir (Şekil 4.20).



Şekil 4.18. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP003271 (Li vd., 2013)



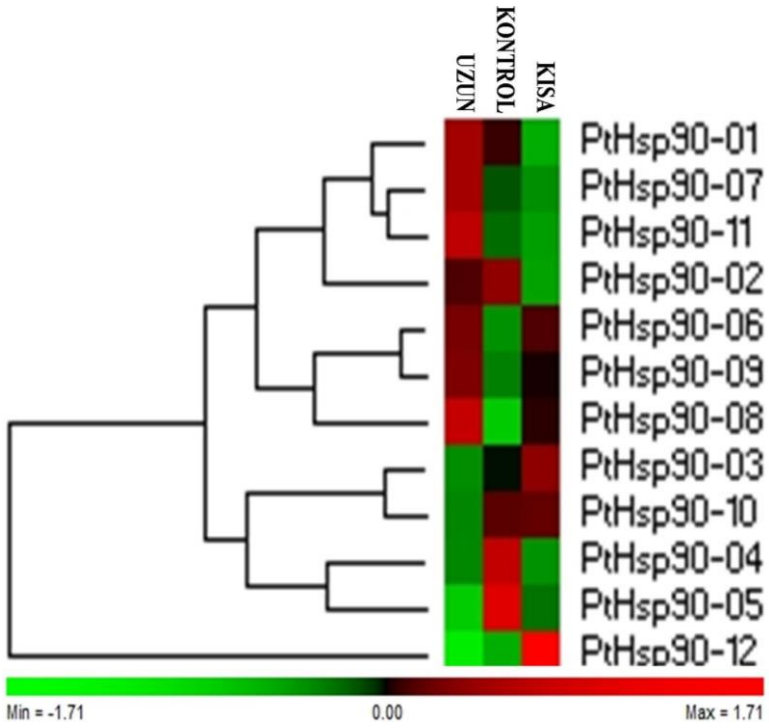
Şekil 4.19. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP033639 (Zhang vd., 2014)



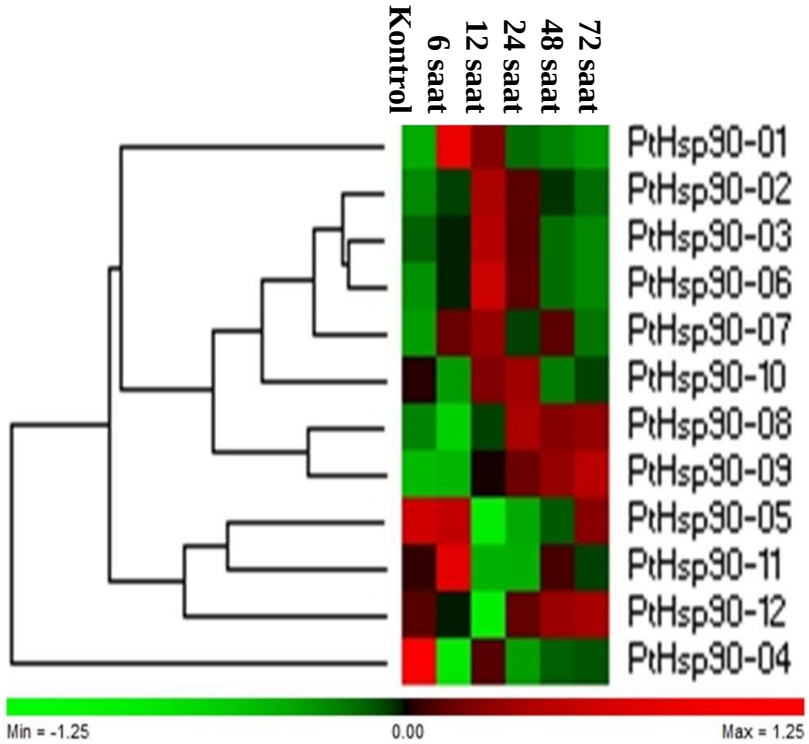
Şekil 4.20. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP028829 (Ma vd., 2013)

PtHsp90 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

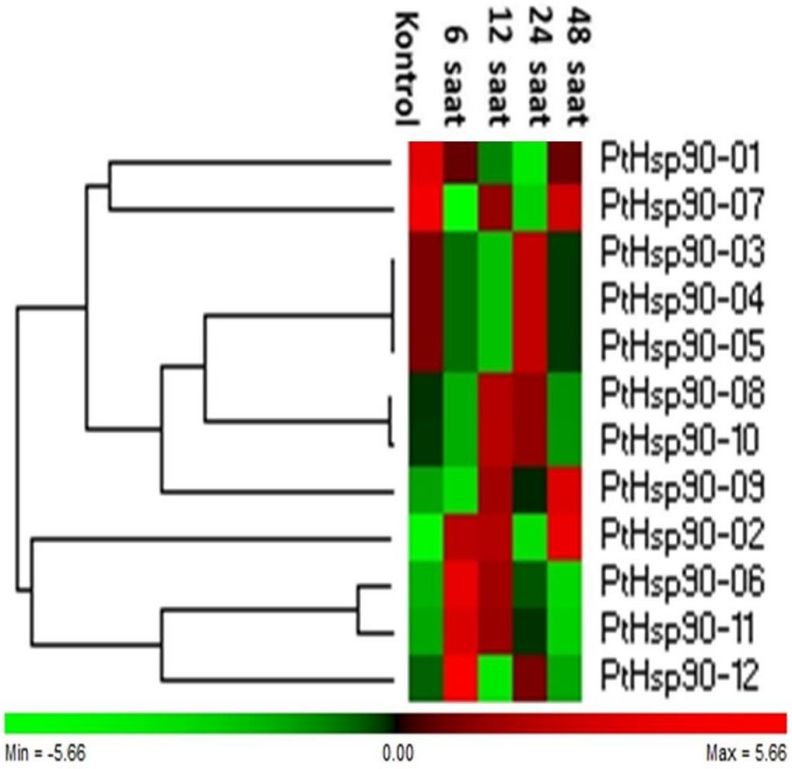
PtHsp90 genlerinin tuzluluktaki ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir. 3 farklı transkriptom verisi üzerinden analiz yapılarak seçilim yapılmıştır. *PtHsp90* genlerine ait transkriptom verileri incelendiğinde; tuzluluk stresi altında SRP003271 transkriptom verisine bağlı olarak *PtHsp90-01-06-07-08-09-11-12* genlerinin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterirdiği görülmüştür. Ayrıca *PtHsp90-03-12* için sadece kısa süreli stres koşularında ifadelerinin arttığı saptanmıştır (Şekil 4.21). SRP033639 transkriptom verilerine göre; *PtHsp90-01-02-03-06-07-08-09-10* genlerinin stres koşullarında ifade olduğu görülmüştür (Şekil 4.22). SRP028829 verileri analizi sonucunda *PtHsp90-02-06-08-09-10-11-12* genlerinin kısa süreli stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği saptanmıştır (Şekil 4.23).



Şekil 4.21. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP003271 (Li vd., 2013)



Şekil 4.22. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP033639 (Zhang vd., 2014)

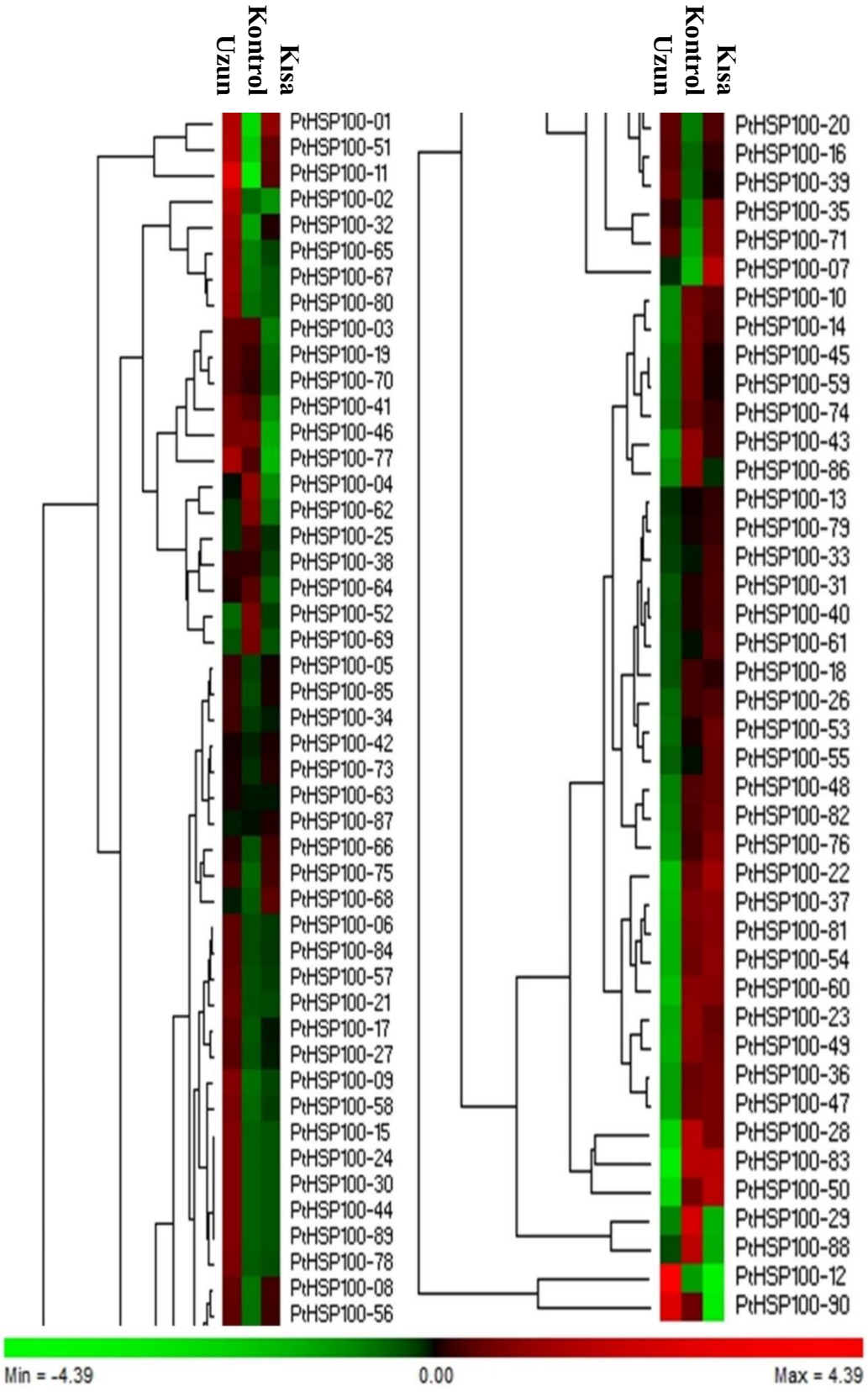


Şekil 4.23. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP028829 (Ma vd., 2013)

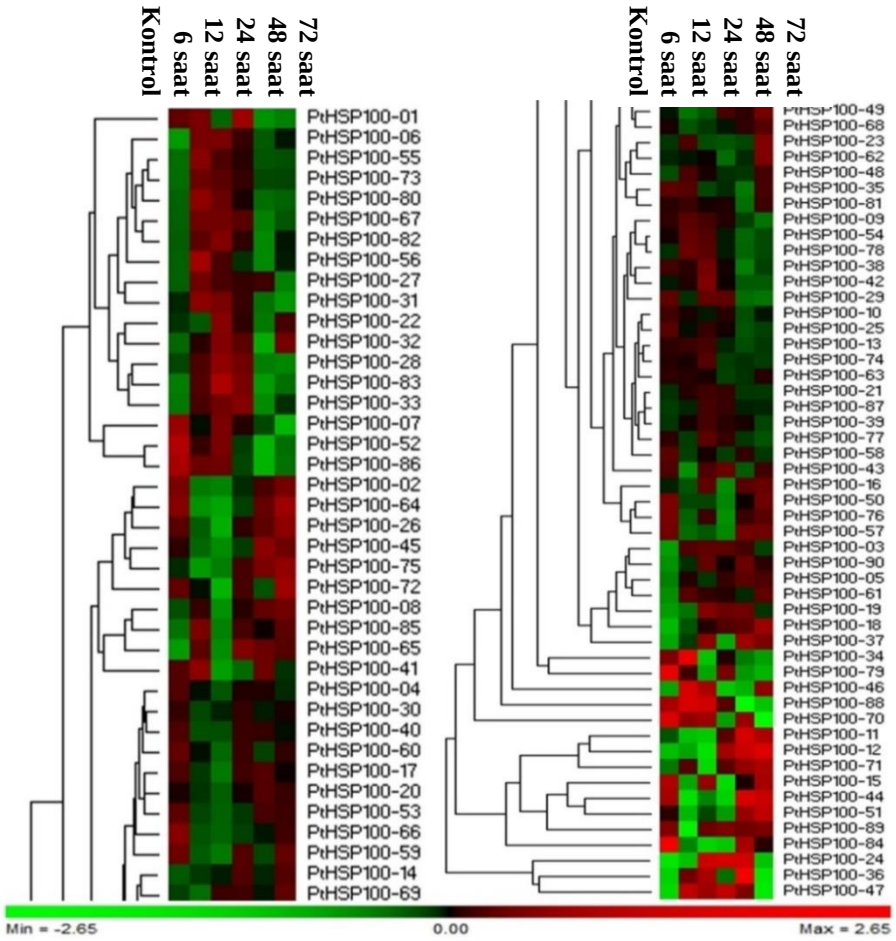
PtHsp100 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

PtHsp100 genlerinin tuzluluktaki ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir. 3 farklı transkriptom verisi üzerinden analiz yapılarak seçilim yapılmıştır. *PtHsp100* genlerine ait transkriptom verileri incelendiğinde; tuzluluk stresi altında SRP003271 transkriptom verisine bağlı olarak PtHsp100 genlerinin %38'inin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterirdiği görülmüştür (Şekil 4.24).

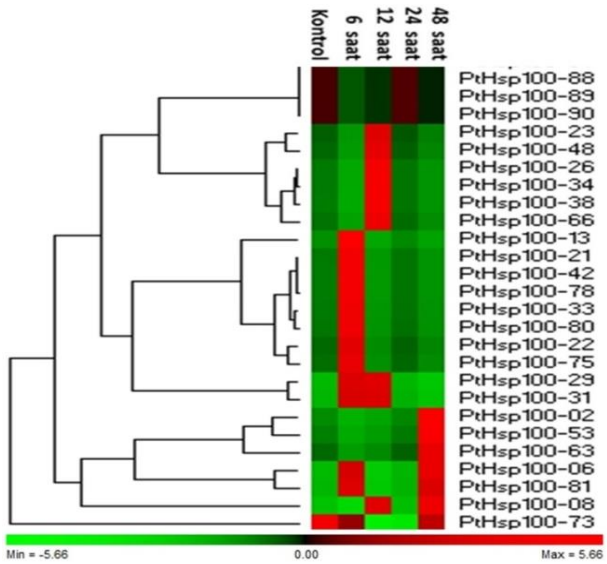
SRP033639 transkriptom verilerine göre; genlerin %48'inin uzun süreli stres koşullarında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (Şekil 4.25). SRP028829 nolu transkriptom verilerinin analizi sonucunda oluşan gen haritasında genlerinin %22'sinin stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği saptanmıştır (Şekil 4.26).



Şekil 4.24. *PtHsp100* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP003271 (Li vd., 2013)



Şekil 4.25. *PtHsp100* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP033639 (Zhang vd., 2014)



Şekil 4.26. PtHsp100 genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP028829 (Ma vd., 2013)

4.2.2.2. Tuzluluk stresi uygulaması yapılan klonlarda morfolojik değişiklikler

Karakavak (*Populus nigra* L.) türüne ait Geyve, N.03.368.A klonu, I-214 (*Populus euramericana* Dode. Guinier) ve Titrek kavak (*Populus tremula* L.) tür/klonları seçilerek, Tablo 4.2'de belirtilen koşullarda tuzluluk stresi uygulaması yapılmıştır. Klonların tuzluluk stresine karşı oluşturdukları cevap mekanizmaları gözlemlenmiştir. Tuzluluk stresi uygulaması sonrasında 14. gün örneklerinde yaprak dokularında kısmı olarak solukluk, sararma görüldüğü, 28. gün örneklerinde ise yaprak dokusunun neredeyse tamamında solukluk, sararma ve siyah benek oluşumları görülmüştür. Klonların tuz stresinde oluşturduğu morfolojik değişikler EK 37'de saptanmıştır.

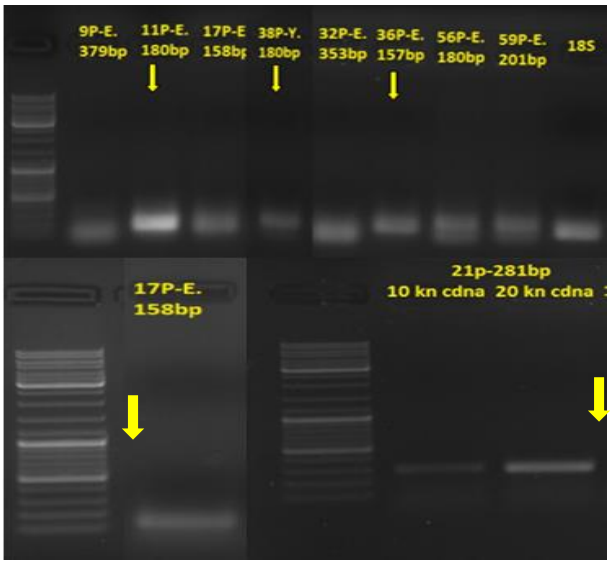
4.2.2.3. qRT-PZR deney öncesi seçilen PtHsps genlerinde sıcaklık optimizasyonu

Titrek kavak (*Populus tremula* L.), *Populus euramericana* Dode. Guinier-I-214 ve Karakavak (*Populus nigra* L.) türüne ait Geyve, N.03.368.A klonlarına ait tuzluluk stres uygulaması ve kontrol gruplarının yaprak örneklerine RNA izolasyonu yapılmıştır. İzolasyon sonrasında RNA miktarlarının ve saflığının belirlenebilmesi amacıyla RNA miktarları spektrofotometrik ölçüm cihazı yardımıyla (ng/ul) ölçülmüştür (Tablo 4.13).

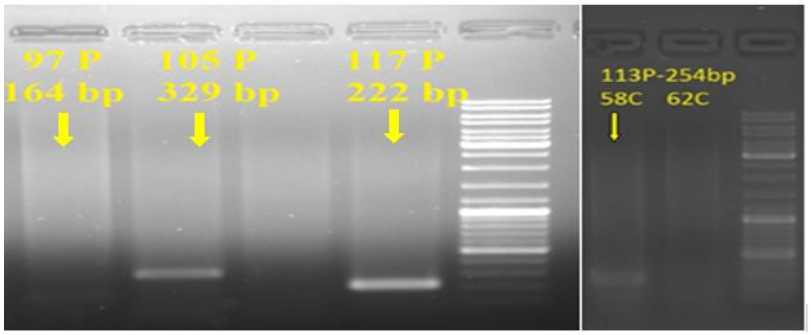
Tablo 4.13. *Tuzluluk stresinde-RNA'ların spektrofotometrik değerleri*

Klon No	ng/ul (ort.)	A260/A280 (ort.)
Geyve – Kontrol	1400	2,1
Geyve – 14. gün stres	1300	2,1
Geyve – 28. gün stres	1030	2,1
N.03.368 A – Kontrol	500	2,0
N.03.368 A - 14. gün stres	600	2,0
N.03.368 A – 28. gün stres	600	2,0
I-214 – Kontrol	1300	2,1
I-214 - 14. gün stres	600	2,1
I-214 –28. gün stres	1600	2,0
Titrek Kavak – Kontrol	1700	2,0
Titrek Kavak - 14. gün stres	1500	2,1
Titrek Kavak – 28. gün stres	1500	2,0

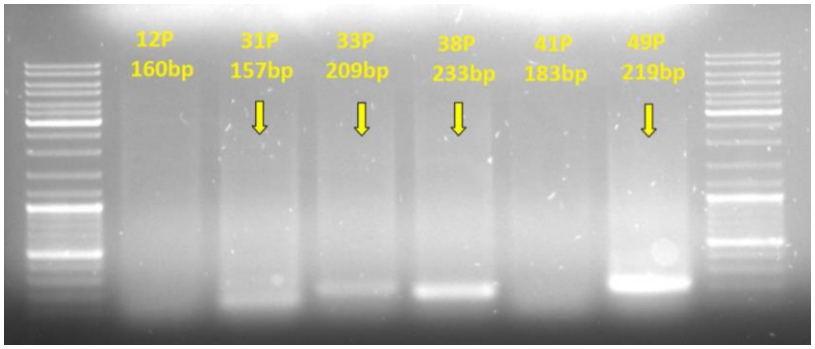
Primerlerin bağlanma sıcaklıklarının optimizasyonu yapılmıştır. Genlerin PZR sonrası jel görüntüleri Şekil 4.27, Şekil 4.28, Şekil 4.29, Şekil 4.30, Şekil 4.31 ve Şekil 4.32'da verilmiştir.



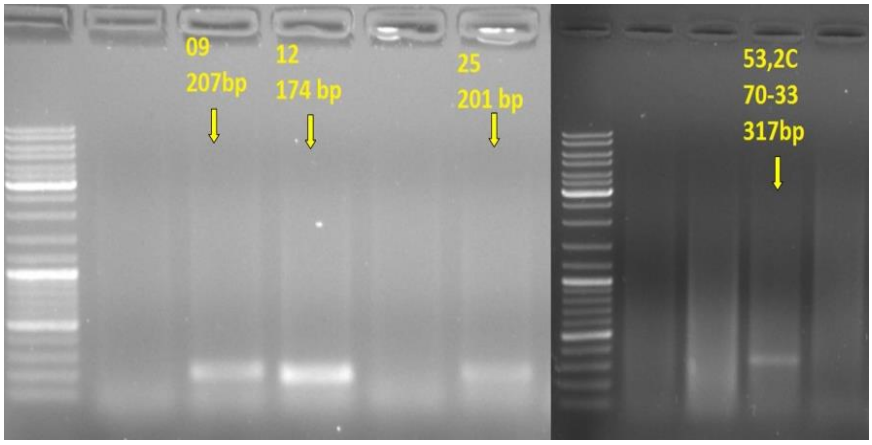
Şekil 4.27. Seçilen *PtsHsp* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



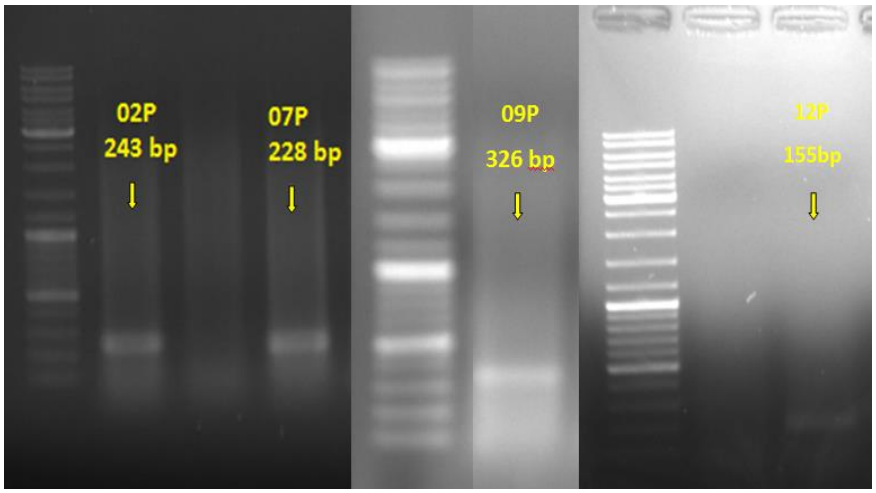
Şekil 4.28. Seçilen *PtHsp40* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



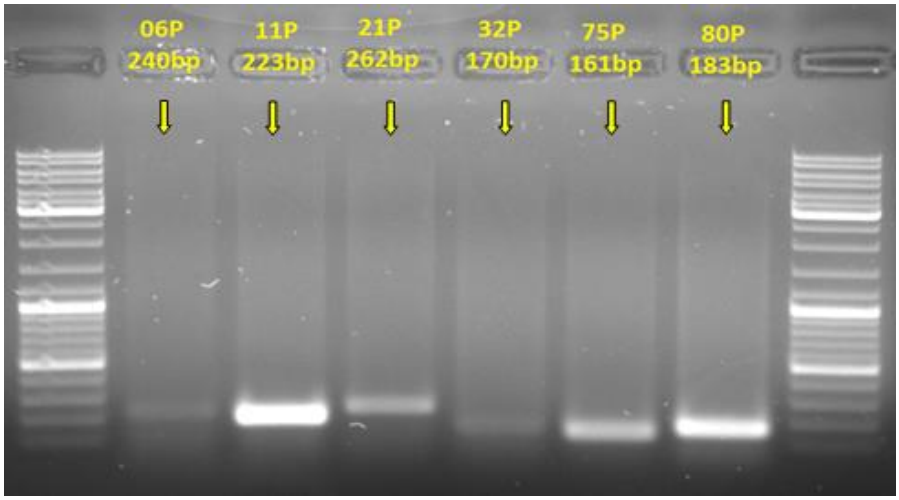
Şekil 4.29. Seçilen *PtHsp60* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



Şekil 4.30. Seçilen *PtHsp70* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



Şekil 4.31. Seçilen *PtHsp90* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



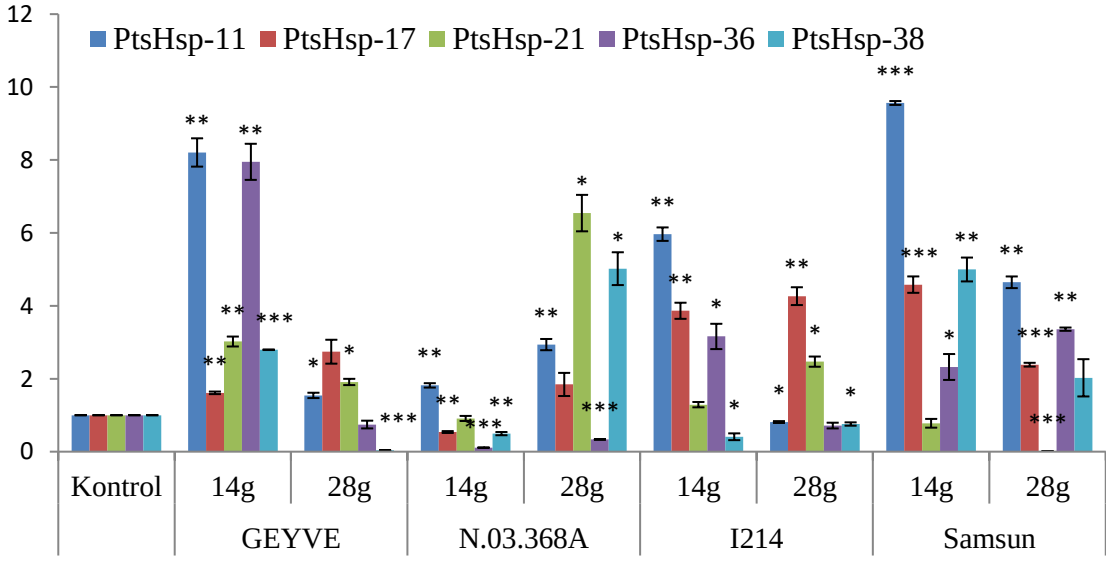
Şekil 4.32. Seçilen *PtHsp100* genlerinin tuzluluk stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü

4.2.2.4. PtsHsp genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri kullanılarak seçilen *PtsHsp* genlerinin tuzluluk stresine karşı cevapları qRT-PZR analizi ile belirlenmiştir (Şekil 4.33, Şekil 4.34, Şekil 4.35, Şekil 4.36, Şekil 4.37, Şekil 4.38). Toplamda 27 adet *PtsHsp* geni gen ifadesi analizi (gen ifade) için seçilmiştir. Grafiklerde gösterilen standart hatalar (barlar) 3 biyolojik tekrar sonucunda elde edilmiştir. Genlere ait amplifikasyon ve erime eğrileri çizilmiştir (Ek 38).

PtsHsp genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri analizleri sonucu elde edilen haritalardan (heatmap), deneysel çalışmada kullanılacak *PtsHsp-11-17-21-36-38* genleri seçilmiştir. Dört farklı kavak tür/klonunda gen ifade seviyeleri *qRT-PZR* analizi ile belirlenmiştir. Kontrol grubu üyelerine göre 14. gün stres uygulaması sonuçları incelendiğinde, N.03.368A klonu hariç tüm taksonlar için tuzluluk stresine cevapta rol oynamaktadır. Tüm klonlarda *PtsHsp-21* geninin kontrol grubuna göre yüksek ifade olduğu dikkat çekmiştir. Samsun klonu diğer kavak klonlarına göre tuzluluk stresine uyum göstermiştir (Şekil 4.33).

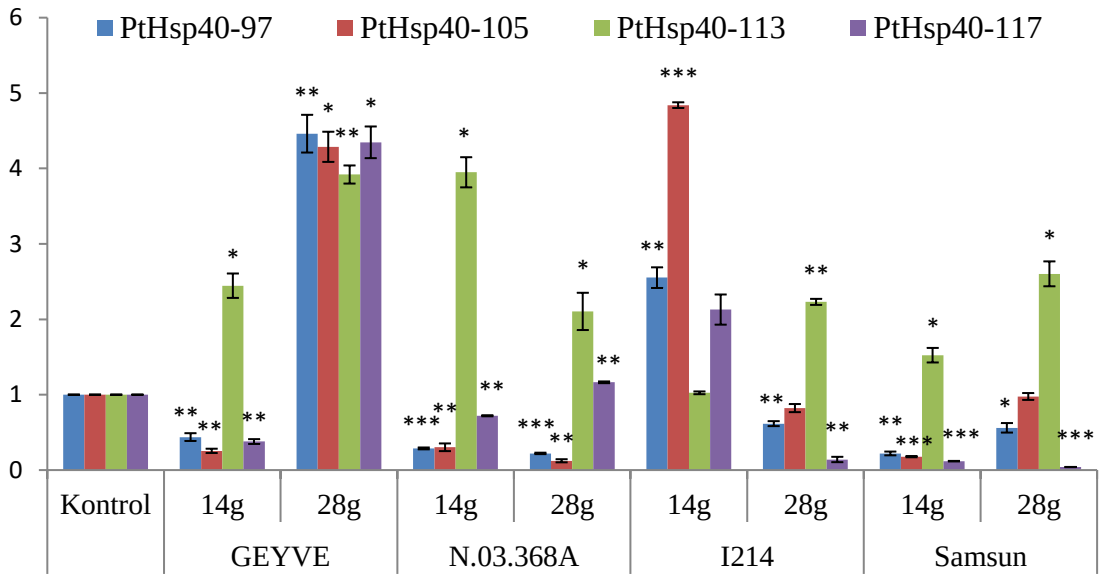


Şekil 4.33. Seçilen *PtsHsp* genlerinin tuzluluk stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp40 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri analizleri sonucu elde edilen haritalardan (heatmap) deneysel çalışmada kullanılacak *PtHsp40-97-105-113-117* genleri seçilmiştir. Dört farklı kavak klonunda gen ifade seviyeleri qRT-PZR analizi ile belirlenmiştir.

Geyve klonu için *Hsp40* genlerinin 28. gün stres uygulamasında ifade seviyelerininde artış görüldüğü tespit edilmiştir. I-214 klonunda ise 14.gün stres uygulaması sonuçlarında genlerin yüksek ifade olduğu belirlenmiştir. Tüm klonlarda PtHsp40-113 geninin kontrol gruplarına göre stres uygulamasında ifade seviyesi artmıştır. Stres koşullarında PtHsp40 genleri içerisinden 113P tuzluluk stresine karşı cevapta kilit rol üstlenmiştir. Samsun kavak klonunun strese karşı dayanıklılığının diğer kavak klonlarına göre daha düşük olduğu saptanmıştır (Şekil 4.34).

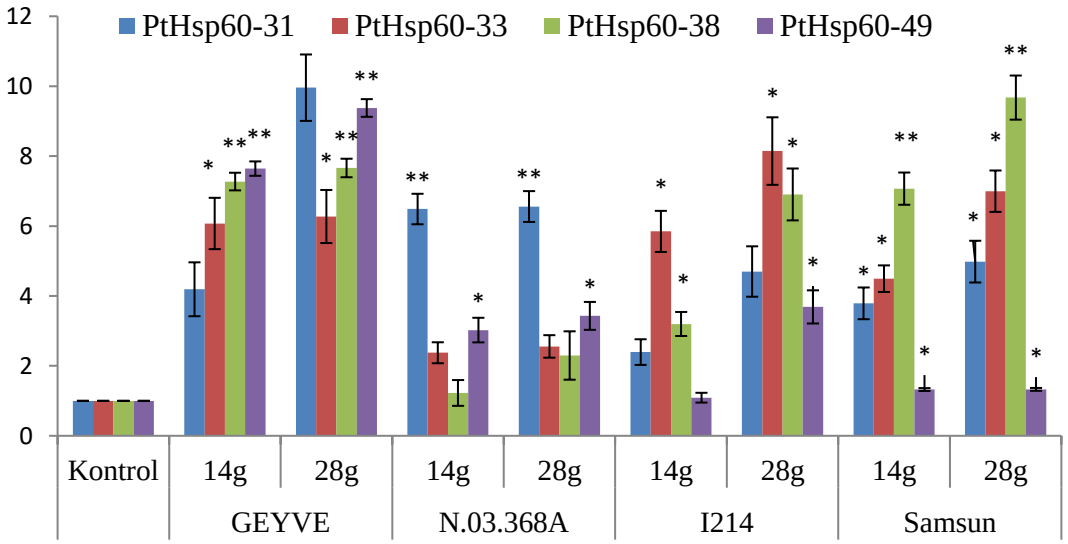


Şekil 4.34. Seçilen *PtHsp40* genlerinin tuzluluk stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp60 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri analizleri sonucu elde edilen haritalardan (heatmap) deneysel çalışmada kullanılacak *PtHsp60-31-33-38-49* genleri seçilmiştir. Dört farklı kavak klonunda gen ifade seviyeleri qRT-PZR analizi belirlenmiştir.

Geyve ve Samsun klonlarının stres koşullarında seçilen *PtHsp60* genleri için ifade seviyelerinde artış görüldüğü tespit edilmiştir. Tüm klonlarda *PtHsp60-31-33-38* genlerinin strese karşı cevap oluşturmada etkin rol üstlendiği görülmüştür. 28. gün tuzluluk stresi uygulaması sonuçlarına göre tüm klonlarda *Hsp60* genlerinin ifade düzeylerinde artış olduğu belirlenmiştir. Uzun süreli stres koşullarında seçilen gen bölgeleri strese karşı koruyucu bir fonksiyon oluşturduğu saptanmıştır (Şekil 4.35).

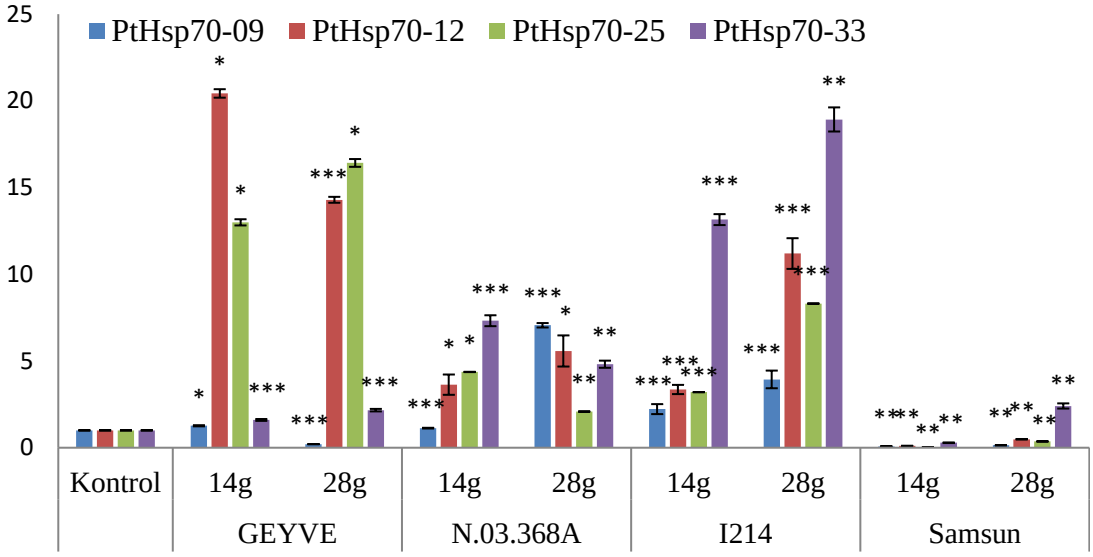


Şekil 4.35. Seçilen *PtHsp60* genlerinin tuzluluk stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp70 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri analizleri sonucu elde edilen haritalardan (heatmap) deneysel çalışmada kullanılacak *PtHsp70-09-12-25-33* genleri seçilmiştir. Dört farklı kavak klonunda gen ifade seviyeleri qRT-PZR analizi belirlenmiştir.

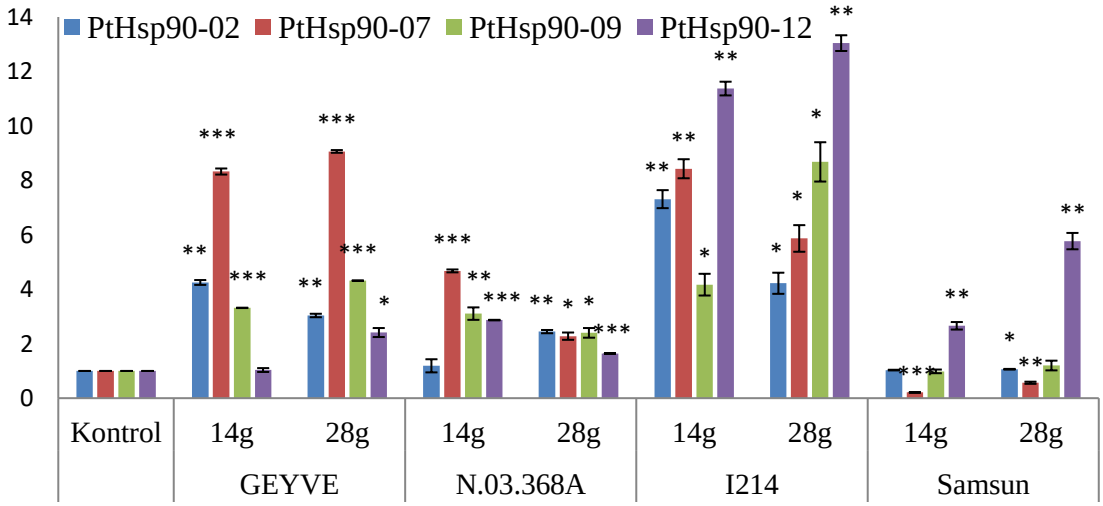
Seçilen *Hsp70* genleri için Samsun klonunun tuzluluk stresine karşı duyarlı olduğu belirlenmiştir. *PtHsp70-12* geninin Geyve-N03.368A ve I-214 klonlarında stres koşullarında ifade seviyesinde artmış görüldüğü tespit edilmiştir (Şekil 4.36).



Şekil 4.36. Seçilen *PtHsp70* genlerinin tuzluluk stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp90 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri analizleri sonucu elde edilen haritalardan (heatmap) deneysel çalışmada kullanılacak *PtHsp90-02-07-09-12* genleri seçilmiştir. Dört farklı kavak klonunda gen ifade seviyeleri qRT-PZR analizi belirlenmiştir. I-214 klonu için, seçilen tüm *Hsp90* genlerinin gen ifadesi seviyeleri artış olduğu belirlenmiştir. Bu klonun tuzluluk stresine karşı uyum gösterdiği saptanmıştır. Samsun klonu için PtHsp90-12 geni strese karşı koruyucu bir rol üstelenmiştir (Şekil 3. 37).

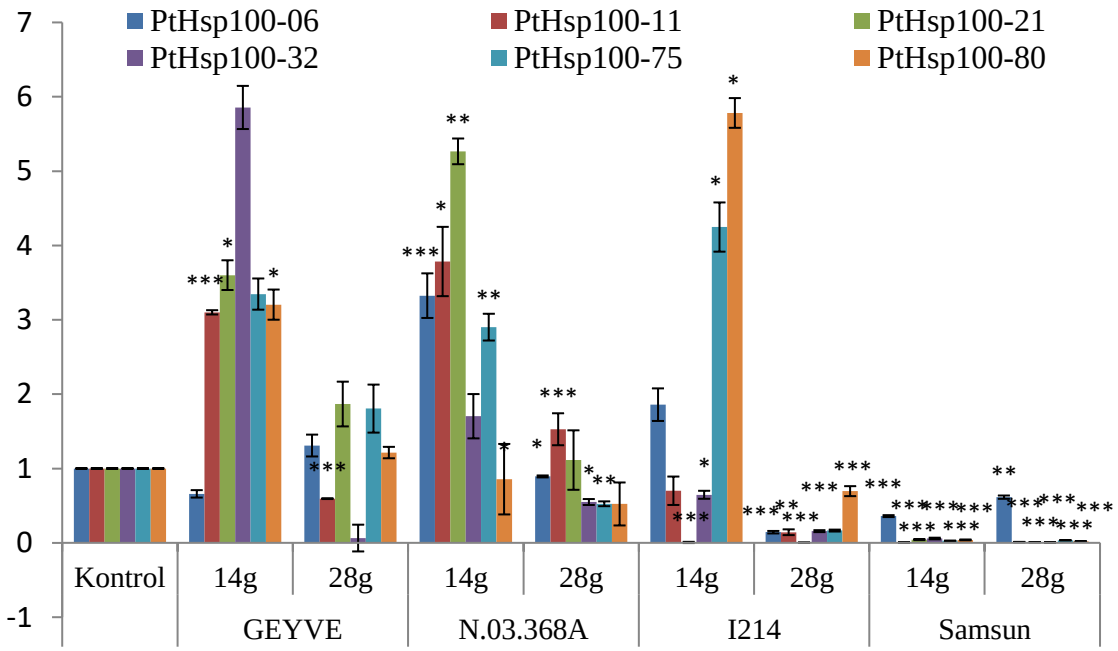


Şekil 4.37. Seçilen *PtHsp90* genlerinin tuzluluk stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp100 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri analizleri sonucu elde edilen haritalardan (heatmap) deneysel çalışmada kullanılacak *PtHsp100-06-11-21-32-75-80* genleri seçilmiştir. Dört farklı kavak klonunda gen ifade seviyeleri qRT-PZR analizi belirlenmiştir.

Seçilen *Hsp100* genlerinin özellikle Geyve ve N.03.368A klonlarında ifade seviyelerininde artış olduğu belirlenmiştir. Bu klonlar için *Hsp100* genlerinin tuzluluk stresine karşı koruyucu bir rol üstlendiği tespit edilmiştir. Samsun klonunun tuzluluk stresine karşı duyarlı olabileceği saptanmıştır. *PtHsp100-80* geninin genel olarak strese karşı yüksek ifade olduğu görülmüştür (Şekil 4.38).



Şekil 4.38. Seçilen *PtHsp100* genlerinin tuzluluk stresi altında gen ifade seviyesi

4.2.3. Kadmiyum Stresi Altında Hsps Gen Ailesi Üyelerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

4.2.3.1. Transkriptom verilerinin incelenmesi

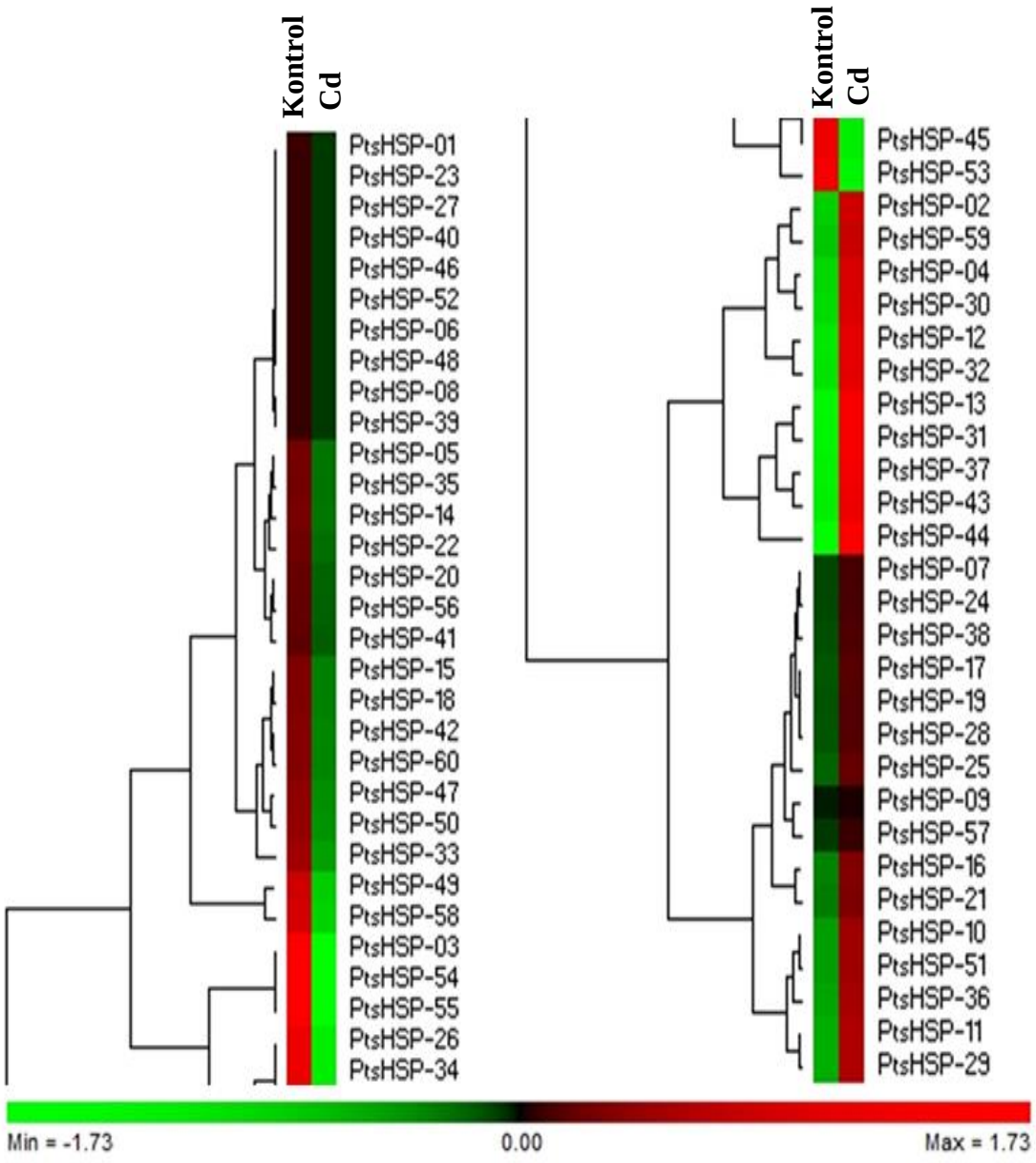
Sekans (dizi) okumaları veri tabanından (SRA-Sekans Read Archive) RNA-Seq verileri (kavak türü seçilerek Ağır metal-Kadmiyum stresi için) taratılmıştır. Kadmiyum stresi için SRP018922 deney sonuçları değerlendirilmiştir.

Bu analizlerde *PtsHsp-PtHsp40-PtHsp60-PtHsp70-PtHsp90-PtHsp100* genlerinin kadmiyum stresindeki ve kontrol grubundaki skorları ve farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir. Ayrıca, kadmiyum stresi için *Populus x canescens* (*Populus alba x Populus tremula*) hibrit türünde yapılan A-AFFY-131 ArrayExpress (http://www.ebi.ac.uk/arrayexpress/) verileri kullanılmıştır. İlgili okumalar veri tabanından indirilmiştir.

Veri tabanına yüklü olan E-MEXP-3741 kodlu micro array sonuçları tüm *Hsps* genleri potri (erişim) numaraları ile karşılaştırılmıştır. Sadece *Hsp40* genlerine ait veri eldesi sağlanabilmiştir. Diğer *Hsps* (*sHsp-Hsp60-Hsp70-Hsp90-Hsp100*) gen aileleri için mevcut array sonuçlarında eşleşen Potri numarası bulunamamıştır. *PtsHsp* genlerinin kadmiyum stres uygulaması ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir.

PtsHsp genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak genlerinin %26'sının stres koşullarında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir. %15'i orta derecede bir gen ifadesi göstermiştir. %35'i için ise genlerin stres koşullarında az ifade olduğu dikkat çekmiştir (Şekil 4.39).

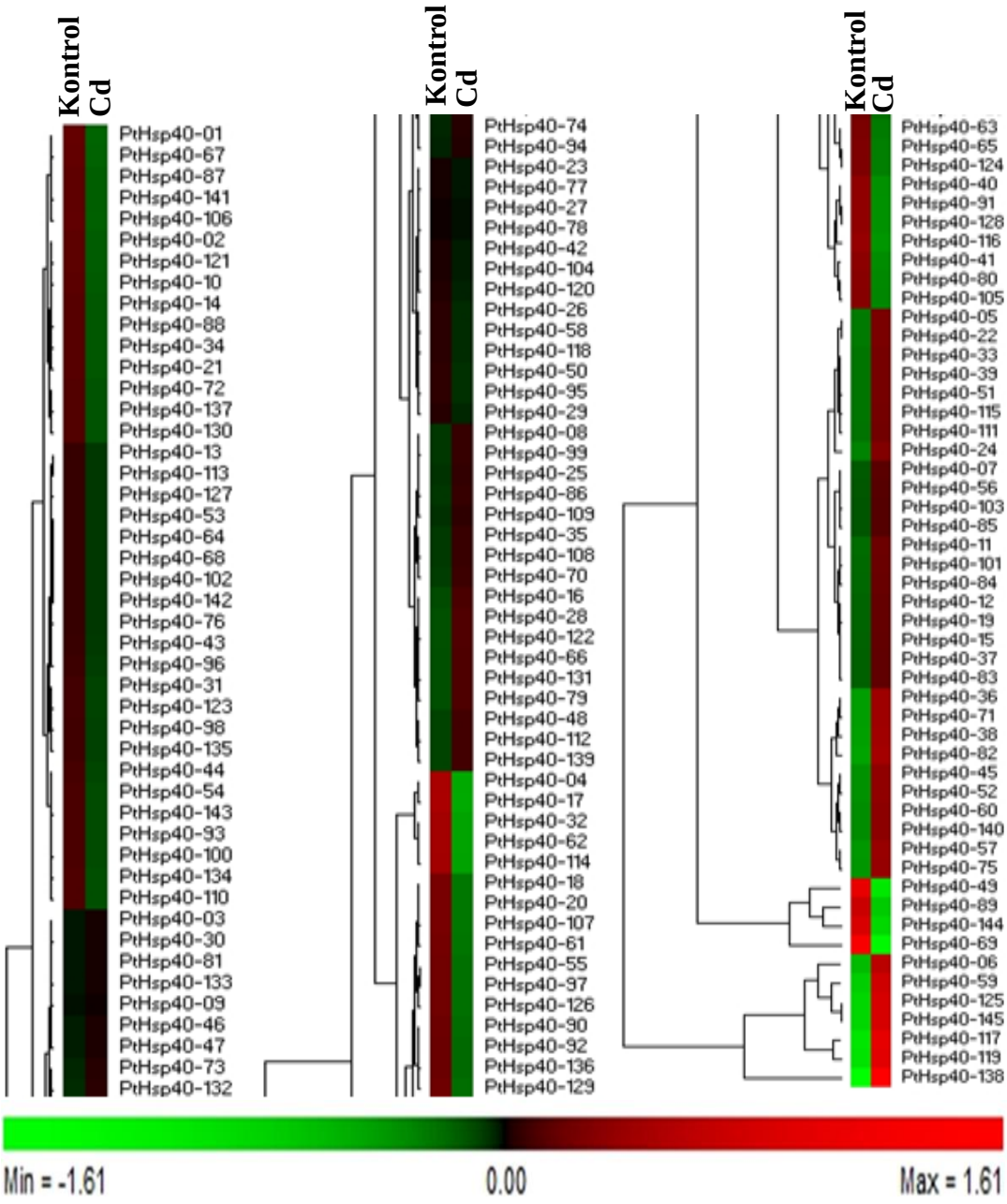


Şekil 4.39. *PtsHsp* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP018922

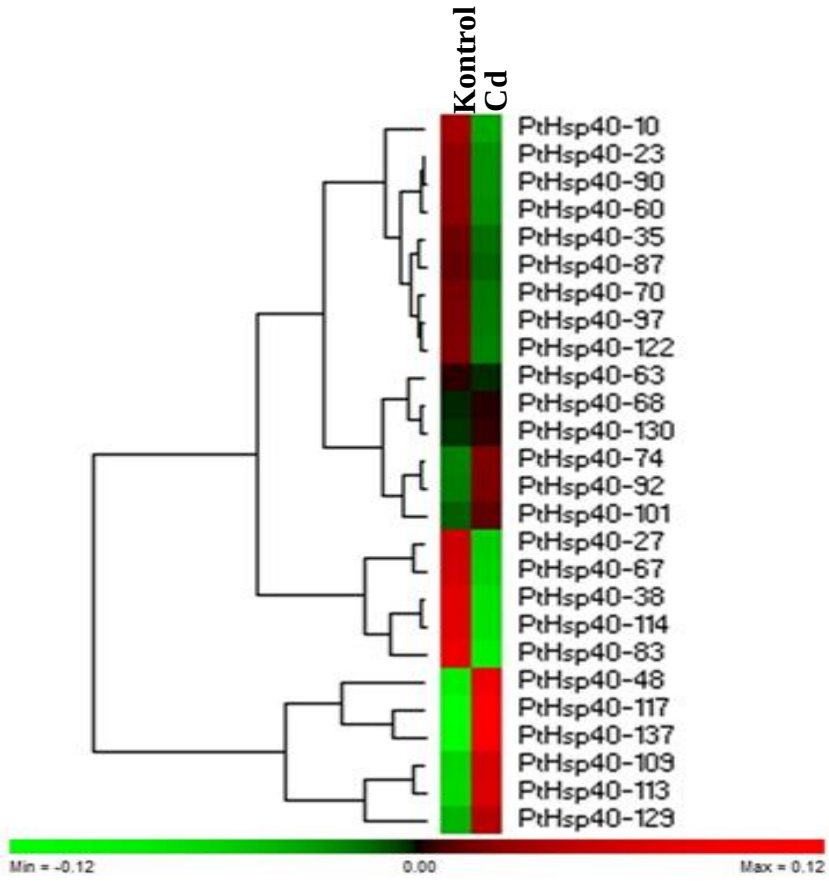
PtHsp40 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak Hsp40 genlerinin %26'sının stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği saptanmıştır. Genlerin %11'inin strese karşı orta derecede ifade olduğu belirlenmiştir. % 60 oranında kontrol grubuna göre stres koşullarında gen ifade seviyesinde bir azalma olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.40).

Array sonuçları incelendiğinde ise; *PtHsp40-48-74-92-101-109-113-117-129-137* genlerinin kadmiyum stres koşullarına karşı cevap oluşturduğu dikkat çekmiştir (Şekil 4. 41).



Şekil 4.40. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP018922



Şekil 4.41. *PtHsp40* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-E-MEXP-3741

PtHsp60 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

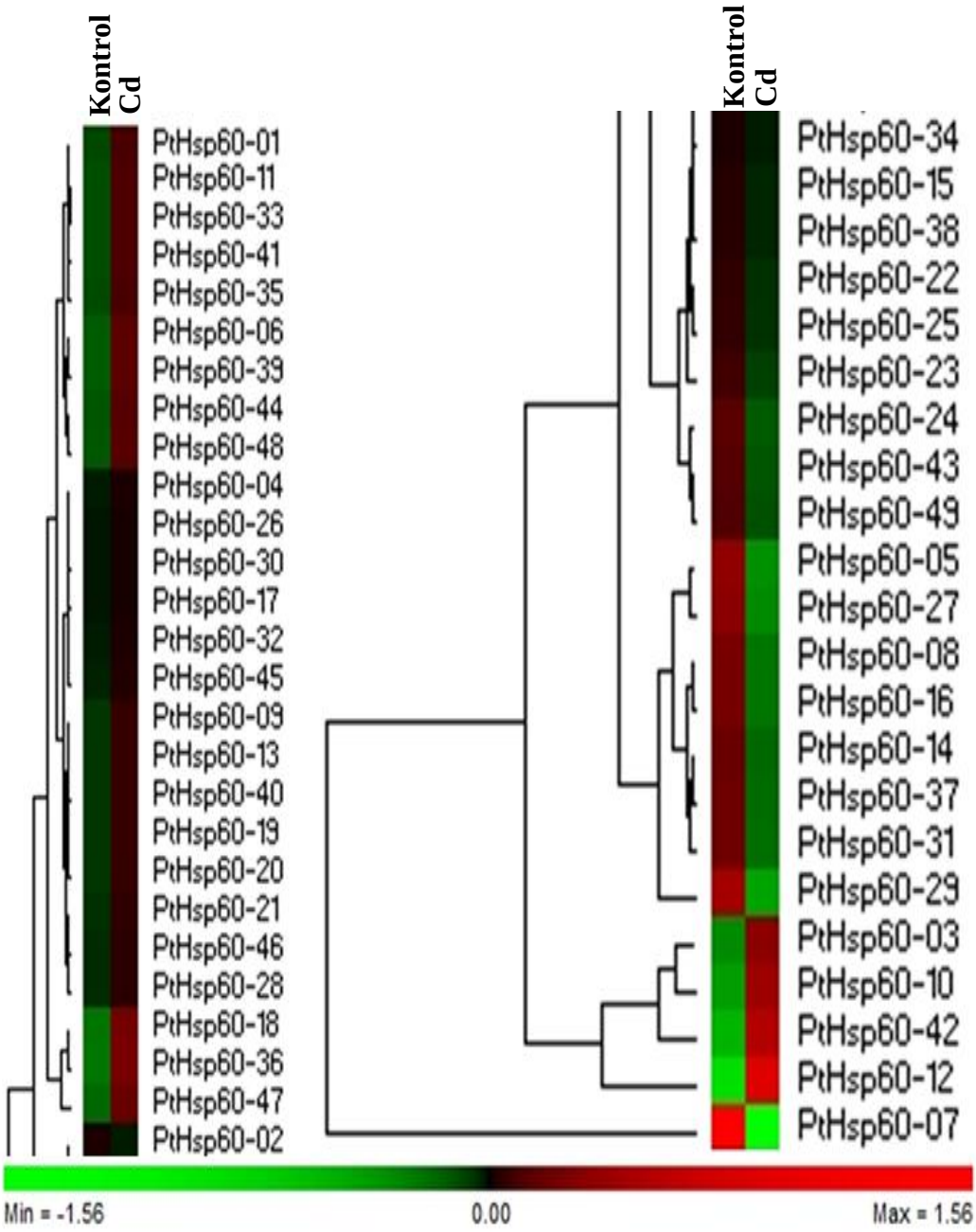
Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak genlerinin %25'inin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği belirlenmiştir. Genlerin % 47'sinin stres koşullarına cevabının orta derece olduğu saptanmıştır. % 25 oranında ise genlerin ifade seviyesinde azalma görülmüştür (Şekil 4.42).

PtHsp70 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

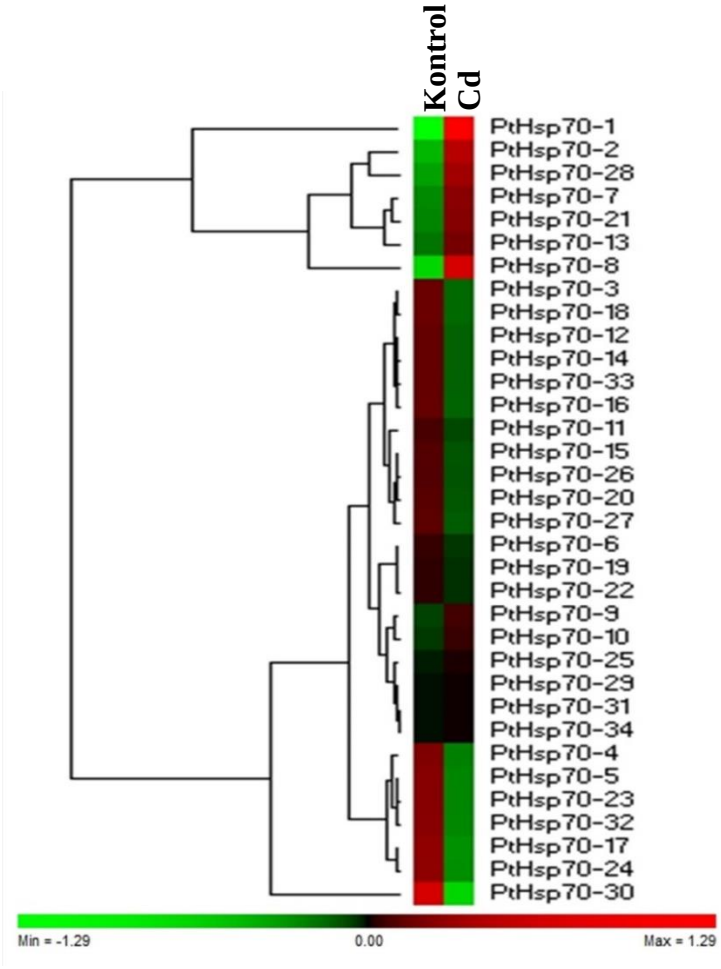
Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak *PtHsp70-01-02-07-08-13-21-28* genlerinin ifade seviyesinde artış gözlemlenmiştir. Genlerin % 62'sinde ifade seviyesinin azaldığı tespit edilmiştir. *PtHsp70-25-29-31-34* genlerinin hem kontrol grubu hem de stres uygulama gruplarında gen ifade seviyelerinde değişkenlik olmadığı belirlenmiştir (Şekil 4.43).

PtHsp90 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

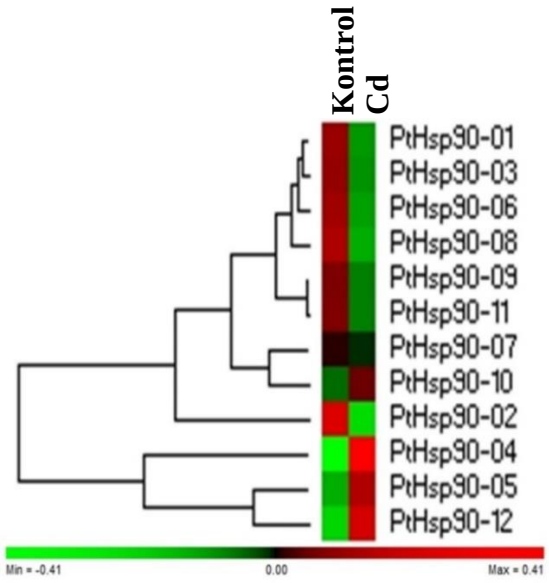
Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak *PtHsp90-04-05-10-12* genlerinin stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği görülmüştür. *PtHsp90-01-02-03-06-08-09-11* genlerinin kısa süreli stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği saptanmıştır (Şekil 4.44).



Şekil 4.42. *PtHsp60* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP018922



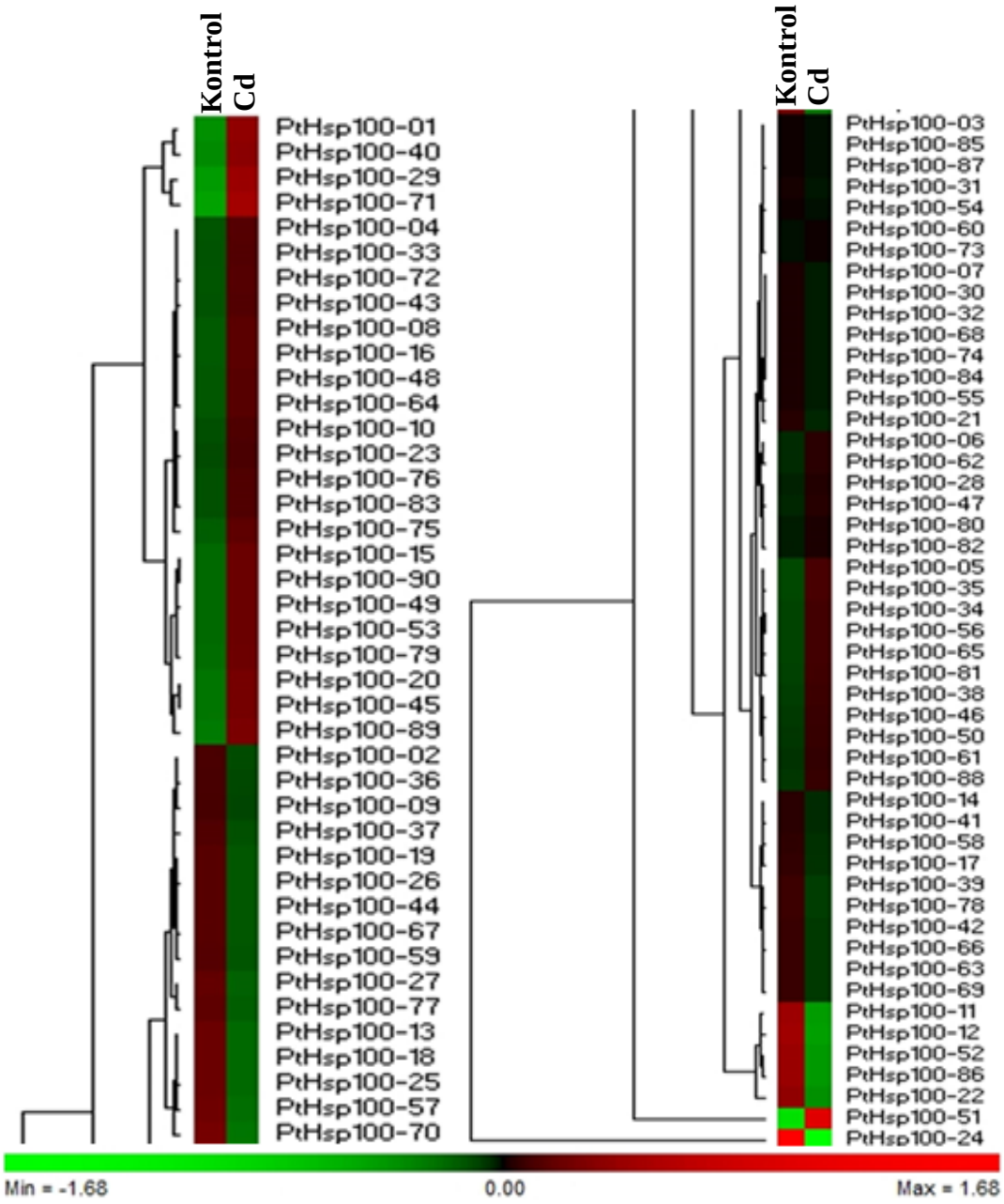
Şekil 4.43. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP018922



Şekil 4.44. *PtHsp90* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP018922

PtHsp100 genlerinde transkriptom verilerinin incelenmesi

Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak genlerin % 47'sinin stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği görülmüştür. % 38'i için stres koşullarında ifade seviyesinin azaldığı belirlenmiştir (Şekil 4.45).



Şekil 4.45. *PtHsp100* genlerinin farklı gen ifade seviyeleri-SRP018922

4.2.3.2. Kadmiyum stresi uygulaması yapılan klonlarda morfolojik değişiklikler

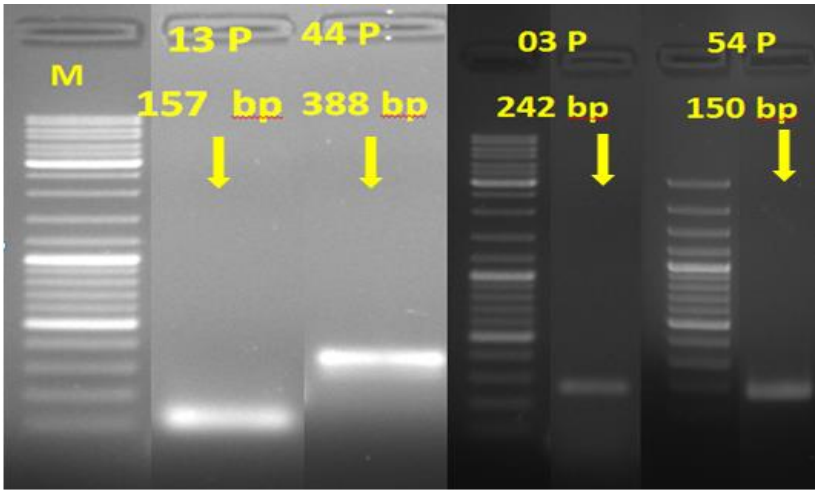
Karakavak türüne ait Geyve, N.03.368.A klonu, *Populus euramericana* Dode. Guinier- I-214, *Populus deltoides* Bartr.-Samsun I-77/51 ve Titrek kavak tür/klonları seçilerek, Tablo 4.2'de belirtilen koşullarda kadmiyum stresi uygulaması yapılmıştır. Klonların kadmiyum stresine karşı oluşturdukları cevap mekanizmaları morfolojik olarak gözlemlenmiştir. Kadmiyum stresi uygulaması sonrasında 28. gün örneklerinde yaprak dokusunun neredeyse tamamında buruşukluk, solukluk, sararma ve siyah benek oluşumları görülmüştür. Klonların kadmiyum stresinde oluşturduğu morfolojik değişikler EK 39'da saptanmıştır.

4.2.3.3. qRT-PZR deney öncesi seçilen PtHsps genlerinde sıcaklık optimizasyonu

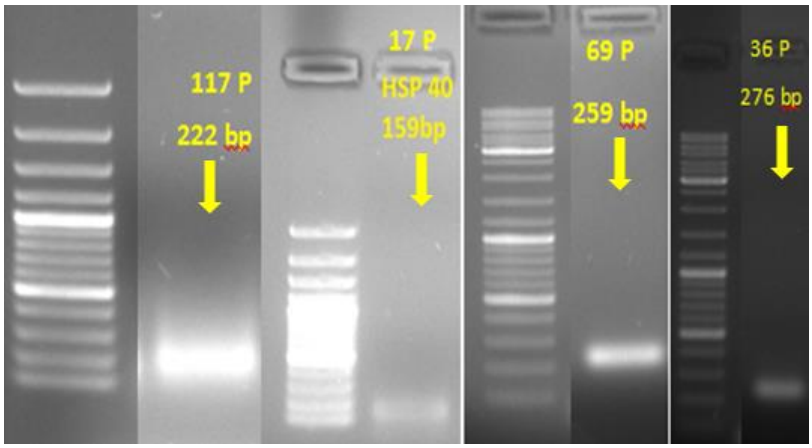
Karakavak türüne ait Geyve, N.03.368.A klonu, *Populus euramericana* Dode. Guinier-I-214, *Populus deltoides* Bartr.-Samsun I-77/51 ve Titrek kavak tür/klonlarına ait kadmiyum stres uygulaması ve kontrol gruplarının yaprak örneklerine RNA izolasyonu yapılmıştır. İzolasyon sonrasında RNA miktarlarının ve saflığının belirlenebilmesi amacıyla RNA miktarları spektrofotometrik ölçüm cihazı yardımıyla (ng/ul) ölçülmüştür. Ölçüm sonuçlarında değerlerin istenilen sınırlar içerisinde yer aldığı görülmüştür (Tablo 4.14). Primerlerin bağlanma sıcaklıklarının optimizasyonu yapılmıştır. PZR sonrası jel görüntüleri Şekil 4.46, Şekil 4.47, Şekil 4.48, Şekil 4.49, Şekil 4.50 ve Şekil 4.51'de verilmiştir.

Tablo 4.14. *Kadmiyum stresinde-RNA'ların spektrofotometrik değerleri*
Tablo 4.15.

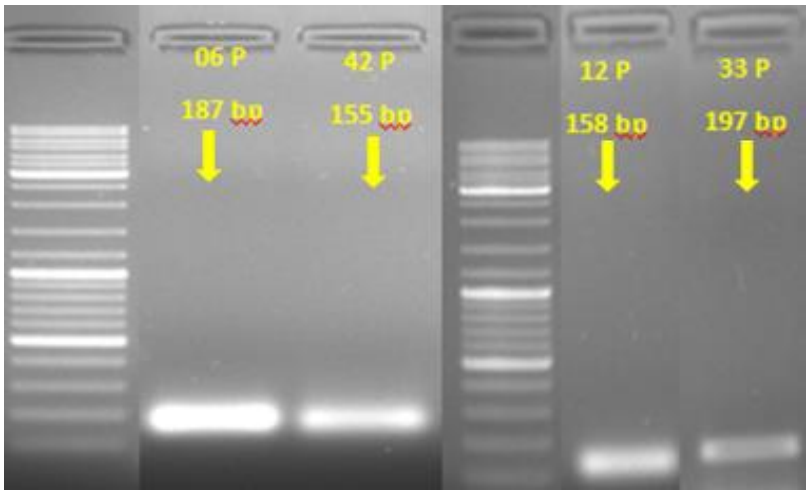
Klon No	ng/ul (ort.)	A260/A280 (ort.)
Geyve – Kontrol	1400	2,1
Geyve – 28. gün stres	1993	2,1
N.03.368 A – Kontrol	800	2,0
N.03.368 A – 28. gün stres	596	2,0
I-214 – Kontrol	1300	2,1
I-214 –28. gün stres	777	2,0
Samsun-Kontrol	644	2,1
Samsun-28. gün stres	1644	2,1
Titrek Kavak – Kontrol	1700	2,0
Titrek Kavak – 28. gün stres	1500	2,0



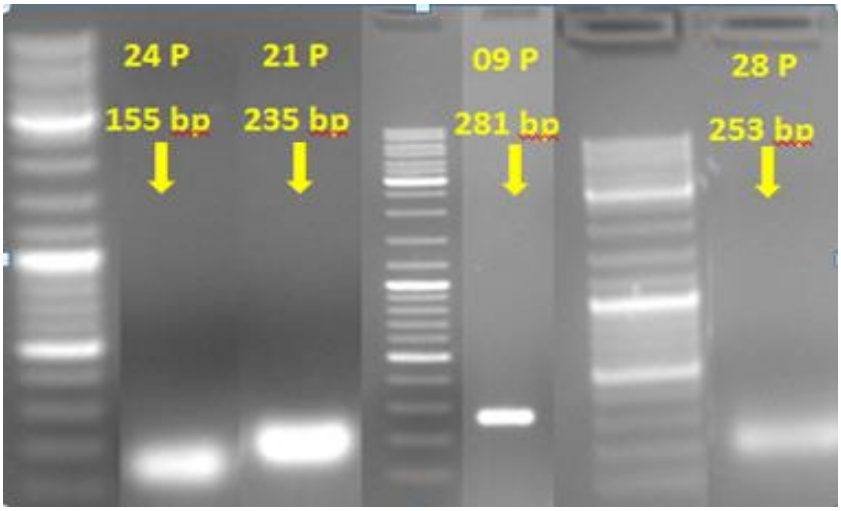
Şekil 4.46. Seçilen *PtsHsp* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



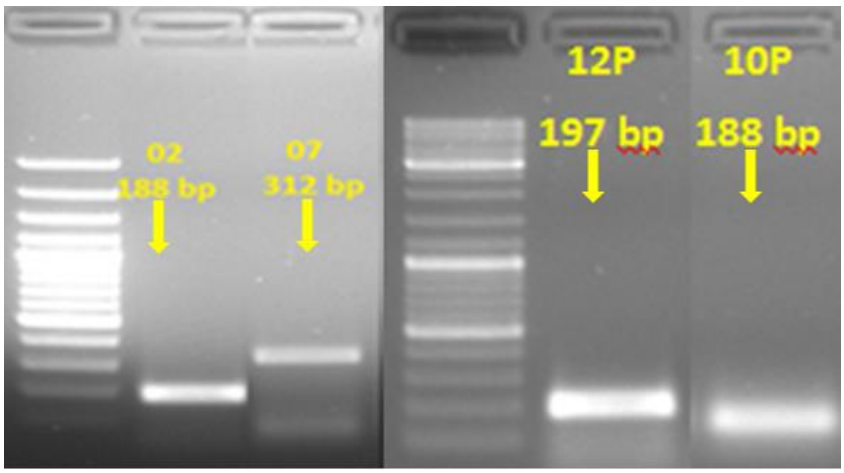
Şekil 4.47. Seçilen *PtHsp40* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



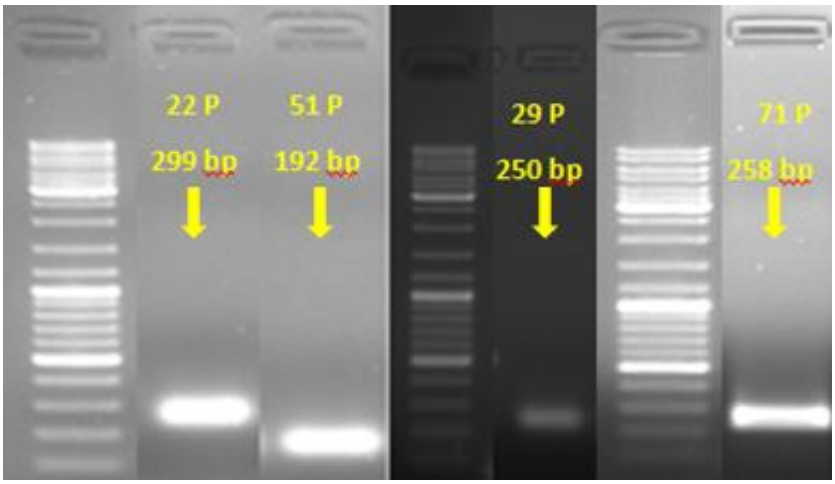
Şekil 4.48. Seçilen *PtHsp60* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



Şekil 4.49. Seçilen *PtHsp70* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



Şekil 4.50. Seçilen *PtHsp90* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü



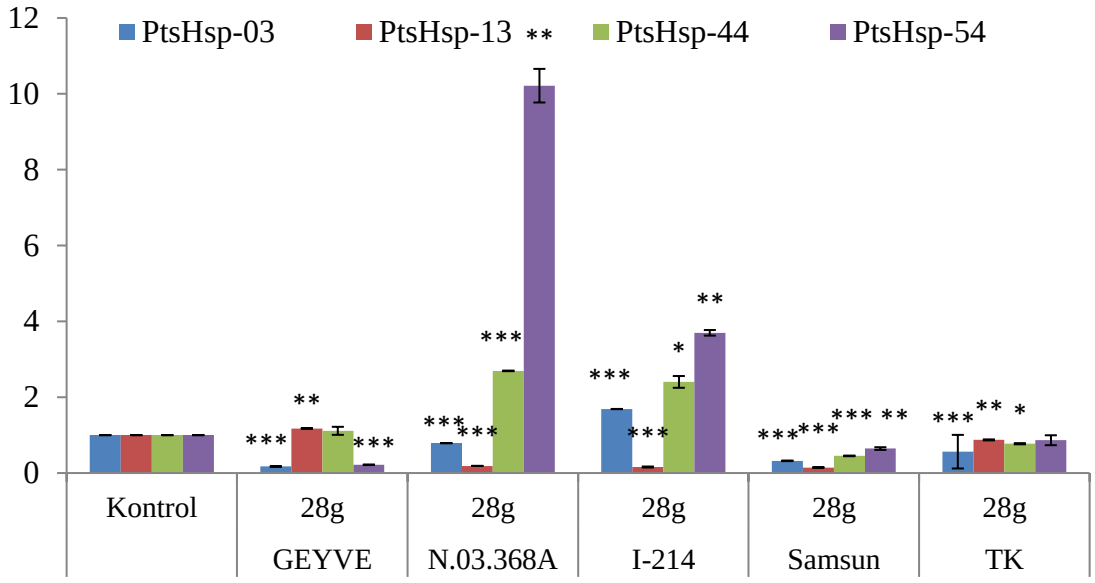
Şekil 4.51. Seçilen *PtHsp100* genlerinin kadmiyum stresine ait PZR sonrası jel görüntüsü

4.2.3.4. PtsHsp genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verileri kullanılarak seçilen *PtHsps* genlerinin kadmiyum stresine karşı cevapları qRT-PZR analizi ile belirlenmiştir (Şekil 4.52, Şekil 4.53, Şekil 4.54, Şekil 4.55, Şekil 4.56, Şekil 4.57). Toplamda 24 adet *PtsHsp* geni gen ifadesi analizi (gen ifade) için seçilmiştir. Grafiklerde gösterilen standart hatalar 3 biyolojik tekrar sonucunda elde edilmiştir. Genlere ait amplifikasyon ve erime eğrileri çizilmiştir (Ek 40).

PtsHsp genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

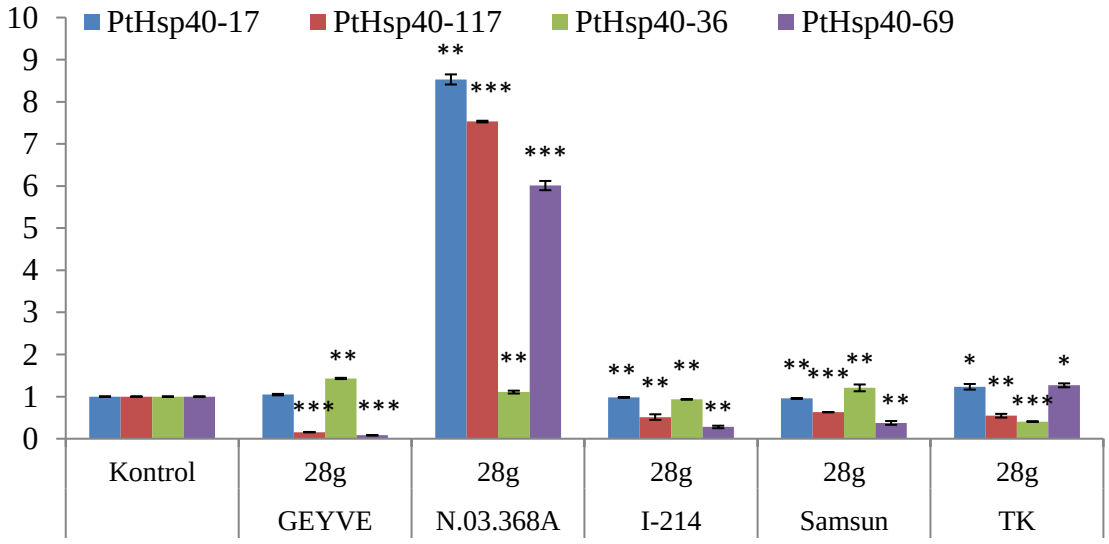
Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtsHsp-13-44* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtsHsp-03-54* genleri ise ifade seviyesi azalan grup olarak seçilmiştir. N.03.368A ve I-214 klonunda *PtsHsp-54* geninin kontrol grubuna göre stres altında ifadesinin arttığı belirlenmiştir. *PtsHsp-44* geninin ifade seviyesi bu klonlarda artış göstermiştir. Klonların kadmiyum stresine karşı hassasiyet gösterdikleri saptanmıştır (Şekil 4.52).



Şekil 4.52. Seçilen *PtsHsp* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp40 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

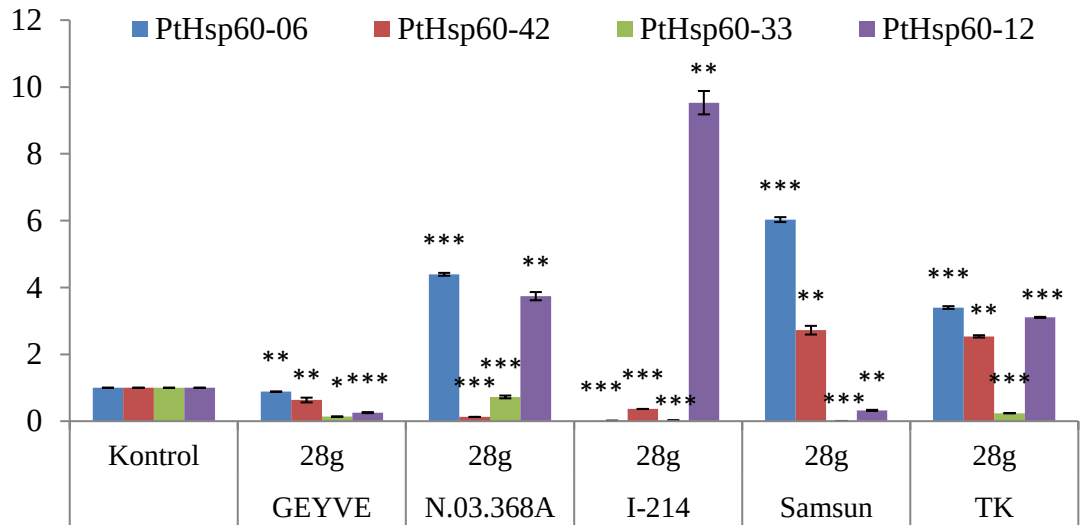
Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp40-36-117* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp40-17-69* genleri ise ifade seviyesi azalan grup olarak seçilmiştir. N.03.368A kavak klonu kadmiyum stresine cevap mekanizması geliştirmiştir. Geyve, I-214, Samsun ve Titrek kavak klonlarının strese karşı duyarlı olabileceği tespit edilmiştir (Şekil 4.53).



Şekil 4.53. Seçilen *PtHsp40* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp60 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

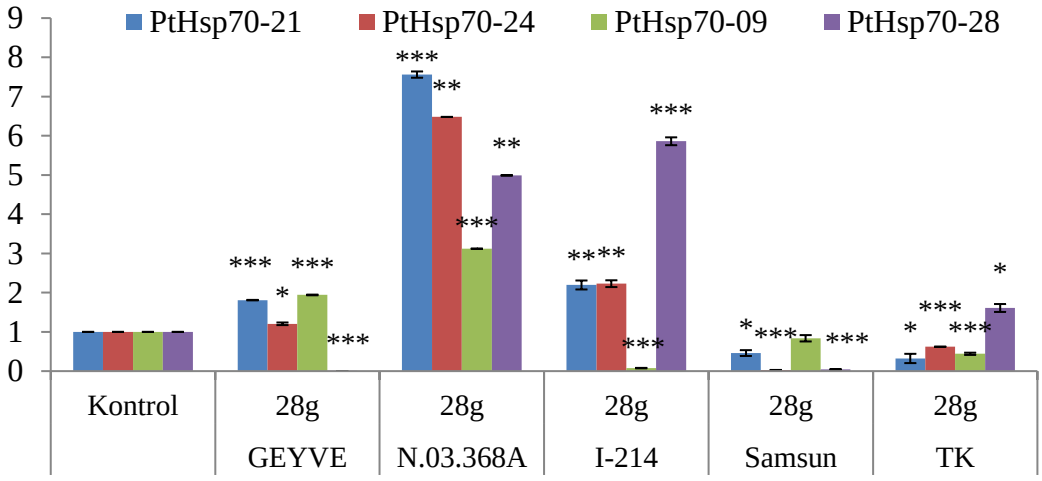
Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren PtHsp60-12-42 genleri deneysel aşama için seçilmiştir. PtHsp60-06-33 genleri ise ifade seviyesi orta derecede ifade olan grup olarak seçilmiştir. Geyve klonunun diğer klonlara göre kadmiyum stresine karşı daha duyarlı olabileceği belirlenmiştir. PtHsp60-12 geninin I-214 klonunda yüksek oranda ifade olduğu saptanmıştır. Yine N.03.368A klonu ile Titrek kavak'da ifade düzeyinin artması dikkat çekici olmuştur. *Hsp60* genlerinin strese karşı bir cevap oluşturduğu Şekil 4.54'de tespit edilmiştir.



Şekil 4.54. Seçilen *PtHsp60* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp70 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

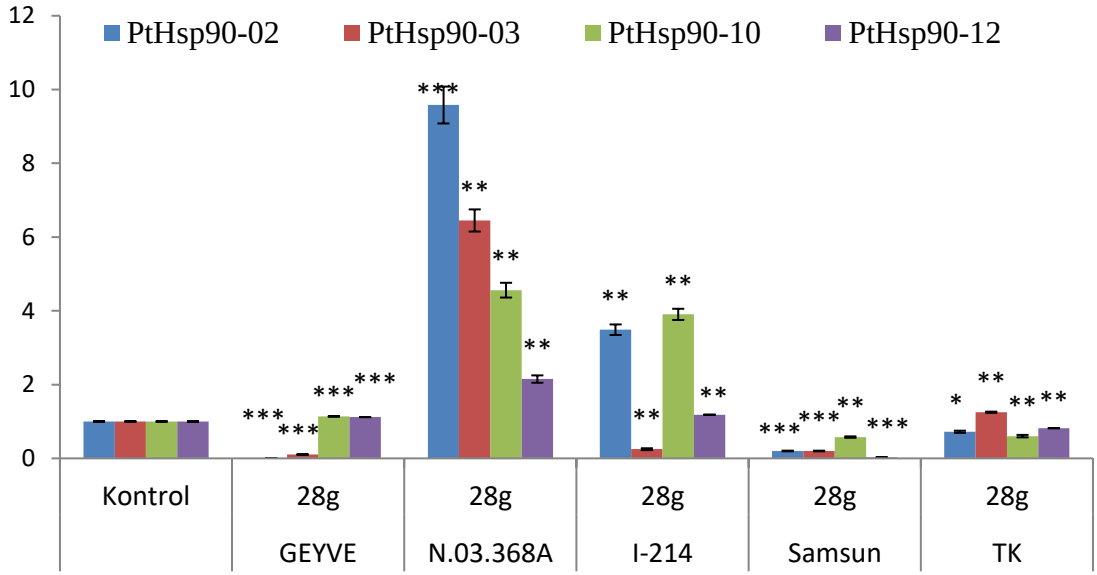
Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp70-09-21-28* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp70-24* geni ise ifade seviyesi azalan grup olarak belirlenmiştir. Seçilen *PtHsp70* genlerine ait deney sonuçları incelendiğinde; Geyve, N.03.368A ve I-214 klonları kadmiyum stres koşullarına karşı bir cevap oluşturmuştur. Samsun ve Titrek kavak klonlarının ise diğer klonlara göre hassaiyetinin yüksek olabileceği belirlenmiştir. Şekil 4.55'de *Hsp70* genlerinin ifade düzeyleri tespit edilmiştir.



Şekil 4.55. Seçilen *PtHsp70* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp90 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

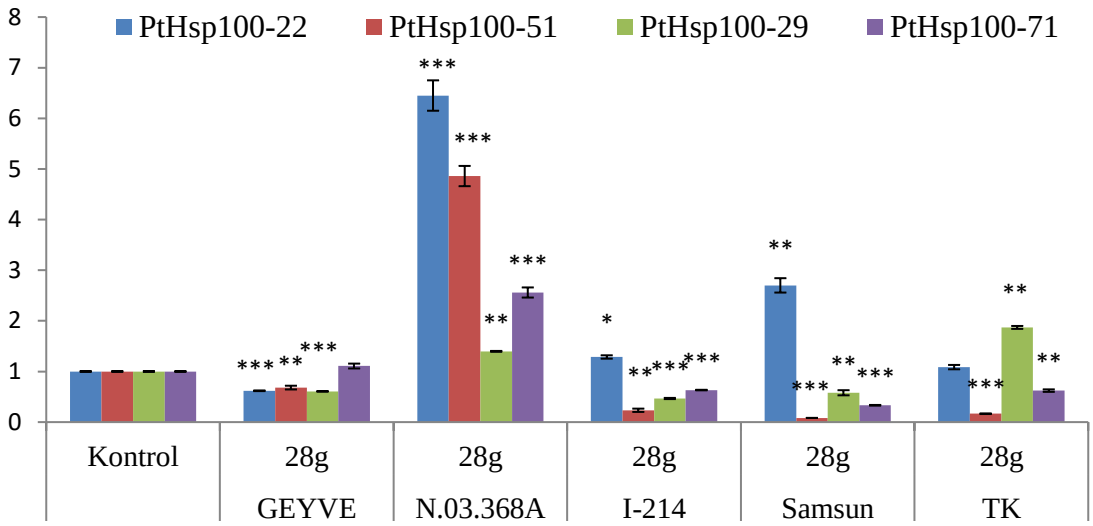
Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp90-10-12* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp90-07* geni ifade seviyesi orta derece olarak belirlenmiştir. *PtHsp90-02* geni ise ifade seviyesi azalan grup için seçilmiştir. Geyve, Samsun ve Titrek kavak klonlarının kadmiyum stresine karşı duyarlı olabileceği saptanmıştır. N.03.368A ve I-214 klonları ise strese karşı cevap oluşturmuştur. N.03.368A klonu diğer klonlara göre kadmiyum stresine karşı seçilen tüm genler için yüksek ifade olmuştur (Şekil 4.56).



