

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



BİTKİLERDE EKSPANSİN GEN AİLESİNİN
BİYOİNFORMATİK ANALİZLERİ VE VERİTABANI
OLUŞTURULMASI

BÜŞRA ÖZKAN KÖK

DOKTORA TEZİ

DOÇ. DR. YASEMİN ÇELİK ALTUNOĞLU

TEMMUZ - 2023

KASTAMONU

TEZ ONAYI

Büşra ÖZKAN KÖK tarafından hazırlanan “**Bitkilerde Ekspansin Gen Ailesinin Biyoinformatik Analizleri ve Veritabanı Oluşturulması**” adlı tez çalışmasının savunma sınavı **10.07.2023** tarihinde yapılmış olup aşağıda verilen jüri tarafından oy birliği ile Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Genetik ve Biyomühendislik Ana Bilim Dalı Doktora Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Danışman	Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU Kastamonu Üniversitesi	
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU Kastamonu Üniversitesi	
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Evren YILDIZTUGAY Selçuk Üniversitesi	
Jüri Üyesi	Doç. Dr. Abdülkadir KARACI Samsun Üniversitesi	
Jüri Üyesi	Dr. Öğr. Üyesi Ali Burak ÖNCÜL Kastamonu Üniversitesi	

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

Enstitü Müdürü V.

Doç. Dr. Osman ÇİÇEK

.....

TAAHHÜTNAME

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

Büşra ÖZKAN KÖK

ÖZET

DOKTORA TEZİ

BİTKİLERDE EKSPANSİN GEN AİLESİNİN BİYOİNFORMATİK ANALİZLERİ VE VERİTABANI OLUŞTURULMASI

BÜŞRA ÖZKAN KÖK

KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ
GENETİK VE BİYOMÜHENDİSLİK ANA BİLİM DALI
DANIŞMAN:DOÇ. DR. YASEMİN ÇELİK ALTUNOĞLU

Bitkiler yeryüzünde kendi besinini üreten ökaryotik canlılardır. Bitkiler aleminde çok fazla organizma bulunmaktadır ve canlıların yaşam kaynağı olan oksijenin üretilmesinden sorumludurlar. Bu da bitkileri solunum yapan canlılar için önemli kılmaktadır. Bitki hücrelerinde bulunan hücre duvarı, bitkiye destek sağlayan, turgor basıncına karşı hücreye esneklik katan ve en dış katmanda bulunan selülozik bir yapıdan oluşmaktadır. Hücre duvarı biyotik ve abiyotik birçok etmenden etkilenmektedir. Ekspansinler, hücre duvarına etki eden ve genişlemesini sağlayan bir protein ailesidir. Tüm bitkilerde ve hücre duvarının bulunduğu diğer canlılarda ifade edilmektedir. pH'a bağımlı olmak koşuluyla hücre duvarının genişlemesi yönünde etki göstermektedir. Bitkilerde; hücre büyümesi, meyve olgunlaşması, tohum çimlenmesi gibi gelişimsel süreçlerde görev aldığı bilinmektedir. Ekspansin gen ailesi dört alt aileye ayrılmaktadır. Bunlar; alfa expansin (EXPA), beta expansin (EXPB), alfa benzeri expansin (EXLA) ve beta benzeri expansindir (EXLB). Bu tez çalışması kapsamında toplam 70 adet bitkide bulunan expansin genlerine ait gen yapılarının, korunmuş motiflerin belirlenmesi, tahmini üç boyutlu yapılarının gösterilmesi gibi biyoinformatik analizler gerçekleştirilmiştir. Ayrıca expansinlerin hangi alt aileye ait olduğunun belirlenmesi amacıyla derin öğrenme yöntemi geliştirilmiştir. Yapılan analizlerin tamamı <http://www.expansingenefamily.com/> adresinde veritabanı haline getirilmiştir. 'Expansin Gene Family' veri tabanı, çevrimiçi ücretsiz erişim sağlanabilen uluslararası bir veritabanıdır. Bu çalışma ile expansin gen ailesine yönelik çok geniş kapsamlı bir veri tabanı oluşturulmuş olup expansin genleri ile çalışmak isteyen bilim insanları için öncü bir çalışma niteliği taşımaktadır.

ANAHTAR KELİMELEER: Ekspansin gen ailesi, Veri tabanı, Bitki, Genom, Biyoinformatik

Temmuz 2023, 278 Sayfa

ABSTRACT

PH.D THESIS

BIOINFORMATICS ANALYSIS OF THE EXPANSIN GENE FAMILY IN PLANTS AND CREATING A DATABASE

BÜŞRA ÖZKAN KÖK

KASTAMONU UNIVERSITY INSTITUTE OF SCIENCE

DEPARTMENT OF GENETICS AND BIOENGINEERING

SUPERVISOR:ASSOC. PROF. DR. YASEMIN CELİK ALTUNOĞLU

Plants are eukaryotic organisms that produce their own food on earth. There are many organisms in the plant kingdom and they are responsible for the production of oxygen, which is the source of life for living organisms. This makes plants important for living organisms that breathe. Plant cells, unlike other living cells, have a cell wall. The cell wall consists of a cellulosic structure that provides support to the plant, adds flexibility to the cell under turgor pressure, and is in the outermost layer. The cell wall is affected by many biotic and abiotic factors. Expansins are a family of proteins that act on the cell wall and allow it to expand. They are expressed in all plants and other organisms with a cell wall. It acts in the direction of expansion of the cell wall, provided that it is pH dependent. In plants; it is known to be involved in developmental processes such as cell growth, fruit ripening, and seed germination. The expansin gene family is divided into four subfamilies. These; alpha expansin (EXPA), beta expansin (EXPB), alpha-like expansin (EXLA) and beta-like expansin (EXLB). Within the scope of this thesis, bioinformatics analyzes such as determining the gene structures of the expansin genes, conserved motifs and showing the estimated three-dimensional structures of the expansin genes in a total of 70 plants were performed. In addition, a deep learning method was improved in order to determine which subfamily the expansins belong to. All of the analyzes were made into a database at <http://www.expansingenefamily.com/>. ‘Expansin Gene Family’ is an international database that can be accessed free of charge online. With this study, a very comprehensive database for the expansin gene family has been created and it is a pioneering study for scientists who want to work with expansin genes.

KEYWORDS: Expansin gene family, Database, Plant, Genom, Bioinformatics

July 2023, 278 Page

TEŞEKKÜR

Doktora eğitimim boyunca, bilgi birikimi ve deneyimleri ile bana yardımcı olan ve beni destekleyen, değerli danışman hocam Sayın Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU başta olmak üzere, bana bilgi ve tecrübesi ile yol gösteren ve önemli katkılar sunan değerli hocam Sayın Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU'na sonsuz teşekkürlerimi sunarım,

Bu tez kapsamında veri tabanının ve web sitesinin oluşturulmasında katkı sağlayan değerli hocam Sayın Doç. Dr. Abdülkadir KARACI'ya sonsuz teşekkürlerimi sunarım,

Veri tabanına yaptığı değerli katkılarından dolayı Sayın Dr. Öğr. Üyesi Ali Burak ÖNCÜL'e çok teşekkür ederim,

Plantomicsresearch Lab.'daki tüm arkadaşlarıma teşekkür ederim,

Bu uzun ve zorlu süreçte bana olan inançlarını sonuna kadar hissettiren, maddi ve manevi tüm destekleri ile hep yanımda olan ve bu günlere gelmemde sonsuz katkısı olan canım ailem; babam Mehmet Selçuk ÖZKAN'a, annem Hatice ÖZKAN'a, kardeşlerim Feyza Gül ÖZKAN, Esra ÖZKAN'a ve sevgili eşim Yunus KÖK'e sonsuz teşekkür ederim ve onlara ithaf ederim.

Büşra ÖZKAN KÖK

Kastamonu, 2023

İÇİNDEKİLER

Sayfa

TEZ ONAYI	ii
TAAHHÜTNAME	iii
ÖZET.....	iv
ABSTRACT	v
TEŞEKKÜR	vi
İÇİNDEKİLER	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ	x
TABLolar DİZİNİ	xii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ	xiii
1. GİRİŞ.....	1
1.1 Bitkiler Alemi	1
1.2 Bitkilerin Sınıflandırılması	1
1.2.1 Kapalı Tohumlu Bitkiler (Angiospermiler)	3
1.2.1.1 Monokotiledon (tek çenekli) bitkiler ve özellikleri	5
1.2.1.2 Dikotiledon (çift çenekli) bitkiler ve özellikleri.....	6
1.2.1.3 Diğer bitki grupları.....	6
1.2.1.3.1 Bryopsida	6
1.2.1.3.2 Likopsid (Lycopodiopsida).....	6
1.2.1.3.3 Ciğer otları (Marchantiopsida).....	6
1.2.1.3.4 Turba yosunları (Sphagnopsida).....	7
1.3 Bitkilerde Bulunan Hücre Duvarı ve Yapısı.....	7
1.4 Bitkilerde Ekspansin Gen Ailesi.....	13
1.5 Diğer Türlerde Ekspansin Gen Ailesi.....	17
1.6 Ekspansinlerin Hücre Duvarına Etki Mekanizması ve Biyokütle Oluşumuna Etkisi	18
1.7 Biyolojik Veritabanları	20
1.8 Web Tabanlı Veri Tabanı Oluşturmada Kullanılan Yapılar.....	23
1.8.1 Asp.net ve MVC (Model-View-Controller) Yapısı.....	23
1.8.1.1 Aktif sunucu sayfaları (active server pages, ASP) ve ASP.NET	23
Model-Görüntüleme-Denetleyici (MVC) yapısı.....	24
1.8.1.2 MVC'nin ASP.NET uygulaması	28
1.8.2 C# Programlama Dili	28
1.8.3 MSSQL Veritabanı	33
1.9 Derin Öğrenme	34
2. KURAMSAL ÇERÇEVE	37
3. YÖNTEM.....	49
3.1 Ekspansin Genlerinin Tanımlanması ve Özelliklerinin Belirlenmesi	50
3.2 Ekspansin Genlerinin Kromozomal Yerleşimlerinin Gösterilmesi	50
3.3 Ekspansinlerin Gen Yapılarının Belirlenmesi	50
3.4 Ekspansin Proteinlerinde Korunmuş Motiflerin Belirlenmesi	50
3.5 Ekspansin Proteinlerinin Domain Analizi	51
3.6 Ekspansin Proteinlerinin Homoloji Modellemesi ve Tahmini Üç Boyutlu Yapılarının Belirlenmesi.....	51
3.7 Veritabanı İçin Websitesinin Geliştirilmesi	51

3.8	Dizilerin k-mer'ler ve Word2Vec ile Temsili	52
3.9	Gated Recurrent Birim (GRU)	53
3.10	Derin Öğrenme Modeli	54
4.	BULGULAR	57
5.	SONUÇ VE TARTIŞMA	81
	KAYNAKLAR	85
	EKLER	97
	EK A Tüm Bitkilere Ait TabloS1 Tabloları	98
	EK A.1 <i>A. thaliana</i> 'ya ait TabloS1.	97
	EK A.2 <i>A. coerulea</i> 'ya ait TabloS1	100
	EK A.3 <i>A. comosus</i> 'a ait TabloS1	102
	EK A.4 <i>A. halleri</i> 'ye ait TabloS1	104
	EK A.5 <i>A. hypochondriacus</i> 'a ait TabloS1	105
	EK A.6 <i>A. lyrata</i> 'ya ait TabloS1	107
	EK A.7 <i>A. trichopoda</i> 'ya ait TabloS1	109
	EK A.8 <i>B. distachyon</i> 'ya ait TabloS1	111
	EK A.9 <i>B. oleracea capitata</i> 'ya ait TabloS1	114
	EK A.10 <i>B. stacei</i> 'ye ait TabloS1	116
	EK A.11 <i>B. stricta</i> 'ya ait TabloS1	119
	EK A.12 <i>C. clementina</i> 'ya ait TabloS1	121
	EK A.13 <i>C. grandiflora</i> 'ya ait TabloS1	123
	EK A.14 <i>C. papaya</i> 'ya ait TabloS1	125
	EK A.15 <i>C. sativus</i> 'a ait TabloS1	127
	EK A.16 <i>C. sinensis</i> 'a ait TabloS1	129
	EK A.17 <i>D. carota</i> 'a ait TabloS1	131
	EK A.18 <i>E. grandis</i> 'e ait TabloS1	133
	EK A.19 <i>E. salsugineum</i> 'e ait TabloS1	136
	EK A.20 <i>G. raimondii</i> 'ye ait TabloS1	138
	EK A.21 <i>K. fedtschenkoi</i> 'ye ait TabloS1	142
	EK A.22 <i>L. usitatissimum</i> 'a ait TabloS1	144
	EK A.23 <i>M. acuminata</i> 'ya ait TabloS1	147
	EK A.24 <i>M. esculenta</i> 'ya ait TabloS1	152
	EK A.25 <i>M. guttatus</i> 'a ait TabloS1	155
	EK A.26 <i>M. polymorpha</i> 'ya ait TabloS1	157
	EK A.27 <i>M. truncatula</i> 'ya ait TabloS1	159
	EK A.28 <i>O. sativa</i> 'ya ait TabloS1	162
	EK A.29 <i>O. thomaeum</i> 'a ait TabloS1	165
	EK A.30 <i>P. hallii</i> 'ye ait TabloS1	167
	EK A.31 <i>R. communis</i> 'e ait TabloS1	171
	EK A.32 <i>S. bicolor</i> 'a ait TabloS1	173
	EK A.33 <i>S. fallax</i> 'a ait TabloS1	178
	EK A.34 <i>S. moellendorffi</i> 'ye ait TabloS1	180
	EK A.35 <i>S. polyrhiza</i> 'ya ait TabloS1	182
	EK A.36 <i>S. tuberosum</i> 'a ait TabloS1	183
	EK A.37 <i>S. viridis</i> 'e ait TabloS1	185
	EK A.38 <i>T. cacao</i> 'ya ait TabloS1	189
	EK A.39 <i>T. pratense</i> 'ye ait TabloS1	191
	EK A.40 <i>Z. marina</i> 'ya ait TabloS1	194
	EK A.41 <i>A. duranensis</i> 'e ait TabloS1	195

EK A.42 <i>A. ipaensis</i> 'e ait TabloS1	197
EK A.43 <i>A. occidentale</i> 'ye ait TabloS1	200
EK A.44 <i>A. officinalis</i> 'e ait TabloS1	203
EK A.45 <i>B. sylavaticum</i> 'a ait TabloS1	204
EK A.46 <i>C. arietinum</i> 'a ait TabloS1	207
EK A.47 <i>C. quinoa</i> 'ya ait TabloS1	209
EK A.48 <i>E. guineensis</i> 'e ait TabloS1	213
EK A.49 <i>H. annus</i> 'a ait TabloS1	215
EK A.50 <i>L. sativa</i> 'ya ait TabloS1	218
EK A.51 <i>M. sinensis</i> 'e ait TabloS1	221
EK A.52 <i>O. brachyantha</i> 'ya ait TabloS1	228
EK A.53 <i>O. europaea</i> 'ya ait TabloS1	231
EK A.54 <i>O. sativa kitaake</i> 'ye ait TabloS1	233
EK A.55 <i>P. deltoides</i> 'e ait TabloS1	236
EK A.56 <i>P. equestis</i> 'e ait TabloS1	238
EK A.57 <i>P. halli hal</i> 'e ait TabloS1	239
EK A.58 <i>S. bicolor rio</i> 'ya ait TabloS1	243
EK A.59 <i>C. rubella</i> 'ya ait TabloS1	247
EK A.60 <i>N. sylvestris</i> 'e ait TabloS1	249
EK A.61 <i>N. tomentosoformis</i> 'e ait TabloS1	252
EK A.62 <i>P. patens</i> 'e ait TabloS1	254
EK A.63 <i>P. persica</i> 'ya ait TabloS1	257
EK A.64 <i>S. pennellii</i> 'ye ait TabloS1	259
EK A.65 <i>S. indicum</i> 'a ait TabloS1	261
EK A.66 <i>S. italica</i> 'ya ait TabloS1	263
EK A.67 <i>S. purpurea</i> 'ya ait TabloS1	267
EK A.68 <i>K. laxiflora</i> 'ya ait TabloS1	269
EK A.69 <i>P. trichocarpa</i> 'ya ait TabloS1	273
EK A.70 <i>P. vulgaris</i> 'e ait TabloS1	275
ÖZGEÇMİŞ	277

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa

Şekil 1.1 Üç ağ mimarisine sahip bir hücre duvarı modeli.....	11
Şekil 1.2 EXPA'nın AlphaFold algoritması tarafından belirlenen yapısı (<i>A. thaliana</i> EXPA1)	15
Şekil 1.3 Ekspansinler ile hücre duvarının yeniden modellenmesi.....	20
Şekil 1.4 TAIR veritabanı.	21
Şekil 1.5 KEGG veritabanı.	22
Şekil 1.6 Gabi-PD veritabanı	23
Şekil 1.7 Bir MVC uygulamasındaki etkileşimler	28
Şekil 2.8 Ekspansinlerin hücre duvarına etki mekanizması.....	40
Şekil 2.9 CBM63 ve DPBB'nin iki ana alanına sahip olan, önerilen bir ekspansin molekülü modeli.....	41
Şekil 2.10 Ekspansinlerin aktivasyonu	43
Şekil 3.11 Veritabanı mimarisi	52
Şekil 3.12 Word2Vec corpus görselleştirmesi	53
Şekil 3.13 Eğitim, doğrulama ve test veri kümesindeki dizilerin karakter uzunlukları.....	55
Şekil 4.1 Web sitesi ana sayfa görünümü	57
Şekil 4.2 Monokot, dikot ve diğer bitkilerin web sitesinde ayrı ayrı görünümü	58
Şekil 4.3 Tüm bitkiler için Tablo S1 görünümü	59
Şekil 4.4 Bir ekspansin proteinine ait özelliklerin genel görünümü	59
Şekil 4.5 Bitkilere ait ekzon-intron, kromozomal yerleşim, motif ve makale linklerinin gösterilmesi	60
Şekil 4.6 Ekspansin proteinine ait tahmini üç boyutlu yapının özellikleri	60
Şekil 4.7 Ekspansin proteinine ait bilgilerin PDF dosyası formatında sunulması	60
Şekil 4.8 <i>Arabidopsis thaliana</i> 'ya ait TAIR veritabanı sayfası	61
Şekil 4.9 <i>Arabidopsis thaliana</i> 'ya ait KEGG veri tabanı sayfası.....	61
Şekil 4.10 <i>Arabidopsis thaliana</i> 'ya ait GABIPD veri tabanı sayfası.....	62
Şekil 4.11 <i>Arabidopsis thaliana</i> 'ya ait genom makalesi.....	62
Şekil 4.12 Bitkilerin ekspansin ailesine ait gen, CDS ve peptit dizilerine erişim.....	63
Şekil 4.13 Bitkilerin ekspansin ailesine ait tüm peptit dizilerine erişim.....	63
Şekil 4.14 Bitkilerin ekspansin ailesine ait tüm CDS dizilerine erişim	64
Şekil 4.15 Bitkilerin ekspansin ailesine ait tüm gen dizilerine erişim	64
Şekil 4.16 Websitesinden NCBI Blast programına erişim.....	65
Şekil 4.17 Websitesinden derin öğrenme sunucusunun alt yapısına erişim.....	65
Şekil 4.18 Web sitesinde arama görünümü.....	66
Şekil 4.19 <i>Arabidopsis thaliana</i> bitkisindeki ekspansin genlerine ait ekzon-intron yapısının gösterilmesi.....	67
Şekil 4.20 <i>Arabidopsis thaliana</i> bitkisindeki ekspansin proteinlerine ait motif yapısının gösterilmesi.....	68
Şekil 4.21 <i>Arabidopsis thaliana</i> bitkisindeki ekspansin genlerine ait kromozomal yerleşimlerin gösterilmesi	69
Şekil 4.22 <i>Oryza sativa</i> bitkisindeki ekspansin genlerine ait ekzon-intron yapısının gösterilmesi.....	70

Şekil 4.23 <i>Oryza sativa</i> bitkisindeki ekspansin proteinlerine ait motif yapısının gösterilmesi.....	71
Şekil 4.24 <i>Oryza sativa</i> bitkisindeki ekspansin genlerine ait kromozomal yerleşimlerin gösterilmesi	72
Şekil 4.25 Önerilen model için eğitim ve validasyon doğruluğu ve kayıp grafikleri	78
Şekil 4.26 Önerilen model (A) ve yakınlaştırılmış versiyon (B) için ROC grafiği	79



TABLÖLAR DİZİNİ

Sayfa

Tablo 1.1 Monokotiledon ve dikotiledon bitkiler arasındaki temel farklar	5
Tablo 3.2 Seçilen 70 bitkinin sınıflandırılması	49
Tablo 4.1 70 bitkide bulunan toplam ekspansin genleri	73
Tablo 4.2 Önerilen derin öğrenme modelinin test sonuçları	78
Tablo 4.3 Önerilen modelin 5 kat çapraz validasyon kesinlik sonucu	79
Tablo 4.4 Önerilen model ile diğer çalışmaların kesinlik performans karşılaştırması	80



SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

Al	: Alüminyum
C#	: See Sharp
Ca	: Kalsiyum
CO₂	: Karbondioksit
O₂	: Oksijen
α	: Alfa
β	: Beta

Kısaltmalar

2. GB	: İkinci nesil biyoyakıt
ASP	: Active server pages
CBM	: Karbonhidrat bağlama modülü
CDS	: Kodlanan dizi
CMF	: Selüloz mikrofibril
CW	: Hücre duvarı
D1	: Domain 1
D2	: Domain 2
DPBB	: Çift psi beta varil
ER	: Endoplazmik retikulum
ExED	: Expansin engineering database
EXLA	: Alfa benzeri ekspansin
EXLB	: Beta benzeri ekspansin
EXP	: Ekspansin
EXPA	: Alfa ekspansin
EXPB	: Beta ekspansin
GH	: Glikozit hidrolaz
KEGG	: Kyoto genler ve genomlar ansiklopedisi
LCB	: Lignoselülozik biyokütle
MGI	: Mouse genome informatics
miRNA	: mikroRNA
MVC	: Model görüntüleme denetleyici
PDB	: Protein data bank
PG	: Poligalaktoturonaz
PL	: Pektat ligaz
PM	: Plazma zarı
PME	: Pektin metilesteraz
RGD	: Sıçan genom veri tabanı
ROS	: Reaktif oksijen türleri
SCW	: İkincil hücre duvarı
TAIR	: <i>Arabidopsis thaliana</i> bilgi kaynağı

XET	: Ksiloglukan ksiloglukosil transferaz/endohidrolaz
XTH	: Ksiloglukan endotransglukosilaz/hidrolaz
XyG	: Ksiloglukan



1. GİRİŞ

1.1 Bitkiler Alemi

Bitkiler; birçok özelleşmiş hücrelerden oluşan, güneş ışığı ile fotosentez yaparak su ve karbondioksit gibi basit maddeleri kullanarak şeker, nişasta ve selüloz gibi organik maddelere dönüştüren ve aynı zamanda fotosentez sonucu ortaya çıkarak canlıların yaşam kaynağını oluşturan oksijeni üreten ve hücre duvarına sahip ökaryot canlı formlarıdır (Cavalier-Smith, 1981; Finch vd., 2014; Green, 2011; Keller, 2020; Singh, 2019; Tuğ, 2004).

Dünyada yaklaşık olarak 500.000 bitki türü olduğu tahmin edilmekte olup bunlardan tahmini % 70'inin tohumla sahip olduğu bilinmektedir. Bitkiler dünyadaki oksijenin büyük bir kısmını ürettiğinden dünya ekosisteminde önemli bir yere sahiptir. Aynı zamanda bitkiler, canlılar için temel gıda, tekstil, ilaç ve enerji alanlarında da kullanıma sahip olduğundan canlılar için büyük önem arz etmektedir (Adl vd., 2005; Cavalier-Smith, 1981; Keller, 2020; Lewis ve McCourt, 2004; Singh, 2019). Bitkiler genellikle kök, gövde ve yaprak gibi özel yapılara sahip olup genellikle hareketsiz canlılardır. Birçoğu karasal ekosistemde besin zincirinin ilk basamağında yer alır (Finch vd., 2014).

Genel olarak; bitkilerde en çok görülen yaşam döngüsü, haploid bir formun (n kromozomlu) bir diploid formla ($2n$ kromozomlu) değiştiği haplo-diploid yaşam döngüsüdür. Aynı zamanda eşeyli ve eşeysiz üreme ile çoğalabilmektedirler. Bitkilerin hücre duvarları selülozdan oluşmaktadır (Keller, 2020; Scott, 1999; Whitton ve Rajakaruna, 2001).

1.2 Bitkilerin Sınıflandırılması

Bitkiler için birçok sınıflandırma mevcut olup genel olarak bitkiler alemi yeşil algleri, ciğer otları, yosunları, trakeofitleri (damarlı bitki grubu), çiçekli bitkiler olan tek çeneklileri (monokot) ve çift çeneklileri (dikot) kapsamaktadır (Singh, 2019).

Bitkiler alemi bilimsel yaklaşımda tohumlular (sporlu ve çiçeksiz, Cryptogamae) ve tohumlu (çiçekli, Spermatophyta) bitkiler olmak üzere iki temel sınıfa ayrılabilir (Seçmen vd., 1995). Tohumlular bitkiler, damarlı ve damarsız bitkiler olmak üzere ikiye ayrılır. Tohumlu çiçekli bitkiler kapalı ve açık tohumlu olmak üzere iki temel sınıfa sahiptir. Kapalı tohumlu (angiosperm) bitkiler ise en fazla bitki türlerini içeren tek çenekliler (monokotiledon, Liliopsida) ve çift çenekliler (dikotiledon, Magnoliopsida) olmak üzere alt sınıfa sahiptir (Önen, 2010; URL-1, 2023).

Bitkilerin büyük çoğunluğu kloroplast organelini içermektedir (Singh, 2019). Kırmızı algler, kahverengi algler ve Glaucophytes de kloroplast içermektedir. Tüm yeşil bitkiler, (Viridiplantae veya Chlorobionta) kloroplast organelinde yeşil renk veren fotosentetik pigment olan klorofil, tillakoid ve grana yapısını içerirler. Nişastayı besin olarak depolarlar ve enerjilerinin çoğunu kloroplastları kullanarak güneş ışığından elde ederler. Yeşil bitkiler klorofil a'ya ek olarak klorofil b'yi de içerirler. Bu özelliği ile bitkiler alemine dahil olan kırmızı ve kahverengi alglerden ayrılırlar. Buna ek olarak; yeşil bitkilerdeki kloroplastların, ökaryotik bir hücrede bağımsız olarak yaşayan, tek hücreli bir prokaryotun endosimbiyoz (hücre içi birlikte yaşama) yoluyla oluştuğu düşünülmektedir. Yeşil bitkiler, hem ağırlıklı olarak suda yaşayan mavi-yeşil algleri hem de genellikle kara bitkileri olarak adlandırılan embriyofitler (Embryophyta) grubunu içermektedir (Cavalier-Smith, 2022; Scott, 1999; Simpson, 2010, 2019; Singh, 2019).

Embriyofitler de olarak bilinen kara bitkileri, su ortamından karada yaşama geçiş evresinde birkaç evrimsel yenilik içermektedir. Bu yenilikler; dokuların kurumasını önleyen bir dış kütikül, steril hücrelerin dış koruyucu tabakasına sahip özel gametangiyayı (yumurta ve sperm üreten organlar) ve erken, olgunlaşmamış bileşeni embriyo ("embriyofitler") olarak adlandırılan, yaşam döngüsünde araya eklenen bir diploid fazı (sporofit) içerir. Yeşil bitkilerin kara bitkilerini içermesi gibi kara bitkileri de bağımsız bir sporofit ve ksilem ve floem damarlı (vasküler) iletken dokunun evrimi ile birleşen vasküler bitkileri; vasküler bitkiler, odun ve tohumların evrimiyle birleşen tohumlu bitkileri içermektedir. Tohumlu bitkiler ise karpeller ve stamenler dahil olmak üzere çiçeğin evrimini ve bir dizi diğer spesifik özelliklerle birleşen angiospermeleri

içerir. Kara bitkileri; yosunları, ciğer otlarını, eğrelti otlarını, kozalaklı ağaçları, çiçekli bitkileri (açık ve kapalı tohumlular dahil) içermektedir (Simpson, 2019; Singh, 2019; Whitton ve Rajakaruna, 2001).

Kara bitkileri dünyada en çok bulunan yeni ve güçlü bitki grubu olarak kabul edilir ve bitkiler Botanik bilim dalı altında incelenmektedir. Yeryüzündeki karasal alanın çoğunu kapalı tohumlular oluşturmakta olup dünyadaki bitki örtüsünün ana bileşenidir (Keller, 2020; Singh, 2019). Bunun dışında bazı bitkiler ise parazit bir yaşam döngüsüne sahiptir ve klorofil üretme ve fotosentez yapma özelliklerini kaybetmişlerdir (Scott, 1999).

1.2.1 Kapalı Toumlu Bitkiler (Angiospermiler)

Angiospermiler; Magnoliophyta veya Anthophyta olarak çeşitli şekillerde adlandırılan çiçekli bitkiler, açık tohumluların (gymnospermiler) kardeş grubu olduğu düşünülen monofiletik bir gruptur (Simpson, 2019). Kapalı toumlu bitkiler; bitki grupları arasında en baskın bitki grubu olup bitki biyoçeşitliliğinin %95'inden fazlasını içermektedir ve en büyük embriyofit grubunu oluşturmaktadır (Magallón, 2009; Simpson, 2019; Singh, 2019; Soltis ve Soltis, 2004; Whitton ve Rajakaruna, 2001). Kapalı toumlu bitkiler; bitkilerdeki tür açısından en yoğun ve ekolojik olarak en çeşitli alana sahiptir ve karasal ekosistemlerin çoğuna tamamen hakimdirler. Çiçekli bitkiler hemen hemen her yaşanabilir bölgede yetişmektedir ve bazı su ekosistemlerinde de baskın olabilmektedir. Kapalı toumlu bitkiler arasında gözlemlenen morfolojik, ekolojik ve fizyolojik çeşitlilik, başka hiçbir bitki grubunda bulunmamaktadır ve bu çeşitlilik, bitki araştırmalarının önemli bir bölümünü kendine çekmektedir (Whitton ve Rajakaruna, 2001; Wikström vd., 2001). Metabolik performansa bakıldığında kapalı toumlu bitkilerin çeşitliliği; kara bitki ototrofinin sınırlarında büyüyen derin gölgeli yağmur ormanı bitkilerinden, bilinen en yüksek karbondioksit (CO₂) asimilasyonu, oksijen (O₂) oluşumu ve su kaybı oranları ile diğer ucu sınırlayan güneşi seven, yabani otlara kadar değişmektedir (Feild ve Arens, 2007; Wikström vd., 2001).

Kapalı tohumlular, benzersiz bir karakter kombinasyonunu paylaşan, farklı, evrimsel olarak en başarılı bitki grubunu oluşturur (Keller, 2020; Singh, 2019). Bu önemli bitkiler, ovülleri çevreleyen karpelleri, stigma üzerinde filizlenen polen tanelerini, eşlikçi hücrelere sahip elek tüplerini, üçlü endosperm ile sonuçlanan çifte döllenmeyi ve oldukça azalmış erkek ve dişi gametofitleri içermektedir (Singh, 2019). En karmaşık üreme sistemine sahip bitkiler olup tohumlarını çiçeğe gömülen bir yumurtalık içinde büyütürler. Çiçek döllendikten sonra diğer kısımları dökülür ve yumurtalık şişerek bir meyveye dönüşür. Aslında, meyve oluşumu, angiospermeleri tanımlayan ve onları kozalaklı ağaçlardan, akrabalarını içeren Spermatophyta grubu veya tohumlu bitkiler süper bölümünde sınıflandırılan açık tohumlu bitkilerden ayıran önemli bir özelliktir (Keller, 2020; Soltis ve Soltis, 2004). Bazı çiçekli bitki türleri su ortamlarına uyum sağlarken, diğerleri arktik, aşırı çöl ve hatta deniz koşullarına karşı tolerans geliştirmiştir (Feild ve Arens, 2007; Whitton ve Rajakaruna, 2001). Ayrıca, kapalı tohumluların ekofizyolojik ve yapısal çeşitliliği, polen taşıyıcılar, dağıtıcılar ve otçullar için çeşitli kaynaklar sağlayarak karasal biyoçeşitliliğin oluşturulması ve sürdürülmesinde temel teşkil etmektedir (Feild ve Arens, 2007).

Angiospermeler, en değerli gıda mahsulleri de dahil olmak üzere ekonomik açıdan önemli bitkilerin büyük bir kısmını da oluşturmaktadır (Simpson, 2019). Angiospermeler iki ana taksonomik gruba ayrılmaktadır. Bunlar tek çenekli olan monokotiledonlar ve çift çenekli olan dikotiledonlardır (Dahlgren, 1980; Sabelli, 2012). Monokotiledon ve dikotiledon bitkiler arasındaki temel farklar Tablo 1.1’de özet olarak verilmiştir (Finch vd., 2014).

Tablo 1.1 Monokotiledon ve dikotiledon bitkiler arasındaki temel farklar (Finch vd., 2014)

Monokotiledon (tek çenekli)	Dikotiledon (çift çenekli)
Embriyo bir tohum yaprağına (kotiledon) sahiptir.	Embriyo iki tohum (kotiledon) yaprağına sahiptir.
Tesadüfi (lifli) kök sistemi.	Tap root ile birincil kök sistemi.
Genellikle dar yapraklı bitkiler, örneğin tahıllar ve diğer otlar.	Genellikle geniş yapraklı bitkiler, örneğin baklagiller ve şeker pancarı.
Gövdede damar demetleri dağılmıştır.	Gövdedeki damar demetleri bir halka oluşturur.
Kök ksilem ve floem bir halka oluşturur.	Ksilemin kolları arasında kök floem oluşur.
Yaprak damarları paraleldir.	Yaprak damarları net bir model oluşturur.

1.2.1.1 Monokotiledon (tek çenekli) bitkiler ve özellikleri

Monokotiledon (tek çenekli) bitkiler; tüm çiçekli bitkilerin yaklaşık olarak %25'ini oluşturan tek bir embriyonik yaprağı (tek kotiledon) sahip monofletik bitkilerdir (Bremer, 2000; Finch vd., 2014; Hedges ve Kumar, 2009). Bazı monokotiledonlarda kaybolmuş olsalar da, çoğu monokotiledon bir dizi morfolojik karaktere sahiptir. Geleneksel olarak, tek çenekliler, kısmen üçün katları halinde çiçek parçalarının ortaya çıkmasıyla tanımlanmıştır (Simpson, 2019). Tek kotiledon; doğrusal damarlanma, bir bazal meristem, sürgünlerde dağınık damar demetleri ve ksilem ve floemde ikincil büyüme eksikliğinden kaynaklı elek hücresi plastidleri, tesadüfi kök sistemi ve simpodiyal büyüme gibi belirgin morfolojik karakterlere sahiptir. Monokotiledonlar genellikle trimer çiçeklere ve en yaygın olarak monosulkat olan tek delikli (uniaperturate) polenlere sahiptir. Monokotiledon karakterler ayrıca diğer kapalı tohumlu gruplarda da görülebilmektedir (Hedges ve Kumar, 2009).

Monokotiledon bitkiler; zambakları, orkideleri (Orchidaceae), palmiyeleri, zencefilleri, süsenleri, aroidleri, ekolojik otlakları, ekonomik açıdan çok önemli olan tahılları (buğday, mısır, pirinç ve diğer tahıllar) tüm bitki ailelerinin en önemlilerinden biri olan çimenleri (Poaceae) ve süs bitkilerini içerirler (Bremer, 2000; Finch vd., 2014; Magallón, 2009; Simpson, 2019; Soltis ve Soltis, 2004).

1.2.1.2 Dikotiledon (çift çenekli) bitkiler ve özellikleri

Dikotiledon (çift çenekli) bitkiler çift embriyonik yaprağa (çift kotiledon) sahip, angiospermilerin %75'ini oluşturan monofletik bitkilerdir (Finch vd., 2014; Simpson, 2019; Soltis ve Soltis, 2004). Dikotiledon bitkiler; colpi adı verilen açıklıklara yerleşmiş üç gözenekli bir tür polen tanesi olan trikolpat polen taneciklerinin (üç uzunlamasına açıklığa sahip polen) varlığı veya bunlardan türetilmiş morfolojik tiplerinin benzersiz varlığı ile karakterize edilir. Dikotiledon bitkiler, geniş bir filogenetik, morfolojik ve ekolojik çeşitliliği kapsar. Dikotiledon taksonları en önemli iki angiosperm grubu olan Rosid ve Asterid grubunu içermektedir ve bu gruplar dikotiledonların neredeyse üçte ikisini oluşturmaktadır (Forest ve Chase, 2009; Magallón, 2009; Simpson, 2019; Soltis ve Soltis, 2004).

Dikotiledon bitkilerin sınıfı geniş ve çok çeşitli olduğundan patates, fasulye, şeker pancarı, ağaç, çalı, asma, çiçek, yapraklı salatalar, meyve ve sebzeler ve baklagiller dahil olmak üzere çoğu bitki (yaklaşık 200.000 tür) bu gruba aittir (Finch vd., 2014; Keller, 2020).

1.2.1.3 Diğer bitki grupları

1.2.1.3.1 Bryopsida

Bryopsida, yaklaşık 14.500 türden oluşan büyük bir gruptur (Altuner ve Çetin, 2009).

1.2.1.3.2 Likopsid (Lycopodiopsida)

Likopsitler, bilinen en eski kara bitkilerinden olup damarlı bitkilerin %1'inden daha azını oluşturan bitki grubudur (I, 2016; Wikström ve Kenrick, 2001).

1.2.1.3.3 Ciğer otları (Marchantiopsida)

Ciğerotları (Marchantiophyta), 7300 tür içeren briyofitlerin en büyük ikinci bölümüdür (Söderström vd., 2016). Marchantiophyta üç ana soydan oluşur: Haplomitriopsida, Marchantiopsida ve Jungermanniopsida (Bainard vd., 2013).

Genellikle kompleks taloid karaciğer otları olarak bilinen Marchantiopsida, 330-340 türle Marchantiophyta'nın ikinci en büyük sınıfıdır. Marchantiopsida, saplı bir carpocephalum, gözenekli hava odaları, sabitlenmiş rizoidler ve organellerde RNA düzenleme bölgelerinin olmaması dahil olmak üzere birkaç çarpıcı karakteristik özellikler ile tanınmaktadır. Bu ilginç karakteristik özellikler, Marchantiopsida'yı evrimsel ve filogenetik öneme sahip karasal bir bitki grubu olarak tanımlamaktadır (Xiang vd., 2022).

1.2.1.3.4 Turba yosunları (Sphagnopsida)

Sphagnopsida, genellikle sınıflar olarak ayrılan dört ana yosun grubundan biridir: Sphagnopsida, Andreaeopsida, Takakiopsida ve Bryopsida. Sphagnopsida, hem gametofit hem de sporofite ait bir dizi morfolojik özellik ile karakterize edilmektedir ve her iki neslin temel gelişimsel özelliklerini içermektedir. Protonemata, kısa bir iplikli aşamadan sonra taloiddir ve tipik olarak tek yapraklı bir gametofor üretir (Shaw, 2000).

1.3 Bitkilerde Bulunan Hücre Duvarı ve Yapısı

Bitki hücrelerinde, hücre duvarı temel ve farklı bir yapı olup metabolik olarak aktiftir ve hücrenin en dış katmanını oluşturur (SC Fry, 2003; X. Xu vd., 2023). Bitki hücresinin 0,1 ila 10 mm kalınlığındaki en dış tabakası olan hücre duvarı, hücreler arası iletişime izin verirken, plazma zarı ile "dış dünya" arasında fiziksel ve biyolojik bir sınır bölgesi oluşturur. Hücrenin şeklini, boyutunu ve büyüme hızını; dokunun yapısını ve gücünü belirler ve hücrenin patojenlere karşı ilk bariyerini oluşturarak bitkiye mekanik destek ve sertlik sağlar (SC Fry, 2003; Wu vd., 2001; X. Xu vd., 2023). Aynı zamanda bitki hücre duvarı, farklılaşma, taşıma ve iletişim, yaşlanma, yoksunluk, toksik metal iyonlarını tutma, hücreleri komşularına bağlama ve hücreler arası haberciler üretme gibi çeşitli hücresel aktivitelerde de önemli rol oynamaktadır ve bitkinin doku ve organlarının gelişimi için gerekli elastik yapıya olanak sağlamaktadır (SC Fry, 2003; Marowa vd., 2016). Bitki morfogenezinde hücre duvarı büyümesinin öneminden dolayı, hücre duvarı uzama mekanizmasının incelenmesi dikkat çekmektedir (X. Xu vd., 2023).

Bitki hücre duvarları selüloz, hemiselüloz, lignin ve diğer çeşitli bileşenlerden oluşur (Wu vd., 2001) ve karmaşık retiküler yapı, büyüme ve gelişme ile birlikte hücrelerin şeklini ve işlevini ve ayrıca dış çevresel uyaranlara tepkilerini belirlemektedir (Wang vd., 2023). Bu hücre duvarı mimarisi, bitki hücrelerinin sitoplazmadan kaynaklanan turgor basınçlarına direnmesini sağlayan mekanik gücü sağlar. Bununla birlikte, büyüme periyodu sırasında, hücre hacmindeki bir artış, hücre duvarlarının eş zamanlı olarak genişlemesini gerektirir. Bitki türüne ve doku tipine bağlı olarak, hücreler olgunluğa ulaşmadan önce 30.000 kat hacim artışına uğrayabilir. Bu nedenle, bitki büyümesine izin vermek için hücre duvarı mimarisinin bir şekilde değiştirilmesi gerekir (Silveira ve Skaf, 2016; Wu vd., 2001).

Bitki hücre duvarı, komşu hücreler ve hücreler arası iletişim arasında bir arayüz görevi görerek belirli bir hücre şekli verir (Cosgrove, 2016). Hücre duvarı iki fazlıdır: birincil ve ikincil duvarlardan oluşur (Yaqoob vd., 2020). Sert, uzayamaz, selülozik mikrofibrillerden oluşan bir iskele, selülozik olmayan polimerlerin bir matrisine gömülüdür. Matris daha yüksek oranda hidratlıdır ve mikrofibrillerden daha fazla moleküler hareketlilik sergiler (SC Fry, 2003). Birincil duvar, daha fazla büyüme için yetkin olan yavru hücreleri geliştirmek anlamına gelirken ikincil duvar, lignin emdirilmiş özel hücreler için kalın, olgun bir sınırdır (Xi vd., 2017; Yaqoob vd., 2020). Yani birincil hücre duvarlarında, tüm bu işlevlerin bitki büyümesi sırasında hücrelerin genişlemesi ile uyumlu olması gerekir ve aynı zamanda bu da hücre büyümesini kontrol eder (Wu vd., 2001).

Birincil bitki hücre duvarı (Cell Wall, CW), her katmanın (lamella), muhtemelen ksiloglukan ile yanal olarak birbirine bağlı ve bir pektin matrisine gömülmüş yük taşıyan selüloz mikroliflerinden oluştuğu çok katmanlı bir yapıdır (Samalova vd., 2022; Zhang vd., 2019; Zhang vd., 2021). Birincil CW, ağırlıklı olarak polisakkaritlerden-selüloz, hemiselüloz ve pektinlerden oluşur. Selüloz mikrofibrilleri, CW'nin ana yük taşıma özelliklerinden sorumluyken, hemiselüloz ve pektinlerin varlığı, duvar matrisinin viskoelastik özelliklerini değiştirebilir (Cosgrove, 2018b; Wolf vd., 2012). Birincil hücre duvarlarındaki selüloz içeriği oldukça düşüktür (çoğu zaman %20'nin altında), ancak yük taşıma için mekanik kuvvet sağlar. Bu işlevi yerine getirmek için, selüloz fibrillerinin hemiselülozlar ve muhtemelen ayrıca

pektinler ile çapraz bağlanması gerekir. Ksiloglukanlar, selüloz fibrillerine bağlanan dikotiledon bitkilerin ana hemiselülozik polimerleridir. Mevcut modeller, her ksiloglukan polimerinin en az iki selüloz elyafına bağlanmasını önermektedir. Nihai hücre boyutuna ulaşıldığında, ek mekanik direnç sağlamak için belirli hücre tiplerinde ksilem trakea elemanları gibi ikincil bir CW biriktirilebilir (Samalova vd., 2023). Birincil hücre duvarları genellikle ~0.1 mm kalınlığındadır, ancak kollenkima gibi bazı özel dokularda çok daha kalındır. Bazı birincil duvarlar daha sonra değiştirilir (çapraz bağlanır veya odunlaşır) veya ikincil bir duvar tabakasıyla desteklenerek alanda daha fazla büyüme engellenir. Bitişik hücrelerin birincil duvarları, pektin açısından zengin bir orta lamel ile birbirine yapıştırılmıştır (SC Fry, 2003).

İkincil bir duvar tabakası, hücre genişlemesinin durdurulmasından (veya kendisinin önlenmesinden) sonra, birincil duvarın içinde mikrofibrilleri biriktirilen bir katmandır. Alandaki büyüme durduktan sonra ikincil duvarlar kalınlaşmaya devam edebilir (genellikle ~10 mm'ye kadar). Aynı hücrenin birincil ve ikincil duvar katmanları, kimyasal bileşimde belirgin şekilde farklılık gösterir (SC Fry, 2003).

En iyi bilinen bileşen olan selüloz genellikle duvarın kuru ağırlığının yalnızca %25-40'ını oluşturur; geri kalanı esas olarak diğer polisakkaritlerden (pektinler ve hemiselüloz) oluşur. Yapısal (gliko)proteinler ve diğer yapısal polimerlerin yanı sıra enzimler ve küçük metabolitler de mevcuttur. Esas olarak polisakkaritlerden oluşan hücre duvarı, lipitler ve proteinlerden oluşan ve çok daha ince (<0,01 mm) olan plazma zarından temel olarak farklıdır. Plazma zarı ile duvar arasında bağlar olabilir. Bununla birlikte, bu tür bağların çoğu zayıftır: hücre plazmolize uğradığında (örneğin, 1 M sükrözde) zar hızla duvardan geri çekilir. Protoplastlar ve duvarlar, işleyen bir bitki oluşturmak için işbirliği yapar (SC Fry, 2003).

Hücre duvarı, yapısal bileşenleri olarak kitin, kütin, lignin ve birkaç elektrolit ile birlikte büyük ölçüde selüloz ve proteinlerden oluşur. Kitin, bir glukozamin polimeridir ve özellikle bazı hücre duvarlarında (mantar ve eklembacıklılarda) bulunur. Selüloz, misel, mikrofibril ve mikrofibril düzenlemelerine sahip bir glikoz polimeridir (Fry, 2010). Yaklaşık 100 selüloz zincirinden oluşan bir demet, misel adı verilen temel bir fibril yapısına yol açar. 18-22 miselin paralel dizilişi, hidrojen bağı

etkileşimleriyle birlikte, kristal mikrofibril adı verilen başka bir yapıyla sonuçlanır. Mikrofibriller birlikte kompakt bir mikrofibril oluşturmaya katkıda bulunur (Abdul Khalil vd., 2015). Ek olarak, hücre duvarlarında aynı β -1,4 bağlantısına sahip farklı tipte matris polisakkaritler de bulunur. Hemiselüloz, ksiloglukanlar, ksilanlar, glukomannanlar ve karışık bağlantılı glukanlar; hemiselülozlar olarak gruplandırılır. Ramnogalakturonan I, II, Glukuronik asit, Galakturonik asit ve homogalakturonan gibi pektik polisakkaritler, mimariyi güçlendirmek için çeşitli hücre duvarı molekülleri ile etkileşime girdikleri birincil hücre duvarı gelişimi sırasında daha fazla bulunur (Cosgrove, 2018a; Heinze, 2016). Bugüne kadar hücre duvarı düzeneğini ve moleküllerin paketlenmesini açıklayan üç ağ içeren bir hücre duvarı mimarisi modeli önerilmiştir (Meents vd., 2018). Üç ağ modeli, toplu olarak hücre duvarı iskeletinin oluşturulmasına katılan (a) selüloz-ksilan, (b) pektin-kalsiyum (c) protein-fenolik düzenlemeleri oluşturur. Kalsiyum köprüleri ile karakterize edilen pektin polisakkarit ağı, fenolik bileşiklerin ve yapısal proteinlerin çeşitli etkileşimlerle çapraz bağlanmasıyla üçüncü protein bağlanma ağını göstermektedir. Bu üç ağ birlikte bir hücre duvarının genel yapısını oluşturur (Şekil 1.1) (Yaqoob vd., 2020).

Selüloz-Ksilan sandviçi

Daha önce bildirilen hücre duvarı modeli, selüloz zincirlerinin doğrudan birbirine bağlı olmadığını gösterdi; bunun yerine diğer polisakkaritler aracılığıyla birbirlerine bağlanırlar. Bu model artık kabul edilebilir değildir ve hücre duvarı ağının alternatif bir gösterimi, tanımlanmış tek bir ksiloglukan tabakası yoluyla potansiyel olarak birbirine yapıştırılmış selüloz mikrofibrillerinin olduğunu göstermiştir (Cosgrove, 2015, 2016). Ksiloglukanların (XyG) uzunlukları, selüloz mikrofibrilleri arasındaki boşluklardan daha uzundur. Bu nedenle, sıkı yüzey yapışmasıyla selüloz fibrillerini birbirine bağlayan bu uzun polisakkaritler ile bitişik selüloz mikrofibrilleri çapraz bağlıdır (Meents vd., 2018).

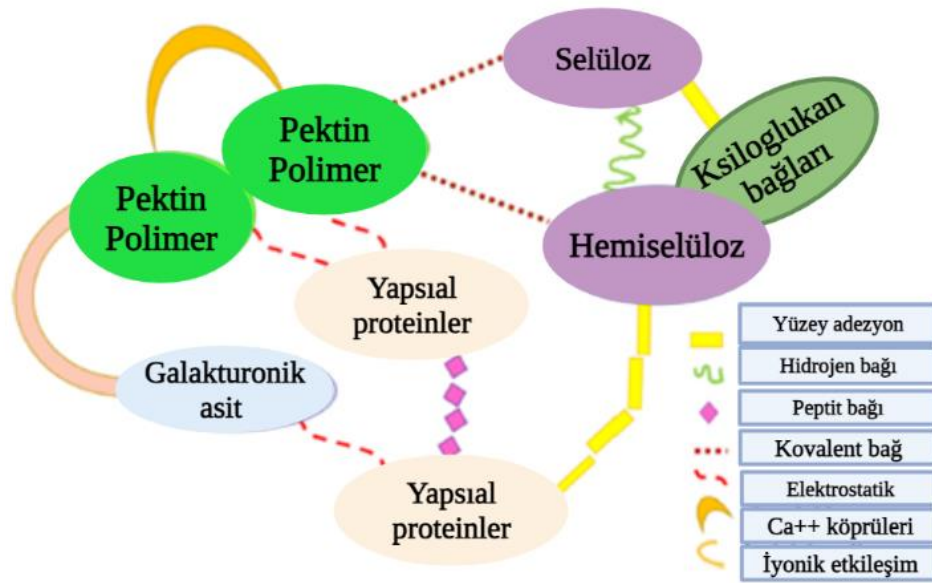
Kalsiyum köprüleri aracılığıyla pektin polisakkarit ağı

Pektin polimerleri, sırasıyla metil-esterleştirme ve diferansiyel esterleştirme ile dallanmış ve dallanmamış moleküllerin alternatif bloklarına sahiptir. Esterleşmemiş

bloklar, kalsiyum köprüleri aracılığıyla bir araya gelir ve jel kıvamını korumak için bağlantı bölgeleri oluşturur (Yang ve Wang, 2016). Pektin polisakkaritlerinin oluşturduğu bir kalsiyum ve asit jeli ağıdır. Düşük esterli pektinler kalsiyum bazlı jeller oluştururken, yüksek oranda esterlenmiş pektinler genellikle sükrozdan oluşur ve asidik jeller oluşturur. Jelin toplam boyutu kalsiyum konsantrasyonuna bağlıdır. Bölgedeki düşük kalsiyum seviyeleri, yeterli kalsiyum iyonu bağlayan iki veya üç zincirden oluşur. Bu nedenle, kalsiyum varlığı hücre duvarı mimarisinde jel yoğunluğunu büyük ölçüde etkiler (Somssich vd., 2016).

Yapısal proteinler ve fenolik bileşikler ağı

Fenolik proteinin pektin polimerleri ile çapraz bağlanması, yukarıdaki ağlar aracılığıyla iç içe geçen bir çözgü ve atkı yapısına yol açar. Fenolik bileşikler, hücre duvarı bileşenlerinin yaklaşık %2'sini oluştururken yapısal proteinler, hücre duvarı kuru kütlesinin %2-10'unu oluşturur (Voxeur ve Höfte, 2016).



Şekil 1.1 Üç ağ mimarisine sahip bir hücre duvarı modeli (Yaqoob vd., 2020).

CW, gelişim sırasında hücre farklılaşmasını ve hücreler arası iletişimi kontrol etmede de önemlidir. CW'ler sağlamlık sağlar; ancak genişleme yetenekleri de vardır. Büyüme düzenleyici ağlarla ilgili son araştırmalar, turgor güdümlü hücre genişlemesinin, bir mekanosensing geri besleme döngüsü aracılığıyla bağlanan duvar gevşemesi ile

sertleşme arasındaki ince ayarlı bir dengenin sonucu olduğunu öne sürmektedir. Bu düzenleyici ağlar, transkripsiyon faktörlerini ve bitki hormonlarını içerir ve herhangi çok hücreli bir organizmada bireysel organların büyümesi ve gelişmesi için temel bir süreç olan hücre bölünmesi ve farklılaşması arasındaki denge üzerinde sıkı kontrol sağlar. CW mekanik özellikleri, biyokimyasal bileşimin yanı sıra CW polisakkaritleri arasındaki bağlantıların derecesi ve doğası kontrol edilerek modüle edilir. İlginç bir şekilde, duvar uzayabilirliği, potansiyel olarak eser miktarda ksiloglukanın aracılık ettiği selüloz-selüloz temaslarının yapıldığı, biyomekanik sıcak noktalar olarak adlandırılan ayrı bölgelerde kontrol edilebilir. Selüloz mikrofibrilleri arasındaki bu nispeten az temas noktası, hedeflenen duvar genişlemesine izin veren karmaşık bir süreç olan CW gevşemesinin kilit bölgeleri olabilir (Samalova vd., 2023).

CW polisakkaritleri ve glikoproteinler, protoplast tarafından sentezlenir ve transglikosilasyon, kovalent çapraz bağlanma, hidroliz ve hidrojen bağlarının yapılması/kırılması dahil olmak üzere çok sayıda modifikasyona tabi tutuldukları apoplast içine salınır. Bu işlemler, yeni duvar malzemesinin oluşturulmasına ve mevcut duvar malzemesinin sıkılaşmasına ve gevşemesine katkıda bulunur. *In vivo* kısmi duvar otolizi, bazıları ("oligosakkarinler") sinyal verme rollerine sahip olan oligosakkaritleri serbest bırakır. Yeryüzünde en çok bulunan organik kimyasal olan selüloz, hem doğada (patojenler ve saprofitler tarafından) hem de biyoteknologlar tarafından sindirim için birincil hedeftir, ancak diğer duvar bileşenlerinin varlığı nedeniyle genellikle sindirime karşı şaşırtıcı derecede dirençlidir (SC Fry, 2003).

Bazı hücre tiplerinde lignin ve diğer bileşikler de bulunabilir. Karbonhidratlar hücre duvarı kütlesinin yaklaşık %90'ını ve proteinler dikotiledonlar için yaklaşık %10'unu ve monokotiledonlar için %1'ini oluşturur. Hücre duvarı proteinlerinin (Cell Wall Protein-CWP'ler), duvara bağlı yapısal proteinler ve apoplast içine ve hücre dışı olarak salgılananlar gibi salgı yoluna yönelik proteinler olduğu anlaşılmaktadır. Klasik CWP'lerde yaygın olarak bazı özellikler bulunur: bu proteinleri endoplazmik retikulum (ER) yönlendirmekten sorumlu bir N-terminal ayrılma sinyal peptidi; proteinlerin salgılanmasını önleyen ER retansiyon C-terminal motifi KDEL/HDEL'in olmaması ve proteinleri plazma zarında tutan bir zar-ötesi alanın yokluğudur. Salgı yolu, proteinleri ER'den veziküller halinde paketlenmeleri ve hücre duvarına ve hücre

dışı matrise yönlendirildikleri Golgi aygıtına yönlendirir (Calderan-Rodrigues vd., 2019).

Bitki ekstraselüler matriksi, büyüyen hücrelerde, nötr ve asit polisakkaritler ve küçük yapısal proteinler matrisine gömülmüş esnek bir selüloz mikro-iplikçik ağından oluşan hücre duvarı tarafından domine edilir. Bitki hücrelerinin genişlemesi, hücre duvarı içindeki yapısal polimerlerin kaymasını gerektirir; bu, aynı zamanda, yüksek turgor kuvvetlerine dayanacak kadar mukavemeti korumalıdır. Her ne kadar hücre duvarı hidrolazları ve transglikosilazları, meyve olgunlaşması ve organ kesilmesi sırasında hücre duvarının genişlemesinde önemli rol oynarlarsa da, hücre duvarı büyümesi için önemi daha az belirgindir (Cho ve Cosgrove, 2000). Koordineli gen regülasyonu, bitki hücrelerinin belirli fonksiyonlarla olgun hücrelere çoğalmasını, genişlemesini ve farklılaşmasını sağlar. Hücre büyümesi boyunca, genler, hemiselüloz polisakaritlerinin bir matrisine gömülü selüloz mikro-iplikçiklerinden oluşan primer hücre duvarının sertliğini gevşetmek için işlev gören ürünleri ifade eder. Hücre duvarı selüloz mikro-iplikçikleri arasında geri dönüşümsüz sürünmeye izin veren bir gen ailesi olan ekspansinler adı verilen hücre duvarı proteinleri sınıfını kodlar. Bu işlem, mikrofibrillerin hücre duvarı yapısal bütünlüğünü korurken, birbirlerine göre hareket etmelerini sağlar (Harmer vd., 2002).

1.4 Bitkilerde Ekspansin Gen Ailesi

Ekspansin gen ailesi üyeleri, ilk olarak büyüyen salatalık ve diğer bitki dokularından elde edilen, bitki hücre duvarı gevşetici proteinlerdir (K.-M. Jin vd., 2020; Srivastava, 2002). Ekspansin proteinleri, hidrolitik ve enzimatik değişikliklerden bağımsız olarak, bitki büyümesini teşvik etmenin yanı sıra, asitliğe (pH bağımlı) bağlı olarak bitki hücrelerinin genişlemesini sağlama görevine de sahiptir (Carey ve Cosgrove, 2007; Cosgrove, 2000; Georgelis vd., 2015; Hiwasa vd., 2003; Hou vd., 2019; J. F. Jin vd., 2020; K.-M. Jin vd., 2020; Li vd., 2002; Sane vd., 2007). Birçok koşulda, klasik olarak oksin ile uyarılmış hipokotiller ve koleoptillerin büyüme durumunda, hücre büyümesinde ve duvar uzayabilirliğinde pH'a bağlı artış, ekspansinler tarafından indüklenir (Cosgrove, 2021). Bitki ekspansin proteinlerinin hücre büyümesi ve diğer gelişimsel süreçlerdeki işlevi, duvar gevşemesi, meyve yumuşaması, absisyon, tohum

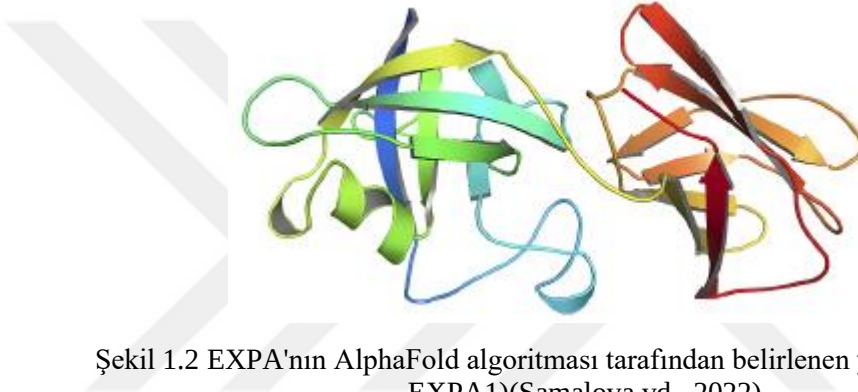
çimlenmesi, mikoriza ve kök nodülü oluşumu, biyotik ve abiyotik stres direnci, polen tüpü stigmatının istilas ve organogenezi içerir (Carey ve Cosgrove, 2007; Georgelis vd., 2015; Hiwasa vd., 2003; K.-M. Jin vd., 2020; Li vd., 2002; Sane vd., 2007). Hipokotiller, kökler, yapraklar ve genç meyvelerden oluşan çeşitli büyüyen dokularda yüksek miktarda ekspansin mRNA'sı bulunmaktadır (Hiwasa vd., 2003).

Ekspansinler, 270-275 amino asitten oluşur; 20-30 amino asitlik sinyal dizisi ve iki domain (Domain 1 ve Domain 2) içerir. Glikozit hidrolaz45 (GH45) (yeşil/mavi, sol, Şekil 1.2) ailesi ile ilgili N-terminali (PF01357) altı sarmallı çift psi β -varil D1 domainidir. Domain 1; korumalı histidin- fenilalanin -aspartik asit motifini (His- Phe -Asp, HFD) içeren N-terminal domainidir (~15 kDa). Grup-1 çimen poleni ile ilgili C-terminali β -sandviç şeklinde katlanan D2 domainidir (Samalova vd., 2022). Domain 2; C-terminal domainidir (~10 kDa) ve çimen grubu polen alerjenleri (PF03330) ile ilişkilidir ve karbonhidrat bağlama modülü (CBM) ailesi 63'e (kırmızı/turuncu, sağ, Şekil 1.2) benzer (Hou vd., 2019). Ek olarak, ekspansin multigen ailesi 4 alt aileye ayrılır: α (alfa)-expansin (EXPA), β (beta)-expansin (EXPB), expansin benzeri alfa (EXLA) ve expansin benzeri beta (EXLB). α -ekspansin (EXPA) ve β -ekspansin (EXPB) proteinleri iki büyük alt aile iken, ekspansin benzeri A ve ekspansin benzeri B iki küçük alt aileyi oluşturur. EXPA ve EXPB, hücre duvarı gevşeme aktivitesinden sorumludur ve HFD motifini içermektedir (Che vd., 2016; Chen vd., 2016; Cosgrove, 2005; Shin vd., 2005).

Domain 1 (D1), altı sarmallı çift psi β -varil kıvrımına sahip olan ve çok çeşitli mikropalarda bulunan bir aile olan glikozil hidrolaz 45'e (GH45) benzer (DPBB-çift psi beta varil) (PF01357), 45 glikozit hidrolazlar (GH45) ailesi ile yüksek homolojiye sahiptir. Yani, ekspansin D1 domaini, GH45 katalitik bölgesinin bazı özelliklerini karakteristik olarak korur, ancak normal olarak GH45 katalitik baza karşılık gelen hidrolitik aktivite için gerekli olan kritik Asp'den yoksundur. Ayrıca, disülfid bağlarının oluşumu ile ilgili olabilecek sistein bakımından zengindir (K.-M. Jin vd., 2020; Samalova vd., 2022).

Domain 2 (D2), 120-135 amino asit kalıntısından oluşan, β -sandviç kıvrımlı bazı karbonhidrat bağlama modüllerine (Carbonhydrate Binding Modules-CBM'ler)

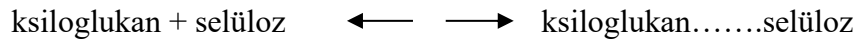
benzeyen, ancak kendine özgü β iplikçikli katlanma düzenine sahip bir β sandviç katlanmaya sahiptir. Bu aminoasit dizisi korunur ve mikro ortamı pH'daki değişikliklere son derece duyarlı olan triptofan açısından zengindir (K.-M. Jin vd., 2020). CBM'ler sıklıkla, polisakkarit hidrolazlarının katalitik bölgeleriyle bağlantılıdır ve esnek bir bağlayıcı ile liyazları oluşturur, etkinliklerini hedefleme ve yakınlık etkileriyle kuvvetlendirir (Georgelis vd., 2015). Domain 2 (D2) ek rollere sahip olmasına rağmen, esas olarak substrat bağlama özelliklerinden sorumludur. D2'nin, A tipi bir selüloz bağlama alanına benzer özelliklere sahip olduğu gösterilmiştir (Nikolaidis vd., 2014).



Şekil 1.2 EXPA'nın AlphaFold algoritması tarafından belirlenen yapısı (*A. thaliana* EXPA1)(Samalova vd., 2022)

EXPA ve EXPB familyalarındaki ekspansinler, selüloz mikro-iplikçikleri arasındaki bağlantıyı zayıflatır, hücrelerin iç turgor basıncı tarafından üretilen duvar stresine cevaben birbirlerini geçmelerini veya 'sürünmelerini' ve duvarın kaybolmasını sağlar (Carey ve Cosgrove, 2007; Seader vd., 2016). N-bağlı glikozilasyon motifleri genellikle EXPA dizilerinde bulunmaz, ancak EXPB dizilerinde bulunur. EXPA ve EXPB alt aile üyeleri, hücre duvarı modifikasyonu ile ilgili çeşitli bitki büyümesi ve gelişim süreçlerinde hareket eder (Fan vd., 2023). Her iki tip de hücre uzamasına ve hücre duvarı modifikasyonunun gelişimsel süreçlerine dahil olsa da, belirgin farklı rolleri vardır. EXPA'lar ksilem gelişiminde, yaprak primordia oluşumunda ve meyve olgunlaşmasında işlev görürken, EXPB'ler üreme fazlarında, özellikle polen tüpünün uzamasına etki eder. Bununla birlikte, bazı mısır EXPB'leri vejetatif organlarda da ifade edilirken, bazı pirinç EXPB'leri internod uzaması için kritik öneme sahiptir (Shin vd., 2005). EXLA ve EXLB'nin biyofiziksel fonksiyonları henüz karakterize edilememiştir. EXLA ve EXLB ekspansin süper ailesine aittir çünkü bunların domain yapıları ve dizileri EXPA ve EXPB proteinleri ile benzerdir (Seader vd., 2016).

α -ekspansinlerin (EXPA), monokot ve dikot angiospermiler, gymnospermiler ve eğrelti otları dahil olmak üzere birçok türde hücre duvarı büyümesini teşvik ettiği bulunmuştur (Harmer vd., 2002). EXPA temel olarak dikotiledon bitkilerde ve Poaceae familyası hariç bazı tek çeneklilerde bulunur (Fan vd., 2023; Wang vd., 2023). EXPA'lar, polisakkaritler, özellikle ksiloglukan-selüloz arasındaki hidrojen (aşağıda gösterilmiştir “.....”) bağlarının kırılmasını katalize eden ve böylece yumuşamayı destekleyebilen duvar proteinleridir. Bununla birlikte, hidrojen bağı kırılması tersine çevrilebilir ve denge güçlü bir şekilde H-bağı oluşumu lehinedir:



Katalizörler denge konumunu etkilemez. Bu nedenle alfa ekspansin, yalnızca bir faktör ile (pektinlerin şişmesi veya turgor) ayrılmış polisakkarit alanlarını birbirinden uzaklaştırarak ayrılmalarını kalıcı hale getirirse net polisakkarit ayırımına yol açabilir (Stephen Fry, 2003).

Beta ekspansin (EXPB) olarak adlandırılan ekspansinlerin ikinci alt ailesi, başlangıçta polen alerjenleri olarak kabul edilmiştir ve daha sonra dizi benzerliği ve ekspansin benzeri çimen dokularındaki hücre duvarı gevşetmesi aktivitesinin temelinde bir grup ekspansin olarak tanımlanmıştır (Choi vd., 2006). EXPB ailesi ağırlıklı olarak buğdaygiller gibi monokotiledon bitkilerde bulunur (Fan vd., 2023; K.-M. Jin vd., 2020). β ekspansinler, büyüyen dokuların hücre duvarlarında çok düşük protein seviyelerinde birikirler, bilinen tek istisna, yüksek seviyelerde biriken ot polenidir. Bu polen proteinleri, farklı β -ekspansinlerin bir alt kümesidir ve ayrıca immünolojide çimen polen alerjenleri olarak da bilinir (Cosgrove, 2021). İnsan nüfusunun büyük bir bölümünde güçlü saman nezlesi ve mevsimsel astıma sebep olmaktadır. Polen β -ekspansinlerin gevşetme etkisi, bitki hücresi duvarlarını birbirine bağlayan polimerik yapışkan (orta lamel) seçiciliği ile çim hücresi duvarları için seçicidir. Hücre duvarı yayılmasına neden olmasının yanı sıra, bu proteinler orta lamelleri çözündürür ve hücre ayrılmasını kolaylaştırır; böylece polen tüpünün çim dokularının maternal dokularından istila edilmesine yardımcı olur (Georgelis vd., 2015). Ayrıca bir diğer biyolojik etkisi, stigmatı yumuşatmak ve polen tüpünün anne dokusundan ovüle ulaşmasını hızlandırmak olabilir (K.-M. Jin vd., 2020). Ancak, dikkat çekici bir

şekilde, dikotiledon bitkilerde hücre duvarları üzerinde gevşetici etkisi yoktur veya çok azdır (Georgelis vd., 2015).

1.5 Diğer Türlerde Ekspansin Gen Ailesi

Ekspansinler, incelenen tüm kara bitkisi türlerinde mevcuttur ve tek hücreli yeşil alglerde, mantarlarda ve bakterilerde de ilgili genler tanımlanmıştır (Seader vd., 2016). Ekspansinler tüm bitki türlerinde mevcut olmasına rağmen yüksek oranda adapte olmuş su türlerinde bir miktar gen kaybı gözlemlenebilmektedir (Hepler vd., 2020; Samalova vd., 2022). Bitki ekspansinleri ile bakteriyel ekspansinlerin endoglukanları ve selüloz bağlanma alanları arasında benzerlik tespit edilmiştir. Bu benzerlik, daha önce tarif edilen tüm ekspansinlerde mevcut olan iki domain yapısını içeren bir mısır polen ekspansinin kristalografik yapısı ile doğrulanmıştır (Armijos-Jaramillo vd., 2018; Seader vd., 2016). Bu yapısal benzerlikler ve ekspansinlerin Viridiplantae dışındaki seyrek filogenetik dağılımı, muhtemelen yatay gen transferinin bir sonucu olarak bakteri, mantar ve protistada bulunmasını sağlamaktadır. Bununla birlikte, CW'lerinin yapısal bir bileşeni olarak selüloz kullanan tüm ökaryotik mikroorganizmalarda bu genlerin varlığı, ekspansinlerin kara bitkilerinin evriminden çok önce eski deniz mikroorganizmalarında evrimleştiğini düşündürür (Chase vd., 2020; Samalova vd., 2022).

Ekspansin benzeri proteinler, bakterilerde, özellikle *Proteobacteria* ve *Actinobacteria phyla*'da, dört farklı ekspansin benzeri X alt grubuna kümelenerek bulunmaktadır (Armijos-Jaramillo vd., 2018). Toprak bakterisi *Bacillus subtilis*'ten elde edilen ekspansin benzeri protein BsEXLX1 son zamanlarda özel ilgi görmüştür. BsEXLX1, özellikle bakterilerde bitki ekspansinlerinin heterolog ifadesinin elde edilmesindeki zorluklar nedeniyle, ekspansinlerin yapı-işlev ilişkisini ortaya çıkarmayı amaçlayan çeşitli çalışmalarda kullanılmıştır. BsEXLX1, niteliksel olarak beta ekspansinlere benzer bitki hücre duvarı uzantısı sergiler, selüloz zayıflatma aktivitesine sahiptir ve selüloz ile selüloz bozunmasını artırır. Buna göre BsEXLX1; D1 ve D2 domainlerinin birbiriyle temas ettiği ve kısa bir bağlayıcı ile bağlandığı bitki ekspansinleri ile aynı iki domain yapısını sergiler. D1 domaini, 45 glikozil hidrolaz ailesine bir miktar yapısal benzerlik gösterir, ancak katalitik aktiviteden yoksundur. Varsayılan

karbonhidrat bağlama yüzeyi, hücre duvarlarındaki aktivite için önemli olan polar/yüklü kalıntılarla doldurulur. İmmünoglobulin benzeri bir domain olan D2 domaini, 63 ailesinin (CBM63) bir A tipi karbonhidrat bağlama modülü olarak kabul edilmiştir. Bu şekilde D2, kristal selülozu tanımaya uygun, düz bir aromatik yüzey sergiler. Ekspansin domainlerinin her birinin işlevsel yönleri, ayrı ayrı D1 ve D2 domainleri ve eş zamanlı olarak serbest olan D1 ve D2, bozulmamış BsEXLX1 ekspansin tarafından görüntülenen aktiviteler ölçülerek ele alınmıştır. Sonuçlar yalnızca dokunulmamış ekspansinin aktif olduğunu göstermektedir ve bu da, ekspansin aktivitesi elde etmek için her iki ekspansin domaininin bağlanması gerektiğini göstermektedir. Ayrıca, D2 domaini ve bozulmamış ekspansin, selüloza ve tüm hücre duvarlarına aynı bağlanma kapasitesini göstererek, substrat bağlanmasının D2'nin birincil işlevi olduğunu göstermektedir (Silveira ve Skaf, 2016).

Bakteriyel ekspansinler, bitki patojenleri veya bitkilerde doğal olarak yaşayan bakteriler gibi bitkilerle etkileşime girdiği bilinen türlerde bulunmuştur. *Escherichia coli* (*E. coli*) konak ekspresyon sistemlerinde bitki genişlemesinin heterolog ekspresyonu, çok düşük ve verimsiz ekspresyon seviyelerine neden olur. Bununla birlikte, bakteriyel ekspansinlerin ekspresyonu genellikle yüksek protein verimleri ile sonuçlanır, bu da ekspansinleri biyokütle bozunma çalışmaları ve uygulamaları için yüksek ilgi çekici kılar (Artzi vd., 2016). Ayrıca, lignoselülozik biyokütle bozunma alanında kullanılabilecek bir özellik olan selülaz aktivite artırıcı olarak işlev gördükleri gösterilmiştir (Armijos-Jaramillo vd., 2018). Doğada bitki mikrop etkileşimlerine yardımcı olan çeşitli bakteri ve mantarlardan elde edilen ekspansinler, biyokütlenin alternatif yakıtlara dönüştürülmesinde daha fazla kullanılan lignoselüloz bozunmasını kolaylaştırmak için endüstriyel uygulamalarda sıklıkla kullanılmaktadır (Samalova vd., 2022).

1.6 Ekspansinlerin Hücre Duvarına Etki Mekanizması ve Biyokütle Oluşumuna Etkisi

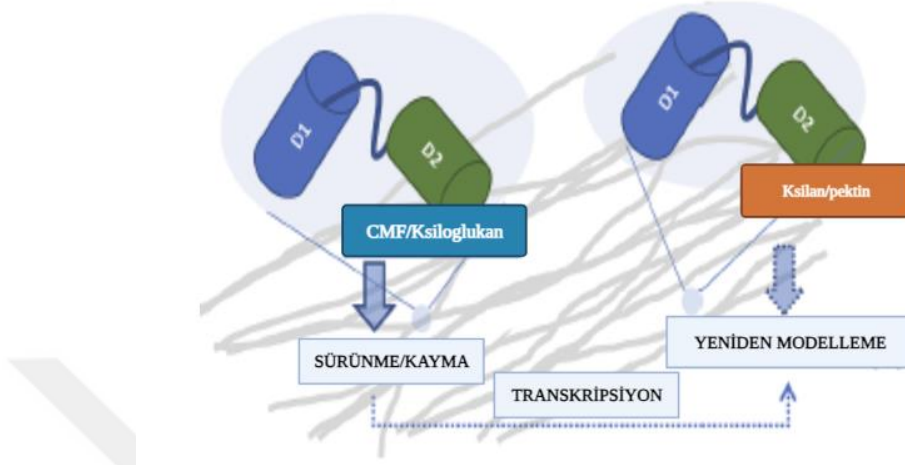
CW'nin mekanik özellikleri, ekspansinler, glukanaazlar, pektin metilesterazlar, kalsiyum iyonları ve diğerleri dahil olmak üzere çeşitli bileşenler tarafından düzenlenir. Endoglukanazlar ve diğer enzimler tipik olarak selüloz ve diğer CW

molekülleri arasındaki bağlantıların sayısını azaltırken daha zayıf ve kırılgan bir duvara yol açmaktadır. Bu tür biyomekanik modifikasyonlar ayırt edilmelidir. Bu nedenle, büyümenin zamanlaması ve yeri, CW'nin mekanik özelliklerinin mekansal ve zamana özgü modifikasyonu tarafından kontrol edilir (Samalova vd., 2022).

Mekanik olarak, ekspansin aracılı CW gevşemesi ne polisakkarit hidrolitik aktiviteyi ne de CW'nin bileşiminde değişiklikleri gerektirir; bunun yerine, ekspansinlerin, selüloz ve çevredeki CW matrisinin bileşenleri, büyük olasılıkla ksiloglukanlar arasındaki kovalent olmayan bağları bozmasıyla duvar gerilimlerini gevşetmesi ve turgor kaynaklı genişlemeye izin vermesi ile gerçekleşir. Hücreler arası duvar bileşeni gevşemesini düzenleyip selüloz mikrolifleri ile hemilifleri arasındaki hidrojen bağlarını kırarak hücre duvarı esnekliğini artırır (Fan vd., 2023; Samalova vd., 2023; X. Xu vd., 2023). Ekspansinler, asidik pH'da optimum seviyeye ulaşırlar ve eylemleri, 'asit büyümesi' mekanizması ile ilgili olup; ayrıca olgunlaşan meyvelerin yumuşamasına da katkıda bulunabilirler (SC Fry, 2003).

Hücre dışı matris ile hücrelerin biyomekanik etkileşimlerinin, hayvan modellerinde hücre kaderinin spesifikasyonunun önemli bir düzenleyicisi olduğu gösterilmiştir. Bitkilerde, CW mekaniğindeki değişiklikler, bir dizi biyomekanik model tarafından tahmin edildiği gibi, büyüme ve gelişmenin itici gücüdür. Ayrıca, CW gevşemesine aracılık etmenin yanı sıra ekspansinler, CW yeniden modellenmesini düzenleyerek CW'lerin viskoelastik özelliklerini kontrol etmektedir. Muhtemel ksiloglukan katkısı (gri) ile yanal olarak birbirine bağlı yük taşıyan selüloz mikrofibril (CMF) ağının bağlanması üzerine, ekspansinler, CW sürünmesi yoluyla CW genişlemesini indükler. Ekspansinler, ksilan ve/veya pektine bağlanma yoluyla veya değişen CW biyomekaniğine bir yanıt olarak transkripsiyonel geri besleme düzenlemeleri yoluyla CW yeniden modelleme enzimlerine müdahale ederek, CW yeniden modellemeye de katkıda bulunabilir (Şekil 1.3). Bu, ekspansinleri, karmaşık bir düzenleyici mekanizma yoluyla CW biyomekanik özelliklerini kontrol eden bitki gelişiminin önemli modülatörleri olarak gösterir (Samalova vd., 2022; Samalova vd., 2023). Bu süreç, pamuk, keten ve rami gibi lif üretimi için kullanılan bitkiler de dahil olmak üzere birçok bitkide büyüme ve gelişme için önemlidir. Pamuk ve keten gibi bitkilerde ekspansinlerin, tek tek hücrelerin uzamasını ve kalınlaşmasını teşvik edip daha uzun

ve daha güçlü liflere yol açarak lif gelişiminde rol oynadığına inanılmaktadır (Wang vd., 2023).



Şekil 1.3 Ekspansinler ile hücre duvarının yeniden modellenmesi (Samalova vd., 2022)

1.7 Biyolojik Veritabanları

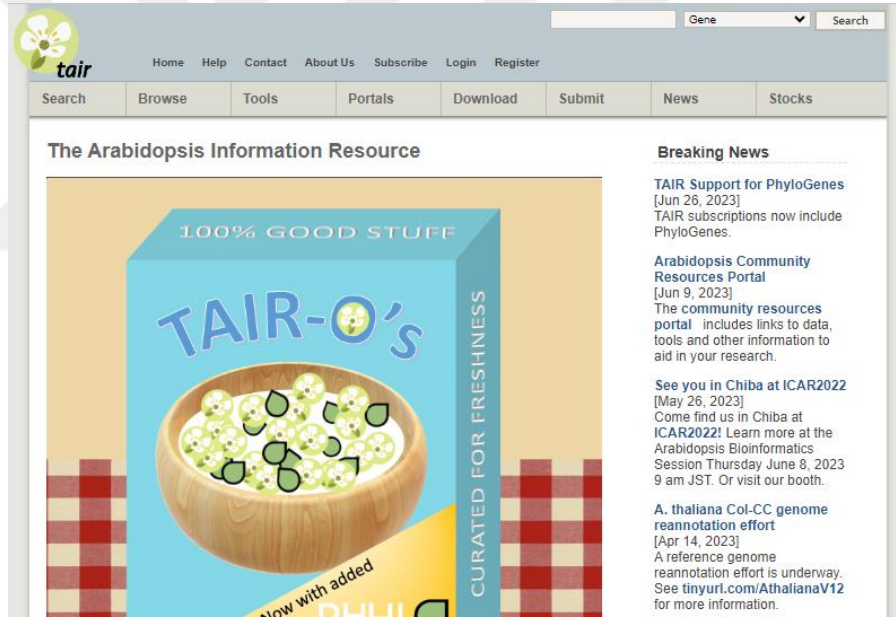
Mevcut biyolojik veri miktarında son yıllarda yüksek bir artış görülmektedir. Giderek daha fazla genom dizilenmekte olup anotasyon ve protein ve gen etkileşimi verileri birikmektedir. Biyolojik veritabanları, bu verileri yönetmek ve erişilebilir kılmak için önem arz etmektedir. Veritabanları, içerdikleri verilere bağlı olarak farklı işlevleri yerine getirmektedir (Stein, 2003).

Biyolojik veritabanları biyoinformatikte merkezi bir rol oynamaktadır. Bilim adamlarına, giderek daha geniş bir organizma yelpazesinin genomik dizileri de dahil olmak üzere, biyolojik olarak çok çeşitli verilere erişme fırsatı sunmaktadırlar. GenBank, UCSC Genom Tarayıcısı ve Ensembl gibi ana dizi veritabanları genel bilgilere sahip veritabanlarıdır. WormBase, *Arabidopsis* Bilgi Kaynağı (TAIR) ve Mouse Genome Informatics (MGI) model organizma veritabanlarıdır. İnsanda Çevrimiçi Mendel Kalıtımı (OMIM), Protein Veri Bankası (PDB), MetaCyc ve Kyoto Genler ve Genomlar Ansiklopedisi (KEGG) gibi dizi merkezli olmayan veritabanları da bulunmaktadır (Baxevanis ve Bateman, 2015).

Mouse Genome Informatics (MGI); nükleotit ve protein dizileri, moleküler fonksiyonlar, fenotipik varyantla, haritalama verileri ve ifade modelleri ile ilgili bilgiler içermesi bakımından zengin bir veri tabanıdır (Shaw, 2016).

WormBase; *Caenorhabditis elegans* organizması için özel bir veri tabanıdır ve dizi bilgisine ek olarak nöral bağlantı ve ifade modellerini içermektedir (Schwarz ve Sternberg, 2006).

Arabidopsis Bilgi Kaynağı (TAIR) veritabanı; gen ifadesi, mutant fenotipler, germplazmalar, klonlar, genetik belirteçler, biyokimsaya yolaklar ve genetik ve fiziksel haritalar gibi bilgileri içeren *Arabidopsis* biyolojisinin tüm yönlerine ayrılmış model organizma veritabanıdır (Şekil 1.4) (Lamesch vd., 2010).