Şekil 4.56. Seçilen *PtHsp90* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi

PtHsp100 genlerinin gen ifadesi (gen ifade) seviyelerinin belirlenmesi

Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp100-29-51-71* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp100-22* geni ifade seviyesi azalan grup için seçilmiştir. Fakat Şekli 4.57'de N.03.368A ve Samsun klonunda *PtHsp100-22* geninin ifade seviyesinin yüksek olduğu tespit edilmiştir. N.03.368A klonunun diğer klonlara göre kadmiyum stresine karşı seçilen tüm genler için; ifade seviyesinde artış olduğu tespit edilmiştir (Şekil 4.57).



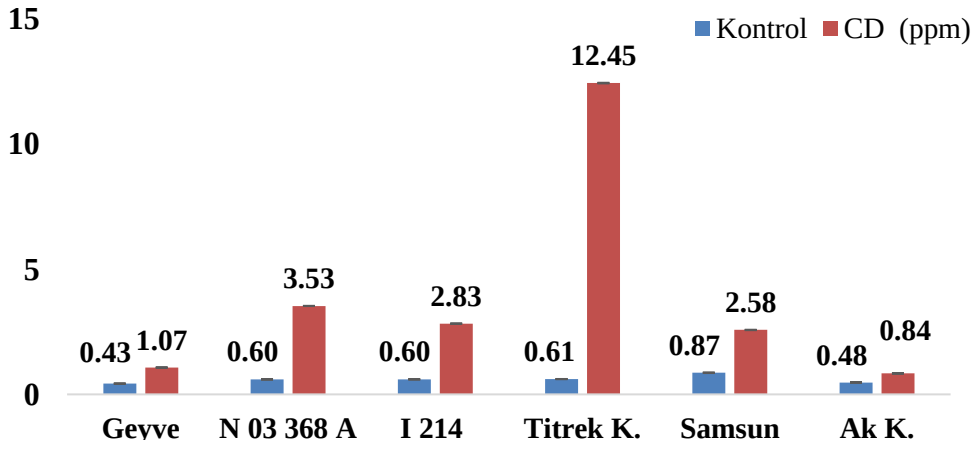
Şekil 4.57. Seçilen *PtHsp100* genlerinin kadmiyum stresi altında gen ifade seviyesi

4.2.4. Atomik Absorbsiyon Cihazı (AAS) ile Kadmiyum Birikiminin Belirlenmesi

Kavak taksonlarına ait yaprak, kök ve dal dokularında kadmiyum birikim miktarları AAS cihazı yardımıyla belirlenmiştir (Şekil 4.61).

4.2.4.1. Kavak taksonları yaprak dokusunda kadmiyum birikim miktarı

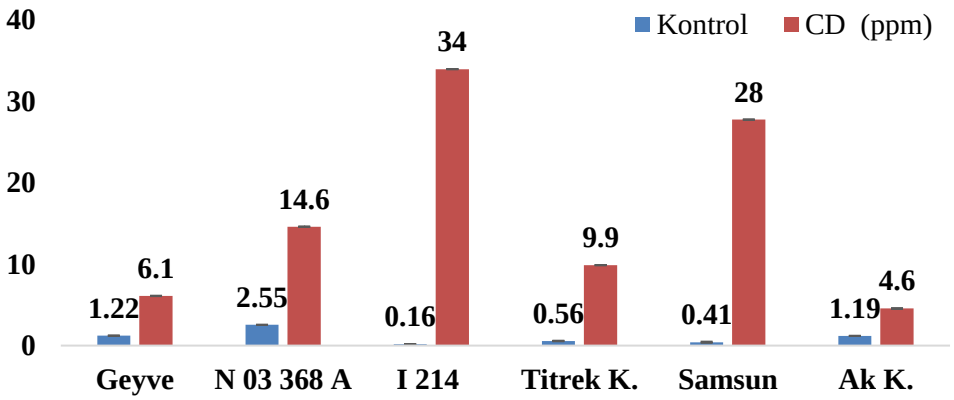
Yaprak doku örneklerinin analizleri sonucunda; kadmiyum miktarı en yüksek *Populus tremula* L.'da 12,45 ppm düzeyinde tespit edilmiştir. En az kadmiyum birikimi ise 0,84 ppm düzeyinde *Populus alba* L. kavak türünde belirlenmiştir (Şekil 4.58).



Şekil 4.58. Kavak taksonları yaprak dokusunda kadmiyum birikim miktarı

4.2.4.2. Kavak taksonları kök dokusunda kadmiyum birikim miktarı

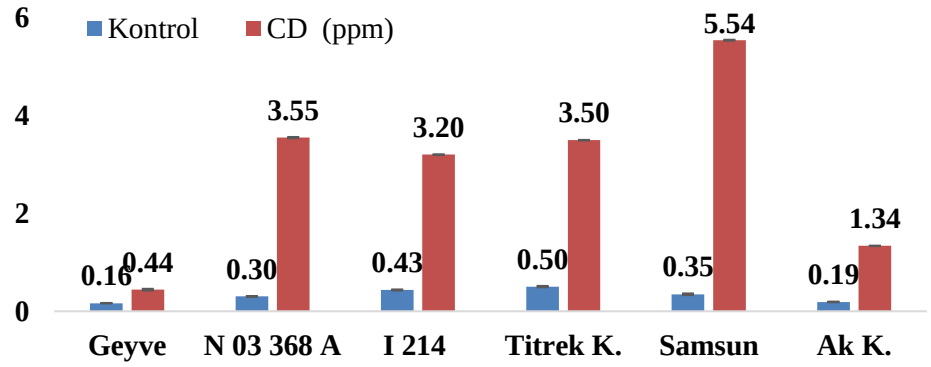
Kök doku örneklerinin analizleri sonucunda; kadmiyum miktarı en yüksek I-214'de (*Populus euramericana* Dode. Guinier / I 214) 34 ppm düzeyinde tespit edilmiştir. En az kadmiyum birikimi ise 4,6 ppm düzeyinde *Populus alba* L. türünde belirlenmiştir (Şekil 4.59).



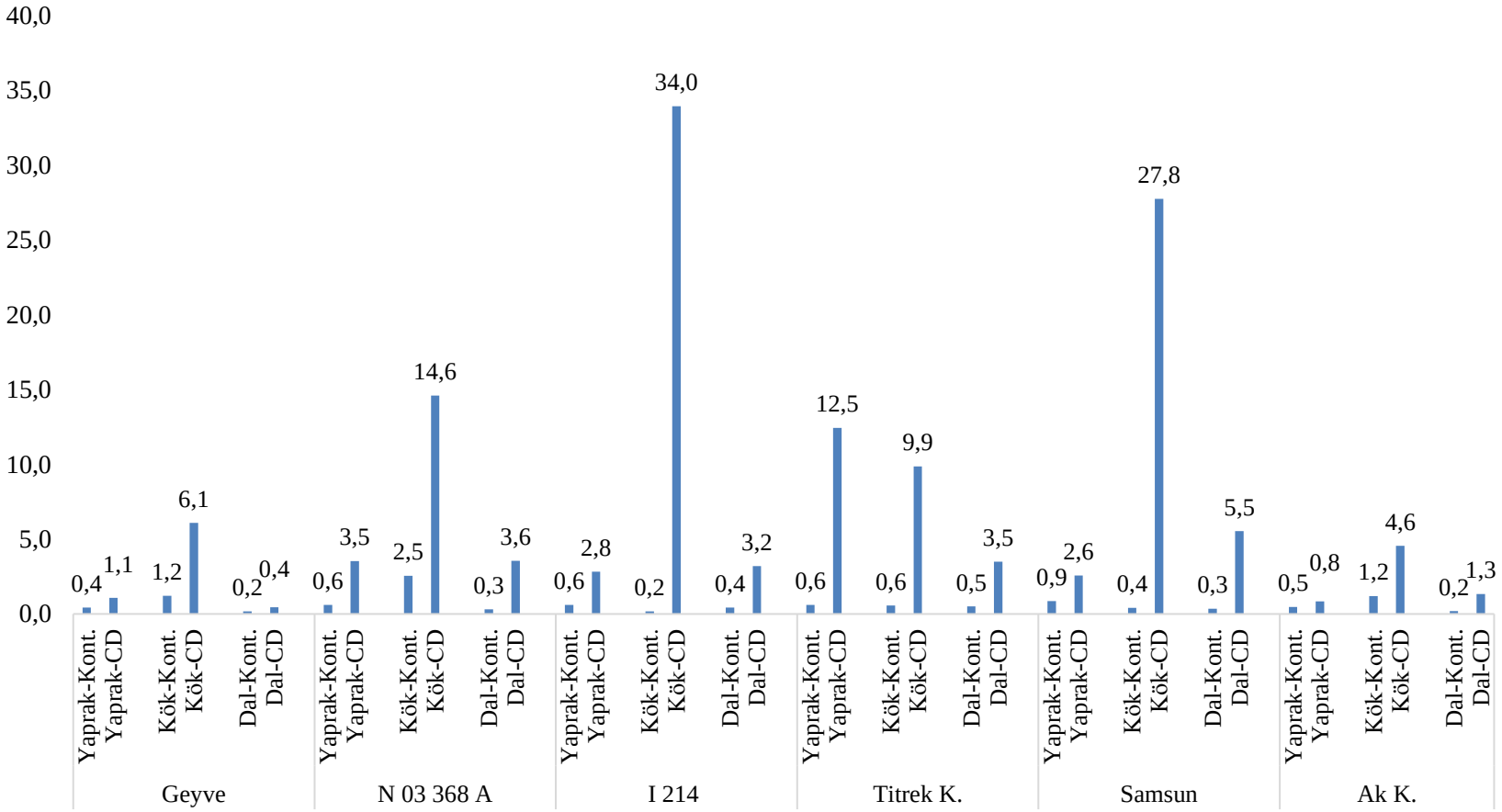
Şekil 4.59. Kavak taksonları kök dokusunda kadmiyum birikim miktarı

4.2.4.3. Kavak taksonları dal dokusunda kadmiyum birikim miktarı

Dal doku örneklerinin analizleri sonucunda; kadmiyum miktarı en yüksek *Populus deltoides* Bartr. Samsun/I-77/51) klonunda 5,54 ppm düzeyinde tespit edilmiştir. En az kadmiyum birikimi ise 0,44 ppm düzeyinde *Populus nigra* L. - Geyve kavak klonunda belirlenmiştir (Şekil 4.60).



Şekil 4.60. Kavak taksonları dal dokusunda kadmiyum birikim miktarı



Şekil 4.61. Kavak taksonlarına ait yaprak, kök ve dal dokularında kadmiyum birikim miktarları

4.3. Sonuç ve Tartışma

4.3.1. Isı Şoku Protein Genlerinin Hsps (*sHsp-Hsp40-Hsp60-Hsp70-Hsp90-Hsp100*) Abiyotik Stres Koşullarında İncelenmesi

Farklı abiyotik stres koşulları altında bitkilerin büyüme ve gelişmesinde transkripsiyon faktörleri (TF) önemli roller üstlenmektedir. Fakat, transkripsiyon faktörlerinin fonksiyonları henüz netlik kazanmış değildir (Wang vd., 2013). Trankripsiyon faktörlerinin düzenlenmesi bitkilerin abiyotik stres şartlarına uyumunu kolaylaştırmaktadır (Pandey ve Somssich, 2009). Son yıllarda araştırıcılar tarafından bitkilerdeki stresin genetik yanıtını anlamak için transkripsiyon faktörlerinin cis-düzenleyici olarak dizileri tespit edilmiştir (Wang vd., 2013).

Biyoinformatik yaklaşımlar ile de abiyotik streslere karşı direnç mekanizmasının genetik yolakları belirlenebilmektedir. Bu çalışma ile ilk olarak; açık veri arşivlerinde (SRA, Sequence Read Archive) kaydedilmiş olan okumalar; kavak türünde, Hsps proteinlerini kodlayan genlerin, abiyotik stres koşullarında (kuraklık, tuzluluk ve ağır metal) ifade seviyelerinin belirlenmesine yönelik taranmıştır. İndirilen .sra uzantılı okumalar normalize edilmiştir.

Araştırmada tanımlanan tüm *Hsps* genlerinin, bu veriler üzerinden taramaları yapılmıştır. İlgili genler belirlenip genlerin stres koşullarındaki durumlarına dair bilgi sağlanmıştır. Ayrıntılı incelemeler yapılarak biyoinformatik yöntemler ile elde edilen genler arasından stres koşullarında ifade düzeyi artanlar ve ifade seviyesi azalanlar tespit edilmiştir. İkinci kısımda ise; Biyoinformatik yöntemler ile belirlediğimiz genlerin yetiştirdiğimiz ve farklı abiyotik stresler uyguladığımız kavak klonlarında ifade düzeylerine bakılmıştır.

Kavak genomunda Hsps genlerinin ifade analizleri kavak tür/klonlarının yaprak dokuları ile gerçekleştirilmiştir. Gen ifade seviyelerinin artmış olması; tespit edilen genin (ifadesi artan gen) metabolizmayı strese karşı koruyucu bir molekül gibi davranması şeklinde değerlendirilebilir.

4.3.1.1. Kuraklık stresi altında hsp70 gen ailesi üyelerinin transkriptom analizleri ve belirlenen genlerin kavak taksonlarında gen ifade seviyeleri

Araştırıcılar tarafından kavak türüne ait yapılmış olan kuraklık stresine bağlı üç farklı transkriptom verisi (Rna-Seq) açık arşiv veri tabanından (SRA=Sekans Read Archive) indirilmiştir. İlgili okumalar biyoinformatik paket programı CLC genomik (CLC Genomic Workbench V.8) ile işlenmiştir. Elde edilen sonuçlar, tanımlanan *Hsp70* gen ailesi üyeleri kod numaraları ile karşılaştırılmıştır ve eşleştirilmiştir. Normalizasyon ve dönüşüm analizleri yapılmıştır. Oluşturulan veriler, Permutmatrix yazılım programı yardımıyla modellenmiştir. Gen gen ifadesi profilleri renk skalasına bağlı kalınarak hiyerarşik kümeleme haritası ile sentezlenmiştir.

İlk transkriptom verisi ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Cossu vd. (2014) *Populus deltoides* (L155-079, female) ve *Populus nigra*'da (71077-2-308, male) Illumina sekans (dizi) okuma tekniği ile elde ettikleri moleküler cevapları iki farklı kuraklık stres derecesinde (K: kontrol; D1: orta dereceli stres; D2: uzun süreli stres) tespit etmişlerdir. Stres uygulaması sonrasında *PtHsp70* genlerinden-01, 02, 03, 05, 06, 20, 21 için ifade seviyesinin en az bir stres grubunda arttığı görülmüştür. Bu araştırmada PtHsp70-03 ve 20 genlerinin qRT-PZR sonuçları incelendiğinde; stres koşullarında ifade seviyelerinin azaldığı tespit edilmiştir. Cossu vd. (2014) ise bu genlerin (PtHsp70-03 ve 20) uzun süreli stres koşullarında ifadesinin yüksek olduğunu saptamışlardır. Bu durum, genlerin moleküler düzeyde işlev kazanmasının daha ağır stres koşulları altında gerçekleşebileceği ile ilişkilendirilebilir. Aynı çalışmada belirlenen PtHsp70-25-26 ve 33 genlerinin ise orta dereceli stres koşullarında ifade düzeylerinde bir artış olduğu, uzun süreli stres koşullarında genlerin baskılandığı görülmüştür. Bu çalışmada seçilen genlerin PtHsp70-25-26 ve 33 dayanıklı kavak klonunda (*Populus nigra – N.62.191*) kuraklık stresi koşullarında yüksek seviyede ifade olduğu belirlenmiştir. PtHsp70-16 geni, Cossu vd. (2014) yaptıkları çalışmadan farklı olarak, bizim çalışmamızda her iki kavak klonu için (*Populus nigra*: dayanıklı=N.62.191, hassas=N.03.368.A) kuraklık stresinde artış göstermiştir.

İkinci transkriptom verisi ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

*Populus trichocarpa'*da kuraklık stresi için yapılan RNA-Seq verileri işlenmiştir (Tang vd., 2014). Sonuç olarak; PtHsp70-03, 04, 07, 10, 16, 20, 21, 32, 33 genlerinin stres şartlarında uyarıldığı görülmüştür. Cossu vd. (2014)'nin farklı dokulardan elde ettiği sonuçlar ile karşılaştırma yapıldığında; PtHsp70-03, 20, 21 genlerinin stres koşullarında arttığı her üç kavak türü için [*Populus deltoides* (L155-079, female), *Populus nigra* (71077-2-308, male) ve *Populus trichocarpa* (leaf)] tespit edilmiştir. Yürütülen bu araştırmada ise PtHsp70-03, 04, 10 ve 20 için Hsp70 genlerinin ifade düzeylerinin strese bağlı azaldığı saptanmıştır. Fakat Tang vd. (2014) yaptığı analizde benzer sonuçlar PtHsp70-16 ve 33 genlerinin ifade düzeylerindeki artış ile uyuşmaktadır.

Üçüncü transkriptom verisi ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Tang vd. (2013) *Populus euphratica*'da kuraklık stresini incelemişlerdir. Bu veriler ile tanımlanan *Hsp70* genleri karşılaştırıldığında; PtHsp70-12, 23 ve 26 genlerinin kuraklık stresine bağlı olarak ifadesinin arttığı belirlenmiştir. Sonuçlar bu tez çalışması ile tespit edilen PtHsp70-26 geni ile benzerlik göstermiştir. Ayrıca, Tang vd. (2014) PtHsp70-24 geninin stres koşullarında baskılandığını tespit etmişlerdir. Bu gen için çalışmamızda aynı sonuçlar elde edilmiştir.

Genel Değerlendirme

İncelemenen üç farklı transkriptom verisi ve deney sonuçları için; Kavak genomu içerisinde Hsp70 gen ailesinde tanımlanan genlerin kuraklık stres koşullarına cevap mekanizmasının; uygulanan stres şiddetine, periyotlarına ve izole edilen doku farklılıklarına bağlı olarak değişkenlik gösterdiği öngörülmektedir. Genel olarak ise qRT – PZR sonuçları ile RNA-Seq sonuçları uyum göstermiştir. Tanımlanan PtHsp70-26 ve 33 genlerinin stres koşullarında hücresel düzeyde görevli oldukları ve dokuyu strese karşı korudukları ifade edilebilir. Ayrıca, *PtHsp70-26* geni deneysel çalışma için seçilen hassas ve dayanıklı kavak klonlarında ifade seviyesi artmıştır. Ye vd. (2011)

çalışmalarında PtHsp70-26 gen dizisi ile %93 benzerlik gösteren *OsHsp71.18* nolu dizi için (LOC_Os11g47760 kodlu dizi) çeltik (*Oryza sativa)* bitkisi faklı dokularında ve farklı abiyotik streslerde ifade seviyesinin arttığı belirlenmişlerdir. Jung, Gho, Nguyen, Kim ve An (2013) ise; tuz ve kuraklık streslerinde ifadesi artan, (Os05g38530, Os01g62290, Os03g16920 ve Os03g16860 olarak tanımlı) OsctHsp70 genlerinin bu araştırma kapsamında belirlenen *PtHsp70-16* ve *26* genleri için aynı sonuçları verdiği saptanmıştır. Bu nedenle; özellikle *PtHsp70-16 ve 26* geninin kuraklık stresine cevapta kilit bir rol üstlendiği ifade edilebilir. *PtHsp70-25* ve *33* genleri ise kuraklık stresine karşı hassas klonda düşük regülasyon, dayanıklı klonda ise indüklenmiştir. Bu durum, genlerin kuraklık stresine uyumu ile ilişkilendirilebilir. Tez çalışmasında PtHsp70-33 geninin tuzluluk stresi koşullarında; Geyve, N. 03.368A, I-214 ve Samsun kavak klonlarında analizleri yapılmıştır. Sonuç olarak; *PtHsp70-33* geninin kavak klonlarına uygulanan farklı stres koşullarında yüksek seviyede ifade olduğu ve bitkiyi strese karşı koruyucu bir rol üstelendiği söylenebilir. *PtHsp70-04-17 ve 24* nolu genler için ise stres koşullarında baskı altında olduğu strese karşı koruyucu bir rol almadığı söylenebilir. *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesiları kuraklık stresine cevap oluşturmaktadır. Kuraklık stresi altında *PtHsp70* genlerinin farklı gen ifadesi seviyeleri göstermesi, su kaybı sırasında bazı genlerin farklı şekilde düzenlenebildiğine vurgu yapmaktadır. Yapılan abiyotik ve biyotik stres çalışmalarında benzer sonuçlar rapor edilmiştir (Neill vd., 1999; Cho ve Choi, 2009; Song vd., 2009; Cohen vd., 2010).

4.3.1.2. Tuzluluk stresi altında hsps gen ailesi üyelerinin transkriptom analizleri ve belirlenen genlerin kavak taksonlarında gen ifade seviyeleri

Kavak türüne ait araştırıcılar tarafından yapılmış olan tuzluluk stresine bağlı üç farklı transkriptom verisi (RNA-Seq) açık arşiv veri tabanından (SRA=Sekans Read Archive) indirilmiştir. İlgili okumalar biyoinformatik paket programı CLC genomik (CLC Genomic Workbench) ile işlenmiştir. Elde edilen sonuçlar tanımlanan tüm *Hsps* gen ailesi üyeleri kod numaraları ile karşılaştırılmış ve eşleştirilmiştir. Normalizasyon ve dönüşüm analizleri yapılmıştır. Oluşturulan veriler Permutmatrix yazılım programı

yardımıyla modellenmiştir. Gen gen ifadesi profilleri renk skalasına bağlı kalınarak hiyerarşik kümeleme haritası ile sentezlenmiştir.

PtsHsp genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Lanzhou üniversitesi tarafından *Populus euphratica*'nin farklı dokularına uygulanan kısa ve uzun süreli tuzluluk stresi transkriptom verileri açık arşiv veri bankasından indirilmiştir (Li vd., 2013). PtsHsp-11, 14, 21, 28, 48, 49, 54 ve 59 genlerinin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği saptanmıştır. Çalışmanın deneysel qRT-PZR sonuçlarında da seçilen kavak klonlarında PtsHsp-11 ve 21'nin ifade seviyeleri özellikle 14.gün stres (kısa dönem) örneklerinde artış göstermiştir. PtsHsp-17 geni incelenen tüm kavak klonlarında 28.gün stres örneklerinde (uzun dönem) artış göstermektedir. Bu genin transkriptom verisi sonuçları incelendiğinde; uzun dönem stres uygulamasında ifade seviyesi arttığı görülmüştür. Deney sonuçlarımız ile benzerlik tespit edilmiştir. Zhang vd. (2014) *Populus pruinosa* ilk sürgünlerine uyguladıkları 200 mM NaCl tuzluluk stresinde 0-6-12-24-48 ve 72 saatlerde örnek almışlardır. Bu çalışmaya ait transkriptom verileri incelendiğinde; PtsHsp-03, 13, 38, 39, 40 ve 50 genlerinin stres uygulaması sonrasında uyarıldığı tespit edilmiştir. Çalışmamız sonucunda da PtsHsp-38 geninin I-214 klonu haricinde diğer kavak klonlarında ifade seviyesinin arttığı tespit edilmiştir. Ma vd. (2013) *Populus euphratica*'da 200 mM NaCI tuzluluk uygulaması sonrasında yaprak, kök ve çeşitli dokularından 0-6-12-24 ve 48. saatlerde örnek toplamıştır. PtsHsp-11 ve 20 genlerinin tuzluluk stresine karşı cevap mekanizması geliştirdiği tespit edilmiştir. Çalışmamızda ifade seviyesi araştırılan PtsHsp-11 geninin benzer şekilde tuzluluk stresinde ifadesinin yüksek olduğu belirlenmiştir. Samsun klonu için; tuzluluk stresi altında, sHsp genlerinin ifade seviyelerinin arttığı ve bu klonun tuzluluk stresine uyum sağladığı tespit edilmiştir. Ayrıca; Geyve, I-214 ve Samsun klonlarında, kısa süreli stres uygulamasında (14.gün), sHsp genlerinin stres regülasyonunda önemli bir rol oynadığı belirlenmiştir. Hem transkriptom verisi sonuçları hem de faklı klonlarda uygulanan tuzluluk qRT-PZR sonuçları değerlendirildiğinde; PtsHsp-11 geninin stres cevabında kilit rol taşıdığı saptanmıştır. Gonzalez-Schain vd. (2015) çeltik bitkisine

uyguladıkları ısı stresi sonrasında PtsHsp-11 geni ile benzer diziler içeren LOC_Os02g52150 numaralı Os/sHsp geninin de stres koşullarında bu çalışmada belirlendiği gibi artığı tespit edilmiştir.

PtHsp40 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Populus euphratica'nin farklı dokularına uygulanan kısa ve uzun süreli tuzluluk stresi transkriptom verileri açık arşiv veri bankasından indirilmiştir (Li vd., 2013). Genlerinin yaklaşık %20'sinin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği saptanmıştır. Kavak klonlarının deneysel analizinde (qRT-PZR) *PtHsp40-97, 105, 113* ve 117 genlerinin transkriptom verisi analizinde olduğu gibi stres koşullarında ifadesinin arttığı tespit edilmiştir. Zhang vd. (2014) *Populus pruinosa* ilk sürgünlerine uyguladıkları 200 mM NaCI tuzluluk stresinde 0-6-12-24-48 ve 72 saatlerde örnek almışlardır. Bu çalışmaya ait transkriptom verileri incelendiğinde genlerinin %22'sinin stres uygulaması sonrasında uyarıldığı tespit edilmiştir. Çalışmamız sonucunda da belirlediğimiz *PtHsp40-97, 105, 113* ve 117 genlerinin kavak klonlarında ifade seviyesinin arttığı tespit edilmiştir. Ma vd. (2013) *Populus euphratica*'da 200 mM NaCI tuzluluk uygulaması sonrasında yaprak, kök ve çeşitli dokularından 0-6-12-24 ve 48. saatlerde örnek almışlardır. *PtHsp40-9, 27, 54, 92, 117* ve *120* genlerinin tuzluluk stresine karşı cevap mekanizması geliştirdiğini tespit etmişlerdir.

Çalışmamızda *Populus nigra* klonlarının (Geyve ve N.03.368A) uzun dönem tuzluluk stresinde, *PtHsp40-117* geni için karakterize olduğu tespit edilmiştir. Melez kavak klonu I-214'de ise kısa dönem stres koşullarında uyarıldığı, uzun dönem stres altında genin baskılandığı saptanmıştır. Genel anlamda *PtHsp40-117* geni tuzluluk stresi altında yüksek seviyede ifade olmuştur. Bu genin dizileri buğday bitkisinde (*Triticum aestivum* L.) Triplet 2969 kodlu gen ile; yine *Arabidopsis thaliana*'da ortologu olan AT2G42750.1 nolu gen dizisi ile ilgili yapılan çalışma sonuçlarında; benzer şekilde stres koşullarında yüksek seviyede ifade olmuştur (Li, vd., 2015). Bu durum PtHsp40-117 geninin, tuz stresine cevap mekanizmasında kilit bir rol üstlendiğini

kanıtlamaktadır. Ayrıca; *PtHsp40-113* geni de tüm klonlar ve farklı stres uygulama periyotlarında etkin rol üstlenmiştir. Bu genin farklı organizmalarda ortologu olan AT2G22360 (*Arabidopsis thaliana*), Sb07g000660 (*Sorghum bicolor L.*), Pgl-GLEAN10030863 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os05g26926 (*Oryza sativa* L.) numaralı genlerin de farklı abiyotik stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı çalışmalarda tespit edilmiştir (Zhichang et al., 2010; Ghatak vd., 2016).

PtHsp60 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Populus euphratica'nin farklı dokularına uygulanan kısa ve uzun süreli tuzluluk stresi transkriptom verileri açık arşiv veri bankasından indirilmiştir (Li vd., 2013). Bu çalışmaya ait transkriptom verileri incelendiğinde genlerinin % 35 oranında stres uygulaması sonrasında uyarıldığı tespit edilmiştir. Kavak klonlarının deneysel analizinde (qRT-PZR) *PtHsp60-31, 33, 38* ve 49 genlerinin transkriptom verisi analizinde olduğu gibi stres koşullarında ifadesinin arttığı tespit edilmiştir. Zhang vd. (2014) *Populus pruinosa* Schrenk. ilk sürgünlerine uyguladıkları 200 mM NaCI tuzluluk stresinde 0-6-12-24-48 ve 72 saatlerde örnek almışlardır. Bu çalışmaya ait transkriptom verileri incelendiğinde ise; genlerin %55 oranında stres uygulaması sonrasında uyarıldığı tespit edilmiştir. Çalışmamız sonucunda da genlerinin kavak klonlarında ifade seviyesinin arttığı tespit edilmiştir. Ma vd. (2013) *Populus euphratica*'da 200 mM NaCI tuzluluk uygulaması sonrasında yaprak, kök ve çeşitli dokularından 0-6-12-24 ve 48. saatlerde örnek almışlardır. PtHsp60-05, 06, 09, 15, 16, 22, 23, 24, 25, 31, 39 ve 47 genlerinin tuzluluk stresine karşı cevap mekanizması geliştirdiğini tespit etmişlerdir.

Seçtiğimiz *PtHsp60-31, 33, 38* ve *49* genlerinin *Populus nigra* L.'nın iki klonunda Geyve ve N. 03.368 A ve melez kavak olan I-214 (*Populus euramericana* Dode. Guinier) ve Samsun (*Populus deltoides* Bartr. Samsun (I-77/51) klonlarında tuzluluk stresi altında etken rolleri araştırılmıştır. Genlerin tüm klonlarda 28. gün (uzun dönem) stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir. Uzun süreli stres koşullarında *Hsp60* genlerinin strese karşı koruyucu bir fonksiyon oluşturduğu

saptanmıştır. *PtHsp60-33*'ün ortologu olan AT1G55490 (*Arabidopsis thaliana*) numaralı genin de tuzluluk stresi altında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir (Taji vd., 2004). Bu sonuç *PtHsp60-33* geninin tuzluluk stres cevabında rol aldığını kanıtlamaktadır.

PtHsp70 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Populus euphratica'nin farklı dokularına uygulanan kısa ve uzun süreli tuzluluk stresi transkriptom verileri açık arşiv veri bankasından indirilmiştir (Li vd., 2013). Genlerin %52'sinin tuzluluk stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı görülmüştür.

Çalışmamızda seçtiğimiz *PtHsp70-12, 25 ve 33* genleri transkriptom verilerine bağlı incelendiğinde stres koşullarında ifade seviyeleri artmıştır. Zhang vd. (2014) *Populus pruinosa* Schrenk. ilk sürgünlerine uyguladıkları 200 mM NaCI tuzluluk stresinde 0-6-12-24-48 ve 72 saatlerde örnek almışlardır. Genlerin %55'inin tuzluluk stresine karşı cevap mekanizması geliştirdiğini tespit etmişlerdir. Çalışmamız sonucunda da *PtHsp70-12, 25 ve 33* genlerinin kavak klonlarında ifade seviyesinin arttığı tespit edilmiştir.

Ma vd. (2013) *Populus euphratica*'da 200 mM NaCI tuzluluk uygulaması sonrasında yaprak, kök ve çeşitli dokularından 0-6-12-24 ve 48. saatlerde örnek almışlardır. Bu çalışmaya ait transkriptom verileri incelendiğinde *PtHsp70-3, 4, 9, 11, 12, 16, 17, 25, 32 ve 33* (%29'unun) genlerinin stres uygulaması sonrasında uyarıldığı tespit edilmiştir.

Seçilen *PtHsp70-09, 12, 25 ve 33* genlerinin tuzluluk stresine karşı Samsun klonunda ifade olmadığı saptanmıştır. Tüm kavak klonları için *PtHsp70-12, 25 ve 33* genlerinin qRT-PZR profilleri transkriptom verisi sonuçları ile benzerlik göstermektedir. *PtHsp70-33* geninin farklı organizmalarda ortologu olan AT4G16660 (*Arabidopsis thaliana*), Sb04g030160 (*Sorghum bicolor* L.), Pgl_Glean_10006025 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os02g48110 (*Oryza sativa* L.) numaralı genlerin farklı abiyotik

stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir (Ghatak vd., 2016). Bu genin stres koşullarında hücresel düzeyde görevli olduğu ve dokuyu strese karşı koruduğu ile ilişkilendirilebilir.

PtHsp90 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Populus euphratica'nin farklı dokularına uygulanan kısa ve uzun süreli tuzluluk stresi transkriptom verileri açık arşiv veri bankasından indirilmiştir (Li vd., 2013). *PtHsp-90-01, 06, 07, 08, 09, 11* ve *12* tuzluluk stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı görülmüştür. Çalışmamız qRT-PZR sonuçları dikkate alındığında kavak klonlarında *PtHsp90-02, 07, 09* ve *12* genlerinin ifade seviyeleri transkriptom verileri ile benzer şekilde artmıştır. Zhang vd. (2014) *Populus pruinosa* Schrenk. ilk sürgünlerine uyguladıkları 200 mM NaCI tuzluluk stresinde 0-6-12-24-48 ve 72 saatlerde örnek almışlardır. Transkriptom sonucuna göre *PtHsp90-01, 02, 03, 06, 07, 08, 09* ve *10* genlerinin tuzluluk stresine karşı cevap mekanizması geliştirdiğini tespit etmişlerdir.

Çalışmamız sonucunda da *PtHsp90-02, 09* ve *12* genlerinin kavak klonlarında ifade seviyesinin arttığı tespit edilmiştir. Ma vd. (2013) *Populus euphratica*'da 200 mM NaCI tuzluluk uygulaması sonrasında yaprak, kök ve çeşitli dokularından 0-6-12-24 ve 48. saatlerde örnek almışlardır. Bu çalışmaya ait transkriptom verileri incelendiğinde *PtHsp90-02, 06, 08, 09, 10, 11* ve *12* genlerinin stres uygulaması sonrasında uyarıldığı tespit edilmiştir.

Geyve, N. 03. 368 A ve I-214 klonunda *PtHsp90-02, 07, 09* ve *12* genlerinin kısa ve uzun dönem tuzluluk stres uygulamasında bitkiyi strese karşı korumada etken rol üstlendiği söylenebilir. *PtHsp90-12* geninin %81 eşleşme ile ortologu olan AT5G56000 kodlu *Arabidopsis thaliana* bitkisinde genin kuraklık stresinde ifade seviyesinin arttığı görülmüştür (Hasegawa vd., 2006).

Çalışmamızda Samsun klonu için *PtHsp90-12* geni; diğer genlerden farklı olarak dikkat çekici bir şekilde strese karşı koruyucu bir rol üstlenmiştir. Transkriptom verisi

sonuçları ile deney sonuçları karşılaştırıldığında *PtHsp90-09* geninin tuz stresine karşı cevapta önemli olduğu saptanmıştır. *PtHsp90-09* geninin ortologu olan At2g04030 (*Arabidopsis thaliana*) numaralı genin de tuzluluk stresi altında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir (Taji vd., 2004). Ye vd. (2011) çalışmalarında *PtHsp90-09* gen dizisi ile %82 benzerlik gösteren OsHsp85.88 nolu dizi için (LOC_Os08g38086.1 kodlu dizi) çeltik (*Oryza sativa* L.) bitkisi faklı dokularında ve farklı abiyotik streslerde ifade seviyesinin arttığını belirlemişlerdir. Bu sonuçlar *PtHsp90-09* geninin tuzluluk stres cevabında rol oynadığını kanıtlamaktadır.

PtHsp100 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Populus euphratica'nin farklı dokularına uygulanan kısa ve uzun süreli tuzluluk stresi transkriptom verileri açık arşiv veri bankasından indirilmiştir (Li vd., 2013). *PtHsp100* genlerinin yaklaşık %38'inin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği görülmüştür. Zhang vd. (2014) *Populus pruinosa* Schrenk. ilk sürgünlerine uyguladıkları 200 mM NaCI tuzluluk stresinde 0-6-12-24-48 ve 72 saatlerde örnek almışlardır. Bu çalışmaya ait transkriptom verileri incelendiğinde genlerinin % 48'inin stres uygulaması sonrasında uyarıldığı tespit edilmiştir.

Ma vd. (2013) Populus euphratica'da 200 mM NaCI tuzluluk uygulaması sonrasında yaprak, kök ve çeşitli dokularından 0-6-12-24 ve 48. saatlerde örnek almışlardır. Transkriptom sonuçları incelendiğinde *PtHsp100-13, 21, 22, 33, 42, 78, 75* ve *80* genlerinin tuzluluk stresinin 6. saat örneklerinde (en erken dönem stres uygulaması) ifade düzeylerinin arttığını, *PtHsp100-02, 06, 08, 23, 26, 34, 38, 48, 53, 63, 66* ve *81* genlerinin ise 12., 24., ve 48. saat örneklerinde uyarıldığını saptanmışlardır. Bu genlerin tuzluluk stresine karşı cevap mekanizması geliştirdiği söylenebilir.

Çalışmamızda qRT-PZR yöntemi ile ifade seviyelerini incelediğimiz *PtHsp100-06, 11, 21, 32, 75* ve *80* genlerinin özellikle Geyve, N.03.368. A ve I-214 klonlarında yüksek ifade olduğu tespit edilmiştir. Bu klonlar için *Hsp100* genlerinin tuzluluk

stresine karşı koruyucu bir rol üstlendiği söylenebilir. qRT-PZR analizi sonuçlarına göre Samsun klonunun ise tuzluluk stresine karşı duyarlı olduğu düşünülebilir.

PtHsp100-75 geninin tüm stres periyotlarında ve farklı kavak taksonlarında yüksek ifade olduğu görülmüştür. Bu genin farklı organizmalarda ortologu olan AT5G50920 (*Arabidopsis thaliana*), Sb08g007750 (*Sorghum bicolor* L.), Pgl_GLEAN_10032990 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os12g12850 (*Oryza sativa* L.) numaralı genler için de; ısı ve kuraklık stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir (Ghatak vd., 2016).

Genel Değerlendirme

İncelemede bulunduğumuz üç farklı transkriptom verisi ve deney sonuçları için; Kavak genomu içerisinde *Hsps* gen ailesinde tanımlanan gen dizilerinin tuzluluk stres koşullarına cevap mekanizmasının; uygulanan farklı stres periyotlarına ve izole edilen doku farklılıklarına bağlı olarak değişkenlik gösterebileceği öngörülmektedir. Genel olarak ise qRT–PZR sonuçları ile RNA-Seq sonuçları uyum göstermiştir. *Hsps* genlerinin tuzluluk stresine verdiği değişik cevaplar genotipik varyasyonun sonucu olduğu çalışmamızda ortaya çıkarılmıştır. sHsp genlerinin stres regülasyonunda önemli bir rol oynadığı belirlenmiştir. Hem transkriptom verisi sonuçları hem de farklı klonlarda uygulanan tuzluluk qRT-PZR sonuçları değerlendirildiğinde; *PtsHsp-11* geninin stres cevabında kilit rol taşıdığı saptanmıştır. Gonzalez-Schain vd. (2015) Çeltik bitkisine uyguladıkları ısı stresi sonrasında *PtsHsp-11* geni ile benzer diziler içeren LOC_Os02g52150 numaralı Os/sHsp geninin de stres koşullarında bizim çalışmamızda belirlediğimiz gibi arttığı tespit edilmiştir. Genel anlamda *PtHsp40-117* geni tuzluluk stresi altında yüksek seviyede ifade olmuştur. Bu genin dizileri buğday bitkisinde (*Triticum aestivum* L.) Triplet 2969 kodlu gen ile; yine *Arabidopsis thaliana*'da ortologu olan AT2G42750.1 nolu gen dizisi ile ilgili yapılan çalışma sonuçlarında; benzer şekilde stres koşullarında yüksek seviyede ifade olmuştur (Li, vd., 2015). Bu durum *PtHsp40-117* geninin, tuz stresine cevap mekanizmasında kilit bir rol üstlendiğini kanıtlamaktadır. Ayrıca; *PtHsp40-113* geni de tüm klonlar ve farklı stres uygulama periyotlarında etkin rol üstlenmiştir. Bu genin farklı organizmalarda

ortologu olan AT2G22360 (*Arabidopsis thaliana*), Sb07g000660 (*Sorghum bicolor L.*), Pgl-GLEAN10030863 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os05g26926 (*Oryza sativa* L.) numaralı genlerin de farklı abiyotik stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı çalışmalarda tespit edilmiştir (Zhichang et al., 2010; Ghatak vd., 2016). Seçtiğimiz *PtHsp60-31, 33, 38* ve *49* genlerinin *Populus nigra* L.'nın iki klonunda Geyve ve N. 03.368 A ve melez kavak olan *Populus euramericana* Dode. Guinier - I-214 ve *Populus deltoides* Bartr. Samsun/I-77/51) klonlarında tuzluluk stresi altında etken rolleri araştırılmıştır. Genlerin tüm klonlarda 28. gün (uzun dönem) stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir. Uzun süreli stres koşullarında *PtHsp60* genlerinin strese karşı koruyucu bir fonksiyon oluşturduğu saptanmıştır. *PtHsp60-33*'ün ortologu olan AT1G55490 (*Arabidopsis thaliana*) numaralı genin de tuzluluk stresi altında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir (Taji vd., 2004). Bu sonuç; *PtHsp60-33* geninin tuzluluk stres cevabında rol aldığını kanıtlamaktadır. Seçilen *PtHsp70-09, 12, 25* ve *33* genlerinin tuzluluk stresine karşı Samsun klonunda ifade olmadığı saptanmıştır. Tüm kavak klonları için *PtHsp70-12, 25* ve *33* genlerinin qRT-PZR profilleri transkriptom verisi sonuçları ile benzerlik göstermektedir. *PtHsp70-33* geninin farklı organizmalarda ortologu olan AT4G16660 (*Arabidopsis thaliana*), Sb04g030160 (*Sorghum bicolor* L.), Pgl_Glean_10006025 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os02g48110 (*Oryza sativa* L.) numaralı genlerin farklı abiyotik stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir (Ghatak vd., 2016). Bu genin stres koşullarında hücresel düzeyde görevli olduğu ve dokuyu strese karşı koruduğu ile ilişkilendirilebilir. Çalışmamızda Samsun klonu için *PtHsp90-12* geni; diğer genlerden farklı olarak dikkat çekici bir şekilde strese karşı koruyucu bir rol üstlenmiştir. Transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçları karşılaştırıldığında *PtHsp90-09* geninin tuz stresine karşı cevapta önemli olduğu saptanmıştır. *PtHsp90-09* geninin ortologu olan At2g04030 (*Arabidopsis thaliana*) numaralı genin de tuzluluk stresi altında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir (Taji vd., 2004). Ye vd. (2011) çalışmalarında *PtHsp90-09* gen dizisi ile %82 benzerlik gösteren OsHsp85.88 nolu dizi için (LOC_Os08g38086.1 kodlu dizi) çeltik (*Oryza sativa* L.) bitkisi faklı dokularında ve farklı abiyotik streslerde ifade seviyesinin arttığını belirlemişlerdir. Bu sonuçlar *PtHsp90-09* geninin tuzluluk stres cevabında rol oynadığını kanıtlamaktadır. Çalışmamızda qRT-PZR yöntemi ile ifade seviyelerini incelediğimiz *PtHsp100-06,*

11, 21, 32, 75 ve *80* genlerinin özellikle Geyve, N.03.368. A ve I-214 klonlarında yüksek ifade olduğu tespit edilmiştir. Bu klonlar için *PtHsp100* genlerinin tuzluluk stresine karşı koruyucu bir rol üstlendiği söylenebilir. qRT-PZR analizi sonuçlarına göre Samsun klonunun ise tuzluluk stresine karşı duyarlı olduğu düşünülebilir.

PtHsp100-75 geninin tüm stres periyotlarında ve farklı kavak taksonlarında yüksek ifade olduğu görülmüştür. Bu genin farklı organizmalarda ortologu olan AT5G50920 (*Arabidopsis thaliana*), Sb08g007750 (*Sorghum bicolor* L.), Pgl_GLEAN_10032990 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os12g12850 (*Oryza sativa* L.) numaralı genler için de; ısı ve kuraklık stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir (Ghatak vd., 2016). Farklı *Hsps* genlerinin stres tolerans mekanizmasındaki rolleri bir ölçüde belirlenmiş olsa da; daha fazla araştırma yapılarak detaylı şekilde bu genlerin fonksiyonları belirlenebilir.

4.3.1.3. Kadmiyum stresi altında hsps gen ailesi üyelerinin transkriptom analizleri ve belirlenen genlerin kavak taksonlarında gen ifade seviyeleri

Kavak türüne ait araştırıcılar tarafından yapılmış olan ağır metal stresine bağlı transkriptom verisi (RNA-Seq) ve Mikroarray verisi (ArrayExpress) ilgili veri tabanlarından indirilmiştir. İlgili okumalar biyoinformatik paket programı CLC genomik (CLC Genomic Workbench v.8) ve GeneSpringGX 11.0 (Agilent) yazılım programlarında işlenmiştir. Elde edilen sonuçlar tanımladığımız tüm *Hsps* gen ailesi üyelerinin kod numaraları ile karşılaştırılmış ve eşleştirilmiştir. Normalizasyon ve dönüşüm analizleri yapılmıştır. Oluşturulan veriler Permutmatrix yazılım programı yardımıyla modellenmiştir.

Gen gen ifadesi profilleri renk skalasına bağlı kalınarak hiyerarşik kümeleme haritası ile sentezlenmiştir. E-MEXP-3741 kodlu microarray sonuçları tüm *Hsps* genleri potri numaraları ile karşılaştırılmıştır. Fakat, sadece *Hsp40* genlerine ait veri eldesi sağlanabilmiştir. Diğer *Hsps* (*sHsp-Hsp60-Hsp70-Hsp90-Hsp100*) gen aileleri için mevcut array sonuçlarında eşleşen Potri (erişim) numarası bulunamamıştır. *PtsHsp*

genlerinin kadmiyum stres uygulaması ve kontrol grubundaki skorları farklı gen ifadesi seviyeleri göstermiştir.

PtsHsp genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Melez kavak olan *Populus x canadensis*-I-214 klonuna üç hafta süresince Çinko (Zn) stresi uygulanmıştır (Ariani vd., 2015). Araştırma sonuçlarını açık arşiv veri bankasına (SRA-SRP018922) kaydetmişlerdir. Genomda ağır metal stresi esnasında ifade olan genleri tespit etmişlerdir. İndirilen ham verilerden; tanımladığımız Potri. numaralı *sHsp* genlerine ait veri taramaları gerçekleştirilmiştir. Eşleşen genlerin çinko stresindeki ifade düzeylerine ait bilgiler elde edilmiştir. Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak genlerinin %26'sının stres koşullarında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir. %15'i ise orta derecede bir gen ifadesi göstermiştir. Genlerin %35'inin stres koşullarında az ifade olduğu dikkat çekmiştir. Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtsHsp-13-44* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtsHsp-03-54* genleri ise ifade seviyesi azalan grup olarak seçilmiştir. N.03.368.A ve I-214 klonunda *PtsHsp-54* geninin kontrol grubuna göre ağır metal stresi altında ifadesinin arttığı belirlenmiştir. *PtsHsp-44* geninin ifade seviyesi bu klonlarda artış göstermiştir. Klonların kadmiyum stresine karşı hassasiyet gösterdikleri düşünülebilir. *PtsHsp-03* geninini, *Oryza sativa* L. bitkisinde ortologu olan LOC_Os03g16030.1 nolu genin; sıcaklık stresine karşı moleküler düzeyde yüksek seviyede regüle olduğunu belirtmişlerdir (M. Kim, vd., 2015). *Arabidopsis thaliana* L. bitkisinde ortologu olan AT1G53540 (Hsp 17.6) ve AT3G46230 (Hsp17.4) genlerinin de sıcaklık stresinde yüksek ifade olduğu belirlenmiştir (Rizhsky vd., 2004). Bu araştırma sonuçlarında da bu gen I-214 klonunda yüksek ifade olmuştur. Diğer klonlar için genin baskılanmış olduğu düşünülebilir.

PtsHsp-54 geninin ortologu olan AT4G27670 (Hsp21) geni sıcaklık stresine cevap oluşturmuştur (E. Kim, Ly, Hatherell ve Schroeder, 2012). Çalışmamızda bu genin; N.03.368 A ve I-214 kavak klonlarında yüksek ifade olduğu saptanmıştır. *PtsHsp-13*

geninin *Arabidopsis thaliana* L. bitkisinde ortologu olan At5g59720 geni sıcaklık stresinde yüksek seviyede ifade olmuştur (Ruan, 2012).

PtHsp40 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Melez kavak olan *Populus x canadensis*-I-214 klonuna üç hafta süresince Çinko (Zn) stresi uygulanmıştır (Ariani vd., 2015). Araştırma sonuçlarını açık arşiv veri bankasına (SRA-SRP018922) kaydetmişlerdir. Bu veri arşivinden *PtHsp40* genleri ile eşleşme gösterenler analiz edilmiştir. *PtHsp40* genlerinin bu veriler kapsamında %26'sının stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği saptanmıştır. Genlerin %11'inin strese karşı orta derecede ifade olduğu belirlenmiştir. % 60 oranında ise kontrol grubuna göre stres koşullarında gen ifade seviyesinde bir azalma olduğu tespit edilmiştir. Ayrıca Jiali vd. (2013) yılında Populus x canescens kavak türüne 20 gün boyunca 200 uM CdSO4 kadmiyum vermişlerdir. Sonuçları A-AFFY-131-E-MEXP-3741 kod numarası ArrayExpress veri bankasına kaydetmişlerdir. Array sonuçları incelendiğinde ise; *PtHsp40-48-74-92-101-109-113-117-129-137* genlerinin kadmiyum stres koşullarına karşı cevap oluşturduğu dikkat çekmiştir. Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp40-36-117* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp40-17-69* genleri ise ifade seviyesi azalan grup olarak seçilmiştir. N.03.368A kavak klonu kadmiyum stresine cevap mekanizması geliştirmiştir. Geyve, I-214, Samsun ve Titrek kavak klonlarının ise strese karşı duyarlı olabileceği tespit edilmiştir. *PtHsp40-17* geninin *Arabidopsis thaliana*'da ortologu olan AT2G17880 kodlu protein dizisi epigenetik açıdan stres uyarımlarında kontrol grubununa göre farklı bir uyarım göstermemiştir (Najafi Majdabadi Farahani, 2013). Bu sonuç hem transkriptom verileri ile hem de deney sonuçları ile benzerlik göstermektedir. Bu genin stres tolerans mekanizmasında dolaylı görev alması ile ilişkilendirebilir. *PtHsp40-117* geni transkriptom verisi, array E-MEXP-3741 sonuçlarına göre ve çalıştığımız diğer bir abiyotik stres olan tuzluluk stresi altında yüksek seviyede ifade olmuştur. Bu genin *Arabidopsis thaliana*'da ortologu olan AT2G42750.1 nolu gen dizisi ile ilgili yapılan çalışma sonuçlarında; benzer şekilde stres koşullarında yüksek seviyede ifade olmuştur (Li, vd., 2015). Çalışmamızda

kadmiyum stres koşullarında genin sadece N.03.368 A klonu için strese karşı cevap mekanizmasında rol üstlendiği saptanmıştır.

PtHsp60 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Melez kavak olan *Populus x canadensis*-I-214 klonuna üç hafta süresince Çinko (Zn) stresi uygulanmıştır (Ariani vd., 2015). Araştırma sonuçlarını açık arşiv veri bankasına (SRA-SRP018922) kaydetmişlerdir. Genomda ağır metal stresi esnasında ifade olan genleri tespit etmişlerdir. İndirilen ham verilerden; tanımladığımız Potri. numaralı *Hsp60* genlerine ait veri taramaları gerçekleştirilmiştir eşleşen genlerin çinko stresindeki ifade düzeylerine ait bilgiler elde edilmiştir. Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak genlerinin %25'inin uzun süreli stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterirdiği belirlenmiştir. Genlerin % 47'sinin stres koşullarına cevabının orta derece olduğu saptanmıştır. % 25 oranında ise genlerin ifade seviyesinde azalma görülmüştür.

Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp60-12-42* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp60-06-33* genleri ise ifade seviyesi orta derecede ifade olan grup olarak seçilmiştir. Geyve klonunun diğer klonlara göre strese karşı daha duyarlı olabileceği belirlenmiştir. *PtHsp60-12* geninin I-214 klonunda yüksek oranda ifade olduğu saptanmıştır. Yine N.03.368A ve Titrek kavak klonunda da ifade düzeyinin artması dikkat çekici olmuştur. *Hsp60* genlerinin strese karşı cevap oluştuğu tespit edilmiştir. *PtHsp60-12* geninin ile ortologu olan *Arabidopsis thaliana*'da AT3G23990.1 kodlu gen ve *Oryza sativa'*da ortologu olan LOC_Os03g04970.1 kodlu genin normal koşullarda proteinlerin katlanmalarında önemli bir işlevi olduğunu ve değişik stres koşullarında yüksek ifade olduğunu saptamışlardır (Demirevska vd., 2008). Sonuçlar bizim çalışmamız ile örtüşmektedir. *PtHsp60-12* geninin fonksiyonel açıdan hem normal şartlarda hem de stres koşullarında önemli bir rol aldığı düşünülebilir.

PtHsp70 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Melez kavak olan *Populus x canadensis*-I-214 klonuna üç hafta süresince Çinko (Zn) stresi uygulanmıştır (Ariani vd., 2015). Araştırma sonuçlarını açık arşiv veri bankasına (SRA-SRP018922) kaydetmişlerdir. Genomda ağır metal stresi esnasında ifade olan genleri tespit etmişlerdir. İndirilen ham verilerden; tanımladığımız Potri. numaralı *Hsp70* genlerine ait veri taramaları gerçekleştirilmiştir eşleşen genlerin çinko stresindeki ifade düzeylerine ait bilgiler elde edilmiştir. Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak *PtHsp70-01-02-07-08-13-21-28* genlerinin ifade seviyesinde artış gözlemlenmiştir. Genlerin % 62'sinde ifade seviyesinin azaldığı tespit edilmiştir. *PtHsp70-25-29-31-34* genlerinin hem kontrol grubu hem de stres uygulama gruplarında gen ifade seviyelerinde değişkenlik olmadığı belirlenmiştir. Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ve orta ekpresyon gösteren *PtHsp70-09-21-28* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp70-24* geni ise ifade seviyesi azalan grup olarak belirlenmiştir.

Seçilen *PtHsp70* genlerine ait deney sonuçları incelendiğinde Geyve, N.03.368A ve I-214 klonları kadmiyum stres koşullarına karşı bir cevap oluşturmuştur. Samsun ve Titrek kavak klonlarının ise diğer klonlara göre strese karşı duyarlılığının yüksek olabileceği öngörülmektedir. *PtHsp70-21* geni ile ortolog olan *Arabidopsis thaliana* AT2G32120 kodlu gen için yüksek tuz stresinde ve sıvı kaybında (dehidrasyon) uyarıldığı tespit edilmiştir (Liu ve Zhu, 1998). Ayrıca yüksek sıcaklık stresinde de gen ifadesiunun arttığı saptanmıştır (Lim vd., 2006).

Bu araştırmada ifadesi artan *PtHsp70-28* geni için de stres koşullarında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir (Lim vd., 2006; Yang vd., 2014). *PtHsp70-09* geni ile ortolog olan *Oryza sativa* LOC_Os05g23740 kodlu gen için strese cevap oluşturduğu çalışmalarda belirlenmiştir (Wei vd., 2009). Ayrıca PtHsp70-09 geninin farklı organizmalarda ortologu olan AT5G49910 (*Arabidopsis thaliana*), Sb08g009580 (*Sorghum bicolor* L.), Pgl_GLEAN_10002651 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os12g14070 (*Oryza sativa* L.) numaralı genler için de; ısı ve kuraklık stres

koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir (Ghatak vd., 2016). *PtHsp70-24* geninin ortologu olan *Oryza sativa* LOC_Os05g38530 kodlu genin sıcaklık stresine cevap oluşturduğu saptanmıştır (Jeong ve Jung, 2015). Çalışma sonuçlarımız ile benzer bulgular saptanmıştır.

PtHsp90 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Melez kavak olan *Populus x canadensis*-I-214 klonuna üç hafta süresince Çinko (Zn) stresi uygulanmıştır (Ariani vd., 2015). Araştırma sonuçlarını açık arşiv veri bankasına (SRA-SRP018922) kaydetmişlerdir. Genomda ağır metal stresi esnasında ifade olan genleri tespit etmişlerdir. İndirilen ham verilerden; tanımladığımız Potri. numaralı Hsp90 genlerine ait veri taramaları gerçekleştirilmiştir eşleşen genlerin çinko stresindeki ifade düzeylerine ait bilgiler elde edilmiştir. Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak *PtHsp90-04-05-10-12* genlerinin stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterirdiği görülmüştür. *PtHsp90-01-02-03-06-08-09-11* genlerinin kısa süreli stres koşullarına karşı cevap mekanizması geliştirdiği saptanmıştır. Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp90-10-12* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp90-07* geni ifade seviyesi orta derece olarak belirlenmiştir. *PtHsp90-02* geni ise ifade seviyesi azalan grup için seçilmiştir. Geyve, Samsun ve Titrek kavak klonlarının kadmiyum stresine karşı duyarlı olabileceği saptanmıştır. N.03.368A ve I-214 klonları ise strese karşı cevap oluşturmuştur. N.03.368A klonu diğer klonlara göre kadmiyum stresine karşı seçilen tüm genler için yüksek ifade olmuştur. *PtHsp90-02* geninin %91 eşleşme ile ortologu olan AT5G56000 kodlu *Arabidopsis thaliana* bitkisinde ve %89 eşleşme ile LOC_Os08g39140 kodlu *Oryza sativa* bitkisinde yapılan çalışmalarda genin kuraklık stresinde ifade seviyesinin arttığı görülmüştür (Hasegawa vd., 2006; Landi, Hausman, Guerriero ve Esposito, 2017). *PtHsp90-02* geninin deneysel çalışmamızda N.03.368A ve I-214 klonlarında ifade düzeyi yüksek saptanmıştır. *PtHsp90-10* geni ile ortolog olan *Arabidopsis thaliana* AT3G07770 kodlu genin sıcaklık stresinde ifade düzeyinin arttığı belirlenmiştir (Zhang, Vierling ve Tonsun, 2016). Fakat başka bir çalışmada *PtHsp90-10* geni için ortologu olan *Oryza sativa* bitkisinde LOC_Os12g32986 kodlu

genin kuraklık stresinde düşük regülasyon gösterdiği saptanmıştır (Zhang vd., 2016). Yine *PtHsp90-10* geninin ortologu olan At2g04030 (*Arabidopsis thaliana*) numaralı genin de tuzluluk stresi altında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir (Taji vd., 2004). Bu genin stres koşullarına karşı; farklı ifade seviyelerinde değişik streslerde farklı yanıtlar oluşturabileceği ile ilişkilendirilebilir.

PtHsp100 genleri için transkriptom verisi sonuçları ile deney sonuçlarının karşılaştırılması

Melez kavak olan *Populus x canadensis*-I-214 klonuna üç hafta süresince Çinko (Zn) stresi uygulanmıştır (Ariani vd., 2015). Araştırma sonuçlarını açık arşiv veri bankasına (SRA-SRP018922) kaydetmişlerdir. Genomda ağır metal stresi esnasında ifade olan genleri tespit etmişlerdir. İndirilen ham verilerden; tanımladığımız Potri. numaralı *Hsp100* genlerine ait veri taramaları gerçekleştirilmiştir eşleşen genlerin çinko stresindeki ifade düzeylerine ait bilgiler elde edilmiştir. Kadmiyum stresi altında SRP018922 transkriptom verisine bağlı olarak genlerin % 47'sinin stres koşullarında yüksek gen ifadesi gösterdiği görülmüştür. % 38'i için için stres koşularında ifade seviyesinin azaldığı belirlenmiştir.

Transkriptom verisine bağlı kalınarak yüksek ekpresyon gösteren *PtHsp100-29-51-71* genleri deneysel aşama için seçilmiştir. *PtHsp100-22* geni ifade seviyesi azalan grup olarak seçilmiştir. Fakat çalışmanın deneysel sonuçlarında N.03.368A ve Samsun klonunda *PtHsp100-22* geninin ifade seviyesinin yüksek olduğu tespit edilmiştir. Bu genin *Arabidopsis thaliana* (AT3G05530) bitkisinde de strese cevap geni olduğu belirlenmiştir (Shameer, 2016). N.03.368A klonunun diğer klonlara göre kadmiyum stresine karşı, seçilen tüm genler için ifade seviyesinde artış olduğu tespit edilmiştir. Bu sonuç N.03.368 A klonunun kadmiyum stresine karşı daha dirençli olduğunu düşündürmektedir. *PtHsp100-51* geninin ortologu olan *Arabidopsis thalina*'da AT4G27680 kodlu genin yüksek sıcaklık stresinde yüksek ifade olduğunu saptamışlardır (Yokotani vd., 2008). Çalışma sonuçları hem transkriptom verileri hem de deney sonuçları ile örtüşmektedir. Bu genin strese cevap açısından önemli olduğu ifade edilebilir.

Genel Değerlendirme

İncelenen transkriptom verisi ve deney sonuçları için; Kavak genomu içerisinde *Hsps* gen ailesinde tanımlanan gen dizilerinin kadmiyum stres koşullarına cevap mekanizmasının; uygulanan farklı stres periyotlarına ve izole edilen doku farklılıklarına bağlı olarak değişkenlik gösterebileceği öngörülmektedir. Genel olarak ise qRT–PZR sonuçları ile RNA-Seq sonuçları uyum göstermiştir. Hsps genlerinin kadmiyum stresine verdiği değişik cevaplar genotipik varyasyonun sonucu olduğu çalışmamızda ortaya çıkarılmıştır. *Hsps* genlerinin strese karşı korucu bir rol oynadığı belirlenmiştir. Ayrıca, Kavak türlerinde kadmiyum stresinin kimyasal, morfolojik ve proteomik olarak incelendiği çalışmada; yaprak dokularında meydana gelen zararın görsel açıdan bu çalışma ile benzer olduğu saptanmıştır (Marmiroli, Imperiale, Maestri ve Marmiroli, 2013). *PtsHsp-54* geninin ortologu olan AT4G27670 (Hsp21) geni sıcaklık stresine cevap oluşturmuştur (E. Kim vd., 2012). Çalışmamızda bu genin; N.03.368 A ve I-214 kavak klonlarında yüksek ifade olduğu saptanmıştır. *PtsHsp-13* geninin *Arabidopsis thaliana* L. bitkisinde ortologu olan At5g59720 geni sıcaklık stresinde yüksek seviyede ifade olmuştur (Ruan, 2012). *PtHsp40-17* geninin *Arabidopsis thaliana*'da ortologu olan AT2G17880 kodlu protein dizisi epigenetik açıdan stres uyarımlarında kontrol grubununa göre farklı bir uyarım göstermemiştir (Najafi Majdabadi Farahani, 2013). Bu sonuç, hem transkriptom verileri ile hem de deney sonuçları ile benzerlik göstermektedir. Bu genin stres tolerans mekanizmasında dolaylı görev alması ile ilişkilendirebilir. *PtHsp40-117* geni transkriptom verisi, array E-MEXP-3741 sonuçlarına göre ve çalıştığımız diğer bir abiyotik stres olan tuzluluk stresi altında yüksek seviyede ifade olmuştur. Bu genin *Arabidopsis thaliana*'da ortologu olan AT2G42750.1 nolu gen dizisi ile ilgili yapılan çalışma sonuçlarında; benzer şekilde stres koşullarında yüksek seviyede ifade olmuştur (Li, vd., 2015). Çalışmamızda kadmiyum stres koşullarında genin sadece N.03.368 A klonu için strese karşı cevap mekanizmasında rol üstlendiği saptanmıştır. *PtHsp60-12* geninin ile ortologu olan *Arabidopsis thaliana*'da AT3G23990.1 kodlu gen ve *Oryza sativa'*da ortologu olan LOC_Os03g04970.1 kodlu genin normal koşullarda proteinlerin katlanmalarında önemli bir işlevi olduğunu ve değişik stres koşullarında yüksek ifade olduğunu saptamışlardır (Demirevska vd., 2008). Sonuçlar yürütülen bu çalışma ile

örtüşmektedir. *PtHsp60-12* geninin fonksiyonel açıdan hem normal şartlarda hem de stres koşullarında önemli bir rol aldığı düşünülebilir. Seçilen *PtHsp70* genlerine ait deney sonuçları incelendiğinde; Geyve, N.03.368A ve I-214 klonları kadmiyum stres koşullarına karşı bir cevap oluşturmuştur. Samsun klonu ve Titrek kavak'ın ise diğer tür/klonlara göre strese karşı duyarlılığının yüksek olabileceği öngörülmektedir. *PtHsp70-21* geni ile ortolog olan *Arabidopsis thaliana* AT2G32120 kodlu gen için yüksek tuz stresinde ve sıvı kaybında (dehidrasyon) uyarıldığı tespit edilmiştir (Liu ve Zhu, 1998). Ayrıca yüksek sıcaklık stresinde de gen ifadesiunun arttığı saptanmıştır (Lim vd., 2006). Çalışmamızda gen ifadesiu artan *PtHsp70-28* geni için de stres koşullarında ifade seviyesinin arttığı belirlenmiştir (Lim vd., 2006; Yang vd., 2014). *PtHsp70-09* geni ile ortolog olan *Oryza sativa* LOC_Os05g23740 kodlu gen için strese cevap oluşturduğu çalışmalarda belirlenmiştir (Wei vd., 2009). Ayrıca *PtHsp70-09* geninin farklı organizmalarda ortologu olan AT5G49910 (*Arabidopsis thaliana*), Sb08g009580 (*Sorghum bicolor* L.), Pgl_GLEAN_10002651 (*Pennisetum glaucum* L.) ve LOC_Os12g14070 (*Oryza sativa* L.) numaralı genler için de; ısı ve kuraklık stres koşullarında ifade seviyelerinin arttığı tespit edilmiştir (Ghatak vd., 2016). *PtHsp70-24* geninin ortologu olan *Oryza sativa* LOC_Os05g38530 kodlu genin sıcaklık stresine cevap oluşturduğu saptanmıştır (Jeong ve Jung, 2015). Çalışma sonuçlarımız ile benzer bulgular saptanmıştır. N.03.368A ve I-214 klonları ise strese karşı cevap oluşturmuştur. N.03.368A klonu diğer klonlara göre kadmiyum stresine karşı seçilen tüm genler için yüksek ifade olmuştur. *PtHsp90-02* geninin %91 eşleşme ile ortologu olan AT5G56000 kodlu *Arabidopsis thaliana* bitkisinde ve %89 eşleşme ile LOC_Os08g39140 kodlu *Oryza sativa* bitkisinde yapılan çalışmalarda genin kuraklık stresinde ifade seviyesinin arttığı görülmüştür (Hasegawa vd., 2006; Landi, Hausman, Guerriero ve Esposito, 2017). *PtHsp90-02* geninin deneysel çalışmamızda N.03.368A ve I-214 klonlarında ifade düzeyi yüksek saptanmıştır. *PtHsp90-10* geni ile ortolog olan *Arabidopsis thaliana* AT3G07770 kodlu genin sıcaklık stresinde ifade düzeyinin arttığı belirlenmiştir (Zhang, Vierling ve Tonsun, 2016). Fakat başka bir çalışmada *PtHsp90-10* geni için ortologu olan *Oryza sativa* bitkisinde LOC_Os12g32986 kodlu genin kuraklık stresinde düşük regülasyon gösterdiği saptanmıştır (Zhang vd., 2016). Yine *PtHsp90-10* geninin ortologu olan At2g04030 (*Arabidopsis thaliana*) numaralı genin de tuzluluk stresi altında ifade seviyesinin

arttığı belirlenmiştir (Taji vd., 2004). Bu genin stres koşullarına karşı; farklı ifade seviyelerinde değişik streslerde farklı yanıtlar oluşturabileceği ile ilişkilendirilebilir. Farklı *Hsps* genlerinin stres tolerans mekanizmasındaki rolleri bir ölçüde belirlenmiş olsa da; daha fazla araştırma yapılarak detaylı şekilde bu genlerin fonksiyonları belirlenebilir.

4.3.1.4. Farklı kavak taksonlarında ve stres faktörlerinin etkisinde gen ifadesi artan/azalan Hsps gen ailesi üyeleri

RNA Seq ve Array verilerine bağlı olarak deneysel çalışmada seçimi yapılan *Hsps* gen ailesi üyelerinin faklı kavak taksonlarında gösterdiği gen ifade seviyelerinine ai özet sonuçlar Tablo 4.15, Tablo 4.16, Tablo 4.17, Tablo 4.18, Tablo 4.19 ve Tablo 4.20'de verilmiştir. Tablolarda gen ifade düzeyleri, kontrol grubuna göre artanlar için "+"; azalanlar için ise "-" simgeleri ile gösterilmiştir. Karşılığı boş bırakılan taksonlar ve genler için ilgili stres uygulanmamıştır.

Tablo 4.16. *P. nigra-Geyve klonunda Hsps genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi*

KLON/ TÜR	**Hsps**	**Kuraklık**	**Tuzluluk**			**Kadmiyum**	
			Hsps/Süre	**14g**	**28g**	**Hsps/Süre**	**28g**
***P. nigra*-Geyve**	**sHsp**		PtsHsp-11	+	+	PtsHsp-03	-
			PtsHsp-17	+	+	PtsHsp-13	+
			PtsHsp-21	+	+	PtsHsp-44	+
			PtsHsp-36	+	-	PtsHsp-54	+
			PtsHsp-38	+	-		
	Hsp40		PtHsp40-97	-	+	PtHsp40-17	+
			PtHsp40-105	-	+	PtHsp40-117	-
			PtHsp40-113	+	+	PtHsp40-36	+
			PtHsp40-117	-	+	PtHsp40-69	-
	Hsp60		PtHsp60-31	+	+	PtHsp60-06	-
			PtHsp60-33	+	+	PtHsp60-42	-
			PtHsp60-38	+	+	PtHsp60-33	-
			PtHsp60-49	+	+	PtHsp60-12	-
	Hsp70		PtHsp70-09	+	-	PtHsp70-21	+
			PtHsp70-12	+	+	PtHsp70-24	+
			PtHsp70-25	+	+	PtHsp70-09	+
			PtHsp70-33	+	+	PtHsp70-28	-

Tablo 4.16'nın devamı

***P. nigra*-Geyve**	**Hsp90**		PtHsp90-02	+	+	PtHsp90-02	-
			PtHsp90-07	+	+	PtHsp90-07	-
			PtHsp90-09	+	+	PtHsp90-10	+
			PtHsp90-12	+	+	PtHsp90-12	+
	Hsp100		PtHsp100-06	-	+	PtHsp100-22	-
			PtHsp100-11	+	-	PtHsp100-51	-
			PtHsp100-21	+	+	PtHsp100-29	-
			PtHsp100-32	+	-	PtHsp100-71	+
			PtHsp100-75	+	+		
			PtHsp100-80	+	+		

Tablo 4.17. *P. nigra-N.03.368A klonunda Hsps genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi*

KLON/TÜR	**Hsps**	**Kuraklık**		**Tuzluluk**			**Kadmiyum**	
				Hsps/Süre	**14.g.**	**28.g.**	**Süre**	**28.g.**
***P. nigra*-N.03.368 A**	**sHsp**			PtsHsp-11/	+	+	PtsHsp-03/	-
				PtsHsp-17/	-	+	PtsHsp-13/	-
				PtsHsp-21/	-	+	PtsHsp-44/	+
				PtsHsp-36/	-	-	PtsHsp-54/	+
				PtsHsp-38/	-	+		
	Hsp40			PtHsp40-97/	-	-	PtHsp40-17/	+
				PtHsp40-105/	-	-	PtHsp40-117/	+
				PtHsp40-113/	+	+	PtHsp40-36/	+
				PtHsp40-117/	+	+	PtHsp40-69/	+
	Hsp60			PtHsp60-31/	+	+	PtHsp60-06/	+
				PtHsp60-33/	+	+	PtHsp60-42/	-
				PtHsp60-38/	+	+	PtHsp60-33/	-
				PtHsp60-49/	+	+	PtHsp60-12/	+
	Hsp70	PtHsp70-03	-	PtHsp70-09/	+	+	PtHsp70-21/	+
		PtHsp70-04	-	PtHsp70-12/	+	+	PtHsp70-24/	+
		PtHsp70-09	-	PtHsp70-25/	+	+	PtHsp70-09/	+
		PtHsp70-10	-	PtHsp70-33/	+	+	PtHsp70-28/	+
		PtHsp70-12	-					
		PtHsp70-16	+					
		PtHsp70-17	-					
		PtHsp70-20	-					
		PtHsp70-23	-					
		PtHsp70-24	-					
		PtHsp70-25	-					
		PtHsp70-26	+					
		PtHsp70-33	-					

Tablo 4.17'nin devamı

***P. nigra*-N.03.368 A**	**Hsp90**		PtHsp90-02/	+	+	PtHsp90-02/	+
			PtHsp90-07/	+	+	PtHsp90-07/	+
			PtHsp90-09/	+	+	PtHsp90-10/	+
			PtHsp90-12/	+	+	PtHsp90-12/	+
	Hsp100		PtHsp100-06/	+	-	PtHsp100-22/	+
			PtHsp100-11/	+	+	PtHsp100-51/	+
			PtHsp100-21/	+	+	PtHsp100-29/	+
			PtHsp100-32/	+	-	PtHsp100-71/	+
			PtHsp100-75/	+	-		
			PtHsp100-80/	-	+		

Tablo 4.18. *I-214 klonunda Hsps genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi*

KLON/ TÜR	**Hsps**	**Kuraklık**	**Tuzluluk**			**Kadmiyum**	
			Hsps/Süre	**14g**	**28g**	**Hsps/Süre**	**28g**
I-214	**sHsp**		PtsHsp-11	+	-	PtsHsp-03	+
			PtsHsp-17	+	+	PtsHsp-13	-
			PtsHsp-21	+	+	PtsHsp-44	+
			PtsHsp-36	+	-	PtsHsp-54	+
			PtsHsp-38	-	-		
	Hsp40		PtHsp40-97	+	+	PtHsp40-17	+
			PtHsp40-105	+	+	PtHsp40-117	-
			PtHsp40-113	+	+	PtHsp40-36	-
			PtHsp40-117	+	-	PtHsp40-69	-
	Hsp60		PtHsp60-31	+	+	PtHsp60-06	-
			PtHsp60-33	+	+	PtHsp60-42	-
			PtHsp60-38	+	+	PtHsp60-33	-
			PtHsp60-49	+	+	PtHsp60-12	+
	Hsp70		PtHsp70-09	+	+	PtHsp70-21	-
			PtHsp70-12	+	+	PtHsp70-24	+
			PtHsp70-25	+	+	PtHsp70-09	+
			PtHsp70-33	+	+	PtHsp70-28	+
	Hsp90		PtHsp90-02	+	+	PtHsp90-02	+
			PtHsp90-07	+	+	PtHsp90-07	-
			PtHsp90-09	+	+	PtHsp90-10	+
			PtHsp90-12	+	+	PtHsp90-12	+
	Hsp100		PtHsp100-06	+	-	PtHsp100-22	+
			PtHsp100-11	-	-	PtHsp100-51	-
			PtHsp100-21	-	-	PtHsp100-29	-
			PtHsp100-32	-	-	PtHsp100-71	-
			PtHsp100-75	+	-		
			PtHsp100-80	+	-		

Tablo 4.19. *Samsun klonunda Hsps genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi*

KLON/ TÜR	Hsps	Kuraklık	Tuzluluk			Kadmiyum	
			Hsps/Süre	14g	28g	Hsps/Süre	28g
Samsun	sHsp		PtsHsp-11	+	+	PtsHsp-03	-
			PtsHsp-17	+	+	PtsHsp-13	-
			PtsHsp-21	-	-	PtsHsp-44	-
			PtsHsp-36	+	+	PtsHsp-54	-
			PtsHsp-38	+	+		
	Hsp40		PtHsp40-97	-	+	PtHsp40-17	-
			PtHsp40-105	-	+	PtHsp40-117	-
			PtHsp40-113	+	+	PtHsp40-36	+
			PtHsp40-117	-	-	PtHsp40-69	-
	Hsp60		PtHsp60-31	+	+	PtHsp60-06	+
			PtHsp60-33	+	+	PtHsp60-42	+
			PtHsp60-38	+	+	PtHsp60-33	-
			PtHsp60-49	+	+	PtHsp60-12	-
	Hsp70		PtHsp70-09	-	-	PtHsp70-21	-
			PtHsp70-12	-	-	PtHsp70-24	-
			PtHsp70-25	-	-	PtHsp70-09	-
			PtHsp70-33	-	+	PtHsp70-28	-
	Hsp90		PtHsp90-02	-	-	PtHsp90-02	-
			PtHsp90-07	-	-	PtHsp90-07	-
			PtHsp90-09	-	-	PtHsp90-10	-
			PtHsp90-12	+	+	PtHsp90-12	-
	Hsp100		PtHsp100-06	-	-	PtHsp100-22	+
			PtHsp100-11	-	-	PtHsp100-51	-
			PtHsp100-21	-	-	PtHsp100-29	-
			PtHsp100-32	-	-	PtHsp100-71	-
			PtHsp100-75	-	-		
			PtHsp100-80	-	-		

Tablo 4.20. *Titrek kavak (TK) türünde Hsps genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi*

KLON/ TÜR	Hsps	Kuraklık	Tuzluluk			Kadmiyum	
			Hsps/Süre	14g	28g	Hsps/Süre	28g
TK	sHsp		PtsHsp-11			PtsHsp-03	-
			PtsHsp-17			PtsHsp-13	-
			PtsHsp-21			PtsHsp-44	-
			PtsHsp-36			PtsHsp-54	-
			PtsHsp-38				
			PtHsp40-97			PtHsp40-17	+
			PtHsp40-105			PtHsp40-117	-

Tablo 4.20’nin devamı

TK			PtHsp40-113	PtHsp40-36	-
			PtHsp40-117	PtHsp40-69	+
	Hsp60		PtHsp60-31	PtHsp60-06	+
			PtHsp60-33	PtHsp60-42	+
			PtHsp60-38	PtHsp60-33	-
			PtHsp60-49	PtHsp60-12	+
	Hsp70		PtHsp70-09	PtHsp70-21	-
			PtHsp70-12	PtHsp70-24	-
			PtHsp70-25	PtHsp70-09	-
			PtHsp70-33	PtHsp70-28	+
	Hsp90		PtHsp90-02	PtHsp90-02	-
			PtHsp90-07	PtHsp90-07	+
			PtHsp90-09	PtHsp90-10	-
			PtHsp90-12	PtHsp90-12	-
	Hsp100		PtHsp100-06	PtHsp100-22	+
			PtHsp100-11	PtHsp100-51	-
			PtHsp100-21	PtHsp100-29	+
			PtHsp100-32	PtHsp100-71	-
			PtHsp100-75		
			PtHsp100-80		

Tablo 4.21. *P.nigra-N.62.191 klonunda Hsps genlerinin strese bağlı gen ifade seviyesi*

KLON/TÜR	**Hsps**	**Kuraklık**	**Tuzluluk**			**Kadmiyum**	
			Hsps/Süre	**14.g.**	**28.g.**	**Süre**	**28.g.**
***P.nigra*-N.62.191**	**sHsp**		PtsHsp-11			PtsHsp-03	
			PtsHsp-17			PtsHsp-13	
			PtsHsp-21			PtsHsp-44	
			PtsHsp-36			PtsHsp-54	
			PtsHsp-38				
	Hsp40		PtHsp40-97			PtHsp40-17	
			PtHsp40-105			PtHsp40-117	
			PtHsp40-113			PtHsp40-36	
			PtHsp40-117			PtHsp40-69	
	Hsp60		PtHsp60-31			PtHsp60-06	
			PtHsp60-33			PtHsp60-42	
			PtHsp60-38			PtHsp60-33	
			PtHsp60-49			PtHsp60-12	

Tablo 4.21'in devamı

***P.nigra*-N.62.191**	**Hsp70**	PtHsp70-03	-	PtHsp70-09	PtHsp70-21
		PtHsp70-04	-	PtHsp70-12	PtHsp70-24
		PtHsp70-09	-	PtHsp70-25	PtHsp70-09
		PtHsp70-10	-	PtHsp70-33	PtHsp70-28
		PtHsp70-12	-		
		PtHsp70-16	+		
		PtHsp70-17	-		
		PtHsp70-20	-		
		PtHsp70-23	-		
		PtHsp70-24	-		
		PtHsp70-25	+		
		PtHsp70-26	+		
		PtHsp70-33	+		
	Hsp90			PtHsp90-02	PtHsp90-02
				PtHsp90-07	PtHsp90-07
				PtHsp90-09	PtHsp90-10
				PtHsp90-12	PtHsp90-12
	Hsp100			PtHsp100-06	PtHsp100-22
				PtHsp100-11	PtHsp100-51
				PtHsp100-21	PtHsp100-29
				PtHsp100-32	PtHsp100-71
				PtHsp100-75	
				PtHsp100-80	

4.3.2. Atomik Absorbsiyon Cihazı (AAS) ile Kavak Dokularında Kadmiyum Birikiminin Ölçülmesi

Topraktaki Cd birikimi insan sağlığı için ciddi bir tehdit oluşturmaktadır. Topraktaki Cd seviyesini azaltmak için çeşitli teknolojiler geliştirilmiştir. Bu teknolojilerden biri topraktaki Cd absorbe etmek için bitkilerin depo olarak kullanımı yani fitoremediasyondur. Cd depolayan bitkilerin hasat edilmesi ile toprağın temizlenmesidir. Cd ile kirlenmiş topraklarda fitoremediasyonun başarısı dokularında Cd birikmesine olanak sağlayacak bitkilerin seçilmesine bağlıdır. Kavak taksonları fitoremediasyon için kullanımı önerilmektedir (Kramer 2010). Çünkü kavak ağacı türleri hızlı büyüme gösteren, derin kök sistemine ve kısa rotasyon zamanlarına sahip olmasından dolayı, tercih edilmektedir (Di Lonardo vd., 2011).

Atomik absorbsiyon cihazı yardımıyla Kavak taksonlarının yaprak, kök ve dal dokularında kadmiyum birikim miktarı belirlenmiştir. Yaprak doku örneklerinin analizleri sonucunda; kadmiyum miktarı en yüksek *Populus tremula* L.'da 12,45 ppm düzeyinde tespit edilmiştir. En az kadmiyum birikimi ise 0,84 ppm düzeyinde *Populus alba* L. kavak türünde belirlenmiştir Kök doku örneklerinin analizleri sonucunda; kadmiyum miktarı en yüksek I-214'de (*Populus euramericana* Dode. Guinier / I 214) 34 ppm düzeyinde tespit edilmiştir. En az kadmiyum birikimi ise 4,6 ppm düzeyinde *Populus alba* L. kavak türünde belirlenmiştir. Dal doku örneklerinin analizleri sonucunda ise; kadmiyum miktarı en yüksek *Populus deltoides* Bartr. Samsun (I-77/51) klonunda 5,54 ppm düzeyinde tespit edilmiştir. En az kadmiyum birikimi ise 0,44 ppm düzeyinde *Populus nigra* L. - Geyve kavak klonunda belirlenmiştir. Yaprağı döken türler için yaprak dokusunda kadmiyum birikiminin tahmini olarak ortalama 0.1 ile 17 ppm arasında olabileceği belirlenmiştir. Akçaağaçta yaprak dokusunda 1.6 ppm, gövde kısmında 4.9 ppm kadmiyum birikimi saptanmıştır. Söğüt bitkisinde ise yaprak dokusunda ortalama 15.7 ppm ve gövde kısmında 37.6 ppm birikim olduğu tespit edilmiştir. *Populus tremuloides* Michx.'de ise yaprak aksamında 7.7 ve gövde aksamında 13.7 olarak kadmiyum birikimi görülmüştür (Shacklette, 1972). Araştırma sonuçları bulgularımız ile benzerlik göstermektedir.

Kavak taksonlarında en yüksek kadmiyum birikimin görüldüğü dokunun kök olduğu tespit edilmiştir. Yaprak ve dal birikim düzeylerinden oldukça yüksek değerler kök dokusunda belirlenmiştir. Araştırıcılar çalışmalarında Kavak ağacının farklı dokularında biriken toplam Cd miktarının, otsu hiperakümülatörler tarafından biriktirilmiş Cd miktarından çok daha yüksek olduğunu tespit etmişlerdir (Di Lonardo vd., 2011; Pietrini vd., 2010). Bu sonuçlar kavağın Cd fitoremediasyonu için uygun olduğunu göstermektedir. Ayrıca bir çok çalışmada kavağın kök, ağaç, ağaç kabuğu ve yapraklarında farklı Cd birikimi, olduğunu tespit edilmiştir (Laureysens vd., 2004, 2005; He vd., 2011; Elobeid vd., 2012). Kadmiyum birikim miktarı farklı çalışmalarda da kök>gövde>yaprak>meyve>tohum şeklinde tespit edilmiştir (Benavides, Gallego ve Tomaro, 2005; Dai vd., 2013; Jakovljevic vd., 2014). Aynı kavak türün farklı klonlarının tür içi genetik farklılık nedeniyle ağır metal toleransının değişken olduğu belirlenmiştir (Clemens, 2001; Castiglione vd., 2009).

5. ÖNERİLER

-Yapılan tüm fonksiyonel genom analizleri Isı şoku protein genlerinin (Hsps) stres anındaki metabolik rollerinin anlaşılabilmesi açısından yapılacak farklı projelerin işleyişine temel oluşturabilecektir. Ayrıca, farklı organizmalarda yapılacak "karşılaştırmalı genomik" çalışmalarında bu tez kapsamında tanımlanan Hsps dizileri kullanılabilecektir.

-RNA-Seq ve Array verilerine bağlı olarak, deneysel çalışma için seçilen, kuraklık, tuzluluk ve kadmiyum stres koşullarında diğerlerinden daha yüksek ifade olan ısı şoku protein genleri Tablo 4.15'de belirtilmiştir. Özellikle bu genlerin stres yanıtına ilişkin «Bitki ıslahı ve genetiği» alanında, genlerin izolasyonu, klonlanması ve biyobelirteç olarak (markör) kullanılabilmesine imkan sunulmaktadır.

Tablo 5.1. *Kuraklık – Tuzluluk – Kadmiyum streslerinde yüksek ifade olan gen aileleri*

Stres Uygulaması	Hsps Gen Ailesi	Yüksek ifade olan Hsps genleri
Kuraklık Stresi	***Hsp70***	PtHsp70-16
		PtHsp70-26
		PtHsp70-25
		PtHsp70-33
Tuzluluk Stresi	***sHsp***	PtsHsp-11/ PtsHsp-21/ PtHsp36
	Hsp40	PtHsp40-113 / PtHsp40-117
	Hsp60	PtHsp60-31/ PtHsp60-33/ PtHsp60-38/ PtHsp60-49
	Hsp70	PtHsp70-09/ PtHsp70-12 / PtHsp70-25/ PtHsp70-33
	Hsp90	PtHsp90-09 / PtHsp90-12
	Hsp100	PtHsp100-21 / PtHsp100-75
Kadmiyum Stresi	***sHsp***	PtsHsp-44 / PtsHsp-54
	Hsp40	PtHsp40-117
	Hsp60	PtHsp60-06 / PtHsp60-12
	Hsp70	PtHsp70-21 / PtHsp70-28
	Hsp90	PtHsp90-02 / PtHsp90-10 / PtHsp90-12
	Hsp100	PtHsp100-22 / PtHsp100-71

-Kuraklık stresine karşı dayanıklı karakavak klonu olan N.62.191 nolu klon; tuzluluk stresine karşı dayanıklı karakavak klonu Geyve ve Hibrit kavak klonu I-214; Kadmiyum stresine karşı N.03.368A ve I-214 klonları kullanılarak uzun süren gözlemlere dayalı deneme plantasyonları oluşturabilir.

-Çalışmada AAS analizi sonuçlarına göre; Kadmiyum (Cd) ile kirlenmiş toprakların fitoremediasyonu amacıyla; Cd absorbe edebilen, hızlı büyüyen ve derin kök sistemi oluşturan N.03.368A, I-214 ve SAMSUN kavak taksonlarının kullanımı önerilmektedir.

Bu tez çalışması ile; bitkiler de stres ile ilgili moleküler mekanizmalar hakkında ön bilgiler edinilmiş olup, Türkiye odun hammaddesi arzında önemli bir katkı payı olan kavak için, strese karşı toleransın geliştirilmesi açısından ve genom analizleri tamamlanan diğer orman ağaçları için de gelecek çalışmalara altlık ve yeni perspektifler sağlanabilecektir.

KAYNAKLAR

Abolghassem E., Yulong D., Farzad M., and Yinfeng X. (2015). Heavy Metal Stress and Some Mechanisms of Plant Defense Response. *The Scientific World Journal*, vol., Article ID 756120, 18 pages, 2015. doi:10.1155/2015/756120.

Ağba, T. (2013). Ecophysiological investigations in metal stressed Populus tremula L. (Tremelous Poplar)x Populus alba L. (White poplar) 717-1b4, University of İstanbul, Department of Biology, M.Sc. Thesis (unpublished), İstanbul/ Turkey.

Ambros, V., Chen, X. (2007). *The regulation of genes and genomes by small RNAs.* England: Cambridge.

Anonim, (1994). *Türkiye'de Kavakçılık* (Poplar Cultuvation in Turkey). T. C. Orman Bakanlığı, Kavak ve Hızlı Gelişen Tür Orman Ağaçları Araştırma Müdürlüğü, İzmit, Türkiye.

Anonim, (1999). *National poplar commission of Turkey*. Ministry of Forestry, Ankara, 12 s.

Anonim, (2008). *Toksikoloji Ders Notu*, Trakya Üniversitesi, Fen Fakültesi, Biyoloji Bölümü, Trakya.

Anonim, (2013). *Kuraklık ve Ekstrem Şartlara Dayanıklı Türlerin Tespiti ve Adaptasyonu Projesi (Kavak Türleri Örneği).* Orman ve Su İşleri Bakanlığı Çölleşme ve Erozyonla Mücadele Genel Müdürlüğü Araştırma Projesi, Ankara.

Anonim, (2014). *Sürdürülebilir Orman Yönetimi*. ÖGK Raporu, T.C. Kalkınma Bakanlığı, Onuncu kalkınma planı, 2014-2018.

Anonim, (2015). *Türkiye Orman Varlığı*. Ankara.

Anonim, (2016). *Poplars and Willows in Turkey: Country Progress Report of the National Poplar Commision.* General Directorate of Forestry Poplar and Fast Growing Forest Trees Research Institute, s. 1-24.

Ariani, A., Di Baccio, D., Romeo, S., Lombardi, L., Andreucci, A., Lux, A., Horner, D. S. and Sebastiani, L. (2015). RNA Sequencing of *Populus x canadensis* Roots Identifies Key Molecular Mechanisms Underlying Physiological Adaption to Excess Zinc. *Plos One,* 10(2): e0117571.

Arora, A., Sairam, R. K., Srivastava, G. C. (2002). Oxidative stress and antioxidative systems in plants, *Curr. Sci.*, 82, 1227–1238.

Aravind, P., Prasad, M. N. V. (2005). Cadmium-Zinc Interactions in A Hydroponic System Using *Ceratophyllum demersum* L. *Brazil Journal of. Plant Physiology* Vol.17,1.

Asan, Ü. (2008). *Ormancılık Bilgisi*. İstanbul Üniversitesi Orman Fakültesi. Yayın No:308 s, İstanbul.

Ashraf, M., Foolad, M. R. (2007). Roles of glycine betaine and proline in improving plant abiotic stress resistance, *Environmental and Experimental Botany*., 59, 206-216.

Ayan, S., Sivacioglu, A. (2006). Review of the fast growing forest tree species in Turkey. *Boletin del CIDEU*, 2, 57–71.

Ayık, C. (1989). Kavak Yetiştirilmesinde Toprağın Önemi ve Kavakların Yetişme Ortamı İstekleri. *Kavak ve Hızlı Gelişen Yabancı Tür Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Dergisi*, s.1-18, İzmit, Türkiye.

Baccioa, D., Castagna, A., Tognetti, R., Ranieri, A., Sebastiani, L. (2014). Early responses to cadmium of two poplar clones that differ in stress tolerance. *Journal of Plant Physiology*, 171, 1693–1705.

Bailey, T. L., Boden, M., Buske, F.A., Frith, M., Grant, C.E., Clementi, L., Ren, J., Li, W.W., and Noble, W.S. (2009). MEME SUITE: tools for motif discovery and searching. *Nucleic acids research.*, 37: W202-208 doi:10.1093/nar/gkp335.

Baloğlu, M. C., Eldem, V., Hajyzadeh, M., Unver, T. (2014a). Genome-wide analysis of the bZIP transcription factors in cucumber. *Plos One*, 9:e96014 doi:10.1371/journal.pone.0096014.

Baloğlu, M. C., Inal, B., Kavas M, Unver, T. (2014b). Diverse expression pattern of wheat transcription factors against abiotic stresses in wheat species. *Gene*, 550:117-122 doi:https://doi.org/10.1016/j.gene.2014.08.025.

Banzet, N., Richaud, C., Deveaux, Y., Kazmaier, M., Gagnon, J., Triantaphylides, C. (1998). Accumulation of small heat shock proteins, including mitochondrial HSP22, induced by oxidative stress and adaptive response in tomato cells. *Plant J.*, Feb, 13(4), 519-27.

Bartel, D. P. (2004). MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. *Cell*, 116:281-297.

Barua, D., Heckathorn, S. A. (2006). The interactive effects of light and temperature on heat-shock protein accumulation in *Solidago altissima* (Asteracea*e*) in the field and laboratory. *Am. J. Bot*., 93, 102–109.

Baxter, D., Andersen, L. (2008). EU Energy Policy and JRC Activities in Biomass Gasification. European Commission Joint Research Centre, *Biogastech Workshop*, 9-11 April 2008, Gebze, Kocaeli.

Benavides, M. P., Gallego, S. M. (2005). Tomaro, M. L.. Cadmium Toxicity in Plants. *Brazil Journal Plant Physiology*, Vol.17 No.1, Londrina, 21-34.

Birler, A. S. (2010). *Türkiye'de Kavak Yetiştirme*. Kavak ve Hızlı Gelişen Tür Orman Ağaçları Müdürlüğü, 224s, İzmit.

Birler, A. S. (1995). Ormanlarımızın Korunması için Endüstriyel Plantasyonların Önemi. *TEMA Yayınları*, No: 8, 28 s.

Blum, A. (1986). Breeding crop varieties for stress environments. *Critical Reviews in Plant Sciences.*, 2: 199-237.

Bodur, E., Demirpençe, E. (2010). Kodlamayan RNA'lar ve gen susturumu. *Hacettepe Tıp Dergisi*, 41, 8.

Boscaiu, M., Lull, C., Lidon, A., Bautista, I., Donat, P., Mayoral, O. (2008). Plant responses to abiotic stress in their natural habitats. Bulletin UASVM, Horticulture, 65 (1), 53-8.

Boydak, M. (2003). Türkiye'de kavakçılığın önemi ve güncel sorunları, Türkiye Milli Kavak Komisyonu VII Olağan Kurulu tebliğleri, *Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü,* Endüstriyel Ağaçlandırma Çalışmaları Eylem Planı (2013-2023). İzmit, 9-14.

Bösl, B., Grimminger, V., Walter, S. (2006). The molecular chaperone Hsp104 – a molecular machine for protein disaggregation. *J. Struct. Biol.*, 156, 139–148.

Bray, E. (1997). Plant responses to water deficit. *Trends in Plant Science*, 2: 48-54.

Bray, E. A., Bailey-Serres, J. and Weretilnyk, E. (2000). Responses to abiotic stresses, in Biochemistry and Molecular Biology of Plants, Buchanan, B. B., Gruissem, W. And Jones, R. L. (eds.), *American Society of Plant Physiologists*, Rockville, Maryland, 1158-1202 pp.

Brinker, M., Brosche, M., Vinocur, B., Abo-Ogiala, A., Fayyaz, P., Janz, D., Ottow, E.A., Cullmann, A.D., Saborowski, J., Kangasjarvi, J… (2010). Linking the salt transcriptome with physiological responses of a salt-resistant *Populus* species as a strategy to identify genes important for stress acclimation. *Plant Physiol*., 154:1697-1709 doi:10.1104/pp.110.164152.

Burke, J. J., Hatfield, J. L., Klein, R. P., Mullet, J. E. (1985). Accumulation of heat shock proteins in field-grown cotton. *Plant Physiol*., 78, 394–398.

Burton, B. M and Baker, T. A. (2005) . *Remodeling protein complexes*: insights from the AAA+ unfoldase ClpX and Mu transposase. *Protein Sci.,* 14:1945-54.

Bustin, S. A. (2002). Quantification of mRNA using real-time reverse transcription PCR (RT-PCR): trends and problems. *J Mol Endocrinol*, 29(1); 23-39.

Bustin, S. A. (2000). Absolute quantificatication of m RNA using real-time reverse transcription polymerase chain reaction assays. *Journal of Molecular Endocrinology*, 25, 169-193.

Bülbül, S. (2013). Proteomes in salt stressed Populus tremula L. (Tremulous poplar) x Populus alba L. (White poplar) 717-1b4 proteomic investigations, University of İstanbul, Department of Biology, M.Sc. Thesis (unpublished), İstanbul/ Turkey.

Cassels, A. C. and Curry, R. F. (2001). Oxidative stress and physiological, epigenetic and genetic variability in plant tissue culture: implications for micropropagators and genetic engineers, *Plant Cell Tissue and Organ Culture*, 64, 145-167.

Castiglione, S., Todeschini, V., Franchin, C., Torrigiani, P., Gastaldi, D., Cicatelli, A., Rinaudo, C., Berta, G., Biondi, S., Lingua, G. (2009). Clonal differences in survival capacity, copper and zinc accumulation, and correlation with leaf polyamine levels in poplar: A large-scale field trial on heavily polluted soil, *Environ Pollut*., 157:2108–2117.

Chen, Y., Cao, J. (2014). Comparative genomic analysis of the Sm gene family in rice and maize. *Gene,* 539:238-249 doi:10.1016/j.gene.2014.02.006.

Cheong, Y. H., Kim, K. N., Pandey, G. K., Gupta, R., Grant, J. J., Luan, S. (2003). CBL1, a calcium sensor that differentially regulates salt, drought, and cold responses in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 15: 1833–1845.

Chinnusamy, V., Schumaker, K., Zhu, J. K. (2004). Molecular genetic perspectives on cross-talk and specificity in abiotic stress signalling in plants, *J. Exp Bot, 55*(395), 225-36.

Cho, E. K., Choi, Y. J. (2009). A nuclear-localized HSP70 confers thermoprotective activity and drought-stress tolerance on plants. *Biotechnol Lett.*, 31:597–606.

Choi, C. K., Jo, P. G., Choi, C. Y. (2008). Cadmium affects the expression of Hsp90 and metallothionein mRNA in the Pacific oyster, *Crassostrea giga. Comparative Biochemistry and Physiology Part C*., 147: 286-292.

Çiftçi, A. (2013). Genetic diversity of European black poplar (Populus nigra) populations from Turkey assessed by microsatellite DNA markers, Middle East Technical University, Dept. of Biological Sciences, M.Sc. Thesis (unpublished), Ankara / Turkey.

Clemens, S. (2001). Molecular mechanisms of plant metal tolerance and homeostasis. *Planta,* 212:475-486 doi:10.1007/s004250000458.

Clemens, S., Palmgren, M.G. & Krämer, U. (2002). A long way ahead: understanding and engineering plant metal accumulation. *Trends in Plant Science,* 7, 309-315.

Cohen, D., Bogeat-Triboulot, M. B., Tisserant, E., Balzergue, S., Martin, Magniette, M. L., Lelandais, G., Ningre, N., Renou, J. P., Tamby, J. P., Le, Thiec, D, et al. (2010). Comparative transcriptomics of drought responsesin Populus: ametaanalysis of genome - wideexpressionprofiling in mature leaves and root apices across two genotypes. *BMC Genomics,* 11(1):630.

Conesa, A., Götz, S. (2008). Blast2GO: a comprehensive suite for functional analysis in plant genomics. *Int J Plant Genomics*, 2008, 619832. doi: 10.1155/2008/619832.

Cooper, G. M. (2000). Protein Degradation. *The Cell, A Molecular Approach.,* 2nd edition. Sunderland (MA): Sinauer Associates; Boston University.

Cossu, R., M., Giordani, T., Cavallini, A., Natali, L. (2014). High-throughput analysis of transcriptome variation during water deficit in a poplar hybrid: a general overview. *Tree Genetics & Genomes.,* 10:53-66. doi: 10.1007/s11295-013-0661-5.

Coşkun, A. (2009). Mimar Proteinler: Şaperonlar. *Bilim ve Teknik Dergisi*, s. 68-73, Ağustos.

Çavuşoğlu, A., 2001. Kavak (Populus ssp.) Doku Kültürü Sistemlerinin Kurulması ve Somatik Embriyogenez, Doktora Tezi, *Marmara Üniversitesi Fen-Bilimleri Enstitüsü*, İstanbul, 72 s.

Çelik Altunoğlu, Y. (2016). Isı şoku protein ailesinden Hsp70 genlerinin Okaliptüs genomunda saptanması ve karakterizasyonu. Kastamonu Üniversitesi, *Orman Fakültesi Dergisi,* 2016, 16 (2):497-509

Çelik Altunoglu, Y., Baloglu, P., Yer, E. N., Pekol, S., Baloglu, M. C. (2016). Identification and expression analysis of LEA gene family members in cucumber genome. *Plant growth regulation.,* v. 80: pp. 225-241-2016 v.2080 no.2012 doi:10.1007/s10725-016-0160-4.

Çelik Altunoglu, Y., Baloglu, M. C., Baloglu, P., Yer, E. N., Kara, S. (2017). Genome-wide identification and comparative expression analysis of LEA genes in watermelon and melon genomes. *Physiology and molecular biology of plants: an international journal of functional plant biology,* 23:5-21 doi:10.1007/s12298-016-0405-8.

Çepel, N. (1995). *Orman Ekolojisi Der Kitabı. İ.Ü Yayınları.* Orman Fakültesi Yayın No: 423.

Dai, Hui-Ping., Chan-Juan , Shan., Genliang, Jia., Chao, Lu., Tu-Xi Yang and An-Zhi Wei. (2013). Cadmium detoxification in *Populus*×*canescens*. *Turkish Journal of Botany,* 37: 950-955.

Dai, X., Zhao, P. X. (2011). psRNATarget: a plant small RNA target analysis server. *Nucleic acids research,* 39:W155-159 doi:10.1093/nar/gkr319.

Dat, J. F., Foyer, C. H., Scott, I. M. (1998). Changes in salicylic acid and antioxidants during induction of thermotolerance in mustard seedlings. *Plant Physiol*., 118, 1455–1461.

Davis, P.H. (1982). Flora of Turkey, 190p. Edinburgh.

Demirevska, K., Simova-Stoilova, L., Vassileva, V., and Feller , U. (2008). Rubisco and some chaperone protein responses to water stress and rewatering at early seedling growth of drought sensitive and tolerant wheat varieties. *Plant Growth Regul.,* 56: 97-106.

Di Lonardo, S., Capuana, M., Arnetoli, M., Gabbrielli, R., Gonnelli, C. (2011). Exploring the metal phytoremediation potential of three Populus alba L. clones using an in vitro screening. *Environ Sci Pollut Res.*, 18:82–90.

Diamant, S., Eliahu, N., Rosenthal, D., Goloubinoff, P. (2001). Chemical chaperones regulate molecular chaperones in vitro and in cells under combined salt and heat stresses. *J Biol Chem*., Oct 26, 276(43), 39586-91.

Dickmann, D. I., Kuzovkina, J. (2014). Poplars and Willows of the World, With Emphasis on Silviculturally Important Species. *Poplars and Willows* (Edt. Isebrands J.G. and Richardson J.), *Tree for Society and the Environment*, FAO and CABI.

Eckenwalder, J. E. (1996). Systematics and evolution of Populus. In: Stettler, R.F., Bradshaw,H.D., Jr., Heilman, P.E., and Hinckley., T.M. (eds) *Biology of Populus and its implications for management and conservation.* NRC Research Press, National Research Council of Canada, Ottawa, Ontario, Canada, 7-32.

Ellis, R. J. (1997). Do molecular chaperones have to be protein. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 238: 687-692.

Elobeid, M., Göbel, C., Feussner, I., Polle, A. (2012). Cadmium interferes with auxin physiology and lignification in poplar. *J Exp Bot., doi* :10.1093/jxb/err384.

Eulgem, T., Rushton, P. J., Robatzek, S., Somssich, I. E. (2000). The WRKY superfamily of plant transcription factors. *Trends in plant science*, 5(5),199-206.

Farcy, E., Serpentini, A., Fievet, B., Lebel, J.M. (2007). Identification of cDNAs *encoding HSP70 and HSP90* in the abalone *Haliotis tuberculata*: Transcriptional induction in response to thermal stress in hemocyte primary culture, *Comparative Biochemistry and Physiology*, Part B., 146(4): 540-550.

Feder, M. E., Hoffmann, G. E. (1999). Heat shock proteins, molecular chaperones, and the stress response: evolutionary and ecological physiology. *Annu Rev Physiol.,* ;61:243–282.

Ferguson, D. L., Guikema, J. A., Paulsen, G. M. (1990). Ubiquitin pool modulation and protein degradation in wheat roots during high temperature stress. *Plant Physiol*. 92, 740–746.

Filiz, E., Çiçek, E., Aydın, Y. (2011). Orman Genetiği ve Biyoteknolojisi. *Süleyman Demirel Üniversitesi Orman Fakültesi Dergisi*, 12: 155-162.

Fox, P. F., McSweeney, P. L. H. (1998). Dairy Chemistry and Biochemistry. *Blackie Academic and Professional Publishers,* London.

Fryer, R. M., Randall, J., Yoshida, T., Hsiao, L.L., Blumenstock, J., Jensen, K.E... (2002). Global analysis of gene expression methods, interpretation, and pitfalls. *Exp Nephrol*., 10(2):64-74.

Gaspar, T., Franck, T., Bisbis, B., Kevers, C., Jouve, L., Hausman, J. F., Dommes, J. (2002). Concepts in plant stress physiology. Application to plant tissue cultures, *Plant Growth Regulation*, 37, 263-285.

Gasteiger, E., Gattiker, A., Hoogland, C., Ivanyi, I., Appel, R. D., Bairoch A. (2003). ExPASy: theproteomicsserverforin-depthprotein knowledge and analysis. *Nucl Acids Res.,* 31,3784–3788.

Ghatak, A., Chaturvedi, P., Nagler, M., Roustan, V., Lyon, D., Bachmann, G., Postl, W., Schrofl, A., Desai, N., Varshney, R. K… (2016). Comprehensive tissue-specific proteome analysis of drought stress responses in *Pennisetum glaucum* (L.) (*Pearl millet*). *J Proteomics*, 143:122-135.

Gill, T., Cai, T., Aulds, J., Wierzbicki, S., Schmitt, M. E. (2004). RNase MRP cleaves the CLB2 mRNA to promote cell cycle progression: novel method of mRNA degradation. *Mol Cell Biol.,* 24:945-953.

Gonzalez, B., Hernando, R., Manso, R. (2000). Stress proteins of 70 kDa in chronically exercised skeletal muscle. *Pflügers Arch*., 440:42–49.

Gonzalez-Schain, N., Dreni, L., Lawas, L. M., Galbiati, M., Colombo, L., Heuer, S., Jagadish, K. S., Kater, M. M. (2016).Genome-Wide Transcriptome Analysis During Anthesis Reveals New Insights into the Molecular Basis of Heat Stress Responses in Tolerant and Sensitive Rice Varieties. *Plant Cell Physiol.,* 57:57-68 doi:10.1093/pcp/pcv174.

Goodstein, D. M., Shu, S., Howson, R., Neupane, R., Hayes, R. D. et al. (2012). Phytozome: a comparative platform for green plant genomics. *Nucleic Acids Res.,* 40: D1178–D1186. doi: 10.1093/nar/gkr944.

Gözükırmızı, N., Bayroviç, K., Boydak, M., Çalıkoğlu, M., Tank, T., Özden, Ö., Tunçtaner, K., Tulukçu, M., Balkan, H., İpekçi, Z. ve Tanrıyar, H. 1997. Kavak (*Populus*) klonları üzerinde biyoteknolojik çalışmalar. *13. Ulusal Biyoloji Kongresi* (17-20 Eylül 1996, İstanbul) Cilt 2, s. 73-82.

Grigorova, B. (2010). Plant heat shock proteins as molecular chaperones in normal and stress conditions. Chapter 17 in: *Handbook of Molecular Chaperones*: Roles, Structures and Mechanisms. Eds P. Durante and L. Colicci, Nova Sci Publishers.

Guleria, P., Yadav, S. K. (2011). Identification of miR414 and expression analysis of conserved miRNAs from *Stevia rebaudiana*. *Genomics, proteomics & bioinformatics,* 9:211-217 doi:10.1016/s1672-0229(11)60024-7.

Gupta, S. C., Sharma, A., Mishra, M., Mishra, R., Chowdhuri, D. K. (2010). Heat shock proteins in toxicology: how close and how far? *Life Sci.,* 86, 377–384.

Gurley, W. B. (2000). HSP101: a key component for the acquisition of thermotolerance in plants. *The Plant Cell*, 12(4), 457-60.

Gündoğdu, A. K., Karahan, A. G. (2008). Nutrigenomik Teknolojileri. *SDÜ Mühendislik Mimarlık Fakültesi Dergisi,* 33 (4): 183-191.

Günel, T. (2007). Gen anlatımının kantitatif analizi Real-Time PCR. *Klinikleri Journal of Medical Sciences,* 27, 763-767.

Gürel, A., Avcıoğlu, R. (2001). *Bitkilerde Strese Dayanıklılık Fizyolojisi*. (Selçuk Üniversitesi Vakfı Yayınları, 21. Bölüm, Bitki Biyoteknolojisi II, Genetik Mühendisliği ve Uygulamaları. Ed: S., Özcan, E., Gürel ve M. Babaoğlu, Selçuk Üniversitesi Vakfı Yayınları, 303- 313.

Hale, M. G., Orcutt, D. M. (1987). *The Physiology of Plants under Stress*. John Wiley & Sons Inc., New York, 1-4 pp.

Hall, J. L. (2002). Cellular mechanisms for heavy metal detoxification and tolerance. *Journal of Experimental Botany,* 53, 1-11.

Harfouche, A., Meilan, R and Altman, A. (2014). Molecular and physiological responses to abiotic stress in forest trees and their relevance to tree improvement. *Tree Physiol.*, 34: 1181-1198. https://doi.org/10.1093/treephys.

Hasan, S. A., Fariduddin, Q., Ali, B., Hayat, S., Ahmad, A. (2009*).* Cadmium: Toxicity and tolerance in plants. *Journal of Environmental Biology*, 30, 165-174.

Hasegawa, Y., Seki, M., Mochizuki, Y., Heida, N., Hirosawa, K., Okamoto, N., Sakurai, T., Satou, M., Akiyama, K., Iida, K., *et al.* (2006). A flexible representation of omic knowledge for thorough analysis of microarray data. *Plant Methods*, 2: 5-5.

He, J., Li, H., Luo, J., Ma, C., Li, S., Qu, L., Gai, Y., Jiang, X., Janz, D., Polle, A., Tyree, M., Luo Z. (2013a). A Transcriptomic Network Underlies Microstructural and Physiological Responses to Cadmium in *Populus canescens L. Plant Physiology*, Vol. 162, pp. 424–439.

He, J., Ma, C., Ma, Y., Li, H., Kang, J., Liu, T., Polle, A. (2013b). Cadmium tolerance in six poplar species. *Environ Sci Pollut Res.*, 20:163–174, doı 10.1007/s11356-012-1008-8.

He, J., Qin, J., Long, L., Ma, Y., Li, H., Li, K., Jiang, X., Liu, T., Polle, A., Liang, Z., Luo, Z. B. (2011). Net cadmium flux and accumulation reveal tissue-specific oxidative stress and detoxification in *Populus*×*canescens*. *Physiol Plant* 143:50–63.

Heid, C. A., Stevens, J., Livak, K. J. (1996). Real time quantitative PCR. *Genome Res.*, 6 (10): 94-986.

Hendrick, J.P., Hartl, F. U. (1993). *Molecular chaperone functions of heat-shock proteins*, 1993, *Annu. Rev. Biochem*, 62, 349-384.

Higgen, M., Sharma, T., Wharburg, T. (1985). *Biotechnology. Thomson Pres*, NewYork.

Higuchi, R., Fockler C., Dollinger G., Watson R. (1993). Kinetic PCR analysis: realtime monitoring of DNA amplification reactions. Biotechnology (NY), 11(9), 1026-30.

Hjelm, B., Mola-Yudego, B., Dimitriou, I., Johansson, T. (2015). Diameter–Height Models for Fast-growing Poplar Plantations on Agricultural Land in Sweden. BioEnergy Research, 8(4), 1759-1768. doi: 10.1007/s12155-015-9628-8.

Hoagland, D. R., Arnon, D. I. (1950). The Water-Culture Method for Growing Plants Without Soil. *Cal. Agric, Exp. Sta. Ciro*, 347: 1–32.

Hu, B., Jin, J., Guo, A. Y., Zhang, H., Luo, J., And Gao, G. (2015). GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*, 31(8), 1296-1297.

Hu, W., Hou, X., Huang, C., Yan, Y., Tie, W., Ding, Z., Wei, Y., Liu, J., Miao, H., Lu, Z... (2015). Genome-wide identification and expression analyses of aquaporin gene family during development and abiotic stress in banana. *Int J Mol Sci.*, 16:19728-19751 doi:10.3390/ijms160819728.

Hu, W., Hu, G., 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 Sci*., 176, 583–590.

Huner, N. P. A., Öqüist, G., Sarhan, F. (1998). Energy balance and acclimation to light and cold, *Trends in Plant Science*, 3 (6): 224-230.

Hussain, T., Chandrasekhar, T., Hazara, M., Sultan, Z. (2008). Recent advances in salt stress biology - a review. *Molecular Biology Reports*, 3(1), 8-13.

Isik, F., Toplu, F. (2004). Variation in juvenile traits of natural black poplar *Populus nigra L.* clones in Turkey. *New Forests*, 27, 175–187.

Jackson-Constan, D., Akita, M., Keegstra, K. (2001). Molecular chaperones involved in chloroplast protein import. *Biochim. Biophys. Acta* 1541, 102–113.

Jain, M., Nijhawan, A., Arora, R., Agarwal, P., Ray, S., Sharma, P., Kapoor, S., Tyagi, A.K., Khurana, J.P. (2007). F-Box Proteins in Rice. Genome-Wide Analysis, Classification, Temporal and Spatial Gene Expression during Panicle and Seed Development, and Regulation by Light and Abiotic Stress. *Plant Physiol*, 143:1467-1483 doi:10.1104/pp.106.091900.

Jakoby. M., Weisshaar, B., Dröge-Laser, W., Vicente-Carbajosa, J., Tiedemann, J., Kroj, T., Parcy, F. (2002). bZIP transcription factors in Arabidopsis. *Trends in plant science*, 7(3), 106-11.

Jakovljevic, T., Bubalo, M. C., Orlovic, S., Sedak M., Bilandzic, N., Brozincevic, I., Redovnikovic IR. (2014). Adaptive response of poplar (*Populus nigra* L.) after prolonged Cd exposure period. *Environmental science and pollution research international*, 21:3792-3802 doi:10.1007/s11356-013-2292-7.

Janz, D., Behnke, K., Schnıtzler, J.-P., Kanawatı, B., Schmgttkopplın, P., Polle, A. (2010). Pathway analysis of the transcriptome and metabolome of salt sensitive and tolerant poplar species reveals evolutionary adaption of stress tolerance mechanisms, *BMC Plant Biology*, 10, 150.

Jayawickrama, K.J.S. and Carson, M.J. (2000). A breeding strategy for the New Zealand Radiata Pine Breeding Cooperative. *Silvae Genetica*, 49: 82-90.

Jefferys, B, R., Kelley, L. A., Sternberg , M. J. E. (2010). Protein folding requires crowd control in a simulated cell. *J Mol Biol.,* 397:1329–1338. doi: 10.1016/j.jmb.2010.01.074.

Jeong, H. J., Jung, K. H. (2015). Rice tissue-specific promoters and condition-dependent promoters for effective translational application. *J Integr Plant Biol.,* 57(11): 913-924.

Jiali, He; Hong, Li; Jie, Luo; Chaofeng, Ma; Shaojun ,Li; Long ,Qu; Ying ,Gai; Xiangning, Jiang; Dennis, Janz; Andrea, Polle; Melvin, Tyree; Zhi-Bin, Luo.A. (2013). Transcriptomic Network Underlies Microstructural and Physiological Responses to Cadmium in *Populus x canescens*. *Plant Physiol.,* 162(1):424 Europe PMC 23530184.

Jouve, L., Franck, T., Gaspar, T., Cattivelli, L. and Hausman, J. F. (2000). Poplar acclimation to cold during in vitro conservation at low non-freezing temperature: metabolic and proteic changes, *Journal of Plant Physiology*, 157, 117-123.

Jung, K. H., Gho, H. J., Nguyen, M. X., Kim, S. R., An, G. (2013). Genome-wide expression analysis of HSP70 family genes in rice and identification of a cytosolic HSP70 gene highly induced under heat stress. *Funct Integr Genomics.,* 13(3): 391-402.

Kahvecioğlu, Ö., Kartal, G., Güven, A., Timur, S. (2001). Metallerin Çevresel Etkileri-I *İTÜ*, Metalürji ve Malzeme Müh. Bölümü, *Metalurji Dergisi*, 136, İstanbul 47-53.

Kalefetoğlu, T., Ekmekçg, Y. (2005). The Effects Of Drought On Plants And Tolerance Mechanisms, *G.U. Journal of Science*, 18(4): 723-740.

Kanber, R., Kırda, C, Tekinel, O. (1992). Sulama Suyu niteliği ve Sulamada Tuzluluk Sorunları. *Ç.Ü. Ziraat Fakültesi Genel Yay.*, No. 21, Ders kitapları Yay. No. 6, Adana, 341 s.

Kantarcı, M. D. (2005). *Orman Ekosistemleri Bilgisi*. İ.Ü. Orman Fakültesi Yayınları. İ.Ü. Yayın No:4594, O.F. Yayın No: 488 İstanbul.

Karaosmanoğlu, F. (2003). Yenilenebilir enerji kaynakları ve Türkiye. *Görüş Dergisi,* 30 – 34.

Kavas, M., Kizildogan, A., Gokdemir, G., Baloglu, M. C. (2015). Genome-wide investigation and expression analysis of AP2-ERF gene family in salt tolerant common bean. *Excli. J.,* 14:1187-1206 doi:10.17179/excli 2015-600.

Kaya, Z., Semerci, A., Karahan, A., Kahraman, T., Kahraman, F. K., Karata, H. (2014). *Türkiye Karakavak Gen Kaynaklarının Genetik Karakterizasyonu ve Karakavak Moleküler Islah Programının Geliştirilmesi*. TOVAG-110O570

(Tarım, Ormancılık ve Veterinerlik Araştırma Destek Grubu) sonuç raporu, Ankara.

Kee, S. C., Nobel, P. S. (1986). Concomitant changes in high temperature tolerance and heat–shock proteins in desert succulents. *Plant Physiol*., 80, 596–598.

Kelley, L. A., Mezulis, S., Yates, C. M., Wass, M. N., Sternberg, M. J. E. (2015). The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. *Nature protocols*, Vol.10 No.6, 845-858. doi:10.1038/nprot.2015.053.

Kelley, L. A., Sternberg, M. J. E. (2009). Protein structure prediction on the Web: a case study using the Phyre server. *Nature Protocols*, 4, 363-371.

Khraiwesh, B., Zhu, J. K., Zuh, J. (2012). Role of miRNAs and siRNAs in biotic and abiotic stress responses of plants. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1819, 137 – 148.

Kiang, J. G., Tsokos, G. C. (1998). *Heat shock protein 70 kDa*: molecular biology, biochemistry and physiology. *Pharmacol Ther.*, 80:183–201.

Kilian, J., Whitehead, D., Horak, J., Wanke, D., Weinl, S., Batistic, O., Bornberg.-Bauer., E., D'Angelo, Kudla, J., Harter, K. (2007). The AtGenExpress global stress expression data set: protocols, evaluation and model data analysis of UV-B light, drought and cold stress responses. *Plant J*., 50, 347–363.

Kim, E., Ly, V., Hatherell, A., Schroeder, D. F. (2012). Genetic Interactions Between Arabidopsis DET1 and UVH6 During Development and Abiotic Stress Response. G3: *Genes*|*Genomes*|*Genetics*, 2(8): 913-920.

Kim, H. J., Hwang, N. R., Lee, K. J. (2007). Heat shock responses for understanding diseases of protein denaturation. *Mol. Cells*, 23, 123–131.

Kim, M., Kim, H., Lee, W., Lee, Y., Kwon, S., Lee, Joohyun. (2015). Quantitative shotgun proteomics analysis of rice anther proteins after exposure to high temperature. *Int J Genom*, 2015:238704. doi:10.1155/2015/238704.

Klein, D. (2002). Quantification using real-time PCR technology: applications and limitations. *Trends Mol. Med.*, 8 (6):60-257.

Koçer, S. (1999). Türkiye'de Kayakçılığın Geliştirilmesinde Yeni Finansman Olanakları. *Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü*, Teknik Bülten No:190, İzmit.

Kolesnikov, N. E., Hastings, M., Keays, O., Melnichuk, Y. A., Tang, E., Williams, M., Dylag, N., Kurbatova, M., Brandizi, T., Burdett, K., Megy, E., Pilicheva, G., Rustici, A., Tikhonov, H., Parkinson, R., Petryszak, U., Sarkans,

Brazma, A. (2015). ArrayExpress update--simplifying data submissions. *Nucleic Acids Res.,* 43(Database issue): D1113-1116.

Koning, A.J., Rose, R., Comai, L. (1992). Developmental Expression of Tomato Heat-Shock Cognate Protein 80. *Plant Physiol*., Oct, 100(2), 801-11.

Konukçu, M. (2001). Ormanlar ve Ormancılığımız. DPT Yayın No: 2630, Ankara. ISBN: 975-19-2875-3.

Korkmaz, H., Durmaz, A. (2017). Bitkilerin Abiyotik Stres Faktörlerine Verdiği Cevaplar. *GÜFBED,* 7 (2): 192-207.

Kosova, K., Vitamvsa, P., Prasila, I. T. ve Renaut, J. (2011). Plant proteome changes under abiotic stress - Contribution of proteomics studies to understanding plant stress response, *Journal of Proteomics*, 74, 1301-1322.

Kömürcü-Bayrak, E., Erginel-Ünaltuna, N. (2011). Gen Anlatımı Analiz Yöntemlerine Genel Bakış. *Deneysel Tıp Araştırma Enstitüsü Dergisi,* l (2), 28-35.

Kramer, U. (2010). Metal hyperaccumulation in plants. *Annu Rev Plant Biol,* 61:517–534.

Kregel, K. C. (2002). *Heat shock proteins*: modifying factors in physiological stress responses and acquired thermotolerance. *J. Appl. Physiol.*, 92: 2177- 2186.

Krishna, P., Gloor, G. (2001). The Hsp90 family of proteins in *Arabidopsis thaliana*. *Cell Stress Chaperones*., Jul, 6(3), 238-46.

Krishna, P., Reddy, R. K., Sacco, M., Frappier, J. R., Felsheim, R. F. (1997). Analysis of the native forms of the 90 kDa heat shock protein (Hsp90) in plant cytosolic extracts. *Plant Mol Biol*., Feb, 33(3), 457-66.

Kubista, M., Andrade, J.M., Bengtsson, M., Forootan, A., Jonák, J., Lind, K., et al. (2006). The real-time polymerase chain reaction. *Mol Aspects Med, 27*, 95-125.

Kumar, R., Nagarajan, N. S., Arunraj, S.P. et al . (2012). HSPIR: a manually annotated heat shock protein information resource. *Bioinformatics Applications Note* 28(21): 2853-2855. doi:10.1093/bioinformatics/bts520.

Kuska, B. (1998). How genomics came into being. *J Natl Cancer Inst*, 90(2): 93.

Kwok, Ş., Higuchi, R. (1989). Avoiding false positives with PCR. *Nature,* 339, 237 - 238.

Larcher, W. (1995). *Plants Under Stress, in Physiological Plant Physiology*, Larcher, W. (ed.), Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, 321-448 pp.

Larkindale, J., Hall, J.D., Knight, M.R., Vierling, E. (2005). Heat stress phenotypes of *Arabidopsis* mutants implicate multiple signaling pathways in the acquisition of thermotolerance. *Plant Physiol*. 138, 882–897.

Laureysens, I., De Temmerman, L., Hastir, T., Van Gysel, M., Ceulemans, R. (2005). Clonal variation in heavy metal accumulation and biomass production in a poplar coppice culture, II. Vertical distribution and phytoextraction potential, *Environ Pollut.,* 133:541–551.

Lay, M. J., Wittwer, C. T. (1997). Real-time fluorescence genotyping of factor V Leiden during rapid- cycle PCR. *Clinical Chemistry*, Dec;43(12):2262-7.

Lee, T., Tang, H., Wang, X., Paterson, A. (2013). PGDD: a database of gene and genome duplications in plants. *Nucleic Acids Res.,* 41, D1152-D1158 doi:10.1093/nar/gks1104.

Lee, B. H., Won, S. H., Lee, H. S., Miyao, M., Chung, W. I., Kim, I.J., Jo, J. (2000). Expression of the chloroplast-localized small heat shock protein by oxidative stress in rice. *Gene,* 245, 283–290.

Lee, G. J., Vierling, E. (2000). A small heat shock protein cooperates with heat shock protein 70 systems to reactivate a heat-denatured protein. *Plant Physiol*., 122, 189–197.

Lee, T. H., Tang, H., Wang, X., Paterson, A. H. (2013). PGDD: a database of gene and genome duplication in plants. *Nucleic acids research*, 41:D1152-1158 doi:10.1093/nar/gks1104.

Lee, Y. R., Nagao, R. T., Key, J. L. (1994). A soybean 101-kD heat shock protein complements a yeast HSP104 deletion mutant in acquiring thermotolerance. *Plant Cell*., Dec, 6(12), 1889-97.

Letunic, I., Bork , P. (2016). Interactive tree of life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees. *Nucleic Acids Res*, doi: 10.1093/nar/gkw290.

Letunic, I., Doerks, T., Bork, P. (2012). SMART 7: recent updates to the protein domain annotation resource. *Nucleic Acids Res.,* 40, 302-305.

Levitt, J. (1980). Responses of Plant to Environmental Stresses, Vol. 1, *Academic Press,* New York, 318 pp.

Levitt, M., Gerstein, M., Huang, E., Subbiah, S., Tsai, J. (1997). *Protein folding*: the endgame. *Annu. Rev. Biochem*., 66, 549–579.

Li, B., Duan, H., . Li, J., Deng, X. W., Yin, W. and Xia, X. (2013). Global identification of miRNAs and targets in Populus euphratica under salt stress. *Plant Mol Biol*., 81(6): 525-539.

Li, Q. B., Haskell, D. W., Guy, C. L. (1999). Coordinate and non-coordinate expression of the stress 70 family and other molecular chaperones at high and low temperature in spinach and tomato. *Plant Mol Biol*., Jan, 39(1), 21-34.

Lim, C., Yang, J., Hong, K. A., Choi, J. K., Yun, J. S., Hong, D., Chung, bJ., J. C., Lee, W.S., Cho, S.Y., Lim, M.J., CO. (2006). Gene expression profiles during heat acclimation in Arabidopsis thaliana suspension-culture cells. *J Plant Res* 119 373–383.

Lin, B. L., Wang, J.S., Liu, H. C., Chen, R.W., Meyer, Y., Barakat, A., Delseny, M., (2001). Genomic analysis of the Hsp70 superfamily in *Arabidopsis thaliana. Cell Stress Chaperones,* 6 doi:2.0.co;2.

Lindquist, S., Craig, E. A. (1988). The heat-shock proteins. *Annu. Rev. Genet.,* 22, 631-677.

Liu, D., Zhang, X., Cheng, Y., Takano, T., Liu, S. (2006). rHsp90 gene expression in response to several environmental stresses in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Physiol Biochem*., May-Jun, 44(5-6), 380-6.

Liu, J., Zhu, J. K. (1998). A calcium sensor homolog required for *plant salt tolerance. Science* 280, 1943–1945.

Liu, Z., Xin, M., Qin, J., Peng, H., Ni, Z., Yao, Y., and Sun, Q. (2015). Temporal transcriptome profiling reveals expression partitioning of homeologous genes contributing to heat and drought acclimation in wheat *Triticum aestivum L. BMC Plant Biology* 15: 152.

Livak, K. J., Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2(-Delta Delta C(T)). *Method Methods San Diego,* 25:402-408 doi:10.1006/meth.2001.1262.

Lubben, T. H., Donaldson, G. K., Viitanen, P. V., and Gatenby, A. A. (1989). Severa1 proteins imported into chloroplasts form stable com- plexes with the groEL-related chloroplast molecular chaperone. *Plant Cell,* 1223-1230.

Lund, P. A. (2001). *Molecular chaperones in the cell*. Oxford University Press, Oxford.

Lynch, M. ve Conery, J.S .(2000). The evolutionary fate and consequences of duplicate *genes. Science,* 290: 1151–1155. doi: 10.1126/science.290.5494.1151.

Ma, T., Wang, J., Zhou, G., Yue, Z., Hu, Q., Chen, Y., Liu, B., Qiu, Q., Wang, Z., Zhang, J., Wang, K., Jiang, D., Gou, C., Yu, L., Zhan, D., Zhou, R., Luo, W., Ma, H., Yang, Y., Pan, S., Fang, D., Luo, Y., Wang, X., Wang, G., Wang, J., Wang, Q., Lu, X., Chen, Z., Liu, J., Lu, Y., Yin, Y., Yang, H., Abbott, R. J., Wu, Y., Wan, D., Li, J., Yin, T., Lascoux, M., Difazio, S. P., Tuskan, G. A., Wang, J. and Liu, J. (2013). Genomic insights into salt adaptation in a desert poplar. *Nat Commun.*, 4: 2797.

Madhova Rao, K.V., Raghavendra, A.S., Janardhan Reddy, K. (2005). Physiology and Molecular Biology of Stress Tolerance in Plants. *Netherland, Springer*, 345.

Mahajan, S., Tuteja, N. (2005). Cold, salinity and drought stresses: An overview. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 444, 139–158.

Marmiroli, M., Imperiale, D., Maestri, E., Marmiroli, N. (2013). The response of Populus spp. to cadmium stress: Chemical, morphological and proteomics study. *Chemosphere*, 93:1333-1344.

Marrs, K. A., Casey, E. S., Capitant, S. A., Bouchard, R. A., Dietrich, P. S., Mettler, I. J., et al. (1993). Characterization of two maize HSP90 heat shock protein genes: expression during heat shock, embryogenesis, and pollen development. *Dev Genet.*, 14(1), 27-41.

Matz, C. J., Treble, R. G., Krone, P. H., (2007). Accumulation and elimination of cadmium in larval stage zebrafish following acute exposure, *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 66: 44–48.

Maxam, A. ve Gibert, W. (1977). A new method of sequencing DNA. *PNAS*; 74: 560-4.

Mayer, M., Brehmer, P., Gassler, D. C. S. and Bukau, B. (2001). Hsp70 chaperone machines. *Adv Protein Chem*, 59, 1-44.

McKay, H. (2011). Short Rotation Forestry: review of growth and environmental impacts. *Forest Research Monograph*, 2, Forest Research, Surrey.

Meagher, R. B. (2000). Phytoremediation of Toxic Elemental and Organic Pollutants. *Current Opinion in Plant Biology*, Vol. 3 p.153–162.

Meena, K. K., Sorty, A. M., Bitla, U. M., Choudhary, K., Gupta, P., Pareek, A., Singh, D. P., Prabha, R., Sahu, P. K., Gupta, V. K., Singh, H. B., Krishanani, K. K., Minhas, P. S. (2017). Abiotic Stress Responses and Microbe-Mediated Mitigation in Plants: The Omics Strategies. *Front. Plant Sci.*, 8:172. doi: 10.3389/fpls.2017.00172.

Merquiol, E., Pnueli, L., Cohen, M., Simovitch, M., Rachmilevitch, S., Goloubinoff, P., Kaplan, A., Mittler, R. (2002). Seasonal and diurnal variations in gene

expression in the desert legume Retama raetam. *Plant Cell Environ*., 25, 1627–1638.

Miernyk, J. A. (2001). The J-domain proteins of Arabidopsis thaliana: an unexpectedly large and diverse family of chaperones. *Cell Stress and Chaperones,* 6:209-218.

Miernyk, J. A., (1999). Protein folding in the plant cell. *Plant Physiol*. 121, 695–703.

Milioni, D. ve Hatzopoulos, P. (1997). Genomic organization of Hsp90 gene family in Arabidopsis. *Plant Mol Biol*., Dec, 35(6), 955-61.

Mishra, A. K. ve Singh, V. P. (2010). A review of drought concepts. *Journal of Hydrology*, 391: 202–216.

Morimoto, R. I. ve Santoro, M. G. (1998). Stress-inducible responses and heat shock proteins: new pharmacologic targets for cytoprotection. *Nat*. *Biotechnol*., 16, 833–838.

Morimoto, R.I., Tissieres, A. ve Georgopoulos, C. (1994). Heat Shock Proteins: Structure, Function and Regulation. Cold Spring Harbor Lab. Press, *Cold Spring Harbor,* NY.

Munns, R. ve Tester, M. (2008). Mechanisms of salinity tolerance. *Annual Review of Plant Biology*, 59, 651-681.

Nagajyoti, P. C., Lee, K. D. ve Sreekanth, T. V. M. (2010). Environ Chem Lett Sreekanth, Heavy metals, occurrence and toxicity for plants: a review. *Environmental Chemistry Letters, vol*. 8, no. 3, pp. 199–216.

Najafi, M., Farahani, B., (2013). Epigenetics of Stress Adaptation in Arabidopsis: the Case of Histone Modifications. *Electronic Thesis and Dissertation Repository*. 1174.

Nakamoto, H., Vıgh, L. (2007). The small heat shock proteins and their clients. *Cell Mol. Life Sci*. 64, 294–306.

Neill, S. J., Burnett, E. C .(1999). Regulation of gene expression during water deficit stress. *Plant Growth Regul,* 29:23–33. doi:10.1023/ a:1006251631570.

Niess, D. H. (1999). Microbial heavy-metal resistance. *Appl. Microbiol. Biotech*., 51, 730-750.

Nijhawan, A., Jain, M., Tyagi, A. K., Khurana, J. P. (2008). Genomic Survey and Gene Expression Analysis of the Basic Leucine Zipper Transcription Factor Family in Rice. *Plant Physiol* 146:333-350 doi:10.1104/pp.107.112821.

Nollen, E. A. A., Brunsting, J. F., Roelofsen, H., Weber, L. A., Kampinga, H. H. (1999). In vivo chaperone activity of heat shock protein 70 and thermotolerance. *Molec. Cell. Biol*. 19, 2069–2079.

Ojima, N. (2005). Rainbow trout Hspb1 (Hsp27): Identification of two mRNA splice variants that show predominant expression in muscle tissues. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B*, 148(3): 277-285.

Okutucu, B. ve Pehlivan, S. (2003). Reverz-Transkriptaz Polimeraz Zincir Reaksiyonu (RT-PCR) ve Uygulama Alanları. *Archives Medical Review Journal*, 12 (2), 138-148.Turkish.

Ortiz, C. ve Cardemil, L. (2001). Heat-shock responses in tow leguminous plants: a comparative study. *J. Exp. Bot.* 52, 1711–1719.

Ouedraogo, A. S. (1997). Conversation and use of forest genetic resources, *Proceedings of the XI. World Forestry Congress*. Volume II, Antalya, 173-184.

Öner, N. ve Aslan, S. (2002). Titrek kavak (*Populus tremula* l.) odununun teknolojik özellikleri ve kullanım yerleri, *Süleyman Demirel Üniversitesi, Orman Fakültesi Dergisi*, Seri: A, Sayı: 1, ISSN: 1302-7085, Sayfa:135-146.

Özbolat, G. ve Tuli, A. (2016). Effects of Heavy Metal Toxicity on Human Health. *Archives Medical Review Journal*, 25(4):502-521, doi:10.17827/aktd.253562.

Öztürk, N. Z. (2015). Bitkilerin Kuraklık Stresine Tepkilerinde Bilinenler ve Yeni Yaklaşımlar. *Türk Tarım-Gıda Bilim ve Teknoloji Dergisi*, 3 (5):307-315.

Panaretou, B. ve Zhai, C. (2008). The heat shock proteins: their roles as multi-component machines for protein folding. *Fungal biol. rev*., 22, 110–119.

Pandey, S. P. ve Somssich, I. E. (2009). The role of WRKY transcription factors in plant immunity. *Plant Physiol* 150: 1648–1655.

Pantzartzi, C. N., Kourtidis, A., Drosopoulou, E., Yiangou, M., Scouras, Z.G. (2009). Isolation and characterization of two cytoplasmic Hsp90s from Mytilus galloprovincialis (Mollusca: Bivalvia) that contain a complex promoter with a p53 binding site. *Gene*, 431(1-2): 47-54.

Pareek, A., Singla, S. L., Grover, A. (1998). Plant Hsp90 family with special reference to rice. *J. Biosci*., 23, 361–367.

Parida, A. K. ve Das, A. B. (2005). Salt tolerance and salinity effects on plants. A review. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 60(3), 324-349.

Parihar, P., Singh, S., Singh, R., Singh, V. P., Prasad, S. M. (2015). Effect of salinity stress on plants and its tolerance strategies: a review. *Environmental Science and Pollution Research, 22*(6), 4056-4075. doi: 10.1007/s11356-014-3739-1.

Parsel, D. A. ve Linquist, S. (1993). *The function of heat-shock proteins in stress tolerance*: degradation and reactivation of damaged proteins, Annual Review of Genetics, 27:437–496.

Pearson, H. (2006).Genetics: what is a gene. *Nature*, 441: 398-401.

Perez-Clemente, R. M., Vives, V., Zandalinas, S. I., Lopez-Climent, M. F., Munoz, V., & Gomez-Cadenas, A. (2013). Biotechnological approaches to study plant responses to stress. *Biomed Res Int,* 2013, 654120. doi: 10.1155/2013/654120.

Pietrini, F., Zacchini, M., Iori, V., Pietrosanti, L., Bianconi, D., Massacci, A. (2010). Screening of poplar clones for cadmium phytoremediation using photosynthesis, biomass and cadmium content analyses, Int J Phytoremediat 12:105–120. *Plant Physiology Preview*. DOI:10.1104/pp.110.164152.

Plomion, C., Bastien, C., Bogeat-Triboulot, M.-B., Bouffier, L., Déjardin, A., Duplessis, S., Vacher, C. (2016). Forest tree genomics: 10 achievements from the past 10 years and future prospects. *Annals of Forest Science*, 73(1), 77-103. doi: 10.1007/s13595-015-0488-3.

Pockley, A. G. (2001). Heat shock proteins in health and disease: therapeutic targets or therapeutic agents? *Expert Rev Mol Med*, 1–21.

Prasad, M. N. V. ve Fretias, H. M. O. (2003). Metal Hyperaccumulation in Plants-Biodiversity Prospecting for Phytoremediation Technology. *Electron J. Biotechnol.*, V. 6(3).

Pratt, W. B., Toft, D. O. (2003). Regulation of signaling protein function and trafficking by the Hsp90/Hsp70-based chaperone machinery. *Exp. Biol. Med.*, 228, 111–133.

Punshon, T., Neal, A. L. ve Jackson, B. P. (2004). Cadmium, In Trace and Ultratrace Elements in Plants and Soil, Edited by I. Shtangeeva, I.Ed., *Witt Pres,* Southampton, Boston, 171-208.

Puranik, S., Sahu, P. P., Srivastava, P. S., Prasad, M. (2012) . NAC proteins: regulation and role in stress tolerance. *Trends Plant Sci*., 17:369-381 doi:10.1016/j.tplants.2012.02.004.

Qiu, X. B., Shao, Y. M., Miao, S., Wang, L. (2006). *The diversity of the DnaJ/Hsp40 family*, the crucial partners for Hsp70 chaperones. *Cell Mol Life Sci*, 63:2560-2570.

Queitsch, C., Hong, S. W., Vierling, E. and Lindquest, S. (2000). Heat shock protein 101 plays a crucial role in thermotolerance in Arabidopsis. *Plant Cell*, 12: 479-492.

Queitsch, C., Hong, SW., Vierling, E., Lindquist, S. (2000). Heat shock protein 101 plays a crucial role in thermotolerance in Arabidopsis. *Plant Cell*., Apr, 12(4), 479-92.

Rajendran, K., Tester, M. ve Roy, S. J. (2009). Quantifying the three main components of salinity tolerance in cereals. *Plant, Cell & Environment*, 32(3), 237-249.

Ramachandra Reddy A, Viswanatha Chaitanya K, and Vivekanandan M. (2004). Drought-induced responses of photosynthesis and antioxidant metabolism in higher plants. *Journal of Plant Physiology*, 161: 1189-1202.

Ramirez-Rodríguez, V., López-Bucio, J. ve Herrera-Estrella, L. (2007). Adaptive Responses in Plants to Nonoptimal Soil pH. *Plant Abiotic Stress*, (pp. 145-170): Blackwell Publishing Ltd.

Ray, P. K. (1999). Stress genes and species survival. *Molecular and Cellular Biochemistry*, 196, 117-123.

Rizhsky, L., Liang, H., Shuman, J., Shulaev, V., Davletova, S. ve Mittler, R. (2004). When defence pathways collide. The response of Arabidopsis to a combination of drought and heat stress. *Plant Physiol.* 134, 1683–1696.

Romanel, E. A. C., Schrago, C. G., Couñago, R. M., Russo, C. A. M., Alves-Ferreira, M. (2009). Evolution of the B3 DNA Binding Superfamily: New Insights into REM Family Gene Diversification. *Plos One*, doi:10.1371/journal.pone.

Romano, P. G. N., Horton, P., and Gray, J.E. (2004). The Arabidopsis Cyclophilin Gene Family. *Plant Physiol.*, 134, 1268–1282.

Rouch, J. M., Bingham, S. E., Sommerfeld, M. R. (2004). Protein expression during heat stress in thermo-intolerance and thermotolerance diatoms. *J. Exp. Mar. Biol. Ecol*., 306, 231–243.

Ruan, Q. (2012). Identification of regulators of heat shock-inducible gene in Arabidopsis. *Texas Tech University, Chemistry and Biochemistry*, Master Thesis.

Rutherford, S. L. (2003). Between genotype and phenotype: protein chaperones and evolvability. *Nat. Rev. Genet*., 4, 263–274.

Sairam, R. K. ve Tyagi, A. (2004). Physiology and molecular biology of salinity stress tolerance in plants. *Current Science*, 86, 407–421.

Saitou, N., Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol*, 4, 406–425.

Sakuma, Y., Maruyama, K., Qin, F., Osakabe, Y., Shinozaki, K., Yamaguchi-Shinozaki, K. (2006). Dual function of an Arabidopsis transcription factor DREB2A in water-stressresponsive and heat-stress-responsive gene expression. *Proc Natl Acad Sci U S A.*, Dec, 5, 103(49), 18822-7.

Sambrook, J., Russel, D. (2000). *Molecular Cloning*: A Laboratory Manual. *Cold Spring Harbor Laboratory Press*, Cold Spring Harbor, New York.

Sanita di Toppi, L. and R. Gabbrielli (1999). Response of cadmium in higher plant. Environ. *Expt. Bot.*, 41, 105-130.

Saraçoğlu, N. (2006). Temiz ve Çevre Dostu Enerji Kaynağı: Enerji Ormanları. *VI. Ulusal Temiz Enerji Sempozyumu*, 311-318, Isparta.

Saraçoğlu, N. (2008). *Biyokütleden enerji üretiminde enerji ormancılığının önemi.* İstanbul.

Saraçoğlu, N. (2010). *Küresel İklim Değişimi*, Biyoenerji ve Enerji Ormancılığı. Efil Yayınevi, 300 S., Ankara.

Sarkar, N.K., Kundnani, P., Grover, A. (2013). Functional analysis of Hsp70 superfamily proteins of rice (*Oryza sativa*). *Cell Stress & Chaperones*, 18:427-437 doi:10.1007/s12192-012-0395-6.

Sarıbaş, M. (1993). *Kavak Yetiştiriciliği*. Ankara.

Scharf, K. D., Siddique, M., Vierling, E. (2001). The expanding family of Arabidopsis thaliana small heat stress proteins and a new family of proteins containing alpha-crystallin domains (Acd proteins). *Cell Stress Chaperones*, 6 doi:2.0.co;2.

Scharf, J. Ş., Horn, T. G., Erlich, A. H. (1986). Direct cloning and Sequence analysis of enzymatically amplified genomic sequence. *Science*, 233 :1076 -1078.

Schirmer, E. C., Lindquist, S., Vierling, E. (1994). An Arabidopsis heat shock protein complements a thermotolerance defect in yeast. *Plant Cell*., Dec, 6(12), 1899909.

Schochetman, G., Jones, K. W. (1988). Polymerase Chain Reaction. *J Inf Dls.*, 158: 1154- 1157.

Schöffl, F., Prandl, R., Reindl, A. (1998). Regulation of the heat shock response. *Plant Physiol*., 117, 1135–1141.

Schöffl, F., Prandl, R., Reindl, A. (1999). Molecular responses to heat stress. In: Shinozaki, K., Yamaguchi-Shinozaki, K. (Eds.), *Molecular Responses to Cold, Drought, Heat and Salt Stress in Higher Plants.* R.G. Landes Co., Austin, Texas, pp. 81–98.

Schramm, F., Larkindale, J., Kiehlmann, E., Ganguli, A., Englich, G., Vierling, E. (2008). A cascade of transcription factor DREB2A and heat stress transcription factor HsfA3 regula tes the heat stress response of Arabidopsis. *Plant J.,* Jan, 53(2), 264-74.

Schroda, M., Vallon, V., Wollman, F., Beck, C. F. (1999). A chloroplast-targeted heat shock protein 70 (HSP70) contributes to the photoprotection and repair of photosystem II during and after photoinhibition. *Plant Cell*, 11, 11165–11178.

Schroder, H., Langer, T., Hartl, FU., Bukau, B. (1993). DnaK; DnaJ and GrpE form a cellular chaperone machinery capable of repairing heat-induced protein damage. *Embo J.*, Nov, 12(11), 4137-44.

Schulze, E., Beck, E., Müller-Hohenstein, K. (2005). Plant Ecology. *Springer*, Germany, Berlin, 702p.

Shacklette, H. T. (1972). Cadmium in plants. U.S. *Geological Survey Bull*. 1314-G.

Shah, F. U. R., Ahmad, N., Masood, K. R., Peralta-Videa, J. R., Ahmad, F. D. (2010). Heavy Metal Toxicity in Plants. In: Ashraf M., Ozturk M., Ahmad M. (eds) *Plant Adaptation and Phytoremediation.* Springer, Dordrecht.

Shameer, K., Naika, M.B., Mathew, O.K., and Sowdhamini, R. (2016). Network Modules Driving Plant Stress Response, Tolerance and Adaptation: A case study using Abscisic acid Induced Protein-protein Interactome of *Arabidopsis thaliana*. *bioRxiv*.

Shiklomanov, I. A. (2000). Appraisal and Assessment of World Water Resources, *Water International*, 25, 11-32.

Sıddık Yarman, B., Gürkan, H., Güz, U., Aygün, B. (2003). A new modeling method of the ECG signals based on the use of an optimized predefined functional database. Acta Cardiologica. *Int J Cardiol*, 58 (3): 59-61.

Sievers, F., Wilm, A., Dineen, D., Gibson, T.J., Karplus, K., Li, W., Lopez, R., McWilliam, H., Remmert, M., Söding, J… (2011). Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence alignments using Clustal Omega. Molecular *systems biology*, 7:539 doi:10.1038/msb.2011.75.

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

Smirnoff, N. (1998). Plant resistance to environmental stress. *Curr Opin Biotechnol*, 9: 214–219.

Snyman, M., Cronje, M.J. (2008). Modulation of heat shock factors accompanies salicylic acid-mediated potentiation of Hsp70 in tomato seedlings. *J. Exp. Bot.*, 59, 2125–2132.

Soda, N., Wallace, S., Karan, R. (2015). Omics Study for Abiotic Stress Responses in Plants. *Adv Plants Agric Res,* 2(1): 00037. DOI: 10.15406/ apar.2015.02.00037.

Soll, J. (2002). Protein import into chloroplasts. Curr. Opin. *Plant Biol*. 5, 529–535.

Song, H., Zhao, R., Fan, P., Wang, X., Chen, X., Li, Y. (2009). Overexpression of AtHsp90.2, AtHsp90.5 and AtHsp90.7 in Arabidopsis thaliana enhances plant sensitivity to salt and drought stresses. *Planta*., Mar, 229(4), 955-64.

Song, X., Yu, X., Hori, C., Demura, T., Ohtani, M., Zhuge, Q. (2016). Heterologous Overexpression of Poplar SnRK2 Genes Enhanced Salt Stress Tolerance in Arabidopsis thaliana. *Frontiers in Plant Science*, vol 7, Article-612.

Soransen, J. G., Kristensen, T. N. and Loeschcke, V. (2003). The evolutionary and ecological role of heat shock proteins, *Ecology Letters*, 6, 1025-1037.

Sorger, P.K., Nelson, H.C.M. (1989). Trimerization of a yeast transcriptional activator via a coiled-coil motif. *Cell*, 59, 807–813.

Söding, J. (2005). Protein homology detection by HMM-HMM comparison. *Bioinformatics,*21, 951–960.

Stanturf, J. A. ve Oosten C. V. (2014). Operational Poplar and Willow Culture. Poplars and Willows (Edt. Isebrands J.G. and Richardson J.), *Tree for Society and the Environment*, FAO and CABI.

Stout, R. G., Al-Niemi, T. S. (2002). Heat-tolerance flowering plants of active geothermal areas in Yellowstone National Park. *Ann. BotLondon*, 90, 259–267.

Su, P. H., Li, H. M. (2008). Arabidopsis stromal 70-kD heat shock proteins are essential for plant development and important for thermotolerance of germinating seeds. *Plant Physiol*., 146, 1231– 1241.

Sun, W., Motangu, M.V., Verbruggen, N. (2002). *Small heat shock proteins and stress tolerance in plants*. Biochim. Biophys. Acta 1577, 1–9.

Sung, D.Y., Guy, C.L. (2003). Physiological and molecular assessment of altered expression of Hsc70-1 in Arabidopsis. Evidence for pleiotropic consequences. *Plant Physiol*., Jun, 132(2), 979-87.

Sung, D. Y., Kaplan, F., Guy, C.L. (2001). *Plant Hsp70 molecular chaperones*: protein structure, gene family, expression and function. *Physiol. Plantarum*, 113, 443–451.

Sung, D.Y., Vierling, E., Guy, C.L. (2001). Comprehensive expression profile analysis of the Arabidopsis Hsp70 gene family. *Plant Physiol*., Jun, 126(2), 789-800.

Suo, J., Liang, X., Pu, L., Zhang, Y., Xue, Y. (2003). Identification of GhMYB109 encoding a R2R3 MYB transcription factor that expressed specifically in fiber initials and elongating fibers of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Biochimica et Biophysica Acta (BBA). *Gene Structure and Expression*,1630(1), 25-34.

Suyama, M., Torrents, D., Bork, P. (2006). PAL2NAL: robust conversion of protein sequence alignments into the corresponding codon alignments. *Nucleic Acids Res*, 34: W609–W612. doi: 10.1093/nar/gkl315.

Swindell, W. R., Huebner, M., 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, 125, <http://www.biomedcentral.com/1471-2164/8/125.

Şahin, M., Çevik, D. (2005). Mikroarray teknolojisi ve bitkilerde uygulama alanları. *SDÜ Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 9-13.

Şanlıdilek, D. S. (2009). Light Cycler Real Time PCR Teknolojisi ile Faktör V Geninde Yeni Mutasyon Taranması. Yükseklisans Tezi, *Ankara Üniversitesi Biyoteknoloji Enstitüsü*. Ankara.

Tack, F. M. G. (2010). Trace elements: general soil chemistry, principles and processes. In: Hooda, P. (ed) *Trace elements in soils.* Wiley-Blackwell, 9-39.

Taji, T., Seki, M., Satou, M., Sakurai, T., Kobayashi, M., Ishiyama, K., Narusaka, Y., Narusaka, M., Zhu, J.-K., and Shinozaki, K. (2004). Comparative Genomics in Salt Tolerance between Arabidopsis and Arabidopsis-Related Halophyte Salt Cress Using Arabidopsis. *Microarray Plant Physiol,* 135:1697-1709 doi:10.1104/pp.104.039909.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), 2725-2729. doi:10.1093/molbev/mst197.

Tang, H., Bowers, J.E., Wang, X., Ming, R., Alam, M., Paterson, A.H. (2008). Synteny and collinearity in plant genomes. *Science,* 320:486-488.

Tang, S., Liang, H., Donghui, Y… (2013). Populus euphratica: the transcriptomic response to drought stress. *Plant Mol Biol,* 83:539-557. doi: 10/1007/s11103-013-0107-3.

Tang, S., Dong, Y., Liang, D… (2014). Analysis of the drought stress-responsive transcriptome of Black Cottonwood (Populus trichocarpa) using deep rna sequencing. *Plant Mol Biol Rep doi*: 10.1007/s11105-014-0759-4.

Tang, S., Dong, Y., Liang, D., Zhang, Z., Ye, C.-Y., Shuai, P., Han, X., Zhao, Y., Yin, W. ve Xia, X. (2015). Analysis of the Drought Stress-Responsive Transcriptome of Black Cottonwood (Populus trichocarpa) Using Deep RNA Sequencing. *Plant Molecular Biology Reporter* 33(3): 424-438.

Taylor, G. (2002). Populus. Arabidopsis for forestry. Do we need a model tree? *Annals of Botany*, 90: 681–689.

Temizkan, G., Yılmazer, S., Öztürk, M., Arı, Ş., Etan, H., Sarıkaya, A.T., ve Arda, N. (2004). *Moleküler Biyolojide Kullanılan Yöntemler*, İstanbul Üniversitesi Biyogem yayınlar, İstanbul.

Tester, M., Leigh, R. A. (2001). Partitioning of nutrient transport processes in roots. *Journal Experimental Botany,* 52, 445-457.

Thomashow, M. F. (1999). Plant Cold Acclimation: Freezing Tolerance Genes and Regulatory Mechanisms. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol.,* Jun, 50, 57199.

Thompson, J. D., Gibson, T. J., Plewniak, F., Jeanmougin, F., Higgins, D. G. (1997). The CLUSTAL_X windows interface: flexible strategiesfor multiple sequence alignment aided by quality analysis tools. *Nucleic Acids Research,* Vol. 25, 4876–4882.

Timothy, L., Boden, M., Buske, F. A., Frith, M., Grant, C. E., Clementi, L., Ren, J., Li, W.W., Noble, W. S. (2009). MEME SUITE: tools for motif discovery and searching. *Nucleic Acids Res* 37: 202–208.

Timperio, A. M., Egidi, M. G., Zolla, L. (2008). Proteomics applied on plant abiotic stresses: role of heat shock proteins (HSP). *J. Proteomics,* 71, 391–411.

Tolay, U. (1988). *Kavak Fidanlık ve Ağaçlandırma Tekniği*. Kavak Fidanlık ve Ağaçlandırma Teknikleri Semineri, 4-7 Ekim, Adapazarı, Kefken.

Toplu, F. (2005). Breeding and conservation of black poplar (*Populus nigra*) gene resources in Turkey. *Unasylva,* 56, 26–30.

Trent, J. D. (1996). A review of acquired thermotolerance, heat-shock proteins and molecular chaperones in Archaea. *Fems Microbiol. Rev.,* 18, 249–258.

Tuğrul, D., Zengin, M., Karataş, A., Erkan, H.T., Talu, H. (2010). Tuzluluğa dayanıklılığı belirlenecek bazı kavak tür ve klonlarıyla sulanabilir tuzlu toprakların odun üretimi amacıyla ağaçlandırılabilirliğinin araştırılması. *Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü*. Araştırma Bülteni. Ankara.

Tunçtaner, K. (2008*). Kavaklarda Genetik Islah ve Seleksiyon*. ISSN: 1300-395X, 268 s, Özlem matbaası, İzmit.

Tunçtaner, K. (2000). Sustainable development of poplar genetic resources in Turkey. 21st Session of International Poplar Commission. *USDA General Technical Report,* NC-213, Portland, Oregon.

Tuskan, G. A., Difazio, S., Jansson, S., Bohlmann, J., Grigoriev, I., Hellsten, U., Putnam, N., Ralph, S., Rombauts, S., Salamov, A… (2006). The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (*Torr. & Gray). Science,* 313 doi:10.1126/science.1128691.

Twyman, R. M. (2005). Sample Dissolution for Elemental Analysis/Wet Digestion. pp: 4503-4510, University York, UK.

URL-1. Türkiye Bitkileri Veri Sitesi, 02/08/2017 tarihinde http://www.tubives.com adresinden alınmıştır.

URL-2. Orman Ağaçları ve Tohumları Islah Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü, 01/09/2017 tarihinde http://ortohum.ogm.gov.tr/Sayfalar/Islah-Tesisleri adresinden alınmıştır.

URL-3. Dünya Nüfus Artışı, 11/07/2017 tarihinde https://www.un.org/development/ world-population-prospects-2017.html adresinden alınmıştır.

URL-4. Su sıkıntısı, 16/07/2017 tarihinde http://www.wri.org/blog/2015/08/ranking-world%E2%99s-most-water-stressed-countries-2040 adresinden alınmıştır.

URL-5. Çölleşme, 17/07/2017 tarihinde https://globusgreen.wordpress.com/desert adresinden alınmıştır.

URL-6. Tuz stresi, 18/07/2017 tarihinde http://www.plantstress.com/articles/salinity adresinden alınmıştır.

URL-7. Moleküler genetik notları, 12/07/2017 tarihinde http://slideplayer.biz.tr/slide adresinden alınmıştır.

URL-8. Genetik, 20/07/2017 tarihinde http://www.orhankavuncu.com adresinden alınmıştır.

URL-9. Genomik, 21/08/2017 tarihinde http://www.biochemie.uni-goettingen.de adresinden alınmıştır.

URL-10. Genetik, 19/07/2017 tarihinde http://www.genetiktesti.net/en/molekuler-genetik/ adresinden alınmıştır.

Üçler, A.Ö. (2017). Dünya ve Türkiye'de hızlı gelişen tür endüstriyel plantasyonlara bakış açısı: Karşılaşmalı bir analiz. *2023'e Doğru 4. Doğa ve Ormancılık Sempozyumu*, TMMOB Orman Mühendisliği Odası, Antalya.

Ünver, T., Budak, H. (2009). Conserved microRNAs and their targets in model grass species Brachypodium distachyon. *Planta* (ISI), 230 (4), 659-69.

Valasek, M. A., Repa, J. J. (2005). The power of real-time PCR. *Advances in Physiology Education,* 29, 151-159.

Vinocur, B., Altman, A. (2005). Recent advances in engineering plant tolerance to abiotic stress: achievements and limitations. *Curr Opin Biotechnol*, 16:1–10.

Volkmar, K., Hu, Y., & Steppuhn, H. (1998). Physiological responses of plants to salinity: A review. *Canadian Journal of Plant Science*, 78, 19-27.

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

Wahid, A., Gelani, S., Ashraf, M., Foolad, M.R. (2007). Heat tolerance in plants: an overview. *Environ. Exp. Bot*, 61, 199-223.

Wang, A., Wu, F.Z., Yang, W.Q., Zhou, L.Q., Wang, X.X., Han, Y. (2011). Effects of cadmium stress on the microbial biodiversity in purple soil and alluvial soil potted with a poplar (*Populus deltoides* × *Populus nigra*). *Huanjing Kexue/Environmental* Science, 32:2138-2143.

Wang, C., Deng, P., Chen, L., Wang, X., Ma, H., Hu, W., Yao, N., Feng, Y., Chai, R., Yang, G… (2013). A Wheat WRKY Transcription Factor TaWRKY10 Confers Tolerance to Multiple Abiotic Stresses in Transgenic Tobacco. *Plos One*, 8(6), e65120.

Wang, W., Vinocur, B., Altman, A. (2003). Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta*, Vol. 218, pp. 1–14.

Wang, W., Vinocur, B., Shoseyov, O. and Altman, A. (2004). Role of plant heat shock proteins and molecular chaperons in the abiotic stress reponse, *Trends in Plant Science*, 9(5), 1360-1385.

Wang, W., Vinocur, B., Shoseyov, O., Altman, A. (2004). Role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in the abiotic stress response. *Trends Plant Sci*., May, 9(5), 244-52.

Wang, Y. F., Lin, S., Song, Q., Li, K., Tao, H., Huang, J., Chen, X., Que, S., He, H. (2014). Genome-wide identification of heat shock proteins (Hsps) and Hsp interactors in rice: Hsp70s as a case study. *Bmc Genomics*, 15 doi:Artn 34410.1186/1471-2164-15-344.

Wanga, L., Zhoua, B., Wua, L., Guob, B., Jianga, T. (2011). Differentially expressed genes in Populus simonii×Populus nigra in response to NaCl stress using cDNA-AFLP. *Plant Science* 180 796–801.

Waters, E. R., Nguyen, S. L., Eskandar, R., Behan, J., Sanders-Reed, Z. (2008). The recent evolution of a pseudogene: diversity and divergence of a mitochondria-localized small heat shock protein in *Arabidopsis thaliana*. *Genome*, 51:177-186 doi:10.1139/g07-114.

Wei, Z., Hu, W., Lin, Q., Cheng, X., Tong, M., Zhu, L., Chen, R., He, G. (2009). Understanding rice plant resistance to the Brown Planthopper (Nilaparvata lugens): a proteomic approach. *Proteomics* 9(10): 2798-2808.

White, P. J. ve Brown, P. H. (2010). Plant nutrition for sustainable development and global health. *Annals of Botany*, 105, 1073-1080.

Wiech, H., Buchner, J., Zimmermann, R. ve Jakob, U. (1992). Hsp90 chaperones protein folding in vitro. *Nature*, 358, 169-170.

Wong, M. L., Medrano, J. F. (2005). Real-time PCR for mRNA quantitation. *Biotechniques*, 39(1); 75-85.

Wu L, Fan Z, Guo L, Li Y, Chen Z-L, Qu L-J. (2005). Over-expression of the bacterial nhaA gene in rice enhances salt and drought tolerance. *Plant Science*, 168(2):297-302.

Xin, W., Wang, Y., Yao, Y., Xie, C., Peng, H., Ni, Z. Et, al. (2010). Diverse set of microRNAs are responsive to powdery mildew infection and heat stress in wheat (Triticum aestivum L.). *BMC Plant Biology*, 10, 123.

Xu, J., et, al. (2012). Genome-wide identification and characterization of replication origins by deep sequencing *Genome Biology* 13: R27 doi:10.1186/gb-2012-13-4-r27.

Yaltırık, F. (1993). *Angiospemae Kapalı Tohumlular*. G. Ü. Orman Fakültesi Fakülte Yayın No: 444, İstanbul.

Yang, Z. T., Wang, M. J., Sun, L., Lu, S. J., Bi, D. L… (2014). The Membrane-Associated Transcription Factor NAC 089 Controls ER-Stress-Induced Programmed Cell Death in Plants. *PLOS Genetics* 10(3): e1004243. https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004243.

Ye, S., Yu, S., Shu, L., Wu, J., Wu, A., Luo, L. (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.

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

Yıldırım, K. (2013). Transcriptional and physiological responses of black poplar (*Populus nigra* L.) to drought stress / Karakavağın (*Populus nigra* L.) kuraklık stresine karşı transkriptomik ve fizyolojik tepkileri. Doktora Tezi, *ODTÜ Fen Bilimleri Enstitüsü*. Ankara.

Yokotani, N., Ichikawa, T., Kondou, Y., Matsui, M., Hirochika, H., Iwabuchi, M., and Oda, K. (2008). Expression of rice heat stress transcription factor OsHsfA2e enhances tolerance to environmental stresses in transgenic Arabidopsis. *Planta* 227(5): 957-967.

Young, R. A. ve Elliott, T. J. (2002). Stress proteins, infection, and immune surveillance. *Cell*, 59, 5-8.

Zengin, M. (1991). Bitki Beslenmesi Bakımından En Önemli Gübreler ve Kavakçılıkta Gübreleme. *Kavak ve Hızlı Gelişen Yabancı Tür Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü Dergisi*. No: 17, s.1-30, İzmit.

Zengin, M., Karakaş, A., Tuğrul, D., Memiş, S., Ercan, M. (2011). Kavak Ağaçlandırması ile Fındık ve Mısır Yetiştirilen Alanlarda Toprakların Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri Yönünden Karşılaştırılması. *T.C. Orman ve Su İşleri Bakanlığı Kavak ve Hızlı Gelişen Orman Ağaçları Araştırma Enstitüsü*, İzmit.

Zengin, M., Karakaş, A., Tuğrul, D. (2003). Türkiye'de Kavakların Potansiyel Yetişme Alanları ve Yetişme Ortamı İstekleri. *Orman Bakanlığı Türkiye Milli Kavak Komisyonu VII. Olağan Kurulu Tebliğler Dergisi*, s. 132-138, İzmit.

Zeybek, E. 2014. Differential Expression Of Cold Resistant Related Genes in Populus nigra L. Clones, Middle East Technical University, Department of Biotechnology, Ph.D. Thesis (unpublished), Ankara/ Turkey.

Zhang, H., Li, L., Ye, T., Chen, R., Gao, X., and Xu, Z. (2016). Molecular characterization, expression pattern and function analysis of the OsHSP90 family in rice. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 30 (4): 669-676.

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

Zhang, J., Liu, B., Li, J., Zhang, L., Wang, Y., Zheng, H., Lu, M., and 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*, 16:181 doi:10.1186/s12864-015-1398-3.

Zhang, J., Feng, J., Lu, J., Yang, Y., Zhang, X., Wan, D., Liu, J. (2014). Transcriptome differences between two sister desert poplar species under salt *stress. Bmc Genomics,* 15:337 doi:10.1186/1471-2164-15-337.

Zhang, J., Jiang, D., Liu, B., Luo, W., Lu, J., Ma, T. and Wan, D. (2014). Transcriptome dynamics of a desert poplar (Populus pruinosa) in response to continuous salinity stress. *Plant Cell Reports* 33(9): 1565-1579.

Zhang, J. H., Wang, L. J., Pan, Q. H., Wang, Y. Z., Zhan, J. C., Huang, W. D. (2008). Accumulation and subcellular localization of heat shock proteins in young grape leaves during cross-adaptation to temperature stresses. *Scientia Horticulturae,* 117, 231–240.

Zhang, L., Zhao, H. K., Dong, Q. L., Zhang, Y. Y., Wang, Y. M., Li, H. Y. ve Dong, Y. S. (2015). Genome-wide analysis and expression profiling under heat and drought treatments of HSP70 gene family in soybean (*Glycine max* L.). *Front Plant* Sci 6 doi:10.3389/fpls.2015.00773.

Zhang, N., Vierling, E. ve Tonsor, S. (2016). Adaptive divergence in transcriptome response to heat and acclimation in Arabidopsis thaliana plants from contrasting climates. *bioRxiv*.

Zhang, Y. (2005). miRU: an automated plant miRNA target prediction server. *Nucleic Acids*, Res 33, 701–704. doi:10.1093/nar/gki383.

Zhang, Y., Wang, M., Chen, J., Rong, J., Ding, M. (2014). Genome-wide analysis of HSP70 superfamily in Gossypium raimondii and the expression of orthologs in *Gossypium hirsutum. Yi Chuan*, 36:921-933.

Zhichang, Z., Wanrong, Z., Jinping, Y., Jianjun, Z., Xufeng, Z. L. L., Yang, Y. (2010). Over-expression of Arabidopsis DnaJ (Hsp40) contributes to NaCl-stress tolerance. *African Journal of Biotechnology*, 9(7), 972–978.

Zhu, J. K. (2002). Salt and drought stress signal transduction in plants. *Annual review of plant biology*, 53:247-73.

Zhu, J. K. (2007). *Plant Salt Stress*. John Wiley & Sons, Ltd.

EKLER

EK 1 sHsp proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu
EK 2 sHsp genlerine ait hedef miRNA tablosu
EK 3 Kavak genomunda tanımlanan sHsp genlerine ait ortolog gen ilişkileri
EK 4 Kavak genomunda tespit edilen Hsp40 genlerinin genel özellikleri
EK 5 Hsp40 genlerine ait Exon – Intron gösterimleri
EK 6 Hsp40 genlerinin Tandem duplikasyonları ve birbirlerinden ayrılma oranları
EK 7 Hsp40 genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları
EK 8 Hsp40 genlerine ait motif gösterimleri
EK 9 Hsp40 genlerine ait bulunan motiflerin genel özellikleri
EK 10 Hsp40 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu
EK 11 Hsp40 genlerine ait hedef miRNA tablosu
EK 12 Kavak genomunda tanımlanan Hsp40 genlerine ait ortolog gen ilişkiler
EK 13 Hsp60 genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları
EK 14 Hsp60 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu
EK 15 Hsp60 genlerine ait hedef miRNA tablosu
EK 16 Kavak genomunda tanımlanan Hsp60 genlerine ait ortolog gen ilişkiler
EK 17 Hsp70 genlerinin Tandem duplikasyonları ve birbirlerinden ayrılma oranları
EK 18 Hsp70 genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları
EK 19 Hsp70 genlerine ait motif gösterimleri
EK 20 Hsp70 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu
EK 21 Hsp70 genlerine ait hedef miRNA tablosu
EK 22 Kavak genomunda tanımlanan Hsp70 genlerine ait ortolog gen ilişkiler
EK 23 Hsp90 genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları
EK 24 Hsp90 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu
EK 25 Hsp90 genlerine ait hedef miRNA tablosu
EK 26 Kavak genomunda tanımlanan Hsp90 genlerine ait ortolog gen ilişkiler
EK 27 Kavak genomunda tespit edilen Hsp100 genlerinin genel özellikleri
EK 28 Hsp100 genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları
EK 29 Hsp100 genlerine ait motif gösterimleri
EK 30 Hsp100 genlerine ait bulunan motiflerin genel özellikleri
EK 31 Hsp100 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu
EK 32 Hsp100 proteinlerinin üç boyutlu homoloji modellemesi
EK 33 Hsp100 genlerine ait hedef miRNA tablosu
EK 34 Kavak genomunda tanımlanan Hsp100 genlerine ait ortolog gen ilişkiler
EK 35 Laboratuvar analizlerinde kullanılan tasarlanan primerlerin listesi
EK 36 Tanımlanan PtHsp genlerinin filogenetik sınıflandırılması
EK 37 Tuz stresi uygulanan kavak klonlarının fotoğrafları
EK 38 Tuzluluk stresi qRT-PZR deney sonucunda elde edilen “Erime Eğri” grafikleri
EK 39 Kadmiyum stresi uygulanan kavak klonlarının fotoğrafları
EK 40 Kadmiyum stresi qRT-PZR deney sonucunda elde edilen “Erime Eğri” grafikleri

EK 1 *PtsHsp* proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu

sHsp proteinlerine ait ayrıntılı genontoloji (GO) analizleri			
Gen Adı	**e değeri**	**Benzerlik Ortalaması**	**GO Biyolojik Fonksiyonu**
PtsHsp-01	3.2E-46	89,35%	protein katlama
PtsHsp-02	7.6E-146	74,65%	ısı uyumu, protein katlama
PtsHsp-06	0.0E-0	77,35%	gravitropizm, transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA kalıplı, RNA etkileşimi, metilasyona bağlı kromatin susturma
PtsHsp-08	3.6E-103	83,45%	protein katlama
PtsHsp-18	9.0E-105	68,85%	oksidatif strese cevap
PtsHsp-22	0.0E-0	68,60%	konakta virüs taşınması, doku dokusuna, virüse tepki
PtsHsp-23	0.0E-0	61,10%	ısıya tepki, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi
PtsHsp-39	0.0E-0	66,60%	uyarana tepki
PtsHsp-40	0.0E-0	61,20%	uyarana tepki
PtsHsp-46	9.5E-86	66,05%	DNA demetilasyonu, histon H3-K18 asetillenmesi, uyarıya tepki
PtsHsp-47	0.0E-0	69,00%	biyolojik işlem, ısıya yanıt, DNA demetilasyonu, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, histon H3-K18 asetillenmesi, hidrojen peroksit yanıt
PtsHsp-51	1.1E-122	84,70%	ısıya tepki, yüksek ışık şiddetine tepki, hidrojen peroksit tepkisi, protein katlama
PtsHsp-54	9.8E-93	67,25%	ısı uyumu, protein katlama
PtsHsp-56	3.9E-95	86%	yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi, protein katlama
PtsHsp-57	1.6E-104	69,25%	oksidatif strese cevap
Gen Adı	**e değeri**	**Benzerlik Ortalaması**	**GO Moleküler Fonksiyonu**
PtsHsp-06	0.0E-0	77,35%	DNA bağlama, transkripsiyon faktörü aktivitesi, diziye spesifik DNA bağlama
PtsHsp-26	7.8E-135	65,20%	mitokondri
PtsHsp-27	2.9E-37	63,40%	sitoplazma, sitoplazmik, membrana bağlı vesikül
PtsHsp-28	1.6E-84	89,50%	sitoplazmik, membrana bağlı vesikül
PtsHsp-46	9.5E-86	66,05%	protein bağlama
Gen Adı	**e değeri**	**Benzerlik Ortalaması**	**GO Hücresel Yerleşimi**
PtsHsp-06	0.0E-0	77,35%	çekirdek, transkripsiyon faktörü kompleksi
PtsHsp-11	4.5E-125	83,70%	mitokondri
PtsHsp-17	1.2E-84	69,35%	mitokondri
PtsHsp-18	9.0E-105	68,85%	sitoplazma
PtsHsp-22	0.0E-0	68,60%	hücre zarı
PtsHsp-43	2.4E-152	81,80%	plastid
PtsHsp-46	9.5E-86	66,05%	çekirdek
PtsHsp-47	0.0E-0	69,00%	çekirdek, çekirdek
PtsHsp-51	1.1E-122	84,70%	endoplazmik retikulum lümeni
PtsHsp-52	9.7E-54	82,90%	sitoplazmik, membrana bağlı vesikül
PtsHsp-56	3.9E-95	85,95%	peroksizomal matris
PtsHsp-57	1.6E-104	69,25%	sitoplazma

EK 2 *PtsHsp* genlerine ait hedef miRNA tablosu

miRNA ismi	Hedef Gen Adı	Beklenti değeri	UPE	miRNA_dizisi	Hedef_dizi
Arabidopsis lyrata					
aly-miR158a-5p	PtsHsp-39	3,00	10.988	CUUUGUCUACAAUUUUGGAA	UUUCAAUAUUGCAGGCAAAG
aly-miR834-3p	PtsHsp-55	3,00	18.756	UGGUAGCAGUAGCGGUGGUA	CGCCACCGCUACCGCUACCG
Aquilegia caerulea					
aqc-miR477c	PtsHsp-07	2,50	10.435	CUCUCCCUCAAGUUCUUCUA	UAGAGGAAGUUAAGGGAGAG
Arabidopsis thaliana					
ath-miR158a-5p	PtsHsp-39	3,00	10.988	CUUUGUCUACAAUUUUGGAA	UUUCAAUAUUGCAGGCAAAG
ath-miR414	PtsHsp-26	3,00	9.823	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAUGAUAACGAUGA
ath-miR834	PtsHsp-55	3,00	18.756	UGGUAGCAGUAGCGGUGGUA	CGCCACCGCUACCGCUACCG
ath-miR847	PtsHsp-36	3,00	11.515	UCACUCCUCUUCUUCUUGAU	AUGGAGAAGAAGAGGAGGGA
Amborella trichopoda					
atr-miR8580	PtsHsp-27	3,00	17.239	UGUCUAAAUAGAAUGGAUGGUG	UGUUCGAUCCGUUUUCUUUAGAC
Brachypodium distachyon					
bdi-miR5169a	PtsHsp-15	1,50	13.132	UUUGACCAAGUUUGUAGAAC	AUUCUACAAACUUGGUUAAA
bdi-miR529-3p	PtsHsp-36	3,00	23.578	GCUGUACCCUCUCUCUUCUUC	GUAGAGGGGAGUGGGUACAGC
Festuca arundinacea					
far-miR164a	PtsHsp-39	3,00	23.266	UGGAGAAGCAGGGCACUUGCU	GGCAAGUGUUCUGCUUAUUCA
Glycine max					
gma-miR4387c	PtsHsp-51	2,50	17.029	AGCGUGAUGACGUGACACUCCG	CUGAGGGUCAUGUUAUCAUGCU
Gossypium raimondii					
gra-miR8748	PtsHsp-11	2,50	12.936	UCGGUGGAGAUGGAUAAAAUG	UGUUUGAUCCAUUUUCACCGA
Hordeum vulgare					
hvu-miR6209	PtsHsp-52	3,00	18.763	UGAGAUCAGAAAGAUGUGCG	CGCAGAUCUUCCUGGUCUUA
hvu-miR6209	PtsHsp-52	3,00	18.763	UGAGAUCAGAAAGAUGUGCG	CGCAGAUCUUCCUGGUCUUA
Medicago truncatula					
mtr-miR2592ap	PtsHsp-44	3,00	12.895	AGGCUGGUUUAGAUGAAGGU	AGCCUGAUCUAAACCAGCCU
mtr-miR2657	PtsHsp-11	3,00	7.709	UGUUAUUUCAUCGAUUUUGU	ACAAAACUGAUGAAAUAAAA
mtr-miR5208a	PtsHsp-34	3,00	16.Mar	AACAUGGAUGUUGUGAGUUU	AGGCUAACAAUAUUCAUGUU
mtr-miR5226	PtsHsp-16	2,50	8.753	UUUGUACAACUUGGAGGAUU	AAUCGACCAAGUUGUGCAAA
Nicotiana tabacum					
nta-miR482b-3p	PtsHsp-43	3,00	18.496	UCUUGCCAAUGCCAUCCAUU	AAGGGGUGGUUUUGGCAAGA
nta-miR6145a	PtsHsp-08	3,00	18.308	CAUUUUCACAUGUAGCACUGA	UCACUGCUAAAUGCGAAAAUG
Oryza sativa					
osa-miR1850.1	PtsHsp-17	3,00	May.16	UGGAAAGUUGGGAGAUUGGGG	CCUCAAAAUCCCAACUUUUCA
osa-miR2097-5p	PtsHsp-10	3,00	9.687	AGAGAUGGGACGGGCAGGGA	ACCCUGUUCGUUCCGUCUCU
osa-miR2275d	PtsHsp-44	3,00	10.519	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCU	GGAUGAUGAAGAAAAACAAG
osa-miR414	PtsHsp-01	3,00	17.676	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAAGAUGAUGAUGAGGAAGG
osa-miR414	PtsHsp-26	3,00	9.823	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAUGAUAACGAUGA
osa-miR529a	PtsHsp-36	3,00	21.932	CUGUACCCUCUCUCUUCUUC	GUAGAGGGGAGUGGGUACAG
Rehmannia glutinosa					
rgl-miR7972	PtsHsp-60	3,00	12.025	UUGUCAGGCUUGUUAUUCUC	GAGGAUAACAAAACUGAUAA
Sorghum bicolor					
sbi-miR529	PtsHsp-36	3,00	21.932	CUGUACCCUCUCUCUUCUUC	GUAGAGGGGAGUGGGUACAG
Solanum lycopersicum					
sly-miR482c	PtsHsp-43	2,50	18.496	UCUUGCCAAUACCGCCCAUU	AAGGGGUGGUUUUGGCAAGA
sly-miR482e-5p	PtsHsp-47	2,50	9.058	UGUGGGUGGGGUGGAAAGAU	AUGUUUCCAACCCACCUACA
Solanum tuberosum					
stu-miR482e-3p	PtsHsp-43	2,50	18.496	UCUUGCCAAUACCGCCCAUU	AAGGGGUGGUUUUGGCAAGA
stu-miR8037	PtsHsp-15	3,00	19.136	AUAAUUUGGAGGAAUAGGAACC	GAUUCCUAUCUCAUCAAAUUAU
stu-miR8037	PtsHsp-35	3,00	18.562	AUAAUUUGGAGGAAUAGGAACC	GAUUCCUCUUUCAUCAAAUUAU
Vitis vinifera					
vvi-miR3640-3p	PtsHsp-17	2,50	8.694	AUCGAAAAGGCAUCAUCAAUC	GAUUGAUGAUGCUUUUGUGAU
Zea mays					
zma-miR529-3p	PtsHsp-36	3,00	23.578	GCUGUACCCUCUCUCUUCUUC	GUAGAGGGGAGUGGGUACAGC

EK 3 Kavak genomunda tanımlanan *PtsHsp* genlerine ait ortolog gen ilişkileri

(Arabidopsis thaliana)

(PtsHsp) - Populus –Arabidopsis							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtsHsp-03	1	AT1G53540.1	1	12.98	0.17	0.01	99.85
		AT3G46230.1	3	11.44	0.19	0.02	87.96
PtsHsp-13	4	AT2G29500.1	2	13.67	0.13	0.01	105.13
		AT1G07400.1	1	3.25	0.16	0.05	25.03
PtsHsp-24	8	AT5G59720.1	5	52.13	0.17	0.00	401.02
		AT1G53540.1	1	51.67	0.18	0.00	397.47
PtsHsp-28	9	AT1G07400.1	1	8.85	0.14	0.02	68.09
		AT2G29500.1	2	7.47	0.12	0.02	57.47
		AT1G59860.1	1	7.65	0.14	0.02	58.86
PtsHsp-31	9	AT2G29500.1	2	8.41	0.14	0.02	64.66
		AT1G07400.1	1	3.40	0.19	0.06	26.15
PtsHsp-32	9	AT2G29500.1	2	8.27	0.13	0.02	63.60
		AT1G07400.1	1	3.58	0.17	0.05	27.54
PtsHsp-38	10	AT5G59720.1	5	55.43	0.20	0.00	426.36
PtsHsp-43	12	AT4G27670.1	4	3.62	0.25	0.07	27.82
PtsHsp-51	13	AT4G10250.1	4	2.67	0.27	0.10	20.54
Ortalama				**16.43**	**0.17**	**0.03**	**126.41**

(Oryza sativa)

(PtsHsp) - Populus –Oryza sativa							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtsHsp-03	1	LOC_Os01g04380.1	1	41.88	0.15	0.00	322.16
		LOC_Os01g04370.1	1	44.13	0.16	0.00	339.46
		LOC_Os01g04360.1	1	55.21	0.15	0.00	424.69
PtsHsp-13	4	LOC_Os03g16020.1	3	52.77	0.21	0.00	405.90
PtsHsp-20	6	LOC_Os04g36750.1	4	55.97	0.57	0.01	430.56
PtsHsp-24	8	LOC_Os03g16030.1	3	40.97	0.18	0.00	315.15
		LOC_Os03g16020.1	3	47.77	0.19	0.00	367.49
		LOC_Os01g04380.1	1	25.17	0.16	0.01	193.61
		LOC_Os03g15960.2	3	37.57	0.18	0.00	288.97
PtsHsp-31	9	LOC_Os03g16020.1	3	9.09	0.19	0.02	69.90
PtsHsp-38	10	LOC_Os03g16030.1	3	16.85	0.18	0.01	129.62
		LOC_Os01g04380.1	1	27.23	0.16	0.01	209.48
		LOC_Os03g15960.2	3	24.80	0.19	0.01	190.75
PtsHsp-43	12	LOC_Os03g14180.1	3	56.06	0.33	0.01	431.22
PtsHsp-59	19	LOC_Os01g04360.1	1	5.71	0.18	0.03	43.93
Ortalama				**33.33**	**0.23**	**0.01**	**256.38**

EK 3'ün devamı;

(Glycine max)