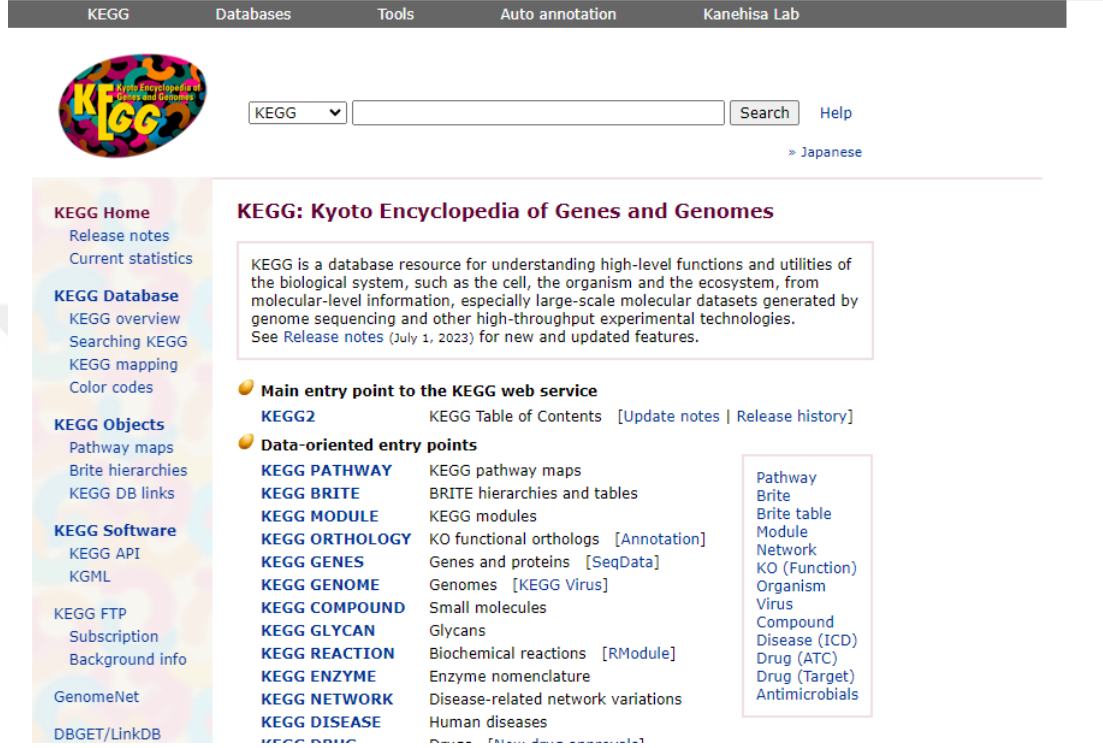


Şekil 1.4 TAIR veritabanı.

Sıçan Genom Veritabanı (RGD); genler, suşlar, kantitatif özellikte lokus, polimorfizmler, ontolojiler, haritalar ve homologlar hakkında bilgi içeren kapsamlı bir veritabanıdır (Laulederkind vd., 2012).

Kyoto Genler ve Genomlar Ansiklopedisi (KEGG), ekspresyon verilerinin modellenmesinde ve üst düzey hücresel süreçlerin anlaşılmasında pratik kullanıma sahip biyokimyasal yolların incelenmesinde yaygın olarak kullanılan bir veri tabanıdır. Milyonlarca gen ve protein dizisi içerir. Bulunan dizi tüm hücre ile

kıyaslanabilir. Metabolik yolları, hücre döngüsünü, hücre taşınımı gibi süreçleri grafiksel gösterimlerle ortaya koymaktadır. Kimyasal bileşikler, enzim molekülleri ve enzimatik reaksiyonlar hakkında bilgi alınabilir. KEGG, 16 veritabanını içeren entegre bir veritabanıdır (Şekil 1.5) (Tanabe ve Kanehisa, 2012).



Şekil 1.5 KEGG veritabanı.

GabiPD, Alman Bitki Biyolojik Sisteminin Genom Analizi (GABI) girişiminin bir parçası olarak kurulmuş bütünleştirici bir bitki “omik” veritabanıdır. Farklı "omik" disiplinlerden gelen veriler entegre edilmekte ve etkileşimli olarak görselleştirilmektedir. Proteomik, proteinlerin çeviri sonrası modifikasyonunun ve işlevinin tanımlanmasına yönelik çalışmalara yardımcı olan veriler ve araçlarla temsil edilmektedir. Anlamlandırılmış 2D elektroforez-jel görüntüleri, *Arabidopsis thaliana* ve *Brassica napus*'un farklı dokularında ifade edilen protein setlerini incelemek için sunulmaktadır (Şekil 1.6) (Usadel vd., 2012).



Şekil 1.6 Gabi-PD veritabanı

1.8 Web Tabanlı Veri Tabanı Oluşturmada Kullanılan Yapılar

1.8.1 Asp.net ve MVC (Model-View-Controller) Yapısı

1.8.1.1 Aktif sunucu sayfaları (active server pages, ASP) ve ASP.NET

Microsoft'un web geliştirmeye ilk yanıtı, her fiziksel dosyanın web sitesindeki bir sayfaya karşılık geldiği, kod ve işaretlemenin tek bir dosyada birlikte yazıldığı bir betik dili olan Active Server Pages (ASP) oldu. ASP'nin sunucu tarafı komut dosyası oluşturma yaklaşımı oldukça popüler hale geldi ve birçok web sitesi bundan çıktı. Bu sitelerin bir kısmı günümüzde de ziyaretçilere hizmet vermeye devam etmektedir. Ancak bir süre sonra geliştiriciler daha fazlasını istedi. Geliştirilmiş kod yeniden kullanımı, endişelerin daha iyi ayrılması ve nesne yönelimli programlama ilkelerinin daha kolay uygulanması gibi özellikler istediler. 2002 yılında Microsoft, ASP.NET'i bu endişelere bir çözüm olarak sundu.

ASP gibi, ASP.NET web siteleri de web sitesindeki her sayfanın fiziksel bir dosya (Web Formu olarak adlandırılır) biçiminde sunulduğu ve bu dosyanın adı kullanılarak erişilebildiği sayfa tabanlı bir yaklaşıma dayanır. ASP kullanan bir sayfanın aksine, bir Web Formları sayfası, web içeriğini iki farklı dosyaya bölerek kod ve işaretleme arasında bir miktar ayırım sağlar: biri biçimlendirme için, diğeri kod içindir. ASP.NET ve Web Formları yaklaşımı, geliştiricilerin ihtiyaçlarına yıllarca hizmet etti ve bu, birçok .NET geliştiricisi için tercih edilen web geliştirme çerçevesi olmaya devam etmektedir (Chadwick vd., 2012).

ASP.NET MVC, genel Model Görünümü Denetleyici modelinin etkinliğini ve düzenliliğini kullanan, Microsoft'un popüler ve olgun .NET Framework'ü üzerine inşa edilmiş web uygulamaları oluşturmaya yönelik bir çerçevedir. Geleneksel ASP.NET Web Formlarına eksiksiz bir alternatiftir ve en küçük Web geliştirme projeleri dışında tümü için önemli avantajlar sağlar. ASP.NET MVC, sayfa tabanlı mimariyi tamamen terk eder ve bunun yerine Model-View-Controller (MVC) mimarisine güvenir. ASP.NET MVC, önceki ASP'nin yerine geçen ASP.NET Web Forms'tan farklı olarak, hiçbir şekilde mevcut Web Forms Framework'ün yerini almaz. Tam tersine, hem ASP.NET MVC hem de Web Forms uygulamaları, her iki çerçevenin de oldukça yoğun bir şekilde yararlandığı ortak bir web API sağlayan ortak ASP.NET Framework üzerine inşa edilmiştir (Chadwick vd., 2012; Freeman, 2014; Galloway vd., 2012).

Model-Görüntüleme-Denetleyici (MVC) yapısı

Model-View-Controller (MVC), uzun yıllardır bilgisayar biliminde önemli bir mimari kalıp olmuştur. İlk olarak 1979'da Thing-Model-View-Editor olarak adlandırılan bu program, daha sonra Model-View-Controller olarak basitleştirildi. Xerox PARC'daki Smalltalk projesinden doğmuştur ve burada bazı eski GUI uygulamalarını düzenlemenin bir yolu olarak tasarlanmıştır. Orijinal MVC modelinin bazı ince ayrıntıları, ekranlar ve araçlar gibi Smalltalk'a özgü kavramlara bağlıydı, ancak daha geniş kavramlar, uygulamalar için hala uygulanabilir ve özellikle Web uygulamaları için çok uygundur (Freeman, 2014; Galloway vd., 2012).

MVC uygulaması ile etkileşimler, görünümün durum bilgisinin olmadığı varsayıldığı, kullanıcı eylemleri ve görünüm güncellemelerinden oluşan doğal bir döngüyü takip eder. Bu, bir Web uygulamasının temelini oluşturan HTTP isteklerine ve yanıtlarına çok iyi uymaktadır. Model-Görünüm-Denetleyici modeli, bir uygulamanın ayrı ayrı bölümleri arasında sıkı izolasyonu teşvik eden bir mimari kalıptır. Bu izolasyon, bağlantıların ayrılması veya daha genel bir ifadeyle "gevşek bağlantı" olarak bilinir. MVC bağlantıların ayrılmasını zorunlu kılar; etki alanı modeli ve denetleyici mantığı, kullanıcı arabiriminden ayrılmıştır. MVC'nin ve dolayısıyla ASP.NET MVC çerçevesinin neredeyse tüm yönleri, bir uygulamanın farklı bölümlerini birbirinden izole tutma hedefiyle yürütülür. Örneğin, veri erişim mantığını görüntüleme mantığından ayırma gibi işlemi web uygulamalarına son derece iyi uygular. Bu, bir web uygulamasında, HTML karmaşasının uygulamanın geri kalanından ayrı tutulduğu anlamına gelir, bu da bakım ve testi daha basit ve kolay hale getirir. Tanıtıldığından beri düzinelerce çerçevede kullanılmıştır. MVC, Java ve C++'ta, Mac'te ve Windows'ta ve kelimenin tam anlamıyla düzinelerce çerçevenin içinde bulunmaktadır (Chadwick vd., 2012; Freeman, 2014; Galloway vd., 2012). Uygulamaları zayıf bağlantılarla birleştirilmiş bir şekilde tasarlamak, hem kısa hem de uzun vadeli bir dizi fayda sağlar. Bu faydalar şu şekildedir:

Gelişim

Bireysel bileşenler doğrudan diğer bileşenlere bağlı değildir, bu da bunların izole olarak daha kolay geliştirilebileceği anlamına gelir. Bileşenler ayrıca kolayca değiştirilebilir veya ikame edilebilir, böylece bir bileşendeki komplikasyonların etkileşime girebileceği diğer bileşenlerin gelişimini etkilemesi önlenir.

Test Edilebilirlik

Bileşenlerin gevşek bağlantısı, test uygulamalarının "üretim" bileşenleri yerine geçmesini sağlar. Bu, veritabanı çağrılarını yapan bileşeni basitçe statik veri döndüren bir bileşenle değiştirerek, örneğin bir veritabanına çağrı yapmaktan kaçınmayı kolaylaştırır. Bileşenlerin sahte temsillerle kolayca değiştirilebilmesi, test sürecini

büyük ölçüde kolaylaştırır ve bu da sistemin güvenilirliğini zaman içinde büyük ölçüde artırabilir.

Bakım

Yalıtılmış bileşen mantığı, değişikliklerin tipik olarak az sayıda bileşene, genellikle yalnızca bir bileşene yalıtıldığı anlamına gelir. Değişiklik riski genellikle değişikliğin kapsamıyla ilişkili olduğundan, daha az bileşeni değiştirmek iyi bir şeydir (Chadwick vd., 2012).

MVC modeli, bir uygulamanın kullanıcı arayüzünü (user interface, UI) üç katmana ayırır: Model, Görünüm ve Denetleyici. Bu katmanların her birinin sorumlu olduğu çok özel bir işi vardır ve -en önemlisi- diğer katmanların işlerini nasıl yaptığıyla ilgilenmez. MVC mimarisinin her bir parçası iyi tanımlanmıştır ve kendi kendine yetmektedir. Parçaların her biri arasında net bir ayrımın bulunması, uygulama ne kadar büyük olursa olsun, bakımı daha kolay olacak ve kullanım ömrü boyunca uzatılacaktır (Chadwick vd., 2012; Freeman, 2014; Galloway vd., 2012).

Model (M, Model)

Modeller, uygulamanın içinde çalıştığı evrenin tanımınıdır. Kullanıcıların birlikte çalıştığı verileri içerir veya temel iş mantığını temsil eder. Üzerinde çalışılan verileri ve verilerin nasıl değiştirilip manipüle edilebileceğine ilişkin iş kurallarını açıklayan bir dizi sınıftır. Bunlar, yalnızca görünüm ve denetleyiciler arasında aktarılan verileri temsil eden basit görünüm modelleri olabilir veya bir iş alanındaki verileri ve bu verileri işlemek için işlemleri, dönüşümleri ve kuralları içeren etki alanı modelleri olabilirler. Modeller, bir etki alanı varlığının özelliklerini ve davranışını kapsar ve varlığı tanımlayan özellikleri ortaya çıkarır (Chadwick vd., 2012; Freeman, 2014; Galloway vd., 2012).

Modeller aynı zamanda sorumlu olmadıkları şeylerle de tanımlanır: modeller, kullanıcı arayüzlerinin oluşturulması veya isteklerin işlenmesiyle ilgilenmez; bunlar, görünüm ve denetleyicilerin sorumluluklarıdır. Görünüm, sadece modelin öğelerini kullanıcıya göstermek için gereken mantığı içerir. Modelle ilgili doğrudan

farkındalıkları yoktur ve modelle hiçbir şekilde doğrudan iletişim kurmazlar. Denetleyiciler, görünüm ve model arasındaki köprüdür; istekler istemciden gelir ve kullanıcıya göstermek için uygun görünümü ve gerekirse model üzerinde gerçekleştirilecek uygun işlemi seçen denetleyici tarafından sunulur.

Modeldeki verileri manipüle eden mantık, yalnızca modelde bulunur; verileri görüntüleyen mantık yalnızca görünümde ve kullanıcı isteklerini ve girdileri işleyen kod yalnızca denetleyicide bulunur (Freeman, 2014).

Görüntüleyici (V, Views)

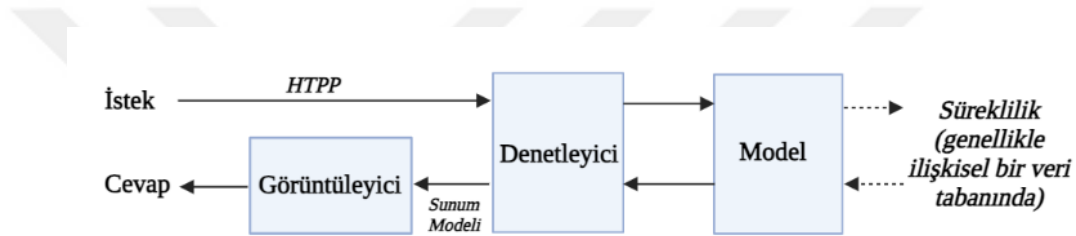
Modelin bir bölümünü kullanıcı arabirimi olarak işlemek için kullanılırlar. Uygulamanın kullanıcı ara yüzünün nasıl görüntüleneceğini tanımlar. Görünüm, bir modeli veya modelleri görsel bir temsile dönüştürmekten sorumludur. Web uygulamalarında bu, genellikle kullanıcının tarayıcısında işlenecek HTML oluşturmak anlamına gelir, ancak görünüm bir çok biçimde ortaya çıkabilir. Örneğin, aynı model HTML, PDF, XML ve hatta belki bir elektronik tabloda görselleştirilebilir. Bağlantıların ayrılmasının ardından, görünüm yalnızca verileri görüntülemeye odaklanmalı ve kendileri herhangi bir iş mantığı içermemelidir; iş mantığı, görünümün ihtiyaç duyduğu her şeyi sağlaması gereken modelde kalır (Chadwick vd., 2012; Freeman, 2014; Galloway vd., 2012).

Denetleyici (C, Controller)

Denetleyici, adından da anlaşılacağı gibi, uygulama mantığını kontrol eder ve görünüm ile model arasında koordinatör görevi görür. Denetleyiciler, görünüm aracılığıyla kullanıcılardan girdi alır, ardından belirli eylemleri gerçekleştirmek için modelle birlikte çalışarak sonuçları görünüme geri iletir. Gelen istekleri işler, model üzerinde işlemler gerçekleştirir ve kullanıcıya işlenecek görünümleri seçer. Kullanıcıdan gelen iletişimi, genel uygulama akışını ve uygulamaya özel mantığı işleyen bir dizi sınıfı içerir (Chadwick vd., 2012; Freeman, 2014; Galloway vd., 2012).

1.8.1.2 MVC'nin ASP.NET uygulaması

MVC'de denetleyiciler, genellikle System.Web.Mvc.Controller sınıfından türetilen C# sınıflarıdır. Denetleyiciden türetilen bir sınıftaki her genel y neme, ASP.NET y nlendirme sistemi aracılığıyla yapılandırılabilir bir URL ile ilişkilendirilen bir eylem y ntemi denir. Bir eylem y ntemiyle ilişkili URL'ye bir istek g nderildiğinde, etki alanı modelinde bazı işlemler ger ekleştirmek ve ardından istemciye g r nt lenecek bir g r n m se mek i in denetleyici sınıfındaki ifadeler y r t l r. Őekil 1.7, denetleyici, model ve g r n m arasındaki etkileşimleri g sterir. ASP.NET MVC Framework,  eşitli g r n m motorları i in destek sa lar (Freeman, 2014).



Őekil 1.7 Bir MVC uygulamasındaki etkileşimler (Freeman, 2014)

1.8.2 C# Programlama Dili

C# ("See Sharp" olarak telaffuz edilir), basit, modern, genel ama lı, t r a ısından g venli ve nesne y nelimli bir programlama dilidir. Dilin amacı programcının  retkenli idir. Bu ama la, C# basitli i, ifadeyi ve performansı dengeler. İlk versiyonundan itibaren bu programlama dilinin bař mimarı Anders Hejlsberg'dir. C#'ın k kleri C dil ailesindedir ve bundan dolayı C, C++ ve Java programlarına benzer bir dile sahiptir. C#, ECMA International tarafından ECMA-334 standardı olarak ve ISO/IEC tarafından ISO/IEC 23270 standardı olarak standardize edilmiřtir. Microsoft'un .NET Framework i in C# derleyicisi, bu standartların her ikisinin de uyumlu oldu u bir uygulamasıdır. C# dili, platformdan ba ımsızdır ve bir dizi platforma  zg   alıřma zamanıyla  alıřmaktadır (Albahari ve Albahari, 2022; Hejlsberg vd., 2010).

C# programlarının ve kitaplıklarının zaman i inde uyumlu bir řekilde geliřebilmesini sa lamak i in C# tasarımında s r m oluřturmaya  ok  nem verilmiřtir. Bir ok

programlama dili bu konuya çok az önem vermektedir. Sonuç olarak, bu dillerde yazılan programlar, bağımlı kitaplıkların daha yeni sürümleri kullanıma sunulduğunda gereğinden daha sık bozulmaktadır. C# tasarımının sürüm oluşturma değerlendirmelerinden doğrudan etkilenen yönleri arasında ayrı, sanal ve geçersiz kılma değiştiricileri, yöntem aşırı yük çözümleme kuralları ve açık arabirim üye bildirimleri için destek yer almaktadır.

Birkaç C# özelliği, sağlam ve dayanıklı uygulamaların oluşturulmasına yardımcı olmaktadır. Değersiz data, kullanılan bellekte kullanılmayan nesneler tarafından işgal edilen belleği otomatik olarak geri almaktadır; istisna işleme, hata algılama ve kurtarma için yapılandırılmış ve genişletilebilir bir yaklaşım sağlamaktadır; ve dilin güvenli tip tasarımı başlatılmamış değişkenlerden okumayı, dizileri sınırlarının ötesinde indekslemeyi veya denetlenmemiş tür atamaları gerçekleştirmeyi imkansız kılmaktadır (Hejlsberg vd., 2010).

Program Yapısı

C#'daki programlar, ad alanları, türler, üyeler ve derlemeler temel organizasyonel kavramlardır. C# programları bir veya daha fazla kaynak dosyadan oluşmaktadır. Programlar, üyeleri içeren ve ad alanları halinde düzenlenebilen türleri bildirmektedir. Tür örneklerine sınıflar ve arabirimler örnek verilebilir. Üye örnekleri ise alanlar, yöntemler, özellikler ve olaylardır. C# programları derlendiğinde, fiziksel olarak derlemeler halinde paketlenmektedirler. Derlemeler, uygulamaları mı yoksa kitaplıkları mı uyguladıklarına bağlı olarak genellikle .exe veya .dll dosya uzantısına sahiptir.

Türler ve Değişkenler (Types and Variables)

C#'ta iki çeşit tür vardır: değer türleri ve referans türleri. Değer türlerinin değişkenleri doğrudan kendi verilerini içerirken, referans türlerinin değişkenleri verilerine referansları saklamaktadır ve nesneler olarak bilinir. Referans tipleriyle, iki değişkenin aynı nesneye referans vermesi mümkündür ve bu nedenle, bir değişken üzerindeki işlemlerin diğer değişken tarafından referans verilen nesneyi etkilemesi mümkündür. Değer türlerinde, değişkenlerin her birinin kendi veri kopyası vardır ve biri üzerindeki

işlemlerin diğerini etkilemesi mümkün değildir (ref ve out parametre değişkenleri dışında) (Hejlsberg vd., 2010).

Nesne Yönelimi

C#, nesne yönelimli bir dil olmasına rağmen bileşen yönelimli programlama desteği de içermektedir. Yenilikçi yazılım tasarımları, bağımsız ve kendi kendini tanımlayan fonksiyonel paketler gibi yazılım bileşenlerine zamanla daha fazla güvenmektedir. Bu tür bileşenlerin anahtarı, özellikleri, yöntemleri ve olayları olan bir programlama modeli sunmalarıdır; bileşen hakkında bildirimsel bilgi sağlayan niteliklere sahiptirler ve kendi belgelerini dahil ederler. C#, bu kavramları doğrudan desteklemek için dil yapıları sağlayarak, C#'ı yazılım bileşenlerini oluşturmak ve kullanmak için çok doğal bir dil haline getirmektedir (Hejlsberg vd., 2010).

C#, kapsülleme, kalıtım ve çok biçimlilik içeren nesne yönelimi paradigmasının zengin bir uygulamasıdır. Kapsülleme, harici (genel) davranışını dahili (özel) uygulama ayrıntılarından ayırmak için bir nesnenin etrafında bir sınır oluşturmak anlamına gelir. Nesne yönelimli bir bakış açısıyla C#'ın ayırt edici özellikleri şunlardır:

Birleşik tip sistem

C#, birleşik bir tür sistemine sahiptir. int ve double gibi ilkel türler dahil tüm C# türleri, tek bir kök nesne türünden miras almaktadır. Bu nedenle, tüm türlerde bir dizi ortak işlemler paylaşılmaktadır ve herhangi bir türdeki değerler istikrarlı bir şekilde saklanabilir, taşınabilir ve üzerinde çalıştırılabilir. Ayrıca, C# hem kullanıcı tanımlı referans türlerini hem de değer türlerini destekleyerek nesnelerin dinamik tahsisine ve hafif yapıların satır içi depolanmasına olanak tanır (Hejlsberg vd., 2010).

C#'daki temel yapı taşı, tür adı verilen kapsüllenmiş bir veri ve işlev birimidir. C#, tüm türlerin nihai olarak ortak bir temel türü paylaştığı birleşik bir tür sistemine sahiptir. Bu, ister iş nesnelerini temsil etsin ister sayılar gibi ilkel türler olsun, tüm türlerin aynı temel işlevselliği paylaştığı anlamına gelmektedir. Örneğin, herhangi bir türden bir örnek, ToString yöntemi çağrılarak bir dizeye dönüştürülebilmektedir.

Sınıflar ve arayüzler

Sınıflar, C# türlerinin en temelidir. Sınıf, durumu (alanlar) ve eylemleri (yöntemler ve diğer fonksiyonel üyeleri) tek bir birimde birleştiren bir veri yapısıdır. Bir sınıf, sınıfın nesneler olarak da bilinen dinamik olarak oluşturulmuş örnekleri için bir tanım sağlamaktadır. Sınıflar, türetilmiş sınıfların temel sınıfları genişletebileceği ve özelleştirebileceği mekanizmalar olan kalıtım ve polimorfizmi desteklemektedir (Hejlsberg vd., 2010).

Geleneksel bir nesne yönelimli paradigmada, tek çeşit bir sınıftır. C#'ta, biri ara yüz olan birden fazla diğer tür vardır. Ara yüz, veri tutamayan bir sınıf gibidir. Bu, çoklu kalıtımın yanı sıra belirtme ve uygulama arasında bir ayrıma izin veren yalnızca davranışı (durumu değil) tanımlayabileceği anlamına gelmektedir.

Özellikler, yöntemler ve olaylar

Saf nesne yönelimli paradigmada, tüm işlevler yöntemlerdir. C#'ta yöntemler, özellikler ve olayları da içeren yalnızca bir tür işlev üyesidir. Özellikler, bir düğmenin rengi veya bir etiketin metni gibi bir nesnenin durumunun bir parçasını içine alan işlev üyeleridir. Olaylar, nesne durum değişiklikleri üzerinde işlem yapmayı basitleştiren işlev üyeleridir.

C# öncelikle nesne yönelimli bir dil olmasına rağmen, işlevsel programlama paradigmasından da alıntı yapmaktadır; özellikle, fonksiyonlar değer olarak ele alınabilir; temsilcileri kullanan C#, işlevlerin diğer işlevlerden değer olarak iletilmesine izin vermektedir ve C#, saflık için modelleri destekler.

İşlevsel programlamanın özü, bildirim kalıpları lehine değerleri değişen değişkenlerin kullanımından kaçınmaktır. C#, değişkenleri (lambda ifadeleri) "yakalayan" adsız işlevleri anında yazma yeteneği ve sorgu ifadeleri yoluyla liste veya reaktif programlama gerçekleştirme yeteneği dahil olmak üzere, bu kalıplara yardımcı olacak temel özelliklere sahiptir. C# ayrıca sabit (salt okunur) türlerin yazılmasını kolaylaştıran kayıtlar sağlamaktadır.

Tür Güvenliği

C#, öncelikle tür açısından güvenli bir dildir, yani tür örnekleri yalnızca tanımladıkları protokoller aracılığıyla etkileşim kurabilir ve böylece her türün iç tutarlılığını sağlamaktadır. Örneğin, C#, bir dizi türüyle sanki bir tamsayı türüymüş gibi etkileşim kurmanızı engellemektedir. Daha spesifik olarak, C# statik yazmayı desteklemektedir; bu, dilin derleme zamanında tür güvenliğini zorunlu kıldığı anlamına gelmektedir. Bu, çalışma zamanında uygulanan tip güvenliğine ek olarak yapılmaktadır. Statik tür, bir program çalıştırılmadan önce büyük bir hata sınıfını ortadan kaldırmaktadır. Bir programdaki tüm türlerin doğru bir şekilde birbirine uyduğunu doğrulamak için yükü çalışma zamanı birim testlerinden derleyiciye kaydırır. Bu, büyük programların yönetilmesini çok daha kolay, daha öngörülebilir ve daha sağlam hale getirmektedir. Ayrıca, statik yazma, Visual Studio'daki IntelliSense gibi araçlarda bir program yazmanıza yardımcı olmasına olanak tanımaktadır. Çünkü belirli bir değişkenin türünü bilir ve dolayısıyla bu değişken üzerinde hangi yöntemleri çağırabileceğinizi bilir. Bu tür araçlar, programınızda bir değişkenin, türün veya yöntemin kullanıldığı her yeri tanımlayarak güvenilir yeniden düzenlemeye olanak tanımaktadır.

C# aynı zamanda güçlü yazılmış bir dil olarak da adlandırılmaktadır, çünkü tür kuralları kesin olarak uygulanmaktadır (ister statik olarak ister çalışma zamanında). Örneğin, önce açık bir şekilde kayan noktalı sayıyı bir tamsayıya dönüştürmediğiniz sürece, kayan noktalı bir tamsayıyı kabul etmek üzere tasarlanmış bir işlevi çağıramazsınız. Bu, hataların önlenmesine yardımcı olmaktadır.

Bellek Yönetimi

C#, otomatik bellek yönetimi gerçekleştirmek için çalışma zamanına güvenmektedir. Common Language Runtime, programın bir parçası olarak çalışan ve artık başvurulmayan nesneler için belleği geri alan değersiz veri toplayıcıya sahiptir. Bu, programcılarını bir nesne için belleği açık bir şekilde serbest bırakmaktan kurtarır ve C++ gibi dillerde karşılaşılan yanlış işaretçiler sorununu ortadan kaldırır. C#, işaretçileri ortadan kaldırmaz; yalnızca çoğu programlama görevi için onları gereksiz kılar. Performans açısından kritik etkin noktalar ve birlikte çalışabilirlik için, güvensiz

olarak işaretlenen bloklarda işaretçilere ve açık bellek ayırmaya izin verilir (Albahari ve Albahari, 2022).

1.8.3 MSSQL Veritabanı

Gelişen teknoloji ile birlikte veri birikimi gittikçe artmaktadır. Bu verileri depolamak, kullanmak ve erişmek için yeni yöntemlere ihtiyaç duyulmaktadır (Li ve Manoharan, 2013).

Geleneksel yöntem olan “dosya-işlem sistem”ine alternatif olarak büyük miktarda olan bilgilerin depolanması için veritabanları geliştirilmiştir. Veritabanları, veri tabanı yönetim sistemleri aracılığıyla oluşturulur ve yönetilir. Microsoft SQL Server Microsoft tarafından geliştirilmiştir ve bir SQL Server ilişkisel veri tabanı yönetim sistemidir. “Relational Database Management System” olarak bilinen ilişkisel veri tabanı yönetim sistemidir ve kısaltması RDBMS olarak bilinmektedir. MSSQL (Microsoft SQL Server) sistemi performans, güvenilirlik, yönetim kolaylığı ve yeni mimari seçeneklerin mükemmel bir karışımını sunmaktadır (Nielsen ve Parui, 2011). Örneğin; internette bulunan birçok blog yazısı, yorumlar, kullanıcı bilgileri ve daha birçok veri MSSQL yardımıyla depolanabilmektedir. Microsoft SQL Server kullanıcısına verileri işleme, sorgulama ve raporlama işlemleri yapma olanağı sunar. MSSQL internet sitesi tasarlamadan masaüstü programlarına kadar çok geniş bir alanda veri tabanı ihtiyacını karşılamaktadır. Bu özellikleri sayesinde veri madenciliğinde de kullanılan bir araçtır. MSSQL’in sağlamış olduğu avantajlar bulunmaktadır (Kline vd., 2008). Bu avantajlar şöyledir:

- Veriler ile ilgili herhangi bir işlem yapılmadan SQL Server ile tüm veri kaynaklarında sorgulama yapılır ve verilerden içgörüler elde edilmektedir.
- SQL Server, çok boyutlu verilerle çalışmak, verileri analiz etmek, küpler oluşturmak ve veri madenciliği yapmak için eksiksiz bir OLAP/BI bileşenleri ve araçları paketine sahiptir.
- Önemli iş yüklerinin performansını geliştirmek için kalıcı bellek desteği sunmaktadır ve optimize edilmiş tempdb gibi belleğe yüklenmiş veri tabanının özelliklerini bellek için kullanır.

- Veri sınıflandırması, veri koruması ve izleme gibi işlemler yapar ve uyarılar için yerleşik özelliklerini kullanır.
- SQL Server, harika görünen raporlar sunan, kullanıcıların raporlar oluşturmalarını sağlayan ve kimin neyi ne zaman gördüğünü izleyen eksiksiz bir raporlama çözümü içerir. SQL Server herhangi bir durumda şüpheli görülen etkinlikleri izler, tanımlar ve bunlarla ilgili gerekli uyarıları yaptığı gibi hatta var olan güvenlik boşluklarını ve hatalı yapılandırmaları tespit eder ve ilgili sorunları giderir.
- SQL Server, Performance Studio, SQL Trace/Profiler ve Database Management Views and Functions ile etkileyici düzeyde tanılama ayrıntısı sunar.
- SQL Server, değişen derecelerde gecikme, performans, fiziksel mesafe ve senkronizasyon ile yüksek kullanılabilirlik için çeşitli seçenekler içerir.
- SQL Server, İlke Tabanlı Yönetim kullanılarak bildirimli olarak yönetilebilir.
- SQL Server, ölçeği büyötmek ve küçölmek için 32 bit ve 64 bit olarak birkaç farklı ölçeklenebilir sürüm de mevcuttur (Kline vd., 2008; Nielsen ve Parui, 2011).

1.9 Derin Öğrenme

Proteinlerdeki amino asit dizilerinin tespit edilmesi, bu dizilerden sentezlenen proteinleri anlamamıza yardımcı olur. Literatürde tanımlanmış birçok protein dizisi bulunmaktadır. Bu protein dizilerinin büyük çoğunluğu biyolojik deneylerle bulunmuştur ve bu biyolojik deneyler zor, maliyetli ve zaman alıcıdır. Ayrıca insan hatalarına açıktır (Petrey ve Honig, 2009). Bu nedenle biyoloji ve bilgisayar bilimleri alanındaki araştırmacılar ortak çalışmalar yapmaktadır ve biyolojik deneylerin önünün açılması için bilgisayar bilimi temelli çeşitli çalışmalar hazırlanmıştır. İlk dönem çalışmaları istatistiksel temellere dayanmaktadır (Baldi ve Brunak, 2001). Gizli Markov Modeli (HMM) ve Temel Yerel Hizalama Arama Aracı (BLAST) ve alt araçlarına dayalı bazı çalışmalar bu çalışmalara örnek olarak verilebilir (Altschul vd., 1990; Gromiha, 2010). İstatistiksel bir yapıyı esas alan bu çalışmalar, her bir amino asidin dizilerdeki belirli pozisyonlardaki olasılıklarını temel prensip olarak almaktadır (Price vd., 2018). Etiketlenmemiş verilerde istatistiksel temelli bu çalışmaların başarısının azalması gibi sorunlardan sonra araştırmacılar yeni yöntemler aramaya başlamış ve bu arayışlar çeşitli makine öğrenmesi ve derin öğrenmenin yani yapay zeka çalışmalarının önünü açmıştır ve gelişmelerini sağlamıştır (Strodthoff vd., 2020).

Derin öğrenmeye Destek Vektör Makinesi, Naive Bayes Sınıflandırıcı, K-En Yakın Komşular Algoritması, Tekrarlayan Sinir Ağı (RNN) ve Evrimsel Sinir Ağı (CNN) tabanlı derin öğrenme algoritmaları örnek olarak verilebilir (Naveenkumar vd., 2018).

Bir çalışma kapsamında destek vektör makineleri (SVM'ler) Indica pirincindeki ekspansin gen ailelerini %90'ın üzerinde başarı oranıyla tahmin etmek için kullanılmıştır (Hemalatha vd., 2013). HMM ve MatLab'ın makine öğrenme araçlarından ise Ekspansin Mühendislik Veritabanı çalışmasında yararlanılmıştır (Lohoff vd., 2021). Ekspansinler üzerine yapılan makine öğrenmesi ve derin öğrenme çalışmaları yeterli sayıda olmasa da proteinler üzerine yapılan diğer çalışmaların incelenmesi, literatürdeki çalışmalar hakkında fikir verecektir. Swiss-Prot veri setini kullanan bir çalışmada SVM kullanılmış ve %93 başarı elde edildi (Asgari ve Mofrad, 2015). Yine Swiss-Prot veri seti ile Keras yerleştirme, Derin Sinir Ağı (DNN), RNN tabanlı Uzun Kısa Süreli Bellek (LSTM) ve CNN ağları kullanılmış ve %91,24 çapraz doğrulama başarısı elde edilmiştir (Naveenkumar vd., 2018). Yine bir çalışmada uzaktan homoloji tespit çalışmalarında, çift yönlü LSTM kullanılmış ve %97 oranında başarı elde edilmiştir (Li vd., 2017). Strodtzoff ve arkadaşlarının enzim sınıflandırma çalışmasında diziler üç karakterli kelimelere ayrılarak kullanılan Word2Vec, CNN tabanlı ve LSTM modelleri ile vektör dönüşümleri aracılığıyla ön işleme tabi tutulmuş ve %85,8 ile en yüksek doğruluğa ulaşılmıştır (Asgari ve Mofrad, 2015). Derin öğrenme destekli temel helix-loop-helix (bhlh) bitki transkripsiyon faktör proteinleri veritabanı çalışmasında bitki transkripsiyon faktörleri kullanılmış, dizideki amino asitlerin her birine bir numara atanarak 2 katmanlı çift yönlü LSTM modeli hazırlanmış ve %97,54 doğruluk oranı elde edilmiştir (Öncül vd., 2022). Bitki transkripsiyon faktör proteinlerinin sınıflandırılmasında kullanılmak üzere Öncül ve Çelik tarafından yürütülen çalışmada, Word2Vec ön işleme, CNN katmanları ve RNN tabanlı çift yönlü Gated Recurrent Unit (GRU) katmanı kullanılarak üçlü hibrit model hazırlanmış ve doğruluk oranı %98,23 olarak elde edilmiştir (Öncül ve Çelik, 2023).

Literatürde proteinler üzerine birçok makine öğrenmesi ve derin öğrenme çalışması bulunmaktadır. Ancak ekspansin proteinleri üzerine makine öğrenmesi ve derin öğrenme çalışması bulunmamaktadır. Ayrıca bu çalışma kapsamında hazırlanan ekspansin veri seti daha önce çalışılmamış orijinal bir veri seti olup, üzerinde daha

önce herhangi bir makine öğrenmesi ve derin öğrenme çalışması yapılmamıştır. Literatürdeki bu eksiklik, ekspansinler üzerinde derin öğrenme çalışması yapılmasının önemini ortaya çıkarmaktadır. Çalışma kapsamında hazırlanan modelde Word2Vec ön işleme adımı kullanılmıştır. Daha sonra GRU katmanlarından oluşan kısım ve onu takip eden tam bağlantılı yoğun katmanlardan oluşan kısım ile sınıflandırma başarısını üst seviyelere taşımaktadır. Ayrıca bu tez çalışması kapsamında ekspansinler için kapsamlı bir veritabanı oluşturulmuş olup ekspansinlere ait birçok biyolojik veriye ücretsiz, uluslararası açık erişim sağlanabilmektedir.



2. KURAMSAL ÇERÇEVE

Ekspansin gen ailesi pH bağımlı hücre duvarı genişlemesinde rol oynayan önemli bir protein ailesidir. Bitkilerde stres koşullarında, meyve olgunlaşması gibi gelişimsel süreçlerde etkindirler. Ayrıca hücre duvarına sahip tüm canlılarda bulunması bu gen ailesini daha da önemli kılmaktadır (Wu vd., 2001).

Nar (Pomegranate, *Punica granatum L.*) bitkisinde meyve kaybının önlenmesi amacıyla genom çapında yapılan araştırmada 33 adet nar ekspansin geni belirlenmiştir. 33 adet nar ekspansinlerinden 25 adetinin EXPA'ya, 5 adetinin EXPB'ye, 1 adetinin EXLA'ya ve 2 adetinin EXLB'ye ait olduğu bulunmuştur (X. Xu vd., 2023).

Domates bitkisinin genomunda 25 adet SLEXPA, 8 adet SLEXPB, 1 adet SLEXLA, 4 adet SLEXLB ve beş kısa homolog gen tanımlanmıştır. Bu genlerin 25'inin ifade edildiği belirlenmiştir (Lu vd., 2016).

Phyllostachys edulis (Moso Bamboo) bitkisinin genomunda, genom çapında yapılan araştırma kapsamında 82 ekspansin geni tanımlanmıştır. Bunlardan 45'i EXPA, 29'u EXPB, 7'si EXLA ve 1'i EXLB olarak belirlenmiştir (K.-M. Jin vd., 2020).

Titrek kavak (*Populus tremula L.*) bitkisinde, genom çapında yapılan araştırma kapsamında 36 adet ekspansin geni tanımlanmıştır. 36 adet ekspansin geninden 27 adet EXPA, 3 adet EXPB, 2 adet EXLA ve 4 adet EXLB olarak belirlenmiştir (Yin vd., 2023).

Pirinçte tahıl verimi ile ilgili yapılan çalışmada; bir alfa ekspansin geni kuraklık toleransı ile ilişkilendirilmiştir. Hafif su eksikliğinde mısır köklerinin analizi ile başlanan ve diğer türlerde devam eden çalışmalarda yapılan birçok analizde alfa ekspansin gen ekspresyonunun su eksikliği durumunda yukarı regüle edildiği gösterilmiştir (Cosgrove, 2021).

Biyotik-abiyotik stres koşulları ekspansin genlerinin aktivasyonunu etkilemektedir. Bitkilerde alüminyum (Al) toleransı üzerine yapılan bir çalışmada arpa bitkisinde

bulunan *HvEXPA1* geni susturulmuştur. Bu durum arpa fidelerinin büyümesini engellemiştir ve yalnızca bitki kökünün Al konsantrasyonunu azalttığı gösterilmiştir (Zeng vd., 2023).