(PtsHsp) - *Populus –Glycine max*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtsHsp-03	1	Glyma.14G063700.1	14	49,40	0,18	0,00	380,00
		Glyma.08G069000.1	8	3,20	0,17	0,05	24,63
		Glyma.06G157800.1	6	10,70	0,15	0,01	82,30
		Glyma.02G252800.1	2	7,42	0,18	0,02	57,11
		Glyma.14G063800.1	14	18,59	0,17	0,01	143,01
PtsHsp-08	3	Glyma.07G043600.1	7	3,76	0,24	0,06	28,90
PtsHsp-12	4	Glyma.08G068700.1	8	1,96	0,20	0,10	15,11
		Glyma.13G176200.1	13	2,12	0,25	0,12	16,29
PtsHsp-13	4	Glyma.08G068700.1	8	1,66	0,10	0,06	12,75
		Glyma.08G069000.1	8	1,65	0,11	0,06	12,71
		Glyma.13G176300.1	13	2,98	0,15	0,05	22,89
		Glyma.13G175700.1	13	1,33	0,12	0,09	10,25
PtsHsp-20	6	Glyma.01G106800.1	1	3,05	0,12	0,04	23,43
		Glyma.13G175700.1	13	5,63	0,19	0,03	43,32
PtsHsp-21	6	Glyma.14G099900.1	14	5,79	0,09	0,02	44,52
		Glyma.14G100000.1	14	4,49	0,09	0,02	34,53
		Glyma.17G224900.1	17	2,57	0,09	0,04	19,78
		Glyma.17G225000.1	17	15,73	0,12	0,01	120,97
		Glyma.04G054400.1	4	9,61	0,08	0,01	73,89
		Glyma.20G015900.1	20	11,63	0,10	0,01	89,43
PtsHsp-24	8	Glyma.07G200200.1	7	1,85	0,12	0,06	14,20
		Glyma.13G176300.1	13	2,54	0,13	0,05	19,53
		Glyma.08G068700.1	8	2,23	0,12	0,05	17,14
		Glyma.13G176200.1	13	2,48	0,12	0,05	19,09
PtsHsp-28	9	Glyma.13G176200.1	13	1,55	0,08	0,05	11,89
		Glyma.08G068700.1	8	1,85	0,10	0,05	14,20
		Glyma.07G200500.1	7	1,33	0,09	0,07	10,21
PtsHsp-29	9	Glyma.08G068700.1	8	2,03	0,11	0,05	15,61
PtsHsp-31	9	Glyma.07G200200.1	7	1,52	0,13	0,08	11,67
		Glyma.13G176300.1	13	2,54	0,14	0,05	19,56
		Glyma.08G068700.1	8	1,76	0,13	0,07	13,52
		Glyma.13G175700.1	13	1,26	0,13	0,10	9,66
		Glyma.13G176200.1	13	1,37	0,13	0,09	10,52
PtsHsp-32	9	Glyma.08G068700.1	8	1,51	0,11	0,07	11,64
		Glyma.08G068800.1	8	1,94	0,11	0,06	14,91
		Glyma.07G200200.1	7	1,82	0,12	0,07	14,03
		Glyma.13G175700.1	13	1,49	0,12	0,08	11,43
		Glyma.07G200700.1	7	1,70	1,11	0,66	13,06
		Glyma.07G200000.1	7	1,94	0,13	0,07	14,92
PtsHsp-38	10	Glyma.07G200200.1	7	3,17	0,14	0,04	24,39
		Glyma.13G176300.1	13	7,58	0,16	0,02	58,30
		Glyma.08G069000.1	8	3,17	0,13	0,04	24,35
		Glyma.14G063800.1	14	10,15	0,11	0,01	78,08
		Glyma.13G175700.1	13	3,76	0,13	0,04	28,90
PtsHsp-43	12	Glyma.06G134900.1	6	2,55	0,20	0,08	19,64
		Glyma.04G229800.1	4	50,45	0,23	0,00	388,11
PtsHsp-51	13	Glyma.20G213900.1	20	1,55	0,19	0,12	11,91
		Glyma.10G176400.1	10	1,39	0,18	0,13	10,69
PtsHsp-59	19	Glyma.14G214800.1	14	1,97	0,13	0,06	15,18
		Glyma.02G244300.1	2	2,68	0,15	0,05	20,64
		Glyma.08G068700.1	8	2,58	0,08	0,03	19,85
		Glyma.13G175700.1	13	2,11	0,09	0,04	16,26
		Glyma.07G200500.1	7	1,93	0,09	0,05	14,86
		Glyma.07G200200.1	7	2,31	0,10	0,04	17,75
		Glyma.13G176500.1	13	3,01	0,14	0,05	23,17
Ortalama				**5,42**	**0,15**	**0,06**	**41,72**

EK 3'ün devamı;

(Eucalytus grandis)

(PtsHsp) - *Populus – Eucalyptus grandis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtsHsp-03	1	Eucgr.B02376.1	2	34,06	0,09	0,00	261,98
		Eucgr.J01975.1	10	7,86	0,15	0,02	60,49
		Eucgr.J01959.1	10	55,60	0,16	0,00	427,68
		Eucgr.J01958.1	10	5,73	0,18	0,03	44,06
PtsHsp-12	4	Eucgr.L03214.1	scaffold_2314	8,14	0,21	0,03	62,59
PtsHsp-13	4	Eucgr.L03214.1	scaffold_2314	4,12	0,10	0,03	31,72
		Eucgr.J01975.1	10	2,60	0,10	0,04	19,97
		Eucgr.J01960.1	10	3,41	0,11	0,03	26,21
		Eucgr.J01959.1	10	3,68	0,11	0,03	28,27
		Eucgr.J01976.1	10	2,52	0,11	0,04	19,36
		Eucgr.J01982.1	10	2,26	0,11	0,05	17,41
		Eucgr.J01981.1	10	2,47	0,11	0,04	19,00
PtsHsp-21	6	Eucgr.L02860.1	scaffold_1504	59,83	0,09	0,00	460,20
		Eucgr.C03071.1	3	65,32	0,09	0,00	502,43
PtsHsp-24	8	Eucgr.J01975.1	10	60,99	0,13	0,00	469,13
		Eucgr.L03214.1	scaffold_2314	61,72	0,14	0,00	474,74
		Eucgr.J01960.1	10	50,33	0,14	0,00	387,13
		Eucgr.J01969.1	10	12,35	0,15	0,01	94,97
PtsHsp-28	9	Eucgr.L03214.1	scaffold_2314	3,04	0,09	0,03	23,40
		Eucgr.J01985.1	10	1,97	0,09	0,04	15,14
		Eucgr.J01978.1	10	1,57	0,09	0,06	12,11
		Eucgr.J01980.1	10	1,55	0,10	0,06	11,93
		Eucgr.J01966.1	10	2,71	0,09	0,03	20,86
PtsHsp-29	9	Eucgr.J01985.1	10	3,10	0,11	0,04	23,84
		Eucgr.J01978.1	10	2,28	0,10	0,04	17,53
		Eucgr.J01960.1	10	3,83	0,10	0,03	29,46
		Eucgr.L02232.2	scaffold_699	3,06	0,10	0,03	23,51
PtsHsp-31	9	Eucgr.L03214.1	scaffold_2314	7,00	0,13	0,02	53,81
		Eucgr.J01975.1	10	7,49	0,12	0,02	57,62
		Eucgr.J01960.1	10	5,68	0,13	0,02	43,69
		Eucgr.J01978.1	10	3,61	0,12	0,03	27,73
		Eucgr.J01972.1	10	3,87	0,16	0,04	29,77
PtsHsp-32	9	Eucgr.J01975.1	10	3,84	0,11	0,03	29,56
		Eucgr.J01976.1	10	2,28	0,12	0,05	17,53
		Eucgr.L02232.2	scaffold_699	3,01	0,12	0,04	23,14
PtsHsp-38	10	Eucgr.J01975.1	10	66,31	0,13	0,00	510,11
		Eucgr.L03214.1	scaffold_2314	50,62	0,14	0,00	389,39
		Eucgr.J01959.1	10	30,36	0,13	0,00	233,56
		Eucgr.J01958.1	10	15,09	0,14	0,01	116,11
PtsHsp-43	12	Eucgr.K00423.1	11	3,37	0,21	0,06	25,91
		Eucgr.L02980.1	scaffold_1733	3,94	0,21	0,05	30,30
PtsHsp-51	13	Eucgr.F04109.1	6	9,51	0,30	0,03	73,14
PtsHsp-59	19	Eucgr.F02898.1	6	2,41	0,17	0,07	18,53
		Eucgr.J01978.1	10	2,05	0,09	0,04	15,74
		Eucgr.L03214.1	scaffold_2314	3,50	0,09	0,03	26,90
		Eucgr.J01959.1	10	3,49	0,09	0,02	26,88
		Eucgr.L03261.1	scaffold_2495	3,44	0,10	0,03	26,46
		Eucgr.J01969.1	10	2,57	0,12	0,05	19,79
Ortalama				**14,57**	**0,13**	**0,03**	**112,10**

EK 4 Kavak genomunda tespit edilen *PtHsp40* genlerinin genel özellikleri

Kavakta (*Populus trichocarpa* Torrey & A. Gray) *tanımlanan 145 adet PtHsp40 genine ait veriler*

Gen Kodları	Phytozome Kod No	Genom Üzerindeki Fiziksel Yerleşimi			Protein Uzun. (aa)	İzoelektrik Noktası (pI)	Moleküler ağırlığı (Da)	Kararsızlık indeksi	Protein Oluş. Durumu	Filo. Gen. Grup	NCBI Kod No	NCBI BLASTP Tanımlaması
		Krmz. No	Başlangıç Lokusu (bp)	Bitiş Lokusu (bp)								
PtHsp40-01	Potri.001G035800.1	Chr01	2538107	2542201	647	8,84	73689,04	64,55	kararsız	Va	XP_002299170.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-02	Potri.001G043100.1	Chr01	3133171	3135092	170	4,85	19113,2	48,3	kararsız	IVa	XP_006368494.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-03	Potri.001G057200.1	Chr01	4337691	4341984	776	9,09	85518,55	36,16	kararlı	Vb	XP_002299311.2	hypothetical protein POPTR_0001s13760g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-04	Potri.001G072700.1	Chr01	5764688	5768690	289	5,86	32746,26	64,78	kararsız	IIa	XP_002297902.2	hypothetical protein POPTR_0001s12510g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-05	Potri.001G158200.1	Chr01	13171164	13178809	540	9,04	60230,78	34,08	kararlı	III	XP_006369031.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-06	Potri.001G164700.1	Chr01	13801402	13806578	238	5,36	26562,29	42,52	kararsız	IIa	XP_006369105.1	hypothetical protein POPTR_0001s16500g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-07	Potri.001G215100.1	Chr01	21787450	21789219	294	8,59	32633,58	21,08	kararlı	IIb	XP_006369376.1	hypothetical protein POPTR_0001s22240g
PtHsp40-08	Potri.001G215800.1	Chr01	21862517	21868922	249	9,28	29744,9	51,01	kararsız	Va	XP_002299768.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-09	Potri.001G255000.1	Chr01	26465826	26474614	1283	6,03	139669,58	44,04	kararsız	IVb	XP_006369579.1	hypothetical protein POPTR_0001s26200g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-10	Potri.001G271300.1	Chr01	27886255	27894407	445	8,66	48940,14	35,33	kararlı	IIb	XP_002299961.1	GAMETOPHYTIC FACTOR 2 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-11	Potri.001G308900.1	Chr01	31254554	31259994	267	9,98	30490,45	55,69	kararsız	IVb	XP_002300204.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-12	Potri.001G319100.1	Chr01	32380060	32381896	197	9,77	23023,37	73,5	kararsız	Vb	XP_002300151.1	heat shock protein DnaJ [Populus trichocarpa]
PtHsp40-13	Potri.001G347600.1	Chr01	35342824	35344984	301	8,44	34267	44,64	kararsız	Va	XP_002298530.2	hypothetical protein POPTR_0001s35100g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-14	Potri.001G438300.2	Chr01	47001832	47010305	549	8,52	63092,68	48,73	kararsız	Vb	XP_006370463.1	hypothetical protein POPTR_0001s42940g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-15	Potri.001G469600.1	Chr01	50169935	50170866	164	6,73	18199,3	58,07	kararsız	Vb	XP_002300579.2	hypothetical protein POPTR_0001s47360g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-16	Potri.002G000300.1	Chr02	21367	29017	402	5,76	44474,27	40,15	kararsız	Vb	XP_002300601.2	hypothetical protein POPTR_0002s00230g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-17	Potri.002G020700.1	Chr02	1229793	1230817	169	8,84	18752,01	55,76	kararsız	IVa	XP_002301970.1	hypothetical protein POPTR_0002s02220g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-18	Potri.002G020800.1	Chr02	1232847	1234090	171	8,9	18822,06	55,09	kararsız	IVa	XP_002301971.1	hypothetical protein POPTR_0002s02240g
PtHsp40-19	Potri.002G033800.1	Chr02	2175961	2183004	1658	4,79	187976,34	47,75	kararsız	IVb	XP_002302022.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus]
PtHsp40-20	Potri.002G074600.1	Chr02	5153644	5157603	380	5,58	43027,38	40,72	kararsız	Vb	XP_002300954.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-21	Potri.002G079200.1	Chr02	5493489	5498750	532	7,72	58949,18	42,38	kararsız	IVb	XP_002300968.2	hypothetical protein POPTR_0002s07940g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-22	Potri.002G090600.2	Chr02	6446844	6449223	276	9,47	32632,97	60,05	kararsız	IVb	XP_002302268.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family
PtHsp40-23	Potri.002G103900.1	Chr02	7521555	7524798	139	4,87	16598,47	69,38	kararsız	IVa	XP_002302333.2	hypothetical protein POPTR_0002s10410g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-24	Potri.002G105500.1	Chr02	7671052	7672759	333	8,84	36306,08	40,57	kararsız	IVa	XP_002302343.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-25	Potri.002G114600.1	Chr02	8612745	8616658	244	9,5	29109,29	53,35	kararsız	Va	XP_002302385.1	hypothetical protein POPTR_0002s11530g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-26	Potri.002G127900.3	Chr02	9578650	9581321	312	6,31	34822,05	41,64	kararsız	Vb	XP_002302444.2	hypothetical protein POPTR_0002s12940g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-27	Potri.002G141100.1	Chr02	10474856	10478123	424	6,34	47440,35	47,15	kararsız	IIb	XP_002301248.1	DnaJ family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-28	Potri.002G188300.1	Chr02	14814182	14821367	134	9,99	14695,87	31,37	kararlı	IVb	XP_002302802.2	hypothetical protein POPTR_0002s18940g
PtHsp40-29	Potri.002G197300.1	Chr02	15811749	15814779	564	9,72	64124,68	56,22	kararsız	IVb	XP_002302757.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-30	Potri.002G198000.1	Chr02	15902815	15907384	345	6,05	38979,34	39,29	kararlı	IIb	XP_002301501.1	DNAJ heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-31	Potri.002G217200.2	Chr02	20050834	20058359	978	6,4	108304,65	47,94	kararsız	IVb	XP_006386806.1	hypothetical protein POPTR_0002s22300g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-32	Potri.002G217500.1	Chr02	20120332	20124154	700	8,61	77301,23	32,94	kararlı	Va	XP_002321190.1	hypothetical protein POPTR_0014s16350g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-33	Potri.002G221000.1	Chr02	20769754	20773591	612	8,48	67559,01	33,03	kararlı	Va	XP_002321190.1	hypothetical protein POPTR_0014s16350g [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-34	Potri.002G233500.4	Chr02	22655292	22661501	340	4,83	38881,34	52,26	kararsız	Vb	XP_002301647.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 3 family protein Populus trichocarpa
tHsp40-35	Potri.003G031800.1	Chr03	3999593	4012272	492	9,01	53342,46	40,74	kararsız	IIb	XP_006385304.1	hypothetical protein POPTR_0003s02620g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-36	Potri.003G070600.1	Chr03	9887243	9891278	241	5,15	26930,65	57,12	kararsız	IIa	XP_006369105.1	hypothetical protein POPTR_0001s16500g
PtHsp40-37	Potri.003G076600.1	Chr03	10497274	10505754	539	9,13	59909,47	39,57	kararlı	III	XP_002304275.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-38	Potri.003G097800.1	Chr03	12439301	12441258	603	9,04	68297,02	35,49	kararlı	Va	XP_002303443.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-39	Potri.003G171200.2	Chr03	18101867	18106177	765	9,1	84497,49	37,46	kararlı	Vb	XP_002303790.2	hypothetical protein POPTR_0003s16970g
PtHsp40-40	Potri.003G183700.1	Chr03	18992184	18994435	172	5,23	19378,56	47,54	kararsız	IVa	XP_002304733.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-41	Potri.003G190000.1	Chr03	19487314	19491278	647	8,33	73596,55	66	kararsız	Va	XP_002303963.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-42	Potri.004G022600.1	Chr04	1468244	1471289	302	9	35149,45	45,18	kararsız	III	XP_002305615.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-43	Potri.004G072200.1	Chr04	6072384	6077929	332	6,94	37511,14	34,15	kararlı	Vb	XP_002305443.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-44	Potri.004G158300.3	Chr04	17982373	17987123	332	6,94	37511,14	34,15	kararlı	Vb	XP_006384517.1	hypothetical protein POPTR_0004s16570g
PtHsp40-45	Potri.004G172300.1	Chr04	19093540	19094358	158	9,24	17367,43	49	kararsız	IVa	XP_002305500.2	hypothetical protein POPTR_0004s17810g
PtHsp40-46	Potri.005G020300.1	Chr05	1577757	1579715	160	5,15	17980,04	52,07	kararsız	IVb	XP_006382423.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein
PtHsp40-47	Potri.005G043200.1	Chr05	3176206	3181907	1126	8,49	125632,77	45,58	kararsız	Vb	XP_006382690.1	hypothetical protein POPTR_0005s04470g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-48	Potri.005G073900.3	Chr05	5376490	5384032	443	9,43	48024,78	45,68	kararsız	IIb	XP_002307075.2	DNAJ heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-49	Potri.005G078800.1	Chr05	5813646	5814152	120	9,13	14352,25	74,08	kararsız	Vb	XP_002306321.1	hypothetical protein POPTR_0005s08060g
PtHsp40-50	Potri.005G113100.1	Chr05	8701849	8703659	166	9,75	18806,45	34,9	kararlı	IVa	XP_006383098.1	DnaJ-like family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-51	Potri.005G146600.1	Chr05	12887694	12891106	219	9,63	26047,01	56,55	kararsız	Va	XP_002306506.2	hypothetical protein POPTR_0005s19030g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-52	Potri.005G156100.2	Chr05	15482997	15486374	405	9,07	44093,86	41,49	kararsız	IVa	XP_002307337.2	hypothetical protein POPTR_0005s17920g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-53	Potri.005G160200.1	Chr05	16106206	16112043	375	8,21	41075,61	31,82	kararlı	IIb	XP_006383507.1	hypothetical protein POPTR_0005s17530g
PtHsp40-54	Potri.005G181700.3	Chr05	19828462	19832696	542	6,44	59711,22	45,76	kararsız	IVb	XP_006383589.1	hypothetical protein POPTR_0005s20410g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-55	Potri.005G185800.1	Chr05	20328614	20332283	384	5,53	43404,8	39,69	kararlı	Vb	XP_002307468.2	hypothetical protein POPTR_0005s20810g
PtHsp40-56	Potri.005G229300.1	Chr05	23831579	23837425	1253	4,9	141782,29	52,31	kararsız	IVb	XP_002306880.2	hypothetical protein POPTR_0005s25090g
PtHsp40-57	Potri.005G240700.1	Chr05	24679956	24680970	175	9,62	19322,53	62,6	kararsız	IVa	XP_002306936.1	hypothetical protein POPTR_0005s26220g
PtHsp40-58	Potri.005G260400.1	Chr05	25878109	25885271	402	6	44446,25	44,63	kararsız	Vb	XP_002307837.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-59	Potri.006G001300.1	Chr06	120900	121953	246	9,83	28164,25	54,85	kararsız	Vb	XP_002307840.1	hypothetical protein POPTR_0006s00340g
tHsp40-60	Potri.006G024700.1	Chr06	1718205	1721283	191	9,2	22280,64	45,28	kararsız	IIb	XP_002308837.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-61	Potri.006G056400.1	Chr06	4106619	4109245	301	5,44	34724,75	55,59	kararsız	Vb	XP_002322697.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-62	Potri.006G131200.2	Chr06	10748443	10752587	112	10,27	12054,98	36,59	kararlı	IVb	XP_006381490.1	hypothetical protein POPTR_0006s13340g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-63	Potri.006G153700.1	Chr06	13715044	13717297	353	8,12	40206,94	45,98	kararsız	Vb	XP_002308307.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-64	Potri.006G221900.1	Chr06	23453991	23455558	214	4,96	24102,03	57,72	kararsız	IVb	XP_002309471.2	hypothetical protein POPTR_0006s23850g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-65	Potri.006G246700.1	Chr06	25391225	25393997	336	8,3	36848,59	41,25	kararsız	IIb	XP_006382063.1	DNAJ heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-66	Potri.007G022600.1	Chr07	1699352	1705969	1467	5,98	166215,29	45,34	kararsız	Vb	XP_002310250.2	hypothetical protein POPTR_0007s13120g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-67	Potri.007G052400.1	Chr07	5253912	5259094	508	6,84	57558,31	40,96	kararsız	IVa	XP_006380649.1	hypothetical protein POPTR_0007s10150g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-68	Potri.007G072600.1	Chr07	9517328	9519863	476	9,14	52611,73	51,28	kararsız	IVa	XP_002310648.2	hypothetical protein POPTR_0007s07670g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-69	Potri.007G088900.1	Chr0	11498601	11499119	161	9,72	19082,98	58,29	kararsız	Vb	XP_006380432.1	hypothetical protein POPTR_0007s05840g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-70	Potri.007G094900.4	Chr07	12145146	12152997	441	9,19	47741,34	48,1	kararsız	IIb	XP_002310554.1	hypothetical protein POPTR_0007s05240g [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-71	Potri.007G107600.1	Chr07	13133945	13134640	142	8,97	15618,64	51,21	kararsız	III	XP_002309904.1	hypothetical protein POPTR_0007s03990g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-72	Potri.007G114800.1	Chr07	13610741	13612576	440	4,99	48215,17	45,03	kararsız	IVa	XP_002310491.2	hypothetical protein POPTR_0007s03320g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-73	Potri.007G135700.1	Chr07	14860311	14862989	348	9,08	38114,38	39,01	kararlı	IIb	XP_002309764.1	hypothetical protein POPTR_0007s01320g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-74	Potri.008G018800.1	Chr08	991235	994434	420	6,06	46583,42	34,63	kararlı	IIb	XP_002310999.1	DnaJ family protein
PtHsp40-75	Potri.008G043500.1	Chr08	2483336	2484525	112	10,24	12051,99	38,73	kararlı	IVb	XP_002311111.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein
PtHsp40-76	Potri.008G101800.1	Chr08	6469558	6474698	339	8,23	37327,37	57,82	kararsız	IVa	XP_006379702.1	hypothetical protein POPTR_0008s10140g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-77	Potri.008G109100.3	Chr08	6926549	6930564	695	6,1	78696,81	51,05	kararsız	Va	XP_002312345.2	hypothetical protein POPTR_0008s10850g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-78	Potri.008G123200.1	Chr08	8027956	8034746	407	6	45240,79	31,68	kararlı	Va	XP_002312410.1	hypothetical protein POPTR_0008s12220g
PtHsp40-79	Potri.008G193500.1	Chr08	13474208	13480764	408	7,59	46107,29	48,9	kararsız	Va	XP_002311794.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus
PtHsp40-80	Potri.008G194000.1	Chr08	13534761	13537122	314	8,91	35391,26	41	kararsız	IIb	XP_002311798.2	DNAJ heat shock family protein
PtHsp40-81	Potri.008G196200.1	Chr08	13694596	13696660	565	5,97	64973,59	52,76	kararsız	Va	XP_006380031.1	hypothetical protein POPTR_0008s20070g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-82	Potri.008G211300.1	Chr08	16501940	16503664	277	9,53	32033,41	46,04	kararsız	Va	XP_006380235.1	hypothetical protein POPTR_0008s23210g
PtHsp40-83	Potri.009G015700.1	Chr09	2638817	2641398	415	5,81	46345,39	38,18	kararlı	IIb	XP_002313505.1	seed maturation protein PM37
PtHsp40-84	Potri.009G016700.1	Chr09	2797098	2803191	250	9,38	29826,97	46,86	kararsız	Va	XP_002314254.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-85	Potri.009G018400.1	Chr09	3011841	3016512	564	5,4	65130,86	50,16	kararsız	IVa	XP_002313494.2	hypothetical protein POPTR_0009s023501 g
PtHsp40-86	Potri.009G050200.1	Chr09	5509598	5519620	1298	5,6	141937,34	46,63	kararsız	IVb	XP_006369579.1	hypothetical protein POPTR_0001s26200g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-87	Potri.009G065500.1	Chr09	6610470	6619220	446	8,99	48876,19	41,86	kararsız	IIb	XP_002313281.1	GAMETOPHYTIC FACTOR 2 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-88	Potri.009G119800.1	Chr09	10046788	10051670	339	5,98	38336,66	32,41	kararlı	Vb	XP_002313780.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-89	Potri.009G131800.1	Chr09	10684468	10685306	107	9,1	12248,76	53,2	kararsız	Vb	XP_002313725.1	hypothetical protein POPTR_0009s13440g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-90	Potri.009G138100.3	Chr09	11067974	11070821	285	9,29	32505,15	44,4	kararsız	Va	XP_002312944.2	hypothetical protein POPTR_0009s14020g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-91	Potri.010G005700.1	Chr10	523637	526660	360	9,42	41184,78	47,83	kararsız	Va	XP_002314354.1	hypothetical protein POPTR_0010s00790g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-92	Potri.010G013200.3	Chr10	1672648	1674553	354	8,05	40806,76	56,68	kararsız	Va	XP_002315518.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-93	Potri.010G018800.1	Chr10	2572365	2576599	959	5,38	109544,86	47,99	kararsız	Va	XP_002314476.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-94	Potri.010G020400.1	Chr10	2837752	2840631	933	5,13	106637,49	48,86	kararsız	Va	XP_002314476.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus
PtHsp40-95	Potri.010G035000.1	Chr10	6241308	6248983	317	9,13	35509,59	36,91	kararlı	IIb	XP_006378170.1	DNAJ heat shock family protein [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-96	Potri.010G036200.3	Chr10	6241308	6248983	408	8,04	45993,09	47,62	kararsız	Va	XP_006378182.1	hypothetical protein POPTR_0010s04560g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-97	Potri.010G113400.1	Chr10	13177176	13179816	175	5,01	20014,32	59,19	kararsız	Va	XP_002315886.1	hypothetical protein POPTR_0010s12370g
PtHsp40-98	Potri.010G122300.1	Chr10	13880469	13888077	414	5,79	46118,82	36	kararlı	Va	XP_002312410.1	hypothetical protein POPTR_0008s12220g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-99	Potri.010G139100.4	Chr10	15171955	15176261	724	5,14	81601,17	45,82	kararsız	Va	XP_002314922.2	hypothetical protein POPTR_0010s14890g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-100	Potri.010G148900.1	Chr10	15782108	15786737	459	5,91	51038,84	35,92	kararlı	IIb	XP_006378828.1	hypothetical protein POPTR_0010s24930g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-101	Potri.010G243100.1	Chr10	21920404	21923871	458	5,85	50215,78	37,1	kararlı	IIb	XP_002316479.1	DnaJ family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-102	Potri.011G057600.1	Chr11	5083720	5085727	246	6,9	27400,12	39,34	kararlı	IIb	XP_006377409.1	hypothetical protein POPTR_0011s05650g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-103	Potri.011G081500.2	Chr11	8122817	8130514	497	5,85	56760,28	69,64	kararsız	IVb	XP_002316724.2	hypothetical protein POPTR_0011s02540g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-104	Potri.011G142000.1	Chr11	16327143	16334875	555	8,93	64141,88	49,99	kararsız	Vb	XP_006377855.1	hypothetical protein POPTR_0011s14520g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-105	Potri.011G166500.1	Chr11	18259901	18260933	171	6,4	18864,92	52,62	kararsız	Vb	XP_006377981.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-106	Potri.012G001100.2	Chr12	140083	146588	773	7,39	86749,78	39,71	kararlı	Vb	XP_002318382.2	hypothetical protein POPTR_0012s01580g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-107	Potri.012G098800.1	Chr12	12435026	12437374	718	9,27	81192,4	35,74	kararlı	Vb	XP_002318734.2	hypothetical protein POPTR_0012s10060g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-108	Potri.013G010800.1	Chr13	680217	682971	164	5,17	18727,93	59,69	kararsız	Va	XP_002318965.2	hypothetical protein POPTR_0013s01210g
PtHsp40-109	Potri.013G021000.1	Chr13	1392994	1395437	266	7,93	29845,16	50,89	kararsız	I	XP_002319537.1	hypothetical protein POPTR_0013s02180g [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-110	Potri.013G029500.1	Chr13	1943174	1947214	1091	8,75	121905,9	41,03	kararsız	Vb	XP_002319580.2	hypothetical protein POPTR_0013s03040g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-111	Potri.013G058100.1	Chr13	4355752	4359013	332	9,16	37351,35	49,21	kararsız	III	XP_002319161.1	hypothetical protein POPTR_0013s05460g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-112	Potri.013G078200.1	Chr13	6794252	6799625	123	5,04	14402,17	13,68	kararlı	Vb	XP_002319246.2	hypothetical protein POPTR_0013s07580g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-113	Potri.013G109000.1	Chr13	12234638	12236006	256	5,83	29216,66	48,17	kararsız	IVb	XP_006376249.1	hypothetical protein POPTR_0013s11340g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-114	Potri.014G032000.2	Chr14	2658605	2660470	182	4,5	20936,48	52,31	kararsız	Va	XP_006374964.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-115	Potri.014G055300.1	Chr14	4311426	4314130	313	7,99	35411,04	48,44	kararsız	IIb	XP_006386554.1	hypothetical protein POPTR_0002s14200g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-116	Potri.014G122300.1	Chr14	9472071	9474844	547	9,03	60945,97	50,16	kararsız	IVb	XP_002320311.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus
PtHsp40-117	Potri.014G143400.1	Chr14	10950562	10956347	335	7,94	37623,67	57,79	kararsız	IIb	XP_002320418.2	hypothetical protein POPTR_0014s14030g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-118	Potri.014G165600.1	Chr14	13141970	13144470	700	8,64	76556,25	31,42	kararlı	Va	XP_002321190.1	hypothetical protein POPTR_0014s16350g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-119	Potri.014G173500.1	Chr14	14048511	14049070	72	8,64	8257,6	36,16	kararlı	IVb	XP_006375591.1	hypothetical protein POPTR_0014s17160g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-120	Potri.014G197600.1	Chr14	18834528	18842032	998	6,09	110798,39	49,16	kararsız	IVb	XP_006375591.1	hypothetical protein POPTR_0014s17160g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-121	Potri.015G020200.1	Chr15	1433579	1435858	654	8,71	73839,86	44,16	kararsız	Vb	XP_002321448.1	hypothetical protein POPTR_0015s02180g
PtHsp40-122	Potri.015G035300.1	Chr15	3050340	3062212	545	9,22	59808,67	36,68	kararlı	IIb	XP_002321448.1	hypothetical protein POPTR_0015s02180g [Populus trichocarpa]

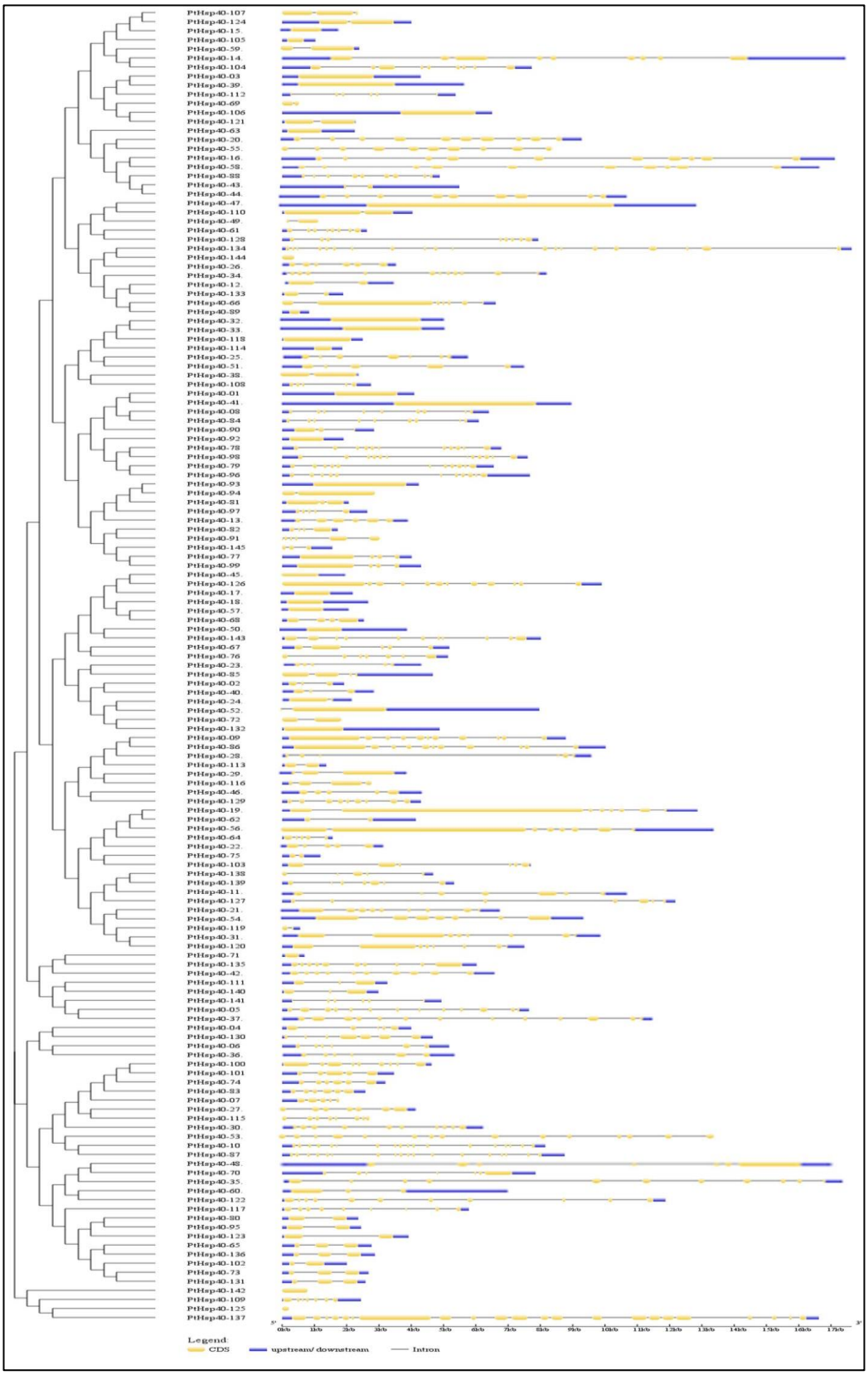
EK 4'ün devamı;

PtHsp40-123	Potri.015G066100.1	Chr15	9079653	9083570	341	9,06	38272,32	51,16	kararsız	IIb	XP_002322128.1	DNAJ heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-124	Potri.015G097500.1	Chr15	11737890	11741896	738	9,23	83865,48	41,23	kararsız	Vb	XP_002322265.2	hypothetical protein POPTR_0015s10950g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-125	Potri.016G002000.1	Chr16	95908	96120	70	5,35	7764,55	55,11	kararsız	I	XP_006373558.1	hypothetical protein POPTR_0016s00380g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-126	Potri.016G043900.1	Chr16	2736838	2746737	1465	6,19	159769,02	40,81	kararsız	IVa	XP_002323273.2	DNAJ heat shock N-terminal domain- [Populus trichocarpa]
PtHsp40-127	Potri.016G045400.1	Chr16	2852831	2865010	296	9,14	34390,65	67,08	kararsız	IVb	XP_006373735.1	hypothetical protein POPTR_0016s04450g
PtHsp40-128	Potri.016G051800.1	Chr16	3316746	3324682	292	6,15	33620,7	57,2	kararsız	Vb	XP_002322697.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus
PtHsp40-129	Potri.016G088600.1	Chr16	7086634	7090934	484	6,14	53805,31	40,43	kararsız	IVb	XP_002322872.1	hypothetical protein POPTR_0016s09000g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-130	Potri.016G120000.1	Chr16	12486921	12491589	576	9,47	63747,34	37,05	kararlı	IIa	XP_002322996.2	hypothetical protein POPTR_0016s12750g
PtHsp40-131	Potri.017G016000.1	Chr17	1368102	1370687	354	9,13	38556,87	34,27	kararlı	IIb	XP_006372755.1	DNAJ chaperone C-terminal domain-containing family protein
PtHsp40-132	Potri.017G044600.3	Chr17	3755629	3760508	614	7,11	67383,85	57,46	kararsız	IVa	XP_006373019.1	hypothetical protein POPTR_0017s07210g
PtHsp40-133	Potri.017G058400.1	Chr17	5325818	5327711	196	9,68	22848,02	60,74	kararsız	Vb	XP_006373081.1	heat shock protein DnaJ [Populus trichocarpa]
PtHsp40-134	Potri.017G112200.1	Chr17	12779988	12797626	694	6,16	78227,96	48,58	kararsız	Vb	XP_006373459.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-135	Potri.017G148800.1	Chr17	15482385	15488410	686	5,66	76963,42	48,64	kararsız	III	XP_006372372.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-protein [Populus trichocarpa]

EK 4'ün devamı;

PtHsp40-136	Potri.018G034600.1	Chr18	2767921	2770796	334	8,75	36768,39	41,33	kararsız	IIb	XP_006371721.1	hypothetical protein POPTR_0018s01070g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-137	Potri.018G072600.1	Chr18	9412954	9429577	2614	5,97	286398,43	47,17	kararsız	I	XP_002324964.2	hypothetical protein POPTR_0018s06280g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-138	Potri.019G006400.1	Chr19	755463	760142	199	9,59	22792,62	45,72	kararsız	IVb	XP_006371017.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-139	Potri.019G010000.1	Chr19	1199465	1204793	310	9,77	36100,53	54,57	kararsız	IVb	XP_006371017.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-140	Potri.019G035100.1	Chr19	3990901	3993884	334	9,26	37275,22	56,27	kararsız	III	XP_002325839.1	hypothetical protein POPTR_0019s05070g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-141	Potri.019G041400.1	Chr19	4798521	4803456	123	5,44	14640,45	20,61	kararlı	III	XP_002325870.2	hypothetical protein POPTR_0019s05800g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-142	Potri.019G068600.1	Chr19	10196221	10197012	263	6,99	29610,99	31,57	kararlı	I	XP_006371381.1	hypothetical protein POPTR_0019s09660g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-143	Potri.019G083700.1	Chr19	11658660	11666676	584	7,7	66418,91	61,36	kararsız	IVa	XP_002325992.2	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp40-144	Potri.T080200.1	scaf.87	123987	124364	125	7,85	14600,53	56,08	kararsız	Vb	XP_006380432.1	hypothetical protein POPTR_0007s05840g [Populus trichocarpa]
PtHsp40-145	Potri.T170800.1	scaf.1057	11261	12817	136	9,95	16342,96	49,59	kararsız	Va	XP_002312345.2	hypothetical protein POPTR_0008s10850g [Populus trichocarpa]

EK 5 *PtHsp40* genlerine ait Exon – Intron gösterimleri



EK 6 ***PtHsp40*** **genlerinin Tandem duplikasyonları ve birbirlerinden ayrılma oranları**

Kromozom	Gen Adı	Duplikasyon	Uzaklık (kb)	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
2	PtHsp40-31	PtHsp40-21	14.557	2,4387	0,4699	0,192684627	18,8
6	PtHsp40-65	PtHsp40-60	23.673	43,6124	0,8063	0,018487861	335,5
7	PtHsp40-67	PtHsp40-76	6.891	53,673	1,0689	0,019915041	412,9
8	PtHsp40-78	PtHsp40-79	5.446	26,2035	0,295	0,011258038	201,6
10	PtHsp40-94	PtHsp40-93	265	0,0135	0,0051	0,377777778	0,1
10	PtHsp40-96	PtHsp40-98	7.609	14,1476	0,2846	0,020116486	108,8
10	PtHsp40-99	PtHsp40-96	8.930	7,4406	1,1001	0,14785098	57,2
10	PtHsp40-101	PtHsp40-100	16.836	2,1818	5,7891	2,653359611	16,8
12	PtHsp40-107	PtHsp40-106	12.294	3,3969	0,4426	0,130295269	26,1
14	PtHsp40-120	PtHsp40-119	4786	0,0001	0,0129	129	0,0
Ortalama				**15,31081**	**1,02745**	**13,25717457**	**117,8**

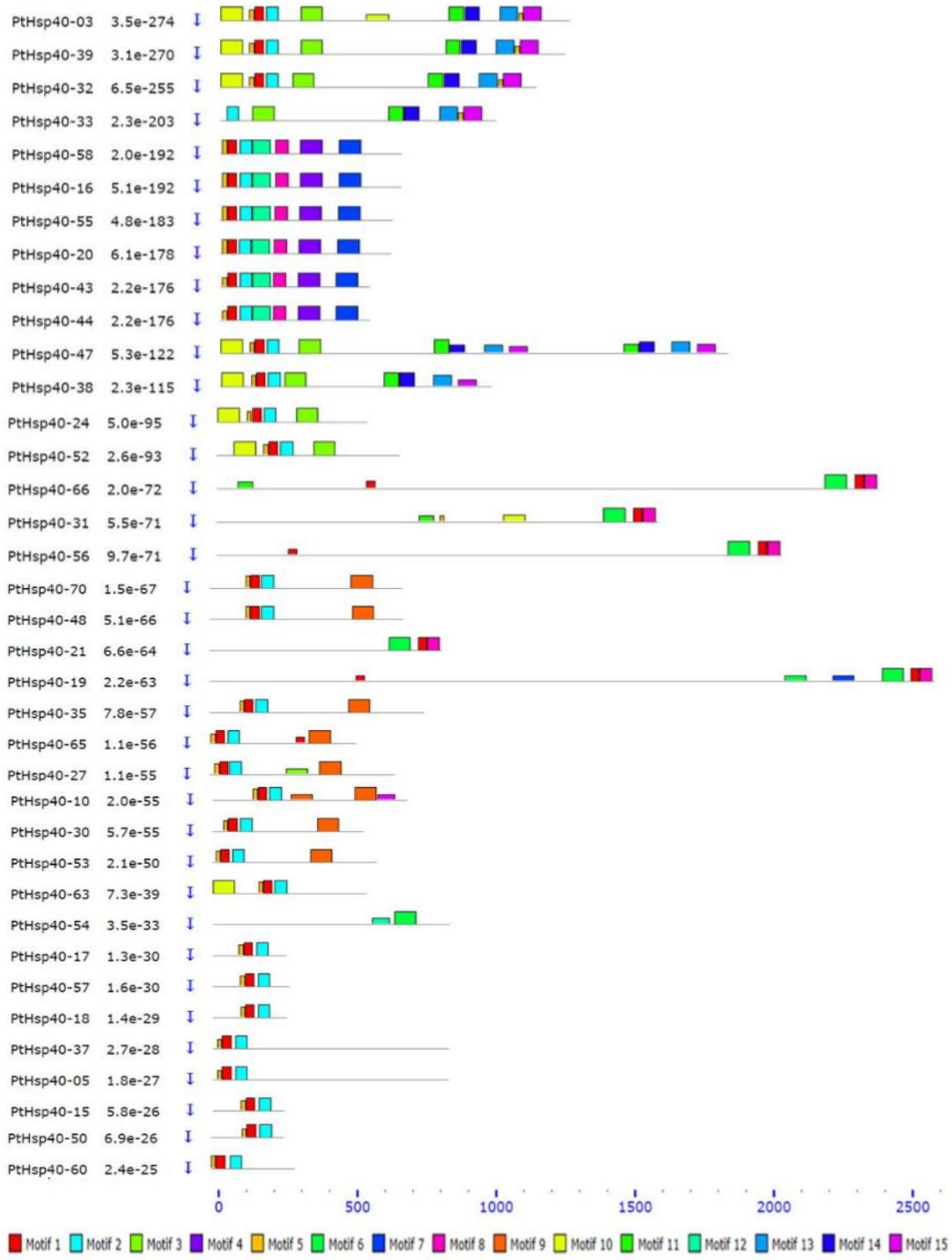
EK 7 *PtHsp40* genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları

Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
PtHsp40-01	2538107-2542201	1	PtHsp40-41	19487314-19491278	3	0,2225	0,0474	0,2130	414,9
PtHsp40-03	4337691-4341984	1	PtHsp40-32	20120332-20124154	2	53,9360	0,5143	0,0095	414,9
			PtHsp40-39	18101867-18106177	3	0,2393	0,0776	0,3243	1,8
			PtHsp40-106	140083-146588	12	3,2301	0,3961	0,1226	24,8
			PtHsp40-118	13141970-13144470	14	5,3593	0,5735	0,1070	41,2
			PtHsp40-121	1433579-1435858	15	3,1477	0,3689	0,1172	24,2
			PtHsp40-124	11737890-11741896	15	2,3916	0,3891	0,1627	18,4
PtHsp40-07	21787450-21789219	1	PtHsp40-27	10474856-10478123	2	7,8069	0,3198	0,0410	60,1
			PtHsp40-74	991235-994434	8	2,5438	0,1974	0,0776	19,6
			PtHsp40-83	2638817-2641298	9	0,4931	0,1234	0,2503	3,8
			PtHsp40-101	21920404-21923871	10	2,4942	0,2041	0,0818	19,2
			PtHsp40-115	4311426-4314130	14	5,8496	0,3917	0,0670	45,0
PtHsp40-14	47001832-47010305	1	PtHsp40-104	16327143-16334875	11	0,2179	0,0504	0,2313	1,7
PtHsp40-15	50169935-50170866	1	PtHsp40-58	25878109-25885271	5	38,7338	0,9822	0,0254	298,0
			PtHsp40-88	10046788-10051670	9	38,0862	0,9823	0,0258	293,0
PtHsp40-29	15811749-15814779	2	PtHsp40-116	9472071-9474844	14	0,4086	0,1092	0,2673	3,1
PtHsp40-31	20050834-20058359	2	PtHsp40-119	14048511-14049070	14	0,2015	0,0323	0,1603	1,6
PtHsp40-33	20769754-20773591	2	PtHsp40-03	4337691-4341984	1	4,6120	0,5518	0,1196	35,5
			PtHsp40-39	18101867-18106177	3	4,5075	0,5911	0,1311	34,7
			PtHsp40-106	140083-146588	12	10,6786	0,6587	0,0617	82,1
			PtHsp40-121	1433579-1435858	15	8,8729	0,6270	0,0707	68,3
			PtHsp40-124	11737890-11741896	15	6,5403	0,5884	0,0900	50,3
PtHsp40-34	22655292-22661501	2	PtHsp40-06	13801402-13806578	1	52,6470	1,3306	0,0253	405,0
PtHsp40-37	10497274-10505754	3	PtHsp40-05	13171164-13178809	1	0,2071	0,0525	0,2535	1,6
PtHsp40-38	12439301-12441258	3	PtHsp40-47	3176206-3181907	5	61,9342	0,8317	0,0134	476,4
			PtHsp40-107	12435026-12437374	12	55,1094	0,7720	0,0140	423,9
			PtHsp40-118	13141970-13144470	14	58,3174	0,7218	0,0124	448,6
			PtHsp40-124	11737890-11741896	15	57,9139	0,7537	0,0130	445,5
PtHsp40-39	18101867-18106177	3	PtHsp40-03	4337691-4341984	1	0,2393	0,0776	0,3243	1,8
			PtHsp40-32	20120332-20124154	2	5,0193	0,5336	0,1063	38,6
PtHsp40-47	3176206-3181907	5	PtHsp40-106	140083-146588	12	22,6280	0,7664	0,0339	174,1
			PtHsp40-110	1943174-1947214	13	0,2655	0,1044	0,3932	2,0
			PtHsp40-124	11737890-11741896	15	9,4592	0,8044	0,0850	72,8
PtHsp40-54	19828462-19832696	5	PtHsp40-21	5493489-5498750	2	0,3892	0,1765	0,4535	3,0
PtHsp40-58	25878109-25885271	5	PtHsp40-16	21367-29017	2	0,1767	0,0383	0,2168	1,4
			PtHsp40-20	5153644-5157603	2	14,3216	0,3490	0,0244	110,2
			PtHsp40-55	20328614-20332283	5	22,3472	0,3700	0,0166	171,9
PtHsp40-63	13715044-13717297	6	PtHsp40-92	1672648-1674553	10	66,6618	0,5085	0,0076	512,8
PtHsp40-65	25391225-25393997	6	PtHsp40-44	17982373-17987123	4	57,4022	0,9374	0,0163	441,6
PtHsp40-66	1699352-1705969	7	PtHsp40-19	2175961-2183004	2	3,5641	0,7901	0,2217	27,4
			PtHsp40-56	23831579-23837425	5	3,8808	0,7306	0,1883	29,9
			PtHsp40-119	14048511-14049070	14	5,0587	0,1863	0,0368	38,9
PtHsp40-67	5253912-5259094	7	PtHsp40-35	3999593-4012272	3	32,8528	1,1809	0,0359	252,7
			PtHsp40-48	5376490-5384032	5	51,5733	1,0152	0,0197	396,7
			PtHsp40-87	6610470-6619220	9	13,1775	1,0978	0,0833	101,4
PtHsp40-74	991235-994434	8	PtHsp40-07	21787450-21789219	1	2,5437	0,1974	0,0776	19,6
			PtHsp40-27	10474856-10478123	2	8,5044	0,1591	0,0187	65,4
			PtHsp40-83	2638817-2641398	9	2,8351	0,0652	0,0230	21,8
			PtHsp40-100	15782108-15786737	10	1,8988	5,5129	2,9034	14,6
			PtHsp40-101	21920404-21923871	10	0,3117	0,0240	0,0770	2,4
PtHsp40-77	6926549-6930564	8	PtHsp40-22	6446844-6449223	2	47,5472	1,4948	0,0314	365,7
			PtHsp40-99	15171955-15176261	10	0,2295	0,1091	0,4754	1,8
			PtHsp40-64	23453991-23455558	6	8,5895	1,1080	0,1290	66,1
PtHsp40-78	8027956	8	PtHsp40-96	6241308-6248983	10	12,4639	0,2846	0,0228	95,9
			PtHsp40-96	6241308-6248983	10	0,1835	0,0354	0,1929	1,4
PtHsp40-79	13474208-13480764	8	PtHsp40-98	13880469-13888077	10	18,8122	0,2990	0,0159	144,7
			PtHsp40-65	25391225-25393997	6	52,2455	0,3213	0,0061	401,9
PtHsp40-80	13534761-13537122	8	PtHsp40-73	14860311-14862989	7	14,1703	0,3209	0,0226	109,0
			PtHsp40-95	6241308-6248983	10	0,4199	0,0538	0,1281	3,2
			PtHsp40-136	2767921-2770796	18	41,4560	0,2865	0,0069	318,9
			PtHsp40-47	3176206-3181907	5	8,1781	0,5293	0,0647	62,9
PtHsp40-81	13694596-13696660	8	PtHsp40-93	2572365-2576599	10	0,3290	0,1243	0,3778	2,5
			PtHsp40-110	1943174-1947214	13	6,4243	0,5368	0,0836	49,4
			PtHsp40-10	27886255-27894407	1	0,1641	0,0591	0,3601	1,3
PtHsp40-87	6610470-6619220	9	PtHsp40-35	3999593-4012272	3	5,3609	0,8514	0,1588	41,2
			PtHsp40-70	12145146-12152997	7	56,1290	0,7367	0,0131	431,8
			PtHsp40-16	21367-29017	2	0,0000	0,0000	0,0000	0,0

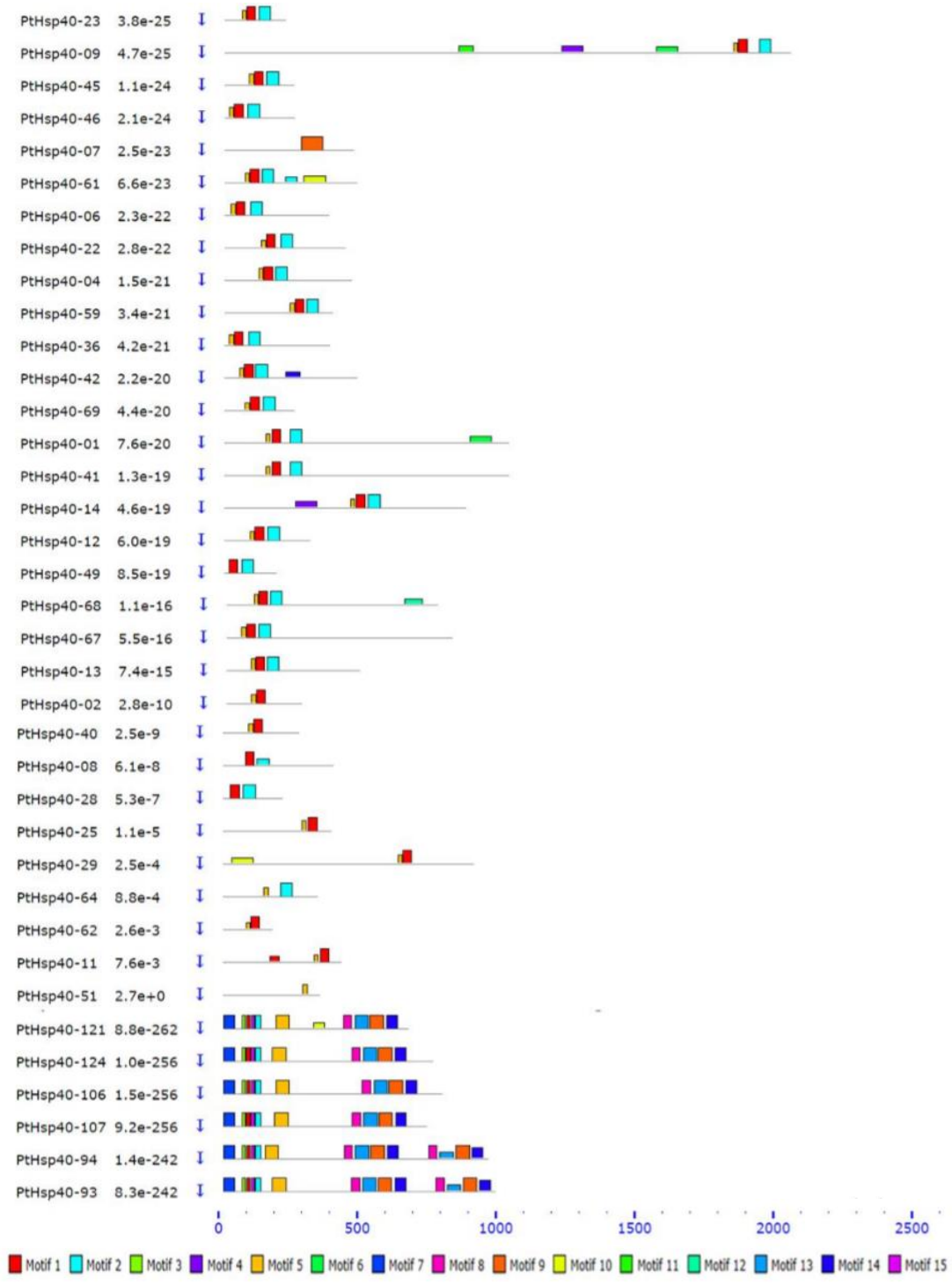
EK 7'nin devamı;

PtHsp40-88	10046788-10051670	9	PtHsp40-20	5153644-5157603	2	19,9244	0,4165	0,0209	153,3
			PtHsp40-43	6072384-6077929	4	0,2191	0,0918	0,4190	1,7
			PtHsp40-44	17982373-17987123	4	0,2191	0,0918	0,4190	1,7
			PtHsp40-58	25878109-25885271	5	53,4346	0,3680	0,0069	411,0
			PtHsp40-82	16501940-16503664	8	0,2651	0,1438	0,5424	2,0
PtHsp40-91	523637-526660	10	PtHsp40-63	13715044-13717297	6	66,6654	0,5084	0,0076	512,8
PtHsp40-92	1672648-1674553	10	PtHsp40-47	3176206-3181907	5	3,7917	0,5604	0,1478	29,2
PtHsp40-93	2572365-2576599	10	PtHsp40-81	13694596-13696660	8	0,3290	0,1243	0,3778	2,5
			PtHsp40-106	140083-146588	12	0,0000	0,0000	0,0000	0,0
			PtHsp40-118	13141970-13144470	14	18,8122	0,7933	0,0422	144,7
			PtHsp40-47	3176206-3181907	5	3,7275	0,5493	0,1474	28,7
PtHsp40-94	2837752-2840631	10	PtHsp40-118	13141970-13144470	14	23,7325	0,8014	0,0338	182,6
			PtHsp40-65	25391225-25393997	6	54,5970	0,3008	0,0055	420,0
PtHsp40-95	6241308-6248983	10	PtHsp40-73	14860311-14862989	7	10,0725	0,2892	0,0287	77,5
			PtHsp40-80	13534761-13537122	8	0,4199	0,0538	0,1281	3,2
			PtHsp40-79	13474208-13480764	8	0,1835	0,0354	0,1929	1,4
PtHsp40-96	6241308-6248983	10	PtHsp40-79	13474208-13480764	8	66,5357	1,1318	0,0170	511,8
PtHsp40-99	15171955-15176261	10	PtHsp40-27	10474856-10478123	2	6,2929	15,2456	2,4227	48,4
PtHsp40-100	15782108-15786737	10	PtHsp40-74	991235-994434	8	1,8988	5,5129	2,9034	14,6
			PtHsp40-115	4311426-4314130	14	1,9643	15,0068	7,6398	15,1
			PtHsp40-07	21787450-21789219	1	2,4942	0,2041	0,0818	19,2
PtHsp40-101	21920404-21923871	10	PtHsp40-27	10474856-10478123	2	4,8526	0,1628	0,0335	37,3
			PtHsp40-115	4311426-4314130	14	4,3721	0,2169	0,0496	33,6
			PtHsp40-03	4337691-4341984	1	3,2301	0,3961	0,1226	24,8
PtHsp40-106	140083-146588	12	PtHsp40-39	18101867-18106177	3	3,5134	0,3936	0,1120	27,0
			PtHsp40-121	1433579-1435858	15	0,2835	0,0904	0,3189	2,2
			PtHsp40-03	4337691-4341984	1	2,2269	0,3913	0,1757	17,1
PtHsp40-107	12435026-12437374	12	PtHsp40-39	18101867-18106177	3	2,6327	0,3917	0,1488	20,3
			PtHsp40-124	11737890-11741896	15	0,1793	0,1000	0,5577	1,4
			PtHsp40-47	3176206-3181907	5	0,2655	0,1044	0,3932	2,0
PtHsp40-110	1943174-1947214	13	PtHsp40-81	13694596-13696660	8	6,4264	0,5368	0,0835	49,4
			PtHsp40-93	2572365-2576599	10	3,1603	0,5305	0,1679	24,3
			PtHsp40-83	2638817-2641398	9	4,3320	0,2151	0,0497	33,3
PtHsp40-115	4311426-4314130	14	PtHsp40-100	15782108-15786737	10	0,1549	15,3358	99,0045	1,2
			PtHsp40-101	21920404-21923871	10	4,6487	0,2304	0,0496	35,8
			PtHsp40-130	12486921-12491589	16	62,4401	0,9559	0,0153	480,3
			PtHsp40-46	1577757-1579715	5	57,3973	1,0025	0,0175	441,5
PtHsp40-118	13141970-13144470	14	PtHsp40-121	1433579-1435858	15	5,2303	0,5327	0,1018	40,2
			PtHsp40-124	11737890-11741896	15	7,9566	0,5570	0,0700	61,2
			PtHsp40-127	2852831-2865010	16	26,9786	1,2108	0,0449	207,5
			PtHsp40-19	1577757-1579715	5	61,0880	0,9322	0,0153	469,9
PtHsp40-120	18834528-18842032	14	PtHsp40-31	20050834-20058359	2	0,2096	0,0817	0,3898	1,6
			PtHsp40-89	10684468-10685306	9	59,2201	1,2274	0,0207	455,5
			PtHsp40-106	140083-146588	12	0,2835	0,0904	0,3189	2,2
PtHsp40-121	1433579-1435858	15	PtHsp40-107	12435026-12437374	12	2,0888	0,3928	0,1881	16,1
			PtHsp40-03	4337691-4341984	1	2,3916	0,3891	0,1627	18,4
PtHsp40-124	11737890-11741896	15	PtHsp40-32	20120332-20124154	2	9,8615	0,5486	0,0556	75,9
			PtHsp40-39	18101867-18106177	3	3,2771	0,3890	0,1187	25,2
			PtHsp40-46	1577757-1579715	5	6,6278	1,1340	0,1711	51,0
			PtHsp40-11	31254554-31259994	1	0,3712	0,2221	0,5983	2,9
PtHsp40-139	1199465-1204793	19	PtHsp40-111	4355752-4359013	13	0,2319	0,0968	0,4174	1,8
PtHsp40-140	3990901-3993884	19	PtHsp40-90	11067974-11070821	9	51,2602	1,4883	0,0290	394,3
Ortalama						**15,2713**	**0,9125**	**1,0935**	**120,9**

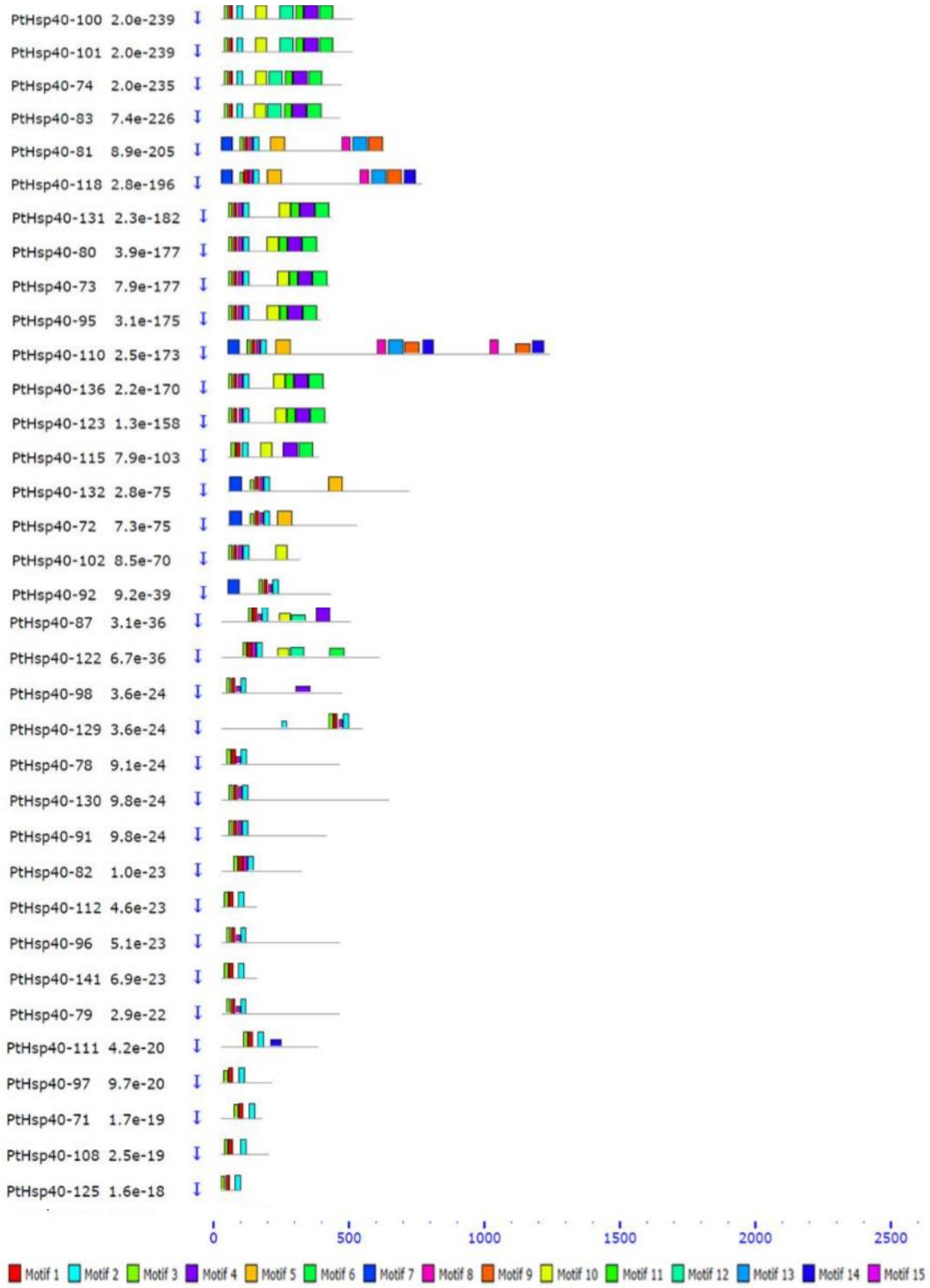
EK 8 *PtHsp40* genlerine ait motif gösterimleri



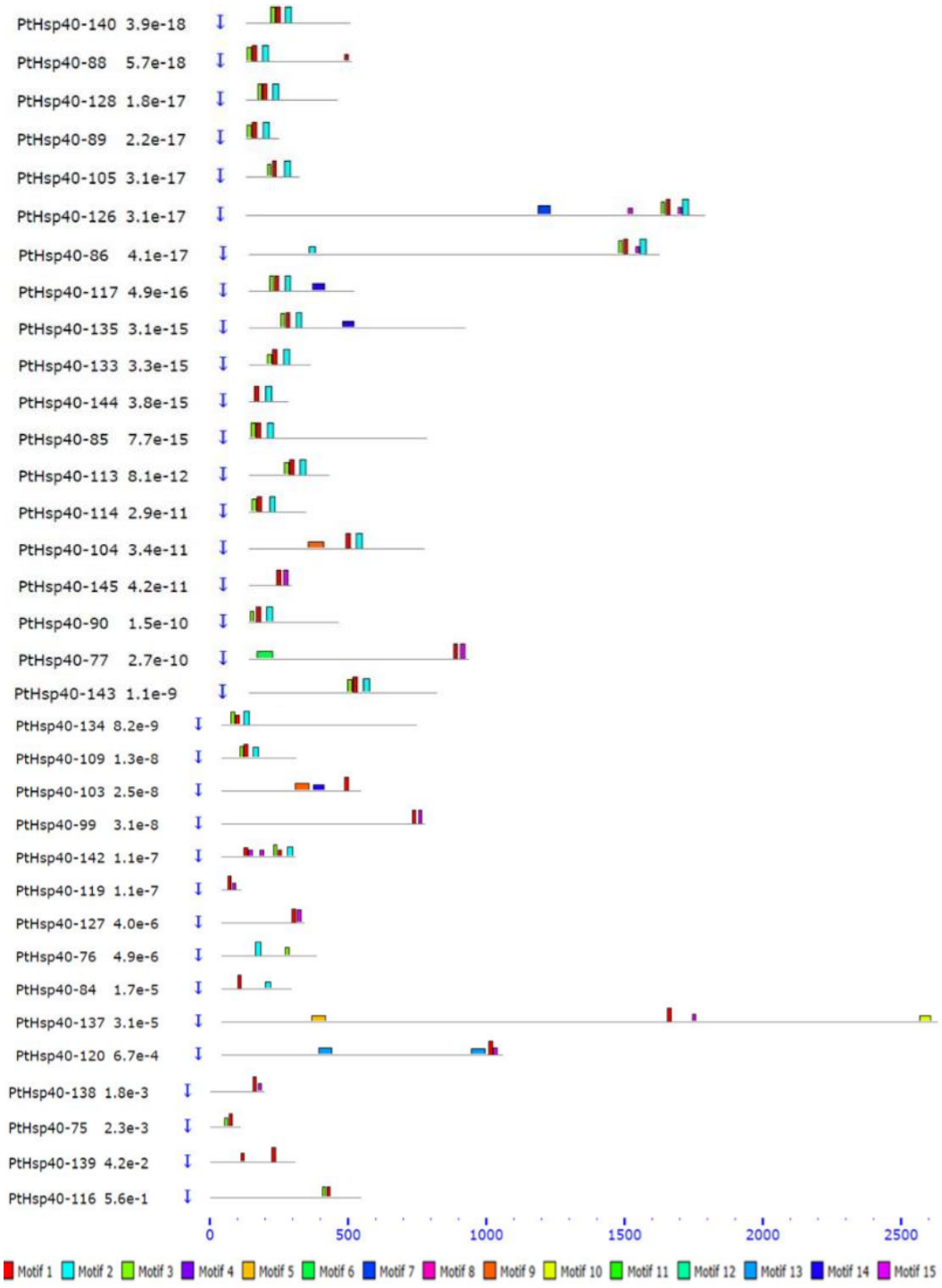
EK 8'in devamı;



EK 8'in devamı;



EK 8'in devamı;



EK 9 *PtHsp40* genlerine ait bulunan motiflerin genel özellikleri

Motif No.	Bölge	E-değeri	Hsp40 motif (birinci kısım sekanlar)	Uzunluk (aa)
Motif 1	63	7.3e-579	ATEEEIKKAYRKLALKYHPDK	21
Motif 2	53	2.0e-493	AEEKFKEJSEAYEVLSDPEKRALYDRSG	28
Motif 3	8	1.8e-139	SYKTKLNTFWTVCTSCKMQYEYLRVYLNKKLRCPNCQESFIAIEIPPPP	49
Motif 4	6	5.5e-140	DMLHTIGYIYSRQAAKELGKKAIYLGVPFLAEWVRNKGHFIKSQVTAATG	50
Motif 5	60	3.1e-120	DYYEVLGVSPS	11
Motif 6	6	3.3e-108	ALAEKNQRDLLAQKEQAERNRJAETLDVDIKRWAAGKEGNLRALLSTLQY	50
Motif 7	6	3.9e-113	MLDSLWKLNVVDIEATLSRVCQMVLKDNSVKKEELRARAKGLKTLGTIFQ	50
Motif 8	11	3.3e-082	KQQEKAKIQQKEREEKLFDJLKDALNKFV	29
Motif 9	9	8.1e-077	GDLFVVJEVKEDPVFKRDGTBJFVTHKVSLTEAJLGTKIKVPTLDGRVLL	50
Motif 10	8	5.2e-075	MECNKDEATRAKEIAEKKLQSRDLAGAKKFALKAQELYPGLEGISQMLAV	50
Motif 11	6	4.9e-066	EPISITVPDPDFHDFDKDRAERCFKPNQVWALYD	34
Motif 12	6	7.3e-579	KEAISRESMIDPSAVFAMLFGSELFEDYVGQLALASMASLE	41
Motif 13	4	2.0e-493	GVIRIYPKKGDVWALYRNWSPDWNELTPDDVRHKYDMVEVL	41
Motif 14	5	1.8e-139	DDGMPRYYALIRQVVSVNPFKIHISWLNSKTBSE	34
Motif 15	4	5.5e-140	PLIKLAGFKTVYQRNLDPGEIRWIPREEMFRFSHQVPSWLL	41
Motif 1	74	3.3e-550	IKKAYRKLALKLHPD	15
Motif 2	62	3.1e-389	AYEVLSDPEKRAIYDQYGEEA	21
Motif 3	62	2.2e-227	DYYEILGVSRNASDE	15
Motif 4	11	7.9e-251	PADJVFVLDEKPHPKFKRDGBDLVVEHKJSLTEALTGYTFELTTLDGRQL	50
Motif 5	11	5.4e-217	SNKPPTFWTACPYCKVRYEYLREYJNKPLRCQNCRRSFJAVERPPPSVPT	50
Motif 6	11	1.4e-204	KSPPGEIVKPGQEKAINDEGMPIYKEPFKRGNLRIKFDVDFPTRLTAEQK	50
Motif 7	12	1.0e-156	MECNKDEAFRAKEIAEKKFAERDFPGARRFALKAQQLYPEL	41
Motif 8	9	1.3e-125	CFGDNQVWAAYDTDDGMPRYYARIKKVISPK	31
Motif 9	8	1.5e-155	IYPRKGDVWALYKNWSPDWNEBTPDEVVHEYEMVEVLDDYAEEVGVAVAP	50
Motif 10	11	6.5e-122	APPVEHPLKCSLEELYKGTSKKMKJSRNVIDSKGKGKTSEE	41
Motif 11	10	1.5e-114	ILEIDIKPGWKKGTKITFPEKGBEEPDTV	29
Motif 12	4	7.3e-110	CSGCQGSGMKVSIRHLGPSMIQQMQHPCNDCKGTGEAINDKDRCPQCKGE	50
Motif 13	9	5.2e-106	EASNDEFGELEWVGSGFPKTCGKFRTGKSZVTDKLNMFSHKVKWEKGGRG	50
Motif 14	8	2.5e-088	VFRRHPDPSDVREIPREEMFRFSHQVPSFKLTGEEGEGAP	40
Motif 15	26	4.4e-084	NKKKGAEAAFKLISE	15

EK 10 *PtHsp40* proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu (Biyolojik Fonksiyon)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Biyolojik Fonksiyonu
PtHsp40-42	0.0E0	88.65%	endoplazmik retikulum katlanmamış protein yanıtı
PtHsp40-47	0.0E0	66.01%	lipit metabolizması süreci, hücreiçi sinyal iletimi
PtHsp40-48	0.0E0	90.65%	Isıya tepki, protein katlama
PtHsp40-52	0.0E0	81.45%	mitotik nükleer bölünme
PtHsp40-53	0.0E0	76.45%	Isıya tepki, protein katlama
PtHsp40-54	0.0E0	71.01%	metabolik süreç
PtHsp40-56	0.0E0	83.5%	metabolik süreç
PtHsp40-61	0.0E0	90.35%	oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp40-65	0.0E0	87.45%	protein katlama
PtHsp40-70	0.0E0	92.4%	Isıya tepki, protein katlama
PtHsp40-72	0.0E0	67.95%	çiçek gelişiminin düzenlenmesi
PtHsp40-73	0.0E0	85.05%	protein katlama
PtHsp40-74	0.0E0	93.6%	Isıya tepki, protein katlama
PtHsp40-75	1.2E-63	95.35%	protein katlama
PtHsp40-78	0.0E0	92.55%	pozitif gravitropizm
PtHsp40-80	0.0E0	83.8%	protein katlama
PtHsp40-122	0.0E0	82.15%	Isıya tepki, protein katlama
PtHsp40-123	0.0E0	80.45%	protein katlama
PtHsp40-129	0.0E0	92.8%	ısıya tepki, yüksek ışık yoğunluğuna yanıt, hidrojen peroksit tepkisi, protein katlanması, endoplazmik retikulum stresine ynt
PtHsp40-130	0.0E0	81.2%	ısıya alışkanlık, ısıya hücresel tepki, polen tüp büyümesi, yüksek ışık yoğunluğuna yanıt, absisik asit biyosentetik süreci, oksidasyon-indirgeme süreci, hidrojen peroksit tepkisi, protein katlama
PtHsp40-131	7.9E-177	86.95%	protein katlama
PtHsp40-133	1.7E-142	81.9%	klorofil katabolik süreç
PtHsp40-136	0.0E0	87.1%	protein katlama
PtHsp40-137	0.0E0	90.2%	endolüsyon organizasyonu, vakuol organizasyonu, tohum durgunluğunda biten embriyo gelişimi, amiloplast organizasyonu, açlığa cevap, vakuol taşınımına geç endozom, embriyonik eksen spesifikasyonu, endositoz, vakuole protein hedefleme, hücre bölünmesi, negatif gravitropizm, fototropizm
PtHsp40-143	0.0E0	85.25%	protein çekirdeği içine alma, mitotik hücre döngüsünün düzenlenmesi, vernalizasyon yanıtı

EK 10'un devamı*;* ***PtHsp40*** **proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu (Moleküler Fonksiyon)**

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Moleküler Fonksiyonu
PtHsp40-41	0.0E0	88.65%	DNA bağlama
PtHsp40-47	0.0E0	66.01%	fosfatidilinositol fosfolipaz
PtHsp40-48	0.0E0	90.65%	ATP bağlama, ısı şoku protein bağlama, metal iyon bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp40-52	0.0E0	81.45%	DNA bağlama
PtHsp40-53	0.0E0	76.45%	ATP bağlama, ısı şoku protein bağlama, metal iyon bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp40-54	0.0E0	71.01%	transferaz etkinliği
PtHsp40-56	0.0E0	83.5%	hidrolaz etkinliği
PtHsp40-61	0.0E0	90.35%	demir iyonu bağlama, oksidoredüktaz aktivitesi, eşleştirilmiş vericilere, moleküler oksijen dahil edilmesi veya indirgenmesi, heme bağlanması
PtHsp40-65	0.0E0	87.45%	açılmış protein bağlama
PtHsp40-70	0.0E0	92.4%	ATP bağlama, ısı şoku protein bağlama, metal iyon bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp40-73	0.0E0	85.05%	açılmış protein bağlama
PtHsp40-74	0.0E0	93.6%	ATP bağlama, ısı şoku protein bağlama, metal iyon bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp40-78	0.0E0	92.55%	sitoskeletal protein bağlanması
PtHsp40-80	0.0E0	83.8%	nükleik asit bağlama, ATP bağlama, ısı şoku protein bağlama, çinko iyonu bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp40-122	0.0E0	82.15%	nükleik asit bağlama, ATP bağlama, ısı şoku protein bağlama, çinko iyonu bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp40-123	0.0E0	80.45%	açılmış protein bağlama
PtHsp40-130	0.0E0	81.2%	oksidoredüktaz aktivitesi
PtHsp40-131	7.9E-177	86.95%	açılmış protein bağlama
PtHsp40-136	0.0E0	87.1%	açılmış protein bağlama
PtHsp40-143	0.0E0	85.25%	protein taşıyıcı faaliyet

EK 10'un devamı; *PtHsp40* proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu (Hücresel Yerleşim)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Hücresel Yerleşimi
PtHsp40-40	8.5E-72	89.1%	kloroplast stroma, çekirdek
PtHsp40-41	0.0E0	88.65%	çekirdek
PtHsp40-42	0.0E0	88.65%	membranın integral bileşeni, endoplazmik retikulum
PtHsp40-47	0.0E0	66.01%	sitoplazma
PtHsp40-51	5.4E-109	86.3%	membranın integral bileşeni
PtHsp40-60	1.1E-90	70.8%	membranın integral bileşeni
PtHsp40-61	0.0E0	90.35%	membranın integral bileşeni
PtHsp40-62	8.2E-75	91.1%	membranın integral bileşeni
PtHsp40-64	4.8E-138	76.6%	membranın integral bileşeni, kloroplast tilakoid membran
PtHsp40-68	0.0E0	78.4%	sitoplazma, membranın integral bileşeni
PtHsp40-72	0.0E0	67.95%	çekirdek, sitoplazma
PtHsp40-75	1.2E-63	95.35%	sitoplazma
PtHsp40-76	9.1E-169	75.9%	zar
PtHsp40-77	0.0E0	62.4%	sitoplazma
PtHsp40-122	0.0E0	82.15%	sitoplazma, membranın integral bileşeni
PtHsp40-129	0.0E0	92.8%	endoplazmik retikulum lümeni, membranın integral bileşeni, plazma membranı
PtHsp40-130	0.0E0	81.2%	endoplazmik retikulum lümen, plasmodezma
PtHsp40-133	1.7E-142	81.9%	çekirdek
PtHsp40-134	0.0E0	82.2%	membranın integral bileşeni
PtHsp40-135	0.0E0	92.6%	membranın integral bileşeni
PtHsp40-137	0.0E0	90.2%	geç endozom, endoplazmik retikulum, vakuoler membran, trans-Golgi ağı
PtHsp40-140	8.6E-162	82.55%	membranın integral bileşeni
PtHsp40-143	0.0E0	85.25%	çekirdek, sitoplazma
PtHsp40-145	9.9E-87	93.85%	vakuoler zar

EK 11 *PtHsp40* genlerine ait hedef miRNA tablosu

miRNA ismi	Hedef Gen Adı	Beklenti değeri	UPE	miRNA_dizisi	Hedef_dizi
Arabidopsis lyrata					
aly-miR156a-5p	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
aly-miR2112-3p	PtHsp40-126	3.0	13.646	CUUUAUAUCCGCAUUUGCGC	GCGCAAAUGGGGGUGUAAAA
aly-miR393a-3p	PtHsp40-35	3.0	18.761	AUCAUGCUAUCUCUUUGGAUU	AAUCCAAAGAGAUGGCAUUAA
Aegilops tauschii					
ata-miR156a-5p	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
ata-miR166d-5p	PtHsp40-110	3.0	15.221	GGAAUGUUGUCUGGCUCGGGG	CCCCGAACUAGAUAAUAUUUC
ata-miR395e-5p	PtHsp40-137	2.0	23.096	GUUCCUUACAAGCACUUCAC	GUGAGGAGCUUGUAAGGGAU
ata-miR5168-3p	PtHsp40-05	3.0	19.418	UCGGACCAGGCUUCAAUCCC	UGGUUUGGAGCUUGGUCCGA
ata-miR9674a-3p	PtHsp40-37	3.0	15.152	GUAAGAUGGCUGAUGCUAUGG	UCAUAGCAUCAGCUGGUUUAC
ata-miR9674c-5p	PtHsp40-145	3.0	17.901	UGAAUUUUUCCAUAGCAUCAG	UUGAGGCUGAGGAAAAAUUUA
ata-miR9674c-5p	PtHsp40-77	3.0	17.901	UGAAUUUUUCCAUAGCAUCAG	UUGAGGCUGAGGAAAAAUUUA
ata-miR9674c-5p	PtHsp40-99	3.0	19.631	UGAAUUUUUCCAUAGCAUCAG	UUGAGGCUGAGGAAAAAUUUA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR156a-5p	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
ath-miR2112-3p	PtHsp40-126	3.0	13.646	CUUUAUAUCCGCAUUUGCGC	GCGCAAAUGGGGGUGUAAAA
ath-miR393a-3p	PtHsp40-35	3.0	18.761	AUCAUGCUAUCUCUUUGGAUU	AAUCCAAAGAGAUGGCAUUAA
ath-miR413	PtHsp40-66	3.0	13.545	AUAGUUUCUCUUGUUCUGCA	UGCGGAGAAUGAGAAACUAU
ath-miR414	PtHsp40-103	2.0	15.594	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAAGAUGAAGAUGAAGAUGA
ath-miR414	PtHsp40-27	3.0	17.755	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAGGAUGAUGAUGAUGA
ath-miR5016	PtHsp40-91	2.0	13.231	UUCUUGUGGAUUCCUUGGAA	CACCAAGGAAUCCAUAAGAA
ath-miR5021	PtHsp40-137	2.0	6.309	UGAGAAGAAGAAGAAGAAAA	UCUUCUUCUUCUUCUUCUUC
ath-miR5021	PtHsp40-35	2.0	9.692	UGAGAAGAAGAAGAAGAAAA	UCUUCUUCUUCUUCUUCUUU
ath-miR5658	PtHsp40-111	1.0	20.363	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAAA	UUGCAUCAUCAUCGUCAUCAU
ath-miR5658	PtHsp40-140	1.0	14.31	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAAA	UUGCAUCAUCAUCAUCAUCAU
ath-miR5658	PtHsp40-63	1.0	12.848	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	GUCAUCAUCAUCAUCAUCAU
ath-miR5658	PtHsp40-68	1.0	12.531	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	UUCAUCAUCAUCGUCAUCGU
ath-miR5997	PtHsp40-02	3.0	17.Haz	UGAAACCAAGUAGCUAAAUA	UCUUCAGCUUCUUGGUUUCA
ath-miR773b-3p	PtHsp40-38	3.0	7.651	UUUGAUUCCAGCUUUUGUCUC	GAGUCAAAAGGUGGAAUUGAA
ath-miR829-5p	PtHsp40-01	3.0	11.097	ACUUUGAAGCUUUGAUUUGAA	UUCCAAUCAAAGCUUUAAAAU
Amborella trichopoda					
atr-miR156b	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
atr-miR156d	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA

EK 11'in devamı;

atr-miR8587	PtHsp40-110	2.0	16.99	UCCAACUUUUGAACUGCCCAAA	UCUGGGAAGUUCAAAAGUUGCA
Brachypodium	*distachyon*				
bdi-miR156b-5p	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
bdi-miR159b-3p.2	PtHsp40-122	3.0	17.804	AUCCACCCCUUGCCGACCGCUG	CAGUGGUUCGCAAGAGGUGGAU
bdi-miR159b-5p.3	PtHsp40-09	2.0	14.181	AGCUGCUUGUUCAUGGUUCC	GGGAUUAUGGACAAGCGGCU
bdi-miR159b-5p.3	PtHsp40-86	2.0	13.191	AGCUGCUUGUUCAUGGUUCC	GGGAUUAUGGACAAGCAGCU
bdi-miR166b-5p	PtHsp40-110	3.0	15.221	GGAAUGUUGUCUGGCUCGGGG	CCCCGAACUAGAUAAUAUUUC
bdi-miR166h-3p	PtHsp40-05	3.0	19.418	UCGGACCAGGCUUCAAUCCC	UGGUUUGGAGCUUGGUCCGA
bdi-miR5167a-3p	PtHsp40-83	3.0	23.265	CCAAUGACACCCAUAGUGGA	UCCAUUGAAGGUGUCAUUGG
bdi-miR7722-5p	PtHsp40-123	3.0	15.845	UCUCCUCCCGGUACCCUUCUU	AAGAAGGGUUUUGGGAGGAGU
bdi-miR7723b-3p	PtHsp40-137	3.0	17.289	AUGAAGGUAGUAGUUUCAAA	UUGGAGAUUACUACUUUUAU
bdi-miR7749-5p	PtHsp40-52	2.0	6.567	AUCGUCGAGGGCGGAGAUUG	CAAUCUCCUCCCUCGACCAU
bdi-miR7769-3p	PtHsp40-35	3.0	9.321	UGUCAUGUUGGCACUGAUGG	CCAUCACUGCCACUGUGACA
bdi-miR7771-5p	PtHsp40-126	3.0	17.356	CCUUGACUCCUAUAGUACAC	UUGUAUUUUGGGAGUCAAGG
Brassica napus					
bna-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCACA	UGUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Cynara cardunculus					
cca-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
cca-miR156b	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAUA	UGUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Cucumis melo miR					
cme-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Carica papaya					
cpa-miR8151	PtHsp40-103	3.0	20.301	UGGAUACCAGUAGACAGAUA	UAUCCGUCUGCUGCUAUCCA
Citrus sinensis					
csi-miR156	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Citrus trifoliata					
ctr-miR156	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Digitalis purpurea					
dpr-miR156b	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Gossypium hirsutum					
ghr-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
ghr-miR7499	PtHsp40-88	3.0	12.453	AUAUAAUUUUCGGUUAAUUCGGUU	GAGUGAAUUAUUUGAAGAUUAUGU
Glycine max					
gma-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
gma-miR394a-3p	PtHsp40-126	2.0	20.223	AGCUCUGUUGGCUACACUUU	AAAGUGGAGCCUACGGAGCU

EK 11'in devamı;

gma-miR4401b	PtHsp40-121	3.0	12.021	UCAAAGACGUUGCUGAGGUAA	UUAUCUCAGUGAUCUCUUUGA
gma-miR5041-5p	PtHsp40-103	3.0	17.776	UUUCAUCUUCAACUUGCUCAA	UGGAACAGGUUGAAGAUGAAG
gma-miR5041-5p	PtHsp40-54	3.0	13.324	UUUCAUCUUCAACUUGCUCAA	UUGAGGAAGUUGAAGGGGAAA
gma-miR5559	PtHsp40-21	3.0	16.447	UACUUGGUGAAUUGUUGGAUC	GUUCCAGCAAAUCAUCAAGUA
gma-miR9748	PtHsp40-94	3.0	13.338	GAAGGAAGU-GUAGAGGGAUG	UAUUCUUCUACCACUUCCUUC
gma-miR9761	PtHsp40-56	1.0	17.684	UGAAGGUCUAGGAUAUUUUG	CAAGAUAUCCUGGAUCUUCA
Gossypium raimondii					
gra-miR482d	PtHsp40-48	2.0	18.971	UUUCCUAUGCCCCCCAUUCCAC	GGGGCAUGGGGGGCAUGGGAGG
gra-miR8635	PtHsp40-31	3.0	18.462	UCGGAUCUUCAAACGGUGGA	UUCACCGUUUGAUGAUCUGC
gra-miR8699	PtHsp40-100	3.0	16.194	AGGGCCAUUUUGACAAAACAUG	CCUGUUGUUUUAAAAUGGCUCU
gra-miR8722	PtHsp40-41	3.0	13.936	CAUGUUUUUCCUGUUCAUCUU	AAGAAGAGGAGGAAAAACGUG
gra-miR8755	PtHsp40-109	3.0	18.584	UGGACGCGCUUUGCUGACGUGG	UUGUGUCGGCAAAGGGUGUCCA
gra-miR8775	PtHsp40-93	2.0	17.148	UUGUGAGAUUGAAGCUGAUGG	UCAUCAGAUUCAACCUCACAA
gra-miR8775	PtHsp40-94	2.0	17.148	UUGUGAGAUUGAAGCUGAUGG	UCAUCAGAUUCAACCUCACAA
Helianthus annuus					
han-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
han-miR156b	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Helianthus argophyllus					
har-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Helianthus tuberosus					
htu-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Hordeum vulgare					
hvu-miR6181	PtHsp40-56	3.0	17.478	UGCUCUUCAUGGACUGCGGC	GCUGCGGACUAUGAGGAGCA
hvu-miR6181	PtHsp40-56	3.0	21.62	UGCUCUUCAUGGACUGCGGC	GCUGCGGACUAUGAGGAGCA
hvu-miR6196	PtHsp40-116	3.0	10.135	AGGACGAGGAGAUGGAGAGG	CCUCUACUUCUCCUUGUCUU
hvu-miR6198	PtHsp40-139	3.0	24.478	GCUCUGUCUUGGAUGGUCAUUC	GUAUGGUCAUCCGAUGCAGAGC
Linum usitatissimum					
lus-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Malus domestica					
mdm-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Manihot esculenta					
mes-miR1446	PtHsp40-108	3.0	9.841	UUCUGAACUCUCUCCCUCAU	AUGAGGGAGAUAGUUUUGAA
mes-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
mes-miR156g	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
mes-miR482	PtHsp40-13	3.0	21.134	UCUUCCCUACUCCACCCAUU	ACUGGGUGGA-UAGGGAAGA
Medicago truncatula					

EK 11'in devamı;

mtr-miR156b-5p	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
mtr-miR2673a	PtHsp40-120	2.0	7.638	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	GGAAAAGGAGGAGGAAGAGA
mtr-miR2673a	PtHsp40-135	3.0	3.462	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCA	UUGAAGAGGAAGAGGAGGAUG
mtr-miR2673a	PtHsp40-30	2.0	10.898	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GAGGCAGAGGAGGAGGAGGAGG
mtr-miR2673a	PtHsp40-31	2.0	Tem.51	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	GGAAAAGGAGGAGGAAGAGA
mtr-miR2673a	PtHsp40-38	2.0	7.742	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	AGAAGGGGAAGGGGAAGGGG
mtr-miR2673a	PtHsp40-81	3.0	Eyl.75	CCUCUUCCU-CUUCCUCUUCC	GGAAGAGGAAGCAAGAAGAGG
mtr-miR2673b	PtHsp40-120	2.0	7.638	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	GGAAAAGGAGGAGGAAGAGA
mtr-miR2673b	PtHsp40-135	3.0	3.462	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCA	UUGAAGAGGAAGAGGAGGAUG
mtr-miR2673b	PtHsp40-30	2.0	10.898	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GAGGCAGAGGAGGAGGAGGAGG
mtr-miR2673b	PtHsp40-31	2.0	18810,00	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	GGAAAAGGAGGAGGAAGAGA
mtr-miR2673b	PtHsp40-38	2.0	7.742	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	AGAAGGGGAAGGGGAAGGGG
mtr-miR2673b	PtHsp40-81	3.0	27638,00	CCUCUUCCU-CUUCCUCUUCC	GGAAGAGGAAGCAAGAAGAGG
mtr-miR5264	PtHsp40-93	3.0	17.541	UUGAUCAAGGACUUUGCAUC	GGUG-GAAGUCCUUGAUCAA
mtr-miR5264	PtHsp40-94	3.0	17.541	UUGAUCAAGGACUUUGCAUC	GGUG-GAAGUCCUUGAUCAA
mtr-miR5272a	PtHsp40-81	3.0	13.198	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272a	PtHsp40-93	3.0	16.173	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272a	PtHsp40-94	3.0	16.467	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272b	PtHsp40-81	3.0	13.198	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272b	PtHsp40-93	3.0	16.173	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272b	PtHsp40-94	3.0	16.467	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272c	PtHsp40-81	3.0	13.198	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272c	PtHsp40-93	3.0	16.173	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272c	PtHsp40-94	3.0	16.467	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272d	PtHsp40-81	3.0	13.198	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272d	PtHsp40-93	3.0	16.173	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272d	PtHsp40-94	3.0	16.467	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272e	PtHsp40-81	3.0	13.198	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272e	PtHsp40-93	3.0	16.173	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272e	PtHsp40-94	3.0	16.467	GAAUUGAUUUAUGUUUGGAU	AUCCUGACAAAAAUCAGUUC
mtr-miR5272f	PtHsp40-101	3.0	12.093	GAAUUGAUUAUGUUUGGAUAC	GUAGUCAAACCUGAUCAAUUC
mtr-miR5554a-3p	PtHsp40-126	3.0	22.783	ACCAUCGUUGCAGAUGCUCAUC	GGUGAGUAGCAGCAAUGAUGGU
mtr-miR5559-5p	PtHsp40-21	3.0	16.447	UACUUGGUGAAUUGUUGGAUC	GUUCCAGCAAAUCAUCAAGUA
Oryza sativa					
osa-miR166b-5p	PtHsp40-110	3.0	15.221	GGAAUGUUGUCUGGCUCGGGG	CCCCGAACUAGAUAAUAUUUC
osa-miR166k-3p	PtHsp40-05	3.0	19.418	UCGGACCAGGCUUCAAUCCC	UGGUUUGGAGCUUGGUCCGA