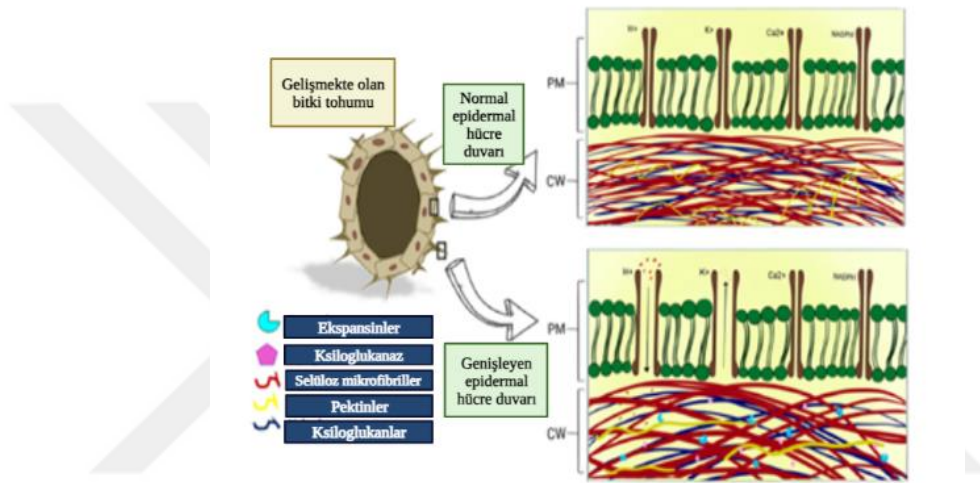
Olgunlaşma sırasında meyve dokusu, özellikle yumuşama, meyveleri insan tüketimi için arzu edilir kılan temel bir özelliktir. Bununla birlikte, hasat sonrası raf ömrünün azalması ve mikrobiyal enfeksiyona karşı artan duyarlılık ile de ilişkilidir. Meyve dokusal değişikliklerinin ekonomik önemi nedeniyle, bu süreci düzenleyen biyokimyasal mekanizmaların araştırılmasına ve anlaşılmasına büyük ilgi vardır. Olgunlaşmayla ilişkili meyve yumuşaması genellikle birincil hücre duvarı ve orta lamelin polisakkarit ve protein bileşenlerinde yapılan modifikasyonları içerir ve yapının zayıflamasına neden olur. Bununla birlikte, meyve dokusal değişim süreci çok karmaşıktır ve su ilişkileri ve serbest radikallerle beraber birçok protein ailesi buna katkıda bulunur. Meyve olgunlaşması sırasında hücre duvarı stabilize edici ve depolimerize edici proteinlerin yanı sıra protein glikozilasyonunun gelişimsel düzenlemesi gösterilmiştir (Brummell, 2006; Vicente vd., 2007). Bunlar arasında, poligalakturonaz (PG), pektin metilesterazlar (PME'ler), β -galaktosidaz, β -mannanaz, ksiloglukan ksiloglukosiltransferaz/endohidrolaz (XET), pektat liyaz (PL), endo- β -1,4-glukanazlar (EGazlar, selülozlar), ekspansinler, α -Man ve β -Hex bulunmaktadır (Handa vd., 2012). Meyve yumuşatma, esas olarak birincil hücre duvarının parçalanması ve hücreden hücreye yapışmanın azalmasından kaynaklanan çok karmaşık bir süreçtir. Selüloz, hemiselülozlar ve pektin, birincil hücre duvarının üç ana bileşenidir; bunlar, meyve yumuşatma sırasında bir hücre duvarı litik enzimi veya değiştiricisi lejyonu tarafından hidrolize ve modifiye edilir, orta lamelin çözünmesine, pektin çözünürlüğünde, nötr şekerleri kaybeden pektin yan zincirlerinde ve hemiselülozik polisakkaritlerin depolimerizasyonunda artışa yol açar (Ren vd., 2023). Ekspansinler, izole edilmiş bitki hücre duvarlarında genişlemeye neden olur ve bu nedenle meyve dokusal değişikliklerinde rol oynar. Ekspansinler, meyve gelişimi ve olgunlaşması sırasında farklı ifadeler sergileyen farklı üyelere sahip çok genli bir aileye aittir (Handa vd., 2012).

Hızlı veya yavaş büyüme oranına sahip yaprak uzaması, belirli türlerin kullanımına ve yetiştirilmesine bağlı olarak çok yıllık çim türleri için arzu edilen bir özelliktir. Hızlı

yaprak uzaması, yem otları için önemli olan yüksek sürgün biyokütle üretimi için belirleyici bir faktördür (Hu vd., 2019), ancak daha az biçme gerektirdiğinden çimler için yavaş yaprak uzaması arzu edilir (Meeks vd., 2015). Yaprak uzama hızı, hücre bölünmesi ve hücresel düzeyde genişleme tarafından yönetilir (Bultynck vd., 2003). Hücre bölünmesi ve genişlemesinin koordinasyonu, nihayetinde hücre duvarı genişlemesinin kontrolüne dayanır. Yaprak büyümesini düzenlemede anahtar rol oynayan ekspansin genleri dahil olmak üzere hücre duvarı uzantısında yer alan birçok hücre duvarı sentezi ve yeniden modelleme geni daha önce rapor edilmiştir (Fan vd., 2023).

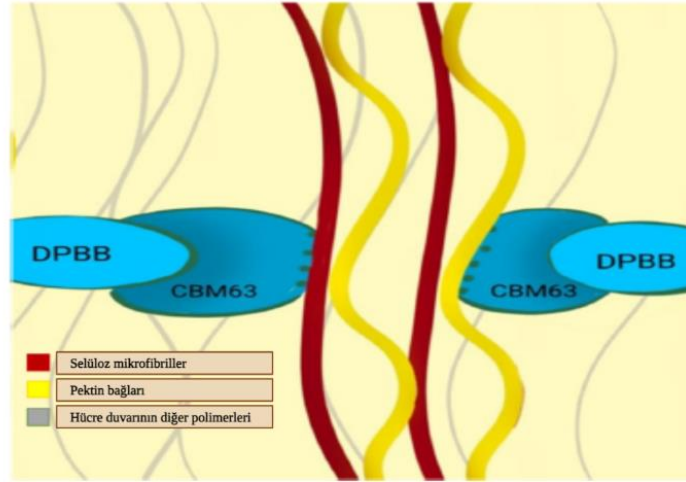
Ekspansinler, bazı mikroplar ve salyangoz gibi küçük organizmalarda da bulunabilmektedir. Keşfedilmelerinden onlarca yıl sonra, ekspansinlerin bitkilerde çok yönlü rolleri belirgin hale gelmiştir. Bitişik polisakkaritler arasındaki yapışma kuvvetlerini azaltarak duvar polimerlerini kaydırma yetenekleri nedeniyle, sitokinezden kısa bir süre sonra bir hücre duvarının yeniden modellenmesine yardımcı olurlar. Su akışı nedeniyle yüksek turgor basıncı altında ksiloz ve selüloz mikrofibrilleri arasındaki zayıf hidrojen bağımlı parçalayarak, ekspansinler hücre duvarının hacmini artırır ve dolaylı olarak sıkıştırma/sıkma fazı sırasında hücre duvarında birkaç polisakaritin birikmesine neden olur. Ekspansin aktivitesi tarafından oluşturulan selüloz mikrofibrilleri arasındaki boşluklar potansiyel olarak pektinlerin, hemiselülozun, fenollerin, ligninlerin ve selülozun birikmesiyle doldurulur. Bu nedenle, selüloz içeriğindeki artışın, ekspansin genlerinin aşırı ekspresyonu nedeniyle hücre duvarı sıkıştırma aşamasında gerçekleştiği varsayılmaktadır. Çeşitli çalışmalar, transgenik bitkilerde ekspansin genlerinin aşırı ekspresyonunun, artan selüloz miktarı ile uzun bir hücre duvarı ile sonuçlandığını göstermiştir. Ekspansinler plazma membranında H⁺-ATPase proton pompasına etki eden bir dizi uyaran tarafından tetiklenen hücre duvarı (Cell Wall, CW) asitlenmesi sırasında aktive olur (Samalova vd., 2023). Ekspansinler, duvar oligolarının litik aktivitesi olmadan asit kaynaklı büyümeye aracılık ettikleri için hücre duvarı uzama mekanizmasının anlaşılması açısından önemli proteinlerdir. Bir bitki hücre duvarı (CW), iyonik pompalara/kanallara sahip bir lipid çift tabakası içeren plazma zarını (PM) çevreler. Hücre duvarı genişleme fazı sırasında oksin, membran H⁺-ATPase proton pompalarını aktive ederek CW'ye proton pompalanmasını kolaylaştırır ve CW asitleşmesine neden

olur. Ekspansin proteinleri asidik bir ortamda aktive olur ve selüloz mikrofibrillerinin (CMF'ler) sıkı paketi olan ksiloglukanlar (Xyloglucans, XyG) ile parçalamaya başlar. Bu ayrılma, CM'lerin gevşemesine/kaymasına neden olur ve CW'yi genişletir. Ayrıca, asidik protoplast potasyum iyonlarının (K^+) sitozole pompalanmasını da aktive eder, yüksek konsantrasyonda K^+ iyonları hipertonic sitozol ile sonuçlanır ve genişleme sırasında bitki hücresinin gerilme kuvveti için su alımını uyarır (Şekil 2.1) (Yaqoob vd., 2020).



Şekil 2.8 Ekspansinlerin hücre duvarına etki mekanizması (Yaqoob vd., 2020)

Soğan epidermisinden elde edilen bitki ekspansinleri, atomik kuvvet mikroskobu ile incelendiğinde, C ve N terminalinde iki ana domaine sahiptir. C-terminal domaini, hücre duvarının gevşemesini içerir, zıt taraflarda farklı yüzey molekülleri yoluyla selüloza ve pektine bağlanır. Bu bağlanmanın, ekspansin moleküllerinin selüloz ve pektin polimerlerini birbiri üzerinde kaydırarak veya ayırarak ayırmasını sağladığı varsayılmıştır (Şekil 2.2). N terminal domaini, daha yüksek konsantrasyonlarda bile hücre duvarının gevşemesini desteklemezken, duvar genişlemesine neden olan tam uzunluktaki proteinlerden 26 kat daha yüksek miktarlarda bulunmaktadır (Yaqoob vd., 2020).



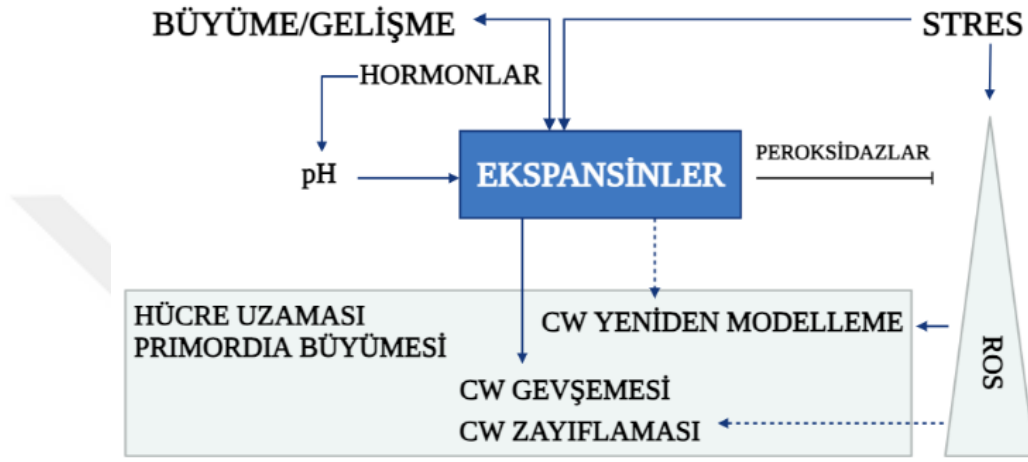
Şekil 2.9 CBM63 ve DPBB'nin iki ana alanına sahip olan, önerilen bir ekspansin molekülü modeli (Yaqoob vd., 2020)

Ekspansinler CW ile çok sıkı bir şekilde bağlandığından dolayı ekspansin bağlanma mekanizmalarının anlaşılmasını büyük ölçüde engellemektedir. Ekspansinler *in vivo* olarak özel doku ve organlarda hücre genişlemesini indüklemekle kalmayacak, aynı zamanda bitkilerde selüloz metabolizmasını doğrudan veya dolaylı olarak etkileyerek ikincil hücre duvarı oluşumunun potansiyel bir aktivatörü olarak da hareket edebilecektir (Bacelli vd., 2014; Wang vd., 2011). İkincil hücre duvarı (SCW) gelişimi sırasında selüloz, hemiselüloz ve lignin birikimi için plazma zarı içinde Golgi kompleksi ile birlikte senkronizasyon gereklidir. SCW gelişimi için selüloz mikrofibrilleri üretmek üzere plazma zarında yüksek konsantrasyonda selüloz sentaz (sus enzimleri) vardır (Ahmed vd., 2018). Ksilan ve mannan gibi uzunluk olarak bulunan ve hemiselüloz moleküllerinin matrisine ekstrüde edilmiş 18-24 fibril glikoz kalıntısı vardır. Selüloz sentaz genlerinin ve farklı gen ürünlerinin senkronize aktiviteleri sırasında bitki hücre duvarlarının doğru montajı, hücre duvarı bölgesini mikrofibrillerin birikmesi için organize eder. Bu etkileşim, hücre duvarı olgunlaşması için selüloz sentezinde önemli bir rol oynar (Zenoni vd., 2011). Şimdiye kadar keşfedilen tüm ekspansinler, zayıflatma ve selüloz parçalama aktiviteleri göstermiş, ancak henüz net bir litik aktivite tespit edilmemiştir. Bu durum, ekspansinlerin herhangi bir hidrolitik parçalama olmaksızın selüloz mikrofibrillerinin bozulmasına/yeniden düzenlenmesine maruz kalması gerektiğine dair kanıt sağlamaktadır.

'Duvar genişletilebilirliği' terimi, bir hücre duvarının yüzey alanında geri dönüşümsüz olarak artırma yeteneğini gösterir. Hücre duvarı genişlemesi geri alınamaz olduğundan, liflere nihai kompaktlığını vermek için uzama fazından sonra daha fazla polimer biriktirilir. Duvar yüzeyindeki bir artışın yeni duvar bileşenlerinin eklenmesiyle doğrudan birleştiği bakteriyel hücre duvarı büyümesinin aksine, bitki hücresi, selüloz mikrofibrillerinin ve ilişkili matris bileşenlerinin duvar düzleminde yayılma hareketiyle yüzey alanında büyür. Ekspansinler, yalnızca bitki hücre duvarının uzamasını teşvik etmede bir rol oynamakla kalmaz, aynı zamanda pamuk lifinde ekstra selüloz birikmesi için dolaylı bir etki verir. Bununla birlikte, ekspansin-selüloz biriktirme ilişkisi şimdiye kadar zayıf bir şekilde ortaya konmuştur ve daha derin araştırmalara ihtiyaç duyar (Yaqoob vd., 2020).

CW biyomekaniğinin abiyotik stresler altında araştırılması genellikle zordur, bu nedenle odak ağırlıklı olarak CW'nin yeniden şekillenmesinde ve transkripsiyonel ve proteomik değişikliklerde yer alan genler üzerinde moleküler düzeyde kalmıştır. CW'lerin bileşimi ve yapısındaki değişikliklerle ilgili olarak, su kaybı, yeni oluşan CW polimerlerinin biyosentezini ve birikmesini etkileyebilecek bireysel duvar bileşenleri arasında gelişmiş bağlanmaya neden olabilir. Reaktif oksijen türleri (ROS) ve peroksidazlar da CW yeniden modelleme sürecinde önemli bir rol oynayabilir. ROS üretimi birçok farklı stres koşulunda gerçekleşir, ancak normal büyüme ve gelişme için de gereklidir (Mittler, 2017), bu nedenle üretimleri ve söndürmeleri sıkı bir şekilde kontrol edilmelidir (Castro vd., 2021). ROS, sertleşme ile sonuçlanan fenolik bileşiklerin ve CW glikoproteinlerin ilk çapraz bağlanmasından sorumludur. Öte yandan, duvar polisakkaritleri, hidroksil radikalleri tarafından doğrudan bölünebilir ve bitki CW'lerini zayıflatabilir. Ekspansin ekspresyonu ve lokalizasyonu, bitki gelişimi sırasında düzenlenir. Tersine, CW biyomekaniği üzerindeki ekspansin eylemi, hücre uzamasını ve/veya primordia spesifikasyonunu/büyümesini düzenleyerek bitki gelişimini ve büyüme tepkilerini etkiler. Ekspansinler, ROS üretimi ile ilişkili çeşitli streslere yanıt olarak aktive edilir. Ekspansin ekspresyonuna, gelişimsel ve stresle düzenlenen hormon üretimi aracılık edebilir, ekspansin aktivitesini mekansal spesifik CW asitlendirme yoluyla da kontrol edebilir. Ekspansinler, CW peroksidazlarını düzenleyerek reaktif oksijen türleri (ROS) etkilerini azaltabilir. Buna karşılık ROS, CW biyomekanik özelliklerinin düzenlenmesine de katkıda bulunur. Kısa vadeli veya

düşük seviyeli ROS üretimi, CW bileşenlerinin çapraz bağlanmasını indükleyerek büyüme inhibisyonuna yol açarken, yüksek ROS seviyeleri/uzun vadeli ROS üretimi, polimer bölünmesi yoluyla hücre genişlemesinin restorasyonuna izin verdiği varsayılan OH^0 -radikal oluşumuna yol açarak CW zayıflamasına neden olur (Şekil 2.3) (Samalova vd., 2022).



Şekil 2.10 Ekspansinlerin aktivasyonu (Samalova vd., 2022)

Büyüyen dokular ekspansin genlerini doğal olarak ifade ederken, bitki büyümesi ekspansin geninin susturulması üzerine yavaşlar. Ayrıca, normal bitkilere ekzojen ekspansin ilavesi, daha fazla büyümeyi uyarır, bu da endojen ekspansin yetersizliğinin bitki gelişimini sınırlayabileceğini gösterir. Benzer proteinler, kökleri bitkide kolonize eden patojenik bakteriler ve lignoselülozik biyokütleyi bozan mantarlar gibi diğer organizmalarda bulunur. Bu ekspansin ile ilişkili proteinler, saptanabilir litik aktivite olmadan bitki hücre duvarlarında modifikasyonları indükler ve genellikle hidrolitik olmayan yıkıcı proteinler olarak anılır. Biyolojik rolleri nedeniyle, bu yıkıcı proteinler, biyoyakıt üretimi için biyokütle bozulmasını artırır. Bitki hücre duvarları, kısmen hücre duvarı nano mimarisinin selülozik substrata enzim erişilebilirliğini sınırlaması nedeniyle enzimatik bozunmaya karşı dirençlidir. Hidrolazlarla karıştırıldığında, yıkıcı proteinler, substratın enzimlere erişilebilirliğini artırarak enzimatik aktiviteyi artırır (Silveira ve Skaf, 2016).

Şeker kamışı (*Saccharum spp.*), dünya çapında yetiştirilen ana ürünlerden biridir. Şeker kamışından elde edilen lignoselülozik biyokütle, etanol endüstrisi için en umut

verici hammaddelerden biridir. Bununla birlikte, lignoselülozik biyokütlenin verimli kullanımı, bazı enzimlerin hemiselülozik matrise erişimi de dahil olmak üzere birkaç adımın optimizasyonunu gerektirir. Enzimatik bir kokteyle ekspansinlerin eklenmesi veya bunların genetik manipülasyonu, bitki hücre duvarlarında bulunan polisakkaritler arasındaki hidrojen bağlarını zayıflatarak hammadde biyokütlesinin sakkarifikasyon sürecini büyük ölçüde iyileştirebilir. Şeker kamışındaki ekspansin gen ailesi *in silico* analiz ile tanımlanmış ve karakterize edilmiştir. Şeker kamışındaki 92 varsayılan ekspansin (SacEXP'ler), filogenetik analizden sonra üç alt ailede kategorize edilmiştir (Santiago vd., 2018).

Lignoselülozik biyokütle (LCB), ikinci nesil biyoyakıtlar (2ndGB) olarak adlandırılan biyoetanol üretimi için alternatif bir malzeme kaynağı olarak sunulmuştur. LCB ve lignoselülozik atıklar, birincil tahıllar ve mahsuller hasat edildikten sonra üretilir. Ekin samanları, sürdürülebilir ve biyoyakıtlar ve biyoürünler için dönüştürülebilir olan çok büyük lignoselüloz kalıntıları sağlamaktadır (Schädel vd., 2010). İkinci nesil biyoyakıtların çeşitli avantajları vardır; bunların arasında CO₂ üretimini azaltma ve eski haline döndürme olasılığı vardır, gıda ürünleriyle rekabet yoktur ve biyorafineri konsepti altında çok çeşitli biyoyakıtların (biyoetanol, biyogaz, hidrojen, metan ve biyodizel) üretimi ve katma değeri yüksek biyolojik ürünler çeşitli avantajlarıdır (C. Xu vd., 2023). LCB, bitki biyokütlesi ve orman yönetimi veya gıda mahsulü üretimi kalıntılarından oluşan selüloz, hemiselüloz ve ligninden oluşur (Naik vd., 2010; Vohra vd., 2014). LCB'nin yapı ve bileşen oranı, bitki biyoçeşitliliği, bitkinin fizyolojik durumu, coğrafi konum, mevsim, besin mevcudiyeti ve yaş gibi faktörlere bağlı olarak farklılık gösterir (Lynd vd., 2002). LCB, LCB'deki kompleks polisakkaritlere erişim sağlamak için kimyasal, fiziksel ve biyolojik işlemlerde oluşan hasara (bitki hücresinin korunması) karşı iyileştirme sağlayan bir inatçılık ve direnç sunar. Ön işlem teknolojilerinin LCB kaynağına ve bileşimine göre tasarlanması gerektiği düşünüldüğünde, LCB'yi etkili bir şekilde depolimerize etmek için partikül boyutunun küçültülmesi, mineral asitler ve alkali ile fiber hasarı, lignoselüloz fiberleri açığa çıkarmak için termokimyasal prosedürler (buhar patlaması) ve biyolojik bozunmalar gibi birkaç adım atılmalıdır (Ríos-Fránquez vd., 2019). Bununla birlikte, doğal lignoselüloz direnci temel olarak güçlü fiziksel ve kimyasal biyokütle ön işlemlerine ve düşük etkili enzimatik sindirilebilirliğe karar verir, bu da olası ikincil atık

serbestleşmesiyle birlikte biyoetanol üretimi için uygulanamaz olan aşırı pahalı bir lignoselüloz işlemeye yol açar. Bu nedenle, ılıman koşullar altında yüksek aktivite ve biyokütle ön işlemlerinde lignoselüloz bozunma enzimlerini keşfetmeye devam edilmektedir (C. Xu vd., 2023).

Ekspansinler lignoselüloz sakarifikasyonu için faydalı olabilirler. Son zamanlarda, biyoetanol üretimi için lignoselüloz hidroliz süreçlerinde gevşeticiler dikkat çekmiştir. Çünkü lignoselüloz sakkarifikasyon süreçlerinde ekspansin benzeri proteinlerin eklenmesi, selülozun fermente edilebilir şekerlere ve dolayısıyla etanole biyolojik dönüşümünü arttırır, bitişik selüloz zincirlerinden hidrojen bağlarının bozulması, daha fazla lignoselüloz hidrolizine yol açan selülaz erişimi için boşluk sağlar (Ríos-Fránquez vd., 2019).

Biyokimyasal ve biyofiziksel olarak ekspansinler, hücre duvarında selüloz mikrofibriller ve matris polisakkaritler arasındaki moleküler arayüzlere bağlanarak polimerik ağlardaki hidrojen bağlarını yok eder (Hiwasa vd., 2003). Ayrıca yakın gelecekte akaryakıt talebindeki artışa bağlı olarak biyoyakıt endüstrisinde ikinci nesil biyoetanol talebinin artacağı değerlendirilmektedir. İkinci nesil biyoyakıt üretimi, en organik ham maddeleri içeren bitki biyokütlesi gerektirir. Hammaddenin büyük bölümünü şeker kamışı, mısır ve yem bitkileri gibi bitkiler oluşturmaktadır. Biyoyakıt üretiminde öncelikle biyokütlenin fermente edilebilir şekere dönüştürülmesi gerekir. Bu, genellikle selüloz, hemiselüloz, lignin ve pektinden oluşan bitki hücre duvarlarını oluşturan polisakkaritlere erişilerek üretilebilir. Bu polisakkaritlerin transformasyonuna, hücre duvarı gevşemesi, rekombinasyonu ve parçalanması için gerekli olan mekanizmalar aracılık eder. Ekspansin proteinleri, glikozit hidrolazları (GH'ler) selüloz mikro liflerinin yüzeyinde daha fazla kayması için uyaran hidrojen bağlarını dengesizleştirerek hücre duvarlarını gevşetir (Nawaz vd., 2017). Ekspansin proteinlerinin ekin geliştirmede potansiyel kullanımı da mümkündür (Choi vd., 2006; Li vd., 2014). Bu açıdan bakıldığında, bitkilerden biyoyakıt elde edilmesinde bitkilerin hücre duvarı mekanizmasının anlaşılmasının önemli bir role sahip olduğu düşünülmektedir.

Son zamanlarda, gelecekteki yakıt taleplerinin üstesinden gelmek için biyoyakıt endüstrisinin odak noktası ikinci nesil biyoetanole doğru kaydırılmıştır. İkinci nesil biyoyakıt üretimi, en bol bulunan organik hammadde olan bitki biyokütlesini hedeflemektedir. Bu hammaddenin çoğu, örneğin şeker kamışı, mısır ve yem bitkisi gibi otlardan gelmektedir. İlk adım, biyokütleyi fermente edilebilir şekere dönüştürmektir. Mayalanabilir şekerler, bitki hücre duvarlarını oluşturan polisakkaritlere erişilerek üretilebilir. Bitki hücre duvarlarının lignoselülozik materyali esas olarak selüloz, hemiselüloz, lignin ve pektinden oluşur. Bu polisakkaritlerin dönüşümüne yardımcı olmak için, hücre duvarı gevşemesi, yeniden birleştirilmesi ve bozulmasıyla ilgili mekanizmaları anlamak önemlidir. Polimerler (selüloz, hemiselüloz ve pektinler) arasındaki potansiyel çapraz bağların bağlanma ve aralığı, parçalanabilirliği konusunda çeşitli kısıtlamalar uygulayan hücre duvarı mimarisini ana hatlarıyla belirtir. Hücre duvarı polimerlerinin bozunması, kimyasallarla ön işleme tabi tutulan biyokütle ve hücre duvarı yeniden birleştirme ve bozunmasında yer alan genlerin mühendisliği ile bitkilerde daha az geri dönüşlü hücre duvarlarının üretimi gibi çeşitli stratejilerle gerçekleştirilebilir. Ön muamele, makro ve mikrofibril birlikteliklerini engelleyebilir, bu da bazı çözünür hemiselülozların uzaklaştırılmasıyla sonuçlanabilir. Bazı deneylerde birtakım olumsuz etkilere tanık olunmasına rağmen, hücre duvarı sentezi, montaj, gevşetme ve bozunma işlemlerinin anlaşılmasındaki son gelişmeler sayesinde hücre duvarlarının modifikasyonu, genetik mühendislerinin biyokütle verimini geri kazanmalarına yardımcı olmuştur. Bununla birlikte, son zamanlarda pektin değiştirici enzimlerin aşırı ekspresyonu ile ilgili yapılan çalışmalar, bazı doğal hücre duvarı bozundurma işlemlerinin altında yatan mekanik yönlerin anlaşılmasının gerekli olduğunu öne sürerek salınan şekerlerin miktarının artmasına neden olmuştur. Bu tür araştırmalar, hücre duvarı yeniden birleştirme ve bozunması ile ilgili gen modüllerinin birlikte ifade ağlarını anlayarak başarılabılır. Bu ağlar, adım adım hücre duvarı modifikasyonu ve bozulması olaylarının hücre ayrılmasından programlanmış hücre ölümü ve hücre duvarı polimerlerinin parçalanmasına kadar daha ayrıntılı bir açıklamasına yol açacaktır. Sonuçta, bitkiler, aktivasyon üzerine hasattan önce şişmiş hücre duvarları verecek olan anahtar oyuncularını manipüle ederek modifiye hücre duvarları ile tasarlanabilir. Böyle bir biyokütle, biyoetanol endüstrisi için daha umut verici bir hammadde olacaktır (Nawaz vd., 2017).

Sekans-yapı-fonksiyon ilişkilerinin incelenmesini ve yeni ekspansinlerin araştırılmasını desteklemek için Expansin Engineering Database (ExED, <https://exed.biocatnet.de>), bakteri, mantar, Viridiplantae'den ve karbonhidrat bağlama modülleri, glikozid hidrolazlar, gevşeme, şişme, cerato plataninler ve EXPN'ler gibi ekspansin benzeri homologlar hakkında sekans ve yapı verileri toplamıştır. Küresel dizi hizalaması ve protein dizisi ağ analizine dayalı olarak, diziler oldukça çeşitlidir. Bununla birlikte, ekspansin alanları arasında birçok benzerlik bulunmuştur. İki ekspansin domainin yeni oluşturulan profil Hidden Markov modelleri, standart numaralandırma şemalarına, kapsamlı koruma analizlerine ve genom açıklamasına olanak tanır. Ekspansin domainlerindeki korunmuş anahtar amino asitler tanımlanmıştır, ekspansinlerin ve karbonhidrat bağlama modüllerinin rafine bir sınıflandırması önerilmiştir ve yeni dizi motifleri, yeni aday genlerin aranmasını ve ekspansinlerin mühendisliğini kolaylaştırmıştır (Lohoff vd., 2021).

Ekspansinlere yönelik 1999 yılında D.J. Cosgrove tarafından bir websitesi oluşturulmuştur (<http://personal.psu.edu/fsl/ExpCentral/index.htm>). Bu websitesinde genel olarak ekspansinlerin protein yapısı, mekanizmaları, ekspansinlerin isimlendirilmesi ile ilgili genel bilgiler, ekspansinlerle ilgili yayınlanmış makaleler ve *A. thaliana* gibi model organizmaların ekspansinleri ile ilgili bilgiler verilmiştir ve bu bilgiler model organizmalarla sınırlı kalmıştır. Ancak websitesi en son 2009 yılında güncellenmiş olup herhangi yeni bir güncelleme yapılmamıştır.

Yapılan birçok çalışmada farklı bitki türlerinde, doku ve organlarında ekspansin genlerinin gelişimsel etkisi üzerinde durulmuştur. Aynı zamanda ekspansinlerin biyotik ve abiyotik streslere karşı moleküler analizleri yapılmıştır. Ancak ekspansin süper ailesinin bitkilerdeki işlevi çok anlaşılamamakla birlikte biyoinformatik alanında çok fazla çalışma bulunmaması dikkat çekmektedir. Ekspansinlerin polen alerjen etken olması, bitkilerdeki biyokütle aktivitesinin arttırılmasını sağlayacak olduğunun düşünülmesi, işlevinin tam anlaşılamaması ve bakteri ve mantarlarda da ekspansin genlerinin bulunması ekspansinleri önemli kılmaktadır.

Biyolojik verilerin zamanla artması sonucu bilim insanlarının bu verilere ve veriler arasındaki bağlantılara erişebilme ihtiyacı ortaya çıkmıştır. Verilerin toplanması,

kolayca erişim sağlanabilmesi ve bu verilerin yönetilebilmesi için veritabanları oluşturulmuştur. Biyolojik veritabanları genel ve özel olarak sınıflandırılabilir. Genel veritabanlarında genellikle her türlü organizma için bilgilere erişilebilirken, özel veritabanları bir bitkiye ya da bir gene özgü kapsamlı verileri içerebilmektedir. Böylece veritabanları bilim insanlarına istedikleri verilere yönelik kolay erişim imkanı sunmaktadır.

Bütün bu bilgiler ışığında ve yapılan literatür araştırmaları kapsamında farklı organizmalardaki ekspansin süper ailesi üyelerini ve bunların özelliklerini toplayan kapsamlı bir veritabanının henüz yapılmadığı belirlenmiştir. Bu tez çalışması kapsamında genom çalışmaları tamamlanmış 70 adet bitkide (monokotiledon, dikotiledon ve diğer bitki gruplarını içeren) ekspansin genlerinin ve proteinlerinin; gen yapılarını, domainlerini, korunmuş motiflerini, tahmini üç boyutlu yapılarını kromozomal yerleşimlerini, biyokimyasal özelliklerini, gen, kodlanan sekans (CDS) ve peptit dizileri gibi bilgileri içeren, ekspansinlere ait kapsamlı bir veritabanı oluşturulması amaçlanmıştır. Buna ek olarak; ekspansin ailesinin sınıflandırılmasında kullanılması amacıyla derin öğrenme yöntemi ilk kez oluşturulmuştur. Böylece ekspansin süper ailesi üyelerine ait, spesifik, tek seferde ve tek yerden çok geniş kapsamlı bilgilere ulaşılacak bir veritabanı oluşturulmuştur. Ayrıca bitki büyüme ve gelişmesinde önemli bir aile olan ekspansin süper ailesinin işlevinin daha iyi anlaşılması ve moleküler yöntemlerle bitki gelişimlerinde ekspansinlerin daha iyi kullanılmasına yönelik bu veritabanının, önemli bir veri kaynağı olması hedeflenmiştir. Bu tez çalışması kapsamında oluşturulan veritabanının; ekspansin ile ilgili yapılacak olan bilimsel araştırmalar için kapsamlı bir bilgi kaynağı olacağı ve gelecekte yapılacak çalışmalara ışık tutacağı düşünülmektedir.

3. YÖNTEM

Veritabanını oluşturmak için öncelikle genom çalışmaları tamamlanmış olan 70 adet bitki seçilmiştir (Tablo 3.1). Bu bitkiler Phytozome, NCBI ve Plant Transcription Factor Database (PlantTFDB) veritabanlarından seçilmiştir (Tian vd., 2020; URL-2; URL-3).

Tablo 3.2 Seçilen 70 bitkinin sınıflandırılması

Dikotiledon	<i>Amaranthus hypochondriacus</i> , <i>Amborella trichopoda</i> , <i>Anacardium occidentale</i> , <i>Aquilegia coerulea</i> , <i>Arabidopsis halleri</i> , <i>Arabidopsis lyrata</i> , <i>Arabidopsis thaliana</i> , <i>Arachis duranensis</i> , <i>Arachis ipaensis</i> , <i>Boechera stricta</i> , <i>Brassica oleracea capitata</i> , <i>Capsella grandiflora</i> , <i>Carica papaya</i> , <i>Citrus clementina</i> , <i>Citrus sinensis</i> , <i>Cucumis sativus</i> , <i>Daucus carota</i> , <i>Eucalyptus grandis</i> , <i>Eutrema salsugineum</i> , <i>Gossypium raimondii</i> , <i>Kalanchoe fedtschenko</i> , <i>Linum usitatissimum</i> , <i>Manihot esculenta</i> , <i>Mimulus guttatus</i> , <i>Medicago truncatula</i> , <i>Ricinus communis</i> , <i>Solanum tuberosum</i> , <i>Trifolium pratense</i> , <i>Cicer arietinum</i> , <i>Chenopodium quinoa</i> , <i>Helianthus annuus</i> , <i>Lactuca sativa</i> , <i>Olea europaea</i> , <i>Populus deltoides</i> , <i>Nicotiana sylvestris</i> , <i>Nicotiana tomentosiformis</i> , <i>Prunus persica</i> , <i>Solanum pennellii</i> , <i>Sesamum indicum</i> , <i>Salix purpurea</i> , <i>Capsella rubella</i> , <i>Theobroma cacao</i> , <i>Kalanchoe laxiflora</i> , <i>Populus trichocarpa</i> , <i>Phaseolus vulgaris</i>
Monokotiledon	<i>Ananas comosus</i> , <i>Brachypodium distachyon</i> , <i>Brachypodium stacei</i> , <i>Musa acuminata</i> , <i>Oryza sativa</i> , <i>Oropetium thomaeum</i> , <i>Panicum hallii</i> , <i>Sorghum bicolor</i> , <i>Spirodela polyrhiza</i> , <i>Setaria viridis</i> , <i>Zostera marina</i> , <i>Asparagus officinalis</i> , <i>Brachypodium sylvaticum</i> , <i>Elaeis guineensis</i> , <i>Miscanthus sinensis</i> , <i>Oryza brachyantha</i> , <i>Oryza sativa Kitaake</i> , <i>Phalaenopsis equestris</i> , <i>Panicum hallii</i> var. <i>hallii</i> , <i>Sorghum bicolor</i> Rio, <i>Setaria italica</i>
Sphagnopsida	<i>Sphagnum fallax</i>
Lycopodiopsida	<i>Selaginella moellendorffii</i>
Bryopsida	<i>Physcomitrium patens</i>
Marchantiopsida	<i>Marchantia polymorpha</i>

3.1 Ekspansin Genlerinin Tanımlanması ve Özelliklerinin Belirlenmesi

İlk olarak bitkilere ait peptit, kodlayan dizi (CDS) ve gen dizileri Phytozome ve NCBI veri tabanlarından indirilmiştir. Ekspansin genlerinin belirlenmesi amacıyla CLC Genomic Workbench programında Pfam domain analizi yapılmıştır. Bu analize göre, PF01357 ve PF03330 domainlerinden sadece birini içerenler ve her ikisini de içermeyen proteinler çıkarılmıştır (Arslan vd., 2021). Ekspansin genlerinin isimlendirilmesi için CLC Genomic Workbench Programında BLAST işlemi gerçekleştirilmiştir (Qiagen). Expasy ProtParam Tool (<http://web.expasy.org/protparam>) veri tabanı kullanılarak proteinlere ait tahmini izoelektronik noktası (pI), moleküler ağırlıkları, stabilite durumları ve aminoasit uzunlukları gibi diğer özellikler belirlenmiştir (Gasteiger vd., 2005). Ekspansin proteinlerine ait NCBI ID'leri NCBI Blastp programı ile belirlenmiştir (Boratyn vd., 2013).

3.2 Ekspansin Genlerinin Kromozomal Yerleşimlerinin Gösterilmesi

Ekspansin genlerinin kromozomal yerleşimlerinin belirlenmesi amacıyla Genome Browser ve Genome Data Viewer (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/jbrowse/index.html>, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/gdv/>) kullanılmıştır. Belirlenen yerleşimler MG2C programı ile görselleştirilmiştir (Chao vd., 2021).

3.3 Ekspansinlerin Gen Yapılarının Belirlenmesi

Ekspansin genlerinin her birine ait ekzon ve intron yapıları, CDS ve gen dizileri kullanılarak çevrimiçi GSDS programında belirlenmiştir (Hu vd., 2015).

3.4 Ekspansin Proteinlerinde Korunmuş Motiflerin Belirlenmesi

Ekspansin proteinlerinde korunmuş motiflerin belirlenmesi amacıyla Meme-suite programı kullanılmış ve 20 korunmuş motif seçilmiştir (Bailey ve Elkan, 1994).

3.5 Ekspansin Proteinlerinin Domain Analizi

Ekspansin proteinlerinin domainleri online NCBI domain search programı kullanılarak belirlenmiştir (Lu vd., 2020).

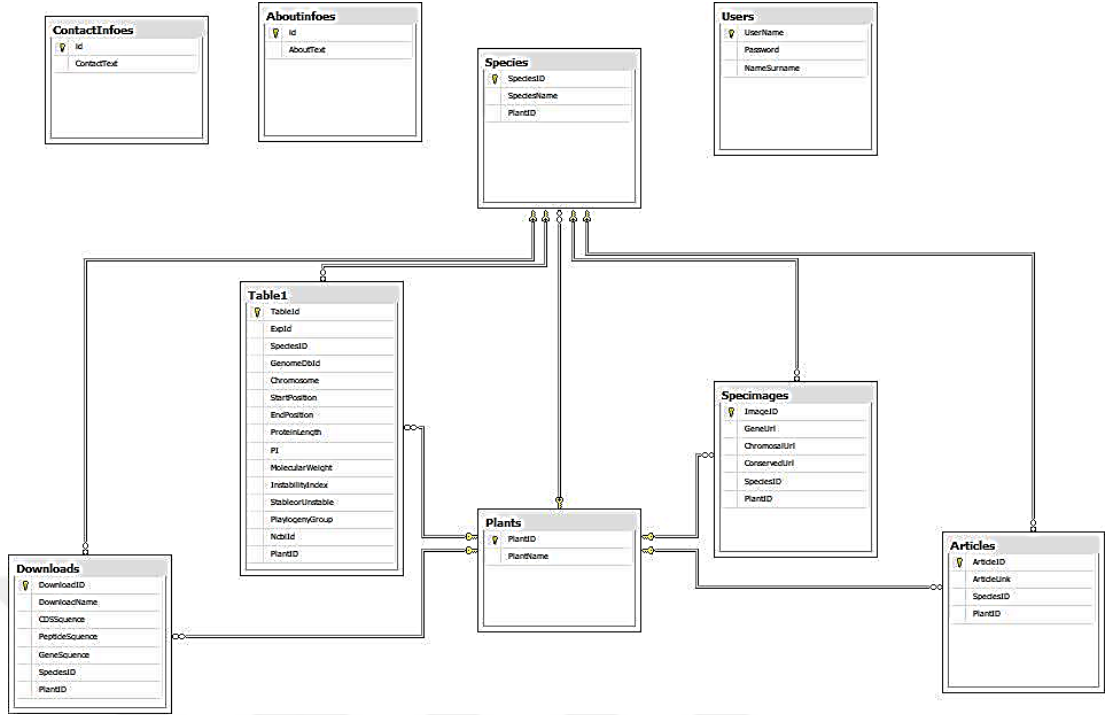
3.6 Ekspansin Proteinlerinin Homoloji Modellemesi ve Tahmini Üç Boyutlu Yapılarının Belirlenmesi

Protein Data Bank (PDB) veri tabanında Blastp analiziyle daha önceden deneysel çalışmalar sonucunda üç boyutlu yapıları belirlenmiş olan ve ekspansin proteinlerine yüksek derecede benzerlik gösteren protein örnekleri bulunmaktadır (Berman vd., 2000). Bu araştırma sonuçlarından elde edilen veriler kapsamında Phyre2 (Protein Homology/Analog/YRecognition Engine; <http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2>) programı kullanılarak ekspansin proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları belirlenmiştir (Kelley vd., 2015).

3.7 Veritabanı İçin Websitesinin Geliştirilmesi

Veritabanına ait web sitesi Visual Studio IDE ortamında C# programlama dilinde yazılmıştır ve MVC (Model-View-Controller) modeli kullanılarak ASP.NET ortamında oluşturulmuştur. Bu web sitesi bir yönetici paneli ve bir son kullanıcı arayüzü olmak üzere iki modül olarak geliştirilmiştir. Veritabanına veri girişi admin paneli üzerinden gerçekleştirilmiş ve girilen veriler veritabanına kaydedilmiştir. Veritabanı olarak MS SQL kullanılmıştır. Girilen veriler kullanıcı ara yüzünde görüntülenmektedir. Veritabanı mimarisi ilişkisel tablolar etrafında oluşturulmuştur ve Şekil 3.1'de sunulmuştur. Bu mimari veritabanı tablolarını, alanlarını ve tablo ilişkilerini göstermektedir.

Türlere ait veritabanı tablosu, tüm bitkilerin Tür Kimliği, Tür Adı ve Bitki Kimliği gibi verilerini içermektedir. Table1 veritabanı tablosu, bitki ekspansin proteinlerine ait TableS1'in verilerini içermektedir (ExpID, SpeciesID, genom veritabanı kimliği ve kromozomal konum, vb.). Ayrıca indirme tablosu bölümü, tüm bitkiler için peptit, CDS ve gen dizilerini kapsamaktadır.



Şekil 3.11 Veritabanı mimarisi

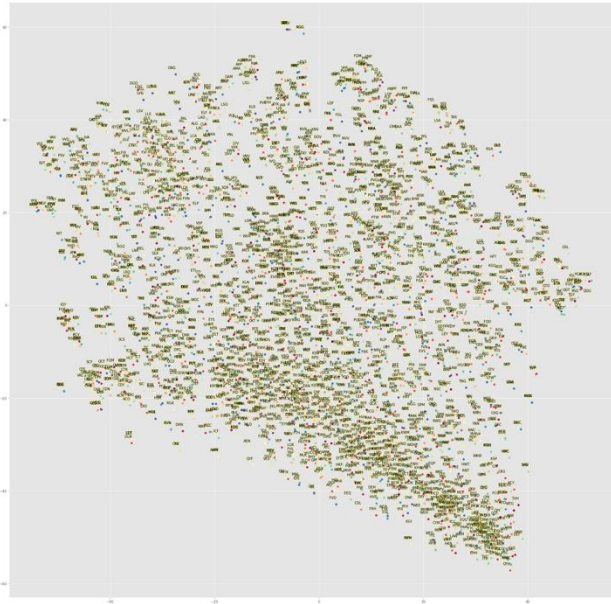
3.8 Dizilerin k-mer'ler ve Word2Vec ile Temsili

Derin öğrenme modelinin verileri sınıflandırabilmesi için çeşitli ön işleme adımlarının gerçekleştirilmesi ve verilerin modelin kullanabileceği formata getirilmesi gerekmektedir. Buradaki prosedürler, dizilerdeki amino asitler veya amino asit grupları arasındaki yakınlıkları belirleyecek ve böylece belirleyici motifler derin öğrenme modeli tarafından yakalanarak protein dizilerinin sınıfları belirlenecektir (Ay Karakuş vd., 2018). Protein dizileri, metinleri oluşturan cümlelerden farklı olarak tek parça halinde bulunmaktadır. Protein dizilerinde cümle gibi kelimeler bulunmamaktadır. Bu nedenle protein dizilerinin kelimelere ayrılarak işlenmesi, kelimeler arasındaki yakınlık ve benzerliği kullanarak çalışan Word2Vec modelinin kullanılması uygun olmaktadır. Böylece başarılı bir sınıflandırma yapılabilmektedir (Öncül ve Çelik, 2023).

Kelimelerle yapılan çalışmalarda ne kadar çok kelime bulunur ve yakınlıkları belirlenirse o kadar başarılı bir model geliştirilmektedir. Bu nedenle dizileri kelimelere ayırmak bu dizileri tıpkı birer metin cümleleri gibi bir hale getireceğinden ötürü faydalı olacaktır (Asgari ve Mofrad, 2015). Asgari ve Mofrad ile literatürdeki diğer çalışmaların incelenmesi sonucunda tek parça diziler her biri 3 karakterden oluşan

kelimelere (3-mer) ayrılarak dizilerden cümleler elde edilmiş olup bir korpus oluşturulmuştur. Kelime sayısını arttırmak için her dizi kelime karakter sayısı kadar (3 adet) bir karakter kaydırılarak her diziden 3 ayrı 3'erli grup elde edilmiştir.

Word2Vec, kelimeleri vektör uzayında temsil etmeye yönelik denetimsiz bir tahmin modelidir. Kelimeleri vektör uzayında temsil edilirken aynı zamanda yakınlık ve benzerliğe göre puanlar ve ağırlıklar verir. Sürekli Kelime Çantası (CBOW) ve Sürekli Skip-Gram olmak üzere iki modeli bulunmaktadır. Word2Vec modeliyle oluşturulan kelime havuzunun işlenmesi, hazırlanan derin öğrenme modelinde kullanılacak yakınlık bilgilerinin ve başlangıç ağırlıklarının elde edilmesini sağlamıştır (Mikolov vd., 2013). Bu çalışmada belirlenen pencere boyutu kadar önceki ve sonraki kelimelere bakarak merkezdeki kelimeleri tahmin etme yapısı üzerinde çalışan CBOW modeli kullanılmıştır. Pencere boyutu olarak varsayılan değer olan 5 belirlenmiştir. 5 pencere boyutunda ve 300 vektör boyutunda derlemin görselleştirilmesi Şekil 3.2'de verilmiştir.



Şekil 3.12 Word2Vec corpus görselleştirmesi

3.9 Gated Recurrent Birim (GRU)

Derin öğrenme matematik temelli bilgisayar bilimi çalışmalarının gelişmesiyle birlikte literatürde yapay zeka çalışmalarının bir kolu olarak yer almaktadır. Tekrarlayan Sinir Ağı (RNN) ve RNN tabanlı modeller, bu çalışmanın da kapsadığı metinler üzerinde

yapılan çalışmalarda doğal dil işleme ve protein sınıflandırma gibi alanlarda oldukça popülerdir. RNN'ler sınıflandırmayı verilerdeki geçmiş bilgileri öğrenerek yapmaktadır. Ancak RNN'de horizon ve patlayan eğim problemleri nedeniyle yeni arayışlar oluşmuştur. Bu arayışlar ve çalışmalar sonucunda Uzun Kısa Süreli Bellek (LSTM) ve Geçitli Tekrarlayan Birim (GRU) ağları geliştirilmiştir (LeCun vd., 2015). LSTM ve GRU ağları benzer başarıya sahiptir ancak aralarında birkaç farklılık bulunmaktadır. LSTM'ler, uzun vadeli bağımlılıkları korumak ve hangi bilgilerin hatırlanıp hangilerinin unutulduğunu belirlemek için giriş ve çıkış kapılarının yanı sıra bir unutma kapısına da sahiptir. GRU ise tam tersine aynı amaçlara hizmet eden unutma işlemini bir kapıyla değil, bir anahtar yapısıyla sağlamaktadır. Performans açısından LSTM'lere benzerdir. Karmaşıklık ve kapı daha az olduğundan soruna bağlı olarak daha hızlı olabilir. Aşağıda 1-4 formülleri ile GRU ağlarının temel yapısı verilmiştir (Gao ve Glowacka, 2016).

$$z_t = \sigma_1(W_{hz}h_{t-1} + W_{xz}x_t) \quad (1)$$

$$r_t = \sigma_1(W_{hr}h_{t-1} + W_{xr}x_t) \quad (2)$$

$$\tilde{h}_t = \sigma_2(W_{chx}x_t + W_{chr}(r_t \cdot h_{t-1})) \quad (3)$$

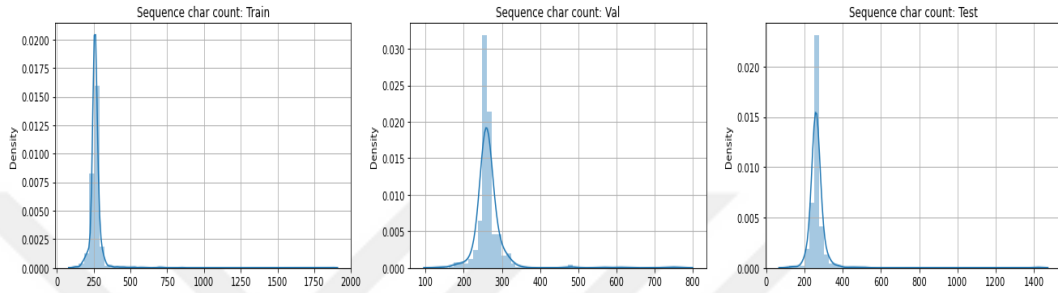
$$h_t = (1 - z_t)h_{t-1} + z_t\tilde{h}_t \quad (4)$$

Burada Formül 1 güncelleme kapısını, Formül 2 unutma anahtarını, Formül 3 aday aktivasyon fonksiyonunu ve Formül 4 çıktının hesaplanmasını ifade etmektedir.

3.10 Derin Öğrenme Modeli

Bu çalışmada, ekspansin proteinlerinin türlerini sınıflandırmak ve tespit etmek için bir Word2Vec ön işleme adımı ve ardından 3 GRU katmanı, 2 bırakma katmanı, 2 yoğun katman ve bir sınıflandırıcı yoğun katman kullanılmıştır. Model oluşturulurken Python Programlama Dili kullanılmıştır. Modelin eğitilmesi, doğrulanması ve test edilmesi için veri kümesi, %70 eğitim, %15 doğrulama ve %15 test için Python'un Sklearn kütüphanesinin `train_test_split` işleviyle rastgele bölünmüştür. 3022 dizi içeren veri seti rastgele 2115 eğitim, 454 doğrulama ve 453 test veri setine ayrılmıştır.

Yalnızca dizilere ihtiyaç duyan ve başka hiçbir ek bilgiye ihtiyaç duymayan modelde, ön işleme adımında öncelikle dizilerin çeşitli işlemlerden geçmesi gerekmektedir. Çünkü dizilerin "MAIVMKSAA..." biçimindeki bitişik ve farklı uzunluktaki yapısı, derin öğrenme modelinin karar vermesini zorlaştırmakta ve özelliklerin çıkarılmasını zorlaştırmaktadır. Şekil 3.3, rastgele bölünmüş veri kümesinin eğitim, doğrulama ve test veri kümesi bölümlerindeki dizilerin karakter uzunluklarını vermektedir.



Şekil 3.13 Eğitim, doğrulama ve test veri kümesindeki dizilerin karakter uzunlukları

Word2Vec modeli kelimelerle çalıştığı için tek parçalı diziler 3 karakterden (3-mer) oluşan kelimelere ayrılarak dizilerden cümleler elde edilmektedir ve cümlelerin kelimelerinden bir corpus oluşturulmaktadır. Oluşturulan corpustaki kelime sayısını arttırmak amacıyla her dizinin ilk karakterinden teker teker bir karakter (3 adet) kaydırılarak 3 ayrı 3'erli grup elde edilmiştir. Daha sonra kelimelere bölünen orijinal diziler, Word2Vec modeliyle belirlenen 300 boyutlu vektörlerle sayısallaştırılmıştır. Ardından dizilerin ortalama uzunluğunun 250 karakter olduğu ve 3 karakterli kelimelere bölüldüğü dikkate alınarak yapılan denemeler sonucunda dizi uzunluğunun 100 kelimeye (300 karakter) sabitlenmesine karar verilmiştir. Derin öğrenme modelinin başarısının önemli koşullarından biri sabit uzunluğa sahip olmasıdır, bu ayarlama kararından sonra 100 kelimedenden uzun olan diziler son kısmı kırılarak kısaltılmış, kısa olanlar ise sonuna gerekli sayıda 0 eklenerek uzatılmıştır (Öncül ve Çelik, 2023). Nitekim modeli eğittikten sonra model, kullanıcıdan herhangi bir uzunluktaki diziye alabilmektedir. Tahmin öncesinde arka planda aynı işlemler uygulanmıştır.

Uyarlanabilir Moment Tahmini (ADAM) aktivasyon fonksiyonu, modelin eğitimi esnasında hızlı ve etkili bir şekilde nihai başarıya ulaşmasını sağlamak için kullanılmıştır. İleri yayılımla multi-sınıflı modelin tahmininin doğruluğunu kontrol

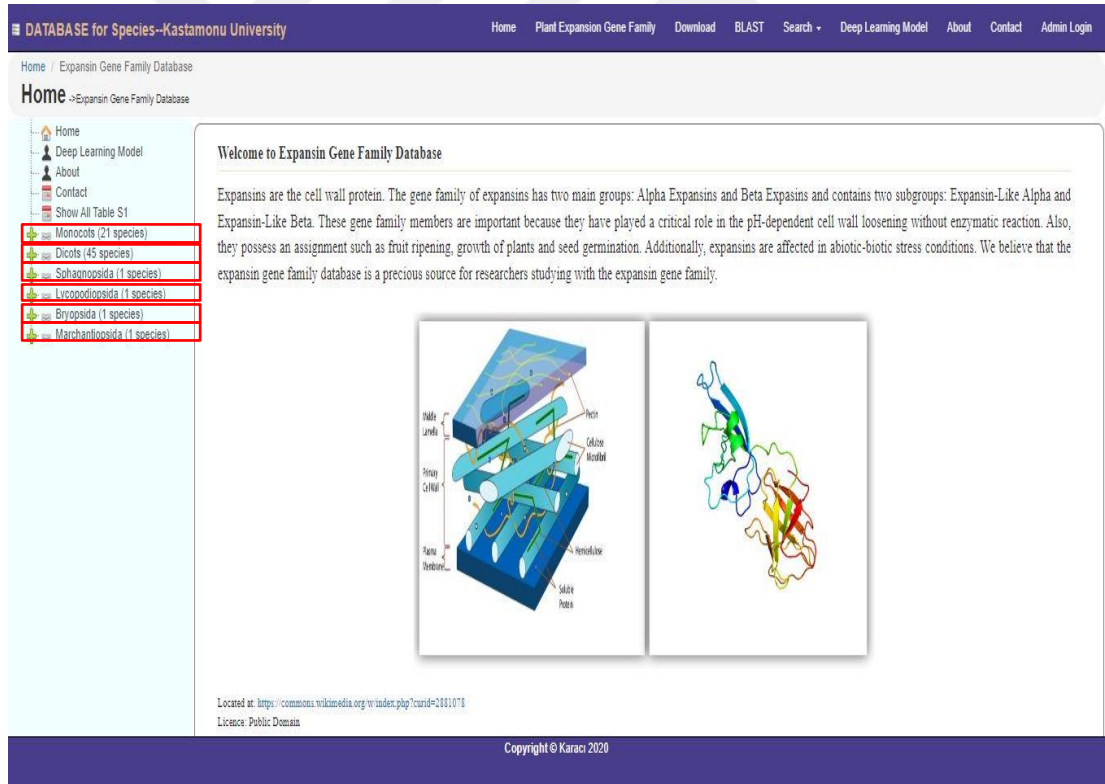
etmek için kayıp fonksiyonu olarak kategorik çapraz-entropi fonksiyonu kullanılmıştır (Yamashita vd., 2018). Modelin başarısını ölçmek ve olumlu bir şekilde ortaya koymak için doğruluk, kesinlik, hatırlama ve f-skor performans metrikleri hesaplanmıştır (Kamilaris ve Prenafeta-Boldú, 2018). Önerilen derin öğrenme modelinin yapısı Tablo 3.1'de verilmiştir.

Tablo 3.2 Önerilen derin öğrenme modelinin yapısı

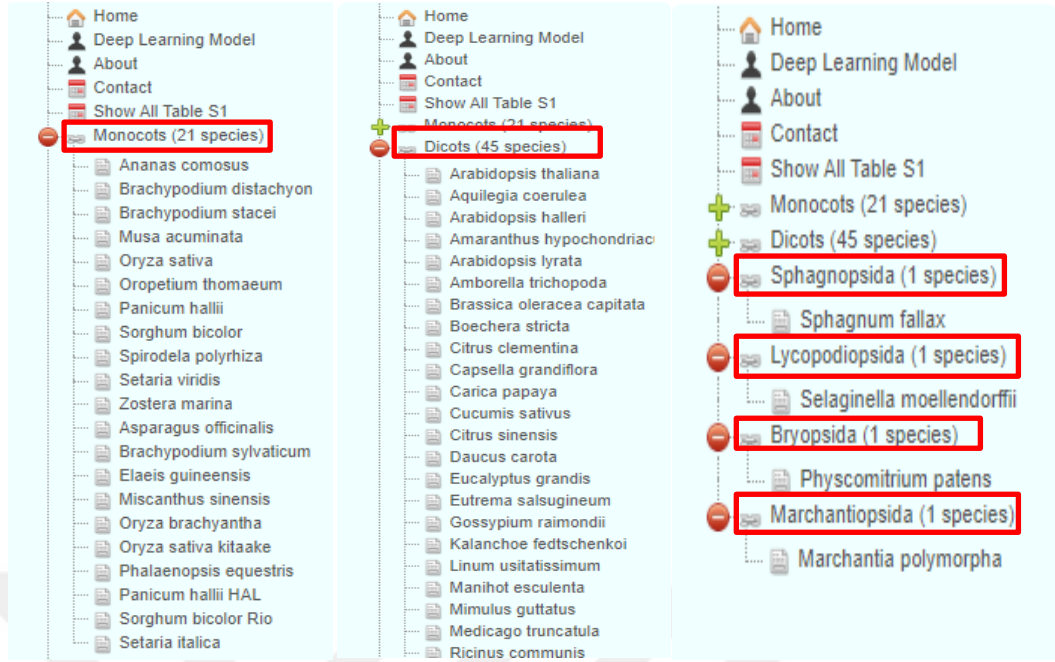
Katman (type)	Çıkış Şekli	Param #
Embedding	(None, 100, 300)	2403600
Bidirectional GRU (64)	(None, 100, 128)	140544
Bidirectional GRU (128)	(None, 100, 256)	198144
Bidirectional GRU (256)	(None, 100, 512)	789504
Dropout (0,2)	(None, 100, 512)	0
Flatten	(None, 51200)	0
Dense (128)	(None, 128)	6553728
Dense (256)	(None, 256)	33024
Dropout (0,35)	(None, 256)	0
Dense (4)	(None, 4)	1028

4. BULGULAR

Biyoinformatik analizler ile bitkilere ait elde edilen tüm verilerin (ekspansin protein kimlikleri, kromozom konumları, genom veritabanı kimlikleri, protein uzunlukları, tahmini izoelektrik noktaları, moleküler ağırlıkları, kararlılık durumları ve NCBI kimlikleri, ekzon-intron yapısı, domain yapıları, protein dizileri, pdf dosyaları, tahmini üç boyutlu yapıları, motif yapıları ve seçilen bitkilerin makalelerine ait bağlantılar) yüklenmesi yönetici paneli sayfasından yapılmıştır. Websitesinin ana sayfası Şekil 4.1'de gösterilmiştir (<http://www.expansingenefamily.com/>). Ana sayfada bitkiler sınıflarına göre (Monokot, Dikot vb.) ayrı ayrı gruplandırılmıştır. Bitkiler monokotlar, dikotlar ve diğer bitki sınıfları olarak sınıflandırılmış olup web sayfasında gösterilmiştir (Şekil 4.2).



Şekil 4.1 Web sitesi ana sayfa görünümü



Şekil 4.2 Monokot, dikot ve diğer bitkilerin web sitesinde ayrı ayrı görünümü

All Table S1'e tıklandığında tüm bitkiler için Table S1 görüntülenmektedir (Şekil 4.3). Table S1'de ekspansin proteinine ait protein kimlikleri, kromozom konumları, genom veritabanı kimlikleri, protein uzunlukları, tahmini izoelektrik noktaları, moleküler ağırlıkları, kararlılık durumları ve NCBI kimlikleri bilgilerine ulaşılmaktadır. Ayrıca her bitkiye ait Tablo S1 EK-A'da verilmiştir. Tablo S1'deki Genome DB ID numarasına tıklandığında yeni sekmede o proteine ait tahmini üç boyutlu yapı görseli, domain yapısı, bu gene ait ekzon-intron, lokus ve gen model numaraları ve peptit, CDS ve gen dizilerine erişilebilmektedir (Şekil 4.4). Her bitki için Tablo S1 altında bitkideki tüm ekspansinlere yönelik olarak oluşturulmuş gen yapısı, motif, kromozomal yerleşimlerinin ve bitkiye ait genom makalesinin gösterildiği bölüm mevcuttur (Şekil 4.5). Tahmini üç boyutlu yapının özelliklerine, üç boyutlu yapının PDB giriş numarası tıklanarak erişim sağlanmaktadır (Şekil 4.6). Proteine ait sayfadaki bilgiler ayrıca bir PDF dosyası olarak sunulmaktadır ve sayfadaki PDF linkine tıklanarak açılıp indirilme imkanı sunulmaktadır (Şekil 4.7). Bitkilere ait varsa veritabanları hem açılan sayfadaki hem de PDF dosyasındaki linklere tıklanarak görüntülenebilmektedir (Şekil 4.8, Şekil 4.9, Şekil 4.10). Ayrıca bitkiye ait genom makalesine Table S1 sayfasındaki linkten erişim sağlanabilmektedir (Şekil 4.11).

Database for Species—Kastamonu University

Home

Plant Expansion Gene Family

Download

BLAST Search +

Deep Learning Model

About

Contact

Admn Login

Home / Table S1

Show All ->Table S1

Home

Deep Learning Model

About

Contact

Show All Table S1

Monocots (21 species)

Dicots (45 species)

Sphagnopsida (1 species)

Lycopodiopsida (1 species)

Bryopsida (1 species)

Marchantiopsida (1 species)

ALL Table S1

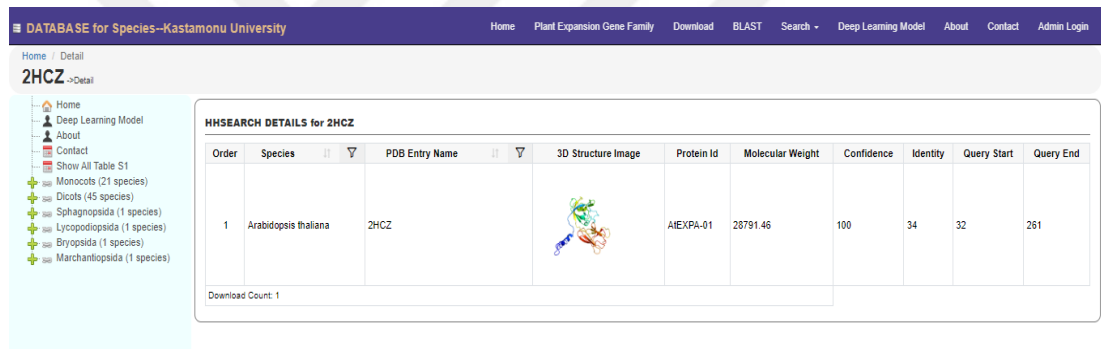
The table shows the EXPs of all species. You can filter by Category, Species and EXP ID.

Order	Category Name	Species Name	EXP ID	Genom DB Id	Chromosome	Start Position	End Position	Protein Length	PI	Mk	V
1	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-01	AT1G12560.1	1	4276505	4277969	262.04	9.33	28	
2	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-02	AT1G20190.1	1	6996335	6996335	252	0.91	26	
3	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-03	AT1G20190.2	1	6996432	6995523	193	9.17	21	
4	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-04	AT1G26770.1	1	9259432	9261313	249	9.24	26	
5	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-05	AT1G26770.2	1	9259750	9260792	259	9.16	27	
6	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-06	AT1G62980.1	1	2.333159E+07	2.333325E+07	257	9.36	27	
7	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-07	AT1G69530.1	1	2.614184E+07	2.61435E+07	250	9.26	26	
8	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-08	AT1G69530.3	1	2.614184E+07	2.61435E+07	275	9.24	29	
9	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-09	AT1G69530.4	1	2.614184E+07	2.614353E+07	220	9.3	23	
10	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-10	AT1G69530.5	1	2.614184E+07	2.61435E+07	245	9.28	26	
11	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-11	AT2G03090.1	2	916806	916871	253	9.32	27	
12	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-12	AT2G28950.1	2	1.243134E+07	1.24338E+07	257	9.76	27	
13	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-13	AT2G37840.1	2	1.578752E+07	1.579014E+07	262	9.53	28	
14	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-14	AT2G37840.2	2	1.578771E+07	1.578961E+07	237	9.58	26	
15	Dicots	Arabidopsis thaliana	AtEXPA-15	AT2G39700.1	2	1.654383E+07	1.654579E+07	257	9.76	27	

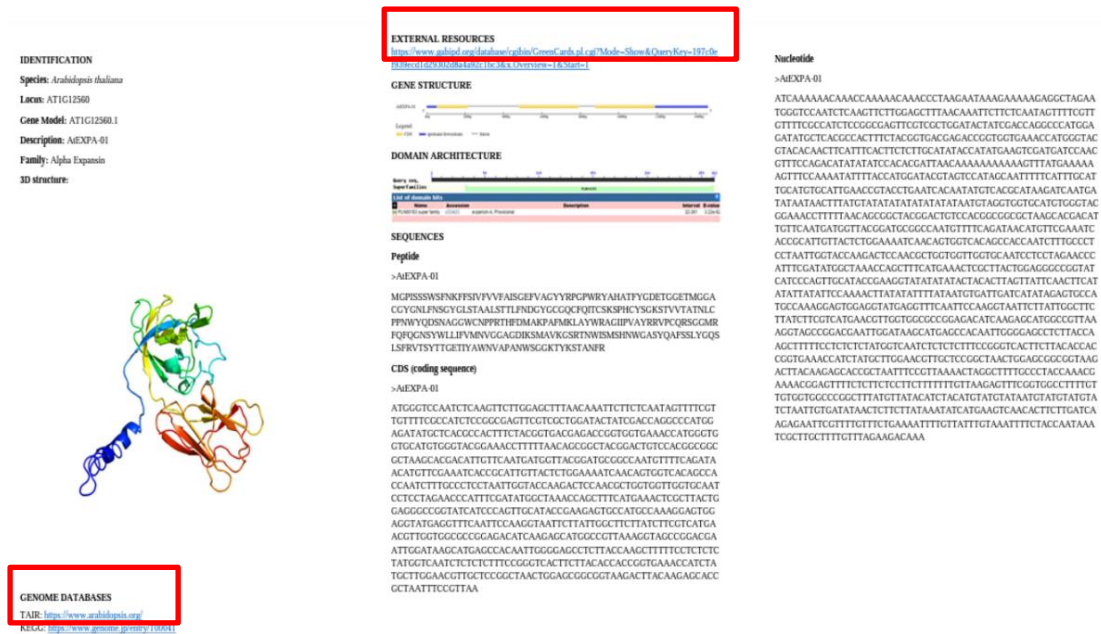
[illegible]



Şekil 4.5 Bitkilere ait ekzon-intron, kromozomal yerleşim, motif ve makale linklerinin gösterilmesi



Şekil 4.6 Ekspansin proteinine ait tahmini üç boyutlu yapının özellikleri



Şekil 4.7 Ekspansin proteinine ait bilgilerin PDF dosyası formatında sunulması



Şekil 4.8 *Arabidopsis thaliana*'ya ait TAIR veritabanı sayfası

KEGG GENOME: <i>Arabidopsis thaliana</i> (thale cress)		Help
Entry	T00041	Complete Genome
Org code	ath	
Name	<i>Arabidopsis thaliana</i> (thale cress)	
Category	Reference genome	
Annotation	yes Show organism	
Taxonomy	TAX:3702	
Lineage	Eukaryota; Viridiplantae; Streptophyta; Embryophyta; Tracheophyta; Spermatophyta; Magnoliopsida; eudicotyledons; Gunneridae; Pentapetalae; rosids; malvids; Brassicales; Brassicaceae; Camelineae; Arabidopsis	
Brite	KEGG organisms [BR:br08601] KEGG organisms in the NCBI taxonomy [BR:br08610] KEGG organisms in taxonomic ranks [BR:br08611] KEGG organisms: plants [BR:br08613]	
Data source	RefSeq (Assembly:GCF_000001735.4) BioProject:116	
Original DB	MIPS Kazusa TAIR	
Keywords	Photosynthesis	
Chromosome	1	
Sequence	RS:NC_003070 (GB:CP002684)	
Length	30427671	
Chromosome	2	
Sequence	RS:NC_003071 (GB:CP002685)	
Length	19698289	

All links

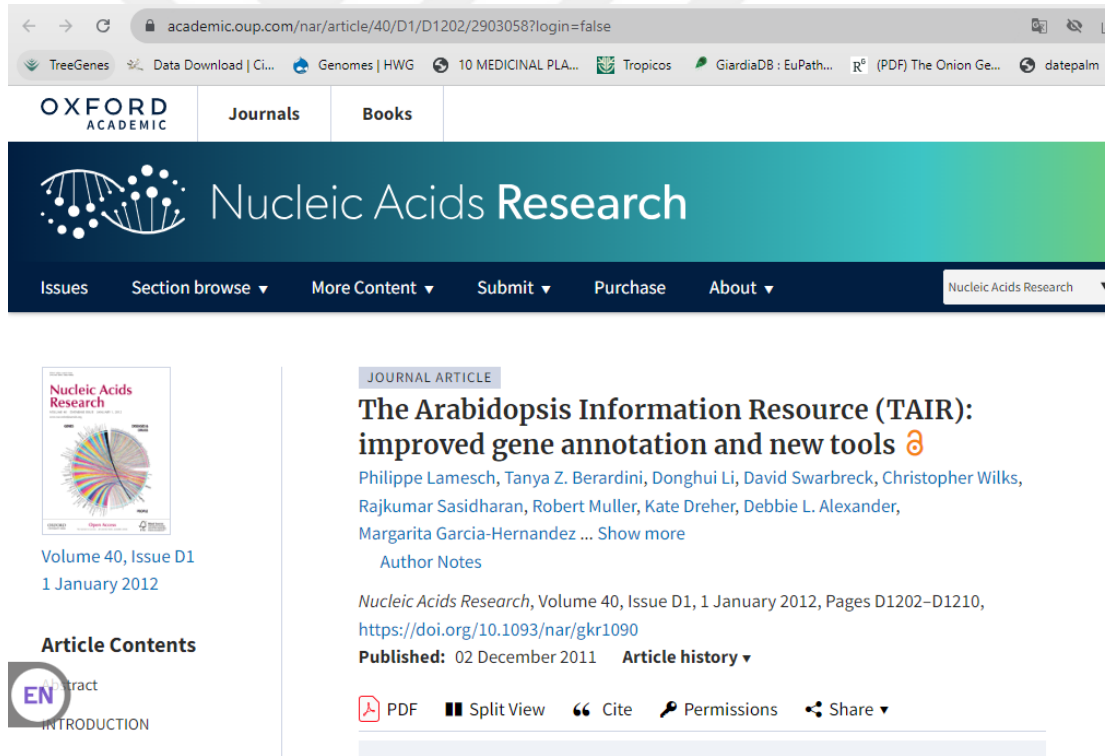
- Ontology (48)
- KEGG BRITE (48)
- Pathway (362)
- KEGG PATHWAY (141)
- KEGG MODULE (221)
- Genome (11)
- ASSEMBLY (1)
- Virus-HostDB (10)
- Gene (53285)
- KEGG GENES (29446)
- KEGG MGENES (3120)
- RefGene (20719)
- DNA sequence (14)
- RefSeq(nuc) (7)
- GenBank (7)
- Literature (5)
- PubMed (5)
- Taxonomy (1)
- TAX (1)
- All databases (53726)

[Download RDF](#)

Şekil 4.9 *Arabidopsis thaliana*'ya ait KEGG veri tabanı sayfası



Şekil 4.10 *Arabidopsis thaliana*'ya ait GABIPD veri tabanı sayfası



Şekil 4.11 *Arabidopsis thaliana*'ya ait genom makalesi

Aynı zamanda web sitesinde bitkilerin ekspansin ailesine yönelik tüm peptit, CDS ve gen dizilerine erişim sağlanmaktadır (Şekil 4.12, Şekil 4.13, Şekil 4.14, Şekil 4.15). Web sitesindeki Blast kısmına tıklanıldığında NCBI Blast veritabanına ulaşılmaktadır (Şekil 4.16) ve deep learning model kısmına tıklanıldığında ise BHLH veri tabanına

ait ekspansinlere yönelik derin öğrenme sunucusuna erişilebilmektedir. Hangi ekspansin ailesine ait olduğu bilinmeyen bir protein dizisinin derin öğrenme sunucusunda çalıştırıldığında bu dizinin hangi aileye ait olabileceği tahmin edilmektedir (Şekil 4.17). Ayrıca Search kısmına tıklanıldığında bitkilerin sınıflandırılması, bitki türü ve ekspansin numarası olmak üzere üç farklı kategoride (category name, species name ve IDEXP) arama işlemi gerçekleştirilmektedir (Şekil 4.18).

DATABASE for Species--Kastamonu University

Home / File

Download >File

Home / Deep Learning Model / About / Contact / Show All Table S1

Monocots (21 species) / Dicots (45 species) / Sphagnopsida (1 species) / Lycopodiopsida (1 species) / Bryopsida (1 species) / Marchantiopsida (1 species)

Download

The table shows the Download files. You can filter by Category Name, Species Name.

Order	Category Name	Species Name	CDS Sequence	Peptide Sequence	Gene Sequence
1	Monocots	Ananas comosus	Ananas comosus (CDSSequence)	Ananas comosus (PeptideSequence)	Ananas comosus (GeneSequence)
2	Dicots	Arabidopsis thaliana	Arabidopsis thaliana (CDSSequence)	Arabidopsis thaliana (PeptideSequence)	Arabidopsis thaliana (GeneSequence)
3	Dicots	Aquilegia coerulea	Aquilegia coerulea (CDSSequence)	Aquilegia coerulea (PeptideSequence)	Aquilegia coerulea (GeneSequence)
4	Dicots	Arabidopsis halleri	Arabidopsis halleri (CDSSequence)	Arabidopsis halleri (PeptideSequence)	Arabidopsis halleri (GeneSequence)
5	Dicots	Amaranthus hypochondriacus	Amaranthus hypochondriacus (CDSSequence)	Amaranthus hypochondriacus (PeptideSequence)	Amaranthus hypochondriacus (GeneSequence)
6	Dicots	Amborella trichopoda	Amborella trichopoda (CDSSequence)	Amborella trichopoda (PeptideSequence)	Amborella trichopoda (GeneSequence)
7	Monocots	Brachypodium distachyon	Brachypodium distachyon (CDSSequence)	Brachypodium distachyon (PeptideSequence)	Brachypodium distachyon (GeneSequence)
8	Monocots	Brachypodium stacei	Brachypodium stacei (CDSSequence)	Brachypodium stacei (PeptideSequence)	Brachypodium stacei (GeneSequence)
9	Dicots	Brassica oleracea capitata	Brassica oleracea capitata (CDSSequence)	Brassica oleracea capitata (PeptideSequence)	Brassica oleracea capitata (GeneSequence)
10	Dicots	Boechera stricta	Boechera stricta (CDSSequence)	Boechera stricta (PeptideSequence)	Boechera stricta (GeneSequence)
11	Dicots	Citrus clementina	Citrus clementina (CDSSequence)	Citrus clementina (PeptideSequence)	Citrus clementina (GeneSequence)
12	Dicots	Capsella grandiflora	Capsella grandiflora (CDSSequence)	Capsella grandiflora (PeptideSequence)	Capsella grandiflora (GeneSequence)
13	Dicots	Carica papaya	Carica papaya (CDSSequence)	Carica papaya (PeptideSequence)	Carica papaya (GeneSequence)
14	Dicots	Cucumis sativus	Cucumis sativus (CDSSequence)	Cucumis sativus (PeptideSequence)	Cucumis sativus (GeneSequence)
15	Dicots	Citrus sinensis	Citrus sinensis (CDSSequence)	Citrus sinensis (PeptideSequence)	Citrus sinensis (GeneSequence)
16	Dicots	Daucus carota	Daucus carota (CDSSequence)	Daucus carota (PeptideSequence)	Daucus carota (GeneSequence)

Şekil 4.12 Bitkilerin ekspansin ailesine ait gen, CDS ve peptit dizilerine erişim

```
>AtEXPA-01
MGPISSWSFNKFFSIVFVFAISGEFVAGYYRPGWPYAHATFYGDETGGTMMGGACGY
GNLFNSGYGLSTAALST
TLFNDGYGCGQCFQITCSKSPHCYSGKSTVVTATNLCPNWNQY
DSNAGGWCNPPRTHFDMAKPAFMKLAYWRAGIIP
VAYRRVPCQRSGGMRFFQFGNSYLL
IFVMNVGGAGDIKSMVKGSRTNWISMSHNWGSYQAFSSLYGQSLFRVT
SYTTGETIY
AWNVPANWSSGGKTYKSTANFR

>AtEXPA-02
MSKSLAGLAVLAALFIAVDAFRPSGLTNGHATFYGGSDASGMTGGACGYGDLYSAGYGTM
TAALSTALFNDGASCGE
CYRITCDHAADSRWCLKGASVVITATNFCPPNFALPNNNGGWC
NPPLKHFDMAQPAWEKIGIYRGGIVPVVFQRVSC
YKKGGRVFRINGRDYFELVNIQNVGG
AGSIKSVSIKSGKTGWLAMSRNWGANWQSNAYLDGQALSFSITTTDGATR
V
FLNVVPSSW
SFGQIYSSNVQF

>AtEXPA-03
MTAALSTALFNDGASCGEYRITCDHAADSRWCLKGASVVITATNFCPPNFALPNNNGGWC
CNPPLKHFDMAQPAWEK
IGIYRGGIVPVVFQRVSCYKKGGRVFRINGRDYFELVNIQNVGG
GAGSIKSVSIKSGKTGWLAMSRNWGANWQSNAYL
DGQALSFSITTTDGATRVLNVVPSS
WSFGQIYSSNVQF
```

Şekil 4.13 Bitkilerin ekspansin ailesine ait tüm peptit dizilerine erişim

>AtEXPA-01
 ATGGGTCGAATCTCAAGTCTTGGAGCTTAAACAAATCTTCTCAATAGTCTTCTGTTGTTTCGCCATCTCCGGCGAGTTCGTGCTGGATACTATCGAC
 CAGGCCCATGGAGATATGCTCACGCCACTTCTACGGTGACGAGACCGGTGGTGAACCAATGGGTGGTGCATGTGGGTACGGAAACCTTTTAAACAGCGG
 CTACGGACTGTCCACGGCGGCGCTAAGCAGCAGATTGTTCAATGATGGTTACGGATGCGGCAATGTTTTCAGATAACATGTTGAAATCACCAGATTGT
 TACTCTGGAAATCAACAGTGGTCAACAGCCCAATCTTGGCCCTCTAATTTGGTACCAAGACTCCAACGCTGGTGGTGGTGAATCTCTTAGAACCC
 ATTTGATATGGCTAAACAGCTTTTATGAACTCGCTTACTGGAGGGCGGTATCATCCAGTTGCATACCGAAGAGTGCCATGCCAAAGGAGTGGAGG
 TATGAGGTTTCAATTCAGGTAATCTTATTGGCTTCTTATCTTCGTCATGAACGTTGGTGGCGCGGAGACATCAAGAGCATGGCCGTTAAAGGTAGC
 CGGACGAATTGGATAAGCATGAGCCACAATTGGGGAGCTCTTACCAAGCTTTTCTCTCTCTATGGTCAATCTCTCTTCCGGGTCACTTCTTACA
 CCACCGGTGAACCATCTATGCTTGAACGTTGCTCCGGCTAAGTGGAGCGCGGTAAAGACTTACAAGAGCACCGCTAATTTCCGTTAA

>AtEXPA-02
 ATGTCAAAGTCTCTAGCTGGATTGGCGGTTTGGCCGCTCTTTTATTGCGGTTGATGCGTTAGGCCCTCTGGTTAACTAATGGTCACGCTACATTCT
 ATGGAGGAAGTACGCTTCTGGAACAATGGGTGGAGCTTGTGGTACGGAGATCTTACTCGGCGGGGTACGGGACAATGACGGCGGCTTAAAGCACGGC
 TCTGTTCAACGACGAGGACTTCTTGGCGGAATGCTATAGGATAACGTTGATCACGCGCGGACTCACGGTGGTGTGTTGAAAGGAGCTTCTGTGGTTATT
 ACAGCCACTAATTTTGGCCACCAACTTGTCTTGGCTAACCAACAGGTGGTGGTGGTCAATCGCGGCTTAAACATTTGACATGGCACAACCCGCTT
 GAGAAAGATCGGAATTTACAGAGGAGGAATCGTTCCCGCTGTTTCCAAAGAGTAAGCTGTTACAAGAAAGGAGGAGTTAGATTCAAGAAATCAACGGAAG
 AGACTACTTCGAGCTAGTGAATATTCAAAATGAGGAGGAGGCTTCTATTAAATCTGTATCCATCAAGAGATCAAGAGCTGGTGGTGGTGGTGGTGGT
 CGTAACCTGGGAGCTAATGGCAATCGAATGCTTATCTAGATGGTCAAGCTCTCTTCTTCCATTACCCTACTGATGGTGGTCTAGTAGGCTTTCTCA
 ATGTTGTTCTCTCTTGGTCTTTTGGACAGATTATTCTTCAACGTTCAAGTTTAA

>AtEXPA-03
 ATGACGGCGGCTTAAAGCAGGCTCTGTTCAACGACGAGCTTCTTGGGAGAGATGCTATAGGATAACGTTGATCACGCGCGGACTCACGGTGGTGGT
 TGAAAGGAGCTTCTGTGGTTATTACAGCCACTAATTTTGGCCACCAACTTGTCTTGGCTTAACAACAACCGTGGTGGTGGTGAATCCGCGCTTAAACA
 TTTGACATGGCACAACCCGCTTGGGAAAGATCGGAATTTACAGAGGAGGAATCGTTCCCGCTGTTTCCAAAGAGTAAGCTGTTACAAGAAAGGAGGA
 GTTAGATTGAGAAATAACGGAAGAGACTACTTCGAGCTAGTGAATATTCAAAATGAGGAGGAGGAGGTTCTATTAAATCTGTATCCATCAAGGATCAA
 AGACTGGTGGTTAGCCATGCTCTGTAACCTGGGAGCTAATGGCAATCGAATGCTTATCTAGATGGTCAAGCTCTCTCTTCCATTACCCTACTGAT
 TGGTGTACTAGAGTCTTCTCAATGTTGTTCTTCTTGGTCTTTTGGACAGATTATTCTTCAACGTTCAAGTTTAA

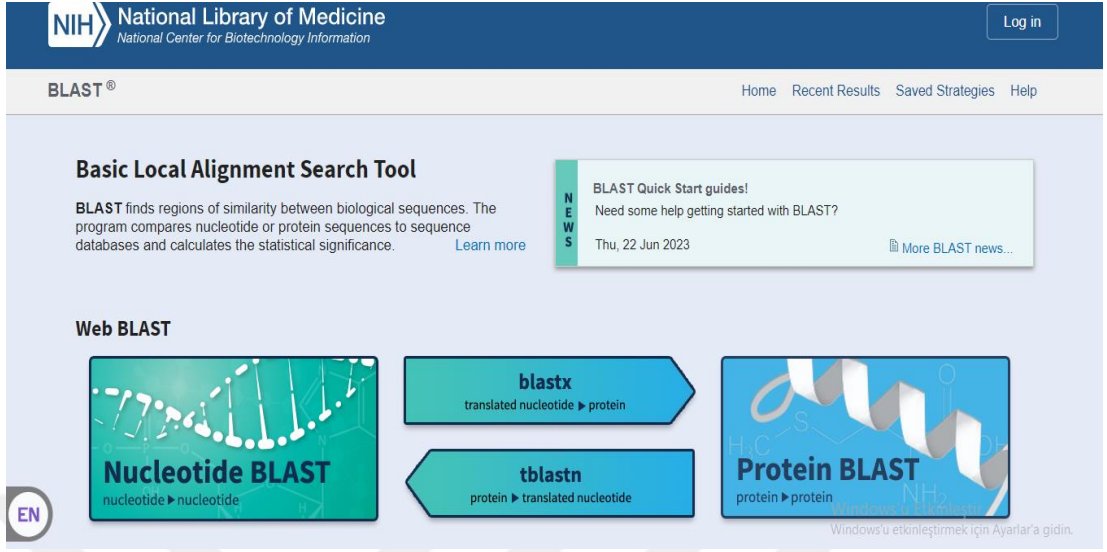
Şekil 4.14 Bitkilerin ekspansin ailesine ait tüm CDS dizilerine erişim