EK 11'in devamı;

osa-miR166l-3p	PtHsp40-05	3.0	19.418	UCGGACCAGGCUUCAAUCCC	UGGUUUGGAGCUUGGUCCGA
osa-miR2055	PtHsp40-93	3.0	17.569	UUUCCUUGGGAAGGUGGUUU	AUACCAUUUUGCCAAGGAAA
osa-miR2055	PtHsp40-94	3.0	16.044	UUUCCUUGGGAAGGUGGUUU	AUACCAUUUUGCCAAGGAAA
osa-miR2090	PtHsp40-93	3.0	9.527	AACUCUGAUUCUAGAAUUUU	GAAAUUCCAGAAUCAGAAUU
osa-miR2090	PtHsp40-94	3.0	9.527	AACUCUGAUUCUAGAAUUUU	GAAAUUCCAGAAUCAGAAUU
osa-miR2118e	PtHsp40-48	3.0	14.983	UUCCCAAUGCCUCCCAUGCCU	GGGCAUGGGGGGCAUGGGGGG
osa-miR2864.1	PtHsp40-132	2.0	8.666	UUUUGCUGCCCUUGUUUUGC	GCAAAAGGAAGGCAGCAAAA
osa-miR2866	PtHsp40-143	3.0	8.745	UCUAGUUUGUGUUCAGCAUC	GAUGCAGAACAUAAACAAGA
osa-miR414	PtHsp40-27	3.0	17.755	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAGGAUGAUGAUGAUGA
osa-miR414	PtHsp40-83	3.0	21.632	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGAAGCUUAUGAUGAGGAUGA
osa-miR437	PtHsp40-38	3.0	14.899	AAAGUUAGAGAAGUUUGACU	AUUCAAAUUUCUUUGAUUUU
osa-miR5149	PtHsp40-135	3.0	22.889	GAGGAGCUGUGACGAUUUGGGA	UUCCAAAUGGGCAUAGCUCUUC
osa-miR5338	PtHsp40-05	2.0	16.951	UGAAGCUUCAGUUGGUUGUA	UCUGGCCAACUGAAGCUUCA
osa-miR5490	PtHsp40-143	3.0	14.088	UUGGAUUUUUAUUUAGGACGG	UCGUUCGAAGAAAAAAUCCAA
osa-miR5831	PtHsp40-66	2.0	14.751	UAGUCAAACUUAGAAUAGUU	AGCUGUUCUGGGUUUGAUUA
Picea abies					
pab-miR3698	PtHsp40-143	3.0	17.531	CUUGCAACUCUGCCUUGGCU	AUUCAAGGCUGAGUUGCGAG
Panax ginseng					
pgi-miR6137a	PtHsp40-79	3.0	19.223	AUGAAAAUUGUCGCUAUAGAU	GUCUAUGGUGACAAUUUUUUU
pgi-miR6137a	PtHsp40-96	3.0	20.473	AUGAAAAUUGUCGCUAUAGAU	GUCUAUGGUGACAAUUUUUUU
pgi-miR6137b	PtHsp40-79	3.0	19.223	AUGAAAAUUGUCGCUAUAGAU	GUCUAUGGUGACAAUUUUUUU
pgi-miR6137b	PtHsp40-96	3.0	20.473	AUGAAAAUUGUCGCUAUAGAU	GUCUAUGGUGACAAUUUUUUU
Prunus persica					
ppe-miR156c	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
ppe-miR482d-3p	PtHsp40-48	2.0	21.43	CCUCCCAUGCCACGCAUUUCU	AGGCAUGGGUGGCAUGGGAGG
ppe-miR482f	PtHsp40-40	2.0	24.161	UCUUUCCUACUCCACCCAUUC	GAAUGGAUGGGGUGGGAAGGA
ppe-miR6270	PtHsp40-93	3.0	14.381	UUCUGGUAUUGGAAUUUCAUU	AUUGAAAUUCCAGAAUCAGAA
ppe-miR6270	PtHsp40-94	3.0	14.381	UUCUGGUAUUGGAAUUUCAUU	AUUGAAAUUCCAGAAUCAGAA
ppe-miR6274a	PtHsp40-91	3.0	12.707	UAUUUUGCUAUCUUCGGGCA	UGCCAGAAGCUAGCAAGGUA
Physcomitrella patens					
ppt-miR1023c-5p	PtHsp40-25	2.0	15.004	CCACUCUCUCCGUUUCC-CUUC	GAAGAGGAAAUGGAGAGAGUGG
ppt-miR1023c-5p	PtHsp40-51	2.0	Ara.67	CCACUCUCUCCGUUUCC-CUUC	GAAGAGGAAAUGGAGAGAGUGG
ppt-miR1023d-5p	PtHsp40-25	2.0	15.004	CCACUCUCUCCGUUUCC-CUUC	GAAGAGGAAAUGGAGAGAGUGG
ppt-miR1023d-5p	PtHsp40-51	2.0	Ara.67	CCACUCUCUCCGUUUCC-CUUC	GAAGAGGAAAUGGAGAGAGUGG
ppt-miR1039-5p	PtHsp40-82	3.0	16.135	UCUUUGGGUCUUUCUCUCCU	GGGAGAGGAACACUCAAGGA

EK 11'in devamı;

ppt-miR1046-5p	PtHsp40-130	3.0	14.848	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	UGUGAAAGAUUUGAAAUCUG
ppt-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
ppt-miR414	PtHsp40-135	3.0	3.179	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAAGAGGAAGAGGAGGAUGA
ppt-miR414	PtHsp40-27	2.0	17.755	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAGGAUGAUGAUGAUGA
Populus trichocarpa					
ptc-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
ptc-miR474b	PtHsp40-107	3.0	11.017	CAAAAGUUGUUGGGUUUGGC	UCCAAACCCAAUACCUUUUG
ptc-miR474b	PtHsp40-124	3.0	Eki.21	CAAAAGUUGUUGGGUUUGGC	UCCAAACCCAAUACCUUUUG
ptc-miR474c	PtHsp40-107	3.0	11.017	CAAAAGCUGUUGGGUUUGGC	UCCAAACCCAAUACCUUUUG
ptc-miR474c	PtHsp40-124	3.0	Eki.21	CAAAAGCUGUUGGGUUUGGC	UCCAAACCCAAUACCUUUUG
ptc-miR478h	PtHsp40-114	3.0	18.155	UAACGUGUCUCCUAUUUUUAGGGA	UUUGAGAAAAUGGGAUACACGUUA
ptc-miR6441	PtHsp40-120	3.0	13.79	AAGUUGACGGAAGGACUACA	UGUAGUCCUAGAGUCAACUU
ptc-miR6446	PtHsp40-112	3.0	15.804	UUGCUGGGUCC-UGAUGAUGGA	UACAUCAACAUGGACCCAGCAA
ptc-miR7839	PtHsp40-32	3.0	24.216	AGUGGCAUUGGAGGUAUCCC	GGGGUACUUUCAUUGCCAUU
ptc-miR7839	PtHsp40-33	3.0	24.216	AGUGGCAUUGGAGGUAUCCC	GGGGUACUUUCAUUGCCAUU
Rehmannia glutinosa					
rgl-miR7801	PtHsp40-101	3.0	19.19	UACGAGAUGAAACACAGUUU	AAACUGUGCUGCAUCUUGUG
rgl-miR7972	PtHsp40-47	3.0	14.838	UUGUCAGGCUUGUUAUUCUC	GAGAAUGACAAGGCUGAAAA
Sorghum bicolor					
sbi-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
sbi-miR166e	PtHsp40-05	3.0	19.418	UCGGACCAGGCUUCAAUCCC	UGGUUUGGAGCUUGGUCCGA
sbi-miR437a	PtHsp40-38	3.0	14.899	AAAGUUAGAGAAGUUUGACU	AUUCAAAUUUCUUUGAUUUU
sbi-miR6232a-3p	PtHsp40-143	2.0	18.376	UGGAUGUACCAAAAAAGUCA	UGUCUCUUUUGGUGCAUCCA
Setaria italica					
sit-miR132-npr	PtHsp40-06	3.0	17.949	AUUUGGAUGUGAUUUUGGUG	CACUGAAAUGGCAUCCAGAU
sit-miR156a-1	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCACA	UGUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
sit-miR166d	PtHsp40-05	3.0	19.418	UCGGACCAGGCUUCAAUCCC	UGGUUUGGAGCUUGGUCCGA
sit-miR21-1-npr	PtHsp40-05	3.0	17.913	UUCGGACCAGGCUUCAUUCC	GGUUUGGAGCUUGGUCCGAA
sit-miR21-1-npr	PtHsp40-37	3.0	21.886	UUCGGACCAGGCUUCAUUCC	GGUCUGGAGCUUGGUCCGAA
sit-miR21-2-npr	PtHsp40-05	3.0	17.913	UUCGGACCAGGCUUCAUUCC	GGUUUGGAGCUUGGUCCGAA
sit-miR21-2-npr	PtHsp40-37	3.0	21.886	UUCGGACCAGGCUUCAUUCC	GGUCUGGAGCUUGGUCCGAA
Solanum lycopersicum					
sly-miR156d-5p	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
sly-miR482d-3p	PtHsp40-48	2.0	21.43	UUUCCUAUUCCACCCAUGCC	GGCAUGGGUGGCAUGGGAGG
sly-miR5302b-5p	PtHsp40-126	2.0	14.398	UGAAAUGCUAUAGUUGGAAAG	UUUUUAAACUACAGCAUUUCA

EK 11'in devamı;

Selaginella	*moellendorffii*				
smo-miR1080	PtHsp40-30	3.0	13.193	UUCACUAUCUGCAAACACCUC	GAGGUGUUAUCGGAUAGUGAG
Saccharum officinarum					
sof-miR156	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Salvia sclarea					
ssl-miR156	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCACA	UGUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Saccharum sp.					
ssp-miR437a	PtHsp40-38	3.0	14.899	AAAGUUAGAGAAGUUUGACU	AUUCAAAUUUCUUUGAUUUU
Solanum tuberosum					
stu-miR156e	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
stu-miR482c	PtHsp40-48	2.0	21.43	UUUCCUAUUCCACCCAUGCC	GGCAUGGGUGGCAUGGGAGG
stu-miR7992-3p	PtHsp40-86	3.0	18.14	UGUCUAGAUGUGCAUUUCAA	UUCAAGUGCAAAUCUAGAUA
stu-miR8011a-5p	PtHsp40-06	3.0	14.571	UUGUGUGAGGUUUCUUUUUGUUU	AGCCAAAAAGAAGUUUCAGACAA
Triticum aestivum					
tae-miR156	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCACA	UGUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Theobroma cacao					
tcc-miR156b	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Vigna unguiculata					
vun-miR156a	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
Vitis vinifera					
vvi-miR3633b-3p	PtHsp40-48	3.0	21.43	GUUCCCAUGCCAUCCAUUCCU	AGGCAUGGGUGGCAUGGGAGG
Zea mays					
zma-miR156a-5p	PtHsp40-96	3.0	16.393	UGACAGAAGAG-AGUGAGCAC	GUGCUCACUUCUAUUCUGUCA
zma-miR166a-5p	PtHsp40-110	3.0	15.221	GGAAUGUUGUCUGGCUCGGGG	CCCCGAACUAGAUAAUAUUUC
zma-miR166j-3p	PtHsp40-05	3.0	19.418	UCGGACCAGGCUUCAAUCCC	UGGUUUGGAGCUUGGUCCGA
zma-miR169f-3p	PtHsp40-136	3.0	22.469	GGCAUGUCUUCCUUGGCUAC	GUGGCCAUGGAGGGUAUGCC
zma-miR169f-3p	PtHsp40-65	2.0	20.935	GGCAUGUCUUCCUUGGCUAC	GUGGCCAUGGAAGGUAUGCC
zma-miR2275a-3p	PtHsp40-19	3.0	13.665	UUUGUUUUCCUCCAAUAUCU	AGGAGUUGGAGGAAAAUGAA

EK 12 Kavak genomunda tanımlanan *PtHsp40* genlerine ait ortolog gen ilişkileri

(Arabidopsis thaliana)

(PtHsp40) - *Populus –Arabidopsis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp40-07	1	AT3G44110.1	3	4,02	0,21	0,05	30,93
PtHsp40-08	1	AT5G22080.1	5	1,61	0,11	0,07	12,39
PtHsp40-14	1	AT1G79030.1	1	1,59	0,16	0,10	12,25
		AT1G16680.1	1	2,00	0,16	0,08	15,40
PtHsp40-16	2	AT1G21080.1	1	1,76	0,15	0,09	13,52
		AT1G76700.1	1	1,38	0,16	0,12	10,58
PtHsp40-20	2	AT1G77020.1	1	3,01	0,14	0,05	23,16
PtHsp40-22	2	AT1G77930.1	1	4,05	0,19	0,05	31,17
PtHsp40-23	2	AT2G33735.1	2	8,61	0,30	0,03	66,25
PtHsp40-26	2	AT5G23540.1	5	1,64	0,01	0,01	12,62
PtHsp40-27	2	AT3G44110.1	3	5,47	0,18	0,03	42,08
PtHsp40-30	2	AT3G62600.1	3	2,82	0,13	0,04	21,67
PtHsp40-31	2	AT4G12770.1	4	2,50	0,32	0,13	19,19
		AT4G12780.1	4	3,03	0,33	0,11	23,31
		AT4G36520.1	4	57,02	0,77	0,01	438,58
PtHsp40-34	2	AT1G10840.1	1	5,08	0,09	0,02	39,10
PtHsp40-35	3	AT1G80030.1	1	1,52	0,20	0,13	11,70
PtHsp40-42	4	AT1G61770.1	1	2,40	0,17	0,07	18,46
PtHsp40-46	5	AT1G56300.1	1	1,43	0,19	0,13	10,98
PtHsp40-48	5	AT2G22360.1	2	2,86	0,15	0,05	21,97
		AT4G39960.1	4	2,99	0,15	0,05	23,01
PtHsp40-55	5	AT1G77020.1	1	2,60	0,14	0,05	19,98
PtHsp40-56	5	AT1G75310.1	1	5,15	0,83	0,16	39,58
PtHsp40-58	5	AT1G21080.1	1	1,96	0,16	0,08	15,07
		AT1G76700.1	1	1,36	0,17	0,12	10,47
PtHsp40-61	6	AT3G12170.1	3	2,61	0,21	0,08	20,10
PtHsp40-62	6	AT2G35795.1	2	4,54	0,12	0,03	34,94
		AT5G03030.1	5	3,82	0,13	0,03	29,39
		AT3G09700.1	3	4,70	0,14	0,03	36,18
PtHsp40-66	7	AT1G75310.1	1	7,40	0,86	0,12	56,95
		AT4G12770.1	4	8,55	0,81	0,09	65,79
		AT4G12780.2	4	58,13	0,83	0,01	447,12
PtHsp40-70	7	AT2G22360.1	2	3,24	0,14	0,04	24,94
		AT4G39960.1	4	2,81	0,14	0,05	21,58
PtHsp40-73	7	AT2G20560.1	2	2,94	0,12	0,04	22,65
PtHsp40-74	8	AT5G22060.1	5	3,42	0,12	0,04	26,30
		AT3G44110.1	3	3,39	0,11	0,03	26,05
PtHsp40-75	8	AT2G35795.1	2	2,30	0,10	0,04	17,67
		AT3G09700.1	3	5,05	0,14	0,03	38,87
		AT5G03030.1	5	5,21	0,14	0,03	40,04
PtHsp40-78	8	AT1G68370.1	1	1,45	0,12	0,08	11,14
PtHsp40-83	9	AT3G44110.1	3	3,36	0,11	0,03	25,84
		AT5G22060.1	5	4,43	0,11	0,02	34,06
PtHsp40-84	9	AT5G22080.1	5	1,97	0,11	0,06	15,16
PtHsp40-85	9	AT1G74250.1	1	5,86	0,37	0,06	45,06
PtHsp40-96	10	AT1G24120.1	1	1,93	0,16	0,08	14,84
PtHsp40-98	10	AT1G68370.1	1	1,72	0,10	0,06	13,25
PtHsp40-100	10	AT3G44110.1	3	3,94	8,87	2,25	30,27
		AT5G22060.1	5	2,21	6,70	3,03	16,97
PtHsp40-101	10	AT3G44110.1	3	4,59	0,11	0,02	35,31
		AT5G22060.1	5	3,68	0,11	0,03	28,32
PtHsp40-104	11	AT1G79030.1	1	1,55	0,17	0,11	11,89
		AT1G16680.1	1	2,17	0,17	0,08	16,66
PtHsp40-109	13	AT3G05345.1	3	1,44	0,22	0,15	11,08
PtHsp40-112	13	AT5G16650.1	5	1,63	0,14	0,09	12,52
PtHsp40-120	14	AT4G12780.2	4	2,65	0,34	0,13	20,36
		AT4G12770.1	4	2,45	0,31	0,13	18,85
		AT4G36520.1	4	56,89	0,82	0,01	437,62
PtHsp40-128	16	AT3G12170.1	3	2,75	0,21	0,08	21,17
PtHsp40-129	16	AT5G03160.1	5	2,25	0,15	0,07	17,33
PtHsp40-131	17	AT2G20560.1	2	11,09	0,11	0,01	85,34
PtHsp40-135	17	AT1G79940.1	1	1,82	0,13	0,07	13,96
PtHsp40-137	18	AT2G26890.1	2	1,69	0,14	0,08	13,03
PtHsp40-141	19	AT5G16650.1	5	1,71	0,16	0,09	13,16
PtHsp40-145	scaffold_1057	AT1G69060.1	1	2,32	0,19	0,08	17,87
Ortalama				**5,75**	**0,46**	**0,15**	**44,20**

EK 12'nin devamı; *(Oryza sativa)*

(PtHsp40) - *Populus –Oryza sativa*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp40-08	1	LOC_Os03g15480.1	3	1,96	0,13	0,06	15,05
PtHsp40-16	2	LOC_Os08g41110.1	8	2,22	0,18	0,08	17,09
		LOC_Os09g32050.1	9	4,80	0,21	0,04	36,92
PtHsp40-22	2	LOC_Os07g43330.1	7	51,29	0,28	0,01	394,55
PtHsp40-23	2	LOC_Os02g52270.2	2	3,18	0,23	0,07	24,49
PtHsp40-26	2	LOC_Os05g30800.1	5	11,37	0,02	0,00	87,50
		LOC_Os01g16190.1	1	3,86	0,03	0,01	29,73
PtHsp40-30	2	LOC_Os05g06440.1	5	3,18	0,15	0,05	24,50
PtHsp40-31	2	LOC_Os12g36180.1	12	4,20	0,42	0,10	32,33
		LOC_Os11g43950.1	11	4,88	0,48	0,10	37,54
		LOC_Os01g25320.1	1	5,32	0,52	0,10	40,89
		LOC_Os05g50370.1	5	15,17	0,78	0,05	116,69
		LOC_Os01g44310.1	1	20,76	0,87	0,04	159,72
PtHsp40-34	2	LOC_Os04g30780.1	4	3,47	0,12	0,03	26,68
PtHsp40-35	3	LOC_Os02g56040.1	2	48,06	0,24	0,00	369,71
PtHsp40-42	4	LOC_Os12g15590.2	12	2,12	0,22	0,11	16,27
PtHsp40-48	5	LOC_Os05g26926.1	5	7,87	0,18	0,02	60,55
PtHsp40-56	5	LOC_Os05g50370.1	5	8,94	0,85	0,09	68,80
		LOC_Os01g44310.1	1	10,94	0,80	0,07	84,18
PtHsp40-58	5	LOC_Os08g41110.1	8	3,07	0,18	0,06	23,64
		LOC_Os09g32050.1	9	3,68	0,22	0,06	28,29
PtHsp40-61	6	LOC_Os02g10220.1	2	6,24	0,25	0,04	48,00
PtHsp40-62	6	LOC_Os07g09450.1	7	2,56	0,13	0,05	19,71
		LOC_Os01g06454.1	1	3,56	0,15	0,04	27,35
PtHsp40-66	7	LOC_Os05g50370.1	5	4,96	0,87	0,18	38,13
		LOC_Os01g25320.1	1	55,33	0,80	0,01	425,61
		LOC_Os12g36180.1	12	54,03	0,70	0,01	415,61
		LOC_Os11g43950.1	11	53,41	0,92	0,02	410,87
PtHsp40-70	7	LOC_Os05g26926.1	5	3,93	0,18	0,04	30,25
		LOC_Os05g26902.1	5	3,93	0,17	0,04	30,25
>PtHsp40-74	8	LOC_Os03g44620.2	3	2,55	0,08	0,03	19,61
		LOC_Os03g57340.1	3	13,19	0,07	0,01	101,43
		LOC_Os02g43930.1	2	12,50	0,17	0,01	96,15
PtHsp40-75	8	LOC_Os07g09450.1	7	4,45	0,13	0,03	34,23
		LOC_Os01g06454.1	1	5,11	0,14	0,03	39,28
PtHsp40-78	8	LOC_Os01g32870.2	1	2,04	0,15	0,07	15,73
PtHsp40-83	9	LOC_Os03g44620.2	3	4,31	0,09	0,02	33,14
		LOC_Os03g57340.1	3	5,18	0,08	0,02	39,82
		LOC_Os02g43930.1	2	6,57	0,17	0,03	50,56
PtHsp40-84	9	LOC_Os03g15480.1	3	2,56	0,12	0,05	19,68
PtHsp40-98	10	LOC_Os01g32870.2	1	2,18	0,14	0,07	16,78
PtHsp40-100	10	LOC_Os03g57340.1	3	4,75	16,64	3,50	36,52
		LOC_Os03g44620.2	3	13,89	12,75	0,92	106,86
PtHsp40-101	10	LOC_Os03g57340.1	3	12,91	0,08	0,01	99,34
		LOC_Os03g44620.2	3	2,82	0,08	0,03	21,68
PtHsp40-117	14	LOC_Os01g53020.1	1	3,01	0,25	0,08	23,13
		LOC_Os05g45350.1	5	12,80	0,35	0,03	98,46
PtHsp40-120	14	LOC_Os01g25320.1	1	5,35	0,52	0,10	41,16
		LOC_Os05g50370.1	5	14,05	0,78	0,06	108,09
		LOC_Os01g44310.1	1	0,14	13,59	96,09	1,09
PtHsp40-128	16	LOC_Os02g10220.1	2	6,47	0,25	0,04	49,80
PtHsp40-129	16	LOC_Os01g74580.1	1	3,70	0,19	0,05	28,47
		LOC_Os02g10180.2	2	3,23	0,21	0,07	24,86
PtHsp40-131	17	LOC_Os05g48810.1	5	19,70	0,12	0,01	151,51
PtHsp40-135	17	LOC_Os04g24180.2	4	3,04	0,16	0,05	23,36
PtHsp40-137	18	LOC_Os10g42439.1	10	2,97	0,18	0,06	22,83
Ortalama				**10,32**	**1,05**	**1,84**	**79,37**

EK 12'nin devamı; *(Glycine max)*

(PtHsp40) - *Populus –Glycine max*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp40-01	1	Glyma.12G168800.1	12	1,51	0,15	0,10	11,63
		Glyma.08G188900.1	8	1,56	0,15	0,10	12,02
PtHsp40-05	1	Glyma.01G209800.1	1	1,23	0,20	0,16	9,44
		Glyma.11G032400.1	11	1,16	0,19	0,17	8,89
PtHsp40-07	1	Glyma.12G095700.1	12	2,86	0,18	0,06	22,01
PtHsp40-08	1	Glyma.12G189400.1	12	1,23	0,08	0,06	9,50
		Glyma.13G312400.1	13	1,28	0,08	0,06	9,85
PtHsp40-14	1	Glyma.15G253300.1	15	1,20	0,13	0,10	9,21
		Glyma.08G173900.1	8	1,33	0,16	0,12	10,24
PtHsp40-16	2	Glyma.01G245700.1	1	2,84	0,08	0,03	21,85
PtHsp40-20	2	Glyma.14G118300.2	14	1,52	0,16	0,11	11,67
		Glyma.13G036700.1	13	1,41	0,17	0,12	10,81
		Glyma.14G118300.1	14	1,53	0,16	0,11	11,80
PtHsp40-22	2	Glyma.06G107400.1	6	2,06	0,16	0,08	15,88
		Glyma.04G254700.1	4	2,43	0,11	0,05	18,65
PtHsp40-23	2	Glyma.14G180400.1	14	1,97	0,18	0,09	15,17
		Glyma.02G212500.1	2	1,92	0,17	0,09	14,73
PtHsp40-26	2	Glyma.17G243800.1	17	1,28	0,01	0,01	9,86
		Glyma.13G224700.1	13	0,97	0,01	0,01	7,48
PtHsp40-28	2	Glyma.03G223300.1	3	1,14	0,16	0,14	8,80
PtHsp40-29	2	Glyma.10G014000.1	10	3,92	0,16	0,04	30,18
		Glyma.19G215400.1	19	2,51	0,23	0,09	19,30
		Glyma.02G013400.1	2	2,40	0,34	0,14	18,42
PtHsp40-30	2	Glyma.03G218300.1	3	1,37	0,07	0,05	10,57
		Glyma.19G215100.1	19	1,21	0,09	0,07	9,30
		Glyma.02G013800.1	2	1,55	0,11	0,07	11,95
		Glyma.06G228000.1	6	0,98	0,19	0,20	7,53
PtHsp40-31	2	Glyma.08G002300.1	8	2,45	0,32	0,13	18,86
		Glyma.05G194500.1	5	2,83	0,26	0,09	21,73
		Glyma.04G209400.1	4	2,84	0,37	0,13	21,82
		Glyma.06G156500.1	6	2,05	0,35	0,17	15,79
PtHsp40-34	2	Glyma.02G097300.1	2	1,08	0,08	0,08	8,28
		Glyma.18G284200.1	18	1,31	0,10	0,07	10,06
PtHsp40-35	3	Glyma.15G006900.1	15	1,34	0,18	0,13	10,30
		Glyma.08G213400.1	8	1,43	0,21	0,14	10,97
PtHsp40-37	3	Glyma.01G209800.2	1	1,28	0,20	0,16	9,83
		Glyma.01G209800.1	1	1,26	0,20	0,16	9,71
		Glyma.11G032400.1	11	1,33	0,19	0,15	10,25
PtHsp40-40	3	Glyma.07G021800.1	7	1,10	0,21	0,19	8,43
PtHsp40-41	3	Glyma.08G188900.1	8	1,47	0,15	0,10	11,27
PtHsp40-42	4	Glyma.20G141300.1	20	1,41	0,12	0,08	10,83
		Glyma.10G252200.1	10	1,27	0,12	0,10	9,75
PtHsp40-43	4	Glyma.13G200800.1	13	1,47	0,17	0,12	11,31
		Glyma.12G235500.1	12	1,38	0,18	0,13	10,63
PtHsp40-44	4	Glyma.13G200800.1	13	1,47	0,17	0,12	11,31
		Glyma.12G235500.1	12	1,38	0,18	0,13	10,63
PtHsp40-46	5	Glyma.19G229700.1	19	1,27	0,10	0,08	9,74
PtHsp40-48	5	Glyma.08G134400.2	8	1,36	0,14	0,10	10,47
		Glyma.05G177100.1	5	1,43	0,13	0,09	10,97
		Glyma.18G016200.1	18	1,34	0,14	0,11	10,27
PtHsp40-55	5	Glyma.14G118300.2	14	1,48	0,15	0,10	11,36
		Glyma.13G036700.1	13	1,46	0,15	0,10	11,22
		Glyma.14G118300.1	14	1,46	0,15	0,10	11,24
PtHsp40-58	5	Glyma.01G245700.1	1	1,67	0,08	0,05	12,85
		Glyma.13G036700.1	13	8,95	0,36	0,04	68,83
PtHsp40-61	6	Glyma.02G179900.1	2	1,61	0,17	0,11	12,40
		Glyma.19G143100.3	19	1,90	0,20	0,10	14,64
		Glyma.10G094400.2	10	1,43	0,19	0,13	11,02
		Glyma.19G143100.1	19	2,11	0,18	0,08	16,26
		Glyma.10G094400.1	10	1,77	0,21	0,12	13,58
PtHsp40-62	6	Glyma.13G137400.1	13	1,24	0,06	0,05	9,55
		Glyma.05G083800.1	5	1,45	0,12	0,08	11,15
		Glyma.10G049900.1	10	1,09	0,07	0,07	8,36
PtHsp40-65	6	Glyma.06G073300.1	6	1,42	0,15	0,10	10,93
PtHsp40-66	7	Glyma.02G055100.1	2	2,20	0,53	0,24	16,91
		Glyma.05G194500.1	5	6,96	0,72	0,10	53,56
PtHsp40-70		Glyma.08G134400.1	8	1,23	0,14	0,11	9,43
		Glyma.11G241000.2	11	1,25	0,13	0,11	9,61
PtHsp40-73	7	Glyma.06G289000.1	6	2,38	0,11	0,05	18,29
		Glyma.12G117900.2	12	2,75	0,10	0,04	21,12
		Glyma.15G077700.1	15	2,52	0,12	0,05	19,38

EK 12'nin devamı; *(Glycine max)*

PtHsp40-74	8	Glyma.12G095700.2	12	2,37	0,06	0,02	18,24
		Glyma.13G311600.1	13	2,21	0,08	0,04	16,96
		Glyma.12G190100.2	12	1,96	0,08	0,04	15,10
		Glyma.07G110200.1	7	6,49	0,17	0,03	49,92
PtHsp40-75	8	Glyma.05G083800.1	5	5,20	0,09	0,02	40,02
		Glyma.13G137400.1	13	2,53	0,12	0,05	19,46
PtHsp40-78	8	Glyma.10G272200.2	10	1,16	0,09	0,08	8,94
		Glyma.20G117900.1	20	1,22	0,10	0,08	9,39
		Glyma.10G272200.1	10	1,16	0,09	0,08	8,89
PtHsp40-79	8	Glyma.01G036500.3	1	1,61	0,11	0,07	12,42
		Glyma.02G029600.1	2	1,78	0,11	0,06	13,73
PtHsp40-83	9	Glyma.12G095700.2	12	2,19	0,05	0,02	16,86
		Glyma.U012100.1	scaffold_21	1,96	0,05	0,03	15,05
		Glyma.12G190100.2	12	1,92	0,06	0,03	14,80
PtHsp40-84	9	Glyma.12G189400.1	12	1,23	0,08	0,07	9,47
		Glyma.13G312400.1	13	1,16	0,08	0,07	8,96
PtHsp40-85	9	Glyma.17G078100.2	17	4,06	0,31	0,08	31,22
PtHsp40-88	9	Glyma.13G200800.1	13	1,40	0,16	0,11	10,78
		Glyma.12G235500.1	12	1,32	0,17	0,13	10,17
PtHsp40-96	10	Glyma.01G036500.3	1	1,48	0,11	0,07	11,36
PtHsp40-98	10	Glyma.10G272200.2	10	1,29	0,07	0,06	9,90
		Glyma.20G117900.1	20	1,41	0,08	0,05	10,85
PtHsp40-99	10	Glyma.02G122200.1	2	2,13	0,50	0,24	16,37
		Glyma.01G064400.1	1	1,88	0,51	0,27	14,47
PtHsp40-100	10	Glyma.12G095700.2	12	6,33	15,07	2,38	48,70
		Glyma.U012100.2	scaffold_21	0,17	12,07	70,75	1,31
PtHsp40-101	10	Glyma.12G095700.2	12	2,58	0,06	0,02	19,88
		Glyma.U012100.1	scaffold_21	2,38	0,06	0,02	18,31
		Glyma.12G190100.2	12	1,84	0,08	0,04	14,17
PtHsp40-102	11	Glyma.15G077700.1	15	2,66	0,21	0,08	20,48
		Glyma.06G289000.1	6	6,72	0,22	0,03	51,67
		Glyma.12G117900.2	12	2,99	0,23	0,08	23,03
		Glyma.13G235500.1	13	2,72	0,26	0,09	20,90
PtHsp40-104	11	Glyma.15G253300.1	15	1,19	0,13	0,11	9,17
		Glyma.08G173900.1	8	1,13	0,15	0,14	8,69
PtHsp40-108	13	Glyma.19G229700.1	19	1,18	0,11	0,09	9,08
		Glyma.03G232700.1	3	1,15	0,16	0,14	8,83
PtHsp40-109	13	Glyma.03G237900.1	3	1,35	0,20	0,15	10,35
PtHsp40-112	13	Glyma.12G015600.2	12	1,28	0,17	0,13	9,81
		Glyma.11G109700.1	11	1,70	0,16	0,10	13,09
PtHsp40-116	14	Glyma.03G218600.1	3	2,75	0,15	0,05	21,19
		Glyma.19G215400.1	19	2,85	0,15	0,05	21,89
		Glyma.10G014000.1	10	3,61	0,15	0,04	27,81
PtHsp40-117	14	Glyma.12G130000.1	12	1,45	0,16	0,11	11,19
		Glyma.12G212100.1	12	1,31	0,19	0,15	10,10
		Glyma.06G275400.1	6	1,70	0,17	0,10	13,06
PtHsp40-120	14	Glyma.08G002300.2	8	2,45	0,33	0,14	18,86
		Glyma.05G194500.2	5	2,21	0,33	0,15	17,01
		Glyma.04G209400.3	4	2,05	0,35	0,17	15,75
		Glyma.16G137500.1	16	10,10	0,55	0,05	77,69
		Glyma.01G172200.5	1	8,00	0,85	0,11	61,54
PtHsp40-128	16	Glyma.19G143100.1	19	1,91	0,14	0,08	14,69
		Glyma.02G179900.1	2	1,46	0,17	0,12	11,20
		Glyma.10G094400.1	10	1,57	0,21	0,14	12,10
PtHsp40-129	16	Glyma.19G180600.1	19	1,51	0,13	0,09	11,61
		Glyma.03G179800.1	3	1,34	0,14	0,10	10,30
		Glyma.05G097500.1	5	1,46	0,15	0,10	11,22
PtHsp40-131	17	Glyma.06G289000.1	6	2,28	0,10	0,05	17,56
		Glyma.15G077700.1	15	4,97	0,13	0,03	38,20
		Glyma.13G235500.1	13	3,48	0,14	0,04	26,73
PtHsp40-135	17	Glyma.09G075400.1	9	1,17	0,12	0,10	9,00
		Glyma.15G183400.1	15	1,11	0,12	0,11	8,51
PtHsp40-136	18	Glyma.06G073300.1	6	1,20	0,14	0,11	9,25
PtHsp40-137	18	Glyma.17G120500.1	17	1,06	0,11	0,10	8,16
		Glyma.05G012400.1	5	1,09	0,11	0,10	8,41
PtHsp40-141	19	Glyma.12G015600.2	12	1,21	0,17	0,14	9,31
		Glyma.11G109700.1	11	1,80	0,17	0,09	13,85
		Glyma.12G015600.1	12	1,31	0,16	0,12	10,08
PtHsp40-143	19	Glyma.10G216200.1	10	1,28	0,20	0,16	9,82
PtHsp40-145	scaffold_1057	Glyma.01G064400.1	1	1,17	0,15	0,13	8,97
Ortalama				**2,05**	**0,36**	**0,61**	**15,80**

EK 12'nin devamı; *(Eucalypus grandis)*

(PtHsp40) - *Populus – Eucalyptus grandis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp40-01	1	Eucgr.G03185.1	7	1,75	0,16	0,09	13,43
PtHsp40-05	1	Eucgr.E00426.2	5	1,24	0,16	0,13	9,51
PtHsp40-08	1	Eucgr.J00577.1	10	1,40	0,08	0,05	10,81
PtHsp40-14	1	Eucgr.F01444.1	6	1,46	0,20	0,14	11,23
PtHsp40-20	2	Eucgr.F04280.1	6	2,19	0,13	0,06	16,83
PtHsp40-22	2	Eucgr.F03733.1	6	2,62	0,18	0,07	20,12
PtHsp40-23	2	Eucgr.F02131.2	6	1,69	0,13	0,08	12,98
PtHsp40-25	2	Eucgr.F02213.1	6	1,67	0,21	0,13	12,86
PtHsp40-26	2	Eucgr.F00252.2	6	1,39	0,00	0,00	10,68
	2	Eucgr.G00170.1	7	1,44	0,01	0,01	11,07
	2	Eucgr.G00118.1	7	1,44	0,01	0,01	11,08
PtHsp40-27	2	Eucgr.D02530.1	4	1,34	0,14	0,11	10,33
	2	Eucgr.J00583.2	10	9,63	0,16	0,02	74,08
	2	Eucgr.J00292.1	10	15,19	0,19	0,01	116,85
PtHsp40-29	2	Eucgr.H01056.1	8	4,73	0,24	0,05	36,41
	2	Eucgr.K03539.1	11	1,91	0,26	0,13	14,72
PtHsp40-30	2	Eucgr.K03532.1	11	1,78	0,12	0,07	13,66
PtHsp40-31	2	Eucgr.H05116.1	8	1,94	0,33	0,17	14,94
	2	Eucgr.I00114.1	9	4,26	0,33	0,08	32,79
	2	Eucgr.F01588.1	6	15,36	0,68	0,04	118,12
PtHsp40-34	2	Eucgr.H00462.1	8	1,10	0,06	0,05	8,50
PtHsp40-35	3	Eucgr.J03072.1	10	1,71	0,17	0,10	13,16
PtHsp40-37	3	Eucgr.E00426.2	5	1,19	0,17	0,15	9,12
PtHsp40-41	3	Eucgr.G03185.1	7	1,60	0,15	0,09	12,31
PtHsp40-42	4	Eucgr.D00243.1	4	1,70	0,12	0,07	13,11
PtHsp40-43	4	Eucgr.G01646.1	7	1,72	0,17	0,10	13,26
PtHsp40-44	4	Eucgr.G01646.1	7	1,72	0,17	0,10	13,26
PtHsp40-46	5	Eucgr.L02648.1	scaffold_1159	2,07	0,16	0,08	15,93
	5	Eucgr.B02081.1	2	57,69	0,12	0,00	443,74
PtHsp40-48	5	Eucgr.K03340.1	11	1,39	0,12	0,08	10,72
PtHsp40-55	5	Eucgr.F04280.1	6	2,22	0,12	0,06	17,04
PtHsp40-56	5	Eucgr.H03319.1	8	5,08	0,78	0,15	39,10
PtHsp40-61	6	Eucgr.A02407.1	1	1,84	0,20	0,11	14,18
PtHsp40-62	6	Eucgr.H00599.1	8	43,02	0,18	0,00	330,93
	6	Eucgr.G02806.1	7	2,50	0,12	0,05	19,26
	6	Eucgr.A01173.1	1	4,09	0,11	0,03	31,44
PtHsp40-65	6	Eucgr.C01816.1	3	2,61	0,13	0,05	20,05
PtHsp40-66	7	Eucgr.H05116.1	8	9,41	0,91	0,10	72,37
PtHsp40-70	7	Eucgr.K03340.1	11	1,44	0,09	0,07	11,08
PtHsp40-73	7	Eucgr.D00597.1	4	7,13	0,12	0,02	54,83
	7	Eucgr.A01858.1	1	1,39	0,11	0,08	10,70
	7	Eucgr.B02802.1	1	13,36	0,17	0,01	102,75
PtHsp40-74	8	Eucgr.D02530.1	4	5,52	0,18	0,03	42,44
	8	Eucgr.J00292.1	10	1,84	0,06	0,03	14,18
	8	Eucgr.J00583.1	10	2,68	0,09	0,03	20,64
PtHsp40-75	8	Eucgr.G02806.1	7	3,73	0,09	0,02	28,71
	8	Eucgr.A01173.1	1	7,13	0,15	0,02	54,88
PtHsp40-77	8	Eucgr.G02425.1	7	2,29	0,52	0,23	17,63
PtHsp40-78	8	Eucgr.B02999.1	2	1,32	0,12	0,09	10,19
	8	Eucgr.G02304.1	7	1,27	0,09	0,07	9,73
PtHsp40-79	8	Eucgr.B03370.1	2	0,99	0,11	0,11	7,58
PtHsp40-83	9	Eucgr.J00292.1	10	2,97	0,10	0,03	22,85
	9	Eucgr.J00583.1	10	1,77	0,07	0,04	13,59
PtHsp40-84	9	Eucgr.J00577.1	10	1,27	0,08	0,06	9,74
PtHsp40-85	9	Eucgr.B00587.1	2	4,45	0,32	0,07	34,26
PtHsp40-88	9	Eucgr.G01646.2	7	2,13	0,19	0,09	16,37
PtHsp40-96	10	Eucgr.B03370.1	2	0,99	0,10	0,10	7,61
PtHsp40-98	10	Eucgr.B02999.1	2	1,36	0,10	0,07	10,49
	10	Eucgr.G02304.1	7	1,21	0,07	0,06	9,34
PtHsp40-99	10	Eucgr.G02425.1	7	2,19	0,57	0,26	16,85
PtHsp40-100	10	Eucgr.J00292.1	10	3,00	17,61	5,87	23,07
	10	Eucgr.J00583.2	10	2,66	6,98	2,62	20,50
PtHsp40-101	10	Eucgr.J00583.2	10	2,78	0,07	0,03	21,36
	10	Eucgr.J00292.1	10	1,78	0,06	0,03	13,71
PtHsp40-102	11	Eucgr.D00597.1	4	4,07	0,24	0,06	31,32
	11	Eucgr.A01858.1	1	4,25	0,25	0,06	32,65
PtHsp40-104	11	Eucgr.F01444.2	6	1,34	0,15	0,11	10,27

EK 12'nin devamı; *(Eucalypus grandis)*

PtHsp40-109	13	Eucgr.B01873.1	2	1,49	0,13	0,09	11,45
	13	Eucgr.B01968.1	2	1,69	0,39	0,23	13,00
PtHsp40-112	13	Eucgr.K00072.1	11	1,37	0,17	0,13	10,57
PtHsp40-113	13	Eucgr.A00085.1	1	2,24	0,25	0,11	17,23
	13	Eucgr.A00280.1	1	2,30	0,26	0,11	17,67
PtHsp40-117	14	Eucgr.K01146.1	11	1,47	0,18	0,12	11,33
PtHsp40-120	14	Eucgr.H05116.1	8	1,69	0,33	0,20	12,96
	14	Eucgr.I00114.1	9	2,87	0,32	0,11	22,07
PtHsp40-129	16	Eucgr.K03238.1	11	1,39	0,17	0,13	10,67
PtHsp40-131	17	Eucgr.D00597.1	4	9,31	0,12	0,01	71,58
	17	Eucgr.A01858.1	1	1,45	0,11	0,07	11,14
	17	Eucgr.B02802.1	1	14,64	0,17	0,01	112,65
PtHsp40-135	17	Eucgr.A00001.1	1	1,49	0,11	0,07	11,45
PtHsp40-136	18	Eucgr.C01816.1	3	2,65	0,12	0,05	20,38
PtHsp40-137	18	Eucgr.C04138.1	3	1,30	0,11	0,08	9,99
PtHsp40-141	19	Eucgr.K00072.1	11	1,59	0,16	0,10	12,22
PtHsp40-143	19	Eucgr.F04124.1	6	1,85	0,24	0,13	14,25
PtHsp40-145	scaffold_1057	Eucgr.G02425.1	7	0,86	0,14	0,16	6,61
Ortalama				**4,20**	**0,47**	**0,18**	**32,31**

EK 13 *PtHsp60* genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları

Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
PtHsp60-02	4122156-4127012	1	PtHsp60-9	24201975-24206840	2	1,4165	0,0815	0,0575	10,9
			PtHsp60-10	4848067-4853070	3	6,9229	0,1943	0,0281	53,3
			PtHsp60-15	21675609-21680178	3	50,6052	0,5501	0,0109	389,3
PtHsp60-04	13644365-13654263	1	PtHsp60-13	10119265-10127787	3	0,1934	0,0593	0,3066	1,5
			PtHsp60-23	8386523-8395308	8	13,6637	0,5094	0,0373	105,1
			PtHsp60-36	12981303-12990464	13	17,8061	0,6206	0,0349	137,0
			PtHsp60-47	11891036-11900246	19	42,0932	0,6201	0,0147	323,8
PtHsp60-05	28074920-28077557	1	PtHsp60-27	6817730-6820615	9	0,3719	0,0234	0,0629	2,9
PtHsp60-07	10108124-10109821	2	PtHsp60-37	3538916-3541624	14	0,1979	0,0966	0,4881	1,5
PtHsp60-09	24201975-24206840	2	PtHsp60-01	155848-160490	1	50,6553	0,5599	0,0111	389,7
			PtHsp60-02	4122156-4127012	1	1,4165	0,0815	0,0575	10,9
			PtHsp60-10	4848067-4853070	3	7,3780	0,1931	0,0262	56,8
			PtHsp60-12	5265608-5269898	3	7,9113	0,1847	0,0233	60,9
			PtHsp60-15	21675609-2168078	3	50,3990	0,5666	0,0112	387,7
PtHsp60-10	4848067-4853070	3	PtHsp60-1	155848-160490	1	53,2768	0,5723	0,0107	409,8
			PtHsp60-9	24201975-24206840	2	7,3789	0,1931	0,0262	56,8
			PtHsp60-18	20867139-20869001	4	56,2294	0,9031	0,0161	432,5
			PtHsp60-20	22114421-22117772	4	56,0343	0,5444	0,0097	431,0
			PtHsp60-26	1670392-1674566	9	54,4045	0,5385	0,0099	418,5
PtHsp60-11	4864279-4866659	3	PtHsp60-02	4122156-4127012	1	8,2138	0,1791	0,0218	63,2
PtHsp60-13	10119265-10127787	3	PtHsp60-04	13644365-13654263	1	0,1934	0,0593	0,3066	1,5
			PtHsp60-23	8386523-83395308	8	11,0356	0,5018	0,0455	84,9
			PtHsp60-32	13207129-13215582	10	15,3135	0,4857	0,0317	117,8
			PtHsp60-36	12981303-12990464	13	9,1355	0,6338	0,0694	70,3
			PtHsp60-47	11891036-11900246	19	16,7517	0,6110	0,0365	128,9
PtHsp60-14	18305437-18310287	3	PtHsp60-01	155848-160490	1	50,5663	0,5452	0,0108	389,0
			PtHsp60-02	4122156-4127012	1	0,1952	0,0200	0,1025	1,5
			PtHsp60-09	24201975-24206840	2	1,3650	0,0825	0,0604	10,5
			PtHsp60-20	22114421-22117772	4	51,5852	0,5266	0,0102	396,8
			PtHsp60-26	1670392-1674566	9	51,3261	0,5240	0,0102	394,8
PtHsp60-15	21675609-21680178	3	PtHsp60-06	34593578-34598640	1	48,9139	1,1558	0,0236	376,3
			PtHsp60-16	8897354-8904653	4	49,8025	1,1071	0,0222	383,1
			PtHsp60-21	10479639-10484668	6	48,4552	1,1454	0,0236	372,7
			PtHsp60-25	12417992-12423018	8	0,1866	16,1322	86,4534	1,4
			PtHsp60-30	8224480-8230995	10	51,5517	1,1315	0,0219	396,6
			PtHsp60-43	12871958-12877635	17	49,9646	1,1154	0,0223	384,3
PtHsp60-20	22114421-22117772	4	PtHsp60-01	155848-160490	1	52,2237	0,4628	0,0089	401,7
			PtHsp60-02	4122156-4127012	1	52,0730	0,5331	0,0102	400,6
			PtHsp60-09	24201975-24206840	2	51,0781	0,5462	0,0107	392,9
			PtHsp60-12	5265608-5269898	3	0,2360	16,4559	69,7284	1,8
			PtHsp60-15	21675609-21680178	3	51,4905	0,4555	0,0088	396,1
			PtHsp60-33	14902623-14907528	10	52,1575	0,5258	0,0101	401,2
			PtHsp60-36	12981303-12990464	13	9,0558	1,1555	0,1276	69,7
			PtHsp60-40	13653311-13657757	15	39,4769	0,2833	0,0072	303,7
PtHsp60-22	11565228-11567317	6	PtHsp60-44	7866478-7868957	18	0,1939	0,0497	0,2563	1,5
PtHsp60-23	8386523-8395308	8	PtHsp60-04	13644365-13654263	1	13,6801	0,5094	0,0372	105,2
			PtHsp60-13	10119265-10127787	3	11,0451	0,5018	0,0454	85,0
			PtHsp60-36	12981303-12990464	13	8,7593	0,6474	0,0739	67,4
			PtHsp60-47	11891036-11900246	19	30,0227	0,6529	0,0217	230,9
PtHsp60-24	8575891-8576946	8	PtHsp60-31	13027255-13028339	10	0,2768	0,0254	0,0918	2,1
PtHsp60-25	12417992-12423018	8	PtHsp60-06	34593578-34598640	1	52,1917	0,7706	0,0148	401,5
			PtHsp60-17	12871958-12877635	17	54,5170	0,7619	0,0140	419,4
			PtHsp60-21	10479639-10484668	6	50,9124	0,7527	0,0148	391,6
			PtHsp60-34	5009097-5011697	12	56,2428	0,6788	0,0121	432,6
			PtHsp60-39	4040696-4042886	15	55,7422	0,6644	0,0119	428,8
			PtHsp60-45	15789719-15793944	18	54,4607	0,7635	0,0140	418,9
PtHsp60-26	1670392-1674566	9	PtHsp60-01	155848-160490	1	51,7045	0,4727	0,0091	397,7
			PtHsp60-02	4122156-4127012	1	51,7862	0,5284	0,0102	398,4
			PtHsp60-09	24201975-24206840	2	51,0187	0,5472	0,0107	392,5
			PtHsp60-15	21675609-21680178	3	51,2941	0,4816	0,0094	394,6
			PtHsp60-20	22114421-22117772	4	0,2831	0,0260	0,0918	2,2
			PtHsp60-33	14902623-14907528	10	51,6951	0,5228	0,0101	397,7
			PtHsp60-40	13653311-13657757	15	52,5741	0,2782	0,0053	404,4
PtHsp60-29	5340367-5340777	10	PtHsp60-05	28074920-28077557	1	1,6437	1,2541	0,7630	12,6
			PtHsp60-27	6817730-6820615	9	1,7316	1,1937	0,6894	13,3
PtHsp60-30	8224480-8230995	10	PtHsp60-25	12417992-12423018	8	0,2893	0,0156	0,0539	2,2
			PtHsp60-34	5009097-5011697	12	54,7506	0,6783	0,0124	421,2
			PtHsp60-39	4040696-4042886	15	54,2142	0,6691	0,0123	417,0

EK 13'ün devamı;

PtHsp60-31	13027255-13028339	10	PtHsp60-24	8575891-8576946	8	0,2768	0,0254	0,0918	2,1
PtHsp60-32	13207129-13215582	10	PtHsp60-04	13644365-13654263	1	18,1779	0,4870	0,0268	139,8
			PtHsp60-13	10119265-10127787	3	15,3011	0,4857	0,0317	117,7
			PtHsp60-23	8386523-8395308	8	0,2190	0,0606	0,2767	1,7
			PtHsp60-47	11891036-11900246	19	10,9090	0,6479	0,0594	83,9
PtHsp60-34	5009097-5011697	12	PtHsp60-06	34593578-34598640	1	52,7163	0,7173	0,0136	405,5
			PtHsp60-21	10479639-10484668	6	51,8563	0,7111	0,0137	398,9
			PtHsp60-25	12417992-12423018	8	56,2452	0,6788	0,0121	432,7
			PtHsp60-30	8224480-8230995	10	54,7458	0,6784	0,0124	421,1
			PtHsp60-39	4040696-4042886	15	0,3728	0,0238	0,0638	2,9
PtHsp60-35	4384719-4389451	13	PtHsp60-08	10586089-10592711	2	47,5377	0,8877	0,0187	365,7
			PtHsp60-41	4528355-4534386	14	49,2373	1,1693	0,0237	378,7
PtHsp60-36	12981303-12990464	13	PtHsp60-04	13644365-13654263	1	17,7966	0,6206	0,0349	136,9
			PtHsp60-13	10119265-10127787	3	9,1388	0,6338	0,0694	70,3
			PtHsp60-47	11891036-11900246	19	0,2171	0,0816	0,3759	1,7
PtHsp60-37	3538916-3541624	14	PtHsp60-07	10108124-10109821	2	0,1979	0,0966	0,4881	1,5
PtHsp60-39	4040696-4042886	15	PtHsp60-08	10586089-10592711	2	50,4766	0,7907	0,0157	388,3
			PtHsp60-34	5009097-5011697	12	0,3728	0,0238	0,0638	2,9
			PtHsp60-38	4528355-4534386	14	51,8083	0,7693	0,0148	398,5
PtHsp60-40	13653311-13657757	15	PtHsp60-20	22114421-22117772	4	39,2456	0,2834	0,0072	301,9
			PtHsp60-26	1670392-1674566	9	52,5745	0,2783	0,0053	404,4
			PtHsp60-33	14902623-14907528	10	51,6141	0,5890	0,0114	397,0
PtHsp60-41	13691247-13695646	15	PtHsp60-01	155848-160490	1	10,0174	0,4906	0,0490	77,1
			PtHsp60-15	21675609-21680178	3	10,2051	0,4816	0,0472	78,5
			PtHsp60-26	1670392-1674566	9	29,5603	0,2663	0,0090	227,4
PtHsp60-42	13711820-13716224	15	PtHsp60-01	155848-160490	1	52,3171	0,4927	0,0094	402,4
			PtHsp60-15	21675609-21680178	3	51,4488	0,4855	0,0094	395,8
			PtHsp60-20	22114421-22117772	4	52,6630	0,2931	0,0056	405,1
			PtHsp60-26	1670392-1674566	9	47,4069	0,2851	0,0060	364,7
			PtHsp60-33	14902623-14907528	10	51,8986	0,5776	0,0111	399,2
PtHsp60-43	12871958-12877635	17	PtHsp60-06	34593578-34598640	1	51,2198	0,8296	0,0162	394,0
			PtHsp60-16	8897354-8904653	4	0,2721	0,0159	0,0584	2,1
			PtHsp60-21	10479639-10484668	6	50,2372	0,8311	0,0165	386,4
PtHsp60-44	7866478-7868957	18	PtHsp60-22	11565228-11567317	6	0,1939	0,0497	0,2563	1,5
PtHsp60-46	3851384-3856308	19	PtHsp60-34	5009097-5011697	12	51,2091	0,9073	0,0177	393,9
			PtHsp60-35	4384719-4389451	13	0,2225	0,0269	0,1209	1,7
			PtHsp60-39	4040696-4042886	15	51,4734	0,9401	0,0183	395,9
PtHsp60-47	11891036-11900246	19	PtHsp60-04	13644365-13654263	1	41,9128	0,6202	0,0148	322,4
			PtHsp60-13	10119265-10127787	3	16,8881	0,6110	0,0362	129,9
			PtHsp60-23	8386523-8395308	8	29,9032	0,6529	0,0218	230,0
			PtHsp60-36	12981303-12990464	13	0,2171	0,0816	0,3759	1,7
Ortalama						**30,20216422**	**0,794422936**	**1,5004026**	**232,3**

EK 14 *PtHsp60* proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu (Biyolojik Fonksiyon)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Biyolojik Fonksiyonu
PtHsp60-01	0.0E0	96.05%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-02	0.0E0	96.15%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-03	0.0E0	76.65%	çiçek gelişiminin düzenlenmesi, metabolik süreç, ışık uyarısına tepki
PtHsp60-04	0.0E0	86.4%	vakuol organizasyonu, stomatal kapanma, polen gelişimi, fosfatidilinositol fosforilasyonu, endomembran sistem organizasyonu
PtHsp60-05	8.6E-61	95.15%	protein katlama
PtHsp60-06	0.0E0	97.1%	glikoneogenesis, sitoskeleton organizasyonu, bitki tipi hücre duvarı organizasyonu, rRNA işleme, protein katlama, hücre duvarı modifikasyonu, proteazomal protein katabolik süreç
PtHsp60-07	1.7E-53	91.9%	protein katlama
PtHsp60-08	0.0E0	96.15%	glikoneogenezis, sitoskeleton organizasyonu, fotomorfogenezis, pirimidin ribonükleotid biyosentetik süreci, protein katlanması, RNA metilasyonu, histone lizin metilasyonu, çiçek gelişiminin düzenlenmesi, cullin deneddylation, proteazomal protein katabolik süreç
PtHsp60-09	0.0E0	94.8%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-10	0.0E0	92.85%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-11	1.1E-140	85.9%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-12	0.0E0	91.25%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-13	0.0E0	87.05%	vakuol organizasyonu, stomatal kapanma, polen gelişimi, fosfatidilinositol fosforilasyonu, endomembran sistem organizasyonu
PtHsp60-14	0.0E0	96%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-15	0.0E0	96.4%	protein yeniden katlanması
PtHsp60-16	0.0E0	97.55%	protein katlama
PtHsp60-17	0.0E0	96.7%	rRNA işleme, protein katlama
PtHsp60-18	1.4E-135	98.95%	glikoneogenezis, tuz stresine cevap, glikolitik süreç, bitki tipi hücre duvarı organizasyonu, protein katlanması, hücre duvarı modifikasyonu
PtHsp60-19	0.0E0	98.55%	glikoneogenezis, tuz stresine cevap, glikolitik süreç, bitki tipi hücre duvarı organizasyonu, protein katlanması, hücre duvarı modifikasyonu
PtHsp60-20	0.0E0	96.65%	tohum durgunluğunda biten embriyo gelişimi, protein yeniden katlanması, kloroplast organizasyonu, bitki yumurtlaması, demir kükürt kümesi montajı
PtHsp60-21	0.0E0	96.4%	glikoneogenesis, sitoskeleton organizasyonu, bitki tipi hücre duvarı organizasyonu, rRNA işleme, protein katlama, hücre duvarı modifikasyonu, proteazomal protein katabolik süreç
PtHsp60-22	2.1E-173	83.1%	glikoneogenezis, tuz stresine tepki, süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi, glikolitik süreç, protein katlanması, kloroplast organizasyonu, sistein biyosentetik işlemi, izopentenil difosfat biyosentetik süreci, metileritritol 4-fosfat yolu, bitki yumurtası gelişimi
PtHsp60-23	0.0E0	83.7%	stomatal kapanma, fosfatidilinositol fosforilasyonu
PtHsp60-24	4.4E-60	92.05%	protein katlama
PtHsp60-25	0.0E0	97.7%	rRNA işleme, protein katlama
PtHsp60-26	0.0E0	96.55%	tohum durgunluğunda biten embriyo gelişimi, protein yeniden katlanması, kloroplast organizasyonu, bitki yumurtlaması, demir kükürt kümesi montajı
PtHsp60-27	7.7E-62	93.8%	protein katlama
PtHsp60-28	0.0E0	0,98	glikoneogenezis, tuz stresine cevap, glikolitik süreç, bitki tipi hücre duvarı organizasyonu, protein katlanması, hücre duvarı modifikasyonu
PtHsp60-29	5.5E-78	74.3%	fotosentez, karbon tespiti
PtHsp60-30	0.0E0	0,98	rRNA işleme, protein katlama
PtHsp60-31	7.0E-60	90.95%	protein katlama
PtHsp60-39	0.0E0	96.35%	kadmiyum iyonuna tepki, protein katlama
PtHsp60-40	0.0E0	90.25%	ısıya yanıt, pirimidin ribonükleotid biyosentetik süreci, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi, protein yeniden katlanması, endoplazmik retikulum stresine yanıt
PtHsp60-41	0.0E0	90.4%	ısıya yanıt, pirimidin ribonükleotid biyosentetik süreci, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi, protein yeniden katlanması, endoplazmik retikulum stresine yanıt
PtHsp60-42	0.0E0	88.2%	ısıya yanıt, pirimidin ribonükleotid biyosentetik süreci, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi, protein yeniden katlanması, endoplazmik retikulum stresine yanıt
PtHsp60-43	0.0E0	97.35%	protein katlama
PtHsp60-44	4.4E-180	91.05%	glikoneogenezis, tuz stresine tepki, süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi, glikolitik süreç, protein katlanması, kloroplast organizasyonu, sistein biyosentetik işlemi, izopentenil difosfat biyosentetik süreci, metileritritol 4-fosfat yolu, bitki yumurtası gelişimi
PtHsp60-45	0.0E0	96.55%	rRNA işleme, protein katlama
PtHsp60-46	0.0E0	95.75%	glikoneogenezis, sitoskeleton organizasyonu, fotomorfogenezis, pirimidin ribonükleotid biyosentetik süreci, protein katlanması, RNA metilasyonu, histon lizin metilasyonu, çiçek gelişiminin düzenlenmesi, cullin deneddylation, proteazomal protein katabolik süreç
PtHsp60-47	0.0E0	79.65%	fosfatidilinositol fosforilasyonu
PtHsp60-48	0.0E0	96.8%	rRNA işleme, protein katlama, protein fosforilasyonu
PtHsp60-49	0.0E0	97.35%	protein katlama

EK 14'ün devamı; *PtHsp60* Blast2Go analiz tablosu (Moleküler Fonksiyon)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Moleküler Fonksiyonu
PtHsp60-01	0.0E0	96.05%	ATP bağlama
PtHsp60-02	0.0E0	96.15%	ATP bağlama
PtHsp60-04	0.0E0	86.4%	ATP bağlanması, 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi, metal iyonu bağlama
PtHsp60-05	8.6E-61	95.15%	ATP bağlama
PtHsp60-06	0.0E0	97.1%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-09	0.0E0	94.8%	ATP bağlama
PtHsp60-10	0.0E0	92.85%	ATP bağlama
PtHsp60-11	1.1E-140	85.9%	ATP bağlama
PtHsp60-12	0.0E0	91.25%	ATP bağlama
PtHsp60-13	0.0E0	87.05%	ATP bağlama, 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi, metal iyonu bağlama;
PtHsp60-14	0.0E0	96%	ATP bağlama
PtHsp60-15	0.0E0	96.4%	ATP bağlama
PtHsp60-16	0.0E0	97.55%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-17	0.0E0	96.7%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-18	1.4E-135	98.95%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-19	0.0E0	98.55%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-20	0.0E0	96.65%	ATP bağlama
PtHsp60-21	0.0E0	96.4%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-22	2.1E-173	83.1%	ATP bağlama, bakır iyonu bağlama
PtHsp60-23	0.0E0	83.7%	ATP bağlanması, 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi, metal iyonu bağlama
PtHsp60-24	4.4E-60	92.05%	ATP bağlama
PtHsp60-25	0.0E0	97.7%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-26	0.0E0	96.55%	ATP bağlama
PtHsp60-27	7.7E-62	93.8%	ATP bağlama
PtHsp60-28	0.0E0	0,98	ATP bağlama
PtHsp60-29	5.5E-78	74.3%	magnezyum iyonu bağlanması, oksidoredüktaz aktivitesi, ribuloz-bisfosfat karboksilaz aktivitesi
PtHsp60-30	0.0E0	0,98	ATP bağlama
PtHsp60-31	7.0E-60	90.95%	ATP bağlama
PtHsp60-39	0.0E0	96.35%	ATP bağlama
PtHsp60-40	0.0E0	90.25%	ATP bağlama
PtHsp60-41	0.0E0	90.4%	ATP bağlama
PtHsp60-42	0.0E0	88.2%	ATP bağlama
PtHsp60-43	0.0E0	97.35%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-44	4.4E-180	91.05%	ATP bağlama, bakır iyonu bağlama
PtHsp60-45	0.0E0	96.55%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp60-46	0.0E0	95.75%	açılmış protein bağlanması, ATP bağlanması
PtHsp60-47	0.0E0	79.65%	ATP bağlanması, fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi
PtHsp60-48	0.0E0	96.8%	ATP bağlanması, kalsiyum iyonu bağlama, protein kinaz aktivitesi, katlanmamış protein bağlama, polisakkarit bağlama
PtHsp60-49	0.0E0	97.35%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama

EK 14'ün devamı; *PtHsp60* Blast2Go analiz tablosu (Hücresel Yerleşim)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Hücresel Yerleşimi
PtHsp60-01	0.0E0	96.05%	sitoplazma
PtHsp60-02	0.0E0	96.15%	mitokondri
PtHsp60-03	0.0E0	76.65%	çekirdek
PtHsp60-04	0.0E0	86.4%	mitokondri
PtHsp60-05	8.6E-61	95.15%	sitoplazma
PtHsp60-06	0.0E0	97.1%	hücre duvarı, sitozol, plazma membranının demirli bileşeni
PtHsp60-07	1.7E-53	91.9%	sitoplazma
PtHsp60-09	0.0E0	94.8%	mitokondri
PtHsp60-10	0.0E0	92.85%	vakuoler zar
PtHsp60-11	1.1E-140	85.9%	vakuoler zar
PtHsp60-12	0.0E0	91.25%	vakuoler zar
PtHsp60-13	0.0E0	87.05%	mitokondri
PtHsp60-14	0.0E0	96%	sitoplazma
PtHsp60-15	0.0E0	96.4%	sitoplazma
PtHsp60-16	0.0E0	97.55%	sitoplazma
PtHsp60-17	0.0E0	96.7%	sitoplazma
PtHsp60-18	1.4E-135	98.95%	sitozolunda
PtHsp60-19	0.0E0	98.55%	sitozolunda
PtHsp60-20	0.0E0	96.65%	kloroplast stroma, sitosolik ribozom, kloroplast zarf, tilakoid, mitokondrion, membran, apoplast
PtHsp60-21	0.0E0	96.4%	hücre duvarı, sitozol, plazma membranının demirli bileşeni
PtHsp60-22	2.1E-173	83.1%	kloroplast stroma, kloroplast zarf, kloroplast tilakoid membran, mitokondrion, apoplast
PtHsp60-24	4.4E-60	92.05%	sitoplazma
PtHsp60-25	0.0E0	97.7%	plazma modları, sitozol, plazma membranı
PtHsp60-26	0.0E0	96.55%	kloroplast stroma, sitosolik ribozom, kloroplast zarf, tilakoid,: mitokondrion, membran, apoplast
PtHsp60-27	7.7E-62	93.8%	sitoplazma
PtHsp60-28	0.0E0	0,98	sitozolunda
PtHsp60-29	5.5E-78	74.3%	plastid
PtHsp60-30	0.0E0	0,98	plazma modları, sitozol, plazma membranı
PtHsp60-31	7.0E-60	90.95%	sitoplazma
PtHsp60-39	0.0E0	96.35%	sitozolunda
PtHsp60-40	0.0E0	90.25%	sitoplazma
PtHsp60-41	0.0E0	90.4%	sitoplazma
PtHsp60-42	0.0E0	88.2%	sitoplazma
PtHsp60-43	0.0E0	97.35%	sitoplazma
PtHsp60-44	4.4E-180	91.05%	kloroplast stroma, kloroplast zarf, kloroplast tilakoid membran, mitokondrion, apoplast
PtHsp60-45	0.0E0	96.55%	sitozolunda
PtHsp60-46	0.0E0	95.75%	plazma modları, membran, sitozol
PtHsp60-48	0.0E0	96.8%	membranın integral bileşeni, sitozol
PtHsp60-49	0.0E0	97.35%	sitoplazma

EK 15 *PtHsp60* genlerine ait hedef miRNA tablosu

miRNA ismi	Hedef Gen Adı	Beklenti değeri	UPE	miRNA_dizisi	Hedef_dizi
Arachis hypogaea					
ahy-miR3519	PtHsp90-10	2,05	21.907	UCAAUCAAUGACAGCAUUUCA	UGAAGUGCUGUUCUUGGUUGA
Arabidopsis lyrata					
aly-miR838-3p	PtHsp90-04	2,05	1,09,1987	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	UUCCAAGAAGAAGAAGAAGA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR414	PtHsp90-07	3,00	9.515	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAGGAUGAGGAUGU
Chlamydomonas reinhardtii					
cre-miR1171	PtHsp90-10	3,00	21.235	UGGAGUGGAGUGGAGUGGAG	CUCCACUAUCCUCCGCUCCA
Medicago truncatula					
mtr-miR2592a-5p	PtHsp90-08	3,00	17.816	CCCGGCAUUCAUGUUUUCCU	AGGAAAACAAAGAUGCUGGG
Oryza sativa					
osa-miR2097-3p	PtHsp90-05	3,00	9.897	UUCUCUUCUUCGUGUCGCAUU	GAUGAGACA-GAAGAAGAGAA
osa-miR414	PtHsp90-01	3,00	8.682	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAGGAUGAGGAAGA
osa-miR414	PtHsp90-07	2,05	9.515	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAGGAUGAGGAUGU
osa-miR414	PtHsp90-08	3,00	15.172	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGGUGGUGAUGAUGAGGUUGA
osa-miR414	PtHsp90-11	3,00	9.253	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAGGAUGAGGAAGA
osa-miR5149	PtHsp90-08	3,00	20.314	GAGGAGCUGUGACGAUUUGGGA	UUUCAAAGCGUCUCAGCUCUUC
osa-miR5542	PtHsp90-12	2,00	14.396	UUUGAGAAGGUAUCAUGAGAU	GUUUUAUGAUGCUUUCUCAAA
Panax ginseng					
pgi-miR6135a	PtHsp90-09	3,00	17.145	UGGUAAGUUGGUCAAUUGGC	GCCAAUUGACGAAGUUGCCA
pgi-miR6135i	PtHsp90-12	3,00	20.135	AAUUGGCCAAUAGAAUACUG	GAGUAUGCUGUUGGCCAGUU
Physcomitrella patens					
ppt-miR900-5p	PtHsp90-10	2,00	21.954	UCCCAGGUACAAGAACACAG	CUGUGUCCUUGUGUCUGGGA
Populus trichocarpa					
ptc-miR7826	PtHsp90-01	2,00	20.688	UUACCAAGUUUCAAAUUCUCA	UAAGAAUUUGAAACUUGGUAU
ptc-miR7826	PtHsp90-11	2,05	20.754	UUACCAAGUUUCAAAUUCUCA	UAAGAAUUUGAAGCUUGGUAU
Setaria italica					
sit-miR20-npr	PtHsp90-05	3,00	14.998	UUCUCAAAUUUUGCAUGAUG	CAUCAUGGAGGAGUUGAGAA
Solanum tuberosum					
stu-miR8048-5p	PtHsp90-10	3,00	19.596	CUCAUUAGCAUCUCCAUCUU	AACAUGGAGAGGCUAAUGAA
Zea mays					
zma-miR482-3p	PtHsp90-07	3,00	3.099	UCUUCCUUGUUCCUCCCAUU	GAUGAGAAGGACAAGGAAGA

EK 16 *PtHsp60* genlerine ait ortolog gen ilişkiler (*Arabidopsis thaliana*)

(PtHsp60) - *Populus –Arabidopsis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp60-01	1	AT3G13470.1	3	1,86	0,06	0,03	14,33
		AT1G55490.2	1	2,62	0,07	0,03	20,17
		AT5G56500.1	5	2,10	0,07	0,03	16,13
		AT2G33210.1	2	2,98	0,08	0,03	22,90
		AT3G13860.1	3	10,49	0,19	0,02	80,68
PtHsp60-03	1	AT5G41380.1	5	3,59	0,45	0,13	27,61
PtHsp60-04	1	AT3G14270.1	3	1,74	0,26	0,15	13,38
		AT4G33240.1	4	2,68	0,33	0,12	20,60
PtHsp60-05	1	AT1G14980.1	1	3,53	0,13	0,04	27,12
		AT1G23100.1	1	3,11	0,11	0,03	23,95
PtHsp60-06	1	AT5G20890.1	5	1,98	0,06	0,03	15,19
		AT3G11830.2	3	53,44	0,69	0,01	411,09
		AT3G20050.1	3	47,49	0,72	0,02	365,31
PtHsp60-07	2	AT3G60210.1	3	1,77	0,18	0,10	13,59
		AT2G44650.1	2	1,53	0,20	0,13	11,74
PtHsp60-08	2	AT3G20050.1	3	2,30	0,06	0,03	17,73
		AT3G11830.2	3	51,70	0,69	0,01	397,66
PtHsp60-09	2	AT3G23990.1	3	2,96	0,08	0,03	22,74
		AT2G33210.1	2	4,52	0,10	0,02	34,74
		AT3G13860.1	3	15,08	0,20	0,01	116,02
PtHsp60-10	3	AT3G13860.1	3	1,88	0,13	0,07	14,49
		AT3G23990.1	3	4,75	0,19	0,04	36,53
		AT2G33210.2	2	8,20	0,21	0,03	63,06
PtHsp60-11	3	AT3G13860.1	3	1,65	0,11	0,07	12,68
		AT3G23990.1	3	10,93	0,17	0,02	84,09
		AT2G33210.1	2	12,38	0,19	0,02	95,23
PtHsp60-12	3	AT3G13860.1	3	1,86	0,12	0,06	14,31
		AT3G23990.1	3	4,64	0,18	0,04	35,67
		AT2G33210.1	2	10,81	0,20	0,02	83,19
PtHsp60-13	3	AT3G14270.1	3	1,63	0,25	0,15	12,57
		AT4G33240.1	4	2,63	0,34	0,13	20,23
PtHsp60-14	3	AT3G23990.1	3	4,03	0,06	0,02	31,02
		AT2G33210.1	2	3,14	0,09	0,03	24,13
		AT3G13860.1	3	9,70	0,19	0,02	74,60
PtHsp60-15	3	AT3G13470.1	3	1,95	0,06	0,03	14,99
		AT1G55490.2	1	2,47	0,07	0,03	19,03
		AT5G56500.1	5	1,93	0,07	0,03	14,88
		AT1G26230.2	1	5,42	0,26	0,05	41,68
PtHsp60-16	4	AT3G02530.1	3	1,68	0,05	0,03	12,94
		AT5G16070.1	5	2,27	0,05	0,02	17,44
PtHsp60-17	4	AT5G26360.1	5	2,08	0,04	0,02	15,97
PtHsp60-18	4	AT3G11830.2	3	1,82	0,05	0,03	13,98
PtHsp60-19	4	AT3G11830.2	3	1,79	0,04	0,02	13,75
PtHsp60-20	4	AT2G28000.1	2	5,37	0,08	0,01	41,31
		AT5G18820.1	5	31,78	0,31	0,01	244,48
		AT5G56500.1	5	55,09	0,44	0,01	423,76
		AT1G55490.2	1	51,80	0,46	0,01	398,46
PtHsp60-21	6	AT5G20890.1	5	1,90	0,06	0,03	14,62
PtHsp60-22	6	AT5G20720.2	5	1,65	0,12	0,07	12,66
PtHsp60-23	8	AT1G71010.1	1	2,20	0,28	0,13	16,90
PtHsp60-24	8	AT1G23100.1	1	1,67	0,15	0,09	12,86
		AT1G14980.1	1	2,42	0,20	0,08	18,63
PtHsp60-25	8	AT1G24510.1	1	2,08	0,05	0,02	16,03
PtHsp60-26	9	AT2G28000.1	2	6,03	0,08	0,01	46,39
		AT5G18820.1	5	46,95	0,31	0,01	361,17
		AT5G56500.1	5	54,91	0,46	0,01	422,36
		AT1G55490.2	1	51,66	0,48	0,01	397,41
PtHsp60-27	9	AT1G14980.1	1	2,77	0,13	0,05	21,30
		AT1G23100.1	1	3,07	0,12	0,04	23,60
PtHsp60-28	9	AT3G11830.1	3	1,93	0,04	0,02	14,87
PtHsp60-29	10	ATCG00490.1	C	0,46	0,12	0,27	3,55
		ATMG00280.1	M	0,91	0,48	0,53	7,03
		AT2G07732.1	2	58,09	1,14	0,02	446,85
		AT1G24510.1	1	1,49	0,05	0,03	11,43

EK 16'nın devamı; *(Arabidopsis thaliana)*

PtHsp60-31	10	AT1G23100.1	1	1,92	0,15	0,08	14,77
		AT1G14980.1	1	1,89	0,21	0,11	14,55
PtHsp60-32	10	AT1G71010.1	1	2,04	0,27	0,13	15,66
		AT3G14270.1	3	9,41	0,50	0,05	72,42
PtHsp60-33	10	AT1G26230.1	1	2,59	0,16	0,06	19,95
		AT1G55490.1	1	16,74	0,26	0,02	128,78
PtHsp60-34	12	AT3G18190.1	3	8,37	0,06	0,01	64,41
PtHsp60-35	13	AT3G03960.1	3	2,18	0,09	0,04	16,78
PtHsp60-36	13	AT1G34260.1	1	2,44	0,39	0,16	18,81
PtHsp60-37	14	AT3G60210.1	3	1,54	0,12	0,08	11,84
		AT2G44650.1	2	2,15	0,24	0,11	16,55
PtHsp60-38	14	AT3G20050.1	3	2,27	0,05	0,02	17,50
PtHsp60-39	15	AT3G18190.1	3	6,67	0,06	0,01	51,27
		AT1G24510.2	1	55,11	0,67	0,01	423,95
PtHsp60-40	15	AT5G18820.1	5	2,61	0,16	0,06	20,09
		AT2G28000.1	2	50,90	0,29	0,01	391,52
PtHsp60-41	15	AT5G18820.1	5	2,63	0,15	0,06	20,25
		AT2G28000.1	2	48,93	0,27	0,01	376,42
PtHsp60-42	15	AT5G18820.1	5	2,66	0,17	0,06	20,46
		AT2G28000.1	2	50,55	0,30	0,01	388,83
PtHsp60-43	17	AT3G02530.1	3	1,65	0,05	0,03	12,72
		AT5G16070.1	5	2,22	0,05	0,02	17,10
PtHsp60-44	18	AT5G20720.1	5	1,93	0,14	0,07	14,85
PtHsp60-45	18	AT5G26360.1	5	2,27	0,04	0,02	17,48
PtHsp60-46	19	AT3G03960.1	3	2,23	0,10	0,04	17,15
PtHsp60-47	19	AT1G34260.1	1	2,44	0,38	0,15	18,79
PtHsp60-48	scaffold_42	AT5G26360.1	5	2,19	0,04	0,02	16,84
PtHsp60-49	scaffold_480	AT3G02530.1	3	1,65	0,05	0,03	12,70
		AT5G16070.1	5	2,16	0,05	0,02	16,60
Ortalama				**10,68**	**0,20**	**0,05**	**82,19**

EK 16'nın devamı; *(Ortyza sativa)*

(PtHsp60) - *Populus –Oryza sativa*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp60-01	1	LOC_Os06g02380.1	6	5,25	0,10	0,02	40,36
		LOC_Os02g01280.1	2	3,53	0,11	0,03	27,15
PtHsp60-02	1	LOC_Os10g32550.1	10	3,49	0,07	0,02	26,86
		LOC_Os03g04970.1	3	4,66	0,07	0,01	35,82
		LOC_Os05g46290.1	5	14,56	0,22	0,02	111,97
PtHsp60-04	1	LOC_Os08g34950.1	8	4,35	0,33	0,08	33,49
		LOC_Os03g28140.1	3	3,77	0,35	0,09	28,98
		LOC_Os09g23740.1	9	23,21	0,52	0,02	178,54
		LOC_Os06g14750.1	6	42,67	0,52	0,01	328,27
PtHsp60-05	1	LOC_Os03g25050.1	3	39,73	0,20	0,01	305,65
		LOC_Os07g44740.1	7	2,13	0,18	0,08	16,40
PtHsp60-06	1	LOC_Os05g48290.3	5	3,50	0,07	0,02	26,95
		LOC_Os03g42220.1	3	3,62	0,06	0,02	27,87
PtHsp60-07	2	LOC_Os10g41710.1	10	45,82	0,18	0,00	352,48
PtHsp60-08	2	LOC_Os04g46620.1	4	3,33	0,05	0,02	25,65
		LOC_Os06g47320.1	6	49,27	0,69	0,01	379,00
PtHsp60-09	2	LOC_Os10g32550.1	10	5,66	0,08	0,01	43,54
		LOC_Os03g04970.1	3	5,05	0,08	0,02	38,81
		LOC_Os05g46290.1	5	17,26	0,23	0,01	132,75
		LOC_Os02g01280.1	2	51,41	0,56	0,01	395,46
PtHsp60-10	3	LOC_Os05g46290.1	5	4,08	0,16	0,04	31,36
		LOC_Os10g32550.1	10	7,53	0,19	0,02	57,96
PtHsp60-11	3	LOC_Os03g04970.1	3	48,83	0,18	0,00	375,65
PtHsp60-12	3	LOC_Os05g46290.1	5	3,42	0,17	0,05	26,30
		LOC_Os10g32550.1	10	7,21	0,18	0,03	55,49
		LOC_Os03g04970.1	3	6,70	0,19	0,03	51,50
PtHsp60-13	3	LOC_Os08g34950.1	8	3,56	0,32	0,09	27,41
		LOC_Os03g28140.1	3	3,59	0,36	0,10	27,59
		LOC_Os08g33200.1	8	8,12	0,51	0,06	62,47
PtHsp60-14	3	LOC_Os10g32550.1	10	3,43	0,07	0,02	26,42
		LOC_Os03g04970.1	3	3,85	0,08	0,02	29,61
		LOC_Os05g46290.1	5	9,40	0,22	0,02	72,31
PtHsp60-15	3	LOC_Os06g02380.1	6	4,76	0,09	0,02	36,61
		LOC_Os02g01280.1	2	3,85	0,11	0,03	29,65
PtHsp60-16	4	LOC_Os05g05470.1	5	2,65	0,06	0,02	20,41
PtHsp60-17	4	LOC_Os06g34690.1	6	3,42	0,06	0,02	26,32
		LOC_Os02g14929.1	2	3,03	0,07	0,02	23,30
PtHsp60-18	4	LOC_Os06g47320.1	6	5,17	0,06	0,01	39,73
PtHsp60-20	4	LOC_Os12g17910.1	12	8,63	0,11	0,01	66,38
		LOC_Os03g64210.1	3	12,63	0,09	0,01	97,12
		LOC_Os09g38980.2	9	50,72	0,32	0,01	390,13
PtHsp60-21	6	LOC_Os05g48290.3	5	2,95	0,08	0,03	22,67
		LOC_Os03g42220.1	3	3,33	0,07	0,02	25,59
PtHsp60-22	6	LOC_Os06g09679.1	6	12,51	0,21	0,02	96,26
		LOC_Os09g26730.1	9	6,60	0,23	0,04	50,75
		LOC_Os02g54060.2	2	20,28	0,24	0,01	156,02
		LOC_Os06g09688.1	6	49,59	0,25	0,01	381,43
PtHsp60-23	8	LOC_Os08g33200.1	8	3,14	0,41	0,13	24,15
PtHsp60-24	8	LOC_Os07g44740.1	7	2,46	0,21	0,09	18,92
		LOC_Os03g25050.1	3	55,46	0,24	0,00	426,58
PtHsp60-25	8	LOC_Os06g36700.1	6	7,11	0,06	0,01	54,68
PtHsp60-26	9	LOC_Os12g17910.1	12	8,63	0,11	0,01	66,36
		LOC_Os03g64210.1	3	8,38	0,08	0,01	64,43
		LOC_Os09g38980.2	9	50,57	0,32	0,01	389,04
PtHsp60-27	9	LOC_Os03g25050.1	3	31,18	0,21	0,01	239,86
		LOC_Os07g44740.1	7	2,00	0,19	0,09	15,39
PtHsp60-28	9	LOC_Os06g47320.1	6	8,11	0,05	0,01	62,38
PtHsp60-29	10	LOC_Os10g21268.1	10	0,68	0,12	0,18	5,20
		LOC_Os12g10580.1	12	0,66	0,12	0,19	5,08
		LOC_Os01g58020.1	1	0,87	0,15	0,18	6,66
		LOC_Os05g35330.1	5	0,85	0,24	0,28	6,57

EK 16'nın devamı; *(Ortyza sativa)*

PtHsp60-30	10	LOC_Os06g36700.1	6	5,38	0,06	0,01	41,35
PtHsp60-31	10	LOC_Os07g44740.1	7	3,58	0,21	0,06	27,57
		LOC_Os03g25050.1	3	56,15	0,24	0,00	431,93
PtHsp60-32	10	LOC_Os08g33200.1	8	3,26	0,40	0,12	25,09
PtHsp60-33	10	LOC_Os06g02380.1	6	4,26	0,27	0,06	32,76
PtHsp60-34	12	LOC_Os02g22780.1	2	48,90	0,13	0,00	376,18
		LOC_Os10g37060.1	10	52,05	0,15	0,00	400,41
PtHsp60-35	13	LOC_Os03g59020.1	3	2,37	0,08	0,03	18,21
PtHsp60-36	13	LOC_Os08g01390.1	8	4,18	0,54	0,13	32,15
		LOC_Os04g59540.1	4	3,81	0,52	0,14	29,30
PtHsp60-37	14	LOC_Os10g41710.1	10	43,80	0,35	0,01	336,93
PtHsp60-38	14	LOC_Os04g46620.1	4	2,98	0,06	0,02	22,90
PtHsp60-39	15	LOC_Os02g22780.1	2	48,62	0,13	0,00	373,99
		LOC_Os10g37060.1	10	51,46	0,15	0,00	395,83
PtHsp60-40	15	LOC_Os03g64210.2	3	46,95	0,30	0,01	361,14
		LOC_Os12g17910.1	12	48,11	0,30	0,01	370,06
		LOC_Os09g38980.2	9	51,60	0,27	0,01	396,93
PtHsp60-41	15	LOC_Os03g64210.1	3	48,29	0,26	0,01	371,43
		LOC_Os09g38980.1	9	8,50	0,23	0,03	65,36
		LOC_Os12g17910.1	12	48,35	0,28	0,01	371,94
PtHsp60-42	15	LOC_Os12g17910.1	12	47,82	0,29	0,01	367,84
		LOC_Os09g38980.2	9	51,28	0,27	0,01	394,47
		LOC_Os03g64210.1	3	32,21	0,26	0,01	247,76
PtHsp60-43	17	LOC_Os05g05470.1	5	2,42	0,06	0,02	18,58
PtHsp60-44	18	LOC_Os09g26730.1	9	6,13	0,22	0,04	47,13
		LOC_Os06g09679.1	6	11,66	0,22	0,02	89,69
PtHsp60-45	18	LOC_Os06g34690.1	6	2,85	0,06	0,02	21,93
		LOC_Os02g14929.1	2	2,98	0,07	0,02	22,93
PtHsp60-46	19	LOC_Os03g59020.1	3	2,72	0,08	0,03	20,89
PtHsp60-48	scaffold_42	LOC_Os06g34690.1	6	2,88	0,06	0,02	22,18
		LOC_Os02g14929.1	2	2,70	0,07	0,03	20,78
PtHsp60-49	scaffold_480	LOC_Os05g05470.1	5	2,34	0,06	0,03	18,01
Ortalama				**16,80**	**0,20**	**0,04**	**129,26**

EK 16'nın devamı; *(Glycine max)*

(PtHsp60) - *Populus –Glycine max*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp60-01	1	Glyma.15G250500.1	15	2,77	0,06	0,02	21,28
		Glyma.08G175900.1	8	4,32	0,08	0,02	33,27
		Glyma.01G069500.2	1	5,88	0,25	0,04	45,27
PtHsp60-02	1	Glyma.10G193200.1	10	1,23	0,06	0,05	9,44
		Glyma.20G197100.1	20	1,37	0,06	0,04	10,54
		Glyma.10G127800.1	10	1,14	0,05	0,04	8,76
		Glyma.20G079300.1	20	1,29	0,06	0,04	9,95
		Glyma.07G009600.1	7	6,44	0,20	0,03	49,54
PtHsp60-03	1	Glyma.05G209800.1	5	2,04	0,33	0,16	15,69
		Glyma.08G016500.1	8	3,03	0,33	0,11	23,31
		Glyma.01G221100.1	1	1,37	0,36	0,26	10,55
PtHsp60-04	1	Glyma.07G045600.1	7	1,22	0,22	0,18	9,41
		Glyma.16G013500.3	16	1,23	0,22	0,18	9,49
		Glyma.17G045200.2	17	1,91	0,27	0,14	14,69
PtHsp60-05	1	Glyma.03G125800.1	3	1,80	0,12	0,06	13,88
		Glyma.19G128300.1	19	1,62	0,13	0,08	12,45
		Glyma.07G219000.1	7	2,85	0,13	0,05	21,94
PtHsp60-06	1	Glyma.12G087300.1	12	1,19	0,05	0,04	9,15
		Glyma.11G185500.1	11	1,22	0,05	0,04	9,40
		Glyma.14G043400.1	14	52,35	0,71	0,01	402,66
PtHsp60-07	2	Glyma.03G103600.2	3	1,70	0,17	0,10	13,05
		Glyma.07G120400.1	7	1,42	0,18	0,13	10,94
PtHsp60-08	2	Glyma.05G165500.1	5	1,32	0,04	0,03	10,15
		Glyma.08G123100.1	8	1,27	0,04	0,03	9,79
		Glyma.14G043400.1	14	50,70	0,70	0,01	390,01
PtHsp60-09	2	Glyma.20G197100.1	20	2,18	0,07	0,03	16,78
		Glyma.10G193200.1	10	2,33	0,07	0,03	17,90
		Glyma.10G127800.1	10	1,46	0,07	0,05	11,25
PtHsp60-10	3	Glyma.08G192700.1	8	1,36	0,11	0,08	10,50
		Glyma.07G009600.1	7	1,29	0,11	0,09	9,90
		Glyma.10G127800.1	10	5,16	0,18	0,04	39,73
PtHsp60-11	3	Glyma.08G192700.2	8	1,66	0,11	0,07	12,74
		Glyma.07G009600.1	7	1,35	0,11	0,08	10,38
		Glyma.20G197100.1	20	18,94	0,17	0,01	145,69
PtHsp60-12	3	Glyma.07G009600.1	7	1,39	0,11	0,08	10,66
		Glyma.08G192700.1	8	1,39	0,11	0,08	10,73
PtHsp60-13	3	Glyma.07G045600.1	7	1,21	0,22	0,18	9,34
		Glyma.16G013500.3	16	1,23	0,22	0,18	9,48
		Glyma.17G045200.2	17	1,78	0,28	0,16	13,67
		Glyma.13G114800.2	13	1,84	0,28	0,15	14,19
PtHsp60-14	3	Glyma.20G197100.1	20	1,63	0,06	0,04	12,56
		Glyma.10G127800.1	10	1,21	0,05	0,04	9,34
		Glyma.20G079300.1	20	1,33	0,05	0,04	10,20
		Glyma.08G192700.2	8	5,68	0,20	0,04	43,72
PtHsp60-15	3	Glyma.15G250500.1	15	2,69	0,06	0,02	20,70
		Glyma.08G175900.2	8	3,47	0,05	0,02	26,70
		Glyma.01G069500.1	1	5,30	0,25	0,05	40,77
PtHsp60-16	4	Glyma.18G298100.1	18	1,63	0,05	0,03	12,55
		Glyma.08G364000.1	8	1,63	0,05	0,03	12,57
PtHsp60-17	4	Glyma.16G208700.1	16	1,95	0,06	0,03	14,99
		Glyma.20G215100.1	20	1,78	0,06	0,04	13,71
		Glyma.09G158200.2	9	1,73	0,09	0,05	13,34
PtHsp60-18	4	Glyma.14G043400.1	14	1,13	0,05	0,05	8,73
		Glyma.02G273200.1	2	1,21	0,06	0,05	9,32
PtHsp60-19	4	Glyma.14G043400.1	14	1,22	0,04	0,03	9,37
		Glyma.02G273200.1	2	1,20	0,04	0,04	9,20
PtHsp60-20	4	Glyma.11G195900.1	11	1,90	0,06	0,03	14,64
PtHsp60-21	6	Glyma.11G185500.1	11	1,25	0,05	0,04	9,63
		Glyma.12G087300.1	12	1,24	0,06	0,04	9,52
PtHsp60-22	6	Glyma.15G180900.1	15	1,43	0,16	0,11	10,97
		Glyma.09G072100.2	9	1,33	0,15	0,11	10,26
		Glyma.13G112500.1	13	1,10	0,17	0,16	8,45
PtHsp60-23	8	Glyma.20G013500.1	20	1,22	0,25	0,21	9,36
		Glyma.07G216600.1	7	1,33	0,28	0,21	10,21