>AtEXPA-01
 ATCAAAAAACAAACCAAAACCAACCTAAGAATAAAGAAAAGAGGCTAGAATGGGTCCAATCTCAAGTCTTGGAGCTTTAAACAAATCTTCTCAATA
 GTTTTCGTTGTTTTCGCCATCTCCGGCGAGTTCGTGCTGGATACTATCGACAGGCCCATGGAGATATGCTCACGCCACTTCTACGGTGACGAGACCG
 GTGGTGAACCATCTGTGGTTATTACAGCCACTAATTTTGGCCACCAACTTGTCTTGGCTTAACAACAACCGTGGTGGTGGTGAATCCACACG
 ATTAACAAAAAAGTTTATGAAAAAGTTTCCAAATATTTTACCATGGATACGTAGTCCATAGCAATTTTTCATTGCAATTGATGTCATTGAA
 CCGTACTCGAATCACAATATGTCACGCATGAAGTCAATGATATAAATCTTATGATATATATATATAATGATAGGTGGTGCATGTTGGGTACGGAA
 ACCTTTTAAACAGCGGCTACGGACTGTCCACGGCGGCGCTAAGCAGCAGATTTGTTCAATGATGGTTACGGATGCGGCAAGCTTTTCAAGATAACTGTT
 GAAATCACCGCATGTTACTCTGAAAAATCAACAGTGGTCACAGCCACCAATCTTGGCCCTCTAATTTGGTACCAAGACTCCAACGCTGGTGGTGGTGC
 AATCTCTTAGAACCAATTTGATATGGCTAAACAGCTTTCATGAACTCGCTTACTGGAGGGCGGTATCATCCAGTTGCATACCGAAGGTATATAT
 ATACTACACTTAGTTTCAATTCATATATTATTTCCAAACTTATATATTTATAATGATGATTGATCATATAGAGTGCCATGCCAAAGGAGTGGAGG
 TATAGGTTTCAATTCAGGTAATCTTATTGGCTTCTTATCTTGGCTGATGAACGTTGGTGGCGCGGAGACATCAAGAGCATGGCCGTTAAAGGTAGC
 CGGACGAATTGGATAAGCATGAGCCACAATTTGGGGAGCTCTTACCAAGCTTTTCTCTCTCTATGGTCAATCTCTCTTTCGGGTCACTTCTTACA
 CCACCGGTGAACCATCTATGCTTGAACGTTGCTCCGGCTAAGTGGAGCGGCGGTAAGACTTACAAGAGCACCGCTAATTTCCGTTAAACATAGGCTTT
 TGCCCTACCAAAACGAAACGAGGTTTCTCTCTCTCTTTTGGTAAAGATTTCGGTGGCTTTTGGTGGTGGCGGCTTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT
 TACATGATGATATAATGATGATGATGATCAATTTGATATAAATCTTCTTATAAATATCATGAAGTCAACACTTCTTATCAAGAGAAATCGTTTGT
 TCTGAAAAATTTGTTATTGTAATTTTCTACCAATAAATCGCTTGTCTTGTGTTAGAACAAAA

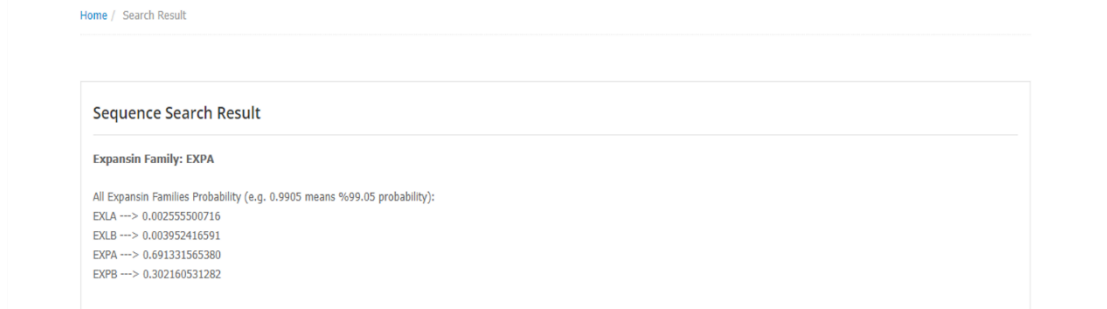
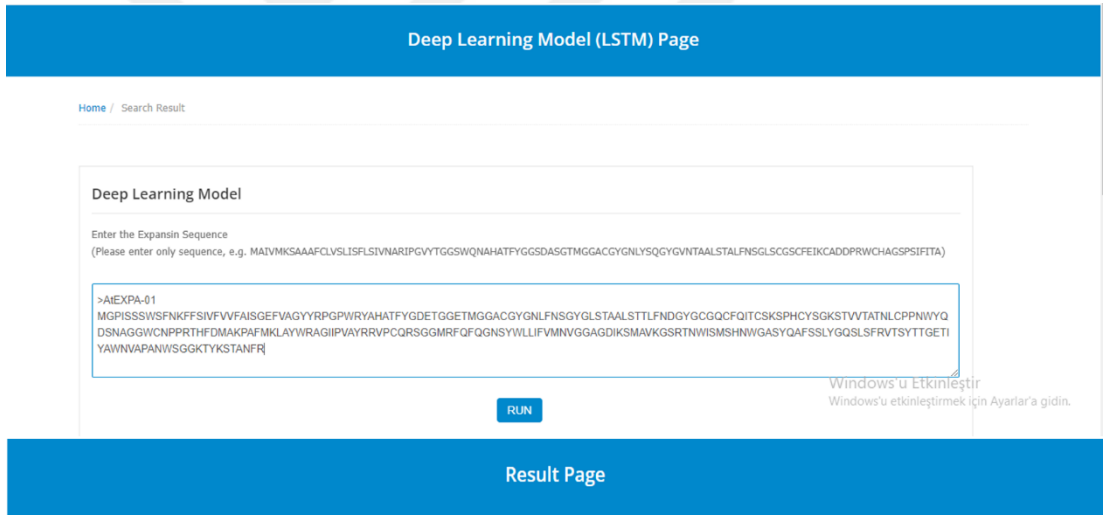
>AtEXPA-02
 CACATGTAAGGTTTTGTTGCTATACATAGTTTACACTCGCTTCCACCTTTATTTAAACAACCTCTCACCTCTTCACTCGATCATCATCATCATC
 ATCTCTTCTCTCTTCCAAAGTCATAATCATGTCAAAGTCTCTAGCTGGATTGGCGGTTTGGCCGCTCTTTTATTGCGGTTGATGCGTTTAGGCTTC
 TGGTTAACTAATGGTCACGCTACATTCTATGGAGGAAGTGACGCTTCTGGAACAATGGGTAATTTACACTTTAGTTTCAATTATGATCTGACTCTAATG
 GATTGTTCAAATAACGAAATATTTTGTGTTTTCAGGTTGGAGCTTGTGGTTACGGAGATCTTACTCGGCGGGGTACGGGACAATGACGGCGG
 CGTTAAGCAGCGCTCTGTTCAACGACGGAGCTTCTTGGGAGAATGCTATAGGATAACGTTGATCACGCGGCGGACTCACGGTGGTGTGAAAGGAGC
 TCTGTGGTTATTACAGCCACTAATTTTGGCCACCAACTTGTCTTGGCTAACCAACAACGGTGGTGGTGGTCAATCGCGGCTTAAACATTTGACATG
 GCACAACCCGCTTGGGAAAGATCGGAATTTACAGAGGAGGAATCGTTCCCGCTGTTTCCAAAGGTGAGAATCTTTTAAAGACCAAAAAACAGAGTAA
 GCTGTTATTTGCAATTTGTTCAAACCTTCTTAACGAAAAGCTCTGTGTTTTTGTGTTTGGGAAAAACAGAGTAAGCTGTTTACAAGAAAGGAGGAGTTA
 GATTGAGAATAAAGGAGAGACTACTTCGAGCTAGTGAATATTCAAAATGAGGAGGAGGAGGTTCTATTAAATCTGTATCCATCAAGGATCAAGAGC
 TGGTGGTGGTAGCCATGCTCTGTAACCTGGGAGCTAATGGCAATCGAATGCTTATCTAGATGGTCAAGCTCTCTCTTCTCCATTACCCTACTGATGGT
 GCTACTAGAGTCTTCTCAATGTTGTTCTTCTTGGTCTTTTGGACAGATTATCTTCAACGTTCAAGTTTAAAGTTTTTTTTTGTGTTGTTGTTGTT
 AAATATCATTTGGCAGTGCTGCGCTTTGAGTCTGTTCTTTTCTCCCTGAGCGACCCGCTCTTGTGTTTTTATCTTATGGTATGATGGTCTGTTA
 ATACAAAAGACCGATATGATTGAGGGTATGATTATATGAAGTGTATTGATTGAAATGTTTCAAGTCTGAGACTCGAAAAAGATCTGTAGCAAAAGGAGTT
 TAACACATTTGACTTGGTTTTGTTTATATGAAGTTTGTGTTTTTGTGAAAAAGGAGTTTGTCAAGTACAATCTTAATAAGACATTGGTCTTACTT
 TACAAAAGTTTGAAGAGCCAAAAAATGTATGCTGTTTTGGAAAAATCAACTAAATCTTGTGTTATTGTTAATGATTGTTAAATTTATCAAACTATGT
 TCTTC

>AtEXPA-03
 GAAATATTTTTGTTGTTTTTCCAGGTGGAGCTTGTGGTTACGGAGATCTTACTCGGCGGGGTACGGGACAATGACGGCGGCTTAAAGCACGGCTCT
 GTTCAACGACGAGGACTTCTTGGCGGAATGCTATAGGATAACGTTGATCACGCGCGGACTCACGGTGGTGTGTTGAAAGGAGCTTCTGTGGTTATTACA
 GCCACTACTTCCGACCAAACTTGTCTTGGCTAACCAACAACGGTGGTGGTGGTCAATCCGCGCTTAAACATTTGACATGGCACAACCCGCTTGGG
 AAAAGATCGGAATTTACAGAGGAGGAATCGTTCCCGCTGTTTCCAAAGGTGAGAATCTTTTAAAGACCAAAAAACAGAGTAAGCTGTTATTTGCAAT
 GTTTCAAACTTCTTAACGAAAGCTCTGTGTTTTTGTGTTTGGGAAAAACAGAGTAAGCTGTACAAAGAAAGGAGGAGTTAGATTGAGAAATAACGG
 AAGAGACTACTTCGAGCTAGTGAATATTCAAAATGAGGAGGAGGAGGTTCTATTAAATCTGTATCCATCAAGGATCAAGAGCTGGTGGTGGTGGT
 TCTCGTAACCTGGGAGCTAATGGCAATCGAATGCTTATCTAGATGGTCAAGCTCTCTCTTCTCCATTACCCTACTGATGGTGGTCTACTAGAGTCTTTC
 TCAATGTTGTTCTTCTTGGTCTTTTGGACAGATTATCTTCAACGTTCAAGTTTAAAGTTTTTTTTTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT
 GGTGCGGCTTGGAGTCTGTTCTTTTCTCCCTGAGCGACCCGCTCTTGTGTTTTTATCTTATGGTATGATGGGCTGTTAATAACAAAGACCCGAT
 ATGATTGAGGATATGATTATGAAAGTATTGTTTGAATGTTTCAAGTTCGAAAAAGATTCTGTAGCAAAAGGAGTTTAAACACATTTGACTT

Şekil 4.15 Bitkilerin ekspansin ailesine ait tüm gen dizilerine erişim



Şekil 4.16 Websitesinden NCBI Blast programına erişim



Şekil 4.17 Websitesinden derin öğrenme sunucusunun alt yapısına erişim

DATABASE for Species--Kastamonu University Home Plant Expansion Gene Family Download BLAST Search + Deep Learning Model About Contact Admin Login

Home / Category

Search ->Category

Category Search
Species Search
IDEXP Search

Search for Category

Category Name

Search

DATABASE for Species--Kastamonu University Home Plant Expansion Gene Family Download BLAST Search + Deep Learning Model About Contact Admin Login

Home / Species Detail And View Table S1>Category Search Keyword Monocot

Browse for Species ->Species Detail And View Table S1>Category Search Keyword Monocot

Home
Deep Learning Model
About
Contact
Show All Table S1
Monocots (21 species)
Dicots (45 species)
Sphagnopsida (1 species)
Lycopodiopsida (1 species)
Bryopsida (1 species)
Marchantiopsida (1 species)

ALL Species
The table shows all species and EXPs of these species You can filter by Category and Species.

Order	Category Name	Species Name	View Table S1
1	Monocots	Ananas comosus	View Table S1
2	Monocots	Brachypodium distachyon	View Table S1
3	Monocots	Brachypodium stacei	View Table S1
4	Monocots	Musa acuminata	View Table S1
5	Monocots	Oryza sativa	View Table S1
6	Monocots	Oropetium thomaeum	View Table S1
7	Monocots	Panicum hallii	View Table S1

DATABASE for Species--Kastamonu University Home Plant Expansion Gene Family Download BLAST Search + Deep Learning Model About Contact Admin Login

Home / Species Detail And View Table S1>Species Search Keyword Arabidopsis thaliana

Browse for Species ->Species Detail And View Table S1>Species Search Keyword Arabidopsis thaliana

Home
Deep Learning Model
About
Contact
Show All Table S1
Monocots (21 species)
Dicots (45 species)
Sphagnopsida (1 species)
Lycopodiopsida (1 species)

ALL Species
The table shows all species and EXPs of these species You can filter by Category and Species.

Order	Category Name	Species Name	View Table S1
1	Dicots	Arabidopsis thaliana	View Table S1

Species Count: 1

DATABASE for Species--Kastamonu University Home Plant Expansion Gene Family Download BLAST Search + Deep Learning Model About Contact Admin Login

Home / Exp ID Keyword AIE/PA-01

Search ->Exp ID Keyword AIE/PA-01

Home
Deep Learning Model
About
Contact
Show All Table S1
Monocots (21 species)
Dicots (45 species)
Sphagnopsida (1 species)
Lycopodiopsida (1 species)
Bryopsida (1 species)
Marchantiopsida (1 species)

Table S1
Search for ExpID: Keyword AIE/PA-01

Order	Category Name	Species Name	EXP Id	Genom DB Id	Chromosome	Start Position	End Position	Protein Length	PI	Molecular Weight	Instability Index	Stable or Unstable	Ncbi Id
1	Dicots	Arabidopsis thaliana	AIE/PA-01	AT1G12560.1	1	4276505	4277969	262.04	9.33	28791.44	24.16	Stable	NP_172717.1

Table S1 Count: 1

Şekil 4.18 Web sitesinde arama görünümü

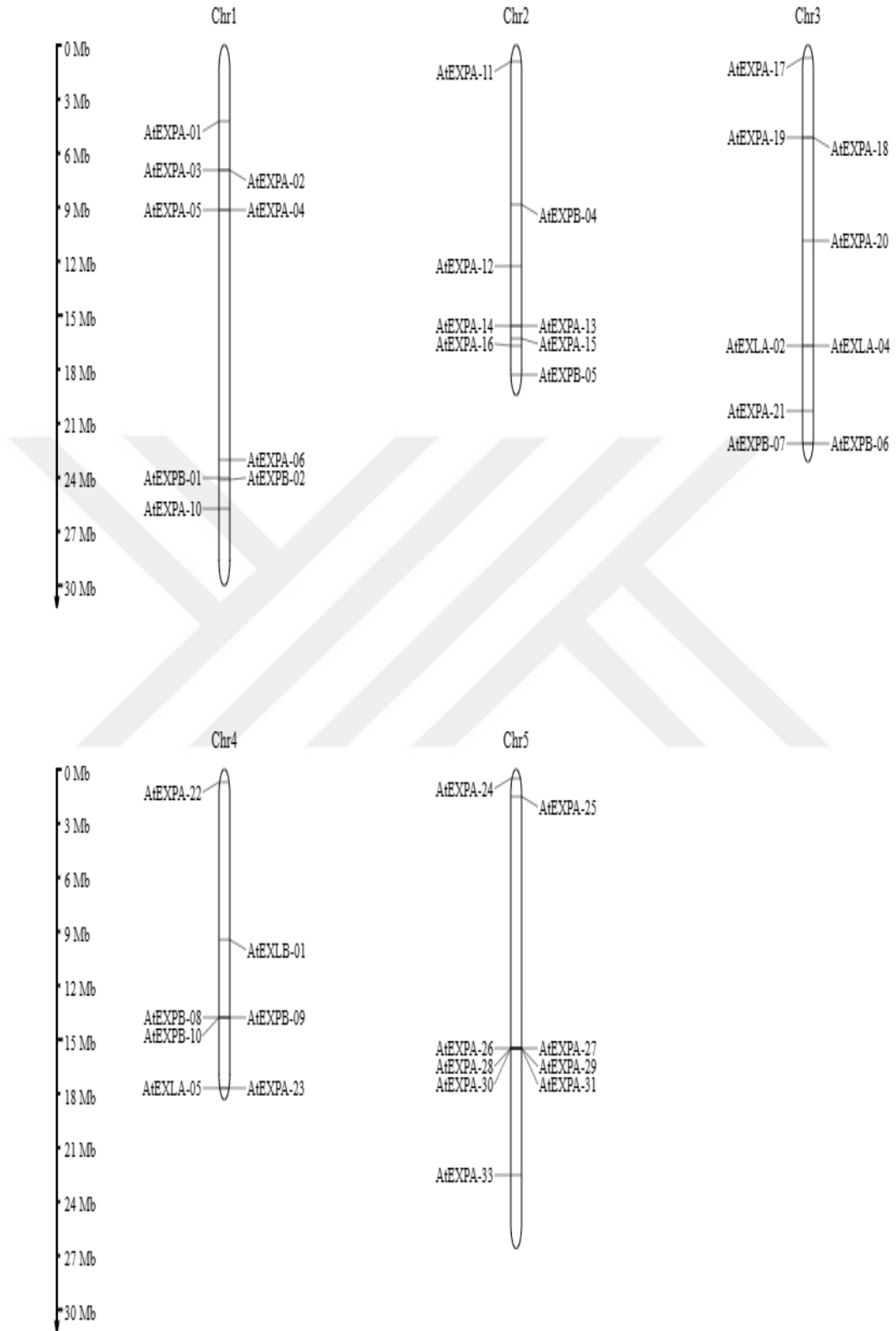
Dikotiledon *A. thaliana* bitkisindeki ekspansinlere ait ekzon-intron, kromozomal yerleşim ve motif yapısı Şekil 4.19-20-21’te gösterilmiştir. Monokotiledon *O. sativa* bitkisindeki ekspansinlere ait ekzon-intron, kromozomal yerleşim ve motif yapısı Şekil 4.22-23-24’te gösterilmiştir. Ekzon-intron yapısı web sitesinde genom numaralarına göre verilen bilgiler kısmında da sadece tek bir gen için ayrı olarak erişilebilmektedir. Ayrıca kromozomal yerleşimler TableS1’de gösterilmiştir.



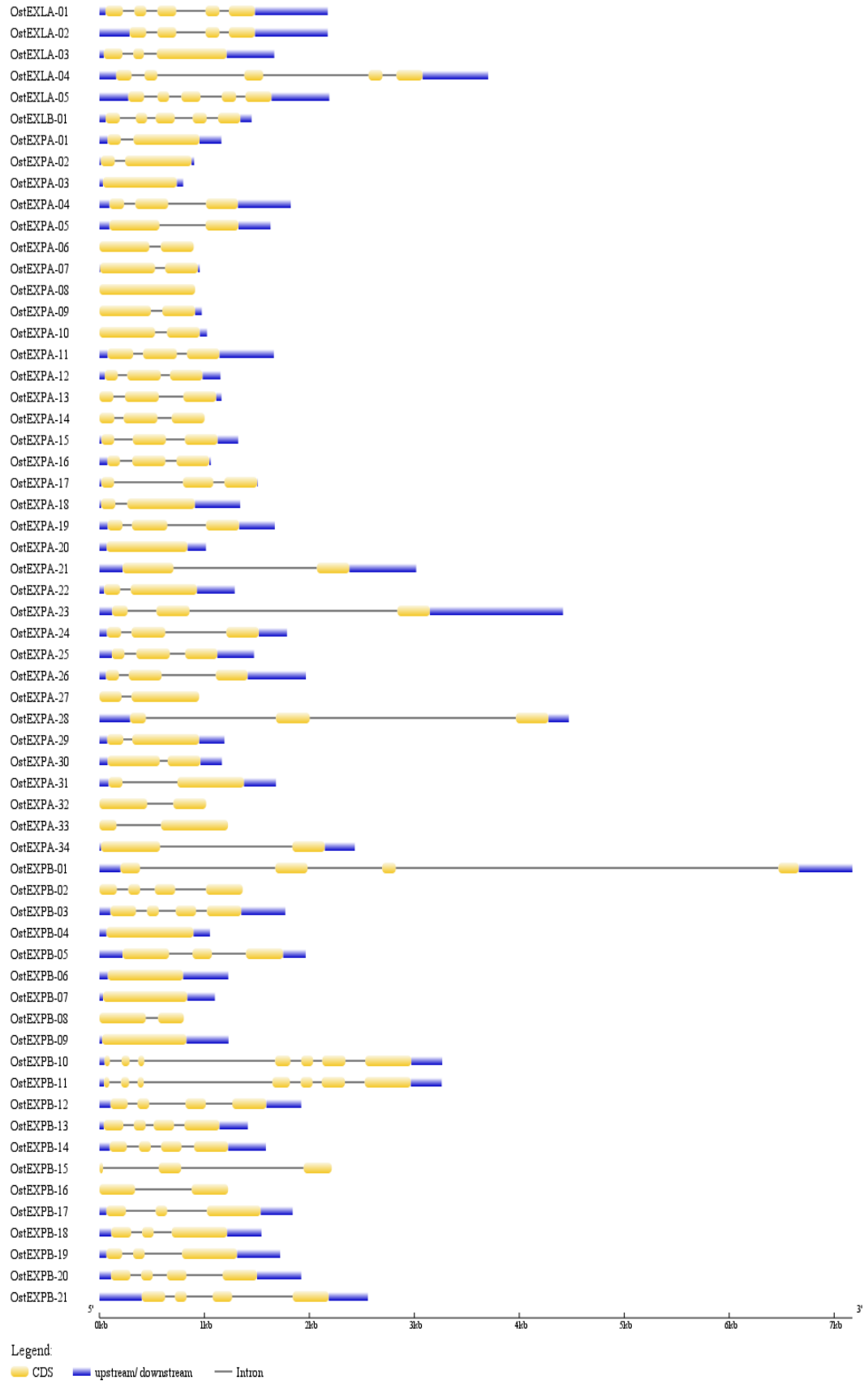
Şekil 4.19 *Arabidopsis thaliana* bitkisindeki ekspansin genlerine ait ekzon-intron yapısının gösterilmesi



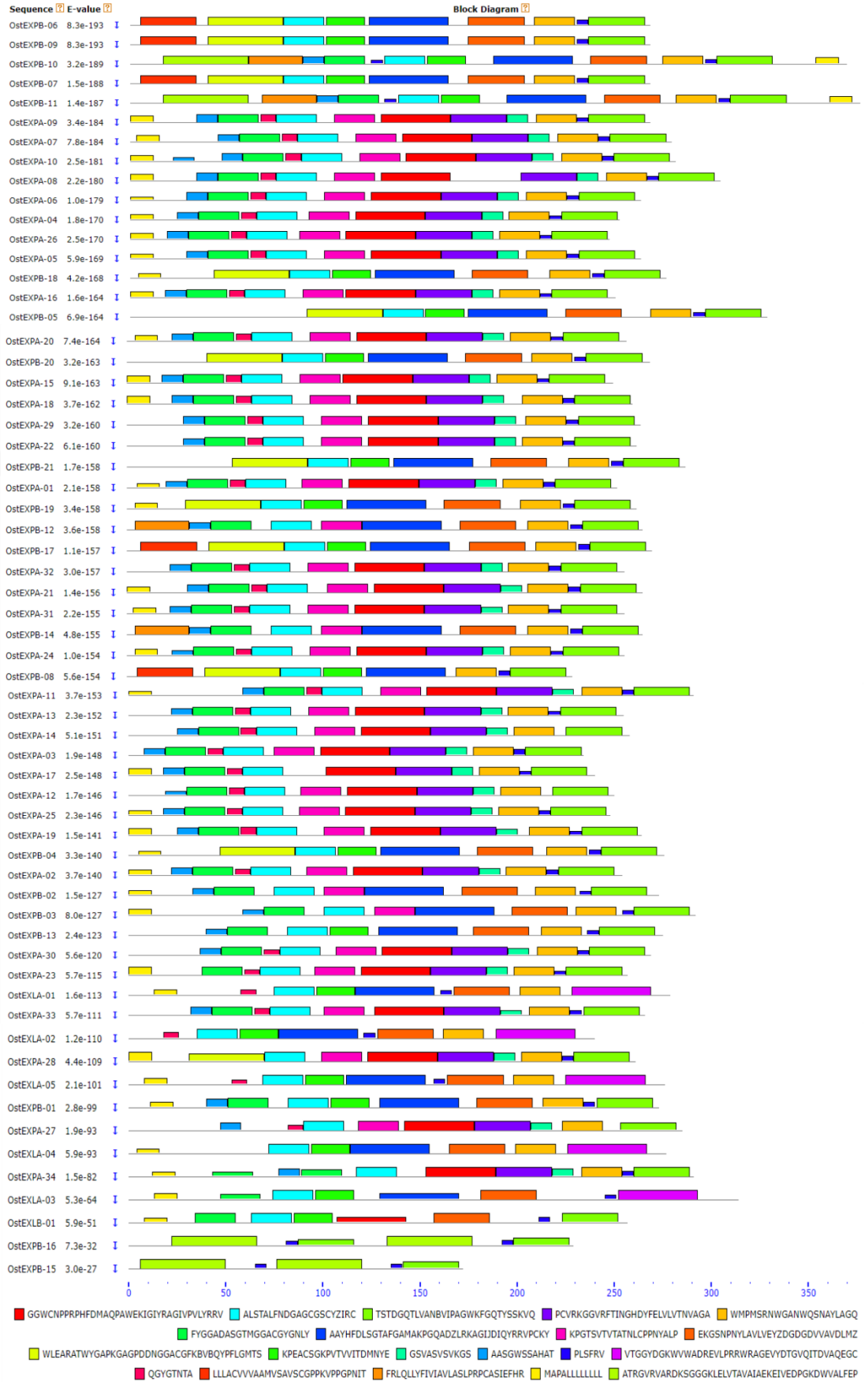
Şekil 4.20 *Arabidopsis thaliana* bitkisindeki ekspansin proteinlerine ait motif yapısının gösterilmesi



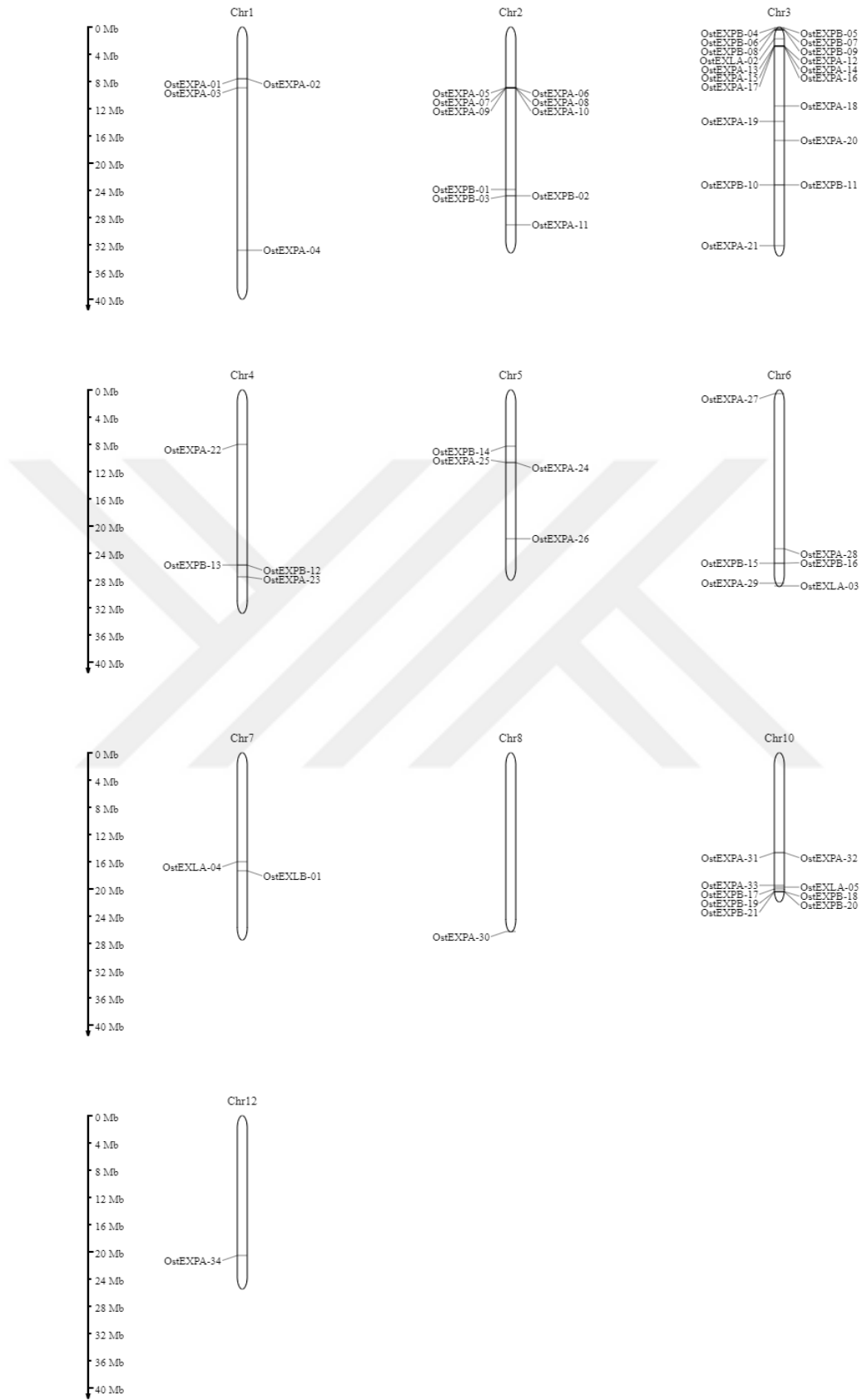
Şekil 4.21 *Arabidopsis thaliana* bitkisindeki ekspansin genlerine ait kromozomal yerleşimlerin gösterilmesi



Şekil 4.22 *Oryza sativa* bitkisindeki ekspansin genlerine ait ekzon-intron yapısının gösterilmesi



Şekil 4.23 *Oryza sativa* bitkisindeki ekspansin proteinlerine ait motif yapısının gösterilmesi



Şekil 4.24 *Oryza sativa* bitkisindeki ekspansin genlerine ait kromozomal yerleşimlerin gösterilmesi

Ekspansin ailesine yönelik kapsamlı bir çalışma olması için 70 adet bitki seçilmiştir. Bu bitkilerde toplam 3022 adet ekspansin geni bulunmuştur. Bunlardan 1946'sı EXPA'ya, 725'i EXPB'ye, 179'u EXLA'ya ve 172'si EXLB'ye aittir. Tablo 4.1'de 70 adet bitkide bulunan EXPA, EXPB, EXLA, EXLB alt grupları ve toplam sayıları gösterilmiştir.

Tablo 4.1 70 bitkide bulunan toplam ekspansin genleri

Ekspansin Sınıfları Bitkiler	EXPA Alfa Ekspansi n	EXPB Beta Ekspansi n	EXLA Ekspansi n Benzeri Alfa	EXLB Ekspansi n Benzeri Beta	Toplam Ekspansi n sayısı
<i>Amaranthus hypochondriacus (grain amaranth)</i>	19	2	6	1	28
<i>Amborella trichopoda</i>	9	1	1	2	13
<i>Anacardium occidentale</i>	35	6	1	2	44
<i>Ananas comosus (pineapple)</i>	23	7	1	1	32
<i>Aquilegia coerulea (columbine)</i>	21	3	2	1	27
<i>Arabidopsis halleri</i>	15	2	3	0	20
<i>Arabidopsis lyrata (lyrate rockcress)</i>	23	3	3	1	30
<i>Arabidopsis thaliana (thale cress)</i>	33	10	5	1	49
<i>Arachis duranensis</i>	27	4	1	8	40
<i>Arachis ipaensis</i>	27	5	1	8	41

Tablo 4.1'in devamı

<i>Asparagus officinalis</i>	11	4	0	2	17
<i>Boechera stricta</i>	24	5	3	1	33
<i>Brachypodium distachyon</i> (purple false brome)	32	25	5	1	63
<i>Brachypodium stacei</i>	31	24	4	1	60
<i>Brachypodium sylvaticum</i>	26	26	6	0	58
<i>Brassica oleracea capitata</i>	25	9	0	2	36
<i>Capsella grandiflora</i>	25	5	1	1	32
<i>Carica papaya</i> (papaya)	18	4	1	1	24
<i>Chenopodium quinoa</i>	49	7	8	8	72
<i>Cicer arietinum</i>	25	7	1	2	35
<i>Citrus clementina</i>	19	2	4	6	31
<i>Citrus sinensis</i> (Valencia orange)	20	4	3	3	30
<i>Cucumis sativus</i> (cucumber)	20	3	8	1	32
<i>Daucus carota</i> (Queen Anne's lace)	24	4	1	3	32
<i>Elaeis guineensis</i> (African oil palm)	24	8	2	2	36

Tablo 4.1'in devamı

<i>Eucalyptus grandis</i>	25	11	2	4	42
<i>Eutrema salsugineum</i> (<i>Thellungiella halophila</i>)	28	5	1	1	35
<i>Gossypium raimondii</i>	53	5	5	8	71
<i>Helianthus annuus</i> (sunflower)	39	7	2	3	51
<i>Kalanchoe fedtschenkoi</i>	29	5	1	2	37
<i>Kalanchoe laxiflora</i>	60	11	3	4	78
<i>Lactuca sativa</i> (garden lettuce)	34	12	3	1	50
<i>Linum usitatissimum</i>	40	6	3	10	59
<i>Manihot esculenta</i> (cassava)	35	3	2	5	45
<i>Marchantia polymorpha</i>	38	0	0	0	38
<i>Medicago truncatula</i> (barrel medic)	30	7	2	4	43
<i>Mimulus guttatus</i> (spotted monkey flower)	20	14	2	2	38
<i>Miscanthus sinensis</i>	68	56	6	0	130
<i>Musa acuminata</i>	36	9	6	3	54

Tablo 4.1'in devamı

<i>Nicotiana sylvestris</i>	28	10	2	5	45
<i>Nicotiana tomentosiformis</i>	27	6	2	4	39
<i>Olea europaea</i> <i>var. sylvestris</i>	24	8	1	2	35
<i>Oropetium thomaeum</i>	1	20	2	0	23
<i>Oryza brachyantha</i>	29	17	5	1	52
<i>Oryza sativa</i> <i>Kitaake</i>	32	23	5	1	61
<i>Oryza sativa</i> <i>subsp. japonica</i> (Japanese rice)	34	21	5	1	61
<i>Panicum hallii</i>	35	34	4	1	74
<i>Panicum hallii</i> <i>var. hallii</i>	34	33	3	1	71
<i>Phalaenopsis equestris</i>	12	2	3	1	18
<i>Phaseolus vulgaris</i>	27	5	1	5	38
<i>Physcomitrium patens</i>	43	7	0	0	50
<i>Populus deltoides</i> WV94	30	3	2	5	40
<i>Populus trichocarpa</i> (black cottonwood)	29	3	2	5	39
<i>Prunus persica</i> (peach)	21	3	1	3	28

Tablo 4.1'in devamı

<i>Ricinus communis</i> (castor bean)	18	2	1	4	25
<i>Selaginella moellendorffii</i>	16	3	0	0	19
<i>Sesamum indicum</i>	22	8	1	2	33
<i>Setaria italica</i>	37	32	5	0	74
<i>Setaria viridis</i>	37	30	6	1	74
<i>Solanum pennellii</i>	26	7	1	4	38
<i>Solanum tuberosum</i> (potato)	23	6	1	8	38
<i>Sorghum bicolor</i> (sorghum)	39	43	5	0	87
<i>Sorghum bicolor</i> Rio	32	37	4	0	73
<i>Sphagnum fallax</i>	28	5	0	0	33
<i>Spirodela polyrhiza</i> (great duckweed)	7	3	1	0	11
<i>Trifolium pratense</i> (peavine clover)	29	5	1	4	39
<i>Zostera marina</i>	13	3	1	0	17
<i>Theobroma cacao</i>	19	4	1	3	27
<i>Capsella rubella</i>	26	6	5	1	38
<i>Salix purpurea</i>	28	3	2	3	36

Tablo 4.1'in devamı

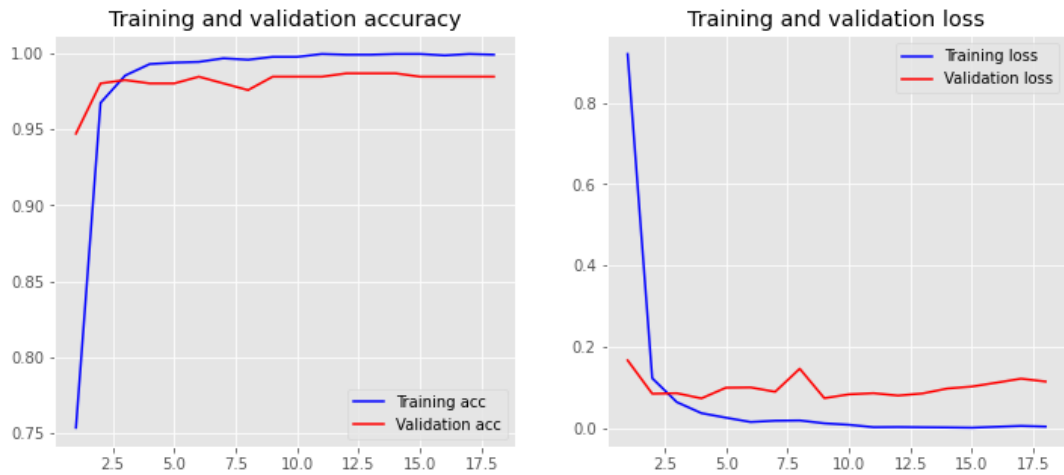
Toplam ekspansin sayısı	1946	725	179	172	3022
------------------------------------	-------------	------------	------------	------------	-------------

Önerilen modelde Word2Vec önceden işlenmiştir. 3 çift yönlü GRU katmanlı modelinin rastgele seçilmiş bir 2115 ekspansin protein dizisi ile eğitim süreci tamamlanmıştır. Bu süreçte öğrenme katsayısı varsayılan değer 0,01 olarak seçilmiştir. Modelin parti büyüklüğü değeri 256 olarak belirlenmiştir. Böylece peptid dizilerindeki ekspansinlerin farklı tiplerini belirleyen motifler daha kolay belirlenebilmektedir. Erken durdurma mekanizması eklenen modelin eğitimi 18 devirde tamamlanmıştır. Modelin çeşitli performans metriklerine göre sonuçları Tablo 4.2'de verilmiştir.

Tablo 4.2 Önerilen derin öğrenme modelinin test sonuçları

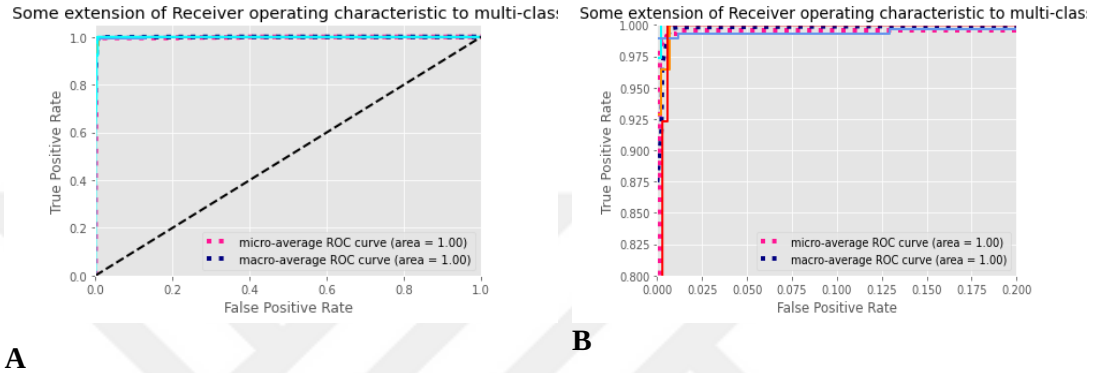
Kesinlik (%)	Doğruluk (%)	Geri Çağırma (%)	F-Skor (%)	Eğitme Zamanı (dk)
98,68	96,92	98,10	97,49	0,5

Tablo 4.2'ye bakıldığında modelin daha önce bilmediği verileri başarılı bir şekilde sınıflandırdığı performans metrikleri ile gösterilmiştir. Nitekim Şekil 4.25'te yer alan eğitim ve validasyon veri setlerine ait doğruluk ve kayıp grafikleri de bu durumu desteklemektedir.