EK 16'nın devamı; *(Glycine max)*

PtHsp60-24	8	Glyma.19G128300.1	19	3,08	0,14	0,04	23,70
		Glyma.03G125800.1	3	3,87	0,15	0,04	29,80
		Glyma.07G219000.1	7	1,36	0,18	0,13	10,45
PtHsp60-25	8	Glyma.11G244700.1	11	2,17	0,05	0,02	16,69
		Glyma.18G012400.1	18	2,31	0,05	0,02	17,75
PtHsp60-26	9	Glyma.12G078100.1	12	1,81	0,07	0,04	13,90
		Glyma.11G195900.1	11	1,85	0,07	0,04	14,21
		Glyma.20G019400.3	20	36,61	0,31	0,01	281,59
PtHsp60-27	9	Glyma.03G125800.1	3	2,55	0,13	0,05	19,60
		Glyma.19G128300.1	19	2,53	0,13	0,05	19,49
		Glyma.07G219000.1	7	2,73	0,15	0,05	21,04
		Glyma.20G017200.1	20	2,44	0,14	0,06	18,75
		Glyma.03G067300.1	3	53,02	0,29	0,01	407,81
PtHsp60-28	9	Glyma.14G043400.1	14	1,45	0,04	0,03	11,14
		Glyma.02G273200.1	2	1,41	0,05	0,03	10,87
PtHsp60-30	10	Glyma.11G244700.1	11	1,92	0,05	0,03	14,76
		Glyma.18G012400.1	18	1,92	0,05	0,03	14,73
PtHsp60-31	10	Glyma.19G128300.1	19	2,41	0,14	0,06	18,56
		Glyma.03G125800.1	3	5,85	0,15	0,03	45,00
		Glyma.07G219000.1	7	1,53	0,18	0,12	11,74
		Glyma.20G017200.1	20	1,66	0,18	0,11	12,78
PtHsp60-32	10	Glyma.20G013500.1	20	1,25	0,23	0,19	9,59
		Glyma.07G216600.1	7	1,32	0,26	0,20	10,13
PtHsp60-33	10	Glyma.02G126300.1	2	1,29	0,15	0,11	9,95
		Glyma.15G250500.1	15	9,25	0,23	0,02	71,14
		Glyma.08G175900.2	8	9,50	0,24	0,03	73,06
PtHsp60-34	12	Glyma.05G242700.1	5	9,21	0,05	0,01	70,87
		Glyma.08G050100.1	8	7,35	0,06	0,01	56,57
		Glyma.07G149200.1	7	12,58	0,07	0,01	96,79
PtHsp60-35	13	Glyma.16G153200.1	16	1,45	0,07	0,05	11,15
PtHsp60-36	13	Glyma.20G173200.3	20	1,38	0,30	0,22	10,64
		Glyma.10G218400.2	10	1,31	0,30	0,23	10,04
PtHsp60-37	14	Glyma.03G103600.2	3	1,01	0,15	0,15	7,78
		Glyma.07G120400.1	7	1,09	0,15	0,14	8,37
		Glyma.03G103600.1	3	0,91	0,19	0,21	6,96
PtHsp60-38	14	Glyma.05G165500.1	5	1,54	0,04	0,03	11,87
		Glyma.08G123100.1	8	1,54	0,04	0,03	11,86
PtHsp60-39	15	Glyma.08G050100.1	8	6,21	0,06	0,01	47,75
		Glyma.05G242700.1	5	6,26	0,06	0,01	48,14
		Glyma.07G149200.1	7	6,88	0,08	0,01	52,94
PtHsp60-40	15	Glyma.20G019400.3	20	2,09	0,16	0,08	16,05
		Glyma.07G221100.1	7	1,75	0,13	0,08	13,43
		Glyma.12G078100.1	12	16,74	0,30	0,02	128,80
PtHsp60-41	15	Glyma.07G221100.1	7	1,38	0,12	0,09	10,59
		Glyma.12G078100.1	12	7,99	0,28	0,04	61,44
		Glyma.20G019400.1	20	1,65	0,18	0,11	12,70
PtHsp60-42	15	Glyma.07G221100.4	7	1,72	0,16	0,09	13,26
		Glyma.20G019400.3	20	1,88	0,16	0,09	14,45
		Glyma.07G221100.1	7	1,60	0,14	0,09	12,32
		Glyma.12G078100.1	12	16,04	0,30	0,02	123,42
		Glyma.11G195900.1	11	16,47	0,31	0,02	126,68
PtHsp60-43	17	Glyma.18G298100.1	18	1,52	0,05	0,03	11,70
		Glyma.08G364000.1	8	1,49	0,05	0,03	11,48
PtHsp60-44	18	Glyma.15G180900.1	15	1,84	0,15	0,08	14,16
		Glyma.09G072100.2	9	1,63	0,14	0,09	12,55
		Glyma.13G112500.1	13	1,19	0,17	0,14	9,12
		Glyma.17G047200.1	17	1,20	0,11	0,09	9,24
PtHsp60-45	18	Glyma.16G208700.1	16	1,70	0,06	0,04	13,08
		Glyma.09G158200.1	9	1,71	0,06	0,04	13,18
		Glyma.20G215100.1	20	1,67	0,06	0,04	12,87
		Glyma.09G158200.2	9	1,84	0,09	0,05	14,17
		Glyma.04G131400.1	4	1,92	0,10	0,05	14,77
PtHsp60-46	19	Glyma.16G153200.1	16	1,72	0,07	0,04	13,26
		Glyma.02G071900.1	2	1,68	0,07	0,04	12,95
PtHsp60-47	19	Glyma.20G173200.3	20	1,33	0,29	0,22	10,25
		Glyma.10G218400.2	10	1,29	0,29	0,23	9,95
		Glyma.20G173200.3	20	1,34	0,27	0,20	10,31
PtHsp60-48	scaffold_42	Glyma.16G208700.1	16	1,49	0,06	0,04	11,45
		Glyma.20G215100.1	20	1,33	0,06	0,05	10,26
		Glyma.09G158200.2	9	1,76	0,09	0,05	13,53
		Glyma.04G131400.1	4	2,04	0,10	0,05	15,68
PtHsp60-49	scaffold_480	Glyma.18G298100.1	18	1,51	0,05	0,03	11,63
		Glyma.08G364000.1	8	1,50	0,05	0,03	11,56
Ortalama				**4,11**	**0,14**	**0,07**	**31,60**

EK 16'nın devamı; *(Eucalytus grandis)*

(PtHsp60) - *Populus – Eucalyptus grandis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp60-01	1	Eucgr.B03593.1	2	1,67	0,06	0,03	12,87
		Eucgr.G02400.1	7	8,77	0,24	0,03	67,46
		Eucgr.H02866.1	8	1,33	0,06	0,04	10,21
		Eucgr.F03134.1	6	5,54	0,21	0,04	42,63
PtHsp60-03	1	Eucgr.E00639.1	5	3,14	0,49	0,16	24,19
PtHsp60-04	1	Eucgr.J02598.1	10	1,34	0,24	0,18	10,31
		Eucgr.C03186.1	3	2,24	0,28	0,13	17,20
		Eucgr.G02192.1	7	12,56	0,50	0,04	96,63
PtHsp60-05	1	Eucgr.B03754.1	2	1,34	0,06	0,05	10,32
		Eucgr.B02909.1	2	5,10	0,13	0,02	39,27
PtHsp60-06	1	Eucgr.F01711.1	6	1,15	0,04	0,04	8,84
		Eucgr.F03537.1	6	1,34	0,04	0,03	10,32
		Eucgr.J00618.1	10	52,44	0,70	0,01	403,40
PtHsp60-07	2	Eucgr.D01184.1	4	1,84	0,16	0,09	14,17
PtHsp60-08	2	Eucgr.I00662.1	9	1,17	0,05	0,04	9,01
		Eucgr.J00618.1	10	50,24	0,69	0,01	386,49
PtHsp60-09	2	Eucgr.H02866.1	8	2,60	0,07	0,03	20,02
		Eucgr.F03134.1	6	6,40	0,21	0,03	49,26
		Eucgr.B03593.1	2	50,84	0,54	0,01	391,04
PtHsp60-10	3	Eucgr.F03134.1	6	1,79	0,13	0,07	13,77
		Eucgr.H02866.1	8	6,10	0,18	0,03	46,96
PtHsp60-11	3	Eucgr.F03134.1	6	1,03	0,10	0,09	7,94
		Eucgr.H02866.1	8	5,31	0,18	0,03	40,88
PtHsp60-12	3	Eucgr.F03134.1	6	1,41	0,12	0,08	10,83
		Eucgr.H02866.1	8	5,32	0,17	0,03	40,93
PtHsp60-13	3	Eucgr.J02598.1	10	1,31	0,24	0,19	10,04
		Eucgr.C03186.1	3	2,09	0,28	0,13	16,11
		Eucgr.G02192.1	7	11,73	0,50	0,04	90,21
PtHsp60-14	3	Eucgr.H02866.1	8	1,52	0,06	0,04	11,65
		Eucgr.F03134.1	6	4,63	0,20	0,04	35,58
PtHsp60-15	3	Eucgr.B03593.1	2	1,71	0,05	0,03	13,17
		Eucgr.G02400.1	7	8,73	0,24	0,03	67,17
		Eucgr.F02483.1	6	1,42	0,05	0,03	10,95
PtHsp60-17	4	Eucgr.E02761.1	5	1,81	0,05	0,03	13,96
PtHsp60-18	4	Eucgr.J00618.1	10	1,85	0,04	0,02	14,27
		Eucgr.F03537.1	6	32,82	0,78	0,02	252,44
PtHsp60-19	4	Eucgr.J00618.1	10	1,33	0,03	0,02	10,21
PtHsp60-20	4	Eucgr.B02532.1	2	1,36	0,05	0,03	10,48
		Eucgr.D00059.1	4	9,68	0,28	0,03	74,46
		Eucgr.B03593.2	2	51,77	0,48	0,01	398,19
PtHsp60-21	6	Eucgr.F03537.1	6	1,51	0,05	0,03	11,65
		Eucgr.F01711.1	6	1,45	0,05	0,04	11,18
		Eucgr.J00618.1	10	52,04	0,70	0,01	400,34
PtHsp60-22	6	Eucgr.C03295.1	3	12,94	0,14	0,01	99,53
PtHsp60-23	8	Eucgr.G02192.1	7	1,46	0,27	0,18	11,23
PtHsp60-24	8	Eucgr.B02909.1	2	4,23	0,13	0,03	32,54
		Eucgr.B03754.1	2	1,53	0,14	0,09	11,75
PtHsp60-25	8	Eucgr.B03239.2	2	1,61	0,05	0,03	12,40
PtHsp60-26	9	Eucgr.B02532.1	2	1,37	0,04	0,03	10,51
PtHsp60-27	9	Eucgr.B03754.1	2	1,37	0,08	0,06	10,56
PtHsp60-28	9	Eucgr.J00618.1	10	1,47	0,03	0,02	11,34
PtHsp60-29	10	Eucgr.C03525.1	3	0,79	0,29	0,37	6,05
		Eucgr.B03944.1	2	1,66	1,15	0,70	12,74
PtHsp60-30	10	Eucgr.B03239.1	2	1,51	0,07	0,05	11,58
PtHsp60-31	10	Eucgr.B02909.1	2	4,74	0,13	0,03	36,47
		Eucgr.B03754.1	2	1,77	0,15	0,08	13,59
PtHsp60-32	10	Eucgr.G02192.1	7	1,48	0,26	0,18	11,40
		Eucgr.J02598.1	10	17,85	0,48	0,03	137,29
PtHsp60-33	10	Eucgr.G02400.1	7	1,52	0,14	0,09	11,73
		Eucgr.B03593.1	2	13,22	0,25	0,02	101,65
PtHsp60-34	12	Eucgr.K02244.1	11	3,13	0,05	0,02	24,04
PtHsp60-35	13	Eucgr.A02095.1	1	1,40	0,08	0,05	10,76

EK 16'nın devamı; *(Eucalytus grandis)*

PtHsp60-36	13	Eucgr.F02638.1	6	1,58	0,40	0,25	12,18
PtHsp60-37	14	Eucgr.D01184.1	4	1,29	0,16	0,12	9,92
PtHsp60-38	14	Eucgr.I00662.1	9	1,24	0,04	0,04	9,56
PtHsp60-39	15	Eucgr.K02244.1	11	2,31	0,05	0,02	17,80
PtHsp60-40	15	Eucgr.D00059.1	4	1,35	0,15	0,11	10,38
		Eucgr.B02532.1	2	14,51	0,29	0,02	111,60
PtHsp60-41	15	Eucgr.D00059.1	4	1,23	0,13	0,10	9,45
		Eucgr.B02532.1	2	8,77	0,27	0,03	67,43
PtHsp60-42	15	Eucgr.D00059.1	4	1,37	0,16	0,12	10,53
		Eucgr.B02532.1	2	17,84	0,29	0,02	137,26
PtHsp60-43	17	Eucgr.F02483.1	6	1,64	0,05	0,03	12,59
PtHsp60-44	18	Eucgr.C03295.1	3	12,49	0,13	0,01	96,10
PtHsp60-45	18	Eucgr.E02761.1	5	1,83	0,04	0,02	14,07
PtHsp60-46	19	Eucgr.A02095.1	1	1,91	0,08	0,04	14,66
PtHsp60-47	19	Eucgr.F02638.1	6	1,59	0,39	0,24	12,27
PtHsp60-48	scaffold_42	Eucgr.E02761.1	5	1,55	0,05	0,03	11,92
PtHsp60-49	scaffold_480	Eucgr.F02483.1	6	1,65	0,05	0,03	12,66
Ortalama				**7,22**	**0,21**	**0,07**	**55,50**

EK 17 *PtHsp70* genlerinin Tandem duplikasyonları ve birbirlerinden ayrılma oranları

Kromozom	Gen Adı	Duplikasyon	Uzaklık (kb)	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
1	PtHsp70-01	PtHsp70-03	3.822.367	0.2792	0.0049	0.02	2,1
1	PtHsp70-02	PtHsp70-03	3.818.418	0.2739	0.0057	0.02	2,1
1	PtHsp70-06	PtHsp70-03	22.256.092	0.44	0.0084	0.02	3,4
3	PtHsp70-09	PtHsp70-12	15.478.486	0.5	0.0099	0.02	3,8
3	PtHsp70-12	PtHsp70-13	3.024.341	0.3083	0.0066	0.02	2,4
8	PtHsp70-16	PtHsp70-17	30.812	0.0204	0.0615	0.03	0.2
8	PtHsp70-16	PtHsp70-19	46.859	0.1649	0.1231	0.75	1,3
10	PtHsp70-23	PtHsp70-25	10.431	0.0197	0.0324	0.76	0.2
10	PtHsp70-23	PtHsp70-26	50.823	0.0288	0.0301	0.77	0.2
10	PtHsp70-24	PtHsp70-23	0	0.0147	0.0302	0.78	0.1
10	PtHsp70-24	PtHsp70-25	10.431	0.0197	0.0491	0.79	0.2
10	PtHsp70-24	PtHsp70-26	50.823	0.0275	0.0331	0.80	0.2
10	PtHsp70-25	PtHsp70-26	40.392	0.022	0.0343	0.81	0.2
Ortalama				**0.16**	**0.03**	**1,07**	**1,25**

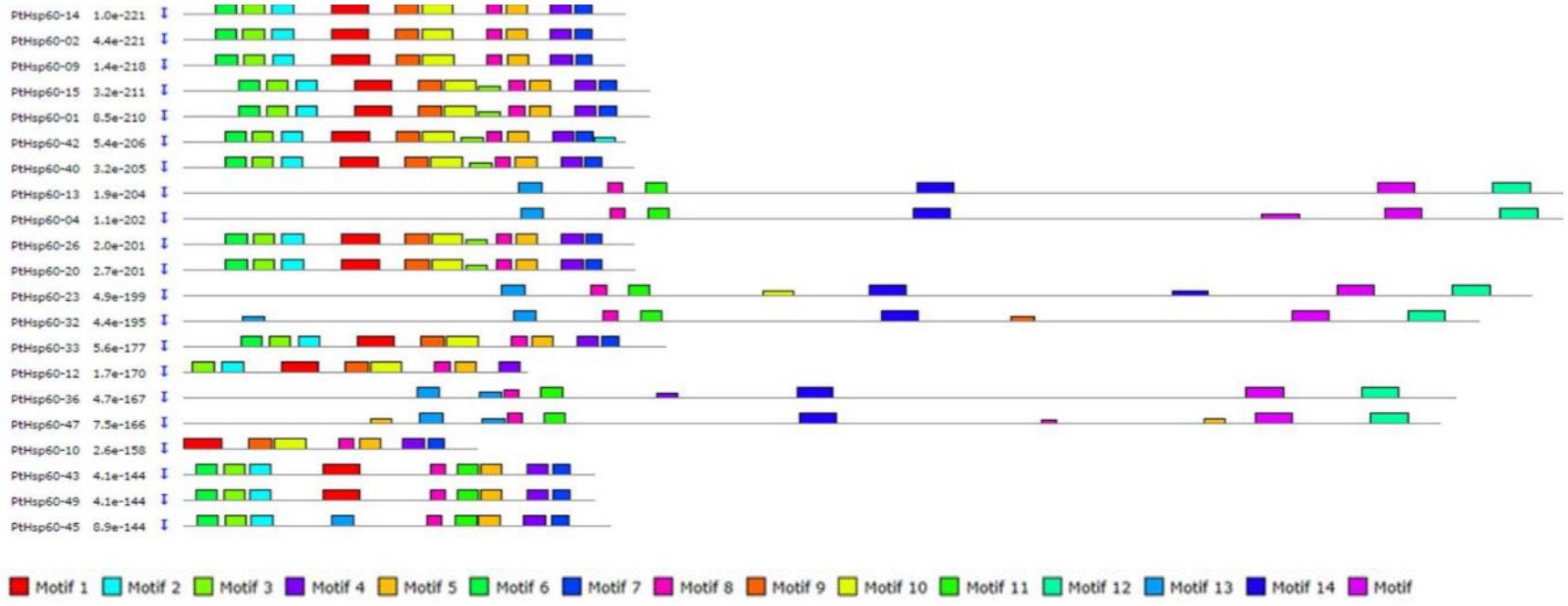
EK 18 *PtHsp70* genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları

Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
PtHsp70-01	3098600-3100784	1	PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	0	0,0525	0,1401	2,9
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	8	0,0763	0,0092	61,5
			PtHsp70-19	3236615-3238878	Chr08	10	0,2166	0,0214	77,8
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	9	0,0783	0,0083	72,3
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	8	0,0762	0,0092	63,5
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	6	0,2842	0,0455	48,1
PtHsp70-02	3102549-3104642	1	PtHsp70-09	522434-526644	Chr03	5	0,514	0,0096	41,2
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	1	0,0783	0,1078	5,6
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	12	0,0869	0,0075	89,3
			PtHsp70-19	3236615-3238878	Chr08	13	0,2219	0,0167	102,5
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	6	0,0874	0,0153	46,2
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	9	0,0868	0,0099	67,7
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	4	0,2854	0,0649	33,8
PtHsp70-03	6920967-6924312	1	PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	0	0,0122	0,0381	2,5
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	58	0,3068	0,0053	449,5
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	55	0,281	0,0051	426,7
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	55	0,2802	0,0051	419,3
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	54	0,2860	0,0053	416,1
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	15	0,0492	0,0338	112,0
			PtHsp70-29	1178017-1181121	Chr13	7	0,1233	0,0186	50,9
PtHsp70-04	15589912-15595439	1	PtHsp70-11	8248685-8254158	Chr03	0	0,0394	0,1586	1,9
			PtHsp70-27	16158448-16163780	Chr11	12	0,3687	0,03	94,5
PtHsp70-06	29177059-29180511	1	PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	54	0,4480	0,0083	415,2
			PtHsp70-20	7632192-7635660	Chr08	0	0,0265	0,092	2,2
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	53	0,4386	0,0083	406,6
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	54	0,4692	0,0087	415,0
			PtHsp70-29	1178017-1181121	Chr13	53	0,4792	0,009	407,5
PtHsp70-09	522434-526644	3	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	52	0,5084	0,0098	397,8
			PtHsp70-06	29177059-29180511	Chr01	50	0,423	0,0085	382,0
			PtHsp70-20	7632192-7635660	Chr09	50	0,4339	0,0087	384,6
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	52	0,5255	0,0102	398,0
			PtHsp70-29	1178017-1181121	Chr13	52	0,5396	0,0104	399,2
PtHsp70-11	8248685-8254158	3	PtHsp70-04	15589912-15595439	Chr01	0	0,0394	0,1586	1,9
			PtHsp70-14	3220568-3223132	Chr04	11	0,3768	0,0346	83,8
			PtHsp70-27	16158448-16163780	Chr11	13	0,3617	0,0279	99,6
PtHsp70-12	16000920-16004484	3	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	0	0,0122	0,0381	2,5
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	57	0,2818	0,005	437,5
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	57	0,2788	0,0049	440,0
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	56	0,2827	0,005	434,6
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	56	0,2839	0,0051	430,1
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	55	0,2871	0,0052	422,3
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	1	0,0542	0,0403	10,3
			PtHsp70-29	1178017-1181121	Chr13	8	0,1228	0,0162	58,3
PtHsp70-13	19025261-19027423	3	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	58	0,3068	0,0053	446,2
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	12	0,1095	0,0089	92,3
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	7	0,1163	0,0157	56,8
			PtHsp70-19	3236615-3238878	Chr08	11	0,2471	0,022	86,4
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	10	0,1136	0,0111	78,8
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	8	0,1096	0,0141	59,9
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	8	0,1071	0,0134	61,3
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	10	0,3115	0,0327	73,3
PtHsp70-14	1118346-1123819	4	PtHsp70-04	15589912-15595439	Chr01	13	0,3809	0,0294	99,6
			PtHsp70-11	8248685-8254158	Chr03	11	0,3768	0,0346	83,7
			PtHsp70-27	16158448-16163780	Chr11	2	0,2231	0,1177	14,6
PtHsp70-15	1560362-1567426	6	PtHsp70-33	1078329-1085012	Chr16	53	0,9249	0,0174	407,7
PtHsp70-16	3189756-3192879	8	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	56	0,2811	0,005	430,4
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	57	0,282	0,005	437,5
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	12	0,1095	0,0089	94,5
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	0	0,0232	0,0512	3,5
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	1	0,023	0,0349	5,1
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	1	0,0179	0,0314	4,4

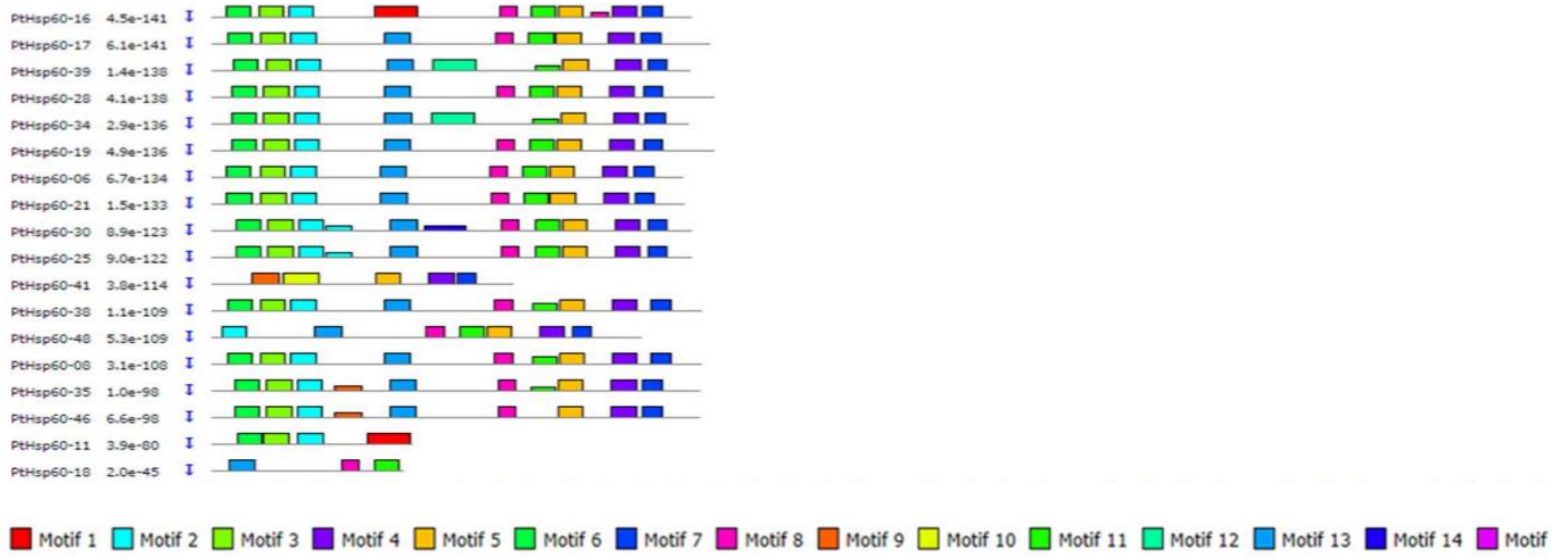
EK 18'in devamı;

PtHsp70-17	3220568-3223132	8	PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	57	0,2788	0,0049	440,2
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	7	0,1163	0,0157	56,8
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	1	0,0128	0,0249	3,9
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	1	0,0289	0,0354	6,3
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	46	0,2937	0,0064	351,3
PtHsp70-19	3236615-3238878	8	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	26	0,3615	0,0138	201,6
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	22	0,3541	0,0161	168,8
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	11	0,2471	0,022	86,5
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	1	0,1686	0,1475	8,8
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	1	0,1752	0,1635	8,3
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	1	0,1727	0,1553	8,6
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	20	0,359	0,0177	156,0
PtHsp70-20	7632192-7635660	9	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	55	0,4537	0,0083	421,0
			PtHsp70-06	29177059-29180511	Chr01	0	0,0265	0,092	2,2
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	55	0,457	0,0083	425,6
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	47	0,4776	0,0102	358,5
			PtHsp70-29	1178017-1181121	Chr13	47	0,4850	0,0103	362,0
PtHsp70-23	19646950-19649921	10	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	55	0,2808	0,0051	426,6
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	57	0,2825	0,005	434,7
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	0	0,0232	0,0512	3,5
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	0	0,0197	0,0647	2,3
			PtHsp70-19	3236615-3238878	Chr08	1	0,1686	0,1475	8,8
PtHsp70-24	19646950-19649921	10	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	55	0,2759	0,005	425,3
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	56	0,2779	0,0049	434,5
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	11	0,1119	0,0106	81,2
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	1	0,0227	0,0275	6,3
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	1	0,0193	0,0267	5,5
			PtHsp70-19	3236615-3238878	Chr08	1	0,1606	0,1229	10,1
PtHsp70-25	19657381-19660151	10	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	55	0,2802	0,0051	419,3
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	56	0,2839	0,0051	430,3
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	8	0,1096	0,0141	59,9
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	1	0,023	0,0349	5,1
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	1	0,0128	0,0249	3,9
			PtHsp70-19	3236615-3238878	Chr08	1	0,1752	0,1635	8,2
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	22	0,298	0,0134	171,6
PtHsp70-26	19697773-19700832	10	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	54	0,2863	0,0053	416,1
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	55	0,2871	0,0052	422,3
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	8	0,1071	0,0134	61,3
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	1	0,0179	0,0314	4,4
			PtHsp70-19	3236615-3238878	Chr08	1	0,1727	0,1553	8,6
PtHsp70-27	16158448-16163780	11	PtHsp70-04	15589912-15595439	Chr01	13	0,3731	0,0295	97,1
			PtHsp70-11	8248685-8254158	Chr03	13	0,3617	0,028	99,5
			PtHsp70-14	1118346-1123819	Chr04	2	0,2231	0,1177	14,6
PtHsp70-28	1650883-1654098	12	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	1	0,0492	0,0338	11,2
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	1	0,0542	0,0403	10,3
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	10	0,3116	0,0327	73,8
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	51	0,2943	0,0057	393,1
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	43	0,2935	0,0069	327,2
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	26	0,2947	0,0114	198,2
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	22	0,2979	0,0133	172,6
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	51	0,2976	0,0058	391,5
			PtHsp70-29	1178017-1181121	Chr13	6	0,1294	0,0199	49,9
PtHsp70-29	1178017-1181121	13	PtHsp70-03	6920967-6924312	Chr01	7	0,1233	0,0186	51,0
			PtHsp70-12	16000920-16004484	Chr03	8	0,1228	0,0162	58,3
			PtHsp70-13	19025261-19027423	Chr03	5	0,3211	0,0602	41,1
			PtHsp70-16	3189756-3192879	Chr08	15	0,3086	0,0202	117,5
			PtHsp70-17	3220568-3223132	Chr08	20	0,2948	0,0151	150,6
			PtHsp70-23	19646950-19649921	Chr10	16	0,3117	0,0199	120,6
			PtHsp70-25	19657381-19660151	Chr10	13	0,3	0,0232	99,3
			PtHsp70-26	19697773-19700832	Chr10	13	0,3157	0,0251	96,9
			PtHsp70-28	1650883-1654098	Chr12	7	0,1294	0,0198	50,3
PtHsp70-33	1078329-1085012	16	PtHsp70-15	1560362-1567426	Chr06	0	0,0588	0,1682	2,7
Ortalama						**21,98**	**0,22**	**0,03**	**169,06**

EK 19 ***PtHsp70*** **genlerine ait motif gösterimleri**



EK 19'un devamı; ***PtHsp70*** **genlerine ait motif gösterimleri**



EK 20 PtHsp70 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu (Biyolojik Fonksiyon)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Biyolojik Fonksiyonu
PtHsp70-01	0,00E+00	96.05%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-02	0,00E+00	95.45%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-03	0,00E+00	96.95%	oksidasyon indirgeme süreci, ER'ye bağlı protein katabolik süreç, polar çekirdek füzyonu, ısıyı tepki
PtHsp70-04	0,00E+00	90.4%	protein katlanması, kadmiyum iyonuna tepki, ısıya tepki, oksidasyon-indirgeme işlemi
PtHsp70-05	3,20E-171	84.25%	virüse cevap, protein katlama, tuz stresi tepkisi, ısıyı tepki, trikarboksilik asit döngüsü, kadmiyum iyonuna tepki
PtHsp70-06	0,00E+00	94.1%	oksidasyon-indirgeme süreci, endoplazmik retikulum stresine yanıt, protein katlanması, tuz stresi cevabı, D-laktata metilglikoksal katabolik süreç, ısıya cevap, kadmiyum iyonuna tepki, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi
PtHsp70-08	7,90E-115	60.1%	strese tepki
PtHsp70-09	0,00E+00	92.4%	protein katlama, strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-10	0,00E+00	93.0%	protein katlama, strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-11	0,00E+00	90.2%	protein katlanması, kadmiyum iyonuna tepki, ısıya tepki, oksidasyon-indirgeme işlemi
PtHsp70-12	0,00E+00	97.4%	oksidasyon indirgeme süreci, ER'ye bağlı protein katabolik süreç, polar çekirdek füzyonu, ısıyı tepki
PtHsp70-13	0,00E+00	91.1%	oksidasyon-redüksiyon süreci, endoplazmik retikulum stresine cevap, protein katlanması, ısı iklimlendirmesi, yüksek ışık yoğunluğuna yanıt, hidrojen peroksit cevabı
PtHsp70-14	0,00E+00	80.0%	protein katlama, oksidasyon-indirgeme süreci
PtHsp70-15	0,00E+00	87.8%	oksidasyon indirgeme süreci, endoplazmik retikulum stresine cevap, protein katlanması, selüloz biyosentetik süreci, oligopeptit taşınımı, ısıya yanıt, sistemik edinilmiş direnç, Golgi vezikül taşınması, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi,
PtHsp70-16	0,00E+00	97.6%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-17	0,00E+00	98.15%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-19	0,00E+00	85.55%	strese tepki
PtHsp70-20	0,00E+00	95.0%	virüse tepki, oksidasyon-indirgeme süreci, protein katlanması, tuz stresi tepkisi, ısıya tepki, kadmiyum iyonuna tepki
PtHsp70-21	0,00E+00	90.1%	protein katlanma, yüksek ışık yoğunluğuna yanıt, ısı uyumu, hidrojen peroksit tepkisi, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-22	1,70E-65	79.85%	strese tepki
PtHsp70-23	0,00E+00	97.65%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-24	0,00E+00	98.05%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-25	0,00E+00	96.95%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-26	0,00E+00	97.55%	strese tepki, oksidasyon indirgeme süreci
PtHsp70-27	0,00E+00	82.9%	protein katlama, oksidasyon-indirgeme süreci
PtHsp70-28	0,00E+00	95.7%	oksidasyon indirgeme süreci, ER'ye bağlı protein katabolik süreç, polar çekirdek füzyonu, ısıyı tepki
PtHsp70-29	0,00E+00	91.95%	oksidasyon-indirgeme süreci, endoplazmik retikulum stresine cevap, protein katlanması, ısıya tepki, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit yanıt
PtHsp70-30	4,90E-66	62.7%	ısıya cevap, ER lümeninde protein tutulumu, kadmiyum iyonuna cevap, hücresel metabolik süreç
PtHsp70-31	4,20E-91	67.32%	strese cevap, bakteri cevabı, hidrojen peroksit tepkisi, virüse yanıt, yüksek ışık yoğunluğuna yanıt, protein ubikitürasyon, kadmiyum iyonuna tepki, sıcaklık uyarısına tepki, ısıyı tepki, protein katlama, endoplazmik retikulum stresine yanıt
PtHsp70-32	0,00E+00	82.15%	virüse cevap, protein katlama, tuz stresi tepkisi, ısıyı tepki, trikarboksilik asit döngüsü, kadmiyum iyonuna tepki
PtHsp70-33	0,00E+00	87.2%	oksidasyon-indirgeme süreci, endoplazmik retikulum stresine yanıt, protein katlanması, selüloz biyosentetik süreci, oligopeptit taşınımı, ısıya yanıt, sistemik edinilmiş direnç, Golgi vezikül taşınması, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit yanıt
PtHsp70-34	0,00E+00	78.55%	protein katlama, strese cevap

EK 20’nin devamı; (Moleküler Fonksiyon)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Moleküler Fonksiyonu
PtHsp70-01	0,00E+00	96.05%	2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, ATP'ye bağlanma
PtHsp70-02	0,00E+00	95.45%	2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, ATP'ye bağlanma
PtHsp70-03	0,00E+00	96.95%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-04	0,00E+00	90.4%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-05	3,20E-171	84.25%	elektron taşıyıcı aktivitesi, ATP bağlanma, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, açılmış protein bağlama, süksinat dehidrojenaz aktivitesi
PtHsp70-06	0,00E+00	94.1%	ATP bağlanma, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, açılmış protein bağlanması
PtHsp70-07	0,00E+00	68.35%	protein bağlama
PtHsp70-08	7,90E-115	60.1%	ATP bağlanması,
PtHsp70-09	0,00E+00	92.4%	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-10	0,00E+00	93.0%	ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-11	0,00E+00	90.2%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-12	0,00E+00	97.4%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-13	0,00E+00	91.1%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-14	0,00E+00	80.0%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-15	0,00E+00	87.8%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-16	0,00E+00	97.6%	2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, ATP'ye bağlanma
PtHsp70-17	0,00E+00	98.15%	2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, ATP'ye bağlanma
PtHsp70-18	0,00E+00	55.15%	ATP bağlayıcı
PtHsp70-19	0,00E+00	85.55%	ATP bağlayıcı
PtHsp70-20	0,00E+00	95.0%	ATP bağlanma, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi, açılmış protein bağlanması
PtHsp70-21	0,00E+00	90.1%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-22	1,70E-65	79.85%	ATP bağlayıcı
PtHsp70-23	0,00E+00	97.65%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-24	0,00E+00	98.05%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-25	0,00E+00	96.95%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-26	0,00E+00	97.55%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-27	0,00E+00	82.9%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-28	0,00E+00	95.7%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-29	0,00E+00	91.95%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-30	4,90E-66	62.7%	KDEL dizi bağlama, nükleotid bağlama
PtHsp70-31	4,20E-91	67.32%	ATP bağlama, ubiquitin protein ligaz bağlama, nükleotid bağlama
PtHsp70-32	0,00E+00	82.15%	elektron taşıyıcı aktivitesi, ATP bağlanması, katlanmamış protein bağlanması, süksinat dehidrojenaz aktivitesi
PtHsp70-33	0,00E+00	87.2%	ATP bağlanması, 2-alkenal redüktaz [NAD (P)] aktivitesi
PtHsp70-34	0,00E+00	78.55%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama

EK 20’nin devamı; (Hücresel Yerleşim)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Hücresel Yerleşimi
PtHsp70-03	0,00E+00	96.95%	hücre duvarı, endoplazmik retikulum lümen, kloroplast, vakuol, plazma zar
PtHsp70-04	0,00E+00	90.4%	plazma modeli, plazma membranı, hücre duvarı, çekirdek, sitozol
PtHsp70-05	3,20E-171	84.25%	hücre duvarı, mitokondriyum, kloroplast, süksinat dehidrogenaz kompleksi, plazma membranı
PtHsp70-06	0,00E+00	94.1%	hücre duvarı, vakuoler membran, mitokondriyal matris, kloroplast, Golgi
PtHsp70-11	0,00E+00	90.2%	plazma modeli, plazma membranı, hücre duvarı, çekirdek, sitozol
PtHsp70-12	0,00E+00	97.4%	hücre duvarı, endoplazmik retikulum lümen, kloroplast, vakuol, plazma zar
PtHsp70-13	0,00E+00	91.1%	sitozol, hücre duvarı, kloroplast, plazma membranı
PtHsp70-14	0,00E+00	80.0%	çekirdek
PtHsp70-15	0,00E+00	87.8%	sitozol, vakuoler membran, kloroplast, Golgi aparatı, endoplazmik retikulum, plazma zar
PtHsp70-20	0,00E+00	95.0%	hücre duvarı, mitokondriyum, kloroplast, plazma membranı
PtHsp70-21	0,00E+00	90.1%	sitoplazma
PtHsp70-28	0,00E+00	95.7%	hücre duvarı, endoplazmik retikulum lümen, kloroplast, vakuol, plazma zar
PtHsp70-29	0,00E+00	91.95%	endoplazmik retikulum lümeni
PtHsp70-30	4,90E-66	62.7%	kloroplast zarf, cis-Golgi ağı, Golgi aparatı, endoplazmik retikulum
PtHsp70-31	4,20E-91	67.32%	apoplast, vakuoler membran, hücre duvarı, mitokondrion, Golgi aparatı, sitozol, plazma zar
PtHsp70-32	0,00E+00	82.15%	hücre duvarı, mitokondriyum, kloroplast, süksinat dehidrogenaz kompleksi, plazma membranı
PtHsp70-33	0,00E+00	87.2%	sitozol, vakuoler membran, kloroplast, Golgi aparatı, endoplazmik retikulum, plazma zar

EK 21 *PtHsp70* genlerine ait hedef miRNA tablosu

miRNA ismi	Hedef Gen Adı	Beklenti değeri	UPE	miRNA_dizisi	Hedef_dizi
Arabidopsis lyrata					
aly-miR160c-3p	PtHsp70-27	3.0	16.907	GCGUACAAGGAGCCAAGCAUG	UAUGCUUUGCUCCUUGUGCAC
aly-miR390a-5p, aly-miR390b-5p	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
aly-miR399b-5p	PtHsp70-04	3.0	24.494	GGGCGCCUCUCCAUUGGCAG	CUGCCAGUGGCGAGGUGCCA
aly-miR838-3p	PtHsp70-15	3.0	25,08	UUUUCUUCUUCUUCUUGCACA	UGUGCAA-AGGAAGAGGAAAA
aly-miR3445-3p.2	PtHsp70-14	3.0	19.371	CUUGAUAGUGAGAAAGACCCA	UGGGUCUCUCUCAUUGUCAAA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR390a, ath-miR390b	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
ath-miR414	PtHsp70-04	3.0	16.444	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	UAUGAGGAUGGUGAAGAUGA
ath-miR414	PtHsp70-11	3.0	16.722	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	UAUGAAGAUGGUGAAGAUGA
ath-miR426	PtHsp70-14	2.0	14,14	UUUUGGAAAUUUGUCCUUAC	GAAAGGAAAAAUUUUCAAAA
ath-miR823	PtHsp70-27	3.0	12.925	UGGGUGGUGAUCAUAUAAGAU	GUAUUAUAUAAUUACCACUCA
ath-miR855	PtHsp70-28	2.0	14.213	AGCAAAAGCUAAGGAAAAGGA	UCCUUUUCCUUUGUUUUUGUU
ath-miR870	PtHsp70-28	2.0	15.227	UAAUUUGGUGUUUCUUCGAUC	GAUUGGAGAAACACCAGAUUG
ath-miR5013	PtHsp70-08	3.0	15.922	UUUGUGACAUCUAGGUGCUU	AGGCAUCUAUAUGUUACAGA
ath-miR5021	PtHsp70-33	3.0	17.076	UGAGAAGAAGAAGAAGAAAA	UUUUCUUUUUCUUUUUUUUU
ath-miR5021	PtHsp70-07	3.0	11,08	UGAGAAGAAGAAGAAGAAAA	UUCUUUUCUUUUUCUUUUUA
ath-miR156i	PtHsp70-14	3.0	17.735	UGACAGAAGAGAGAGAGCAG	UUGCGUUCUCUUUUCUGUUA
ath-miR5656	PtHsp70-24	3.0	14.998	ACUGAAGUAGAGAUUGGGUU	AAUCUGAUCGCUGCUUCAGU
ath-miR5997	PtHsp70-21	2.0	17.194	UGAAACCAAGUAGCUAAAUAG	UUCUUUAUCUAUUUGGUUUCA
Brachypodium distachyon					
bdi-miR5059	PtHsp70-26	2.0	23.461	CGGCCUGGGCAGCACCACCA	UGGUGCUGCUGUCCAGGCUG
bdi-miR5059	PtHsp70-23	2.0	23.153	CGGCCUGGGCAGCACCACCA	UGGUGCUGCUGUUCAGGCUG
bdi-miR1878-3p	PtHsp70-32	3.0	15.775	AUUUGUAGUGUUCAGAUUGA	UUGAUCUGGGUACUGCAAAU
bdi-miR390a-5p	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
bdi-miR7721-3p	PtHsp70-07	3.0	22.405	AAAGUUUGGCAUAGAAUUCA	UGAACUCUGUGGCAAGCUUU
bdi-miR7774-3p	PtHsp70-33	3.0	10.865	GAGCGAACGUUAAAUUCCGUG	CAUGGAAUUUAGUUUUUGCUC
Brassica napus					
bna-miR390a, bna-miR390b, bna-miR390c	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Carica papaya					
cpa-miR390a, cpa-miR390b	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Citrus sinensis					
csi-miR390	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Cucumis melo					

EK 21'in devamı;

miR390a, cme-miR390c	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Glycine max					
gma-miR390a-5p, gma-miR390b-	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
gma-miR1521a	PtHsp70-32	3.0	17.849	CUGUUAAUGGAAAAUGUUGA	UCAACAUUUUCCAUUGUCAA
gma-miR1530	PtHsp70-32	3.0	23.891	UUUUCACAUAAAUUAAAAUA	UGUUUUAAUUUAUCUGGAAG
gma-miR396f	PtHsp70-27	3.0	18.458	AGCUUUCUUGAACUUCUUAUG	UGUGAGAAGUUGAAGAAGGUU
gma-miR5041	PtHsp70-04	3.0	17.206	UUUCAUCUUCAACUUGCUCA	UGAGGAUGGUGAAGAUGAAA
gma-miR5762	PtHsp70-33	3.0	18.469	UCAUAGGAGGAAUCAACUGG	UCAGUUGAAUCCCUCUAUGA
gma-miR5762	PtHsp70-15	3.0	12.087	UCAUAGGAGGAAUCAACUGG	UCAGUUGAAUCCCUCUAUGA
gma-miR390d, gma-miR390f, gma-miR390g	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCAC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Gossypium hirsutum					
ghr-miR390a, ghr-miR390b, ghr-miR390c	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Helianthus exilis					
hex-miR390a, hex-miR390b	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Hevea brasiliensis					
hbr-miR6170	PtHsp70-04	3.0	14.734	CAAGAAACAGAAGAGAGGGAU	GUACCUUUCUUCUUUUUUUUG
Lotus japonicus					
lja-miR390a-5p, lja-miR390b-5p	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
lja-miR397	PtHsp70-03	3.0	22.141	UAUUGAGUGCAGCGUUGAUG	CAUCAUUGCUGGACUCAAUG
lja-miR7520	PtHsp70-18	3.0	15.687	GAGGGGGAAGGUGAUGACAUC	GAUGUCUUCACUUUUUCUCUC
Malus domestica					
mdm-miR390a, mdm-miR390b, mdm-	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Medicago truncatula					
mtr-miR156c-3p	PtHsp70-12	3.0	22.766	UGCUUACUCUCUAUCUGUCA	AGACAGACAGAGAGUAGGCG
mtr-miR390	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
mtr-miR5265	PtHsp70-21	2.0	15.228	AAGUGAUGUUGGAAUGGUUA	UAACCAUUCCAGUGUCAUUU
mtr-miR5289a, mtr-miR5289b	PtHsp70-28	3.0	11.669	CGAGGAAAACUGAAAACUUC	UAAGUGUUCAGUUUUUCUUG
mtr-miR5748	PtHsp70-14	3.0	20.95	ACAAAGACAUUGGAAGGCUUA	UUGGCUGUCCAAUGUCUUUGU
mtr-miR7701-5p	PtHsp70-19	2.0	15.087	AUUAAAUGAA-UGAAUCUAAAA	UUUUAGAUUUAGUUCAUUUAAU
Nicotiana tabacum					
nta-miR6020b	PtHsp70-07	3.0	18.765	AAAUGUUCUUCGAGUAUCUU	AAGCUACUUGAAGAACAUGU
nta-miR390a, nta-miR390b	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCAC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
nta-miR390c	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
nta-miR397	PtHsp70-03	3.0	22.243	AUUGAGUGCAGCGUUGAUGU	GCAUCAUUGCUGGACUCAAU
Oryza sativa					
osa-miR414	PtHsp70-33	3.0	12.088	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAGGAUGAGGAUGAGGGUGG

EK 21'in devamı;

osa-miR426	PtHsp70-14	3.0	14.14	UUUUGGAAGUUUGUCCUUAC	GAAAGGAAAAAUUUUCAAAA
osa-miR390-5p	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
osa-miR2100-5p	PtHsp70-24	3.0	17.102	UUCUCUCAAGUUGCCAAACA	UGUUUGGCAACAUGAUAGAG
osa-miR2928	PtHsp70-19	3.0	22.208	AAGAAGACGACAUUUUGUUG	CAACAGAAUGACGCCUUCUU
Physcomitrella patens					
ppt-miR390a, ppt-miR390b	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Populus trichocarpa					
ptc-miR390a, ptc-miR390b, ptc-miR390d-	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
ptc-miR6444	PtHsp70-33	3.0	14.54	UAGGAAAAUUAGAGAUUAUG	CAUUAUCUUUAAUUUUUCUC
ptc-miR6444	PtHsp70-15	3.0	14.113	UAGGAAAAUUAGAGAUUAUG	CAUUAUCUUUAAUUUUCUUC
ptc-miR6445a	PtHsp70-18	3.0	13.143	UUCAUUCCUCUUCCUAAAAU	AAUUUAGGAAGAGGAAUAAG
ptc-miR6448	PtHsp70-14	3.0	8.254	UAGGCACAGAAUUAACAAGG	UUUUGUUCAUUUUGUGCUUA
ptc-miR6445b	PtHsp70-18	3.0	13.143	UUCAUUCCUCUUCCUAAAAU	AAUUUAGGAAGAGGAAUAAG
Ricinus communis					
rco-miR390a, rco-miR390b	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Selaginella moellendorffii					
smo-miR1080	PtHsp70-19	2.0	19.456	UUCACUAUCUGCAAACACCU	AAGUGUUUGCAGCUGGUGAA
Solanum tuberosum					
stu-miR530	PtHsp70-11	3.0	17.881	UCUGCAUUUGCACCUGCACCU	GGGAGGAGAUGCAAAUGCAGA
stu-miR390-5p	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCAC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Sorghum bicolor					
sbi-miR390	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
sbi-miR821b	PtHsp70-07	3.0	10.622	AAGUUAUGAACAUAAAAGUU	UACUUCUAUGUUUGUAACUU
sbi-miR6235-5p	PtHsp70-33	3.0	11.322	UUGUGAGAGAAAAAUACUGUU	AAAAUUAUUUUUUUUUCACAA
Theobroma cacao					
tcc-miR390a, tcc-miR390b	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Triticum aestivum					
tae-miR1136	PtHsp70-14	3.0	21.035	UUGUCGCAGGUAUGGAUGUA	UUCAUCCAUACCUGCGGUAU
Vitis vinifera					
vvi-miR390	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
Zea mays					
zma-miR2275b-3p, zma-miR2275	PtHsp70-16	3.0	16.366	UUCAGUUUCCUCUAAUAUCU	AGAUGGUAGAGGAGGCUGAG
zma-miR2275d-3p	PtHsp70-28	3.0	20.83	UUUGUUUUCCUCUAAUAUCUCA	UGAGAAAGUAGAGGAAAGUAAA
zma-miR390a-5p	PtHsp70-14	3.0	23.497	AAGCUCAGGAGGGAUAGCGC	GGGCUUUCCCUCUUGAGUUU
zma-miR397a-5p	PtHsp70-11	3.0	15.992	UCAUUGAGCGCAGCGUUGAU	AUUGAUGUUGUGCUUAAUGA
zma-miR397a-5p	PtHsp70-04	3.0	17.257	UCAUUGAGCGCAGCGUUGAU	AUUGAUGUUGUGCUUAAUGA

EK 22 Kavak genomunda tanımlanan Hsp70 genlerine ait ortolog gen ilişkiler

(Arabidopsis thaliana)

(PtHsp70) Populus -Arabidopsis							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**MYÖ**
PtHsp70-01	1	AT1G16030.1	1	4.73	0.08	0.02	36.4
PtHsp70-03	1	AT5G42020.1	5	1.50	0.05	0.03	11.6
PtHsp70-04	1	AT1G79920.1	1	2.53	0.12	0.05	19.5
PtHsp70-06	1	AT5G09590.1	5	2.81	0.08	0.03	21.6
PtHsp70-09	3	AT5G49910.1	5	3.07	0.09	0.03	23.6
Ortalama				**2.93**	**0.08**	**0.03**	**22.5**

(Oryza sativa)

(PtHsp70) Populus –Oryza sativa							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**MYÖ**
PtHsp70-01	1	Os03g60620.1	3	10.01	0.08	0.01	77.0
PtHsp70-03	1	Os02g02410.1	2	5.97	0.06	0.01	45.9
PtHsp70-06	1	Os03g02260.1	3	3.06	0.10	0.03	23.5
PtHsp70-09	3	Os12g14070.1	12	6.23	0.10	0.02	47.9
PtHsp70-11	3	Os01g08560.1	1	3.96	0.17	0.04	30.5
Ortalama				**5.85**	**0.1**	**0.02**	**45**

EK 22'in devamı;

(Zea mays)

(PtHsp70) Populus –Zea mays							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**MYÖ**
PtHsp70-01	1	GRMZM2G066902_T01	2	17.33	0.22	0.01	133.3
PtHsp70-02	1	AC211651.4_FGT001	7	11.74	0.42	0.04	90.3
PtHsp70-06	1	GRMZM2G153815_T01	5	2.96	0.11	0.04	22.8
PtHsp70-09	3	GRMZM2G111475_T01	5	5.11	0.07	0.01	39.3
PtHsp70-16	8	GRMZM2G106429_T01	4	6.85	0.14	0.02	52.7
Ortalama				**8.8**	**0.19**	**0.02**	**67.7**

(Vitis vinifera)

(PtHsp70) Populus –Vitis vinifera							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**MYÖ**
PtHsp70-03	1	GSVIVT01019607001	2	0.98	0.03	0.03	7.6
PtHsp70-06	1	GSVIVT01038517001	3	0.98	0.06	0.06	7.6
PtHsp70-09	3	GSVIVT01026014001	18	1.93	0.05	0.02	14.9
PtHsp70-11	3	GSVIVT01017110001	9	1.37	0.10	0.07	10.6
PtHsp70-15	6	GSVIVT01035736001	4	1.42	0.17	0.12	10.9
PtHsp70-21	10	GSVIVT01017960001	5	1.04	0.13	0.13	8.0
PtHsp70-33	16	GSVIVT01034195001	9	1.18	0.13	0.11	9.1
Ortalama				**1.27**	**0.1**	**0.08**	**9.8**

EK 23 *PtHsp90* genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları

Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
PtHsp90-01	29295547-29298729	1	PtHsp90-05	6143799-6146941	4	37,7979	0,0783	0,0021	290,8
			PtHsp90-06	24712685-24717968	5	42,1566	0,4215	0,0100	324,3
			PtHsp90-07	219117-222439	6	0,2252	0,0096	0,0426	1,7
			PtHsp90-11	167702-171110	16	0,3013	0,0124	0,0412	2,3
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	18,8872	0,0786	0,0042	145,3
PtHsp90-02	49936276-49939430	1	PtHsp90-5	6143799-6146941	4	40,3053	0,0803	0,0020	310,0
			PtHsp90-6	24712685-24717968	5	54,1857	0,4278	0,0079	416,8
			PtHsp90-07	219117-222439	6	1,5861	0,0410	0,0258	12,2
			PtHsp90-11	167702-171110	16	2,3544	0,0370	0,0157	18,1
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	22,3876	0,0774	0,0035	172,2
PtHsp90-04	15137078-15139323	3	PtHsp90-1	29295547-29298729	1	32,1807	0,1407	0,0044	247,5
			PtHsp90-2	49936276-49939430	1	39,3333	0,1386	0,0035	302,6
			PtHsp90-5	6143799-6146941	4	2,8342	0,0915	0,0323	21,8
			PtHsp90-7	219117-222439	6	5,9048	0,1373	0,0233	45,4
			PtHsp90-11	167702-171110	16	35,4488	0,1430	0,0040	272,7
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	2,4875	0,0900	0,0362	19,1
PtHsp90-05	6143799-6146941	4	PtHsp90-1	29295547-29298729	1	43,3378	0,0783	0,0018	333,4
			PtHsp90-2	49936276-49939430	1	48,1544	0,0803	0,0017	370,4
			PtHsp90-7	219117-222439	6	44,6095	0,0833	0,0019	343,2
			PtHsp90-9	15004039-15010595	10	40,5238	0,5137	0,0127	311,7
			PtHsp90-11	167702-171110	16	54,6051	0,0870	0,0016	420,0
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	0,4002	0,0061	0,0152	3,1
PtHsp90-06	24712685-24717968	5	PtHsp90-1	29295547-29298729	1	41,6998	0,4215	0,0101	320,8
			PtHsp90-2	49936276-49939430	1	54,1924	0,4278	0,0079	416,9
			PtHsp90-7	219117-222439	6	36,0853	0,4227	0,0117	277,6
			PtHsp90-11	167702-171110	16	32,0940	0,4145	0,0129	246,9
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	55,0368	0,4283	0,0078	423,4
PtHsp90-07	219117-222439	6	PtHsp90-1	29295547-29298729	1	0,2252	0,0096	0,0426	1,7
			PtHsp90-2	49936276-49939430	1	1,6463	0,0400	0,0243	12,7
			PtHsp90-3	4204372-4210717	3	55,5811	0,9674	0,0174	427,5
			PtHsp90-5	6143799-6146941	4	37,1088	0,0836	0,0023	285,5
			PtHsp90-10	13043761-13049852	14	56,6225	0,5150	0,0091	435,6
			PtHsp90-11	167702-171110	16	0,3628	0,0151	0,0416	2,8
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	21,0550	0,0834	0,0040	162,0
PtHsp90-08	7190800-7197203	8	PtHsp90-2	49936276-49939430	1	16,7819	0,5012	0,0299	129,1
			PtHsp90-5	6143799-6146941	4	30,6161	0,5006	0,0164	235,5
			PtHsp90-10	13043761-13049852	14	5,3078	0,2358	0,0444	40,8
			PtHsp90-11	167702-171110	16	22,6785	0,5016	0,0221	174,5
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	19,8285	0,4959	0,0250	152,5
PtHsp90-09	15004039-15010595	10	PtHsp90-1	29295547-29298729	1	30,2682	0,4937	0,0163	232,8
			PtHsp90-2	49936276-49939430	1	24,4127	0,5017	0,0206	187,8
			PtHsp90-5	6143799-6146941	4	40,5383	0,5137	0,0127	311,8
			PtHsp90-6	24712685-24717968	5	18,3045	0,5479	0,0299	140,8
			PtHsp90-8	7190800-7197203	8	0,2373	0,0283	0,1193	1,8
			PtHsp90-11	167702-171110	16	32,9693	0,4919	0,0149	253,6
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	29,3876	0,5157	0,0175	226,1
PtHsp90-10	13043761-13049852	14	PtHsp90-2	49936276-49939430	1	55,4547	0,5142	0,0093	426,6
			PtHsp90-5	6143799-6146941	4	56,0412	0,5146	0,0092	431,1
			PtHsp90-6	24712685-24717968	5	54,8964	0,5691	0,0104	422,3
			PtHsp90-8	7190800-7197203	8	5,3091	0,2358	0,0444	40,8
			PtHsp90-9	15004039-15010595	10	12,4254	0,2511	0,0202	95,6
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	56,5755	0,5123	0,0091	435,2
PtHsp90-11	167702-171110	16	PtHsp90-1	29295547-29298729	1	0,3013	0,0124	0,0412	2,3
			PtHsp90-2	49936276-49939430	1	2,3543	0,0370	0,0157	18,1
			PtHsp90-5	6143799-6146941	4	48,1566	0,0871	0,0018	370,4
			PtHsp90-6	24712685-24717968	5	31,6023	0,4145	0,0131	243,1
			PtHsp90-7	219117-222439	6	0,3628	0,0151	0,0416	2,8
			PtHsp90-12	15369800-15373207	17	24,6888	0,0854	0,0035	189,9
PtHsp90-12	15369800-15373207	17	PtHsp90-1	29295547-29298729	1	20,3248	0,0785	0,0039	156,3
			PtHsp90-2	49936276-49939430	1	23,5175	0,0773	0,0033	180,9
			PtHsp90-5	6143799-6146941	4	0,4002	0,0061	0,0152	3,1
			PtHsp90-7	219117-222439	6	20,6986	0,0835	0,0040	159,2
			PtHsp90-10	13043761-13049852	14	56,5799	0,5123	0,0091	435,2
			PtHsp90-11	167702-171110	16	24,9722	0,0853	0,0034	192,1
Ortalama						**26,9955**	**0,2516**	**0,0174**	**207,7**

EK 24 PtHsp90 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Biyolojik Fonksiyonu
PtHsp90-01	0.0E0	95.65%	protein katlama, strese cevap
PtHsp90-02	0.0E0	98.05%	protein katlama, strese cevap
PtHsp90-03	7.1E-12	99.85%	tuz stresi, Golgi organizasyonu, meristem yapısal organizasyonunun düzenlenmesi, su yoksunluğuna tepki, su taşınması, ısıya yanıt, meristem büyümesinin düzenlenmesi, glikoneogenesis, glikolitik süreç, yüksek ışık yoğunluğuna tepki, hidrojen peroksit tepkisi, protein katlama, protein salınımı, N-terminal protein miristoylasyon, hiperozmotik cevap, endoplazmik retikulum stresine yanıt
PtHsp90-04	0.0E0	87.1%	protein katlama, strese cevap
PtHsp90-05	0.0E0	98.01%	bakteriye savunma yanıtı, uyumsuz etkileşim, protein katlama
PtHsp90-06	0.0E0	94.35%	P: tuz stresine tepki; P: Golgi organizasyonu; C: vakuolar membran; P: meristem yapısal organizasyonunun düzenlenmesi; P: su yoksunluğuna tepki; F: ATP bağlanması; C: kloroplast; P: su taşımacılığı; P: ısıya tepki; C: plasmodesma; C: apoplast; P: meristem büyümesinin düzenlenmesi; P: glukoneojenez; P: glikolitik süreç; P: yüksek ışık yoğunluğuna tepki; C: endoplazmik retikulum; F: açılmış protein bağlama; P: hidrojen peroksit'e tepki; P: protein katlanması; P: protein sekresyonu; C: plazma membranı; P: N-terminal protein miristoilasyon; P: hiperozmotik yanıt; C: çekirdeği; C: mitokondri; P: endoplazmik retikulum stresine yanıt
PtHsp90-07	0.0E0	96.05%	protein katlama, strese cevap
PtHsp90-08	0.0E0	92.15%	tuz stresine tepki, kloroplast stromasına protein girişi, protein katlanması, kloroplast organizasyonu, su yoksunluğuna tepki, de-etiolasyon, bitki yumurtası gelişimi, klorata tepki
PtHsp90-09	0.0E0	93.01%	tuz stresine tepki, kloroplast stromasına protein girişi, protein katlanması, kloroplast organizasyonu, su yoksunluğuna tepki, de-etiolasyon, bitki yumurtası gelişimi, klorata tepki
Gen Adı	**e değeri**	**Benzerlik Ortalaması**	**GO Moleküler Fonksiyonu**
PtHsp90-01	0.0E0	95.65%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp90-02	0.0E0	98.05%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp90-03	7.1E-12	99.85%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp90-04	0.0E0	87.1%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp90-05	0.0E0	98,01:%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp90-06	0.0E0	94.35%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp90-07	0.0E0	96.05%	ATP bağlama, açılmış protein bağlama
PtHsp90-08	0.0E0	92.15%	açılmış protein bağlanması, ATP bağlanması
PtHsp90-09	0.0E0	93,01%	açılmış protein bağlanması, ATP bağlanması
Gen Adı	**e değeri**	**Benzerlik Ortalaması**	**GO Hücresel Yerleşimi**
PtHsp90-03	7.1E-12	99.85%	vakuoler membran, kloroplast, plazmodezma, apoplast, endoplazmik retikulum, plazma membranı, çekirdek, mitokondrion, retikulum stres
PtHsp90-05	0.0E0	98,01%	sitoplazma
PtHsp90-06	0.0E0	94.35%	vakuoler membran, plasmodesma, apoplast, endoplazmik retikulum, plazma membranı, çekirdek, mitokondriyondur.
PtHsp90-08	0.0E0	92.15%	kloroplast stroması, kloroplast zarfı, vakuoler membran, mitokondrion
PtHsp90-09	0.0E0	93,01%	kloroplast stroması, kloroplast zarfı, vakuoler membran, mitokondrion

EK 25 *PtHsp90* genlerine ait hedef miRNA tablosu

miRNA ismi	Hedef Gen Adı	Beklenti değeri	UPE	miRNA_dizisi	Hedef_dizi
Arachis hypogaea					
ahy-miR3519	PtHsp90-10	2,05	21.907	UCAAUCAAUGACAGCAUUUCA	UGAAGUGCUGUUCUUGGUUGA
Arabidopsis lyrata					
aly-miR838-3p	PtHsp90-04	2,05	1,09,1987	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	UUCCAAGAAGAAGAAGAAGA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR414	PtHsp90-07	3,00	9.515	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAGGAUGAGGAUGU
Chlamydomonas reinhardtii					
cre-miR1171	PtHsp90-10	3,00	21.235	UGGAGUGGAGUGGAGUGGAG	CUCCACUAUCCUCCGCUCCA
Medicago truncatula					
mtr-miR2592a-5p	PtHsp90-08	3,00	17.816	CCCGGCAUUCAUGUUUUCCU	AGGAAAACAAAGAUGCUGGG
Oryza sativa					
osa-miR2097-3p	PtHsp90-05	3,00	9.897	UUCUCUUCUUCGUGUCGCAUU	GAUGAGACA-GAAGAAGAGAA
osa-miR414	PtHsp90-01	3,00	8.682	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAGGAUGAGGAAGA
osa-miR414	PtHsp90-07	2,05	9.515	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAGGAUGAGGAUGU
osa-miR414	PtHsp90-08	3,00	15.172	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGGUGGUGAUGAUGAGGUUGA
osa-miR414	PtHsp90-11	3,00	9.253	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAGGAUGAGGAAGA
osa-miR5149	PtHsp90-08	3,00	20.314	GAGGAGCUGUGACGAUUUGGGA	UUUCAAAGCGUCUCAGCUCUUC
osa-miR5542	PtHsp90-12	2,00	14.396	UUUGAGAAGGUAUCAUGAGAU	GUUUUAUGAUGCUUUCUCAAA
Panax ginseng					
pgi-miR6135a	PtHsp90-09	3,00	17.145	UGGUAAGUUGGUCAAUUGGC	GCCAAUUGACGAAGUUGCCA
pgi-miR6135i	PtHsp90-12	3,00	20.135	AAUUGGCCAAUAGAAUACUG	GAGUAUGCUGUUGGCCAGUU
Physcomitrella patens					
ppt-miR900-5p	PtHsp90-10	2,00	21.954	UCCCAGGUACAAGAACACAG	CUGUGUCCUUGUGUCUGGGA
Populus trichocarpa					
ptc-miR7826	PtHsp90-01	2,00	20.688	UUACCAAGUUUCAAAUUCUCA	UAAGAAUUUGAAACUUGGUAU
ptc-miR7826	PtHsp90-11	2,05	20.754	UUACCAAGUUUCAAAUUCUCA	UAAGAAUUUGAAGCUUGGUAU
Setaria italica					
sit-miR20-npr	PtHsp90-05	3,00	14.998	UUCUCAAAUUUUGCAUGAUG	CAUCAUGGAGGAGUUGAGAA
Solanum tuberosum					
stu-miR8048-5p	PtHsp90-10	3,00	19.596	CUCAUUAGCAUCUCCAUCUU	AACAUGGAGAGGCUAAUGAA
Zea mays					
zma-miR482-3p	PtHsp90-07	3,00	3.099	UCUUCCUUGUUCCUCCCAUU	GAUGAGAAGGACAAGGAAGA

EK 26 ***PtHsp90*** **genlerine ait ortolog gen ilişkiler** ***(Arabidopsis thaliana)***

(PtHsp90) - *Populus –Arabidopsis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp90-01	1	AT5G56000.1	5	3,01	0,05	0,02	23,15
		AT5G56030.1	5	30,56	0,04	0,00	235,09
		AT5G52640.1	5	14,52	0,08	0,01	111,67
		AT3G07770.1	3	33,96	0,52	0,02	261,24
PtHsp90-02	1	AT5G56000.1	5	1,74	0,04	0,02	13,36
		AT5G56030.2	5	1,61	0,03	0,02	12,39
		AT5G56010.1	5	1,49	0,04	0,02	11,43
PtHsp90-03	3	AT4G24190.1	4	4,65	0,76	0,16	35,74
		AT5G52640.1	5	4,75	0,99	0,21	36,56
		AT5G56030.2	5	2,75	1,12	0,41	21,15
PtHsp90-04	3	AT5G52640.1	5	3,12	0,09	0,03	24,02
		AT5G56000.1	5	5,94	0,14	0,02	45,67
		AT5G56010.1	5	4,93	0,14	0,03	37,91
		AT5G56030.2	5	23,55	0,14	0,01	181,15
PtHsp90-05	4	AT5G52640.1	5	2,53	0,04	0,01	19,43
		AT5G56000.1	5	5,50	0,09	0,02	42,32
		AT5G56030.2	5	5,34	0,08	0,02	41,06
		AT5G56010.1	5	7,17	0,08	0,01	55,15
		AT3G07770.1	3	46,04	0,52	0,01	354,15
PtHsp90-06	5	AT4G24190.2	4	1,67	0,11	0,07	12,83
		AT5G52640.1	5	53,76	0,43	0,01	413,56
PtHsp90-07	6	AT5G56000.1	5	2,96	0,05	0,02	22,77
		AT5G56010.1	5	2,57	0,05	0,02	19,77
		AT5G56030.1	5	2,66	0,04	0,02	20,48
		AT5G52640.1	5	6,99	0,08	0,01	53,75
PtHsp90-08	8	AT2G04030.1	2	2,52	0,09	0,04	19,37
		AT3G07770.1	3	12,74	0,27	0,02	97,97
PtHsp90-09	10	AT2G04030.1	2	2,40	0,11	0,04	18,48
		AT3G07770.1	3	13,20	0,27	0,02	101,50
PtHsp90-10	14	AT3G07770.1	3	1,54	0,13	0,08	11,87
		AT2G04030.1	2	26,68	0,26	0,01	205,27
PtHsp90-11	16	AT5G56000.1	5	2,66	0,05	0,02	20,43
		AT5G56030.2	5	2,68	0,04	0,02	20,61
		AT5G56010.1	5	2,56	0,04	0,02	19,70
		AT5G56030.1	5	2,68	0,04	0,02	20,62
		AT5G52640.1	5	23,94	0,08	0,00	184,15
PtHsp90-12	17	AT5G52640.1	5	2,52	0,03	0,01	19,40
		AT5G56000.1	5	4,24	0,08	0,02	32,62
		AT5G56030.2	5	4,75	0,08	0,02	36,55
		AT5G56010.1	5	5,12	0,08	0,02	39,40
		AT5G56030.1	5	4,75	0,08	0,02	36,56
Ortalama				**9,48**	**0,18**	**0,04**	**72,93**

EK 26'nın devamı; ***(Oryza sativa)***

(PtHsp90) - *Populus –Oryza sativa*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp90-01	1	Os08g39140.1	8	6,07	0,05	0,01	46,68
		Os09g30412.1	9	3,91	0,04	0,01	30,11
		Os08g39140.1	8	4,65	0,07	0,01	35,74
PtHsp90-02	1	Os08g39140.2	8	7,20	0,05	0,01	55,37
		Os09g30412.1	9	3,77	0,04	0,01	28,96
PtHsp90-03	3	Os04g01740.1	4	62,34	0,79	0,01	479,58
		Os08g39140.1	8	54,19	0,95	0,02	416,88
PtHsp90-04	3	Os04g01740.1	4	37,78	0,12	0,00	290,64
		Os09g30412.1	9	25,20	0,13	0,01	193,81
		Os08g39140.1	8	26,25	0,13	0,00	201,91
		Os08g39140.2	8	23,72	0,13	0,01	182,44
PtHsp90-05	4	Os04g01740.1	4	40,40	0,06	0,00	310,76
		Os09g30412.1	9	40,38	0,08	0,00	310,65
		Os09g30418.1	9	37,40	0,08	0,00	287,68
		Os08g39140.2	8	37,53	0,08	0,00	288,72
		Os08g39140.1	8	52,80	0,09	0,00	406,16
PtHsp90-06	5	Os06g50300.1	6	5,52	0,12	0,02	42,48
		Os09g30412.1	9	55,67	0,42	0,01	428,26
		Os09g30418.1	9	56,24	0,44	0,01	432,59
		Os08g39140.1	8	57,83	0,40	0,01	444,82
PtHsp90-07	6	Os09g30412.1	9	3,25	0,05	0,02	25,04
		Os08g39140.2	8	7,62	0,05	0,01	58,59
		Os09g30418.1	9	3,43	0,05	0,02	26,41
		Os04g01740.1	4	49,39	0,08	0,00	379,95
		Os08g39140.1	8	4,74	0,05	0,01	36,45
PtHsp90-08	8	Os09g29840.2	9	4,03	0,12	0,03	31,03
		Os08g38086.4	8	4,36	0,12	0,03	33,51
		Os08g38086.3	8	3,52	0,09	0,03	27,08
PtHsp90-09	10	Os09g29840.2	9	3,27	0,13	0,04	25,13
		Os08g38086.4	8	3,86	0,13	0,03	29,70
		Os08g38086.3	8	3,26	0,10	0,03	25,06
		Os12g32986.1	12	16,29	0,26	0,02	125,34
PtHsp90-10	14	Os12g32986.1	12	2,86	0,17	0,06	21,99
		Os09g29840.2	9	54,18	0,24	0,00	416,77
		Os08g38086.4	8	23,48	0,24	0,01	180,59
		Os08g38086.3	9	11,07	0,21	0,02	85,17
PtHsp90-11	16	Os08g39140.2	8	9,92	0,04	0,00	76,27
		Os09g30412.1	9	4,07	0,05	0,01	31,28
		Os09g30418.1	9	4,37	0,05	0,01	33,59
		Os09g30418.1	9	4,37	0,05	0,01	33,61
		Os08g39140.1	8	6,19	0,05	0,01	47,62
PtHsp90-12	17	Os04g01740.1	4	58,74	0,06	0,00	451,83
		Os09g30412.1	9	30,45	0,08	0,00	234,23
		Os08g39140.2	8	32,64	0,08	0,00	251,06
		Os09g30418.1	9	29,03	0,08	0,00	223,31
		Os08g39140.1	8	29,92	0,09	0,00	230,16
Ortalama				**22,76**	**0,15**	**0,01**	**175,11**

EK 26'nın devamı; ***(Glycine max)***

(PtHsp90) - *Populus –Glycine max*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp90-01	1	Glyma.14G011600.1	14	2,01	0,03	0,01	15,48
		Glyma.02G302500.1	2	2,10	0,03	0,01	16,18
		Glyma.18G074100.1	18	1,92	0,03	0,02	14,75
		Glyma.09G131500.1	9	14,98	0,07	0,00	115,22
PtHsp90-02	1	Glyma.08G332900.1	8	2,14	0,03	0,01	16,43
		Glyma.14G011600.1	14	1,68	0,03	0,02	12,90
		Glyma.02G302500.1	2	1,68	0,03	0,02	12,96
		Glyma.18G074100.1	18	1,92	0,03	0,01	14,77
PtHsp90-03	3	Glyma.14G219700.1	14	2,62	0,71	0,27	20,19
		Glyma.17G258700.1	17	3,33	0,70	0,21	25,63
PtHsp90-04	3	Glyma.09G131500.1	9	3,18	0,09	0,03	24,47
		Glyma.16G178800.1	16	2,81	0,09	0,03	21,60
		Glyma.16G178800.2	16	2,81	0,09	0,03	21,60
PtHsp90-05	4	Glyma.09G131500.1	9	2,56	0,03	0,01	19,69
		Glyma.16G178800.1	16	2,50	0,03	0,01	19,25
		Glyma.08G332900.1	8	44,07	0,07	0,00	338,98
		Glyma.14G011600.1	14	45,49	0,08	0,00	349,90
PtHsp90-06	5	Glyma.14G219700.1	14	1,34	0,09	0,07	10,34
		Glyma.17G258700.1	17	1,30	0,09	0,07	9,97
PtHsp90-08	8	Glyma.02G124500.1	2	1,41	0,09	0,06	10,83
		Glyma.01G068000.1	1	1,46	0,09	0,06	11,25
		Glyma.02G305600.1	2	12,32	0,24	0,02	94,76
		Glyma.14G007700.1	14	8,59	0,23	0,03	66,09
PtHsp90-09	10	Glyma.02G124500.1	2	1,35	0,10	0,07	10,42
		Glyma.01G068000.1	1	1,35	0,10	0,08	10,35
		Glyma.02G305600.1	2	9,33	0,24	0,03	71,78
		Glyma.14G007700.1	14	9,79	0,23	0,02	75,29
PtHsp90-10	14	Glyma.02G305600.1	2	1,47	0,11	0,08	11,30
		Glyma.14G007700.1	14	1,44	0,10	0,07	11,07
		Glyma.02G124500.1	2	10,90	0,23	0,02	83,83
		Glyma.01G068000.1	1	10,45	0,24	0,02	80,42
PtHsp90-11	16	Glyma.14G011600.1	14	2,75	0,03	0,01	21,16
		Glyma.08G332900.1	8	2,59	0,03	0,01	19,95
		Glyma.02G302500.1	2	3,21	0,03	0,01	24,69
		Glyma.18G074100.1	18	2,31	0,03	0,01	17,76
		Glyma.09G131500.1	9	24,07	0,07	0,00	185,13
PtHsp90-12	17	Glyma.09G131500.1	9	2,32	0,03	0,01	17,85
		Glyma.16G178800.1	16	2,46	0,03	0,01	18,89
		Glyma.16G178800.2	16	2,46	0,03	0,01	18,90
		Glyma.08G332900.1	8	4,42	0,07	0,02	33,96
		Glyma.14G011600.1	14	5,31	0,08	0,01	40,82
		Glyma.18G074100.1	18	4,74	0,07	0,01	36,50
Ortalama				**6,36**	**0,11**	**0,04**	**48,89**

EK 26'nın devamı; ***(Eucalyptus grandis)***

(PtHsp90) - *Populus – Eucalyptus grandis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp90-01	1	Eucgr.F03673.2	6	3,44	0,03	0,01	26,46
		Eucgr.C01179.1	3	3,06	0,03	0,01	23,56
		Eucgr.A02734.1	1	40,03	0,08	0,00	307,94
PtHsp90-02	1	Eucgr.F03673.2	6	1,60	0,04	0,02	12,34
		Eucgr.C01179.1	3	1,77	0,03	0,02	13,62
		Eucgr.A02734.2	1	38,61	0,08	0,00	296,98
		Eucgr.A02734.1	1	44,78	0,08	0,00	344,48
PtHsp90-03	3	Eucgr.H00972.1	6	3,13	0,59	0,19	24,06
		Eucgr.A02734.1	1	46,92	1,09	0,02	360,91
PtHsp90-04	3	Eucgr.K00295.1	11	2,60	0,09	0,04	19,97
		Eucgr.A02734.2	1	4,49	0,10	0,02	34,53
		Eucgr.A02734.1	1	4,48	0,10	0,02	34,49
PtHsp90-05	4	Eucgr.A02734.1	1	2,91	0,03	0,01	22,39
		Eucgr.K00295.1	11	2,09	0,03	0,01	16,07
		Eucgr.A02734.2	1	2,97	0,04	0,01	22,85
		Eucgr.E00653.1	5	6,95	0,05	0,01	53,42
		Eucgr.F03673.2	6	11,04	0,08	0,01	84,92
PtHsp90-06	5	Eucgr.H00972.1	6	1,48	0,08	0,05	11,40
		Eucgr.E00653.1	5	55,01	0,40	0,01	423,16
		Eucgr.A02734.2	1	54,21	0,43	0,01	416,97
		Eucgr.K00295.1	11	55,69	0,42	0,01	428,39
PtHsp90-07	6	Eucgr.F03673.2	6	2,63	0,03	0,01	20,26
		Eucgr.C01179.1	3	2,43	0,03	0,01	18,71
		Eucgr.A02734.1	1	33,67	0,08	0,00	259,03
PtHsp90-08	8	Eucgr.B03110.1	2	2,07	0,08	0,04	15,90
		Eucgr.A01044.2	1	10,71	0,24	0,02	82,40
		Eucgr.A01044.1	1	11,56	0,23	0,02	88,89
PtHsp90-09	10	Eucgr.B03110.1	2	2,17	0,09	0,04	16,71
		Eucgr.A01044.1	1	12,30	0,23	0,02	94,58
PtHsp90-10	14	Eucgr.A01044.2	1	1,69	0,11	0,06	13,03
		Eucgr.A01044.1	1	1,67	0,11	0,07	12,88
		Eucgr.B03110.1	2	13,18	0,24	0,02	101,41
PtHsp90-11	16	Eucgr.F03673.2	6	3,27	0,03	0,01	25,19
		Eucgr.C01179.1	3	3,56	0,03	0,01	27,42
		Eucgr.A02734.2	1	33,74	0,08	0,00	259,51
		Eucgr.K00295.1	11	44,39	0,09	0,00	341,48
PtHsp90-12	17	Eucgr.A02734.2	1	2,44	0,03	0,01	18,74
		Eucgr.K00295.1	11	2,57	0,02	0,01	19,77
		Eucgr.A02734.1	1	2,44	0,03	0,01	18,78
		Eucgr.E00653.1	5	6,03	0,05	0,01	46,35
		Eucgr.F03673.2	6	20,01	0,07	0,00	153,95
Ortalama				**14,63**	**0,14**	**0,02**	**112,53**

EK 27 Kavak genomunda tespit edilen *PtHsp100* genlerinin genel özellikleri

Kavakta (Populus trichocarpa Torrey & A. Gray) tanımlanan 90 adet Hsp100 genine ait veriler

Gen Kodları	Phytozome Kod No	Genom Üzerindeki Fiziksel Yerleşimi			Protein Uzun. (aa)	İzoelektrik noktası (pl)	Molekül ağırlığı (Da)	Kararszlık indeksi	Protein Oluş. Durumu	Filo. Gen. Grup	NCBI Kod No	NCBI BLASTP Tanımlaması
		Krmz. No	Başlangıç Lokusu (bp)	Bitiş Lokusu (bp)								
PtHsp100-01	Potri.001G097600.1	Chr01	7675420	7683145	835	8,25	92974.19	41.76	kararsız	IVa	XP_002298002.2	hypothetical protein POPTR_0001s10050g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-02	Potri.001G115500.1	Chr01	9240591	9243072	239	8,79	26080.00	36.43	kararlı	III	XP_006368728.1	hypothetical protein POPTR_0001s08140g
PtHsp100-03	Potri.001G128700.1	Chr01	10414106	10418151	629	8,28	68163.91	41.40	kararsız	IVc	XP_006368259.1	Cell division control protein 48 B [Populus trichocarpa]
PtHsp100-04	Potri.001G176900.1	Chr01	15124487	15130416	531	8,75	58199.71	47.76	kararsız	IVa	XP_002299621.2	ECTOPIC ROOT HAIR 3 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-05	Potri.001G249100.1	Chr01	25882462	25890276	810	8,39	88145.64	42.30	kararsız	IVa	XP_002299826.2	hypothetical protein POPTR_0001s25620g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-06	Potri.001G252500.1	Chr01	26218220	26223054	1116	6,27	122530.47	43.72	kararsız	IIb	XP_002299803.1	ATP-dependent Clp protease ClpB family protein [Populus
PtHsp100-07	Potri.001G331200.1	Chr01	33469588	33475810	677	8,81	75159.87	49.40	kararsız	IVa	XP_002298621.2	hypothetical protein POPTR_0001s33870g
PtHsp100-08	Potri.002G012000.1	Chr02	703851	707150	655	8,71	75159.87	49.40	kararsız	IVa	XP_002298620.2	hypothetical protein POPTR_0001s33880g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-09	Potri.002G031400.1	Chr02	2009432	2012688	677	8,81	75168.88	48.41	kararsız	IVa	XP_002298620.3	hypothetical protein POPTR_0001s33890g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-10	Potri.002G205900.1	Chr02	16897699	16910284	402	7,69	44914.61	33.60	kararlı	IVc	XP_002300747.1	26S proteasome AAA-ATPase subunit family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-11	Potri.002G215100.1	Chr02	19730456	19733763	1233	6,53	134090.49	46.87	kararsız	IVa	XP_002301474.2	AAA-type ATPase family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-12	Potri.002G220200.1	Chr02	20614318	20618028	703	5,84	75109.66	35.60	kararlı	IVa	XP_006386823.1	hypothetical protein POPTR_0002s22560g [Populus trichocarpa]

EK 27'nin devamı;

PtHsp100-13	Potri.002G252600.1	Chr02	24176204	24180596	695	5,74	74122.46	36.01	kararlı	IVa	XP_006386822.1	hypothetical protein POPTR_0002s22560g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-14	Potri.003G050600.1	Chr03	7419026	7426556	446	5,98	49694.23	42.80	kararsız	IVc	XP_002301829.1	26S protease regulatory complex subunit 4 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-15	Potri.003G133700.1	Chr03	15304454	15308039	866	9,40	98878.20	44.99	kararsız	IVb	XP_002303302.2	FtsH protease family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-16	Potri.004G004000.1	Chr04	265780	271571	599	6,21	67294.95	36.01	kararlı	IVa	XP_002304524.2	hypothetical protein POPTR_0003s13350g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-17	Potri.004G106500.2	Chr04	9368840	9373188	601	6,41	66342.24	55.57	kararsız	IVc	XP_006383852.1	hypothetical protein POPTR_0004s00570g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-18	Potri.004G124800.1	Chr04	12073075	12079442	644	9,79	71174.25	44.30	kararsız	IVa	XP_002305974.1	cell division protein ftsH [Populus trichocarpa]
PtHsp100-19	Potri.004G158600.1	Chr04	17998421	18002338	967	6,34	108538.71	35.54	kararlı	IVb	XP_002305376.1	hypothetical protein POPTR_0004s12360g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-20	Potri.004G229400.1	Chr04	23458324	23466990	399	7,71	44546.31	36.02	kararlı	IVc	XP_002306121.1	hypothetical protein POPTR_0004s16600g
PtHsp100-21	Potri.005G025100.1	Chr05	1858322	1862461	614	8,1	66638.54	31.19	kararlı	I	XP_006385093.1	hypothetical protein POPTR_0004s23830g
PtHsp100-22	Potri.005G059700.2	Chr05	4199759	4208922	423	4,94	47388.03	39.22	kararlı	IVb	XP_006382479.1	26S proteasome AAA-ATPase subunit family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-23	Potri.005G093300.1	Chr05	6985772	6998502	846	6,17	95426.14	44.07	kararsız	IVc	XP_006382853.1	hypothetical protein POPTR_0005s06110g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-24	Potri.005G197400.1	Chr05	21364096	21366406	1003	5,6	112277.03	49.99	kararsız	IVc	XP_002306386	hypothetical protein POPTR_0005s09630g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-25	Potri.005G231700.1	Chr05	24020626	24023850	515	5,39	57472.71	33.05	kararlı	IVb	XP_002307519.2	hypothetical protein POPTR_0005s21930g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-26	Potri.005G249200.1	Chr05	25222697	25226603	402	7,7	44947.64	35.07	kararlı	IVc	XP_002307679.1	26S proteasome AAA-ATPase subunit family protein [Populus trichocarpa]

EK 27'nin devamı;

PtHsp100-27	Potri.006G031000.1	Chr06	2091409	.2095438	705	6,62	75366.11	38.88	kararlı	IVa	XP_002306970.2	Cell division protein ftsH [Populus trichocarpa]
PtHsp100-28	Potri.006G035000.1	Chr06	2358399	2366232	412	5,33	46534.21	34.38	kararlı	IVc	XP_002322593.1	26S proteasome subunit 7 family protein [Populus
PtHsp100-29	Potri.006G073800.1	Chr06	5498503	5502601	1082	5,86	117611.59	49.11	kararsız	IVc	XP_002308870.1	CAM interacting protein 111
PtHsp100-30	Potri.006G079000.1	Chr06	5974457	5974664	1012	7,78	113613.48	47.22	kararsız	IIb	XP_002309005.2	hypothetical protein POPTR_0006s07350g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-31	Potri.006G125500.1	Chr06	10100094	10105086	69	9,3	7971.22	20.70	kararlı	I	XP_006373505.1	hypothetical protein POPTR_0017s14340g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-32	Potri.006G156900.1	Chr06	14525826	14529454	807	5,03	89665.70	44.71	kararsız	IVc	XP_006381424.1	Cell division cycle protein 48 [Populus trichocarpa]
PtHsp100-33	Potri.006G175200.1	Chr06	18710770	18715475	483	6,45	53977.82	41.39	kararsız	IIb	XP_006388646.1	AAA-type ATPase family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-34	Potri.006G204500.1	Chr06	21991144	21995133	1048	8,64	114945.14	45.75	kararsız	IIa	XP_002309387.2	ypothetical protein POPTR_0006s18960g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-35	Potri.006G262700.1	Chr06	26571352	26578672	865	6,58	95538.99	60.91	kararsız	IVa	XP_002309392.2	heat shock family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-36	Potri.008G017600.1	Chr08	937555	940918	974	6,91	109148.67	38.88	kararlı	IVb	XP_006382100.1	hypothetical protein POPTR_0006s27860g
PtHsp100-37	Potri.008G069100.1	Chr08	4222073	4227020	856	7,25	95170.66	55.26	kararsız	IVa	XP_002316485.1	hypothetical protein POPTR_0010s24800g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-38	Potri.008G144100.1	Chr08	9671343	9675060	1140	6,81	125922.50	49.47	kararsız	IIb	XP_002311226.2	hypothetical protein POPTR_0008s06900g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-39	Potri.009G033600.2	Chr09	4362450	4367519	427	8,92	48128.86	43.10	kararsız	IVb	XP_006379809.1	hypothetical protein POPTR_0008s14310g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-40	Potri.009G046700.1	Chr09	5223960	5228834	813	6,97	89232.52	36.27	kararlı	IVa	XP_002313426.1	FtsH protease family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-41	Potri.009G120500.1	Chr09	10082906	10086687	1114	6,45	121943.92	46.17	kararsız	IIb	XP_002314097.2	ATP-dependent Clp protease ClpB family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-42	Potri.010G098300.1	Chr10	12009254	12013160	426	9,07	47997.72	41.23	kararsız	IVb	XP_002315825.2	26S proteasome subunit 8 family protein [Populus trichocarpa]

EK 27'nin devamı;

PtHsp100-43	Potri.010G171300.1	Chr10	17266761	17277729	1003	6,24	115206.77	38.87	kararlı	IVc	XP_006379660.1	hypothetical protein POPTR_0008s08420g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-44	Potri.010G188200.1	Chr10	18412972	18419319	1134	6,1	125345.76	48.70	kararsız	IIb	XP_002316209.2	hypothetical protein POPTR_0010s19560g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-45	Potri.010G237100.1	Chr10	21653598	21657476	432	7,6	48328.03	37.56	kararlı	IVc	XP_002316504.1	hypothetical protein POPTR_0010s24370g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-46	Potri.010G241600.1	Chr10	21850928	21854490	854	6,48	95389.01	54.51	kararsız	IVa	XP_002316485.1	hypothetical protein POPTR_0010s24800g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-47	Potri.011G085200.1	Chr11	9081956	9088925	344	6,13	38905.78	53.96	kararsız	IVa	XP_006377613.1	hypothetical protein POPTR_0011s08360g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-48	Potri.011G141400.1	Chr11	16305491	16314642	1913	5,41	210477.37	46.87	kararsız	IVc	XP_002317013.2	hypothetical protein POPTR_0011s14470g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-49	Potri.012G015600.1	Chr12	1497933	1505565	597	8,01	65334.64	32.19	kararlı	I	XP_002318424.2	hypothetical protein POPTR_0012s02260g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-50	Potri.012G024800.1	Chr12	2136908	2141810	155	10,15	17490.84	30.74	kararlı	IIb	XP_002321379.1	MSP1 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-51	Potri.012G027900.1	Chr12	2434936	2436910	194	8,91	22114.31	43.33	kararsız	IIb	XP_006389092.1	MSP1 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-52	Potri.012G035400.1	Chr12	3159964	3167292	841	5,68	94090.25	43.73	kararsız	IVa	XP_002318353.2	hypothetical protein POPTR_0012s01000g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-53	Potri.012G088200.1	Chr12	11517608	11522332	810	5,08	90107.43	44.04	kararsız	IVc	XP_002318682.2	hypothetical protein POPTR_0012s09000g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-54	Potri.012G096300.2	Chr12	12247505	12261527	1259	6,29	136309.11	39.47	kararlı	IVa	XP_002318719.2	hypothetical protein POPTR_0012s09820g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-55	Potri.012G105900.2	Chr12	12969706	12976488	926	6,14	102819.94	42.93	kararsız	IVb	XP_006376920.1	hypothetical protein POPTR_0012s10770g
PtHsp100-56	Potri.012G112000.1	Chr12	13345602	13351962	948	7,64	104393.40	43.24	kararsız	IVb	XP_002318194.1	ERD1 family protein [Populus trichocarpa]

EK 27'nin devamı;

PtHsp100-57	Potri.012G129800.1	Chr12	14674695	14678998	316	9,16	34863.92	38.49	kararlı	IIa	XP_002318870.2	hypothetical protein POPTR_0012s14320g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-58	Potri.013G016800.1	Chr13	1093306	1097102	423	4,98	47544.21	39.20	kararlı	IVb	XP_002319515.1	26S proteasome AAA-ATPase subunit family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-59	Potri.013G048700.1	Chr13	3545430	3560333	1305	8,58	149954.67	41.38	kararsız	III	XP_002319118.2	hypothetical protein POPTR_0013s04620g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-60	Potri.013G089500.1	Chr13	9443519	9454880	715	8,6	77356.21	33.05	kararlı	I	XP_006376103.1	hypothetical protein POPTR_0013s09570g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-61	Potri.013G151600.1	Chr13	15562512	15567739	819	6,23	90280.29	46.21	kararsız	IVc	XP_002319947.2	Cell division control protein 48 C [Populus trichocarpa]
PtHsp100-62	Potri.014G071900.1	Chr14	5804145	5811320	507	9,35	56448.34	45.57	kararsız	IVa	XP_002320737.2	hypothetical protein POPTR_0014s06760g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-63	Potri.014G131000.4	Chr14	9985468	9998674	1231	6,27	133778.53	45.93	kararsız	IVa	XP_002321014.1	AAA-type ATPase family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-64	Potri.014G133000.1	Chr14	10136789	10144838	944	5,64	103236.75	50.48	kararsız	IVc	XP_002321026.2	AAA-type ATPase family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-65	Potri.014G139500.1	Chr14	10650195	10653902	719	5,95	77231.74	33.90	kararlı	IVa	XP_002320396.2	FtsH-like protein Pftf precursor [Populus trichocarpa]
PtHsp100-66	Potri.014G194700.1	Chr14	18287763	18293588	445	5,91	49638.27	41.35	kararsız	IVc	XP_002301829.1	26S protease regulatory complex subunit 4 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-67	Potri.015G007700.1	Chr15	480884	485360	390	6,2	43327.81	48.88	kararsız	IVc	XP_002321379.1	MSP1 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-68	Potri.015G012900.1	Chr15	840198	847707	572	6,75	62483.78	37.34	kararlı	I	XP_002321405.2	hypothetical protein POPTR_0015s01520g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-69	Potri.015G020700.1	Chr15	1497384	1505547	798	6,23	87757.52	44.93	kararsız	IVb	XP_002322025.2	hypothetical protein POPTR_0015s02230g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-70	Potri.015G026900.1	Chr15	2115794	2122386	811	5,89	90577.38	46.88	kararsız	IVa	XP_006374291.1	AAA-type ATPase family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-71	Potri.015G056900.1	Chr15	7805863	7809849	914	5,82	101737.08	36.23	kararlı	IVb	XP_006374393.1	endopeptidase Clp family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-72	Potri.015G057000.1	Chr15	7816693	7820486	914	5,83	101721.08	36.86	kararlı	IVb	XP_006374393.1	endopeptidase Clp family protein [Populus trichocarpa]

EK 27'nin devamı;