Şekil 4.25 Önerilen model için eğitim ve validasyon doğruluğu ve kayıp grafikleri

Modelin başarısının kanıtı olan Tablo 4.2 ve Şekil 4.25, veri集中的 her sınıfın ayrı ayrı sınıflandırılma başarısını gösteren ve Şekil 4.26A'da verilen Alıcı Çalışma Karakteristiği (ROC) grafiği ile desteklenmektedir ve güçlenmektedir (Ozenne vd., 2015). ROC grafiğinin sol üst köşesinde 4 sınıfa ait 4 eğrinin toplanması modelin başarısını ortaya koymaktadır. Nitekim Şekil 4.26B'deki ROC grafiğinin yakınlştırılmış sol üst köşesi başarıyı daha detaylı ifade etmektedir.



Şekil 4.26 Önerilen model (A) ve yakınlştırılmış versiyon (B) için ROC grafiği

Modelin başarısını göstermek için yapılan 5 katlı çapraz doğrulama işlemi ile tüm veri seti toplamda 5 parçaya bölünerek model 5 kez eğitilip test edilmiştir. Eğitimde 4 bölünmüş parça, testte ise 1 parça kullanılmıştır. 5 kez gerçekleştirilen bu süreçte her seferinde farklı verilerle eğitim ve test adımları gerçekleştirilmiştir. Tüm bu işlemler Python'un Sklearn Kütüphanesi aracılığıyla tam otomatik olarak gerçekleştirilmiştir. Modelin 5 kat çapraz doğrulama doğruluğu sonucu Tablo 4.3'te verilmiştir.

Tablo 4.3 Önerilen modelin 5 kat çapraz validasyon kesinlik sonucu

Model	5 kat çapraz validasyon kesinlik (%)
Word2Vec + 3 layers Bidirectional GRU	98,87

Bu çalışmada öncelikle Word2Vec modeli ile aminoasit grupları arasındaki benzerlik ve afinite analizi yapılmış ve modelin başlangıç ağırlıkları olarak kaydedilmiştir. Daha sonra 3 adet Çift Yönlü GRU katmanı kullanılarak uzun dizilerdeki ilişkiler, motifler ve hatırlanması gereken bilgiler yakalanmıştır. Daha sonra yoğun katmanlara ve sınıflandırma katmanına sahip olan model oldukça yüksek bir başarı elde etmiştir. Bu çalışma benzer protein ailelerini sınıflandıran çalışmalarla karşılaştırıldığında, çalışmanın başarısı ve literatüre kattığı yenilik önemlidir ve literatürde ekspansin

proteinlerinin sınıflandırılmasına ilişkin derin öğrenme çalışması bulunmamaktadır. Tablo 4.4'te bu çalışma ile benzer çalışmaların karşılaştırılması yer almaktadır.

Tablo 4.4 Önerilen model ile diğer çalışmaların kesinlik performans karşılaştırması

Yazar	Metot	Veriseti	Validasyon Metodu	Acc. (%)
(Öncül ve Çelik, 2023)	Word2Vec + CNN + Bidirectional GRU	Plant TF Prot.	Hold-Out	98,23
(Öncül vd., 2022)	2-layer Bidirectional LSTM	Plant TF Prot.	Hold-Out	97,54
(Strodthoff vd., 2020)	Pre-Train CNN	EC40, EC50	Hold-Out	98
(Bileschi vd., 2022)	Bidirectional LSTM, ResNet	Pfam Seed	Hold-Out	95,8
(Rao vd., 2019)	3-layer Bidirectional LSTM	Pfam	Hold-Out	85
(Kök vd., 2023)	Word2Vec + 3 layers Bidirectional GRU	Expansin	Hold-Out	98,68

5. SONUÇ VE TARTIŞMA

Bitki hücre duvarı, bitki hücrelerinin benzersiz bir hücre yapısıdır. Büyük ölçüde bitki hücrelerinin şeklini belirler, hücre büyümesinin yönünü ve hızını kontrol eder ve her tür hücrenin farklılaşmasını etkiler. Hücre duvarının oluşumu, hücre duvarının gevşemesini ve yeniden yapılandırılmasını ve hücre duvarı bileşenlerinin sentezini, birleştirilmesini ve biriktirilmesini içerir. Bunların arasında hücre duvarının gevşemesinin, son yıllarda büyük ilgi gören bitki gelişimi üzerinde derin bir etkisi vardır. Hücre duvarı modifikasyonu nedeniyle bitki morfolojisinde bir dizi değişiklik meydana gelmektedir. Uzayabilirliğin düzenlenmesinde merkezi bir rol oynayan, hücrelerin gevşemesini ve genişlemesini ayarlayan hücre duvarı ile ilgili bir grup proteindir. Bu nedenle, bu proteinlerin biyolojik fonksiyonlarını ve moleküler mekanizmalarını analiz etmek, bitki büyümesi sırasında çevresel baskılara uyum sağlayan yolların daha derin bir şekilde anlaşılmasını kolaylaştıracaktır (K.-M. Jin vd., 2020). Ekspansinlerin selüloz ve tüm bitki hücre duvarları üzerindeki bilinen biyofiziksel etkilerine rağmen, işlevlerinin altında yatan moleküler mekanizma, özellikle karmaşık sistemlerdeki biyofiziksel değişiklikleri nano ölçekte ele almanın zorlukları nedeniyle belirsizliğini korumaktadır (Silveira ve Skaf, 2016).

Meyve gelişimi ve olgunlaşması, bitki biyolojisi ve bahçecilikte önem arz etmektedir. Ürünlerin kısa raf ömründen kaynaklanan ekonomik kayıplar, bu önemli, temel ve uygulamalı alanda araştırmaları yoğunlaştırmıştır. Etilenin meyve olgunlaşmasında merkezi bir rol oynadığı uzun bir süredir bilinmektedir ancak son zamanlarda diğer moleküllerin ve/veya süreçlerin, meyve fizyolojisini ve yenilebilir meyvelerin arzu edilen niteliklerini etkilemesinin muhtemel olduğunun farkına varılmıştır. Meyve gelişimi ve olgunlaşma süreçlerinin moleküler analizi, meyve kalitesini ve raf ömrünü düzenleyen karmaşık etkileşimlerin bir haritasını ortaya çıkarmıştır. Bu nedenle, olgunlaşma, beslenme özellikleri veya fotomorfogeneze etkilenen mutantlarla yapılan çalışmalar, yalnızca etilen biyosentezi ve algısının değil, aynı zamanda istenen değişikliklerin elde edilmesinde ışığa duyarlı elementlerle bir bağlantının da önemini göstermiştir. Etilene ek olarak, oksin, sitokinin, gibberellinler, ABA, jasmonatlar ve brassinosteroidleri içeren diğer fitohormonlar meyve gelişimi ve olgunlaşmasında

önemli rol oynamaktadır. Son zamanlarda, poliaminler hem meyve kalitesi hem de raf ömrü için önemli büyüme düzenleyicileri olarak ortaya çıkmıştır (Handa vd., 2012). Bunlara ek olarak ekspansinlerin meyve gelişimi ve olgunlaşması sürecinde rol oynadıkları bilinmektedir. Ekspansinlerin meyve gelişimi ve olgunlaşmasındaki mekanizması ise tam olarak bilinmemektedir.

Hücre hacmini ve değerli depolama malzemelerini arttırmak için bir başka strateji ekspansinlerin kullanımını gerektirmektedir. Patates yumrularının nişasta dolu hücreleri, yağlı tohumların yağ dolu hücreleri (örneğin, Brassica, Helianthus) ve malzeme ve enerji alanlarında değerli olan lignoselüloz ile doldurulan hücreler (ikincil hücre duvarları, örneğin lif hücreleri) dahil olmak üzere diğer biyoürünlere benzer stratejiler uygulanabilir (Cosgrove, 2021). Ekspansinlerin bu uygulamalarda kullanılması, bitkilerden alınacak verimi arttıracaklarını düşündürmektedir.

Ekspansin proteinleri ile bitki hücre duvarlarının biyomühendisliği, bitkilerin büyümesini ve dokusunu manipüle etmede veya hücre duvarı yapısını ve fiziksel özelliklerini değiştirerek onları ahşap, tekstil ve polimerler gibi ürünlerde faydalı hale getirmede yararlı olabilir (Cosgrove, 2000). Bu proteinler, bitkilerin biyokütlesini artırmadaki rolleriyle ilişkili önemli bir yere sahip olduklarından, bu çalışmada ilk kez ekspansin proteinleri için veri tabanı oluşturulmuştur.

Ekspansinlere yönelik ilk web sitesi D.J. Cosgrove tarafından yapılmıştır. Ancak web sitesinin 2009 yılından beri güncellenmemesi sebebiyle ekspansinlere yönelik güncel verilere erişimi kısıtladığı düşünülmektedir. Ekspansinlere yönelik geliştirmiş olduğumuz Expansin Gene Family veritabanı model organizmalar dışında birçok bitkiye ait ekspansin bilgisini içermektedir. Ayrıca tüm veriler güncel olup bu verilere toplu bir şekilde erişmek çok kolaydır.

Expansin Engineering Database (ExED), ekspansin benzeri proteinler ve ekspansin domainleri arasındaki benzerliği inceleyerek bakteri, mantar ve bitkiler hakkındaki sekans bilgisine dayalı olarak korunmuş sekans motiflerini tanımlayan bir veritabanıdır (Lohoff vd., 2021). Expansin Gene Family veritabanı Expansin Engineering Database (ExED) ile karşılaştırıldığında; Expansin Gene Family

veritabanının bitkiler açısından biyolojik bilgi içeriğinin daha kapsamlı olduğu görülmektedir. Ayrıca veritabanı, bitki ekspansin gen ailesi üyelerinin birçok biyolojik özelliğine (gen yapısı, motif, tahmini üç boyutlu yapılar, biyokimyasal özellikler vb.) erişim sağlamaktadır.

Bu tez çalışması kapsamında bitkilerde ekspansin multigen ailesinin üyelerinin özellikleri ücretsiz, kullanımı kolay ve tek bir web tabanlı veritabanı ile erişilebilir hale getirilmiştir. 70 bitkide 3022 adet ekspansin gen ailesine ait proteinlerin kromozom yapısı, ekzon-intron yapısı, motif yapısı ve tahmini üç boyutlu yapısı gibi bilgilere erişim sağlanmaktadır. Ayrıca bitkilerdeki ekspansin gen ailesinin alt aileleri de sınıflandırılmıştır (alfa ekspansin, beta ekspansin vb.). Web sitemizde, toplam 70 bitkinin 21'i monokot, 45'i dikot ve diğer sınıflar (4 farklı tür) olarak sınıflandırılmıştır. Ayrıca üç boyutlu yapının diğer özelliklerine erişim PDB giriş adı ile sağlanmıştır.

Bu tez çalışması kapsamında ayrıca ekspansin proteinlerini sınıflandırmak amacıyla derin öğrenme modeli de geliştirilmiştir. Önerilen bu model, ekspansin proteinlerinin sınıflandırılmasında kullanılan en başarılı derin öğrenme modeli olup aynı zamanda diğer protein sınıflandırma modelleri arasında da en başarılı modellerden biridir. Model, Word2Vec, 3 katmanlı GRU yapısı ve üzerinde çalıştığı veriler kullanılarak literatüre kazandırılmış önemli bir yeniliktir. Modelin eğitimi, doğrulanması ve test edilmesinde kullanılan veri seti de bu tez çalışması kapsamında toplanmış olup benzersiz bir yapıya sahiptir. Otomatik olarak hazırlanan ve gerçekleştirilen model testleri sonucunda %98,68 doğruluk oranının sağlandığı belirlenmiştir. Ayrıca model üzerinde manuel olarak yapılan birçok testte model doğru cevabı vermiştir. Bunun yanında oluşturulan model veritabanındaki verilere müdahale etmediğinden ve veriyi değiştirmediklerinden veritabanındaki veriler olduğu gibi korunmakta olup herhangi bir sapma olmayacaktır. Modelin veritabanı ile iletişimi bulunmamaktadır, sunucuda korunmaktadır ve tüm yedekleri mevcuttur. Bu model sayesinde ekspansin proteinleri üzerinde çalışan araştırmacılar başka bir bilgiye sahip olmadan protein dizilerini bu model ile sınıflandırabilecek ve hangi ekspansin tipine ait olduklarını belirleyebileceklerdir. Tüm bunlar göz önüne alındığında çalışma kapsamında, dünya çapında ekspansin gen ailesine yönelik bilgilere tek seferde erişim sağlanabilen çok kapsamlı bir veritabanı sunulmuştur. Expansin Gene Family veritabanı ve derin

öğrenme modelinin çalıştığı web sitesi ile birlikte model uluslararası düzeyde tüm bilim dünyasının kullanımına ücretsiz olarak açıktır. Ayrıca Expansin Gene Family veritabanının, ekspansinler ile ilgili hücre duvarı mekanizmasının anlaşılması, bitki büyümesi, meyve olgunlaşması, biyotik-abiyotik stress koşullarındaki hücre davranışı ve lignoselülozik hammaddenin arttırılmasına yönelik yapılacak olan *in vivo* ve *in vitro* çalışmalarda öncü olacağı düşünülmektedir. Buna ek olarak; bitki hücre duvarı mekanizmasının anlaşılmasında ve biyoyakıt kullanımının artmasında önemli rol oynayacağı tahmin edilmektedir. Gelecekte, ekspansin proteinlerine ait filogenetik ağaç yapıları, miRNA hedefleri ve gen anotasyon analizleri eklenerek veritabanının daha kapsamlı hale getirilmesi hedeflenmektedir. Veritabanı hücre duvarına sahip olan diğer organizmalar (algler ve bakteriler) üzerine yapılacak çalışmalarla da güncellenebilecektir.

KAYNAKLAR

- Abdul Khalil, H., Bhat, A., Abu Bakar, A., Tahir, P. M., Zaidul, I., & Jawaid, M. (2015). Cellulosic nanocomposites from natural fibers for medical applications: A review. *Handbook of Polymer Nanocomposites. Processing, Performance and Application: Volume C: Polymer Nanocomposites of Cellulose Nanoparticles*, 475-511.
- Ahmed, M., Shahid, A. A., Din, S. U., Akhtar, S., Ahad, A., Rao, A. Q., Bajwa, K. S., Khan, M. A. U., Sarwar, M. B., & Husnain, T. (2018). An overview of genetic and hormonal control of cotton fiber development. *Pak. J. Bot*, 50(1), 433-443.
- Albahari, J., & Albahari, B. (2022). *C# 10 Pocket Reference*. " O'Reilly Media, Inc."
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W., & Lipman, D. J. (1990). Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology*, 215(3), 403-410.
- Altuner, E. M., & Çetin, B. (2009). Antimicrobial activity of Thuidium delicatulum (Bryopsida) extracts. *Kafkas Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü Dergisi*, 2(2), 85-92.
- Armijos-Jaramillo, V., Santander-Gordón, D., Tejera, E., & Perez-Castillo, Y. (2018). The dilemma of bacterial expansins evolution. The unusual case of Streptomyces acidiscabies and Kutzneria sp. 744. *Communicative & Integrative Biology*, 11(5-6), e1539612.
- Arslan, B., İncili, Ç. Y., Ulu, F., Horuz, E., Bayarslan, A. U., Öçal, M., Kalyoncuoğlu, E., Baloglu, M. C., & Altunoglu, Y. C. (2021). Comparative genomic analysis of expansin superfamily gene members in zucchini and cucumber and their expression profiles under different abiotic stresses. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 27, 2739-2756.
- Artzi, L., Morag, E., Shamshoum, M., & Bayer, E. A. (2016). Cellulosomal expansin: functionality and incorporation into the complex. *Biotechnology for Biofuels*, 9(1), 1-15.
- Asgari, E., & Mofrad, M. R. (2015). Continuous distributed representation of biological sequences for deep proteomics and genomics. *PloS one*, 10(11), e0141287.
- Ay Karakuş, B., Talo, M., Hallaç, İ. R., & Aydın, G. (2018). Evaluating deep learning models for sentiment classification. *Concurrency and Computation: Practice and Experience*, 30(21), e4783.
- Bacelli, I., Lombardi, L., Luti, S., Bernardi, R., Picciarelli, P., Scala, A., & Pazzagli, L. (2014). Cerato-platanin induces resistance in Arabidopsis leaves through stomatal perception, overexpression of salicylic acid-and ethylene-signalling genes and camalexin biosynthesis. *PloS one*, 9(6), e100959.

- Bailey, T. L., & Elkan, C. (1994). Fitting a mixture model by expectation maximization to discover motifs in bipolymers.
- Bainard, J. D., Forrest, L. L., Goffinet, B., & Newmaster, S. G. (2013). Nuclear DNA content variation and evolution in liverworts. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 68(3), 619-627.
- Baldi, P., & Brunak, S. (2001). *Bioinformatics: the machine learning approach*. MIT press.
- Baxevanis, A. D., & Bateman, A. (2015). The importance of biological databases in biological discovery. *Current protocols in bioinformatics*, 50(1), 1.1. 1-1.1. 8.
- Berman, H. M., Westbrook, J., Feng, Z., Gilliland, G., Bhat, T. N., Weissig, H., Shindyalov, I. N., & Bourne, P. E. (2000). The protein data bank. *Nucleic acids research*, 28(1), 235-242.
- Bileschi, M. L., Belanger, D., Bryant, D. H., Sanderson, T., Carter, B., Sculley, D., Bateman, A., DePristo, M. A., & Colwell, L. J. (2022). Using deep learning to annotate the protein universe. *Nature Biotechnology*, 40(6), 932-937.
- Boratyn, G. M., Camacho, C., Cooper, P. S., Coulouris, G., Fong, A., Ma, N., Madden, T. L., Matten, W. T., McGinnis, S. D., & Merezuk, Y. (2013). BLAST: a more efficient report with usability improvements. *Nucleic acids research*, 41(W1), W29-W33.
- Brummell, D. A. (2006). Cell wall disassembly in ripening fruit. *Functional Plant Biology*, 33(2), 103-119.
- Bultynck, L., Fiorani, F., Van Volkenburgh, E., & Lambers, H. (2003). Epidermal cell division and cell elongation in two *Aegilops* species with contrasting leaf elongation rates. *Functional Plant Biology*, 30(4), 425-432.
- Calderan-Rodrigues, M. J., Guimarães Fonseca, J., de Moraes, F. E., Vaz Setem, L., Carmanhanis Begossi, A., & Labate, C. A. (2019). Plant cell wall proteomics: A focus on monocot species, *Brachypodium distachyon*, *Saccharum* spp. and *Oryza sativa*. *International journal of molecular sciences*, 20(8), 1975.
- Carey, R. E., & Cosgrove, D. J. (2007). Portrait of the expansin superfamily in *Physcomitrella patens*: comparisons with angiosperm expansins. *Annals of Botany*, 99(6), 1131-1141.
- Castro, B., Citterico, M., Kimura, S., Stevens, D. M., Wrzaczek, M., & Coaker, G. (2021). Stress-induced reactive oxygen species compartmentalization, perception and signalling. *Nature plants*, 7(4), 403-412.
- Chadwick, J., Snyder, T., & Panda, H. (2012). *Programming ASP. NET MVC 4: Developing Real-World Web Applications with ASP. NET MVC*. " O'Reilly Media, Inc."

- Chao, J., Li, Z., Sun, Y., Aluko, O. O., Wu, X., Wang, Q., & Liu, G. (2021). MG2C: A user-friendly online tool for drawing genetic maps. *Molecular Horticulture*, 1(1), 1-4.
- Chase, W. R., Zhaxybayeva, O., Rocha, J., Cosgrove, D. J., & Shapiro, L. R. (2020). Global cellulose biomass, horizontal gene transfers and domain fusions drive microbial expansin evolution. *New Phytologist*, 226(3), 921-938.
- Che, J., Yamaji, N., Shen, R. F., & Ma, J. F. (2016). An Al-inducible expansin gene, Os EXPA 10 is involved in root cell elongation of rice. *The Plant Journal*, 88(1), 132-142.
- Chen, Y., Han, Y., Zhang, M., Zhou, S., Kong, X., & Wang, W. (2016). Overexpression of the wheat expansin gene TaEXPA2 improved seed production and drought tolerance in transgenic tobacco plants. *PloS one*, 11(4), e0153494.
- Cho, H.-T., & Cosgrove, D. J. (2000). Altered expression of expansin modulates leaf growth and pedicel abscission in *Arabidopsis thaliana*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(17), 9783-9788.
- Choi, D., Cho, H. T., & Lee, Y. (2006). Expansins: expanding importance in plant growth and development. *Physiologia plantarum*, 126(4), 511-518.
- Cosgrove, D. J. (2000). Loosening of plant cell walls by expansins. *Nature*, 407(6802), 321-326.
- Cosgrove, D. J. (2005). Growth of the plant cell wall. *Nature reviews molecular cell biology*, 6(11), 850-861.
- Cosgrove, D. J. (2015). Plant expansins: diversity and interactions with plant cell walls. *Current opinion in plant biology*, 25, 162-172.
- Cosgrove, D. J. (2016). Plant cell wall extensibility: connecting plant cell growth with cell wall structure, mechanics, and the action of wall-modifying enzymes. *Journal of experimental botany*, 67(2), 463-476.
- Cosgrove, D. J. (2018a). Diffuse growth of plant cell walls. *Plant physiology*, 176(1), 16-27.
- Cosgrove, D. J. (2018b). Nanoscale structure, mechanics and growth of epidermal cell walls. *Current opinion in plant biology*, 46, 77-86.
- Cosgrove, D. J. (2021). Expanding wheat yields with expansin. *New Phytologist*, 230(2), 403-405.
- Dahlgren, R. (1980). A revised system of classification of the angiosperms. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 80(2), 91-124.

- Fan, N., Xu, Q., Yang, Z., Zhuang, L., Yu, J., & Huang, B. (2023). Identification of expansin genes as promoting or repressing factors for leaf elongation in tall fescue. *Physiologia plantarum*, 175(1), e13861.
- Feild, T. S., & Arens, N. C. (2007). The ecophysiology of early angiosperms. *Plant, Cell & Environment*, 30(3), 291-309.
- Finch, S., Samuel, A., & Lane, G. P. (2014). *Lockhart and wiseman's crop husbandry including grassland*. Elsevier.
- Freeman, A. (2014). *Pro asp. net mvc 5 platform*. Springer.
- Fry, S. (2003). *Cell walls*. Academic Press Oxford.
- Fry, S. (2003). Ripening. In *Encyclopedia of Applied Plant Sciences* (pp. 794-807). Academic Press.
- Fry, S. C. (2010). Cell wall polysaccharide composition and covalent crosslinking. *Annual plant reviews: plant polysaccharides, biosynthesis and bioengineering*, 41, 1-42.
- Galloway, J., Haack, P., Wilson, B., & Allen, K. S. (2012). *Professional ASP. NET MVC 4*. John Wiley & Sons.
- Gao, Y., & Glowacka, D. (2016). *Deep Gate Recurrent Neural Network* Proceedings of The 8th Asian Conference on Machine Learning, Proceedings of Machine Learning Research. <https://proceedings.mlr.press/v63/gao30.html>
- Gasteiger, E., Hoogland, C., Gattiker, A., Duvaud, S. e., Wilkins, M. R., Appel, R. D., & Bairoch, A. (2005). *Protein identification and analysis tools on the ExPASy server*. Springer.
- Georgelis, N., Nikolaidis, N., & Cosgrove, D. J. (2015). Bacterial expansins and related proteins from the world of microbes. *Applied microbiology and biotechnology*, 99, 3807-3823.
- Gromiha, M. M. (2010). *Protein bioinformatics: from sequence to function*. academic press.
- Handa, A. K., Tiznado-Hernández, M.-E., & Mattoo, A. K. (2012). Fruit development and ripening: a molecular perspective. In *Plant biotechnology and agriculture* (pp. 405-424). Elsevier.
- Harmer, S., Orford, S., & Timmis, J. (2002). Characterisation of six α -expansin genes in *Gossypium hirsutum* (upland cotton). *Molecular Genetics and Genomics*, 268, 1-9.
- Heinze, T. (2016). Cellulose: structure and properties. *Cellulose chemistry and properties: fibers, nanocelluloses and advanced materials*, 1-52.

- Hejlsberg, A., Torgersen, M., Wiltamuth, S., & Golde, P. (2010). *The C# Programming Language (Covering C# 4.0), Portable Documents: C Prog Lang (Cov C 4.0 PDF*. Addison-Wesley Professional.
- Hemalatha, N., Rajesh, M., & Narayanan, N. (2013). Machine Learning Approaches for Prediction of Expansin Gene Family in Indica Rice. *Agricultural Research*, 2, 309-318.
- Hepler, N. K., Bowman, A., Carey, R. E., & Cosgrove, D. J. (2020). Expansin gene loss is a common occurrence during adaptation to an aquatic environment. *The Plant Journal*, 101(3), 666-680.
- Hiwasa, K., Rose, J. K., Nakano, R., Inaba, A., & Kubo, Y. (2003). Differential expression of seven α -expansin genes during growth and ripening of pear fruit. *Physiologia plantarum*, 117(4), 564-572.
- Hou, L., Zhang, Z., Dou, S., Zhang, Y., Pang, X., & Li, Y. (2019). Genome-wide identification, characterization, and expression analysis of the expansin gene family in Chinese jujube (*Ziziphus jujuba* Mill.). *Planta*, 249, 815-829.
- Hu, B., Jin, J., Guo, A.-Y., Zhang, H., Luo, J., & Gao, G. (2015). GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*, 31(8), 1296-1297.
- Hu, Q., Zhang, S., & Huang, B. (2019). Strigolactones promote leaf elongation in tall fescue through upregulation of cell cycle genes and downregulation of auxin transport genes in tall fescue under different temperature regimes. *International journal of molecular sciences*, 20(8), 1836.
- I, P. (2016). A community-derived classification for extant lycophytes and ferns. *Journal of systematics and evolution*, 54(6), 563-603.
- Jin, J. F., Wang, Z. Q., He, Q. Y., Wang, J. Y., Li, P. F., Xu, J. M., Zheng, S. J., Fan, W., & Yang, J. L. (2020). Genome-wide identification and expression analysis of the NAC transcription factor family in tomato (*Solanum lycopersicum*) during aluminum stress. *BMC genomics*, 21, 1-14.
- Jin, K.-M., Zhuo, R.-Y., Xu, D., Wang, Y.-J., Fan, H.-J., Huang, B.-Y., & Qiao, G.-R. (2020). Genome-wide identification of the expansin gene family and its potential association with drought stress in moso bamboo. *International journal of molecular sciences*, 21(24), 9491.
- Kamilaris, A., & Prenafeta-Boldú, F. X. (2018). Deep learning in agriculture: A survey. *Computers and electronics in agriculture*, 147, 70-90.
- Keller, M. (2020). *The science of grapevines*. Academic press.
- Kelley, L. A., Mezulis, S., Yates, C. M., Wass, M. N., & Sternberg, M. J. (2015). The Phyre2 web portal for protein modeling, prediction and analysis. *Nature protocols*, 10(6), 845-858.

- Kline, K., Kline, D., & Hunt, B. (2008). *SQL in a nutshell: a desktop quick reference guide*. " O'Reilly Media, Inc."
- Kök, B. Ö., Altunoglu, Y. C., Öncül, A. B., Karaci, A., & Baloglu, M. C. (2023). Expansin gene family database: A comprehensive bioinformatics resource for plant expansin multigene family. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 21(03), 2350015. <https://doi.org/10.1142/s0219720023500154>
- Lamesch, P., Dreher, K., Swarbreck, D., Sasidharan, R., Reiser, L., & Huala, E. (2010). Using the Arabidopsis information resource (TAIR) to find information about Arabidopsis genes. *Current protocols in bioinformatics*, 30(1), 1.11. 11-11.11. 51.
- Laulederkind, S. J., Hayman, G. T., Wang, S. J., Lowry, T. F., Nigam, R., Petri, V., Smith, J. R., Dwinell, M. R., Jacob, H. J., & Shimoyama, M. (2012). Exploring genetic, genomic, and phenotypic data at the rat genome database. *Current protocols in bioinformatics*, 40(1), 1.14. 11-11.14. 27.
- LeCun, Y., Bengio, Y., & Hinton, G. (2015). Deep learning. *Nature*, 521(7553), 436-444.
- Li, S., Chen, J., & Liu, B. (2017). Protein remote homology detection based on bidirectional long short-term memory. *BMC bioinformatics*, 18(1), 1-8.
- Li, X., Zhao, J., Walk, T. C., & Liao, H. (2014). Characterization of soybean β -expansin genes and their expression responses to symbiosis, nutrient deficiency, and hormone treatment. *Applied microbiology and biotechnology*, 98, 2805-2817.
- Li, Y., Darley, C. P., Ongaro, V., Fleming, A., Schipper, O., Baldauf, S. L., & McQueen-Mason, S. J. (2002). Plant expansins are a complex multigene family with an ancient evolutionary origin. *Plant physiology*, 128(3), 854-864.
- Li, Y., & Manoharan, S. (2013). A performance comparison of SQL and NoSQL databases. 2013 IEEE Pacific Rim conference on communications, computers and signal processing (PACRIM),
- Lohoff, C., Buchholz, P. C., Le Roes-Hill, M., & Pleiss, J. (2021). Expansin Engineering Database: A navigation and classification tool for expansins and homologues. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, 89(2), 149-162.
- Lu, S., Wang, J., Chitsaz, F., Derbyshire, M. K., Geer, R. C., Gonzales, N. R., Gwadz, M., Hurwitz, D. I., Marchler, G. H., & Song, J. S. (2020). CDD/SPARCLE: the conserved domain database in 2020. *Nucleic acids research*, 48(D1), D265-D268.
- Lu, Y., Liu, L., Wang, X., Han, Z., Ouyang, B., Zhang, J., & Li, H. (2016). Genome-wide identification and expression analysis of the expansin gene family in tomato. *Molecular Genetics and Genomics*, 291, 597-608.

- Lynd, L. R., Weimer, P. J., Van Zyl, W. H., & Pretorius, I. S. (2002). Microbial cellulose utilization: fundamentals and biotechnology. *Microbiology and molecular biology reviews*, 66(3), 506-577.
- Magallón, S. (2009). Flowering plants (Magnoliophyta). *The timetree of life*. Oxford University Press, New York, 161-165.
- Marowa, P., Ding, A., & Kong, Y. (2016). Expansins: roles in plant growth and potential applications in crop improvement. *Plant cell reports*, 35, 949-965.
- Meeks, M., Chandra, A., & Wherley, B. G. (2015). Growth responses of hybrid bluegrass and tall fescue as influenced by light intensity and trinexapac-ethyl. *HortScience*, 50(8), 1241-1247.
- Meents, M. J., Watanabe, Y., & Samuels, A. L. (2018). The cell biology of secondary cell wall biosynthesis. *Annals of Botany*, 121(6), 1107-1125.
- Mikolov, T., Chen, K., Corrado, G., & Dean, J. (2013). Efficient estimation of word representations in vector space. *arXiv preprint arXiv:1301.3781*.
- Mittler, R. (2017). ROS are good. *Trends in plant science*, 22(1), 11-19.
- Naik, S. N., Goud, V. V., Rout, P. K., & Dalai, A. K. (2010). Production of first and second generation biofuels: a comprehensive review. *Renewable and sustainable energy reviews*, 14(2), 578-597.
- Naveenkumar, K., Mohammed Harun, B. R., Vinayakumar, R., & Soman, K. (2018). Protein Family Classification using Deep Learning. *bioRxiv*, 414128.
- Nawaz, M. A., Rehman, H. M., Imtiaz, M., Baloch, F. S., Lee, J. D., Yang, S. H., Lee, S. I., & Chung, G. (2017). Systems identification and characterization of cell wall reassembly and degradation related genes in Glycine max (L.) Merrill, a bioenergy legume. *Scientific Reports*, 7(1), 10862.
- Nielsen, P., & Parui, U. (2011). *Microsoft SQL server 2008 bible*. John Wiley & Sons.
- Nikolaidis, N., Doran, N., & Cosgrove, D. J. (2014). Plant expansins in bacteria and fungi: evolution by horizontal gene transfer and independent domain fusion. *Molecular biology and evolution*, 31(2), 376-386.
- Ozenne, B., Subtil, F., & Maucourt-Boulch, D. (2015). The precision–recall curve overcame the optimism of the receiver operating characteristic curve in rare diseases. *Journal of clinical epidemiology*, 68(8), 855-859.
- Öncül, A. B., & Çelik, Y. (2023). A hybrid deep learning model for classification of plant transcription factor proteins. *Signal, Image and Video Processing*, 17(5), 2055-2061.
- Öncül, A. B., Çelik, Y., Ünel, N. M., & Baloglu, M. C. (2022). bHLHDB: A next generation database of basic helix loop helix transcription factors based on

- deep learning model. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, 20(04), 2250014.
- Petrey, D., & Honig, B. (2009). Is protein classification necessary? Toward alternative approaches to function annotation. *Current opinion in structural biology*, 19(3), 363-368.
- Price, M. N., Wetmore, K. M., Waters, R. J., Callaghan, M., Ray, J., Liu, H., Kuehl, J. V., Melnyk, R. A., Lamson, J. S., & Suh, Y. (2018). Mutant phenotypes for thousands of bacterial genes of unknown function. *Nature*, 557(7706), 503-509.
- Qiagen. <https://www.qiagenbioinformatics.com/products/clc-genomics-workbench>
- Rao, R., Bhattacharya, N., Thomas, N., Duan, Y., Chen, P., Canny, J., Abbeel, P., & Song, Y. (2019). Evaluating protein transfer learning with TAPE. *Advances in neural information processing systems*, 32.
- Ren, Y., Li, B., Jia, H., Yang, X., Sun, Y., Shou, J., Jiang, G., Shi, Y., & Chen, K. (2023). Comparative analysis of fruit firmness and genes associated with cell wall metabolisms in three cultivated strawberries during ripening and postharvest. *Food Quality and Safety*, 7, fyad020.
- Ríos-Fránquez, F. J., Rojas-Rejón, Ó. A., & Escamilla-Alvarado, C. (2019). Microbial enzyme applications in bioethanol producing biorefineries: overview. *Bioethanol production from food crops*, 249-266.
- Sabelli, P. A. (2012). Seed development: a comparative overview on biology of morphology, physiology, and biochemistry between monocot and dicot plants. *Seed Development: OMICS Technologies toward Improvement of Seed Quality and Crop Yield: OMICS in Seed Biology*, 3-25.
- Samalova, M., Gahurova, E., & Hejatko, J. (2022). Expansin-mediated developmental and adaptive responses: A matter of cell wall biomechanics? *Quantitative Plant Biology*, 3, e11.
- Samalova, M., Melnikava, A., Elsayad, K., Peaucelle, A., Gahurova, E., Gumulec, J., Spyroglou, I., Zemlyanskaya, E. V., Ubogoeva, E. V., & Balkova, D. (2023). Hormone-regulated expansins: expression, localization, and cell wall biomechanics in Arabidopsis root growth. *Plant physiology*, kiad228.
- Sane, V. A., Sane, A. P., & Nath, P. (2007). Multiple forms of α -expansin genes are expressed during banana fruit ripening and development. *Postharvest Biology and Technology*, 45(2), 184-192.
- Santiago, T. R., Pereira, V. M., de Souza, W. R., Steindorff, A. S., Cunha, B. A., Gaspar, M., Favaro, L. C., Formighieri, E. F., Kobayashi, A. K., & C. Molinari, H. B. (2018). Genome-wide identification, characterization and expression profile analysis of expansins gene family in sugarcane (*Saccharum* spp.). *PloS one*, 13(1), e0191081.

- Schädel, C., Blöchl, A., Richter, A., & Hoch, G. (2010). Quantification and monosaccharide composition of hemicelluloses from different plant functional types. *Plant physiology and Biochemistry*, 48(1), 1-8.
- Schwarz, E. M., & Sternberg, P. W. (2006). Searching WormBase for information about *Caenorhabditis elegans*. *Current protocols in bioinformatics*, 14(1), 1.8. 1-1.8. 43.
- Seader, V. H., Thornsberry, J. M., & Carey, R. E. (2016). Utility of the Amborella trichopoda expansin superfamily in elucidating the history of angiosperm expansins. *Journal of plant research*, 129, 199-207.
- Shaw, A. J. (2000). Phylogeny of the Sphagnopsida based on chloroplast and nuclear DNA sequences. *Bryologist*, 277-306.
- Shaw, D. R. (2016). Searching the Mouse Genome Informatics (MGI) resources for information on mouse biology from genotype to phenotype. *Current protocols in bioinformatics*, 56(1), 1.7. 1-1.7. 16.
- Shin, J.-H., Jeong, D.-H., Park, M. C., & An, G. (2005). Characterization and Transcriptional Expression of the α -Expansin Gene Family in Rice. *Molecules & Cells (Springer Science & Business Media BV)*, 20(2).
- Silveira, R. L., & Skaf, M. S. (2016). Molecular dynamics of the Bacillus subtilis expansin EXLX1: interaction with substrates and structural basis of the lack of activity of mutants. *Physical Chemistry Chemical Physics*, 18(5), 3510-3521.
- Simpson, M. G. (2019). *Plant systematics*. Academic press.
- Singh, G. (2019). *Plant systematics: an integrated approach*. CRC Press.
- Soltis, P. S., & Soltis, D. E. (2004). The origin and diversification of angiosperms. *American journal of botany*, 91(10), 1614-1626.
- Somssich, M., Khan, G. A., & Persson, S. (2016). Cell wall heterogeneity in root development of Arabidopsis. *Frontiers in plant science*, 7, 1242.
- Srivastava, L. (2002). Hormonal regulation of cell division and cell growth. In (pp. 341-379): Academic Press Oxford.
- Stein, L. D. (2003). Integrating biological databases. *Nature Reviews Genetics*, 4(5), 337-345.
- Strodthoff, N., Wagner, P., Wenzel, M., & Samek, W. (2020). UDSMProt: universal deep sequence models for protein classification. *Bioinformatics*, 36(8), 2401-2409.
- Tanabe, M., & Kanehisa, M. (2012). Using the KEGG Database Resource. *Current protocols in bioinformatics*, 38.

- Tang, H., Bowers, J. E., Wang, X., Ming, R., Alam, M., & Paterson, A. H. (2008). Synteny and collinearity in plant genomes. *Science*, 320(5875), 486-488.
- Tian, F., Yang, D.-C., Meng, Y.-Q., Jin, J., & Gao, G. (2020). PlantRegMap: charting functional regulatory maps in plants. *Nucleic acids research*, 48(D1), D1104-D1113.
- URL-2. NCBI. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- URL-3. Phytozome. <https://phytozome-next.jgi.doe.gov/jbrowse/index.html>
- Usadel, B., Schwacke, R., Nagel, A., & Kersten, B. (2012). GabiPD—the GABI Primary Database integrates plant proteomic data with gene-centric information. *Frontiers in plant science*, 3, 154.
- Vicente, A. R., Saladié, M., Rose, J. K., & Labavitch, J. M. (2007). The linkage between cell wall metabolism and fruit softening: looking to the future. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 87(8), 1435-1448.
- Vohra, M., Manwar, J., Manmode, R., Padgilwar, S., & Patil, S. (2014). Bioethanol production: Feedstock and current technologies. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 2(1), 573-584.
- Voxeur, A., & Höfte, H. (2016). Cell wall integrity signaling in plants: “To grow or not to grow that's the question”. *Glycobiology*, 26(9), 950-960.
- Wang, G., Gao, Y., Wang, J., Yang, L., Song, R., Li, X., & Shi, J. (2011). Overexpression of two cambium-abundant Chinese fir (*Cunninghamia lanceolata*) α -expansin genes ClEXPA1 and ClEXPA2 affect growth and development in transgenic tobacco and increase the amount of cellulose in stem cell walls. *Plant biotechnology journal*, 9(4), 486-502.
- Wang, X., Huang, X., Chen, L., Xie, Z., Tan, S., Qin, X., Chen, T., Huang, Y., Xi, J., & Chen, H. (2023). Transcriptome Sequencing of *Agave amaniensis* Reveals Shoot-Related Expression Patterns of Expansin A Genes in *Agave*. *Plants*, 12(10), 2020.
- Whitton, J., & Rajakaruna, N. (2001). Plant biodiversity, overview. *Encyclopedia of Biodiversity*, 4, 621-630.
- Wikström, N., & Kenrick, P. (2001). Evolution of Lycopodiaceae (Lycopsidea): estimating divergence times from rbcL gene sequences by use of nonparametric rate smoothing. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 19(2), 177-186.
- Wikström, N., Savolainen, V., & Chase, M. W. (2001). Evolution of the angiosperms: calibrating the family tree. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 268(1482), 2211-2220.
- Wolf, S., Hématy, K., & Höfte, H. (2012). Growth control and cell wall signaling in plants. *Annual review of plant biology*, 63, 381-407.

- Wu, Y., Meeley, R. B., & Cosgrove, D. J. (2001). Analysis and expression of the α -expansin and β -expansin gene families in maize. *Plant physiology*, 126(1), 222-232.
- Xi, W., Song, D., Sun, J., Shen, J., & Li, L. (2017). Formation of wood secondary cell wall may involve two type cellulose synthase complexes in *Populus*. *Plant Molecular Biology*, 93, 419-429.
- Xiang, Y. L., Jin, X. J., Shen, C., Cheng, X. F., Shu, L., & Zhu, R. L. (2022). New insights into the phylogeny of the complex thalloid liverworts (Marchantiopsida) based on chloroplast genomes. *Cladistics*, 38(6), 649-662.
- Xu, C., Xia, T., Peng, H., Liu, P., Wang, Y., Wang, Y., Kang, H., Tang, J., Aftab, M. N., & Peng, L. (2023). BsEXLX of engineered *Trichoderma reesei* strain as dual-active expansin to boost cellulases secretion for synergistic enhancement of biomass enzymatic saccharification in corn and *Miscanthus* straws. *Bioresource Technology*, 376, 128844.
- Xu, X., Wang, Y., Zhao, X., & Yuan, Z. (2023). Uncovering the Expansin Gene Family in Pomegranate (*Punica granatum* L.): Genomic Identification and Expression Analysis. *Horticulturae*, 9(5), 539.
- Yamashita, R., Nishio, M., Do, R. K. G., & Togashi, K. (2018). Convolutional neural networks: an overview and application in radiology. *Insights into imaging*, 9, 611-629.
- Yang, J. H., & Wang, H. (2016). Molecular mechanisms for vascular development and secondary cell wall formation. *Frontiers in plant science*, 7, 356.
- Yaqoob, A., Shahid, A. A., Imran, A., Sadaqat, S., Liaqat, A., & Rao, A. Q. (2020). Dual functions of Expansin in cell wall extension and compression during cotton fiber development. *Biologia*, 75, 2093-2101.
- Yin, Z., Zhou, F., Chen, Y., Wu, H., & Yin, T. (2023). Genome-Wide Analysis of the Expansin Gene Family in *Populus* and Characterization of Expression Changes in Response to Phytohormone (Absciscic Acid) and Abiotic (Low-Temperature) Stresses. *International journal of molecular sciences*, 24(9), 7759.
- Zeng, M., Fan, X., Zhang, X., Teng, L., Pang, J., Zhou, M., & Cao, F. (2023). Genome-wide association studies and transcriptome sequencing analysis reveal novel genes associated with Al tolerance in wheat. *Chemosphere*, 317, 137885.
- Zenoni, S., Fasoli, M., Tornielli, G. B., Dal Santo, S., Sanson, A., de Groot, P., Sordo, S., Citterio, S., Monti, F., & Pezzotti, M. (2011). Overexpression of PhEXPA1 increases cell size, modifies cell wall polymer composition and affects the timing of axillary meristem development in *Petunia hybrida*. *New Phytologist*, 191(3), 662-677.
- Zhang, T., Tang, H., Vavylonis, D., & Cosgrove, D. J. (2019). Disentangling loosening from softening: insights into primary cell wall structure. *The Plant Journal*, 100(6), 1101-1117.