PtHsp100-73	Potri.015G080600.1	Chr15	10524659	10529403	813	5,07	90416.70	44.36	kararsız	IVc	XP_002321618.1	hypothetical protein POPTR_0015s09220g
PtHsp100-74	Potri.015G094100.3	Chr15	11531252	11545896	1228	6,21	132925.96	38.63	kararlı	IVa	XP_002322243.2	hypothetical protein POPTR_0015s10620g
PtHsp100-75	Potri.015G105100.1	Chr15	12301805	12308363	932	5,99	103518.52	45.27	kararsız	IVb	XP_002322299.1	ATP-dependent clp protease ATP-binding subunit clpA family protein [Populus
PtHsp100-76	Potri.015G110000.1	Chr15	12662632	12668229	904	6,21	99338.31	42.65	kararsız	IVb	XP_002321773.2	ERD1 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-77	Potri.015G131700.1	Chr15	14227395	14230233	253	8,12	28146.30	47.88	kararsız	IIa	XP_006374654.1	hypothetical protein POPTR_0015s14320g
PtHsp100-78	Potri.016G028000.1	Chr16	1579883	1583815	412	5,42	46491.19	38.77	kararlı	IVc	XP_002322593.1	26S proteasome subunit 7 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-79	Potri.016G071800.1	Chr16	5307321	5310967	860	6,35	95632.88	55.79	kararsız	IVa	XP_002323392.2	hypothetical protein POPTR_0016s07250g
PtHsp100-80	Potri.016G091600.1	Chr16	7520748	7525799	802	5,07	89329.48	44.07	kararsız	IVc	XP_002323472.1	Cell division cycle protein 48
PtHsp100-81	Potri.016G099800.2	Chr16	9756461	9764458	814	7,2	89923.19	35.99	kararlı	IVa	XP_002323508.2	hypothetical protein POPTR_0016s10620g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-82	Potri.017G030900.1	Chr17	2658437	2665437	1204	5,9	133108.62	50.93	kararsız	IIa	XP_006372883.1	cell division cycle protein 48
PtHsp100-83	Potri.017G039100.1	Chr17	3175593	3213696	5410	5,36	613915.80	43.84	kararsız	I	XP_006372971.1	midasin-related family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-84	Potri.017G084000.1	Chr17	10115873	10118519	677	5,67	73177.93	36.11	kararlı	IVa	XP_002324060.2	FtsH protease family protein
PtHsp100-85	Potri.017G090600.1	Chr17	10787380	10794026	974	6,93	109322.80	36.92	kararlı	IVb	XP_002324092.1	hypothetical protein POPTR_0017s12630g
PtHsp100-86	Potri.018G081000.1	Chr18	10805906	10809601	478	6,21	53529.23	40.27	kararsız	IIb	XP_002324992.1	AAA-type ATPase family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-87	Potri.018G097300.1	Chr18	12568154	12573071	1048	8,04	114911.08	44.92	kararsız	IIa	XP_002324496.2	hypothetical protein POPTR_0018s10630g [Populus trichocarpa]
PtHsp100-88	Potri.018G140900.1	Chr18	16047107	16051169	1015	7,77	113732.61	42.87	kararsız	IIb	XP_002325256.2	hypothetical protein POPTR_0018s13770g
PtHsp100-89	Potri.T113600.1	Scaf.179	26454	27586	123	9,42	13709.98	30.27	kararlı	IVc	XP_006389107.1	MSP1 family protein [Populus trichocarpa]
PtHsp100-90	Potri.T153600.1	Scaf.586	12018	21003	846	6,5	95385.22	43.61	kararsız	IVc	XP_006382853.1	hypothetical protein POPTR_0005s06110g

EK 28 *PtHsp100* genlerinin Segmental duplikasyonları ve MYÖ ayrılma oranları

Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Gen Adı	Lokasyon	Krm.	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
PtHsp100-01	7675420-7683145	1	PtHsp100-16	265780-271571	4	1,0187	8,2706	8,1188	7,8362
			PtHsp100-52	3159964-3167292	12	1,9159	0,1871	0,0977	14,7377
			PtHsp100-54	12247505-12261527	12	53,5962	0,5277	0,0098	412,2785
			PtHsp100-63	9985468-9998674	14	52,7591	0,5328	0,0101	405,8392
			PtHsp100-70	2115794-2122386	15	1,7755	0,1589	0,0895	13,6577
			PtHsp100-74	11531252-11545896	15	54,4736	0,5317	0,0098	419,0277
PtHsp100-02	9240591-9243072	1	PtHsp100-77	14227395-14230233	15	2,4805	0,3595	0,1449	19,0808
PtHsp100-03	10414106-10418151	1	PtHsp100-31	10100094-10105086	6	56,0818	2,2691	0,0405	431,3985
			PtHsp100-53	11517608-11522332	12	53,4510	0,6444	0,0121	411,1615
			PtHsp100-73	10524659-10529403	15	53,0238	0,6359	0,0120	407,8754
			PtHsp100-80	7520748-7225799	16	52,3237	0,6264	0,0120	402,4900
PtHsp100-05	25882462-25890276	1	PtHsp100-65	10650195-10653902	14	35,4575	0,6241	0,0176	272,7500
			PtHsp100-84	10115873-10118519	17	49,2293	0,6757	0,0137	378,6869
PtHsp100-06	25882462-25890276	1	PtHsp100-41	10082906-10086687	9	0,2525	0,0886	0,3509	1,9423
			PtHsp100-44	18412972-18419319	10	2,3079	0,4551	0,1972	17,7531
PtHsp100-10	16897699-16910284	2	PtHsp100-20	23458324-23466990	4	4,8564	2,1281	0,4382	37,3569
			PtHsp100-26	25222697-25226603	5	5,4121	2,7170	0,5020	41,6315
			PtHsp100-39	4362450-4367519	9	0,2089	17,0110	81,4313	1,6069
			PtHsp100-42	12009254-12013160	10	1,6023	5,7620	3,5961	12,3254
PtHsp100-14	7419026-74-26556	3	PtHsp100-22	4199759-4208922	5	5,1023	5,1203	1,0035	39,2485
			PtHsp100-39	4362450-4367519	9	2,6603	6,5608	2,4662	20,4638
			PtHsp100-42	12009254-12013160	10	1,8988	6,6680	3,5117	14,6062
			PtHsp100-58	1093306-1097102	13	32,7093	3,9321	0,1202	251,6100
			PtHsp100-78	1579883-1583815	16	0,1412	13,9836	99,0340	1,0862
PtHsp100-16	265780-271571	4	PtHsp100-01	7675420-7683145	1	1,0187	8,2706	8,1188	7,8362
			PtHsp100-52	3159964-3167292	12	51,4962	4,3183	0,0839	396,1246
			PtHsp100-54	12247505-12261527	12	11,9853	3,7708	0,3146	92,1946
			PtHsp100-63	9985468-9998674	14	4,5656	5,4465	1,1929	35,1200
			PtHsp100-70	2115794-2122386	15	27,5181	3,7189	0,1351	211,6777
			PtHsp100-74	11531252-11545896	15	3,8628	16,3208	4,2251	29,7138
PtHsp100-17	9368840-9373188	4	PtHsp100-26	25222697-25226603	5	0,2415	16,8514	69,7781	1,8577
PtHsp100-18	12073075-12079442	4	PtHsp100-05	25882462-25890276	1	53,9253	2,4580	0,0456	414,8100
			PtHsp100-40	5223960-5228834	9	2,3498	3,7168	1,5818	18,0754
			PtHsp100-65	10650195-10653902	14	32,1997	6,2707	0,1947	247,6900
			PtHsp100-84	10115873-10118519	17	15,5775	3,5322	0,2268	119,8269
PtHsp100-20	23458324-23466990	4	PtHsp100-10	16897699-16910284	2	4,8564	2,1281	0,4382	37,3569
			PtHsp100-26	25222697-25226603	5	13,9496	3,6216	0,2596	107,3046
PtHsp100-22	4199759-4208922	5	PtHsp100-58	1093306-1097102	13	19,2997	10,4212	0,5400	148,4592
			PtHsp100-66	18287763-18293588	14	20,9873	9,8048	0,4672	161,4408
PtHsp100-23	6985772-6998502	5	PtHsp100-18	12073075-12079442	4	0,1836	15,4739	84,2805	1,4123
			PtHsp100-65	10650195-10653902	14	0,4829	17,0737	35,3566	3,7146
			PtHsp100-84	10115873-10118519	17	13,1016	12,9710	0,9900	100,7815
PtHsp100-26	25222697-25226603	5	PtHsp100-10	16897699-16910284	2	5,4121	2,7170	0,5020	41,6315
			PtHsp100-20	23458324-23466990	4	38,9815	3,5193	0,0903	299,8577
PtHsp100-28	2358399-2366232	6	PtHsp100-14	7419026-7426556	3	33,5848	7,7443	0,2306	258,3446
			PtHsp100-18	12073075-12079442	4	50,3443	3,0827	0,0612	387,2638
			PtHsp100-66	18287763-18293588	14	39,5272	6,3291	0,1601	304,0554
			PtHsp100-78	1579883-1583815	16	55,2947	4,0510	0,0733	425,3438
PtHsp100-33	18710770-18715475	6	PtHsp100-77	14227395-14230233	15	2,5776	2,1246	0,8243	19,8277
			PtHsp100-86	10805906-10809601	18	49,4899	3,2753	0,0662	380,6915
PtHsp100-35	26571352-26578672	6	PtHsp100-37	4222073-4227020	8	1,4749	5,6128	3,8055	11,3454
			PtHsp100-46	21850928-21854490	10	4,2551	5,9221	1,3918	32,7315
			PtHsp100-79	5307321-5310967	16	1,5365	17,3728	11,3067	11,8192
			PtHsp100-87	12568154-12573071	18	0,7162	17,8619	24,9398	5,5092
			PtHsp100-88	16047107-16051169	18	0,8589	15,7072	18,2876	6,6069
PtHsp100-37	4222073-4227020	6	PtHsp100-79	5307321-5310967	16	8,3926	14,9740	1,7842	64,5585
			PtHsp100-87	12568154-12573071	18	4,3703	2,6375	0,6035	33,6177
			PtHsp100-88	16047107-16051169	18	0,1779	17,6101	98,9888	1,3685
PtHsp100-39	4362450-4367519	9	PtHsp100-14	7419026-7426556	3	2,6603	6,5608	2,4662	20,4638
			PtHsp100-42	120009254-12013160	10	18,2479	10,7733	0,5904	140,3685
			PtHsp100-66	18287763-18293588	14	13,9982	1,2676	0,0906	107,6785
PtHsp100-40	5223960-5228834	9	PtHsp100-81	9756461-9764458	16	1,8671	0,1613	0,0864	14,3623
			PtHsp100-84	10115873-10118519	17	50,9866	0,6143	0,0120	392,2046
PtHsp100-41	10082906-10086687	9	PtHsp100-06	26218220-26223054	1	0,2525	0,0886	0,3509	1,9423
			PtHsp100-44	18412972-18419319	10	2,2237	0,4969	0,2235	17,1054
			PtHsp100-87	12568154-12573071	18	18,4706	0,8086	0,0438	142,0815
PtHsp100-42	12009254-12013160	10	PtHsp100-14	7419026-7426556	3	1,8988	6,6680	3,5117	14,6062
			PtHsp100-66	18287763-18293588	14	39,5431	0,5206	0,0132	304,1777
PtHsp100-43	17266761-17277729	10	PtHsp100-65	10650195-10653902	14	49,1947	0,8487	0,0173	378,4208
PtHsp100-44	18412972-18419319	10	PtHsp100-06	26218220-26223054	1	2,3079	0,4551	0,1972	17,7531

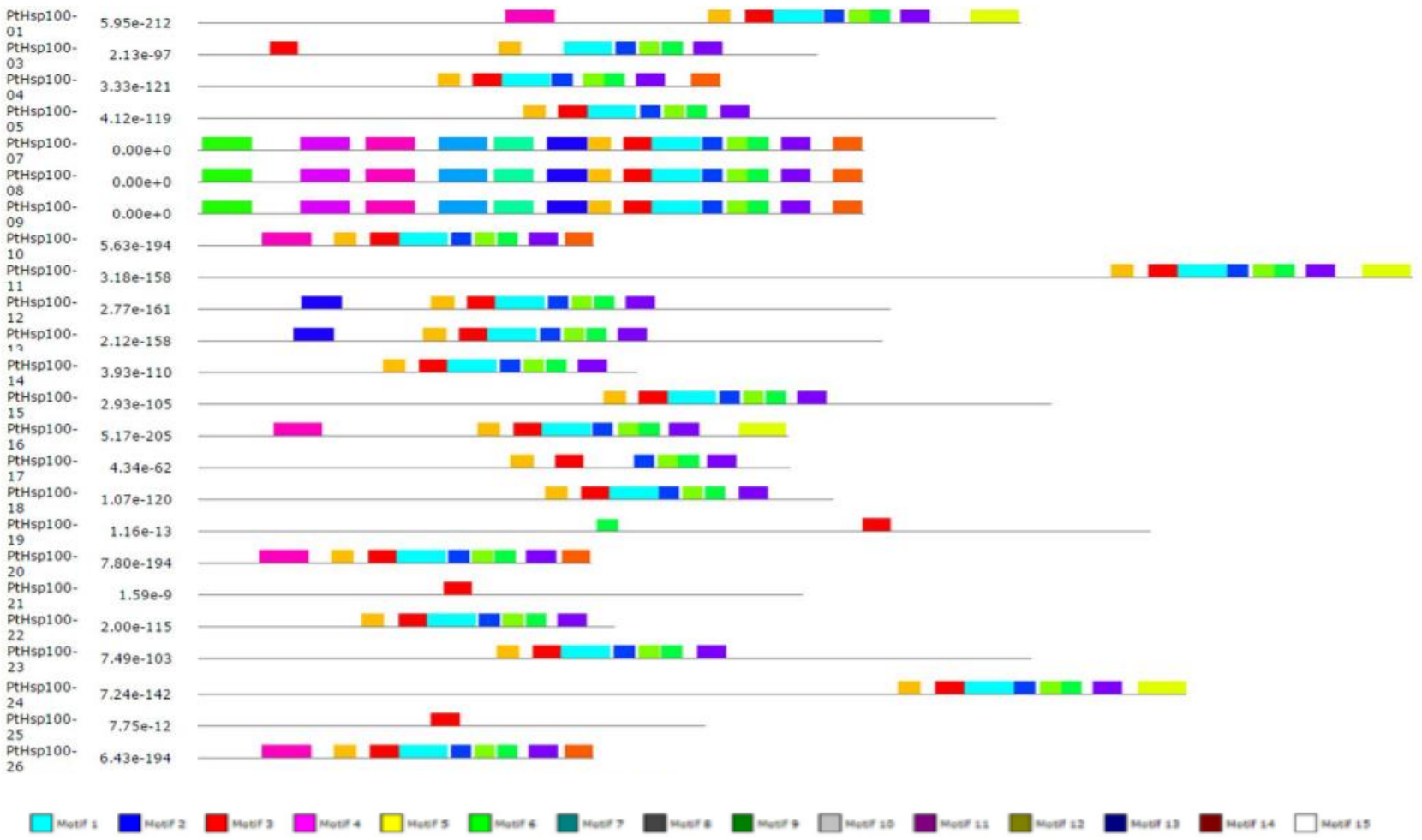
EK 28'in devamı;

PtHsp100-46	21850928-21854490	10	PtHsp100-35	26571352-26578672	6	4,2551	5,9221	1,3918	32,7315
			PtHsp100-37	4222073-4227020	8	46,1216	3,3533	0,0727	354,7815
			PtHsp100-79	5307321-5310967	16	1,5641	0,3352	0,2143	12,0315
			PtHsp100-87	12568154-12573071	18	9,4266	0,7309	0,0775	72,5123
			PtHsp100-88	16047107-16051169	18	52,634	0,6953	0,0132	404,8769
PtHsp100-48	16305491-16314642	11	PtHsp100-31	10100094-10105086	6	5,9889	3,6074	0,6023	46,0685
			PtHsp100-53	11517608-11522332	12	57,3218	0,9156	0,0160	440,9369
			PtHsp100-73	10524659-10529403	15	57,3710	0,9270	0,0162	441,3154
			PtHsp100-80	7520748-7525799	16	30,8989	0,9177	0,0297	237,6838
			PtHsp100-53	11517608-11522332	12	57,3207	0,9158	0,0160	440,9285
PtHsp100-21	1858322-1862461	5	PtHsp100-60	9443519-9454880	13	6,1025	0,2947	0,0483	46,9423
			PtHsp100-68	840198-847707	15	0,2422	0,0722	0,2981	1,8631
PtHsp100-52	3159964-3167292	12	PtHsp100-01	7675420-7683145	1	1,9159	0,1871	0,0977	14,7377
			PtHsp100-16	265780-241571	4	34,8949	4,0257	0,1154	268,4223
			PtHsp100-63	9985468-9998674	14	52,8242	0,5480	0,0104	406,3400
			PtHsp100-70	2115794-2122386	15	0,2539	0,0438	0,1725	1,9531
			PtHsp100-74	11531252-11545896	15	11,2305	0,5476	0,0488	86,3885
PtHsp100-53	11517608-11522332	12	PtHsp100-73	10524659-10529403	15	0,2117	0,0201	0,0949	1,6285
			PtHsp100-80	7520748-7525799	16	35,4150	0,0547	0,0015	272,4231
PtHsp100-54	12247505-12261527	12	PtHsp100-63	9985468-9998674	14	7,2147	0,3227	0,0447	55,4977
			PtHsp100-70	2115794-2122386	15	55,1622	0,5273	0,0096	424,3246
			PtHsp100-74	11531252-11545896	15	0,2599	0,0494	0,1901	1,9992
PtHsp100-55	12969706-12976488	12	PtHsp100-63	9985468-9998674	14	52,2861	1,1377	0,0218	402,2008
			PtHsp100-75	12301805-12308363	15	0,2331	0,0175	0,0751	1,7931
			PtHsp100-76	12662632-12668229	15	53,6535	0,4876	0,0091	412,7192
			PtHsp100-85	10787380-10794026	17	53,0130	0,5235	0,0099	407,7923
PtHsp100-56	13345602-13351962	12	PtHsp100-71	7805863-7809849	15	51,2083	0,6085	0,0119	393,9100
			PtHsp100-75	12301805-12308363	15	54,7003	0,4937	0,0090	420,7715
			PtHsp100-76	12662632-12668229	15	0,2745	0,0638	0,2324	2,1115
PtHsp100-57	14674695-14678998	12	PtHsp100-02	9240591-9243072	1	52,3223	0,3606	0,0069	402,4792
			PtHsp100-77	14227395-14230233	15	0,2735	0,0964	0,3525	2,1038
			PtHsp100-84	10115873-10118519	17	50,3787	1,0302	0,0204	387,5285
PtHsp100-58	1093306-1097102	13	PtHsp100-22	4199759-4208922	5	19,2997	10,4212	0,5400	148,4592
			PtHsp100-66	18287763-18293588	14	52,5822	0,5228	0,0099	404,4785
PtHsp100-60	9443519-9454880	13	PtHsp100-49	1497933-1505565	12	6,1032	0,2947	0,0483	46,9477
			PtHsp100-68	840198-847707	15	6,3145	0,3000	0,0475	48,5731
PtHsp100-61	15562512-15567739	13	PtHsp100-73	10524659-10529403	15	12,4480	0,6585	0,0529	95,7538
			PtHsp100-80	7520748-7525799	16	54,9568	0,6499	0,0118	422,7446
PtHsp100-63	9985468-9998674	14	PtHsp100-01	7675420-7683145	1	52,7596	0,5328	0,0101	405,8431
			PtHsp100-16	265780-241571	4	4,5656	5,4465	1,1929	35,1200
			PtHsp100-52	3159964-3167292	12	52,8276	0,5479	0,0104	406,3662
			PtHsp100-54	12247505-12261527	12	7,2132	0,3227	0,0447	55,4862
			PtHsp100-70	2115794-2122386	15	54,4922	0,5322	0,0098	419,1708
			PtHsp100-74	11531252-11545896	15	5,9724	0,3277	0,0549	45,9415
PtHsp100-65	10650195-10653902	14	PtHsp100-84	10115873-10118519	17	48,7138	0,2183	0,0045	374,7215
PtHsp100-66	18287763-18293588	14	PtHsp100-14	7419026-7426556	3	39,3334	4,6609	0,1185	302,5646
			PtHsp100-22	4199759-4208922	5	2,2505	9,7384	4,3272	17,3115
			PtHsp100-39	4362450-4367519	9	13,9997	1,2676	0,0905	107,6900
			PtHsp100-58	1093306-1097102	13	52,5814	0,5229	0,0099	404,4723
			PtHsp100-78	1579883-1583815	16	55,3983	0,4733	0,0085	426,1408
PtHsp100-67	480884-485360	15	PtHsp100-16	265780-241571	4	14,8901	2,7395	0,1840	114,5392
			PtHsp100-63	9985468-9998674	14	54,9364	0,5726	0,0104	422,5877
PtHsp100-68	840198-847707	15	PtHsp100-49	1497933-1505565	12	0,2422	0,0722	0,2981	1,8631
			PtHsp100-60	9443519-9454880	13	6,3139	0,3000	0,0475	48,5685
PtHsp100-69	1497384-1505547	15	PtHsp100-65	10650195-10653902	14	53,3765	0,6282	0,0118	410,5885
PtHsp100-70	2115794-2122386	15	PtHsp100-16	265780-241571	4	27,5163	3,7188	0,1351	211,6638
			PtHsp100-52	3159964-3167292	12	0,2539	0,0438	0,1725	1,9531
			PtHsp100-54	12247505-12261527	12	55,1572	0,5272	0,0096	424,2862
PtHsp100-71	7805863-7809849	15	PtHsp100-55	12969706-12976488	12	49,6198	0,5276	0,0106	381,6908
			PtHsp100-85	10787380-10794026	17	51,5024	0,4381	0,0085	396,1723
PtHsp100-72	7816693-7820486	15	PtHsp100-55	12969706-12976488	12	49,5886	0,5283	0,0107	381,4508
			PtHsp100-85	10787380-10794026	17	51,5763	0,4370	0,0085	396,7408
PtHsp100-73	10524659-10529403	15	PtHsp100-31	10100094-10105086	6	18,9128	11,5090	0,6085	145,4831
			PtHsp100-80	7520748-7525799	16	3,5978	0,0484	0,0135	27,6754
PtHsp100-74	11531252-11545896	15	PtHsp100-52	3159964-3167292	12	11,2485	0,5476	0,0487	86,5269
			PtHsp100-54	12247505-12261527	12	0,2599	0,0494	0,1901	1,9992
			PtHsp100-63	9985468-9998674	14	5,9709	0,3277	0,0549	45,9300
PtHsp100-75	12301805-12308363	15	PtHsp100-55	12969706-12976488	12	0,2331	0,0175	0,0751	1,7931
			PtHsp100-56	13345602-13351962	12	54,7024	0,4936	0,0090	420,7877
			PtHsp100-85	10787380-10794026	17	53,1525	0,5261	0,0099	408,8654

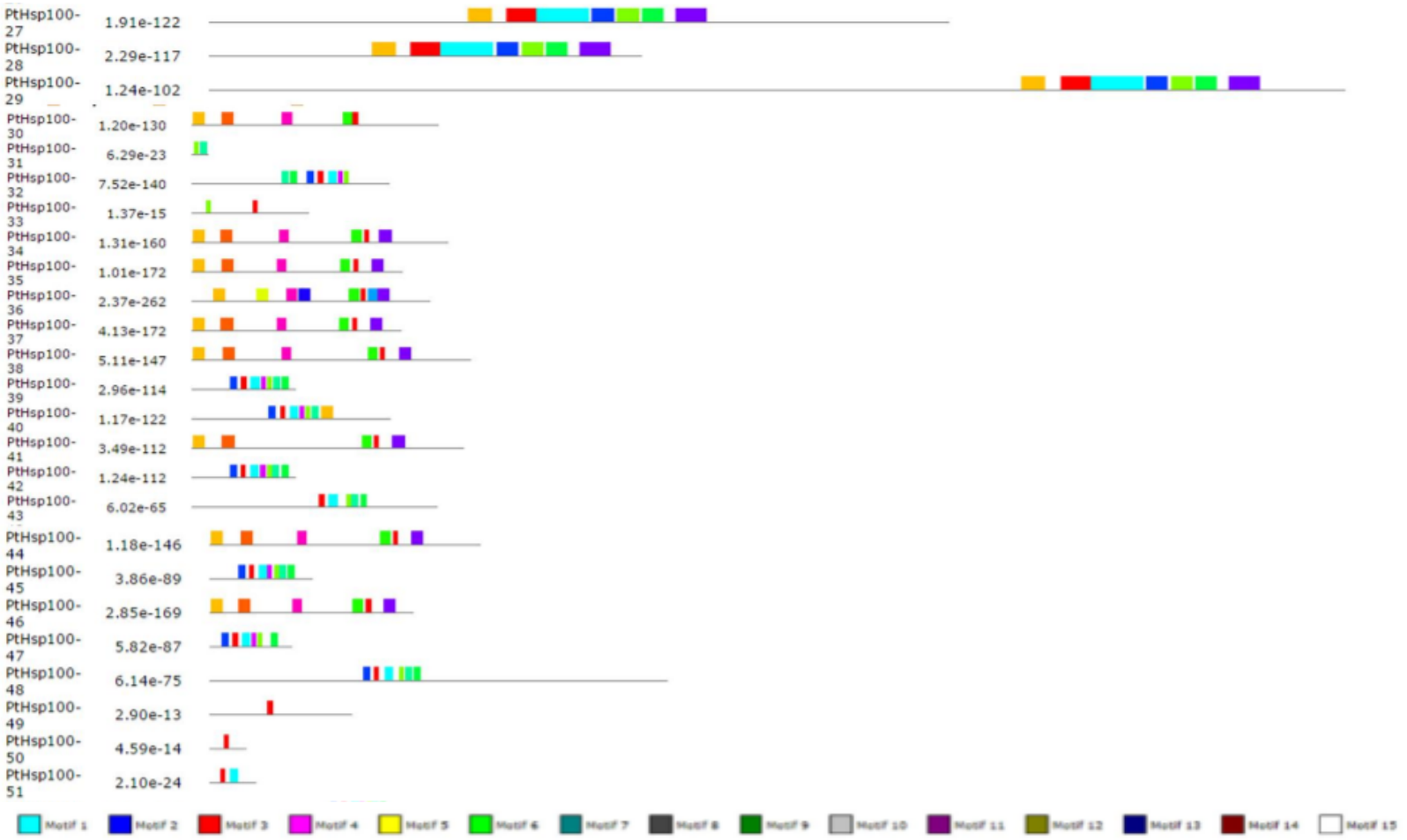
EK 28'in devamı;

PtHsp100-76	12662632-12668229	15	PtHsp100-55	12969706-12976488	12	53,6554	0,4877	0,0091	412,7338
			PtHsp100-56	13345602-13351962	12	0,2745	0,0638	0,2324	2,1115
PtHsp100-77	14227395-14230233	15	PtHsp100-02	9240591-924302	1	2,4805	0,3595	0,1449	19,0808
PtHsp100-78	1579883-1583815	16	PtHsp100-14	7419026-7426556	3	0,1412	13,9836	99,0340	1,0862
			PtHsp100-18	12073075-12079442	4	7,4752	3,9360	0,5265	57,5015
			PtHsp100-28	2358399-2366232	6	5,9459	15,3884	2,5881	45,7377
			PtHsp100-66	18287763-18293588	14	56,1595	0,4732	0,0084	431,9962
PtHsp100-79	5307321-5310967	16	PtHsp100-87	12568154-12573071	18	10,1526	0,7063	0,0696	78,0969
PtHsp100-80	7520748-7525799	16	PtHsp100-31	10100094-10105086	6	20,3141	11,1907	0,5509	156,2623
			PtHsp100-61	15562512-15567739	13	54,9608	0,6498	0,0118	422,7754
			PtHsp100-73	10524659-10529403	15	3,5988	0,0484	0,0134	27,6831
PtHsp100-81	9756461-9764458	16	PtHsp100-65	10650195-10653902	14	51,9366	0,6415	0,0124	399,5123
			PtHsp100-84	10115873-10118519	17	44,5219	0,5929	0,0133	342,4762
PtHsp100-82	2658437-2665437	17	PtHsp100-73	10524659-10529403	15	57,4833	0,8426	0,0147	442,1792
			PtHsp100-80	7520748-7525799	16	56,2152	0,9013	0,0160	432,4246
PtHsp100-84	3175593-3213696	17	PtHsp100-65	10650195-10653902	14	48,6984	0,2193	0,0045	374,6031
PtHsp100-85	10787380-10794026	17	PtHsp100-55	12969706-12976488	12	53,0152	0,5237	0,0099	407,8092
			PtHsp100-71	7805863-7809849	15	51,4934	0,4382	0,0085	396,1031
			PtHsp100-72	7816693-7820486	15	51,5875	0,4369	0,0085	396,8269
			PtHsp100-75	12301805-12308363	15	53,1526	0,5262	0,0099	408,8662
PtHsp100-86	10805906-10809601	18	PtHsp100-33	18710770-18715475	6	2,0965	15,6086	7,4451	16,1269
PtHsp100-87	12568154-12573071	18	PtHsp100-35	26571352-26578672	6	0,7167	17,8619	24,9224	5,5131
			PtHsp100-37	4222073-4227020	8	0,5139	17,3412	33,7443	3,9531
			PtHsp100-79	5307321-5310967	16	10,1496	0,7063	0,0696	78,0738
Ortalama						**27,8407**	**6,6804**	**8,2773**	**214,1590**

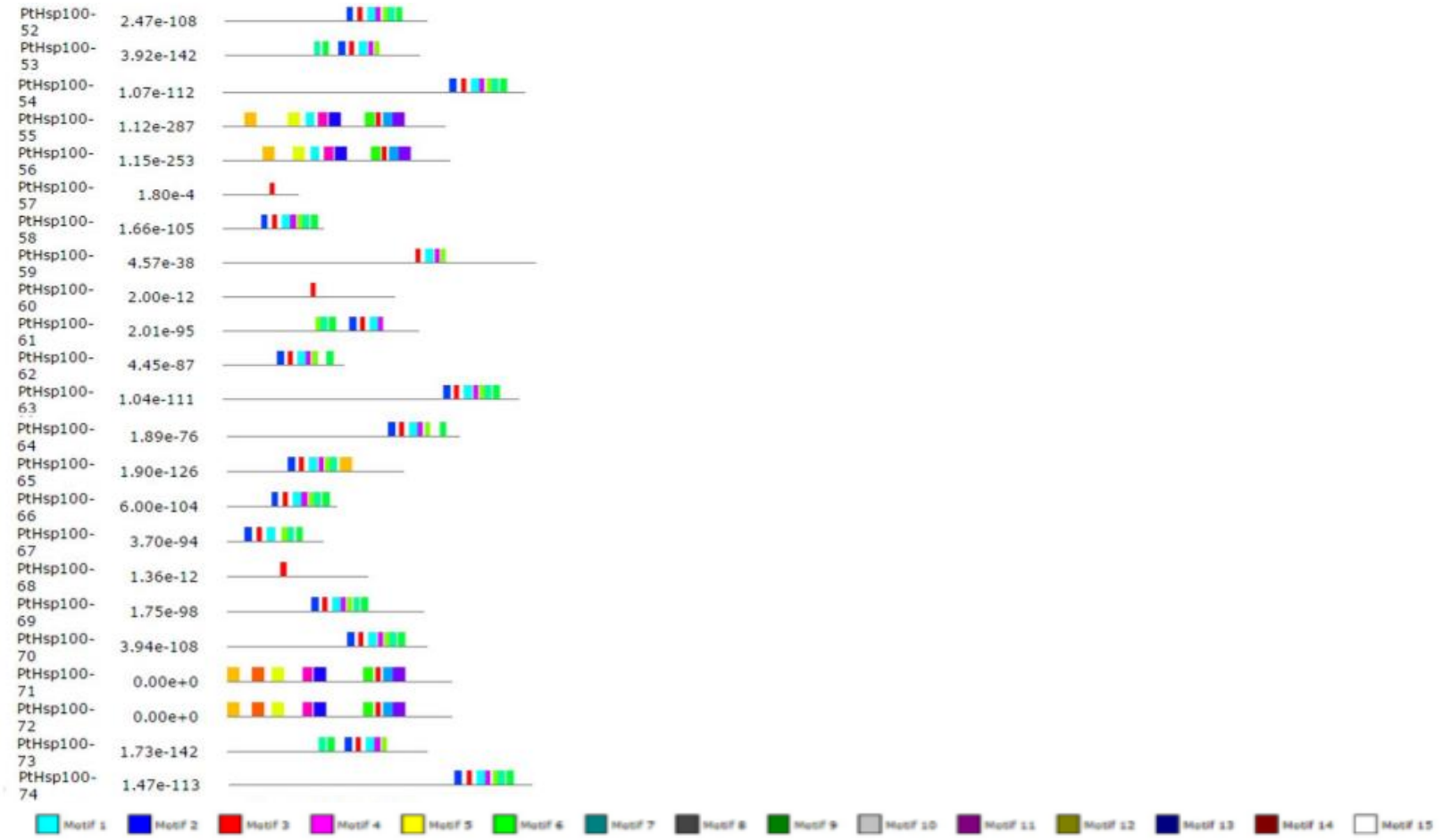
EK 29 ***PtHsp100*** **genlerine ait motif gösterimleri**



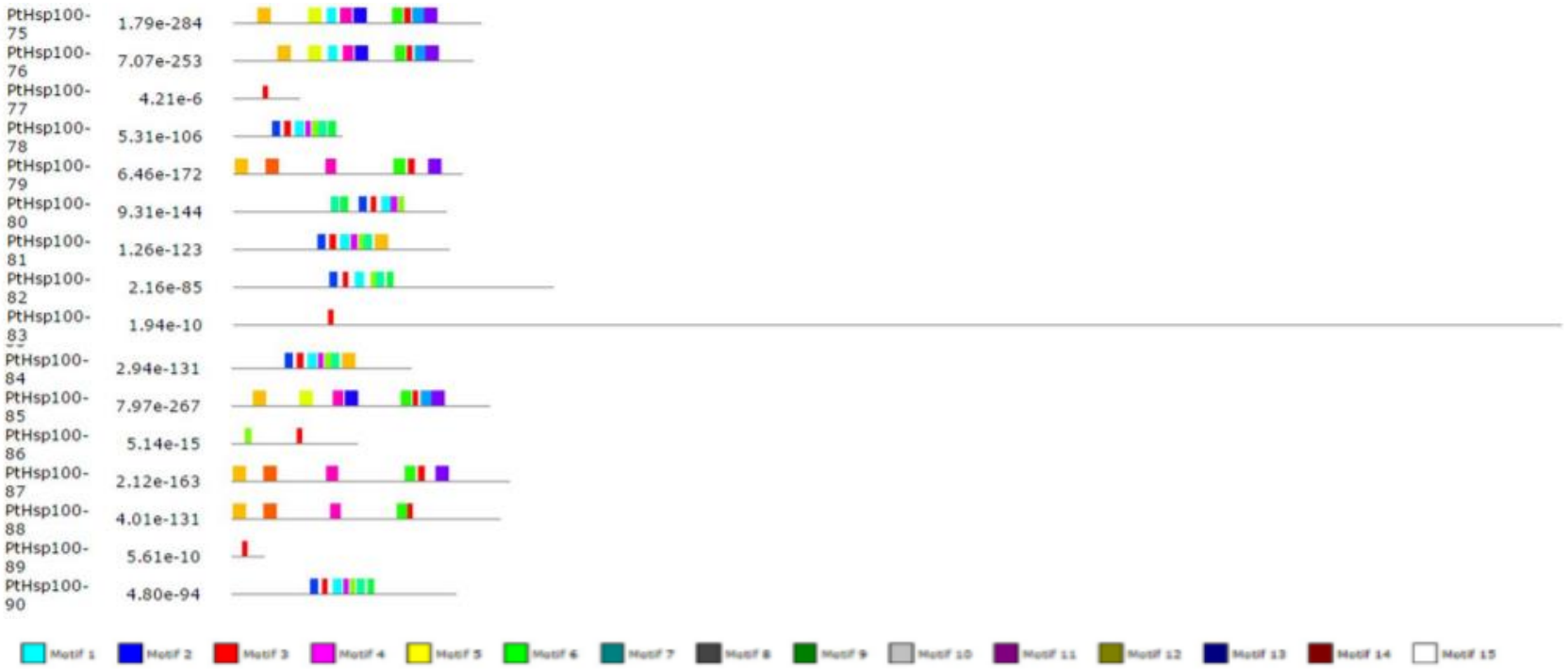
EK 29'un devamı;



EK 29'un devamı;



EK 29'un devamı;



EK 30 *PtHsp100* genlerine ait bulunan motiflerin genel özellikleri

Motif No.	Bölge	E-değeri	Hsp40 motif (birinci kısım sekanlar)	Uzunluk (aa)
Motif 1	27	6.2e-386	PKGVLLYGPPGTGKTMLAKAIAGEAGANF	29
Motif 2	23	6.8e-443	FYCSMSEFTSMWVGEGEKRVRDLFQYARCHQPCIIFIDEIDAMGGQRGSE	50
Motif 3	24	6.0e-217	VIVIMATNRPDDLDPALLRPG	21
Motif 4	24	7.1e-210	YEEVCMMTEGYSGADLKNLCNEAAMCAIRE	30
Motif 5	24	2.9e-153	VTWDDIGGLDHQKQCLMEMVMWP	23
Motif 6	25	2.6e-123	DRRIYVPLPDEEHRMWILKVH	21
Motif 7	24	3.2e-139	GHEEMQRTLNQFLTQWDGFDQ	21
Motif 8	8	1.3e-077	PQENLRPLYNYNTIVKNNGFHKYMVNCKSNIDEDHMMIQTRHNHNHHPKT	50
Motif 9	7	3.4e-046	HEDFMQEVRPSNEANELETYDHWNKQFGS	29
Motif 10	4	4.3e-040	RPLNMEDFKYAKNQVCASFAAEGASMNELQQWNELYGEGGSRKKQQLTY	49
Motif 11	3	4.6e-046	EPVPFSSLLKPKVEDPPDSQICWRKQVDENLKRLHSLQFGADLALEKRDF	50
Motif 12	3	1.9e-037	SPQSDSTNRGYGARSYGFSRRGVRGNFIPPIKSNGGNTGNV	41
Motif 13	3	7.7e-045	SHVEISSPRNDSANSPTNNEENNTDGSGNGFVTARAKLEMDAKQKHGLAG	50
Motif 14	5	4.9e-045	DSYKRCLEMLCGPDGELPEKYRNLEPRLIEHISNEIMDRDP	41
Motif 15	3	4.1e-042	DRRAFEQAGRGLGQVFSRKGDIDIEKIKQSKYFRALLQKYNIKLSNKLDD	50
Motif No.	**Bölge**	**E-değeri**	**Hsp40 motif (ikinci kısım sekanlar)**	**Uzunluk (aa)**
Motif 1	60	3.2e-567	KWVLFYGPPGTGKTMLAKAIA	21
Motif 2	35	2.1e-442	FGEGEKNVRELFQMARQCAPCIIFIDEIDSIGGQR	35
Motif 3	33	4.9e-279	VFVIAATNRPDILDPALLRPG	21
Motif 4	17	5.1e-297	PYSVVFFDEIEKAHPCVFNIMKQAIEDGRITDSQGRTVSFKNTIIIMTCN	50
Motif 5	23	1.3e-277	TTQQCFTAEAAHVCNHAVEYARRRGHAQVTPLHVAATMLSSPTGLLRRAC	50
Motif 6	25	1.8e-214	IARMTHGYSGADLKALCTEAAMQCIREKM	29
Motif 7	28	1.3e-201	MIVPEKPNVTWDDIGGLDNVKQELQETVMY	30
Motif 8	18	4.3e-258	LYRGRLWCMGATTYQTYMKCQEYHPALERRWQLQYVPIPSV	41
Motif 9	13	5.8e-222	QQQPILAIKVELEQLIISILDDPSVSRVMREAGFSSTQVKNNIEQPVNQE	50
Motif 10	8	6.3e-193	DPVIGRHPEIRRCVQILCRRTKNNPCLIGEPGVGKTAIAEGLAQRIVQGD	50
Motif 11	19	5.2e-189	GQFEKYNLKHLCDALHKRVWWQDEAIPAIATTILRCRAGMK	41
Motif 12	27	5.9e-184	DRRIMIPLPDIKGRAEILKIHTKNMKLAP	29
Motif 13	8	2.0e-172	MVRIDMSEYMERHTVSKLIGAPPGYVGYEEGGQLTEAVRRR	41
Motif 14	8	7.5e-173	ILRGLRERYEIHHGCRYTDEALVAAAQLSYRYITDRYLPDKAIDLIDEAC	50
Motif 15	26	5.1e-135	GGGHWAMRRTMNQLMTQWDGF	21

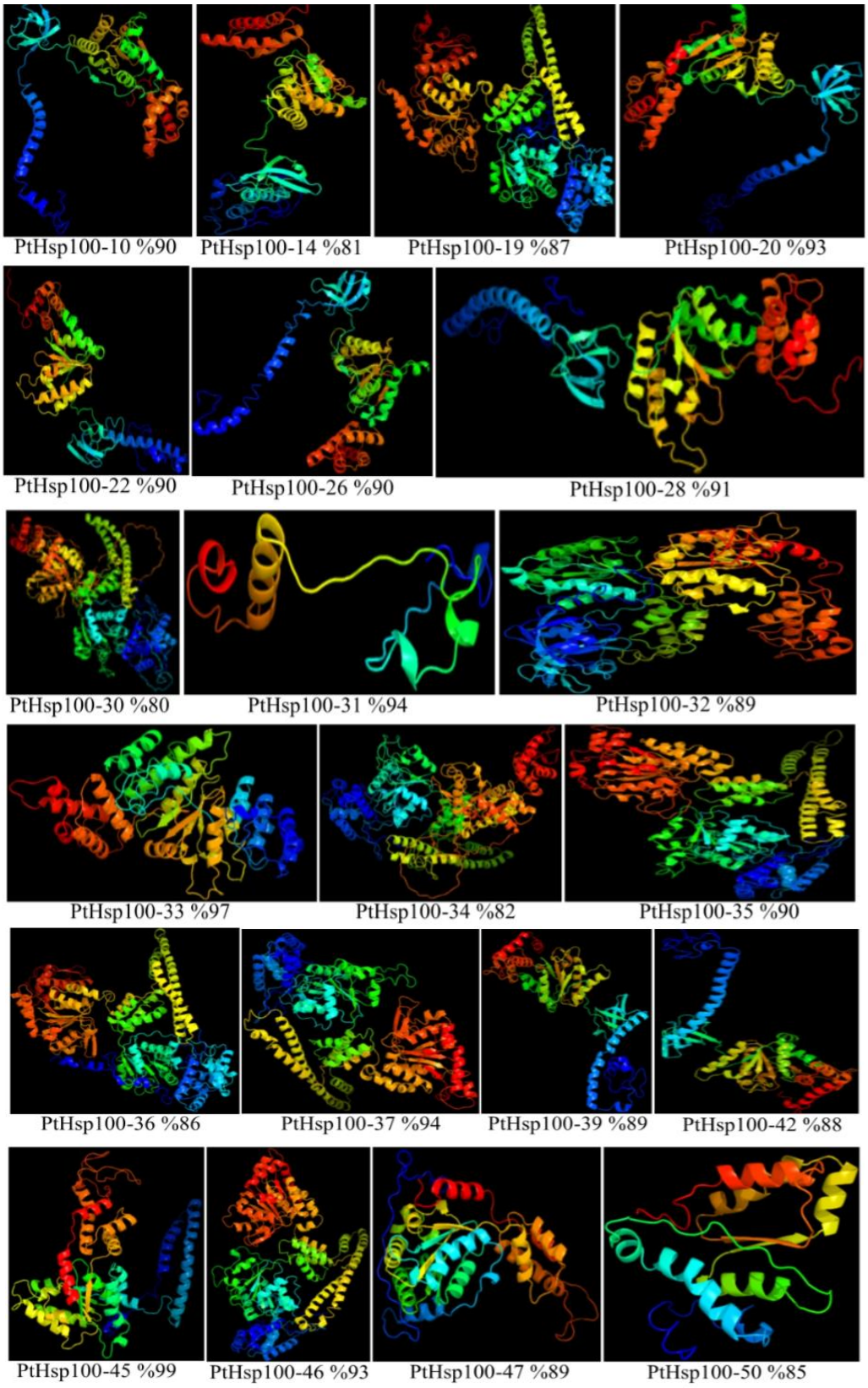
EK 31 PtHsp100 proteinlerinin Blast2Go analiz tablosu (Biyolojik Fonksiyon)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Biyolojik Fonksiyonu
PtHsp100-47	0.0E0	93.7%	metabolik süreç
PtHsp100-48	0.0E0	75.35%	hücre tabakası oluşumu, mikrotübül hücre iskelet organizasyonu, RNA polimeraz II promotöründen transkripsiyonun pozitif düzenlenmesi, doku gelişimi, organ morfogenezi, kromatin sessizleşmesinin negatif düzenlenmesi, organel organizasyonunun pozitif düzenlenmesi ile sitokinez
PtHsp100-49	0.0E0	82.2%	proteoliz, protein katlama
PtHsp100-51	2.1E-56	93.85%	metabolik süreç
PtHsp100-52	0.0E0	85.2%	metabolik süreç
PtHsp100-53	0.0E0	97.45%	hücre bölünmesi, metabolik süreç
PtHsp100-75	0.0E0	94.15%	proteoliz
PtHsp100-76	0.0E0	83.95%	protein metabolizması süreci, protein hekzamerizasyonu, ışığın yokluğuna tepki
PtHsp100-77	2.3E-147	81.75%	proteoliz
PtHsp100-78	0.0E0	95.85%	sitoskeleton organizasyonu, fotorespirasyon, proteazomal protein katabolik prosesinin pozitif regülasyonu, sitokinin yanıtı, yağ asidi beta-oksidasyonu, toksin katabolik süreç, amino asit girişi, yanlış katlanmış proteine cevap, glikoneogenesis, kök saç uzaması, proteazom çekirdeği kompleks montajı, pozitif regülasyon RNA polimeraz II transkripsiyonel preinisyasyon kompleksi montajı, ER'den Golgi vezikülü aracılı nakil, ER'ye bağlı ubikitin bağımlı protein katabolik süreç
PtHsp100-79	0.0E0	82.35%	protein metabolizması süreci
PtHsp100-80	0.0E0	98.4%	hücre bölünmesi, metabolik süreç
PtHsp100-81	0.0E0	90.45%	cristae oluşumu, protein kompleks montajı, mitokondriyal füzyon, proteinlerin mitokondriyal intermembran boşluğa girişi, hücre bölünmesi, mitokondriyal protein işleme
PtHsp100-82	0.0E0	90.95%	hücre bölünmesi, kromatin sessizleşmesinin negatif düzenlenmesi, RNA polimeraz II promotöründen transkripsiyonun pozitif düzenlenmesi
PtHsp100-83	0.0E0	82.15%	metabolik süreç, ribozomal büyük altünit montaj

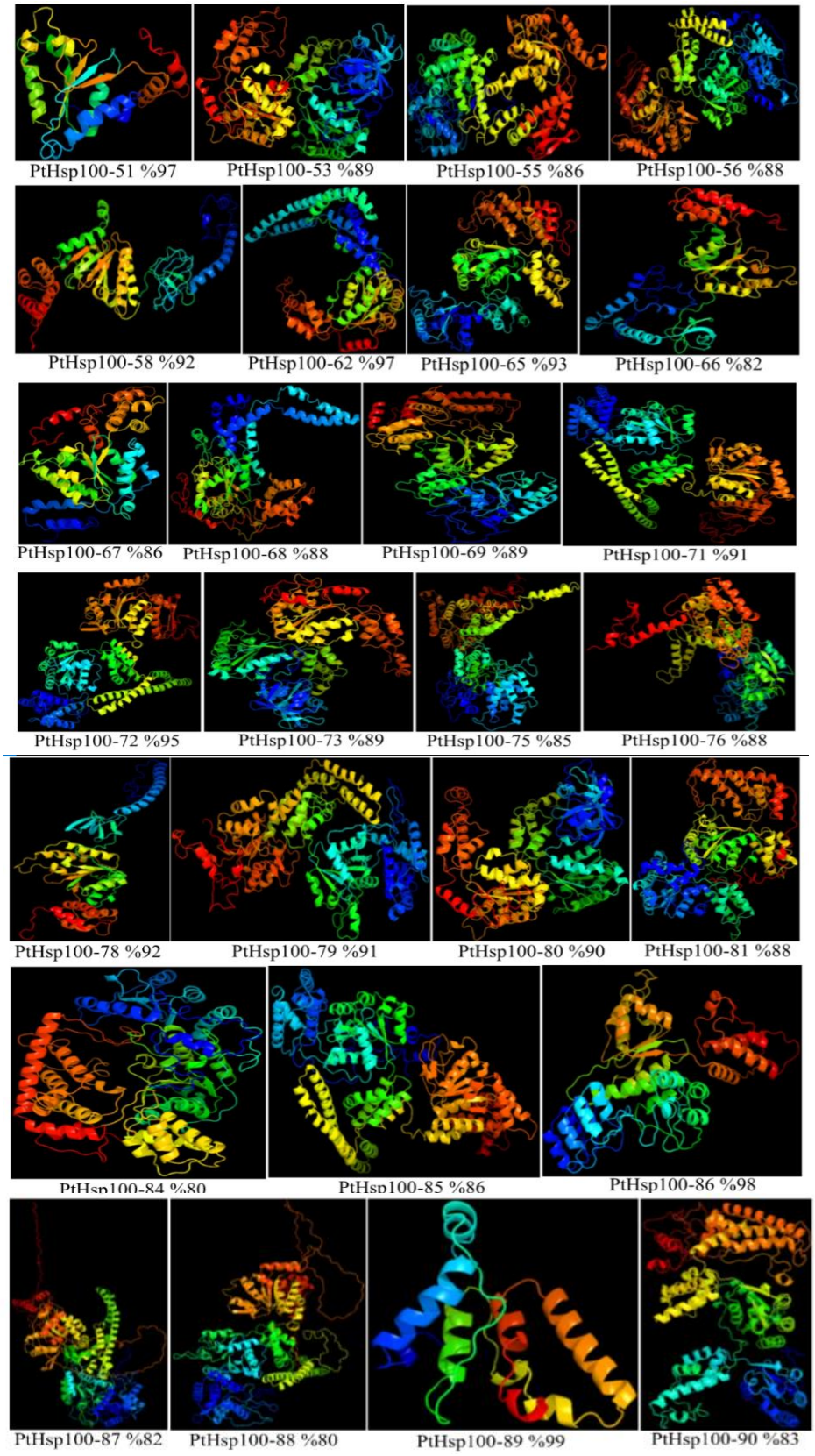
EK 31'in devamı; (Moleküler Fonksiyon-Hücresel Yerleşim)

Gen Adı	e değeri	Benzerlik Ortalaması	GO Moleküler Fonksiyonu
PtHsp100-47	0.0E0	93.7%	ATP bağlanması, mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi
PtHsp100-48	0.0E0	75.35%	ATPaz aktivitesi, çinko iyonu bağlama, kromatin bağlanma, ATP bağlama, histon bağlama
PtHsp100-49	0.0E0	82.2%	ATP bağlama, katlanmamış protein bağlama, peptidaz aktivitesi
PtHsp100-50	3.1E-44	57.85%	nükleotid bağlama, ATP bağlama, mikrotübül-kopma ATPaz aktivitesi
PtHsp100-51	2.1E-56	93.85%	ATP bağlanması, mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi
PtHsp100-52	0.0E0	85.2%	ATP bağlanması, mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi
PtHsp100-53	0.0E0	97.45%	ATP bağlama, hidrolaz aktivitesi
PtHsp100-75	0.0E0	94.15%	ATP bağlanması, peptidaz aktivitesi
PtHsp100-76	0.0E0	83.95%	ATPaz aktivitesi, ATP bağlanması, protein homodimerizasyon aktivitesi
PtHsp100-77	2.3E-147	81.75%	peptidaz etkinliği
PtHsp100-78	0.0E0	95.85%	mikrotubul kesen ATPaz aktivitesi, ATP bağlanması, TBP sınıfı protein bağlanması, proteazomu aktive eden ATPaz aktivitesi, peptidaz aktivitesi
PtHsp100-79	0.0E0	82.35%	hidrolaz etkinliği
PtHsp100-80	0.0E0	98.4%	ATP bağlanması, mikrotübül kesen ATPaz aktivitesi
PtHsp100-81	0.0E0	90.45%	çinko iyonu bağlama, ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi, metaloendopeptidaz aktivitesi, mikro-tübül-kopma ATPaz aktivitesi, ATP'ye bağlanma
PtHsp100-82	0.0E0	90.95%	ATPaz aktivitesi, ATP bağlanması, histon bağlanması, kromatin bağlanması
PtHsp100-83	0.0E0	82.15%	ATPaz etkinliği, ATP bağlanması
Gen Adı	**e değeri**	**Benzerlik Ortalaması**	**GO Hücresel Yerleşimi**
PtHsp100-47	0.0E0	93.7%	membranın integral bileşeni
PtHsp100-48	0.0E0	75.35%	çekirdek, plasmodezma
PtHsp100-50	3.1E-44	57.85%	membran, membranın integral bileşeni
PtHsp100-51	2.1E-56	93.85%	membranın integral bileşeni
PtHsp100-76	0.0E0	83.95%	kloroplast zarf
PtHsp100-77	2.3E-147	81.75%	plastid stroma, kloroplast kısmı
PtHsp100-78	0.0E0	95.85%	proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi, plazmodezma, sitozolik proteazom kompleksi, nükleer proteazom kompleksi, hücre duvarı, zar
PtHsp100-82	0.0E0	90.95%	çekirdek
PtHsp100-83	0.0E0	82.15%	çekirdek

EK 32 PtHsp100 proteinlerinin üç boyutlu homoloji modellemesi



EK 32'in devamı;



EK 33 *PtHsp100* genlerine ait hedef miRNA tablosu

miRNA ismi	Hedef Gen Adı	Beklenti değeri	UPE	miRNA_dizisi	Hedef_dizi
Arabidopsis lyrata					
aly-miR159a-5p	PtHsp100-59	3,00	22,93	GAGCUCCUUGAAGUUCAAAC	CUUUGGGUUUCAAGGAGCUU
aly-miR167d-3p	PtHsp100-86	3,00	21.468	AGGUCAUCCUGCAGCUUCAGU	ACUGAAGCUGCACGAUUACUU
aly-miR172c-5p	PtHsp100-45	3,00	12.622	GGAGCAUCAUCAAGAUUCAC	GUGCAUCUUGGUGAUACUCC
aly-miR3435-5p	PtHsp100-62	2,05	21.991	UGGCAUAAUUCUGUCAAUUCC	GAAAUUGACAGUAUUAUGUCA
aly-miR4241	PtHsp100-48	2,00	20,88	CUUUGGGAUUUUCUUACAGC	GCUGGAAGAAAGUCCCAAGG
aly-miR4245	PtHsp100-48	3,00	18.076	ACAAAGUUUUAUACUGACAAU	AUUGUAAAUAUGAGACUUUGU
aly-miR838-3p	PtHsp100-87	3,00	13.589	UUUUCUUCUUCUUCUUGCACA	UGUCCAAGAGUAAGAAGAAGA
Aegilops tauschii					
ata-miR167d-3p	PtHsp100-44	2,00	12.733	AGGUCAUGUGGCAGCUUCAU	AUGGAGCUUCCACAUGACUU
ata-miR2275b-5p	PtHsp100-55	3,00	20,72	AGAGUUGGAGGAAAACAAACA	UGAUUGUUUUCCGUCAACUUU
ata-miR2275c-3p	PtHsp100-55	2,05	7.009	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAA
ata-miR2275c-3p	PtHsp100-75	3,00	9.616	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAG
Arabidopsis thaliana					
ath-miR159b-5p	PtHsp100-59	3,00	22,93	GAGCUCCUUGAAGUUCAAUGG	UCUUUGGGUUUCAAGGAGCUU
ath-miR414	PtHsp100-31	3,00	23.542	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGGCGGGGCUGAUGAAGAUGA
ath-miR414	PtHsp100-36	3,00	11.548	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAAGGUGAUAAUGGAGAUGA
ath-miR414	PtHsp100-80	3,00	20.688	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGGCGGAGCUGAUGAAGAUGA
ath-miR414	PtHsp100-82	1,05	10.677	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	GAAGAUGAUGAUGAAGGUGA
ath-miR414	PtHsp100-82	3,00	8.925	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUAAUGAUGCAGAUGA
ath-miR414	PtHsp100-82	1,05	10.677	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	GAAGAUGAUGAUGAAGGUGA
ath-miR414	PtHsp100-82	3,00	8.925	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUAAUGAUGCAGAUGA
ath-miR4245	PtHsp100-48	3,00	18.076	ACAAAGUUUUAUACUGACAAU	AUUGUAAAUAUGAGACUUUGU
ath-miR5658	PtHsp100-37	2,05	14.734	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	UCCAUCAUCAUCAUCAUCUU
ath-miR5658	PtHsp100-60	1,00	11.121	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	AUCAUCAUCAUCAUCAUCAU
ath-miR856	PtHsp100-10	3,00	19,23	UAAUCCUACCAAUAACUUCA	UGCAGUUAUUGGAAGGAUUC
ath-miR865-3p	PtHsp100-44	3,00	14.604	UUUUUCCUCAAAUUUAUCCAA	UUGGGUCAAUUUGUGGAGAAA
Amborella trichopoda					
atr-miR828	PtHsp100-71	3,00	21.081	UGAUACUCAUUUCAGCAAGC	GCUUGCUGAGAGGGGUAUUG
atr-miR8564	PtHsp100-28	2,00	14.968	AGCUGUUGGGCUCAUAUGUUCAU	AUCAACAUAUGAACUCAACGGCU
atr-miR8612	PtHsp100-05	3,00	22.179	UGACCACGCGAUGAAAUUUG	AAGAUUUGAUCGCGUGGUUA

EK 33'ün devamı;

Brachypodium distachyon					
bdi-miR2275a	PtHsp100-53	3,00	18.446	UUUGGUUUCCUCCAAUGUCU	AGGCAUUUGAGGAAGCUGAA
bdi-miR2275a	PtHsp100-55	3,00	7.009	UUUGGUUUCCUCCAAUGUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAA
bdi-miR2275c	PtHsp100-75	3,00	9.616	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAG
bdi-miR7716-3p	PtHsp100-64	2,50	17.108	UUCGUUCUUCUCCAGUAAUUGACC	GGCCAAUCACUGCAGAAGAAUGAA
bdi-miR7731-3p	PtHsp100-18	3,00	15.977	AGGUUUGCUCUGGACUUUGG	CCAAGGUUCAUAGCGAAUCU
bdi-miR7731-3p	PtHsp100-84	3,00	17.288	AGGUUUGCUCUGGACUUUGG	CCAAAUUCCAGAUCGAGCCU
bdi-miR7733-5p	PtHsp100-74	2,50	22.363	UUCUCGCCAUUGCCAAACCA	UGGUUUGGUGAGGGUGAGAA
bdi-miR7748a-5p	PtHsp100-85	3,00	23.136	AUCCAACAACAAGGGACGUG	CACUUCCUUUGUUGUUAGAU
bdi-miR7748a-5p	PtHsp100-85	3,00	23.136	AUCCAACAACAAGGGACGUG	CACUUCCUUUGUUGUUAGAU
bdi-miR7756-5p	PtHsp100-36	3,00	17,43	CAAUGCAAUGCCAAGUCUUUCGA	UUGAGAGACUUGGCCUAGCAUUG
bdi-miR9486b	PtHsp100-15	3,00	16.245	UAAGUGAUUAGAGGUUCCAG	CUGCAAUCUCUUAUCAUUUA
Brassica rapa					
bra-miR1885a	PtHsp100-18	3,00	18.639	CAUCAAUGAAAGGUAUGAUU	GAUAAUCCUUUUCAUUGAUG
bra-miR1885a	PtHsp100-85	2,50	19.011	CAUCAAUGAAAGGUAUGAUU	GAUUAUCCUUUUCAUUGAUG
bra-miR9408-5p	PtHsp100-83	3,00	20.917	CAACAGUCUCAGGAUGGAAA	UUUCUGUCCUGGAGCUGUUG
bra-miR9558-3p	PtHsp100-22	3,00	22.106	UUGCAAGCCAGACAUUUCCU	UGGAAAUGUUGGGUUUGCAA
Cynara cardunculus					
cca-miR6118-3p	PtHsp100-39	3,00	18.532	UUCCGAGGCCACCCAUUCCAAC	GGUGGAAAGGGUGGCCGUGGAA
Cucumis melo					
cme-miR399g	PtHsp100-10	3,00	19.629	AGGGCUUCUCUCCAUUGGCAG	CUGCCAAUGGAGAGAAAUCCA
Carica papaya					
cpa-miR8145	PtHsp100-23	3,00	18.797	AUAAACAGAUAGAAUGACAG	CUGUCAUUAUAUUUGUUGAU
Glycine max					
gma-miR396f	PtHsp100-14	3,00	16.793	AGCUUUCUUGAACUUCUUAU	AGAAGGAGUCCAAGAGAGCU
gma-miR4395	PtHsp100-33	2,50	15.299	UGGAUAGGAGUAUGGGCUUG	CAAUCCCAAAUUCCUAUCCA
gma-miR9730	PtHsp100-87	3,00	19.354	CGAUUGCUGUCAUAACUGCUG	CAGCUGUUAAGGCAGCAAUUG
gma-miR9738	PtHsp100-32	3,00	22.024	UGAAACAUGAUGUGGACUCUUC	GCAGACUCCACUUCAUGUUUCU
gma-miR9749	PtHsp100-55	2,50	13.828	UUAGCUUCUUUCACCUUUCC	GGAAAGAUUGAAGAAGCUAA
gma-miR9749	PtHsp100-75	2,00	11.144	UUAGCUUCUUUCACCUUUCC	GGAAAGAUUAAAGAAGCUAA
Gossypium raimondii					
gra-miR166d	PtHsp100-35	2,50	11.596	UGAUGGGAAUGUUGUUUGGCU	GGCCAGACAACAUUUCCGUCC

EK 33'ün devamı;

gra-miR482	PtHsp100-22	2,50	5.156	UCUUUCCAAUUCCUCCCAUU	AAUUGGAAGAAUUGGAGAGA
gra-miR482	PtHsp100-59	2,50	1.081	UCUUUCCAAUUC-CUCCCAUUC	GUAUGGGAGAGAAUUGGAGAGA
gra-miR482	PtHsp100-90	2,50	4.847	UCUUUCCAAUUCCUCCCAUU	AAUUGGAAGAAUUGGAGAGA
gra-miR482c	PtHsp100-14	3,00	23,21	UUCCCAAAACCUCCAAUUCC	GUAAUAGGAGGUUUUGGGAU
gra-miR7486c	PtHsp100-06	3,00	17.962	UUUGUCCACGUGAACAGAAAA	UUUUCUGAUCAAGUGGAUGAA
gra-miR7486c	PtHsp100-41	3,00	20.712	UUUGUCCACGUGAACAGAAAA	UUUUCUGAUCAAGUGGAUGAA
gra-miR7494b	PtHsp100-10	3,00	9.831	AGAGGGAGAAGCAGAAGAGA	CCUCUUCUCCUCCUCCCUCU
gra-miR8657a	PtHsp100-83	3,00	11.045	UGUAGUAAUUGUAGAAGUUCAGG	UCUGAACUUCUAAAAUUAUUAGA
gra-miR8714	PtHsp100-74	2,50	22.381	AUGGACGAAAUGAAAGUAGAG	UUCUCCUUUCAUUUUGUUUAU
gra-miR8722	PtHsp100-59	3,00	18.273	CAUGUUUUUCCUGUUCAUCUU	GAGGGGAACGGGAAAAACAUC
gra-miR8730	PtHsp100-36	3,00	12.314	CUAAGAGAUUGGGAUUUGGU	ACCAAACCUCAAGUUCUUAG
Hevea brasiliensis					
hbr-miR6169	PtHsp100-14	3,00	10.307	UAGUAUUUCUCUUUUCUCUCU	AUAGAGGAAAGAGGAAUGCUG
hbr-miR6169	PtHsp100-36	3,00	10.122	UAGUAUUUCUCUUUUCUCUC	GAGAAAAAAGAGAAACACUG
Hordeum vulgare					
hvu-miR6192	PtHsp100-10	2,50	2.223	UAGGAGAGGGGGGAAGGGAUC	GAUCUCUUCCUCCCUCUUCUC
hvu-miR6192	PtHsp100-63	3,00	4.154	UAGGAGAGGGGGGAAGGGAUC	GCUCCCUUCCUCCCUCUUCUC
Lotus japonicus					
lja-miR7529	PtHsp100-65	3,00	18.719	CCGUAGCAUCAAUUU-AUCCG	UGGAUGAAAUUGAUGCUGUGG
Linum usitatissimum					
lus-miR172j	PtHsp100-83	3,00	15.052	GCAGCAUCAUCAAGAUUCCC	GGGGAUUUUGUUGAUGCUGA
Malus domestica					
mdm-miR482b	PtHsp100-10	3,00	17.409	UCUUUCCUAUCCCUCCCAUU	GAUGAGAGGGAAAGGAGAGA
mdm-miR482b	PtHsp100-63	3,00	18.888	UCUUUCCUAUCCCUCCCAUU	GAUGAGAGGGAAAGGAGAGA
Manihot esculenta					
mes-miR2275	PtHsp100-55	2,50	7.009	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCUU	AAGCUAAUGGAGGAAAUCAAA
mes-miR2275	PtHsp100-75	3,00	9.616	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCUU	AAGCUAAUGGAGGAAAUCAAG
mes-miR477f	PtHsp100-35	3,00	18.794	AUCUCCCUCAAAGGCUUCCA	UGGGAGUCUUGAAGGGAGAU
Medicago truncatula					
mtr-miR1507-3p	PtHsp100-48	3,00	22.191	CCUCGUUCCAUACAUCAUCU	AUAUGAUGUAUGGGACGGGU
mtr-miR2612	PtHsp100-28	3,00	22.714	UGAUAGUGUCAACUAGUACAG	UUGUAUUUGUUCACACUAUUA
mtr-miR2627	PtHsp100-76	3,00	19.394	UUUCGGUAGUUAACUGCUGAG	UUCAGCAGCUGACUGCCGAGG
mtr-miR2634	PtHsp100-05	3,00	15.229	UUUAUUCUCAGUUUGUUGCU	AGCAACAAAC-GAGGAUAGA

EK 33'ün devamı;

mtr-miR2673a	PtHsp100-66	3,00	14.605	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	AGAAGAGAAAGUGGAAGAGG
mtr-miR2673a	PtHsp100-70	2,50	15.264	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	GGAAGCUGAAGGGGAAGAGG
mtr-miR2673a	PtHsp100-82	3,00	6.953	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	UGAAGGUGAAGAGGAGGAGG
mtr-miR2673b	PtHsp100-66	3,00	14.605	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	AGAAGAGAAAGUGGAAGAGG
mtr-miR2673b	PtHsp100-70	2,50	15.264	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	GGAAGCUGAAGGGGAAGAGG
mtr-miR2673b	PtHsp100-82	3,00	6.953	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	UGAAGGUGAAGAGGAGGAGG
mtr-miR319c-5p	PtHsp100-59	2,50	23.338	GGAGUUCCUUGCAGCCCAAAG	CUUUGGGUUUCAAGGAGCUUC
mtr-miR5212-3p	PtHsp100-83	3,00	20.739	CCAAGGAAAUAGAUAUCCAG	UUGGAUAACUAUCUUCUUGG
mtr-miR5248	PtHsp100-29	3,00	15.013	UUUUUAGUUGGCAUGCAUUCA	UGAAUCCAGGUCAACUGAAAA
mtr-miR5753	PtHsp100-37	3,00	14.086	AUUUUGAUUGGUGCCAACUA	UGGUUGGGGCAAAUCAAAAU
Oryza sativa					
osa-miR1440b	PtHsp100-21	2,00	22.351	UUUAGGAGAGUGGUAUUUGA	ACAAAUGCCACUUUCCUAAA
osa-miR1440b	PtHsp100-21	2,00	22.351	UUUAGGAGAGUGGUAUUUGA	ACAAAUGCCACUUUCCUAAA
osa-miR1440b	PtHsp100-58	2,50	22.477	UUUAGGAGAGUGGUAUUUGA	ACAAAUGCCACUUUCUUAAA
osa-miR166c-5p	PtHsp100-64	2,50	10.946	GGAAUGUUGUCUGGUCCGAG	CUCGCAACAGACAACAUUUC
osa-miR1857-5p	PtHsp100-76	3,00	19.842	UGGUUUUUUUGGAGCAUGAGG	UCUUAUGCUGCAAUAAAAUCA
osa-miR2122	PtHsp100-44	2,50	16.748	UUUCAAAAAUAACCUUUUGU	GCAAGAGCUUAUUUUUGGAA
osa-miR2275a	PtHsp100-55	2,50	7.009	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAA
osa-miR2275a	PtHsp100-75	3,00	9.616	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAG
osa-miR2874	PtHsp100-74	3,00	20.129	AUGUGAACAGUGUCAAACAGUGU	ACAUUGUUUGAGGCUGUUCACAG
osa-miR2928	PtHsp100-58	2,50	13.905	AAGAAGACGACAUUUUGUUG	CAAGAAAGUCUCGUCUUCUU
osa-miR414	PtHsp100-31	3,00	16.059	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGAGGAAGAUGUUGAGGAUGA
osa-miR414	PtHsp100-48	3,00	3.183	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAGGAUGAGGAGGGUGA
osa-miR414	PtHsp100-80	3,00	12.927	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGAGGAAGAUGUUGAGGAUGA
osa-miR414	PtHsp100-82	3,00	10.677	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGAAGAUGAUGAUGAAGGUGA
osa-miR5073	PtHsp100-83	3,00	24.404	GUUUGGUGAAUCGGAAACUAUU	GAUGGUCUCAGAUUCAUCAAAC
osa-miR5145	PtHsp100-05	1,05	17.282	ACCUGUUUGGAUUCUUGAGGGCU	AUUUCUCAGGAAUCCAGACAGGU
osa-miR5157a-5p	PtHsp100-83	3,00	17.586	AACUUUUUAAUAGCUACAACUU	AGGAUGUAGCUAUAGAGAAGUU
osa-miR5489	PtHsp100-11	3,00	18,29	CAGGUGUUCUCGAUGGCUUCC	GGUAGCCAU-GAGAACACCUG
osa-miR5489	PtHsp100-12	3,00	18,29	CAGGUGUUCUCGAUGGCUUCC	GGUAGCCAU-GAGAACACCUG
osa-miR5500	PtHsp100-83	3,00	14,79	AUCACUG-AUGAAAUCUUGC	GCAAUAUUUCAUGCAGUGAU
osa-miR5543	PtHsp100-31	3,00	16.959	UAUGAAUGGUAUAUUUUCUU	AAGGAAAGAUACUAUUUGUA
osa-miR5817	PtHsp100-79	3,00	14.509	AUCGAAUUUGAAAGAAAAAG	UUUUUUCUCUCAAAUUCGUU

EK 33'ün devamı;

Picea abies					
pab-miR1311	PtHsp100-53	2,50	24.617	UCAGAGUUUUGCCAGUUCCG	UGGGUCUGGUAAAACUCUGA
Prunus persica					
ppe-miR6275	PtHsp100-35	3,00	1.953	AGUGGAAGUAGCAAGGGGAAG	CUUCCACUCGCUUCUUCCACU
ppe-miR6288c-3p	PtHsp100-69	3,00	17.877	AACCAAUUAGAA-AAUAACAA	UUCUUAUUCUUCUAAUUGGUU
ppe-miR6291c-3p	PtHsp100-83	3,00	11.342	CAAGGUAGUUUAUAAAUGUGG	UCAAAUUUACAAAAUACCUUG
Physcomitrella patens					
ppt-miR1039-5p	PtHsp100-10	3,00	17.503	UCUUUGGGUCUUUCUCUCCU	AGGAGAGAAAUCCUCAAGGA
ppt-miR1039-5p	PtHsp100-63	3,00	15,15	UCUUUGGGUCUUUCUCUCCU	AGGAGAGAAAUCCUCAAGGA
ppt-miR1046-5p	PtHsp100-55	2,50	12.806	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	CGUGAGCGAUAUGAGAUCCA
ppt-miR1046-5p	PtHsp100-75	2,50	16.433	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	CGUGAGCGAUAUGAGAUCCA
ppt-miR1061-5p	PtHsp100-73	3,00	12.887	UUAUUUCAUAGACUACUCAAA	UUUGAGGAGUCAAUGAAAUAU
ppt-miR1078	PtHsp100-61	3,00	18.065	UUUGGAUGAUUCAAUUGUGA	UUGCCAUUGUAUCAUCCAAA
ppt-miR1217-3p	PtHsp100-55	2,00	19.229	AAUUUGAAGCAUGAUGUCAAG	UUUAAUAUUAUGCUUCAAAUU
ppt-miR1217-3p	PtHsp100-75	1,05	18.416	AAUUUGAAGCAUGAUGUCAAG	UUUAACAUUAUGCUUCAAAUU
ppt-miR414	PtHsp100-31	3,00	16.059	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUCC	GGAGGAAGAUGUUGAGGAUGA
ppt-miR414	PtHsp100-36	3,00	23.743	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GACAAGGAAGAUGAGGGUGG
ppt-miR414	PtHsp100-46	3,00	21,34	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GACAAGGAAGAUGAGGAUGU
ppt-miR414	PtHsp100-48	2,00	3.183	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAGGAUGAGGAGGGUGA
ppt-miR414	PtHsp100-80	3,00	12.927	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUCC	GGAGGAAGAUGUUGAGGAUGA
ppt-miR414	PtHsp100-82	3,00	11.409	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GGCGAGGAAGAUGAUGAUGA
ppt-miR477g-3p	PtHsp100-35	3,00	15.031	GUUGGAAGCCUUCGUGGGAG	CUCGCACGAAGG-UUCCAAC
ppt-miR902j-3p	PtHsp100-23	2,50	19.422	AGAAGGAUCUGCAACAUAGAC	GUCUAUUUUGCAGAUUCUUCA
Pinus taeda					
pta-miR1311	PtHsp100-53	2,50	24.617	UCAGAGUUUUGCCAGUUCCG	UGGGUCUGGUAAAACUCUGA
pta-miR1314	PtHsp100-69	3,00	19.624	UCGGCCUUGAAUGUUAGGAG	AUCCUGACGUUAAAGGCCGA
pta-miR398	PtHsp100-70	3,00	17.246	UGUGUUCCAAGGUCACCCCAG	CUGGGGUGACAUUGGAACGAA
Populus trichocarpa					
ptc-miR172b-5p	PtHsp100-45	3,00	12.622	GGAGCAUCAUCAAGAUUCAC	GUGCAUCUUGGUGAUACUCC
ptc-miR477d-5p	PtHsp100-33	3,00	16.732	AUCUCCCUCAAAGGCUUCCUC	GAGGAAGCUUUUG-GGGAGGU
ptc-miR6421-5p	PtHsp100-36	2,50	24,34	UCCCUUACAAUCUACUCUUU	AAAGAGAAGAUUGCAAGGGA
Phaseolus vulgaris					
pvu-miR482-5p	PtHsp100-48	2,50	11.684	GGAAUGGGCUGAUUGGGAAG	CUUCCCACUCACCUCAUUCC

EK 33'ün devamı;

Sorghum bicolor					
sbi-miR6218-3p	PtHsp100-39	3,00	18,22	ACAAGUUUCGUGAUUUUUGG	CAAGAAAUCAUGGAAUUUGU
sbi-miR6218-3p	PtHsp100-40	3,00	18,22	ACAAGUUUCGUGAUUUUUGG	CAAGAAAUCAUGGAAUUUGU
sbi-miR6218-3p	PtHsp100-48	2,50	6.744	ACAAGUUUCGUGAUUUUUGG	CCAAACAUCAUAAAACUUGU
sbi-miR6232b-5p	PtHsp100-52	2,50	6.755	UUUUUGGUACAUUGAAUUUG	CAGAUUCAAGAUACCAAAAA
Setaria italica					
sit-miR20-npr	PtHsp100-53	3,00	17.624	UUCUCAAAUUUUGCAUGAUG	CAUCCUGAGAAGUUUGAGAA
sit-miR20-npr	PtHsp100-73	3,00	17.233	UUCUCAAAUUUUGCAUGAUG	CAUCCUGAGAAGUUUGAGAA
Solanum	*lycopersicum*				
sly-miR6024	PtHsp100-03	2,50	20.855	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUA	AAAAACCACUCUUGCUAAAG
sly-miR6024	PtHsp100-03	2,50	20.855	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUA	AAAAACCACUCUUGCUAAAG
sly-miR9472-5p	PtHsp100-47	2,50	12.601	UUUCAGUAGACGUUGUGAAU	AUGCAAAACGUUUACUGAAA
sly-miR9477-5p	PtHsp100-76	2,50	23.564	UAUCCGUUGUUCCCUUUUCCUAC	GUCGGAAAAGGGAACAAGGGAUC
Solanum tuberosum					
stu-miR172d-5p	PtHsp100-45	3,00	12.622	GGAGCAUCAUCAAGAUUCAC	GUGCAUCUUGGUGAUACUCC
stu-miR172e-5p	PtHsp100-11	2,50	22.022	GCAACAUCAUCAAGAUUCAC	GUGACAUUUGAUGAUGUUGC
stu-miR172e-5p	PtHsp100-12	2,50	22.186	GCAACAUCAUCAAGAUUCAC	GUGACAUUUGAUGAUGUUGC
stu-miR172e-5p	PtHsp100-65	2,50	19.915	GCAACAUCAUCAAGAUUCACA	UGUGACAUUUGAUGAUGUUGC
stu-miR172e-5p	PtHsp100-84	2,50	20.894	GCAACAUCAUCAAGAUUCAC	GUGACAUUUGAUGAUGUUGC
stu-miR6024-3p	PtHsp100-03	2,50	20.855	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUC	AAAAACCACUCUUGCUAAAG
stu-miR6024-3p	PtHsp100-55	2,50	19.775	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUC	GAAACCAGCUCUUGCUAGAG
stu-miR8035	PtHsp100-04	3,00	15.191	UCCAUCUUCAAUAUCACUUU	AUGGUGAUGCUGAAGAUGGA
stu-miR8040-3p	PtHsp100-74	3,00	8.481	CUUAUAAUUGUAAUUAUGAU	AUCAUAAUCAUAAUAAUAAG
Triticum aestivum					
tae-miR2275-3p	PtHsp100-55	2,50	7.009	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAA
tae-miR2275-3p	PtHsp100-75	3,00	9.616	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGCUAAUGGAGGAAAUCAAG
Vitis vinifera					
vvi-miR3631b-3p	PtHsp100-83	2,00	20.814	UGUUGGAUGAUGUCAAUAAGU	GCUUGUUGAGAUCAUUCAACA
vvi-miR477a	PtHsp100-35	3,00	18.794	AUCUCCCUCAAAGGCUUCCA	UGGGAGUCUUGAAGGGAGAU
vvi-miR477b-3p	PtHsp100-27	1,00	20.246	CGAAGUCUUUGGGGAGAGUGG	UCAUUCUCCCCAAGGACUUCG
Zea mays					
zma-miR2275b-3p	PtHsp100-53	3,00	18.446	UUCAGUUUCCUCUAAUAUCU	AGGCAUUUGAGGAAGCUGAA
zma-miR482-3p	PtHsp100-45	3,00	15.995	UCUUCCUUGUUCCUCCCAUU	GGUGGGAAGGACAAGGAGGA

EK 34 *PtHsp100* genlerine ait ortolog gen ilişkiler *(Arabidopsis thaliana)*

(PtHsp100) - *Populus –Arabidopsis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp100-01	1	AT1G64110.3	1	3,43	0,17	0,04	26,39
		AT4G28000.1	4	2,82	0,21	0,07	21,73
		AT5G52882.1	5	3,38	0,22	0,06	25,97
PtHsp100-02	1	AT4G12060.1	4	50,05	0,38	0,01	385,00
		AT4G25370.1	4	2,51	0,43	0,17	19,32
PtHsp100-03	1	AT2G03670.1	2	2,73	0,18	0,07	21,00
PtHsp100-04	1	AT1G80350.1	1	2,90	0,12	0,04	22,33
PtHsp100-05	1	AT5G58870.1	5	1,78	0,18	0,10	13,71
		AT3G47060.1	3	1,43	0,16	0,11	10,97
		AT1G50250.1	1	47,47	0,63	0,01	365,14
		AT1G06430.1	1	27,45	0,67	0,02	211,16
PtHsp100-07	1	AT3G27120.1	3	1,80	0,14	0,08	13,88
		AT2G45500.1	2	60,16	0,67	0,01	462,77
PtHsp100-08	2	AT3G27120.1	3	1,80	0,14	0,08	13,88
		AT2G45500.1	2	60,16	0,67	0,01	462,76
PtHsp100-10	2	AT5G43010.1	5	2,49	8,83	3,54	19,17
		AT1G45000.1	1	3,22	16,76	5,20	24,79
PtHsp100-14	3	AT4G29040.1	4	8,27	4,12	0,50	63,59
		AT2G20140.1	2	11,14	4,59	0,41	85,70
PtHsp100-16	4	AT1G64110.2	1	2,40	17,47	7,28	18,44
		AT4G28000.1	4	3,72	16,84	4,53	28,58
		AT5G52882.1	5	0,19	15,90	83,44	1,47
PtHsp100-17	4	AT4G04180.1	4	5,88	5,58	0,95	45,26
PtHsp100-18	4	AT3G02450.1	3	47,60	4,96	0,10	366,18
PtHsp100-20	4	AT5G43010.1	5	0,41	15,93	38,77	3,16
		AT1G45000.1	1	12,63	13,10	1,04	97,14
PtHsp100-22	5	AT3G05530.1	3	10,05	13,86	1,38	77,30
		AT1G09100.1	1	0,16	15,89	98,99	1,23
PtHsp100-23	5	AT5G64580.1	5	33,51	5,95	0,18	257,79
PtHsp100-28	6	AT5G58290.1	5	1,47	17,42	11,82	11,34
PtHsp100-33	6	AT3G24530.1	3	0,12	11,53	99,01	0,90
PtHsp100-35	6	AT3G52490.1	3	1,56	5,41	3,47	11,98
PtHsp100-37	8	AT3G52490.1	3	2,83	3,62	1,28	21,73
PtHsp100-39	9	AT5G19990.1	5	52,68	1,35	0,03	405,26
		AT5G20000.1	5	20,17	9,94	0,49	155,13
PtHsp100-40	9	AT1G07510.1	1	2,64	0,16	0,06	20,30
		AT2G29080.1	2	3,26	0,15	0,05	25,04
PtHsp100-41	9	AT2G29970.1	2	2,43	0,45	0,18	18,68
PtHsp100-42	10	AT5G19990.1	5	1,36	0,04	0,03	10,49
		AT5G20000.1	5	1,40	0,05	0,03	10,78
PtHsp100-43	10	AT1G79560.1	1	1,51	0,14	0,10	11,61
PtHsp100-45	10	AT2G27600.1	2	4,00	0,12	0,03	30,81
PtHsp100-47	11	AT2G34560.1	2	2,24	0,13	0,06	17,26
PtHsp100-51	12	AT5G53540.1	5	3,00	0,45	0,15	23,05
		AT4G27680.1	4	53,62	0,41	0,01	412,48
PtHsp100-52	12	AT5G52882.1	5	2,48	0,17	0,07	19,06
		AT4G28000.1	4	2,21	0,17	0,08	16,96
PtHsp100-53	12	AT5G03340.1	5	12,17	0,06	0,01	93,63
		AT3G09840.1	3	8,70	0,06	0,01	66,92
		AT3G53230.1	3	5,94	0,06	0,01	45,66
PtHsp100-55	12	AT5G50920.1	5	2,15	0,08	0,04	16,54
		AT3G48870.1	3	2,07	0,10	0,05	15,96

EK 34'ün devamı; ***(Arabidopsis thaliana)***

PtHsp100-56	12	AT5G51070.1	5	2,05	0,21	0,10	15,75
PtHsp100-57	12	AT4G12060.1	4	53,18	0,40	0,01	409,05
PtHsp100-58	13	AT3G05530.1	3	1,85	0,02	0,01	14,20
		AT1G09100.1	1	2,08	0,03	0,01	16,01
PtHsp100-59	13	AT3G04340.1	3	1,95	0,22	0,11	14,98
PtHsp100-60	13	AT5G53350.1	5	11,31	0,27	0,02	87,02
PtHsp100-62	14	AT2G45500.2	2	1,55	0,18	0,11	11,96
PtHsp100-65	14	AT2G30950.1	2	1,87	0,08	0,04	14,39
		AT1G06430.1	1	1,92	0,08	0,04	14,79
PtHsp100-66	14	AT4G29040.1	4	2,31	0,02	0,01	17,77
		AT2G20140.1	2	2,26	0,02	0,01	17,40
PtHsp100-67	15	AT4G27680.1	4	2,24	0,11	0,05	17,20
		AT5G53540.1	5	2,34	0,14	0,06	18,04
PtHsp100-68	15	AT1G33360.1	1	7,98	0,34	0,04	61,38
PtHsp100-69	15	AT5G53170.1	5	1,83	0,15	0,08	14,08
PtHsp100-70	15	AT5G52882.1	5	2,06	0,15	0,07	15,81
		AT4G28000.1	4	2,11	0,16	0,08	16,22
		AT1G64110.2	1	6,41	0,18	0,03	49,29
PtHsp100-71	15	AT1G74310.1	1	3,50	0,07	0,02	26,95
PtHsp100-72	15	AT1G74310.1	1	3,49	0,07	0,02	26,86
PtHsp100-73	15	AT3G09840.1	3	8,11	0,06	0,01	62,36
		AT3G53230.1	3	5,96	0,06	0,01	45,83
PtHsp100-75	15	AT5G50920.1	5	2,04	0,09	0,05	15,67
		AT3G48870.1	3	2,02	0,11	0,06	15,52
PtHsp100-76	15	AT5G51070.1	5	2,01	0,21	0,11	15,44
PtHsp100-78	16	AT5G58290.1	5	2,98	0,04	0,01	22,95
PtHsp100-80	16	AT3G53230.1	3	2,39	0,03	0,01	18,37
		AT5G03340.1	5	2,40	0,04	0,01	18,44
		AT3G09840.1	3	2,20	0,04	0,02	16,91
PtHsp100-81	16	AT2G29080.1	2	4,36	0,18	0,04	33,50
		AT1G07510.1	1	4,55	0,18	0,04	35,03
PtHsp100-82	17	AT1G05910.1	1	1,61	0,17	0,11	12,37
PtHsp100-84	17	AT5G15250.1	5	3,46	0,16	0,05	26,60
		AT1G06430.1	1	45,75	0,22	0,00	351,92
		AT2G30950.1	2	49,79	0,23	0,00	383,01
PtHsp100-85	17	AT3G48870.1	3	50,55	0,55	0,01	388,88
PtHsp100-86	18	AT3G24530.1	3	2,44	0,16	0,07	18,79
PtHsp100-89	scaffold_179	AT4G27680.1	4	2,69	0,51	0,19	20,67
		AT5G53540.1	5	58,82	0,56	0,01	452,45
PtHsp100-90	scaffold_586	AT5G64580.1	5	2,30	0,14	0,06	17,68
Ortalama				**10,57**	**2,43**	**3,98**	**81,29**

EK 34'ün devamı; ***(Oryza sativa)***

(PtHsp100) - *Populus –Oryza sativa*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp100-01	1	LOC_Os01g12660.1	1	2,88	0,20	0,07	22,18
		LOC_Os05g50750.1	5	2,88	0,25	0,09	22,14
PtHsp100-02	1	LOC_Os03g14280.1	3	42,68	0,43	0,01	328,34
PtHsp100-03	1	LOC_Os04g42110.1	4	3,13	0,27	0,09	24,07
		LOC_Os05g31220.1	5	3,34	0,24	0,07	25,66
PtHsp100-04	1	LOC_Os01g49000.1	1	7,90	0,13	0,02	60,79
PtHsp100-05	1	LOC_Os02g43350.1	2	6,10	0,22	0,04	46,90
		LOC_Os06g51029.1	6	44,80	0,63	0,01	344,60
		LOC_Os06g45820.2	6	34,17	0,65	0,02	262,88
PtHsp100-07	1	LOC_Os06g03940.1	6	52,32	0,65	0,01	402,48
PtHsp100-08	2	LOC_Os06g03940.1	6	52,32	0,65	0,01	402,47
PtHsp100-10	2	LOC_Os06g40560.1	6	8,13	14,38	1,77	62,51
PtHsp100-14	3	LOC_Os03g18690.1	3	42,20	4,03	0,10	324,59
		LOC_Os07g49150.1	7	41,18	4,10	0,10	316,77
		LOC_Os02g21970.1	2	15,93	12,21	0,77	122,53
PtHsp100-16	4	LOC_Os01g12660.1	1	2,91	4,12	1,41	22,41
		LOC_Os05g50750.1	5	52,50	3,45	0,07	403,83
		LOC_Os01g43480.2	1	12,39	3,08	0,25	95,32
PtHsp100-17	4	LOC_Os02g50680.2	2	7,01	15,14	2,16	53,94
PtHsp100-18	4	LOC_Os04g39190.1	4	0,88	17,33	19,69	6,77
		LOC_Os06g45820.1	6	0,65	17,74	27,45	4,97
PtHsp100-20	4	LOC_Os02g10640.1	2	1,21	17,94	14,80	9,32
		LOC_Os06g40560.1	6	0,11	11,21	99,02	0,87
PtHsp100-22	5	LOC_Os06g07630.1	6	0,13	12,59	99,04	0,98
		LOC_Os02g56000.1	2	0,11	10,93	99,03	0,85
PtHsp100-23	5	LOC_Os06g51029.2	6	0,47	16,14	34,14	3,64
PtHsp100-28	6	LOC_Os02g21970.1	2	11,52	4,02	0,35	88,59
PtHsp100-35	6	LOC_Os04g33980.1	4	11,52	13,60	1,18	88,65
PtHsp100-37	8	LOC_Os04g33980.1	4	16,23	11,72	0,72	124,87
PtHsp100-39	9	LOC_Os02g11050.1	2	50,62	1,37	0,03	389,35
		LOC_Os06g39870.1	6	51,42	1,32	0,03	395,56
PtHsp100-40	9	LOC_Os05g38400.1	5	2,81	0,13	0,05	21,63
		LOC_Os01g62500.1	1	4,79	0,20	0,04	36,83
PtHsp100-42	10	LOC_Os02g11050.1	2	2,12	0,07	0,03	16,30
		LOC_Os06g39870.1	6	1,99	0,10	0,05	15,27
PtHsp100-45	10	LOC_Os01g04814.1	1	3,89	0,14	0,04	29,94
PtHsp100-47	11	LOC_Os01g48270.1	1	2,58	0,13	0,05	19,84
PtHsp100-49	12	LOC_Os02g35630.1	2	50,86	0,32	0,01	391,20
PtHsp100-51	12	LOC_Os06g50050.1	6	50,03	0,50	0,01	384,83
PtHsp100-52	12	LOC_Os01g12660.1	1	2,79	0,21	0,08	21,46
PtHsp100-53	12	LOC_Os03g05730.1	3	7,70	0,06	0,01	59,26
PtHsp100-55	12	LOC_Os04g32560.1	4	2,50	0,09	0,04	19,25
		LOC_Os11g16590.1	11	5,68	0,21	0,04	43,72
PtHsp100-56	12	LOC_Os02g32520.1	2	2,68	0,18	0,07	20,59
PtHsp100-58	13	LOC_Os06g07630.1	6	2,54	0,04	0,01	19,58
		LOC_Os02g56000.1	2	2,65	0,05	0,02	20,41
PtHsp100-60	13	LOC_Os02g19150.1	2	49,34	0,28	0,01	379,53

EK 34'ün devamı; ***(Oryza sativa)***

PtHsp100-65	14	LOC_Os06g45820.1	6	4,71	0,09	0,02	36,25
PtHsp100-66	14	LOC_Os03g18690.1	3	3,67	0,05	0,01	28,22
		LOC_Os07g49150.1	7	19,97	0,05	0,00	153,61
PtHsp100-67	15	LOC_Os06g50050.1	6	5,90	0,16	0,03	45,40
PtHsp100-68	15	LOC_Os02g35630.1	2	49,23	0,29	0,01	378,72
PtHsp100-69	15	LOC_Os01g43150.2	1	6,23	0,17	0,03	47,92
PtHsp100-71	15	LOC_Os05g44340.1	5	37,27	0,10	0,00	286,69
PtHsp100-72	15	LOC_Os05g44340.1	5	35,70	0,10	0,00	274,64
PtHsp100-73	15	LOC_Os03g05730.1	3	7,65	0,04	0,01	58,86
		LOC_Os10g30580.2	10	6,73	0,05	0,01	51,73
PtHsp100-75	15	LOC_Os04g32560.1	4	2,36	0,10	0,04	18,15
PtHsp100-78	16	LOC_Os02g21970.1	2	32,58	0,06	0,00	250,65
PtHsp100-80	16	LOC_Os10g30580.2	10	3,37	0,04	0,01	25,96
		LOC_Os03g05730.1	3	5,11	0,05	0,01	39,32
PtHsp100-81	16	LOC_Os05g38400.1	5	3,26	0,11	0,03	25,10
PtHsp100-84	17	LOC_Os06g45820.1	6	48,44	0,21	0,00	372,58
		LOC_Os06g12370.1	6	12,36	0,19	0,02	95,04
PtHsp100-85	17	LOC_Os03g31300.1	3	2,97	0,12	0,04	22,85
		LOC_Os02g08490.1	2	50,57	0,23	0,00	388,98
PtHsp100-86	18	LOC_Os02g16660.1	2	4,13	0,22	0,05	31,74
PtHsp100-89	scaffold_179	LOC_Os06g50050.1	6	9,73	0,54	0,06	74,84
Ortalama				**16,57**	**3,04**	**5,93**	**127,44**

EK 34'ün devamı; *(Glycine max)*

(PtHsp100) - *Populus –Glycine max*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp100-01	1	Glyma.08G019400.2	8	1,21	0,15	0,13	9,31
		Glyma.11G020300.1	11	1,31	0,15	0,11	10,10
		Glyma.01G223100.2	1	1,30	0,16	0,12	9,98
		Glyma.16G173700.1	16	1,71	0,20	0,12	13,19
PtHsp100-02	1	Glyma.01G212900.1	1	50,26	0,34	0,01	386,63
		Glyma.09G153300.1	9	1,74	0,41	0,23	13,37
		Glyma.16G204100.1	16	1,96	0,42	0,21	15,08
		Glyma.16G204000.1	16	2,42	0,42	0,18	18,64
		Glyma.09G153200.1	9	1,79	0,44	0,25	13,78
PtHsp100-03	1	Glyma.02G118800.1	2	1,43	0,14	0,10	11,04
PtHsp100-04	1	Glyma.07G034000.1	7	1,42	0,09	0,06	10,95
		Glyma.08G208100.1	8	1,53	0,09	0,06	11,80
		Glyma.15G012200.1	15	1,87	0,13	0,07	14,36
		Glyma.13G361600.1	13	1,49	0,04	0,03	11,45
PtHsp100-05	1	Glyma.02G225300.2	2	1,37	0,16	0,12	10,51
		Glyma.14G192100.1	14	1,36	0,15	0,11	10,49
		Glyma.18G065600.1	18	1,23	0,16	0,13	9,47
		Glyma.U026800.2		1,26	0,16	0,13	9,71
PtHsp100-06	1	Glyma.18G062300.1	18	1,60	0,41	0,25	12,33
PtHsp100-07	1	Glyma.05G077900.1	5	1,13	0,17	0,15	8,67
		Glyma.19G071600.1	19	1,12	0,17	0,15	8,62
PtHsp100-08	2	Glyma.05G077900.1	5	1,13	0,17	0,15	8,67
		Glyma.19G071600.1	19	1,12	0,17	0,15	8,62
PtHsp100-10	2	Glyma.06G029400.1	6	12,44	13,17	1,06	95,70
		Glyma.04G029400.1	4	3,94	16,44	4,18	30,27
		Glyma.17G253600.1	17	4,17	16,27	3,90	32,11
		Glyma.14G071000.1	14	5,47	15,76	2,88	42,07
		Glyma.06G009700.1	6	3,30	15,20	4,61	25,35
PtHsp100-14	3	Glyma.03G170600.1	3	6,40	10,80	1,69	49,20
		Glyma.19G171700.1	19	39,36	4,61	0,12	302,73
		Glyma.10G043000.1	10	13,85	12,78	0,92	106,54
PtHsp100-16	4	Glyma.08G019400.1	8	0,17	15,88	93,17	1,31
		Glyma.11G020300.1	11	11,88	4,02	0,34	91,37
		Glyma.05G212900.1	5	15,45	3,76	0,24	118,87
		Glyma.01G223100.1	1	0,47	15,88	33,93	3,60
		Glyma.09G127000.2	9	22,07	4,65	0,21	169,75
PtHsp100-17	4	Glyma.15G112100.1	15	1,71	8,24	4,83	13,13
PtHsp100-18	4	Glyma.19G040200.1	19	52,84	3,86	0,07	406,49
		Glyma.13G049800.2	13	49,92	4,60	0,09	384,03
		Glyma.09G237900.1	9	2,68	3,35	1,25	20,62
PtHsp100-20	4	Glyma.06G029400.1	6	1,91	6,86	3,59	14,72
		Glyma.17G253600.1	17	1,40	17,45	12,47	10,76
		Glyma.14G071000.1	14	0,18	17,49	98,98	1,36
PtHsp100-22	5	Glyma.20G236500.2	20	1,84	5,61	3,05	14,15
		Glyma.10G151900.1	10	7,37	15,44	2,10	56,66
		Glyma.03G235200.1	3	2,75	6,39	2,33	21,12
		Glyma.20G236500.1	20	1,64	4,62	2,82	12,59
		Glyma.19G232900.1	19	5,59	16,23	2,90	43,04
PtHsp100-23	5	Glyma.04G213800.2	4	0,28	15,64	56,68	2,12
		Glyma.06G152500.2	6	35,47	5,37	0,15	272,81
PtHsp100-28	6	Glyma.18G050900.1	18	10,34	4,02	0,39	79,51
		Glyma.11G200000.1	11	3,59	16,94	4,71	27,65
PtHsp100-33	6	Glyma.07G085800.2	7	0,16	16,07	98,97	1,25
PtHsp100-35	6	Glyma.02G198000.1	2	3,14	4,51	1,43	24,16
PtHsp100-37	8	Glyma.20G193900.1	20	5,47	3,17	0,58	42,04
PtHsp100-39	9	Glyma.07G002200.1	7	18,48	1,38	0,07	142,12
PtHsp100-40	9	Glyma.12G061200.1	12	1,44	0,14	0,10	11,10
		Glyma.11G137700.1	11	1,50	0,18	0,12	11,53
		Glyma.12G061400.1	12	1,47	0,17	0,12	11,29

EK 34'ün devamı; *(Glycine max)*

PtHsp100-42	10	Glyma.08G224500.1	8	1,46	0,04	0,03	11,22
		Glyma.07G002200.1	7	1,40	0,04	0,03	10,80
PtHsp100-43	10	Glyma.08G237500.2	8	1,24	0,12	0,09	9,56
		Glyma.08G237500.1	8	1,31	0,13	0,10	10,09
PtHsp100-45	10	Glyma.12G183700.1	12	3,23	0,10	0,03	24,83
		Glyma.11G184700.2	11	4,09	0,11	0,03	31,50
		Glyma.12G087700.1	12	5,13	0,11	0,02	39,46
PtHsp100-47	11	Glyma.05G130700.1	5	1,02	0,09	0,09	7,81
		Glyma.08G085500.1	8	1,07	0,09	0,09	8,21
PtHsp100-49	12	Glyma.06G129100.1	6	1,80	0,22	0,12	13,83
PtHsp100-51	12	Glyma.06G132800.1	6	2,86	0,39	0,14	22,02
		Glyma.04G232100.1	4	2,93	0,40	0,14	22,54
PtHsp100-52	12	Glyma.09G127000.2	9	1,23	0,15	0,12	9,47
PtHsp100-53	12	Glyma.04G186000.1	4	1,32	0,04	0,03	10,18
		Glyma.06G180000.1	6	1,34	0,04	0,03	10,33
		Glyma.03G182800.1	3	3,75	0,06	0,02	28,83
		Glyma.19G183400.1	19	3,51	0,05	0,02	27,03
PtHsp100-54	12	Glyma.04G194900.3	4	1,18	0,15	0,12	9,10
		Glyma.06G171000.2	6	1,21	0,16	0,13	9,30
		Glyma.05G047400.2	5	1,13	0,15	0,13	8,68
		Glyma.17G129200.1	17	1,12	0,15	0,13	8,58
PtHsp100-55	12	Glyma.06G165200.2	6	1,53	0,06	0,04	11,80
		Glyma.04G200400.2	4	1,49	0,06	0,04	11,44
PtHsp100-56	12	Glyma.06G162200.1	6	1,35	0,20	0,15	10,36
PtHsp100-57	12	Glyma.09G153200.1	9	2,40	0,35	0,15	18,43
PtHsp100-58	13	Glyma.20G236500.2	20	1,38	0,02	0,01	10,60
		Glyma.03G235200.1	3	1,34	0,04	0,03	10,33
		Glyma.19G232900.1	19	1,33	0,08	0,06	10,24
PtHsp100-59	13	Glyma.10G164800.1	10	1,41	0,24	0,17	10,83
PtHsp100-60	13	Glyma.06G129100.1	6	6,61	0,25	0,04	50,83
		Glyma.20G213400.1	20	1,49	0,18	0,12	11,47
PtHsp100-65	14	Glyma.05G132000.1	5	1,43	0,07	0,05	11,03
		Glyma.15G158900.1	15	1,35	0,07	0,05	10,41
		Glyma.09G052600.1	9	1,35	0,07	0,05	10,39
PtHsp100-66	14	Glyma.03G170600.1	3	1,15	0,02	0,01	8,83
		Glyma.19G171700.1	19	1,19	0,02	0,01	9,14
		Glyma.10G043000.1	10	1,04	0,02	0,02	7,99
		Glyma.13G130400.1	13	1,04	0,02	0,02	8,02
PtHsp100-67	15	Glyma.04G232100.1	4	1,55	0,09	0,06	11,89
		Glyma.14G117800.1	14	1,40	0,11	0,08	10,73
		Glyma.06G132800.1	6	1,51	0,08	0,05	11,60
PtHsp100-68	15	Glyma.04G235600.1	4	1,67	0,18	0,11	12,87
		Glyma.09G155200.2	9	9,00	0,31	0,03	69,23
		Glyma.20G213400.2	20	3,71	0,24	0,06	28,56
PtHsp100-69	15	Glyma.13G041700.1	13	1,19	0,13	0,11	9,15
		Glyma.14G124900.1	14	1,26	0,14	0,11	9,72
PtHsp100-70	15	Glyma.09G127000.2	9	1,16	0,13	0,11	8,89
		Glyma.16G173700.1	16	1,11	0,14	0,12	8,55
PtHsp100-71	15	Glyma.05G022200.1	5	2,13	0,06	0,03	16,38
		Glyma.06G202200.1	6	2,77	0,08	0,03	21,33
PtHsp100-72	15	Glyma.05G022200.1	5	2,16	0,06	0,03	16,64
		Glyma.06G202200.1	6	2,71	0,08	0,03	20,83
PtHsp100-73	15	Glyma.04G186000.1	4	1,31	0,04	0,03	10,11
		Glyma.13G323600.1	13	5,68	0,05	0,01	43,72
		Glyma.10G057100.1	10	7,74	0,06	0,01	59,53
PtHsp100-75	15	Glyma.06G165200.2	6	1,63	0,07	0,04	12,54
		Glyma.04G200400.2	4	1,60	0,07	0,04	12,33
		Glyma.05G201100.1	5	1,51	0,07	0,05	11,64
PtHsp100-78	16	Glyma.18G050900.1	18	3,49	0,04	0,01	26,86
PtHsp100-78		Glyma.11G199900.1	11	3,82	0,04	0,01	29,36
PtHsp100-80	16	Glyma.03G182800.1	3	1,43	0,02	0,02	10,99
		Glyma.19G183400.1	19	1,21	0,02	0,02	9,33
		Glyma.13G323600.1	13	2,13	0,03	0,01	16,39
		Glyma.12G177100.1	12	2,22	0,03	0,01	17,11
		Glyma.13G143600.1	13	1,40	0,03	0,02	10,79

EK 34'ün devamı; ***(Glycine max)***

PtHsp100-81	16	Glyma.12G061200.1	12	2,59	0,17	0,06	19,90
		Glyma.11G137700.1	11	2,38	0,18	0,08	18,33
		Glyma.12G061400.1	12	2,38	0,19	0,08	18,32
PtHsp100-82	17	Glyma.12G052800.1	12	1,31	0,13	0,10	10,07
		Glyma.11G128300.1	11	1,36	0,14	0,10	10,47
PtHsp100-84	17	Glyma.18G259700.1	18	1,55	0,10	0,07	11,94
		Glyma.08G086600.1	8	49,79	0,22	0,00	383,02
		Glyma.09G052600.1	9	50,77	0,22	0,00	390,54
PtHsp100-85	17	Glyma.18G264400.1	18	1,77	0,08	0,05	13,59
		Glyma.08G242100.1	8	1,78	0,08	0,05	13,66
		Glyma.13G058600.1	13	1,79	0,09	0,05	13,74
		Glyma.19G027900.1	19	1,83	0,09	0,05	14,05
PtHsp100-86	18	Glyma.09G191100.1	9	1,32	0,12	0,09	10,16
		Glyma.07G085800.1	7	1,30	0,11	0,08	9,98
PtHsp100-89	scaffold_179	Glyma.04G232100.1	4	2,29	0,55	0,24	17,61
		Glyma.06G132800.1	6	1,73	0,54	0,31	13,31
PtHsp100-90	scaffold_586	Glyma.04G213800.2	4	1,13	0,12	0,10	8,68
Ortalama				**4,97**	**2,42**	**3,22**	**38,23**

EK 34'ün devamı; *(Eucalyptus grandis)*

(PtHsp100) - *Populus – Eucalyptus grandis*							
Gen Adı	**Kromozom**	**Gen Adı**	**Kromozom**	**Ks**	**Ka**	**Ka/Ks**	**Myö**
PtHsp100-01	1,00	Eucgr.D01797.1	4	1,32	0,14	0,11	10,16
		Eucgr.K00303.1	11	2,90	0,20	0,07	22,28
PtHsp100-02	1,00	Eucgr.E00488.1	5	1,84	0,33	0,18	14,18
		Eucgr.A02874.1	1	43,88	0,45	0,01	337,52
PtHsp100-03	1	Eucgr.G02441.1	7	1,66	0,16	0,09	12,77
PtHsp100-04	1	Eucgr.J03017.1	10	1,52	0,09	0,06	11,72
PtHsp100-05	1	Eucgr.B02274.1	2	1,40	0,15	0,11	10,77
		Eucgr.F01206.1	6	47,69	0,65	0,01	366,82
		Eucgr.A01933.1	1	49,60	0,65	0,01	381,55
		Eucgr.J01348.1	10	11,33	0,70	0,06	87,13
PtHsp100-07	1	Eucgr.J02336.1	10	1,26	0,15	0,12	9,66
		Eucgr.D02441.1	4	57,47	0,61	0,01	442,10
PtHsp100-08	2	Eucgr.J02336.1	10	1,26	0,15	0,12	9,66
PtHsp100-10	2	Eucgr.F01600.1	6	2,57	17,24	6,70	19,80
PtHsp100-14	3	Eucgr.H00817.1	8	28,83	6,61	0,23	221,73
PtHsp100-16	4	Eucgr.D01797.1	4	12,29	3,65	0,30	94,53
		Eucgr.K00303.1	11	54,66	3,46	0,06	420,48
PtHsp100-17	4	Eucgr.E03984.1	5	4,58	6,18	1,35	35,26
PtHsp100-18	4	Eucgr.I02102.1	9	2,28	9,91	4,34	17,56
		Eucgr.J01348.1	10	0,15	15,17	99,02	1,18
PtHsp100-20	4	Eucgr.F01600.1	6	0,18	18,12	99,00	1,41
PtHsp100-22	5	Eucgr.L00637.1	8	0,48	17,96	37,42	3,69
PtHsp100-23	5	Eucgr.H04960.1	8	2,34	5,24	2,24	17,98
		Eucgr.H04960.1	8	0,18	17,66	98,98	1,37
PtHsp100-28	6	Eucgr.B04032.1	2	9,36	3,85	0,41	71,98
PtHsp100-33	6	Eucgr.C01036.1	3	3,09	7,26	2,35	23,80
PtHsp100-35	6	Eucgr.A02599.1	1	2,15	17,95	8,34	16,55
PtHsp100-37	8	Eucgr.J00278.1	10	0,77	8,73	11,29	5,95
PtHsp100-39	9	Eucgr.C04160.1	3	50,66	1,36	0,03	389,71
PtHsp100-40	9	Eucgr.B02323.1	2	1,53	0,13	0,08	11,79
		Eucgr.B02325.1	2	1,57	0,13	0,08	12,10
		Eucgr.B02324.1	2	1,45	0,14	0,09	11,14
PtHsp100-41	9	Eucgr.J00203.2	10	3,00	0,51	0,17	23,09
PtHsp100-42	10	Eucgr.C04160.1	3	1,24	0,05	0,04	9,50
PtHsp100-43	10	Eucgr.F04462.1	6	1,37	0,14	0,10	10,53
PtHsp100-45	10	Eucgr.B03874.1	2	2,56	0,12	0,05	19,67
		Eucgr.J00483.1	10	1,87	0,10	0,05	14,36
PtHsp100-47	11	Eucgr.D00296.1	4	1,16	0,10	0,09	8,90
PtHsp100-51	12	Eucgr.A01431.1	1	2,62	0,44	0,17	20,14
PtHsp100-52	12	Eucgr.K00303.1	11	1,57	0,16	0,10	12,08
PtHsp100-53	12	Eucgr.B00242.1	2	1,61	0,04	0,03	12,39
		Eucgr.K01256.1	11	6,24	0,06	0,01	47,99
		Eucgr.K01258.1	11	5,80	0,06	0,01	44,59
PtHsp100-54	12	Eucgr.K02736.1	11	1,35	0,16	0,12	10,36
PtHsp100-55	12	Eucgr.K02198.1	11	1,78	0,06	0,04	13,69
PtHsp100-56	12	Eucgr.H00243.1	8	2,58	0,22	0,08	19,81
PtHsp100-57	12	Eucgr.A02874.2	1	1,61	0,25	0,16	12,36
PtHsp100-58	13	Eucgr.L00637.1	8	1,68	0,01	0,01	12,92
PtHsp100-59	13	Eucgr.H04217.1	8	1,22	0,15	0,12	9,37
PtHsp100-60	13	Eucgr.F04107.1	6	1,58	0,20	0,13	12,17
		Eucgr.K00383.1	11	7,01	0,29	0,04	53,95

EK 34'ün devamı; *(Eucalyptus grandis)*

PtHsp100-62	14	Eucgr.D02441.1	4	1,23	0,13	0,10	9,44
PtHsp100-65	14	Eucgr.A01933.1	1	1,38	0,06	0,04	10,60
		Eucgr.J01348.1	10	47,07	0,25	0,01	362,04
PtHsp100-66	14	Eucgr.H00817.1	8	2,59	0,05	0,02	19,90
PtHsp100-67	15	Eucgr.A01431.1	1	2,04	0,11	0,06	15,68
PtHsp100-68	15	Eucgr.F04107.1	6	54,18	0,30	0,01	416,80
PtHsp100-69	15	Eucgr.A01496.1	1	1,67	0,13	0,08	12,86
PtHsp100-70	15	Eucgr.K00303.1	11	1,49	0,14	0,10	11,45
		Eucgr.D01797.1	4	2,08	0,15	0,07	15,98
PtHsp100-71	15	Eucgr.K02521.1	11	2,89	0,06	0,02	22,24
		Eucgr.B00581.1	2	1,91	0,10	0,05	14,68
PtHsp100-72	15	Eucgr.K02521.1	11	2,91	0,06	0,02	22,42
		Eucgr.B00581.1	2	1,93	0,10	0,05	14,88
PtHsp100-73	15	Eucgr.B00242.1	2	1,53	0,04	0,03	11,76
PtHsp100-73	15	Eucgr.K01256.1	11	6,41	0,06	0,01	49,30
		Eucgr.K01258.1	11	5,57	0,06	0,01	42,86
		Eucgr.K01260.1	11	7,81	0,10	0,01	60,08
PtHsp100-74	15	Eucgr.K02736.1	11	1,31	0,16	0,12	10,09
PtHsp100-75	15	Eucgr.K02198.1	11	1,80	0,08	0,04	13,86
PtHsp100-76	15	Eucgr.H00243.1	8	2,61	0,22	0,08	20,11
PtHsp100-78	16	Eucgr.B04032.1	2	5,05	0,05	0,01	38,86
PtHsp100-80	16	Eucgr.K01256.1	11	1,40	0,02	0,02	10,78
		Eucgr.K01258.1	11	1,28	0,02	0,02	9,88
		Eucgr.B00242.1	2	4,92	0,07	0,01	37,87
PtHsp100-81	16	Eucgr.B02323.1	2	2,59	0,15	0,06	19,95
		Eucgr.B02325.1	2	2,85	0,15	0,05	21,96
		Eucgr.B02324.1	2	2,53	0,15	0,06	19,46
PtHsp100-82	17	Eucgr.A00078.1	1	1,90	0,16	0,08	14,60
PtHsp100-83	17	Eucgr.J02835.1	10	1,57	0,13	0,08	12,05
PtHsp100-84	17	Eucgr.J01348.1	10	1,75	0,12	0,07	13,45
		Eucgr.A01933.1	1	39,05	0,22	0,01	300,40
PtHsp100-85	17	Eucgr.I01982.1	9	1,72	0,09	0,05	13,26
		Eucgr.C02666.1	3	26,48	0,21	0,01	203,66
PtHsp100-86	18	Eucgr.C01036.1	3	1,64	0,14	0,09	12,65
PtHsp100-89	scaffold_179	Eucgr.A01431.1	1	2,34	0,53	0,23	17,96
PtHsp100-90	scaffold_586	Eucgr.H04960.1	8	1,53	0,18	0,12	11,74
Ortalama				**8,04**	**1,99**	**4,33**	**61,81**

EK 35 Laboratuvar analizlerinde kullanılan tasarlanan primerlerin listesi

(Kuraklık stresi uygulaması)

Name	Forward Primers (5′- 3′)	Reverse Primers (5′- 3′)
PtHsp70-03	ACCCCGCAAATTGAGGTCAC	GGGTCTCCTTTGTTGCGGT
PtHsp70-04	CAGAGAGGCAGCAGTGTCTA	CTCCCTGCTGTTGCTGTTCA
PtHsp70-09	TTGTGCTGCTGGATGTGACT	ATCTGAGGAACCCCTCTCGG
PtHsp70-10	GGTGGTGGGATTGGTAGCAC	ATCTGCCCCACAAGCCTATC
PtHsp70-12	AGGGCACTGGTAAATCGGAG	CAAACAGCTTCCACCTCCTTG
PtHsp70-16	CGATAAGGGAAGGCTGTCCAA	GCACCGTCGCCCTGATAC
PtHsp70-17	CTAGGCACCACCTACTCATGC	GCTTTTCAGCAGGACCTGGA
PtHsp70-20	ATGACTCGTGTTCCCAGGGT	TGCTGTAGAGAAGACCTGGCT
PtHsp70-23	GCGACAAGCCCATGATTTCAG	CGCATCACATTCAGACCAGC
PtHsp70-24	CCTACTCATGCGTCGGTGTT	GGGACAACCTTGAAGGACCAA
PtHsp70-25	GAAGCAGTTTTCCGCCGAGG	AACTCCAGCGTCCTTTGTGG
PtHsp70-26	ATGCGGTAGTTACTGTCCCTG	TCTTCTCGCCAACACTCGTT
PtHsp70-33	GGTGGTGAGTGATGCTGACA	CTTCAGGTTCTGGGTTGGCT
18S rRNA	TCAACTTTCGATGGTAGGATAGTG	CCGTGTCAGGATTGGGTAATTT

EK 35 Laboratuvar analizlerinde kullanılan tasarlanan primerlerin listesi

(Tuzluluk stresi uygulaması)

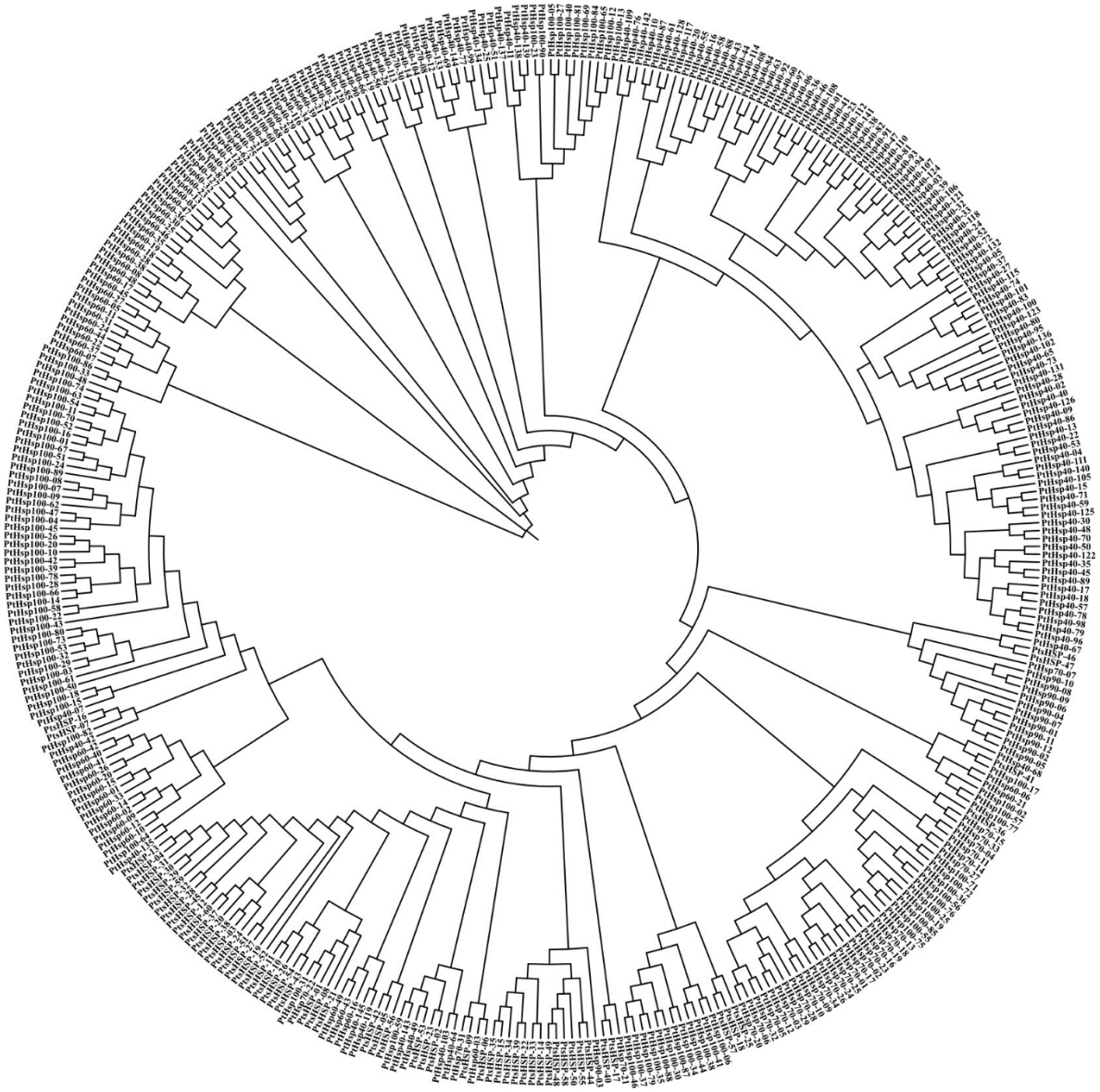
Name	Forward Primers (5′- 3′)	Reverse Primers (5′- 3′)
PtsHsp-11	GACCGATGATGCTCTCAATCTC	CACCTTAGGCACCACAACCTT
PtsHsp-17	CCTCTACAGATGAGGATGATGC	TACCCCTTCTTTGCTAACCCC
PtsHsp-21	CCAAGCTCTTATGCGTTCGTC	GGCTTCTTAGGCTCTGGAGG
PtsHsp-36	GGAGATAAAAGAGGGTGAAGATGAG	TTCTTCTCCATTCTCTACGCCAT
PtsHsp-38	TTCCCTTCACTAGCACAGCC	GCAAAACCCTGCCTTCCTCT
PtHsp40-97	TGCTCTCGGAAATGGCTCAG	ACAACCATACACTCCCCAGC
PtHsp40-105	GTCGTTCTTGTCGGGGGTTT	GTAAAAACACCTCGCCGCTG
PtHsp40-113	AGCCCAGAGAAGCCTCAAAG	GATAGCCTCCTGTATGCGGT
PtHsp40-117	CGATGGGAAAAGAGGCAAGC	AGCGGGAGGCTTATCAACAC
PtHsp60-31	AGAAGATCGTCCCTCCCTCC	AGCACAGTGTCACCTTCCTT
PtHsp60-33	AGGAAGGAATGTGGTGTTGC	GACCCTCAGCGATTAAACCA
PtHsp60-38	AAGGTGCTTGCTGTCAATGC	TGGCAGGCTCAATTACTCCAG
PtHsp60-49	CGTGCTCAGCTAGGTGTTGA	TATGAGTTGGCGCTTGACAG
PtHsp70-09	CGTGCCTGCTTACTTCAACG	CTCCATCACCAACCTCCAGC
PtHsp70-12	CCTCGTGTTGCTGCTGTTTG	CCACCTCCTCCATCTTGCTC
PtHsp70-25	GGCTGCGGATGACAAGAAGAA	CACCCATGTCACCACCTCCG
PtHsp70-33	GTCATCCCCCATCAAGGCAA	GGGGAACCCTAAAAGTCCGT
PtHsp90-02	ACGCCATTGATGAGTACGCC	ACTCACCGGTCACCAAACAG
PtHsp90-07	AGGATGTGCTTGGTGACAGG	CATCAGCCCTCTTCCTCAGC
PtHsp90-09	GGTTGGTCTGCGAACATGGA	CCCTCTGCTGCCTCTTCCTTAT
PtHsp90-12	GCTCTGCTAACCTCTGGCTT	CTCTCCTCAGCACCGTCTTC
PtHsp100-06	ATGTTCGGCAGTACCCAAAG	CCTCAAAGCGTAGGACAAGC
PtHsp100-11	GCATCAGCTCAAAGTGGTGA	AGAGGATTGCTCGGAACTCA
PtHsp100-21	GCTTTAGCAGCGATGACAGC	AGCATCCCAGCTTCAACACA
PtHsp100-32	CCCTGGAACAGGTAAGACCA	CTCCCTCTGCTTCTGCAATC
PtHsp100-75	AGCAAGGGCAGGACTGTAGA	TCCTCTGTCACCAGGCTCTT
PtHsp100-80	GATGTTGAGGATGAGGTGGCA	CGGATCGGACCCAGCACTA
18S rRNA	TCAACTTTCGATGGTAGGATAGTG	CCGTGTCAGGATTGGGTAATTT

EK 35 Laboratuvar analizlerinde kullanılan tasarlanan primerlerin listesi

(Kadmiyum stresi uygulaması)

Name	Forward Primers (5′- 3′)	Reverse Primers (5′- 3′)
PtsHsp-03	CAATGTTCCTGCCTCAACTGG	ACCTGCGTAAAAACTTGCCG
PtsHsp-13	GGGTGCTTCAGATTAGCGGA	ACCCCGTTCTCCATAGAAGC
PtsHsp-44	GAGGACTCGAATAGCCACCAAC	CCTCATCCTCCTGTCCCCAATA
PtsHsp-54	GTCTTCGTCATCTGCCCCTT	AACCTCCCCTCTTGTCCTGT
PtHsp40-17	GCGTCTTTCAGCTCCTCCTC	TATTTGCGTGGCATTGCGGG
PtHsp40-36	TGAGCCAAACGAAGCCTAGC	GTTGCTGCTGTTCCACCCCTA
PtHsp40-69	AGACGGCGACTAACGAGGTA	TCCGATGGAAGCCCCAACTC
PtHsp40-117	CGATGGGAAAAGAGGCAAGC	AGCGGGAGGCTTATCAACAC
PtHsp60-06	TTTGACGGAATTGAACGGCT	AAAACCCTGCTGTCATTAACGG
PtHsp60-12	AGGTCTGTGCCATTACTCCT	TGACACTGTGACCTTAGCAG
PtHsp60-33	GGAAGCTCTGGCTCCAATCA	TAGTAGCAGTGCCCAACACC
PtHsp60-42	CCTCTTGCCTTCCCTCAACA	ACATTACGCCCGTTAGGTCC
PtHsp70-09	AGTGCTGGAGGTTGGTGATG	TCAGGGTGGTCTCAATGTGC
PtHsp70-21	GCCTTTTCCTGAACCACAGAGTC	ACCTTTGAGTCACGCAAGCAC
PtHsp70-24	CACCACCATTCCCACCAAGA	TAGGTGCTGGAGGAATGCCA
PtHsp70-28	GCCCTGAGGAGATTAGTGCC	ATCCTCGCAACTCTCACACC
PtHsp90-02	AAGAGTGGTGACGAGCTGAC	CCCACGGCGTACTCATCAAT
PtHsp90-07	GGCACAAGCACTGAGGGATA	CCCTCCTCAGCAGCATCTTC
PtHsp90-10	GTCACCCTGTGTCCTTGTGT	CATCATCCTGGTTGCTCCTG
PtHsp90-12	CCTCGTGTTGCTGCTGTTTG	CCACCTCCTCCATCTTGCTC
PtHsp100-22	CATTGGTAGCAAGCGTGGC	TTTCCTGCAGTAGAGCGTCC
PtHsp100-29	GCACATCAAAGAAGGGGTTGC	TAGCAGAGGGGGAACAAGGT
PtHsp100-51	TGGTGATTCTTCCTCTGCGG	CATCGCCAAACCACTTGCTC
PtHsp100-71	GTGGTAGGACAGGACCAAGC	TCCCACATACCCAGGAGGAG
18S rRNA	TCAACTTTCGATGGTAGGATAGTG	CCGTGTCAGGATTGGGTAATTT

EK 36 Tanımlanan PtHsps genlerinin filogenetik sınıflandırılması



EK 37 Tuz stresi uygulanan kavak klonlarının fotoğrafları

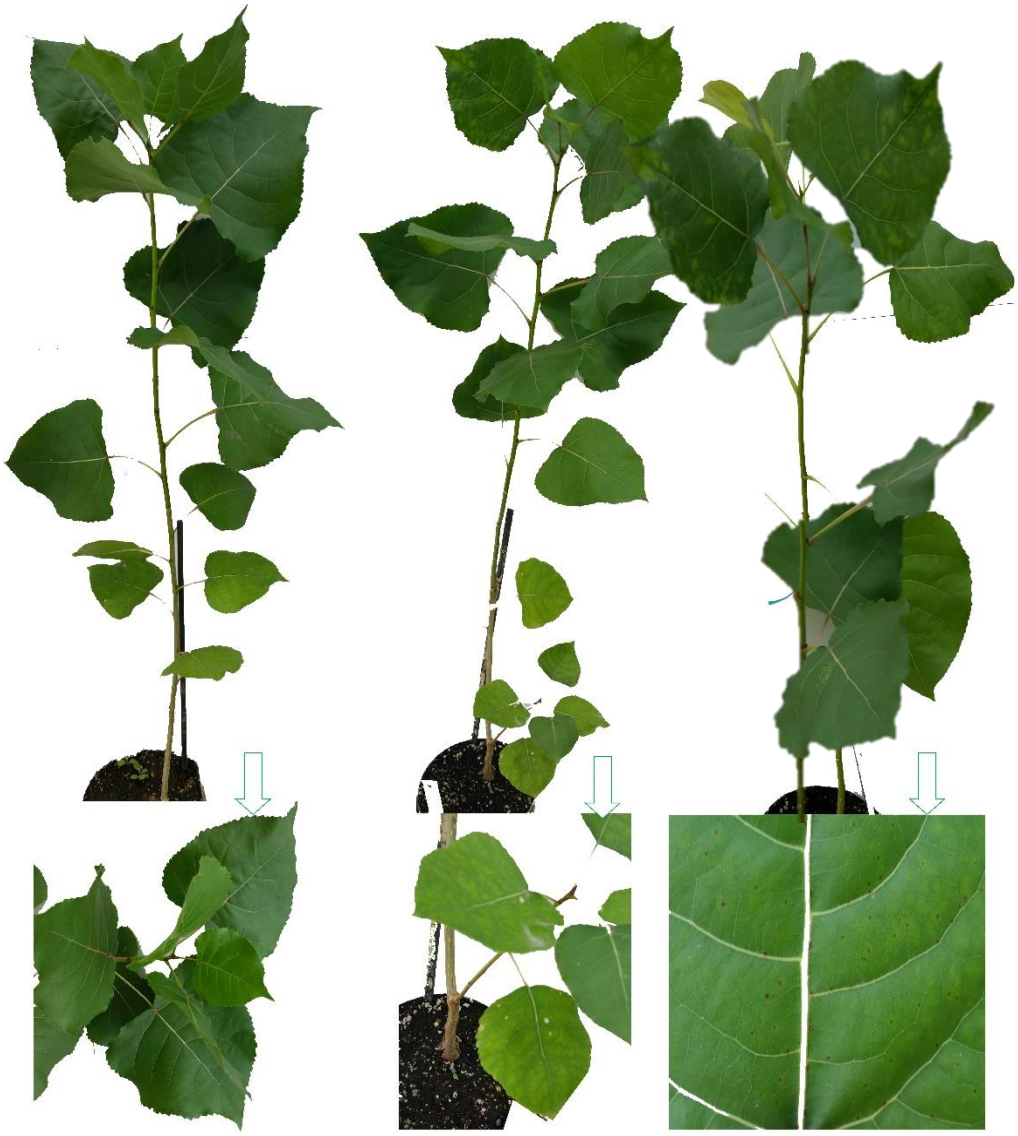
(GEYVE Klonları)



KONTROL 14. GÜN 28. GÜN
STRES UYGULAMASI

EK 37'in devamı;

(I-214 Klonları)



KONTROL 14. GÜN 28. GÜN
STRES UYGULAMASI

EK 37'in devamı;

(N.03.368 A Klonları)



KONTROL 14. GÜN 28. GÜN

STRES UYGULAMASI

EK 37'in devamı;

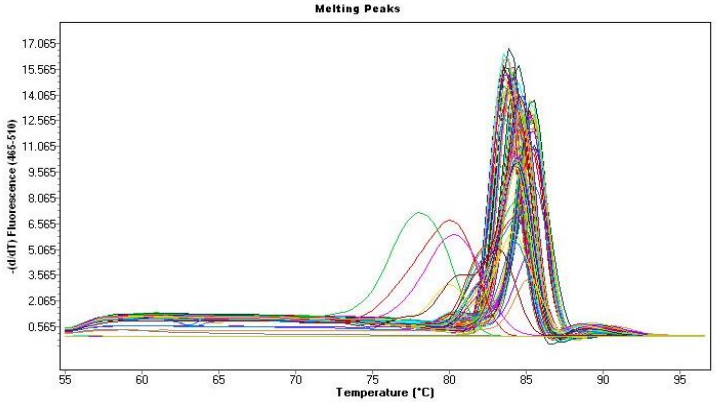
(SAMSUN Klonları)

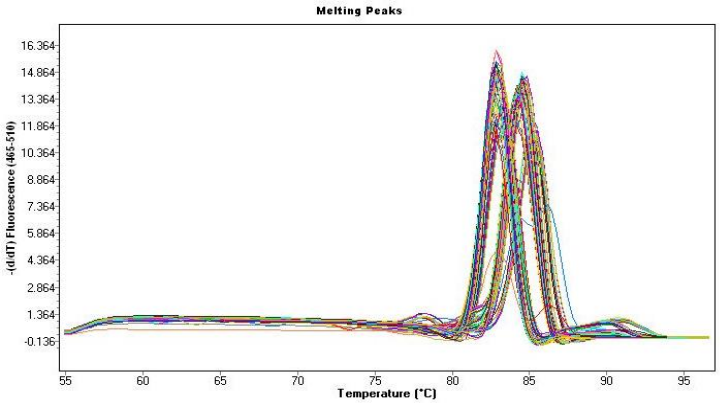


KONTROL 14. GÜN 28. GÜN
STRES UYGULAMASI

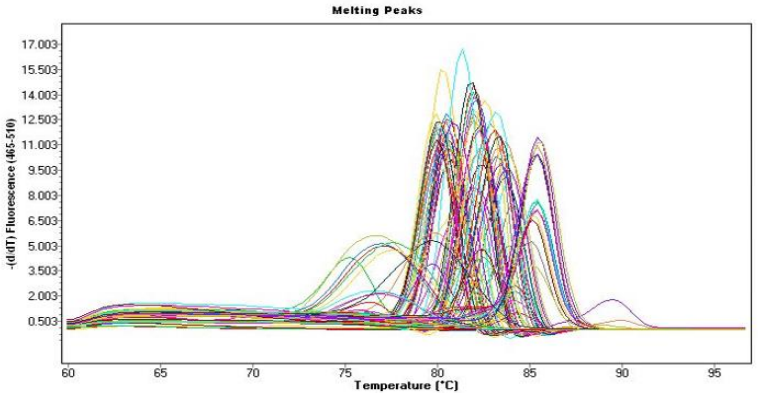
EK 38 qRT-PZR deney sonucunda elde edilen "Erime Eğri" grafikleri

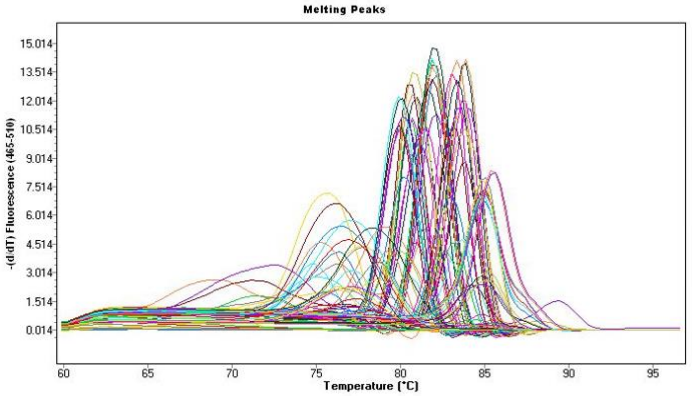
-Kuraklık stresi-N.03.368A-N.62.191





Tuzluluk stresi-Geyve Klonu-

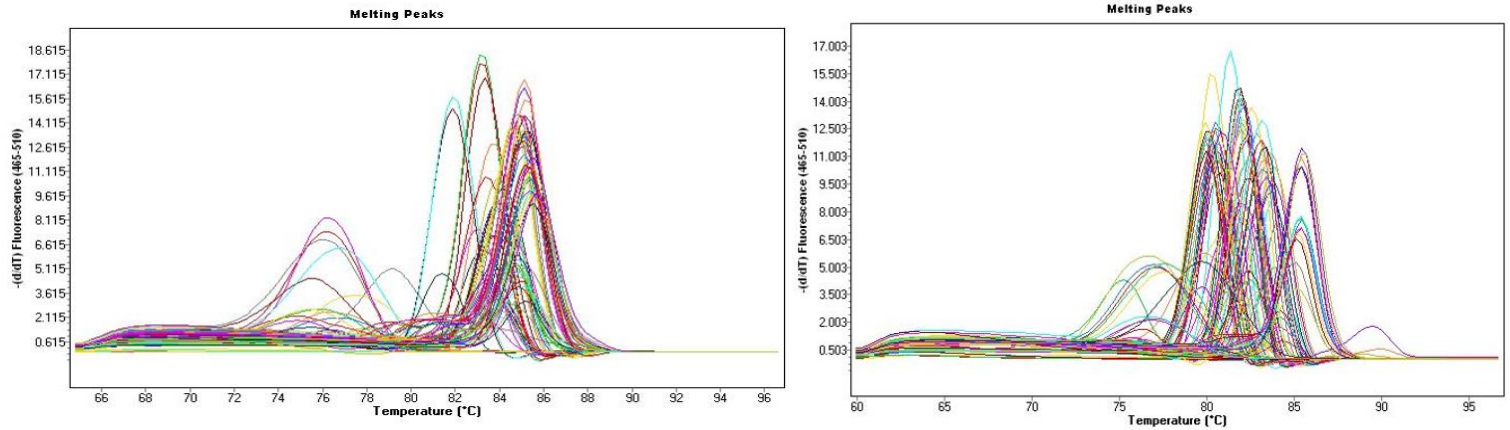




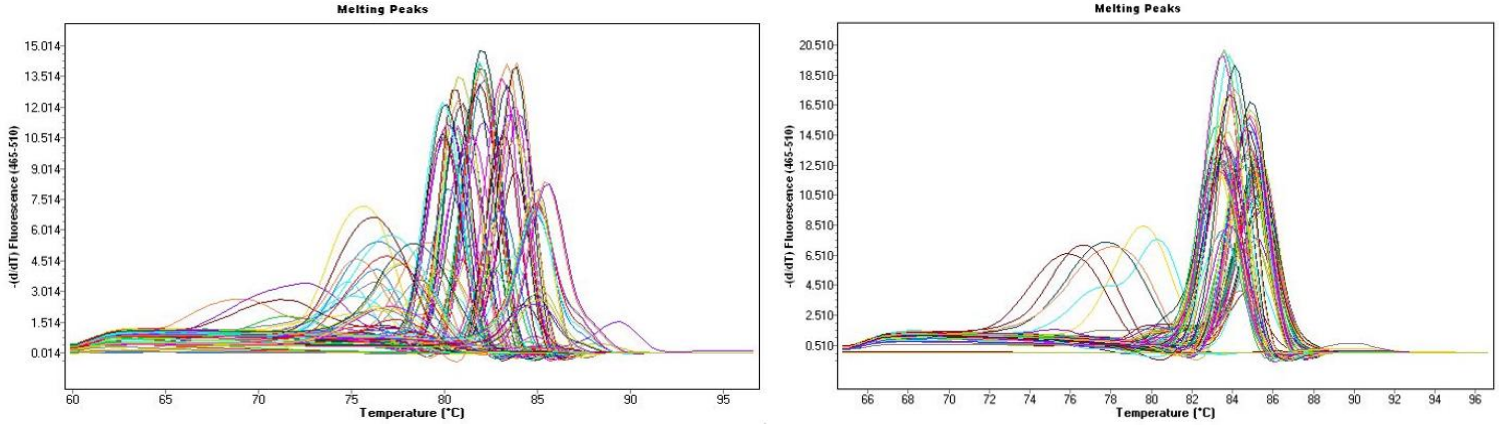
-

EK 38'in devamı;

-Tuzluluk stresi-I-214 Klonu-

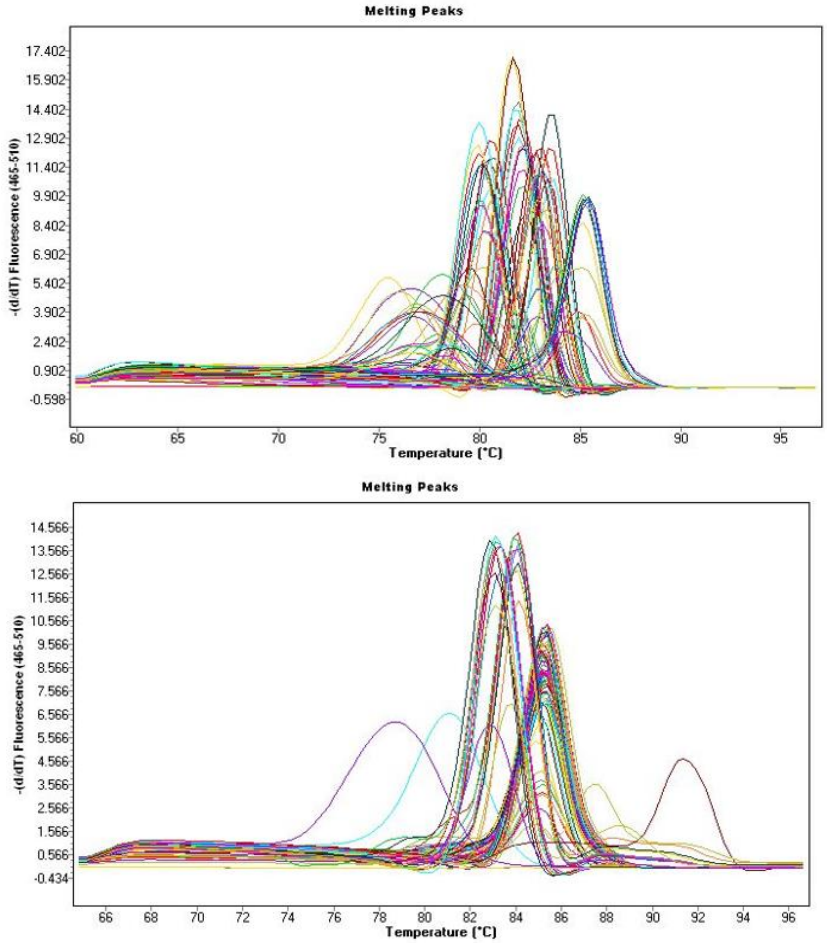


-Tuzluluk stresi-N.03.368A Klonu-



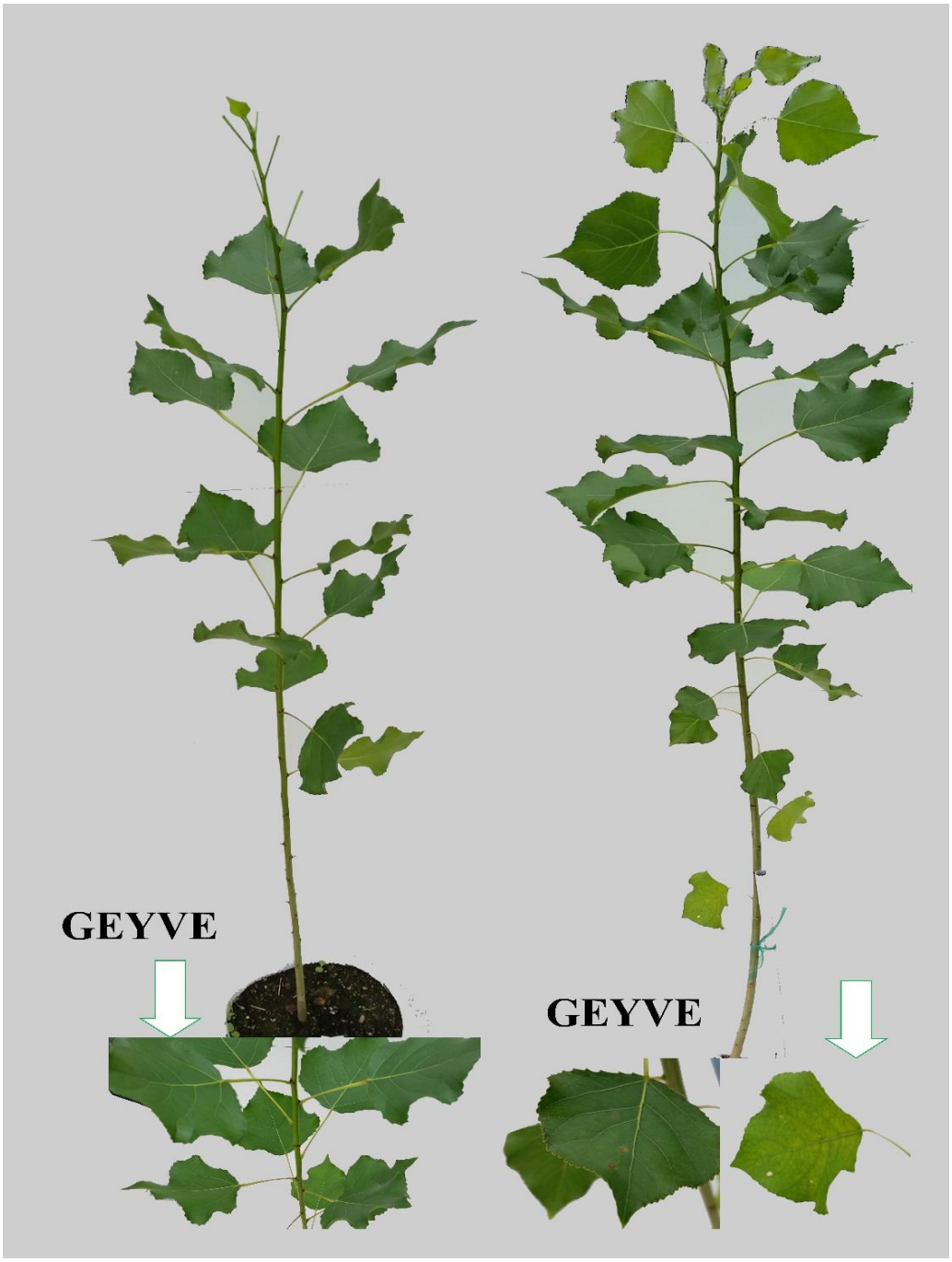
EK 38’in devamı;

-Tuzluluk stresi-Samsun Klonu-



EK 39 Kadmiyum stresi uygulanan kavak klonlarının fotoğrafları

-Geyve Klonları-



KONTROL **28. GÜN STRES UYGULAMASI**

EK 39'un devamı;

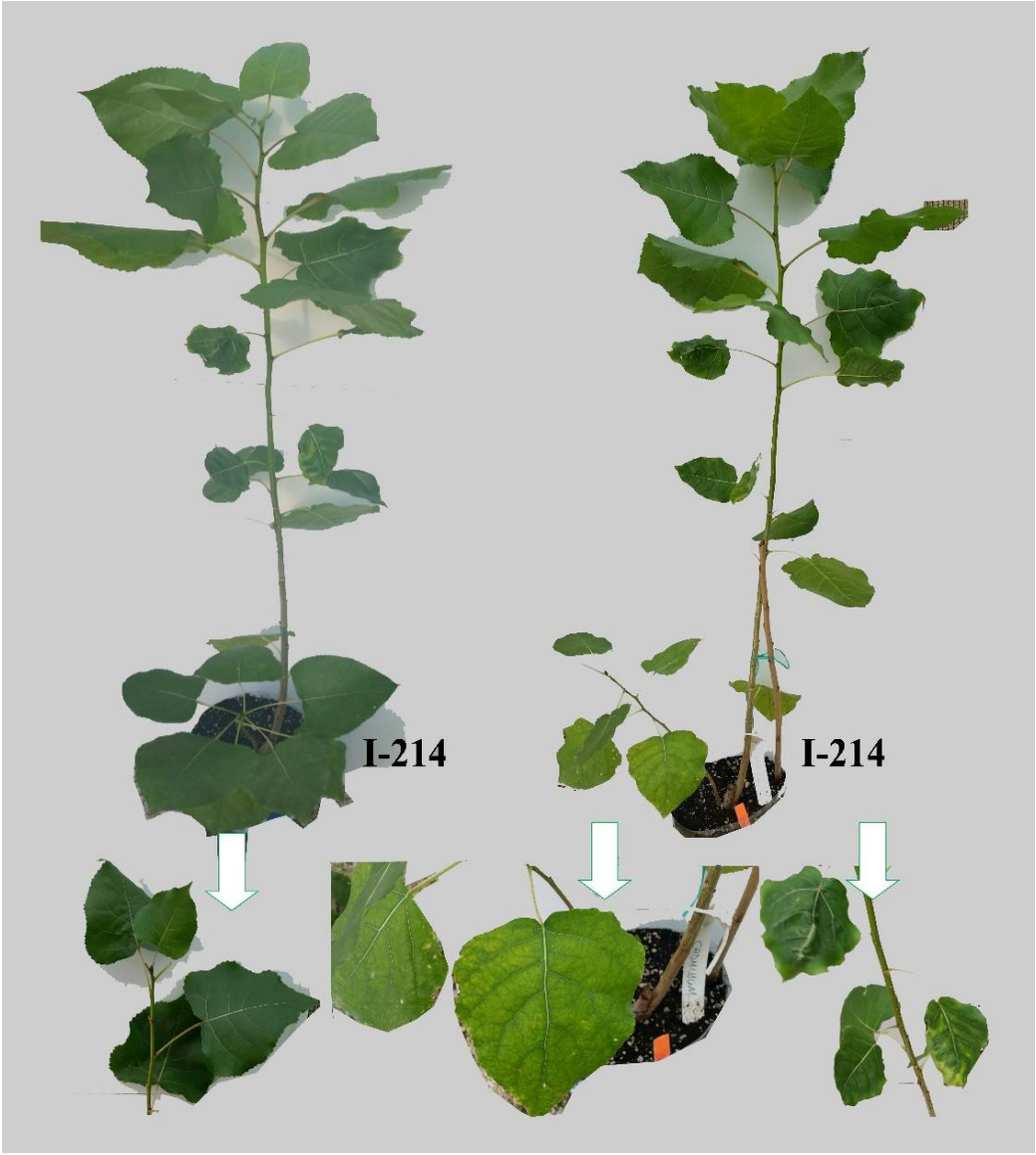
-N.03.368 A Klonları-



KONTROL **28. GÜN STRES UYGULAMASI**

EK 39'un devamı;

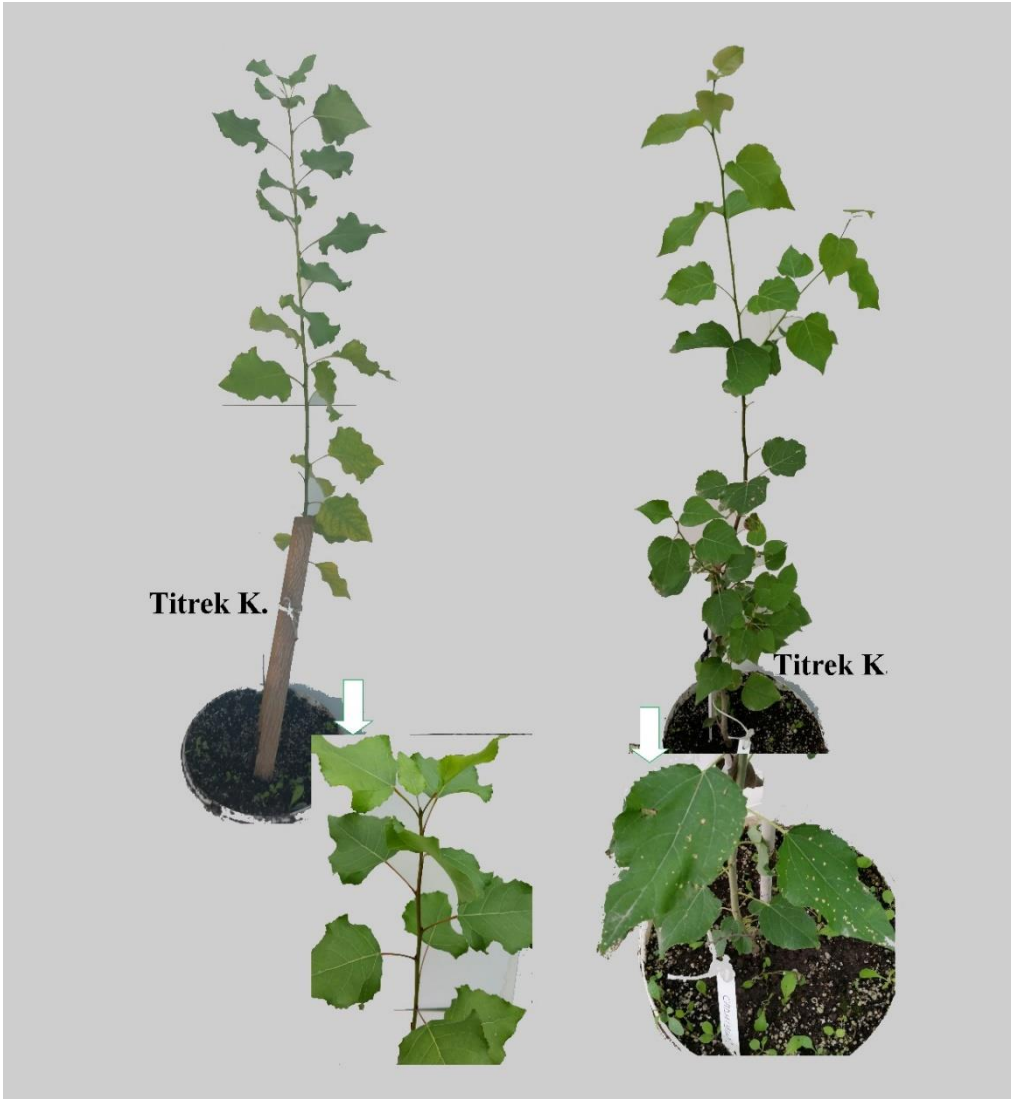
-I-214 Klonları-



KONTROL **28. GÜN STRES UYGULAMASI**

EK 39'un devamı;

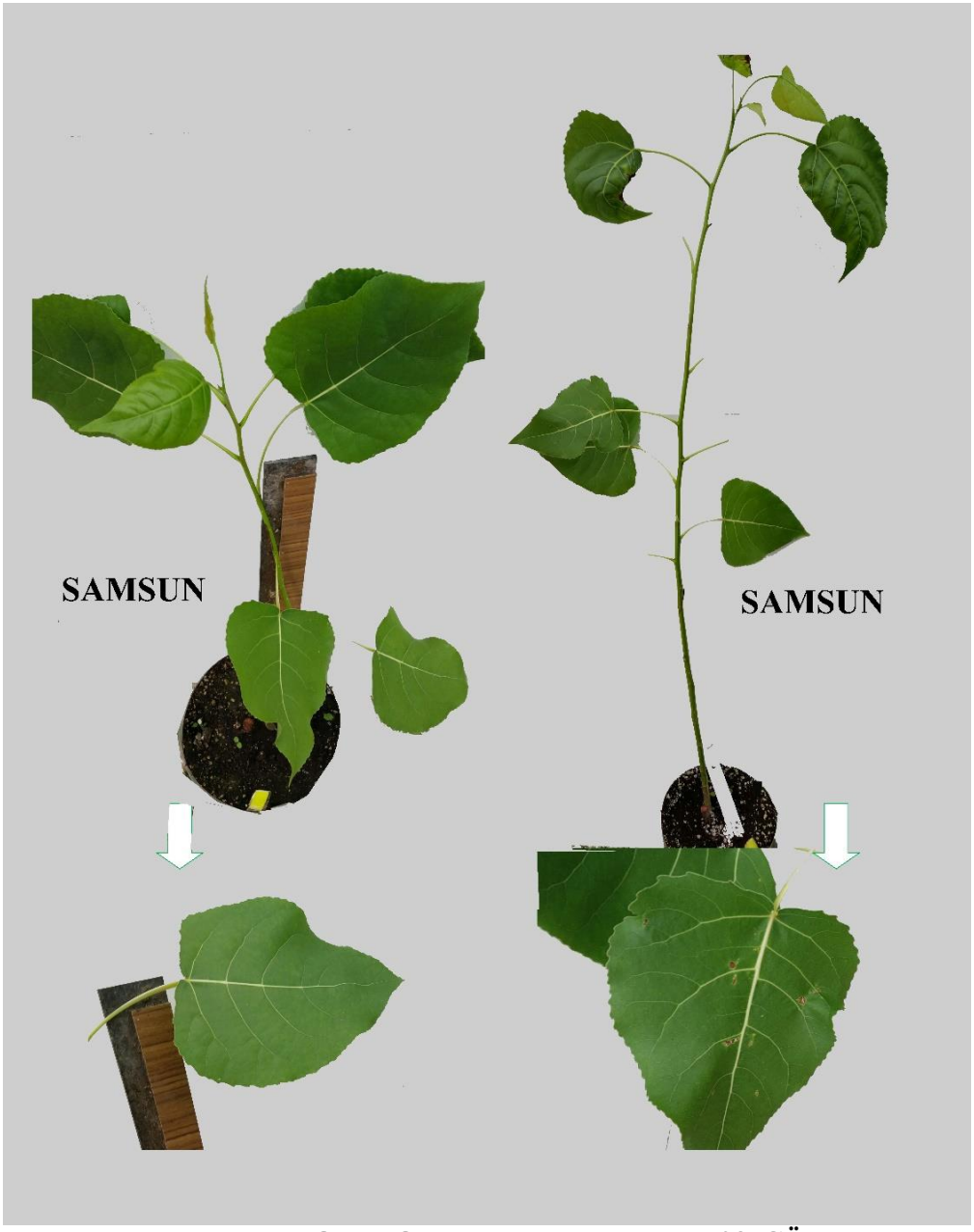
-Titrek Kavak Klonları-



KONTROL **28. GÜN STRES UYGULAMASI**

EK 39'un devamı;

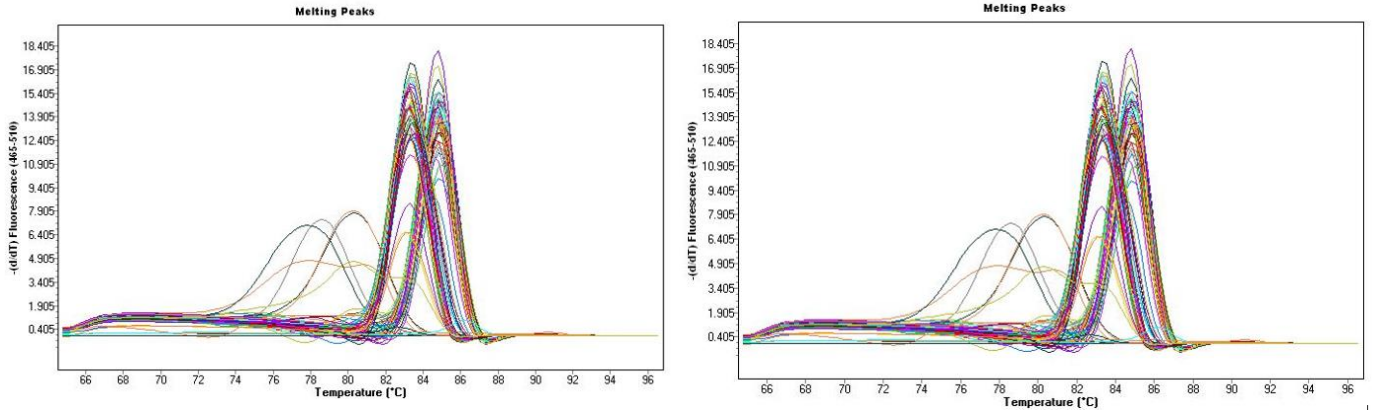
-Samsun Klonları-



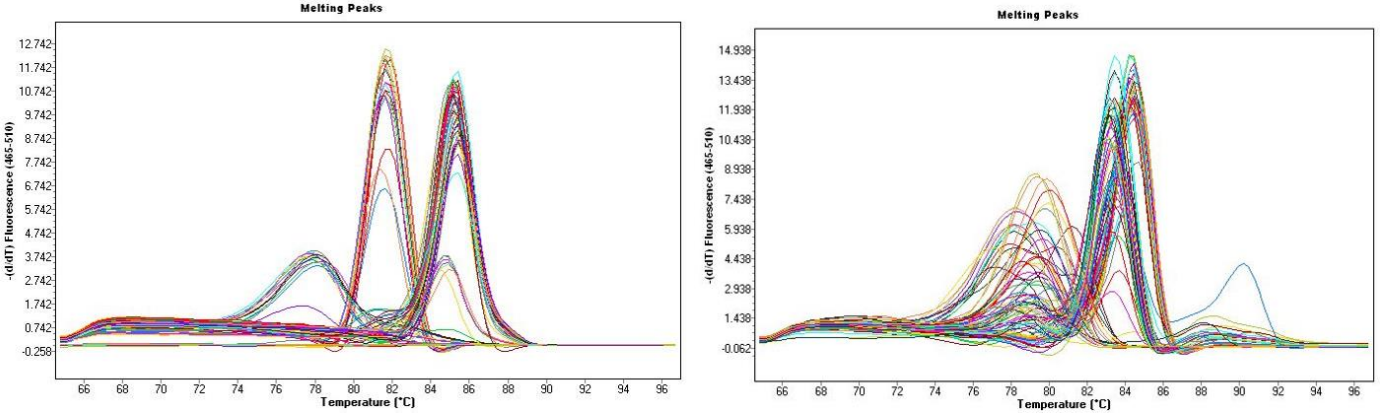
KONTROL **28. GÜN STRES UYGULAMASI**

EK 40 qRT-PZR deney sonucunda elde edilen "Erime Eğri" grafikleri

-Kadmiyum Stresi-Geyve Klonları-

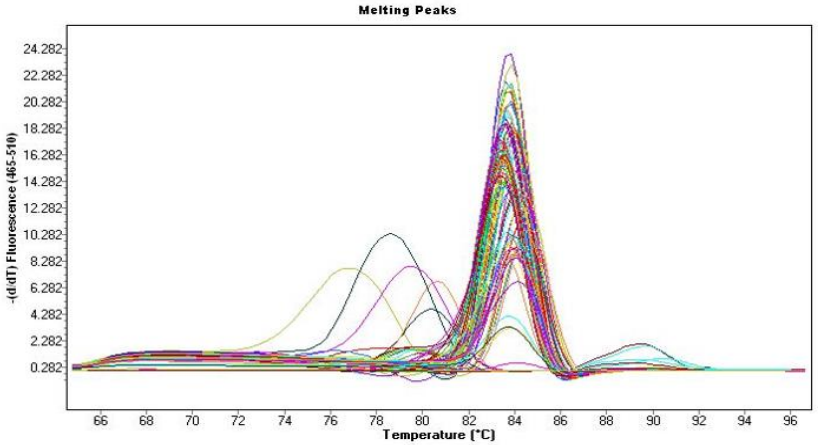


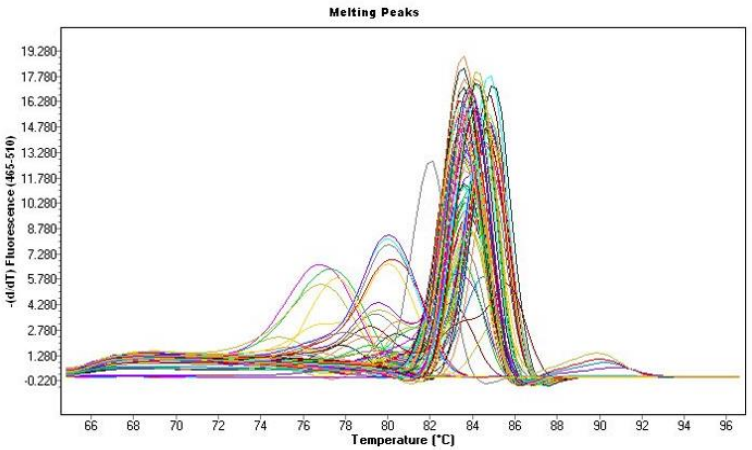
-Kadmiyum Stresi-N.03.368 A Klonları-



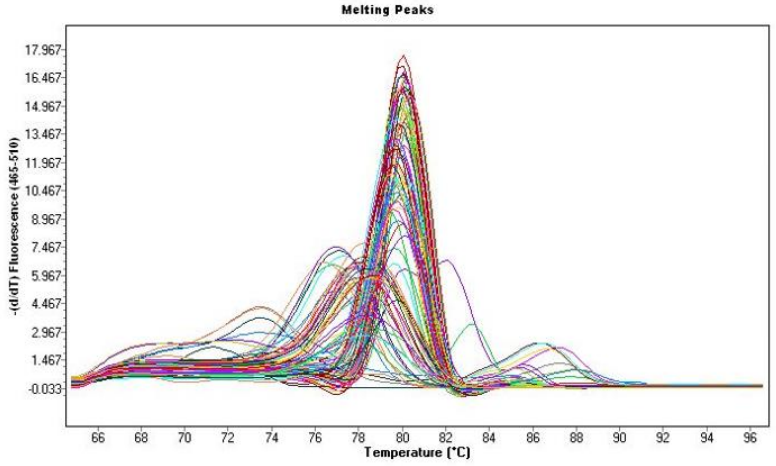
EK 40 qRT-PZR deney sonucunda elde edilen "Erime Eğri" grafikleri

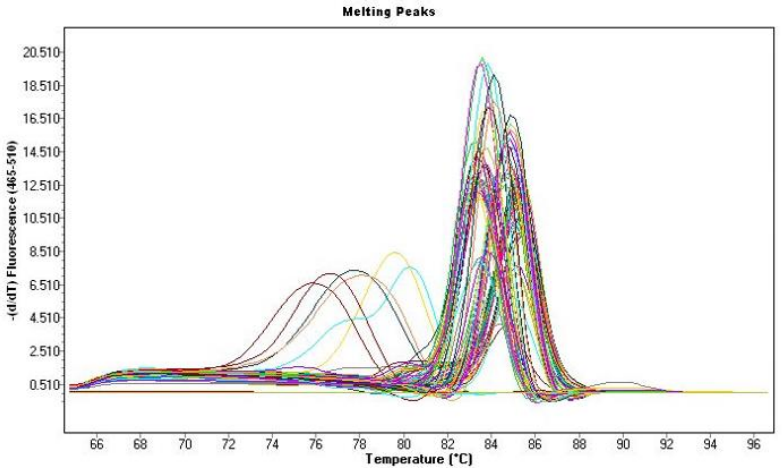
-Kadmiyum Stresi-I-214 Klonları-





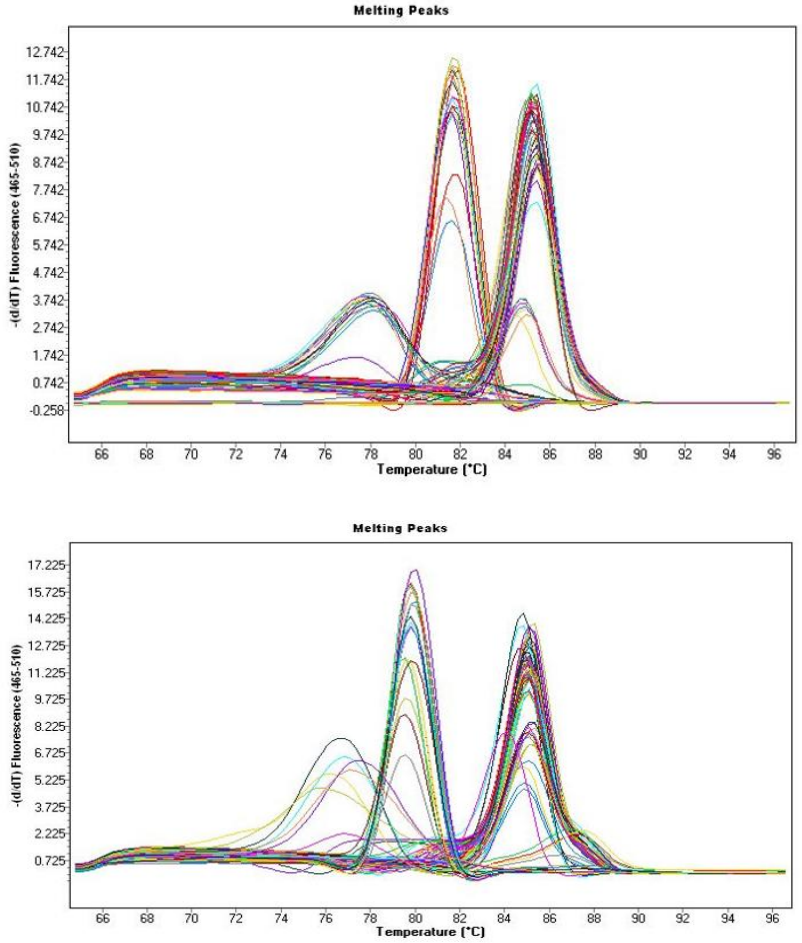
-Kadmiyum Stresi-Titrek Kavak Klonları-





EK 40 qRT-PZR deney sonucunda elde edilen "Erime Eğri" grafikleri

-Kadmiyum Stresi-Samsun Klonları-



ÖZGEÇMİŞ



Adı Soyadı : Esra Nurten YER

Doğum Yeri ve Yılı: Eskişehir/Sivrihisar-1986

Medeni Hali : Bekar

Yabancı Dili : İngilizce

E-posta : esranurtenyer@gmail.com

Eğitim Durumu

Lise : SEV Anadolu Lisesi

Lisans : Gazi Üniversitesi, Kastamonu Orman Fakültesi

Yüksek Lisans : Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü

Mesleki Deneyim

İş Yeri : Kastamonu Üniversitesi Orman Fakültesi Orman Mühendisliği Silvikültür Anabilim Dalı, Araştırma Görevlisi / 2011- devam e.

Yayınları:

Tufan, N., **Yer, E.N.,** Ayan, S. 2017. The Effect of Magnetic Field Applications to Chemical Content of Stratified Seeds of Oriental Beech (Fagus orientalis Lipsky.) *FEB-Fresenius Environmental Bulletin*. 26(7):4606-4615.

Altunoğlu Çelik, Y., Baloğlu, M.C., Baloğlu, P., **Yer, E. N.,** Kara, S. 2017. Genome-wide identification and comparative expression analysis of LEA genes in watermelon and melon genomes. *Physiol Mol Biol Plants* (January–March 2017) 23(1):5–21 DOI 10.1007/s12298-016-0405-8.

Topaçoğlu O, Kara, F, **Yer, E.N.,** Savcı, M. (2017). Determination of deadwood volume and the affecting factors in Kazdağı fir forests. *Austrian Journal of Forest Science*, 3: 245-260.

Ünal, S., Ayan, S., Karadeniz M., **Yer, E. N.** 2017. Some Forest Trees for Honeydew Honey Productions in Turkey. *The Siberian Journal of Forest Science*. Doı: 10.15372/SJF20170409.

Ayan, S., **Yer, E. N.,** Gülseven, O. 2017. Evaluation of Taurus cedar (Cedrus libani A. Rich.) afforestation areas in Turkey in terms of climate type, Artvin Çoruh University, *Journal of Forestry*, Faculty, 18 (2).

Topaçoğlu, O., **Yer, E. N.,** Baycan, R. 2017. İnebolu Orman İşletme Müdürlüğündeki Anadolu Kestanesi (Castanea sativa Mill.) Ormanlarının Meşcere Kuruluşu ve Doğal Gençleşme Örnekleri. *International Taşköprü Pompeiopilis Science Cultural Arts Research Symposium*. Abstract Book.10-12 Nisan 2017. s.342-343.

Ayan, S., **Yer, E. N.,** 2017. Endemic Woody Taxa in Province of Kastamonu. *International Taşköprü Pompeiopilis Science Cultural Arts Research Symposium*. Abstract Book.10-12 Nisan 2017. s.356.

Ayan, S., **Yer, E. N.,** 2017. A review on the species used in the remediation of contaminated soils due to different mining operations in Turkey, 4-7 September, 2017, *International Conference on The Biological Reclamation of Disturbed Lands*, Proceedings ISBN 078-5-94984-629-2, Ekaterinburg, Russia, p. 371-380.

Ayan, S., Turfan, N., **Yer, E. N.,** Seho, M., Özel, H.B., 2017. Antioxidant variability of the seeds in core and marginal populations of Taurus cedar (Cedrus libani A. Rich.), *IUFRO 125th Anniversary Congress*, Freiburg, Germany.

Yer, E. N., Baloglu, M. C., Ayan, S., 2017. Bioinformatics analysis of stress-induced Hsp20 protein family members in ash tree genome, *International Symposium on New Horizons in Forestry* (ISFOR2017), 18-20 October, 2017, Isparta, Turkey.

Baloglu, M. C., **Yer, E. N.,** Ayan, S., 2017. Genome-wide identification of Hsp70 protein family members in European ash trees, *International Symposium on New Horizons in Forestry* (ISFOR2017), 18-20 October, 2017, Isparta, Turkey.

Ayan, S., Baloglu, M. C., **Yer, E. N.** 2017. In silico identification and bioinformatics analysis of Hsp90 (heat shock protein 90) gene family in Fraxinus excelsior L., *International Symposium on New Horizons in Forestry* (ISFOR2017), 18-20 October, 2017, Isparta, Turkey.

Hasdemir, B., Ayan, S., Turfan, N., **Yer, E. N.** 2017. The impact of magnetic field applications on photosynthetic pigments of mountain maple seedlings, *International Symposium on New Horizons in Forestry* (ISFOR2017), 18-20 October, 2017, Isparta, Turkey.

Çalışkan, E., Bal, E., **Yer, E. N.,** Ayan, S., Çeter, T., Özel, H. B. 2017. Surface morphology and micro morphometric measurements using SEM-EDX on seeds of some Fagus orientalis Lipsky. populations, *International Symposium on New Horizons in Forestry* (ISFOR2017), 18-20 October, 2017, Isparta, Turkey.

Baloglu, M.C., Ayan, S., **Yer, E. N.** 2017. Evaluation of impacts of salt stress on black poplar clones, *International Forestry & Environment Symposium* (IFES2017), 7-10 Nov. 2017, Trabzon, Turkey.

Yer, E. N., Ayan, S., Baloglu, M.C., 2017. Physiologic response to salt stress in Aspen and White poplar. *International Forestry & Environment Symposium* (IFES2017), 7-10 Nov. 2017, Trabzon, Turkey.

Turfan, N., Ayan, S., **Yer, E. N.** 2017. Age-related change of some chemical components, in leaves of chestnut (Castanea sativa l.) trees, *International Forestry & Environment Symposium* (IFES2017), 7-10 Nov. 2017, Trabzon, Turkey.

Ayan, S., Baloglu, M.C., **Yer, E. N.** 2017. Effects of salinity on hybrid poplar clones, *International Forestry & Environment Symposium* (IFES2017), 7-10 Nov. 2017, Trabzon, Turkey.

Çelik Altunoğlu, Y., Baloğlu, P., **Yer, E. N.,** Pekol, S., Baloğlu, M.C. 2016. Identification and expression analysis of LEA gene family members in cucumber genome. *Plant Growth Regulation*; pp 1-17. DOI: 10.1007/s10725-016-0160-4.

Yer, E. N., Baloğlu, M.C., Zıplar, U., Ayan, S., Unver, T. 2016. Drought responsive Hsp70 gene analysis in Populus at genome wide level. *Plant Mol Biol Rep* (2016) 34:483–500 DOI 10.1007/s11105-015-0933-3.

Ayan, S., Aydınözü, D., **Yer, E. N.,** Ünalan, E. 2016. Turkish Filbert (Corylus colurna L.) a new distribution area in Northwestern Anatolia Forests: (Provinces of Müsellimler, Tunuslar in Ağlı, Kastamonu/Turkey), Biological Diversity and Conservation, 9/1 (2016) 128-135.

Topaçoğlu, O., **Yer, E. N.,** Baycan, R. 2016. İnebolu Orman İşletme Müdürlüğündeki Anadolu Kestanesi (Castanea sativa Mill.) Ormanlarının Meşçere Kuruluşu ve Doğal Gençleşme Örnekleri Kastamonu Uni., *Orman Fakültesi Dergisi*, 16 (2):622-631.

Yer, E. N., Baloğlu, M. C., Altunoğlu Çelik, Y., Ayan, S. 2016. Identification and bioinformatics analyzes of heat shock protein 70 genes (Hsp 70) in Fagaceae family, *Biological Diversity and Conservation*, 9/2 (S1) 2016, s.84-91.

Turfan N.,**Yer E. N.,** Ayan S., Hasdemir, B.,Hançerlioğulları A. 2016. The effect of magnetic field application on chemical composition in Fagus orientalis Lipsky. seed, *Biological Diversity and Conservation*, 9/2 (S1) 2016, s.75-83.

Ayan, S.,Ünalan, E.,İslam, A., Sakıcı, O. E., **Yer, E. N.** 2016. Variations as to Fat and Protein Composition of Turkish Hazelnut Corylus colurna L in Western Blacksea Region Turkey. *Internatıonal Congress On Natural And Engıneerıng Scıences* (Özet Bildiri/Poster).

Ayan, S.,Erkan Buğday, S.,**Yer, E. N.,** Buğday, E. 2016. Stands Characteristics of Cedrus libani A Rich natural forests in Turkey. *International symposium On Forest areas and peri-urban forests "Dynamics and challenges*" (Özet Bildiri/Sözlü Sunum).

Ayan S., **Yer, E. N.** 2016. Assessment of Taurus Cedar Cedrus libani A Rich Plantations out of their Natural Distribution Areas in Turkey with Regards to Ecological Factor. *International symposium On Forest areas and peri-urban forests "Dynamics and challenges"* (Özet Bildiri/Sözlü Sunum).

Ayan, S.,**Yer, E. N.,** Şahin, F. 2016. Kastamonu Yöresi Peyzaj Düzenlemelerinde Kullanılan Egzotik Dendroflora. I. Uluslararası Abana Sempozyumu (Tam Metin Bildiri/Sözlü Sunum). *I. Uluslararası ABANA Sempozyumu – Geçmişten Günümüze Kastamonu / Kent-Kültür-Kimlik*. 20-21/05/2016. s.272-278.

Topaçoğlu, O.,**Yer, E. N.,** Savcı, M. 2016. Coarse Dead Wood Volume of Managed Fir Abies nordmanniana Steven subsp equi tojani Asch Sint ex Boiss Coode Cullen Stands in Kure Forests. International Forestry Semposium *IFS-2016* (Özet Bildiri/Poster)(Yayın No:3215649).

Ayan, S.,Ünalan, E.,**Yer, E. N.,**Sakıcı, O. E.,İslam, A. 2016. Türk Fındığı Corylus Colurna L'nın Meyve Karakteristikleri Açısından Kuzeybatı Anadolu Ormanlarındaki Populasyon Çeşitliliği Kastamonu Yöresi. *IMCOFE* (Tam Metin Bildiri/Sözlü Sunum).

Ayan, S., **Yer, E. N.,** Ünal, C. 2016. Effect Of Zeolıte Wıth Added Fertılızers On Flowerıng And Cone Productıon Of Scots Pıne (Pinus Sylvestris L.) Clonal Seed Orchard. *Kastamonu Üniversitesi, I. Bilimsel Araştırma Projeleri Çalıştayı*, Proje No: KÜBAP-03/2012-10, 17-18 Şubat 2016, Kastamonu, TÜRKİYE.

Yer, E. N., Baloğlu, M.C., Ayan, S. 2016. The Identification of heat shock protein genes (HSP70) in Populus nigra and determination of their gene expression level under drought stress conditions. *Kastamonu Üniversitesi, I. Bilimsel Araştırma Projeleri Çalıştayı,* Proje No: KÜBAP-01/2014-09, 17-18 Şubat 2016, Kastamonu, TÜRKİYE.

Baloğlu, M.C., Baloğlu, P., **Yer, E. N.,** Altunoğlu Çelik, Y., 2015. Identification of LEA genes in cucumber. *Society for Experimental Biology (SEB) Prague*, 30 June- 3 July 2015, Prague, Czech Republic.

Hasdemir, B., Turfan, N., **Yer, E. N.,** Ayan, S. 2015. The Effect of Magnetic Field Applicat,ons On Seed Germination Physiology and Seed Characteristics of Acer pseudoplatanus L. *First International Forestry Student Conference*, September 2015. SERBIA

Pekol, S., **Yer, E. N.,** Kara S., Baloğlu P., Altunoğlu Çelik, Y., Baloğlu M.C.,2015. Identification and phylogeny analysis of LEA genes in watermelon. *Society for Experimental Biology (SEB) Prague*, 30 June- 3 July 2015, Prague, Czech Republic.

Turfan, N., **Yer, E. N.,** Hasdemir, B., Hançerlioğulları, A., Ayan, S., 2015. The Effect of Magnetic Field Applications on Fagus orientalis L. Seed of Germination Physiology. *IUFRO 10th International Beech Semposium*.

Bulut, A., **Yer, E. N.,** Ayan, S. 2015. Afforestration Policies and Practises Within Last Two Decades in The World. *International Scientific Forum, Rehabilitation & Restoration of Degraded Forests*, s.9, 8-12 June 2015, Astana-Kazakhstan.

Yer, E. N., Baloğlu, M.C., Çelik Altunoğlu, Y., Ayan, S., 2015. Identification and Biyoinformatic Analyzes of Heat Shock Protein 70 Genes (HSP70) In Fagaceae Family. *IUFRO 10th International Beech Semposium*.

Ayan S., Öner N., Özel H.B., Ayan Ö., **Yer E. N.** 2015. Ekstrem Ekolojik Koşullarda Ağaçlandırma Başarısını Artırıcı Teknikler. *International Scientific Forum, Rehabilitation & Restoration of Degraded Forests*, s.90, 8-12 June 2015, Astana-Kazakhstan.

Turfan, N., **Yer, E. N.,** Ayan S. 2015. Determination of Effects of Pollution Stemming from Factories on Some Garden Plants, 22-25 Ekim 2015, *Ulusal Çevre Kongresi*, Afyon.

Turfan, N., **Yer, E. N.,** Ayan S. 2015. Determination of Mechanism of Walnut's (Juglans regia L.) Resistance to Pollution, 22-25 Ekim 2015, *Ulusal Çevre Kongresi*, Afyon.

Çelik Altunoğlu, Y., Kara, S., **Yer, E. N.,** Baloğlu P., Baloğlu M.C. 2015. Kavunda (Cucumis melo L.) LEA Protein Karakterizasyonu, *18. Ulusal Biyoteknoloji Kongresi*, 18-19 Aralık, 2015, Konya.

Baloğlu, M.C., **Yer, E. N.,** Ayan, S. 2015. Isı Şoku Proteinlerinden Hsp100 Gen Ailesinin Kavakta (Populus) Genom Düzeyinde Belirlenmesi ve Biyoinformatik Analizleri, *18. Ulusal Biyoteknoloji Kongresi*, 18-19 Aralık, 2015, Konya.

Yer, E. N., Baloğlu, M.C., Ayan, S. 2015. Kavak (Populus) Genomunda Küçük Isı Şoku Protein Genlerinin Biyoinformatik ve Fonksiyonel Analizleri, *18. Ulusal Biyoteknoloji Kongresi*, 18-19 Aralık, 2015, Konya.

Ayan, S., Ayan, Ö, Altunel, T., **Yer, E. N.** 2014. "Honey Forests" As a example Agroforestry, New Delhi, 10-14 February, Indıa.

Yer, E. N., Ayan, S., 2014. Utilization of Biotechnology on Some Forest Trees in Turkey. Review paper, *South-east Eur for*. 5(2):early view).14-12.

Yer, E. N., Ayan, S. 2014. Utilization of Biotechnology in Turkey's Some Forest Tree Species, *3. Moleküler Biyoloji ve Biyoteknoloji Kongresi*, 02-06 Haziran, Saraybosna.

Yer, E. N., Baloğlu M. C., Ayan, S. 2014. The Description of HSP70 Heat Shock Protein Genes in Populus nigra, Their Bioinformatic Analyses and Detection of Their Gene Expression Level under Drought Stress Conditions. *Scientific and Technological Cooperation in the Field of Plant Diversity and Biotechnology between Turkey and Germany*, 25-27 September, Artvin-Turkey.

Yer, E. N., Baloğlu, M.C., Ayan, S. 2014. Forest genomics for forest tree breeding and gene conservation. *The Third International Symposium on the Biology of Rare and Endemic Plant Species* (BIORARE-2014), 19-23 April, Antalya, Turkey, 63.

Baloğlu, M. C., **Yer, E. N.,** Ayan, S., 2014. Genome-wide analysis of heat shock protein 70 genes (Hsp70) in poplar, *2014-IUFRO Forest Tree Breeding Conference*, 25-29 August, Prague, Czech Republic.

Yer, E. N., Ayan, S., 2013. The Effects of Provenance and Seedling Type on Morphological Characters of Anatolian Black Pine (Pinus nigra Arn. subsp. pallasiana (Lamb) Holmboe) Seedlings, *International Caucasian Forestry Symposium*, 24-26 October, Artvin-Turkey.

Yer, E. N., Ayan, S., 2013. Türkiye Orman Fidanlıklarında Yetiştirilen Süs Bitkilerinin Üretim Teknikleri, *V. Süs Bitkileri Kongresi*, 6-9 Mayıs, Yalova.

Ayan, S., Acar, S., **Yer, E. N.,** Bulut, A., 2012. The heart rot of Abies nordmanniana subsp. bornmülleriana Mattf. to altitudes, *IUFRO-14 International Fir Symposium*, 12-14 September, 2012. Kastamonu-Turkey.

Ayan, S., **Yer, E. N.** 2012. Turkish Forestry and Conservation Practices, *1st International Biology Congress*, Bikek-Krgızistan.

Ayan, S., **Yer, E. N.** 2012. Orman Gen Kaynakları ve Kastamonu Ormanları, K.Ü. Su Ürünleri Fakültesi, *Kastamonu'nun Doğal Zenginleri Sempozyumu*, 16-17 Ekim, Kastamonu.

Yer, E. N., Ayan, S., 2011. Eskişehir Orman Fidanlığı Koşullarında Yetiştirilen Çıplak Köklü Toros Sediri ve Anadolu Karaçam Fidanlarının Gelişim Dönemleri, *K. Ü. Orman Fakültesi Dergisi*, 11 (2):219– 227, Kastamonu.

Ayan, S., Şevik, H., Öztürk, S., Kalaycı, A., **Yer E. N.,** Çeler, E. 2009. International Conference on Plants and Environmental Pollution. Anthropogenic Effects on the Uludağ National Park Forest Ecosystem. *International Conference on Plant & Environmental Pollution* (ICPEP), p. 49, 6-11 July, Kayseri.

Yer, E. N., Yiğit N., Çelik, D.A. 2008. Tüplü Sedir (Cedrus libani A. Rich) ve Karaçam'ın (Pinus nigra Arnold. subsp. pallasiana (Lamb.) Holmboe) fidan morfolojilerine kap tipinin ve orijinin etkisi. *VI. Ulusal Orman Fakülteleri Öğrenci Kongresi,* 8-9 Mayıs, s.293,TÜBİTAK, Düzce.