Zhang, Y., Yu, J., Wang, X., Durachko, D. M., Zhang, S., & Cosgrove, D. J. (2021). Molecular insights into the complex mechanics of plant epidermal cell walls. *Science*, 372(6543), 706-711.





EKLER

EK A Tm Bitkilere Ait TabloS1 Tabloları



EK A.1 *A. thaliana*'ya ait TabloS1.

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. thaliana</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AtEXPA-01	AT1G12560.1	Chr-1	4.276.505	4.277.969	262	9,33	28791,46	24,16	stable	NP_172717.1
AtEXPA-02	AT1G20190.1	Chr-1	6.998.335	6.998.335	252	8,91	26761,26	29,44	stable	NP_173446.1
AtEXPA-03	AT1G20190.2	Chr-1	6.998.432	6.999.523	193	9,17	21010,83	31,09	stable	NP_173446.1
AtEXPA-04	AT1G26770.1	Chr-1	9.259.432	9.261.313	249	9,24	26427,70	29,27	stable	NP_173999.1
AtEXPA-05	AT1G26770.2	Chr-1	9.259.750	9.260.792	259	9,16	27602,09	28,98	stable	NP_173999.1
AtEXPA-06	AT1G62980.1	Chr-1	23.331.563	23.333.246	257	9,36	27869,72	33,30	stable	NP_176486.1
AtEXPA-07	AT1G69530.1	Chr-1	26.141.836	26.143.496	250	9,26	26517,72	29,57	stable	NP_177112.1
AtEXPA-08	AT1G69530.3	Chr-1	26.141.836	26.143.496	275	9,24	29279,94	31,55	stable	NP_849869.1
AtEXPA-09	AT1G69530.4	Chr-1	26.141.836	26.143.534	220	9,3	23448,42	32,20	stable	NP_001319356.1
AtEXPA-10	AT1G69530.5	Chr-1	26.141.836	26.143.500	245	9,28	26210,64	34,16	stable	NP_001185357.1
AtEXPA-11	AT2G03090.1	Chr-2	916.806	918.671	253	9,32	27076,68	34,60	stable	NP_178409.2
AtEXPA-12	AT2G28950.1	Chr-2	12.431.338	12.433.796	257	9,76	27817,73	38,36	stable	NP_180461.1
AtEXPA-13	AT2G37640.1	Chr-2	15.787.523	15.790.139	262	9,53	28266,03	29,50	stable	NP_181300.1
AtEXPA-14	AT2G37640.2	Chr-2	15.787.705	15.789.605	237	9,58	26214,04	30,29	stable	NP_001324717.1
AtEXPA-15	AT2G39700.1	Chr-2	16.543.832	16.545.746	257	9,76	27847,65	31,29	stable	NP_181500.1
AtEXPA-16	AT2G40610.1	Chr-2	16.948.791	16.950.705	253	6,48	27260,32	33,03	stable	NP_181593.1
AtEXPA-17	AT3G03220.1	Chr-3	742.354	744.315	266	8,35	28975,74	43,53	unstable	NP_566197.1
AtEXPA-18	AT3G15370.2	Chr-3	5.190.554	5.192.169	252	10,06	27617,36	40,76	unstable	NP_188156.1
AtEXPA-19	AT3G15370.1	Chr-3	5.190.556	5.192.197	282	10,13	31336,98	37,66	stable	NP_001327548.1

EK A.1'in devamı

AtEXPA-20	AT3G29030.1	Chr-3	11.011.262	11.013.451	255	9,2	27611,40	35,97	stable	NP_189545.1
AtEXPA-21	AT3G55500.1	Chr-3	20.574.752	20.576.249	260	9,66	28161,94	34,01	stable	NP_191109.1
AtEXPA-22	AT4G01630.1	Chr-4	700.566	701.769	255	9,58	27714,76	30,21	stable	NP_192072.1
AtEXPA-23	AT4G38210.1	Chr-4	17.922.756	17.923.973	256	8,69	27856,59	40,14	unstable	NP_195534.1
AtEXPA-24	AT5G02260.1	Chr-5	463.073	465.273	258	9,4	27749,60	21,67	stable	NP_195846.1
AtEXPA-25	AT5G05290.1	Chr-5	1.568.694	1.569.915	255	4,96	27748,89	34,01	stable	NP_196148.1
AtEXPA-26	AT5G39260.1	Chr-5	15.726.243	15.727.458	262	8,51	28134,31	30,13	stable	NP_198742.2
AtEXPA-27	AT5G39270.1	Chr-5	15.729.037	15.730.231	279	8,9	30961,73	19,90	stable	NP_198743.3
AtEXPA-28	AT5G39280.1	Chr-5	15.730.653	15.731.790	275	6,8	30315,70	23,28	stable	NP_198744.2
AtEXPA-29	AT5G39290.1	Chr-5	15.735.794	15.736.979	279	8,79	30979,72	21,42	stable	NP_198745.2
AtEXPA-30	AT5G39300.1	Chr-5	15.737.366	15.738.479	276	6,87	30490,93	22,36	stable	NP_198746.2
AtEXPA-31	AT5G39310.1	Chr-5	15.739.032	15.740.605	312	9,29	33774,73	20,00	stable	NP_198747.2
AtEXPA-32	AT5G56320.1	Chr-5	22.808.641	22.810.452	255	9,69	27733,44	25,32	stable	NP_001332569.1
AtEXPA-33	AT5G56320.3	Chr-5	22.808.641	22.810.747	302	9,37	32724,17	30,55	stable	NP_001332570.1
AtEXPB-01	AT1G65680.1	Chr-1	24.427.266	24.428.673	273	8,46	29127,29	39,26	stable	NP_564860.3
AtEXPB-02	AT1G65681.1	Chr-1	24.428.875	24.430.670	223	6,81	24013,36	47,12	unstable	NP_001117554.1
AtEXPB-03	AT2G20750.1	Chr-2	8.940.833	8.942.706	271	9,36	29108,48	40,67	unstable	NP_179668.1
AtEXPB-04	AT2G20750.2	Chr-2	8.940.833	8.942.706	220	9,21	23678,34	47,22	unstable	NP_001324426.1
AtEXPB-05	AT2G45110.1	Chr-2	18.599.498	18.601.339	259	6,79	27203,81	34,19	stable	NP_182036.1
AtEXPB-06	AT3G60570.1	Chr-3	22.391.153	22.392.708	264	9,51	28688,49	40,99	unstable	NP_001319806.1
AtEXPB-07	AT3G60570.2	Chr-3	22.391.475	22.392.640	216	9,57	23412,44	46,01	unstable	NP_001325988.1
AtEXPB-08	AT4G28250.1	Chr-4	13.999.625	14.002.124	264	9,04	28424,79	32,27	stable	NP_567803.1

EK A.1'in devamı

AtEXPB-09	AT4G28250.3	Chr-4	14.000.038	14.002.069	207	8,14	22184,69	33,34	stable	NP_001329906.1
AtEXPB-10	AT4G28250.4	Chr-4	14.000.657	14.002.069	211	6,98	22572,93	36,44	stable	NP_001329907.1
AtEXLA-01	AT3G45960.1	Chr-3	16.892.702	16.894.153	215	9,14	23391,78	31,65	stable	NP_001030815.1
AtEXLA-02	AT3G45960.2	Chr-3	16.892.702	16.894.153	263	9,2	28558,76	36,95	stable	NP_001030815.1
AtEXLA-03	AT3G45970.1	Chr-3	16.896.166	16.897.308	265	8,28	28701,88	35,85	stable	NP_190183.1
AtEXLA-04	AT3G45970.2	Chr-3	16.896.166	16.897.189	238	7,49	25925,76	32,77	stable	NP_001327677.1
AtEXLA-05	AT4G38400.1	Chr-4	17.978.422	17.979.740	265	8,48	28642,68	41,36	unstable	NP_195553.1
AtEXLB-01	AT4G17030.1	Chr-4	9.581.562	9.583.290	250	6,64	27933,77	32,52	stable	NP_193436.2

EK A.2 *A. coerulea*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	A. coerulea Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AcEXPA-01	Aqcoe1G110000.1.p	Chr-01	5.891.505	5.893.354	262	9,65	28376,47	34,05	stable	PIA54743.1
AcEXPA-02	Aqcoe1G125800.1.p	Chr-01	6.924.679	6.926.033	295	9,16	32648,11	30,79	stable	PIA37134.1
AcEXPA-03	Aqcoe1G269900.1.p	Chr-01	18.568.567	18.569.711	249	9,88	27523,55	42,26	unstable	PIA27003.1
AcEXPA-04	Aqcoe1G402700.1.p	Chr-01	38.580.554	38.582.612	248	6,85	26617,75	30,38	stable	PIA32483.1
AcEXPA-05	Aqcoe2G000400.1.p	Chr-02	43.967	46.497	294	9,43	32370,34	47,53	unstable	PIA48738.1
AcEXPA-06	Aqcoe2G075300.1.p	Chr-02	5.393.074	5.394.798	253	6,86	27203,56	35,05	stable	PIA59680.1
AcEXPA-07	Aqcoe2G220000.1.p	Chr-02	27.615.253	27.616.600	261	9,45	28350,18	33,55	stable	PIA60335.1
AcEXPA-08	Aqcoe2G236500.1.p	Chr-02	29.522.185	29.523.252	257	9,54	28044,63	42,30	unstable	PIA60565.1
AcEXPA-09	Aqcoe2G236700.1.p	Chr-02	29.559.268	29.560.474	258	9,53	28192,73	32,85	stable	PIA60567.1
AcEXPA-10	Aqcoe3G083000.1.p	Chr-03	5.272.286	5.273.773	182	10,9	21105,43	48,64	unstable	PIA27870.1
AcEXPA-11	Aqcoe3G083300.1.p	Chr-03	5.307.105	5.309.358	199	10,53	22697,30	44,23	unstable	PIA27870.1
AcEXPA-12	Aqcoe3G343800.1.p	Chr-03	36.830.941	36.833.147	249	9,46	26937,41	39,46	stable	PIA62752.1
AcEXPA-13	Aqcoe3G361800.1.p	Chr-03	37.889.680	37.890.891	274	8,83	30060,41	23,58	stable	PIA63026.1
AcEXPA-14	Aqcoe3G421000.1.p	Chr-03	41.356.567	41.358.492	268	8,89	29198,42	26,09	stable	PIA63922.1
AcEXPA-15	Aqcoe5G239400.1.p	Chr-05	16.101.107	16.102.322	222	10,8	25719,04	44,92	unstable	PIA27870.1
AcEXPA-16	Aqcoe5G239400.2.p	Chr-05	16.101.109	16.102.287	182	10,9	21018,35	48,24	unstable	PIA27870.1
AcEXPA-17	Aqcoe5G422300.1.p	Chr-05	40.843.035	40.844.343	268	8,87	29475,36	32,21	stable	PIA35761.1
AcEXPA-18	Aqcoe6G215000.1.p	Chr-06	16.836.605	16.838.219	256	9,42	27947,76	28,32	stable	PIA27778.1
AcEXPA-19	Aqcoe6G320100.1.p	Chr-06	29.524.231	29.526.588	254	8,76	28337,26	31,44	stable	PIA25013.1
AcEXPA-20	Aqcoe7G366800.1.p	Chr-07	38.595.334	38.596.626	256	8,72	28505,72	37,54	stable	PIA64213.1

EK A.2'nin devamı

AcEXPA-21	Aqcoe0082s0002.1	scaffold-82	3.717	6.134	254	8,87	28335,31	28,97	stable	PIA25013.1
AcEXPB-01	Aqcoe1G274100.1.p	Chr-01	19.094.127	19.096.027	261	9,2	28444,51	38,16	stable	PIA41283.1
AcEXPB-02	Aqcoe3G275700.1.p	Chr-03	32.218.826	32.221.023	264	5,35	27708,07	51,12	unstable	PIA61767.1
AcEXPB-03	Aqcoe7G084400.1.p	Chr-07	5.071.164	5.072.670	274	8,23	29785,84	34,07	stable	PIA50219.1
AcEXLA-01	Aqcoe6G195100.1.p	Chr-06	12.902.520	12.904.335	263	8,57	28816,05	36,66	stable	PIA46971.1
AcEXLB-01	Aqcoe3G253300.1.p	Chr-03	30.093.092	30.094.589	256	5,03	27977,72	38,55	stable	PIA32578.1
AcEXLB-02	Aqcoe3G260400.1.p	Chr-03	30.724.665	30.726.347	248	5,5	27186,91	29,39	stable	PIA30985.1

EK A.3 *A. comosus*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. comosus</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğ u (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AncEXPA-01	Aco009615.1	LG-01	900.990	904.687	274	9,08	29698,32	34,21	stable	XP_020104484.1
AncEXPA-02	Aco001091.1	LG-02	14.304.865	14.307.223	262	9,41	27706,81	33,68	stable	None
AncEXPA-03	Aco010392.1	LG-03	1.834.792	1.836.704	258	4,62	27648,89	34,03	stable	XP_020083985.1
AncEXPA-04	Aco021282.1	LG-03	6.895.705	6.900.402	314	10,39	34921,42	33,37	stable	None
AncEXPA-05	Aco011896.1	LG-03	13.387.181	13.390.075	255	8,57	27314,28	25,39	stable	XP_020085568.1
AncEXPA-06	Aco017902.1	LG-04	12.488.224	12.489.485	272	8,93	28857,30	31,36	stable	XP_020086668.1
AncEXPA-07	Aco016635.1	LG-08	10.593.976	10.597.859	265	9,21	28652,54	30,80	stable	XP_020094471.1
AncEXPA-08	Aco017577.1	LG-09	221.210	222.359	250	5,55	27302,88	23,20	stable	XP_020095028.1
AncEXPA-09	Aco000511.1	LG-12	1.359.005	1.360.739	263	9,04	28536,43	38,34	stable	XP_020099695.1
AncEXPA-10	Aco014178.1	LG-13	659.083	661.399	241	9,38	26044,68	32,88	stable	XP_020101680.1
AncEXPA-11	Aco012544.1	LG-13	2.004.202	2.006.097	207	5,82	22350,84	28,35	stable	XP_020102234.1
AncEXPA-12	Aco017125.1	LG-14	11.586.731	11.587.435	205	8,45	22902,59	28,91	stable	XP_020103005.1
AncEXPA-13	Aco017209.1	LG-18	296.295	298.345	237	9,13	25822,16	38,85	stable	XP_020108498.1
AncEXPA-14	Aco023359.1	LG-18	1.385.526	1.387.313	272	9,71	30503,94	44,64	unstable	None
AncEXPA-15	Aco001677.1	LG-18	8.799.267	8.800.666	252	5,8	26501,40	26,36	stable	XP_020108085.1
AncEXPA-16	Aco001634.1	LG-18	9.133.750	9.135.756	259	6,78	27583,81	26,49	stable	XP_020107939.1
AncEXPA-17	Aco015688.1	LG-19	352.063	355.054	265	9,19	29181,10	40,33	unstable	XP_020109172.1

EK A.3'ün devamı

AncEXPA-18	Aco017500.1	LG-22	1.374.124	1.377.802	266	4,92	28448,88	28,29	stable	XP_020113173.1
AncEXPA-19	Aco015452.1	LG-23	662.479	663.92	260	9,16	28415,22	40,13	unstable	XP_020114052.1
AncEXPA-20	Aco013089.1	LG-25	697.409	700.201	258	8,09	27843,50	33,64	stable	XP_020079743.1
AncEXPA-21	Aco010233.1	LG-25	2.686.501	2.687.551	287	8,99	31733,00	24,02	stable	XP_020079938.1
AncEXPA-22	Aco030191.1	scaffold-1876	9.463	10.916	212	9,41	23065,17	36,64	stable	XP_020081642.1
AncEXPA-23	Aco031434.1	scaffold-2671	203	3.437	261	9,28	28093,92	37,54	stable	XP_020081642.1
AncEXPB-01	Aco016325.1	LG-03	10.699.945	10.704.854	269	7,6	29396,36	27,41	stable	XP_020085524.1
AncEXPB-02	Aco012813.1	LG-03	14.892.784	14.894.343	282	5,28	30115,81	34,75	stable	XP_020083725.1
AncEXPB-03	Aco012814.1	LG-03	14.899.988	14.903.122	280	6,42	29964,71	30,50	stable	XP_020085129.1
AncEXPB-04	Aco012815.1	LG-03	14.904.354	14.905.962	274	4,96	28527,87	27,13	stable	XP_020084716.1
AncEXPB-05	Aco011719.1	LG-08	12.015.881	12.017.726	296	5,01	31814,77	30,59	stable	XP_020094947.1
AncEXPB-06	Aco011717.1	LG-08	12.033.863	12.035.031	279	5,91	29483,16	35,08	stable	XP_020093564.1
AncEXPB-07	Aco011715.1	LG-08	12.039.992	12.041.776	281	6,08	30388,15	35,67	stable	XP_020094823.1
AncEXLA-01	Aco009171.1	LG-22	8.117.237	8.121.506	273	9,11	30303,00	35,41	stable	XP_020112395.1
AncEXLB-01	Aco016572.1	LG-09	8.589.870	8.592.206	286	4,05	30871,43	33,47	stable	XP_020096356.1

EK A.4 A. *halleri*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	A. <i>halleri</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AhEXPA-01	Araha.0846s0004.1.p	Scaffold-846	11.667	13.199	253	9,3	27150,76	37,59	Stable	None
AhEXPA-02	Araha.0898s0002.1.p	Scaffold-898	10.001	11.632	251	9,15	26547,78	31,55	stable	None
AhEXPA-03	Araha.1146s0002.1.p	Scaffold-1146	4.119	5.304	255	9,49	27840,83	34,63	stable	None
AhEXPA-04	Araha.1906s0014.1.p	Scaffold-1906	47.261	48.93	252	10,24	27565,36	39,69	stable	None
AhEXPA-05	Araha.3134s0020.1.p	Scaffold-3134	89.813	91.52	250	9,5	26553,79	31,28	stable	None
AhEXPA-06	Araha.7513s0015.1.p	Scaffold-7513	51.522	53.171	266	8,41	28975,64	42,33	unstable	None
AhEXPA-07	Araha.8490s0006.1.p	Scaffold-8490	12.787	14.448	257	6,48	27530,61	33,37	stable	None
AhEXPA-08	Araha.13516s0016.1.p	Scaffold-13516	68.004	68.961	253	5,13	27722,90	34,81	stable	None
AhEXPA-09	Araha.16915s0001.1.p	Scaffold-16915	7.888	9.307	257	9,76	27907,70	32,89	stable	None
AhEXPA-10	Araha.17420s0006.1.p	Scaffold-17420	34.788	35.689	257	8,74	28529,83	33,15	stable	None
AhEXPA-11	Araha.17879s0002.1.p	Scaffold-17879	3.956	5.556	252	9,01	26747,27	31,83	stable	None
AhEXPA-12	Araha.18708s0001.1.p	Scaffold-18708	22	1.803	257	9,84	27914,81	39,97	stable	None
AhEXPA-13	Araha.20073s0002.1.p	Scaffold-20073	1.328	2.854	257	9,25	27789,51	34,98	stable	None
AhEXPA-14	Araha.22287s0007.1.p	Scaffold-22287	22.637	24.110	260	9,63	28082,90	33,25	stable	None
AhEXPA-15	Araha.22789s0002.1.p	Scaffold-22789	7.274	8.279	254	8,07	27536,58	25,88	stable	None
AhEXPB-01	Araha.12096s0002.1.p	Scaffold-12096	3.849	4.97	264	9,62	28393,10	38,87	stable	None
AhEXPB-02	Araha.18278s0009.1.p	Scaffold-18278	34.816	36.496	204	9,32	22281,78	30,18	stable	None
AhEXLA-01	Araha.5281s0002.1.p	Scaffold-5281	2.888	4.009	265	7,99	28861,87	39,77	stable	None
AhEXLA-02	Araha.35044s0003.1.p	Scaffold-35044	8.556	10.019	263	9,21	28738,06	32,62	stable	None
AhEXLA-03	Araha.48675s0002.1.p	Scaffold-48675	2.068	4.063	294	8,64	32153,93	46,60	unstable	None

EK A.5 *A. hypochondriacus*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. hypochondriacus</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AhyEXPA-01	AH001604-RA	Scaffold-1	28,148,579	28,151,772	262	5,03	29273,83	41,75	unstable	None
AhyEXPA-02	AH004370-RA	Scaffold-2	32,428,925	32,442,739	311	8,99	33028,16	32,30	Stable	None
AhyEXPA-03	AH005036-RA	Scaffold-3	3,343,328	3,346,808	237	8,4	25428,55	25,56	stable	None
AhyEXPA-04	AH005558-RA	Scaffold-3	9,398,382	9,403,657	236	8,73	26268,89	22,82	stable	None
AhyEXPA-05	AH010709-RA	Scaffold-6	18,844,776	18,849,440	272	8,74	29625,03	34,52	stable	None
AhyEXPA-06	AH013480-RA	Scaffold-8	10,975,995	10,977,559	256	8,93	28176,54	26,33	stable	None
AhyEXPA-07	AH014827-RA	Scaffold-9	17,616,971	17,619,915	212	8,77	23338,38	23,60	stable	None
AhyEXPA-08	AH015397-RA	Scaffold-10	4,580,854	4,582,398	221	9	24016,02	32,69	stable	None
AhyEXPA-09	AH016417-RA	Scaffold-10	20,403,127	20,406,698	279	9,44	30420,76	38,74	stable	None
AhyEXPA-10	AH016785-RA	Scaffold-11	3,469,093	3,471,189	233	9,51	25359,99	26,78	stable	None
AhyEXPA-11	AH017526-RA	Scaffold-11	17,294,468	17,298,747	232	9,08	26070,70	36,02	stable	None
AhyEXPA-12	AH017527-RA	Scaffold-11	17,298,761	17,299,114	117	9,21	12638,73	18,61	stable	None
AhyEXPA-13	AH017571-RA	Scaffold-11	17,808,109	17,811,189	255	9,34	27153,59	28,98	stable	None
AhyEXPA-14	AH018483-RA	Scaffold-12	5,467,540	5,469,813	240	9,51	26269,39	21,81	stable	None
AhyEXPA-15	AH018713-RA	Scaffold-12	8,306,259	8,307,917	238	9,22	25525,34	21,81	stable	None
AhyEXPA-16	AH019277-RA	Scaffold-12	19,983,521	19,985,851	232	8,59	24921,01	31,82	stable	None
AhyEXPA-17	AH021890-RA	Scaffold-15	1,869,886	1,873,326	258	9,43	28127,21	31,31	stable	None
AhyEXPA-18	AH022964-RA	Scaffold-16	2,501,835	2,504,492	226	9,83	24568,10	42,56	unstable	None

EK A.5'in devamı

AhyEXPA-19	AH023176-RA	Scaffold-16	5.226.619	5.229.081	240	9,53	25968,40	28,30	stable	None
AhyEXPB-01	AH000340-RA	Scaffold-1	3.250.127	3.258.283	175	9,08	19067,80	23,11	stable	None
AhyEXPB-02	AH005656-RA	Scaffold-3	10.576.571	10.580.876	254	8,43	27355,58	34,66	stable	None
AhyEXLA-01	AH000758-RA	Scaffold-1	8.882.820	8.895.821	385	9,29	42336,64	35,53	stable	None
AhyEXLA-02	AH000761-RA	Scaffold-1	8.916.383	8.923.339	224	8,3	24165,91	25,09	stable	None
AhyEXLA-03	AH000762-RA	Scaffold-1	8.926.517	8.929.289	241	8,87	26775,01	36,70	stable	None
AhyEXLA-04	AH002338-RA	Scaffold-1	36.510.291	36.512.771	256	9,18	27651,17	21,28	stable	None
AhyEXLA-05	AH002339-RA	Scaffold-1	36.516.740	36.520.327	267	9,24	29049,39	26,09	stable	None
AhyEXLA-06	AH002341-RA	Scaffold-1	36.532.797	36.536.961	245	8,56	26747,72	34,27	stable	None
AhyEXLB-01	AH018216-RA	Scaffold-12	2.402.539	2.404.365	216	4,3	23254,82	30,55	stable	None

EK A.6 *A. lyrata*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. lyrata</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AlEXPA-01	AL1G23910.t1	scaffold-1	5.102.614	5.103.956	262	9,26	28819,55	24,08	Stable	XP_002889941.1
AlEXPA-02	AL1G33030.t1	scaffold-1	8.617.720	8.619.320	252	9,01	26816,38	30,18	stable	XP_020869773.1
AlEXPA-03	AL1G38930.t1	scaffold-1	11.168.452	11.170.120	251	9,15	26561,81	30,88	stable	XP_020870103.1
AlEXPA-04	AL2G12650.t1	scaffold-2	1.325.553	1.327.063	257	9,32	27791,55	33,31	stable	XP_002887988.1
AlEXPA-05	AL2G28670.t1	scaffold-2	13.821.591	13.823.163	248	9,26	26304,48	28,95	stable	XP_020891242.1
AlEXPA-06	AL3G12830.t1	scaffold-3	957.303	958.937	266	8,4	28947,63	42,15	unstable	XP_002884363.1
AlEXPA-07	AL3G27870.t1	scaffold-3	6.439.841	6.441.722	252	10,3	27611,45	40,00	unstable	XP_020888545.1
AlEXPA-08	AL4G23500.t1	scaffold-4	13.174.183	13.176.429	257	9,73	27829,70	40,75	unstable	XP_002881024.1
AlEXPA-09	AL4G34240.t1	scaffold-4	18.074.243	18.076.381	262	9,42	28216,91	30,07	stable	XP_002881524.1
AlEXPA-10	AL4G37130.t1	scaffold-4	19.245.408	19.247.152	257	9,76	27879,64	32,89	stable	XP_020884844.1
AlEXPA-11	AL4G38480.t1	scaffold-4	19.818.913	19.820.489	257	6,48	27530,61	33,37	stable	XP_002881731.1
AlEXPA-12	AL5G12660.t1	scaffold-5	1.544.355	1.546.278	253	9,39	27116,73	35,57	stable	XP_002876856.1
AlEXPA-13	AL5G18890.t1	scaffold-5	5.344.694	5.346.986	255	9,2	27626,50	35,10	stable	XP_020881677.1
AlEXPA-14	AL5G36650.t1	scaffold-5	17.515.724	17.517.108	260	9,53	28167,96	34,57	stable	XP_002878036.1
AlEXPA-15	AL6G11520.t1	scaffold-6	561.465	563.527	258	9,31	27789,58	21,85	stable	XP_002870966.1
AlEXPA-16	AL6G15130.t1	scaffold-6	1.912.555	1.913.727	253	4,96	27521,68	33,86	stable	XP_002871148.1
AlEXPA-17	AL6G51710.t1	scaffold-6	24.205.562	24.206.985	255	9,53	27842,95	32,54	stable	XP_002874967.1
AlEXPA-18	AL7G10110.t1	scaffold-7	39.667	40.771	256	8,69	27842,57	41,71	unstable	XP_002868837.1

EK A.6'nın devamı

AlEXPA-19	AL7G51170.t1	scaffold-7	23.350.350	23.351.764	297	9,11	31913,43	20,86	stable	XP_002868730.1
AlEXPA-20	AL7G51180.t1	scaffold-7	23.352.417	23.353.498	278	8,96	30624,43	22,61	stable	XP_002868731.1
AlEXPA-21	AL7G51190.t1	scaffold-7	23.354.369	23.355.597	279	8,91	30817,69	15,88	stable	XP_002868732.1
AlEXPA-22	AL7G51200.t1	scaffold-7	23.362.570	23.363.599	264	6,4	28424,36	24,78	stable	XP_020873007.1
AlEXPA-23	AL8G31950.t1	scaffold-8	17.444.878	17.446.560	255	9,72	27585,23	26,30	stable	XP_020871946.1
AlEXPB-01	AL3G53860.t1	scaffold-3	24.030.272	24.031.835	271	9,27	28953,23	43,11	unstable	XP_002884220.1
AlEXPB-02	AL5G42880.t1	scaffold-5	19.947.147	19.948.548	264	9,62	28393,10	38,87	stable	XP_002876567.1
AlEXPB-03	AL7G24350.t1	scaffold-7	5.830.662	5.832.693	264	9,04	28366,67	32,56	stable	XP_002867458.1
AlEXLA-01	AL5G24660.t1	scaffold-5	12.335.803	12.336.975	263	9,3	28732,99	33,30	stable	XP_020880860.1
AlEXLA-02	AL5G24680.t1	scaffold-5	12.339.263	12.340.439	265	8,27	28702,77	36,87	stable	XP_020880858.1
AlEXLA-03	AL7G10270.t1	scaffold-7	92.917	94.181	264	6,58	28593,50	42,08	unstable	XP_020872872.1
AlEXLB-01	AL7G37690.t1	scaffold-7	11.705.837	11.707.550	250	6,06	27891,68	33,83	stable	XP_002868090.1

EK A.7 *A. trichopoda*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. trichopoda</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğ u (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AtrEXPA-01	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00001.82	scaffold00001	1.497.523	1.500.310	262	8,85	28650,40	31,84	stable	XP_006828789.2
AtrEXPA-02	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00001.467	scaffold00001	10.329.683	103.30.606	256	6,26	27544,01	30,90	stable	XP_020532252.1
AtrEXPA-03	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00012.186	scaffold00012	4.969.003	4.971.421	258	9,48	28008,94	39,20	stable	XP_006846223.1
AtrEXPA-04	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00044.32	scaffold00044	618.419	621.652	253	8,90	27360,46	32,80	stable	XP_006855596.1
AtrEXPA-05	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00072.76	scaffold00072	1.877.746	1.878.330	194	7,57	21519,19	30,98	stable	XP_006833166.2
AtrEXPA-06	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00077.40	scaffold00077	646.587	648.898	253	7,53	27369,66	29,39	stable	XP_006842458.1
AtrEXPA-07	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00111.29	scaffold00111	588.121	591.846	212	4,80	22346,84	39,99	stable	XP_011621171.2

EK A.7'nin devamı

AtrEXPA-08	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00119.39	scaffold00119	583.968	585.397	247	6,78	26269,37	31,08	stable	XP_006829796.1
AtrEXPA-09	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00140.33	scaffold00140	852.482	854.421	261	9,67	29047,46	36,86	stable	XP_006843110.1
AtrEXPB-01	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00009.394	scaffold00009	8.699.039	8.702.732	219	8,99	23537,08	36,63	stable	XP_006827791.2
AtrEXLA-01	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00001.273	scaffold00001	5.529.996	5.531.660	260	7,50	28472,40	42,21	unstable	XP_006828980.1
AtrEXLB-01	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00002.111	scaffold00002	2.149.191	2.151.469	195	8,00	21418,18	54,22	unstable	XP_011621484.1
AtrEXLB-02	evm_27.model.AmTr_v1.0_scaffold00002.177	scaffold00002	3.516.968	3.519.868	250	5,42	27101,73	33,23	stable	XP_006838532.2

EK A.8 *B. distachyon*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>B. distachyon</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
BdEXPA-01	Bradi1g03640.1.p	Bd1	2.450.791	2.454.210	266	9,3	28833,80	48,01	unstable	XP_003563572.1
BdEXPA-02	Bradi1g35830.1.p	Bd1	31.544.739	31.547.803	263	8,58	28834,06	29,49	stable	XP_003563609.1
BdEXPA-03	Bradi1g51990.1.p	Bd1	50.574.293	50.575.761	282	7,47	29611,57	34,79	stable	XP_003561229.1
BdEXPA-04	Bradi1g61190.1.p	Bd1	60.731.477	60.733.062	257	9,94	27197,82	45,90	unstable	XP_010228562.1
BdEXPA-05	Bradi1g74710.1.p	Bd1	72.071.749	72.073.172	254	8,3	27499,14	30,63	stable	XP_003558781.1
BdEXPA-06	Bradi1g74720.1.p	Bd1	72.075.139	72.076.344	256	8,31	27365,98	22,06	stable	XP_014754964.2
BdEXPA-07	Bradi1g74740.1.p	Bd1	72.082.880	72.084.328	262	8,62	28043,66	45,30	unstable	XP_003562065.1
BdEXPA-08	Bradi1g74750.1.p	Bd1	72.085.875	72.087.408	256	8,82	27260,57	39,49	stable	XP_010229185.1
BdEXPA-09	Bradi2g08760.1.p	Bd2	7.113.160	7.114.388	254	9,34	27012,49	45,75	unstable	XP_003566358.1
BdEXPA-10	Bradi2g08780.1.p	Bd2	7.119.190	7.120.480	255	5,74	26985,02	45,87	unstable	XP_003566356.1
BdEXPA-11	Bradi2g10320.1.p	Bd2	8.503.669	8.511.139	246	8,13	25600,78	33,86	stable	XP_003566990.1
BdEXPA-12	Bradi2g22290.1.p	Bd2	19.821.758	19.823.699	251	8,33	26544,72	35,63	stable	XP_003568245.1
BdEXPA-13	Bradi2g31760.1.p	Bd2	31.446.227	31.447.692	254	8,92	27564,11	27,38	stable	XP_003568715.1
BdEXPA-14	Bradi2g53580.1.p	Bd2	52.510.047	52.511.843	252	6,25	26561,53	35,05	stable	XP_003564501.1
BdEXPA-15	Bradi3g09930.1.p	Bd3	8.136.206	8.137.395	289	9,04	31307,04	24,49	stable	XP_010234124.2
BdEXPA-16	Bradi3g09940.1.p	Bd3	8.139.968	8.141.818	217	9,22	23735,14	26,50	stable	XP_024318359.1
BdEXPA-17	Bradi3g09950.1.p	Bd3	8.144.063	8.145.382	262	9,15	28137,21	30,23	stable	XP_003572290.2
BdEXPA-18	Bradi3g09960.1.p	Bd3	8.147.632	8.148.907	263	8,99	28169,14	29,78	stable	XP_003572290.2

EK A.8'in devamı

BdEXPA-19	Bradi3g09967.1.p	Bd3	8.156.821	8.157.777	259	8,99	27939,82	27,23	stable	XP_003571191.1
BdEXPA-20	Bradi3g09990.1.p	Bd3	8.168.510	8.170.078	259	8,55	27856,74	31,32	stable	XP_003572309.1
BdEXPA-21	Bradi3g10100.1.p	Bd3	8.267.945	8.269.121	264	8,84	28033,89	23,82	stable	XP_003572367.1
BdEXPA-22	Bradi3g13720.1.p	Bd3	12.216.218	12.217.573	256	8,92	27216,97	29,13	stable	XP_003571317.1
BdEXPA-23	Bradi3g19500.1.p	Bd3	18.356.878	18.358.169	260	9,1	27966,93	31,00	stable	XP_003573638.1
BdEXPA-24	Bradi3g27440.1.p	Bd3	28.127.793	28.128.830	255	7,44	27246,83	27,96	stable	XP_003573966.1
BdEXPA-25	Bradi3g27450.1.p	Bd3	28.142.186	28.143.660	252	7,43	27010,46	32,97	stable	XP_003573968.1
BdEXPA-26	Bradi3g27460.1.p	Bd3	28.145.142	28.146.411	253	8,35	27356,93	26,14	stable	XP_003573970.2
BdEXPA-27	Bradi3g27470.1.p	Bd3	28.152.285	28.153.730	259	8,36	27251,84	31,41	stable	XP_003573969.2
BdEXPA-28	Bradi3g32070.1.p	Bd3	34.009.054	34.010.187	265	8,74	28132,03	25,56	stable	XP_003574256.2
BdEXPA-29	Bradi3g43080.1.p	Bd3	44.148.039	44.149.233	270	8,76	29446,46	30,17	stable	XP_003572510.1
BdEXPA-30	Bradi3g59460.1.p	Bd3	58.383.605	58.385.145	292	8,77	30177,73	41,21	unstable	XP_003573100.2
BdEXPA-31	Bradi4g41117.1.p	Bd4	45.255.141	45.257.150	256	8,92	26728,43	33,01	stable	XP_010238652.1
BdEXPA-32	Bradi5g04120.1.p	Bd5	5.356.220	5.357.378	261	8,71	27706,08	41,85	unstable	XP_003581525.1
BdEXPB-01	Bradi1g13787.3.p	Bd1	10.636.583	10.639.395	333	5,11	35160,78	28,48	stable	XP_024312657.1
BdEXPB-02	Bradi1g78120.1.p	Bd1	74.428.661	74.429.784	265	5,8	28418,99	32,53	stable	XP_010229338.1
BdEXPB-03	Bradi1g78340.2.p	Bd1	74.608.915	74.610.857	316	5,49	33794,91	46,58	unstable	XP_010229347.1
BdEXPB-04	Bradi1g78350.1.p	Bd1	74.614.499	74.616.864	272	9,21	29619,81	39,31	stable	XP_003559030.1
BdEXPB-05	Bradi2g35007.1.p	Bd2	34.868.327	34.870.006	260	8,84	28371,87	33,71	stable	XP_014754245.1
BdEXPB-06	Bradi3g32810.1.p	Bd3	34.947.178	34.949.171	266	9,05	28898,61	30,15	stable	XP_003574297.1
BdEXPB-07	Bradi3g33106.1.p	Bd3	35.232.472	35.234.051	269	5,79	29405,05	35,98	stable	XP_010234989.1
BdEXPB-08	Bradi3g33112.1.p	Bd3	35.236.010	35.237.313	270	7,59	29573,46	36,08	stable	XP_003574315.1

EK A.8'in devamı

BdEXPB-09	Bradi3g33120.1.p	Bd3	35.239.023	35.240.577	271	8,95	29827,44	29,41	stable	XP_010234990.1
BdEXPB-10	Bradi3g33130.1.p	Bd3	35.245.480	35.247.291	267	9,48	29373,20	37,11	stable	XP_003574316.1
BdEXPB-11	Bradi3g33140.1.p	Bd3	35.254.284	35.256.101	264	9,5	28813,67	36,77	stable	NP_001266870.1
BdEXPB-12	Bradi3g33150.1.p	Bd3	35.260.387	35.262.285	271	5,35	29061,69	25,26	stable	XP_003574319.1
BdEXPB-13	Bradi3g33160.1.p	Bd3	35.273.016	35.275.594	284	6,08	31162,98	25,75	stable	XP_010234991.1
BdEXPB-14	Bradi3g49850.1.p	Bd3	50.873.303	50.877.484	274	9,1	28831,81	29,53	stable	XP_010235764.1
BdEXPB-15	Bradi3g50730.2.p	Bd3	51.611.159	51.613.015	308	7,57	32199,34	36,24	stable	XP_003570031.4
BdEXPB-16	Bradi3g50740.1.p	Bd3	51.616.588	51.618.357	288	9,62	30144,43	42,66	unstable	XP_003570032.1
BdEXPB-17	Bradi3g50750.1.p	Bd3	51.632.246	51.633.991	292	8,75	30565,82	35,07	stable	XP_010235795.1
BdEXPB-18	Bradi4g00360.1.p	Bd4	154.439	155.494	266	8,65	28875,09	25,64	stable	XP_003577577.1
BdEXPB-19	Bradi4g41110.1.p	Bd4	45.252.211	45.253.442	270	6,41	28070,65	44,74	unstable	XP_003578832.1
BdEXPB-20	Bradi5g16497.1.p	Bd5	20.019.535	20.024.032	271	8,51	28453,47	27,54	stable	XP_003580193.1
BdEXPB-21	Bradi5g16497.2.p	Bd5	20.020.881	20.024.022	227	8,89	24139,63	33,65	stable	XP_024312228.1
BdEXPB-22	Bradi5g17760.1.p	Bd5	21.098.382	21.100.350	262	5,72	26518,91	24,46	stable	XP_024311837.1
BdEXPB-23	Bradi5g17770.1.p	Bd5	21.101.467	21.102.874	267	9,31	27919,65	42,82	unstable	XP_024311837.1
BdEXPB-24	Bradi5g17780.1.p	Bd5	21.104.049	21.105.466	262	8,49	27433,14	35,80	stable	XP_003580287.1
BdEXPB-25	Bradi5g19340.3.p	Bd5	22.513.203	22.516.723	257	8,09	27551,51	35,40	stable	XP_003580384.1
BdEXLA-01	Bradi1g28130.1.p	Bd1	23.306.718	23.309.461	273	8,98	29445,92	39,73	stable	XP_003563137.1
BdEXLA-02	Bradi1g30050.1.p	Bd1	25.533.131	25.534.756	311	8,8	33172,55	53,35	unstable	XP_003560323.1
BdEXLA-03	Bradi1g76260.1.p	Bd1	73.133.372	73.135.239	269	9,22	28865,04	34,09	stable	XP_003562133.1
BdEXLA-04	Bradi1g76270.1.p	Bd1	73.137.895	73.140.096	267	7,5	28475,38	44,04	unstable	XP_003562134.2
BdEXLA-05	Bradi3g32297.2.p	Bd3	34.422.771	34.425.820	444	9,47	46977,40	55,95	unstable	XP_003572024.2
BdEXLB-01	Bradi1g26990.2.p	Bd1	22.093.752	22.096.203	257	5,24	27878,41	37,12	stable	XP_003563074.2

EK A.9 *B. oleracea capitata*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>B. oleracea capitata</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
BolEXPA-01	Bol012822	C02	288.672	289.989	261	9,57	27813,75	23,84	Stable	XP_013620139.1
BolEXPA-02	Bol024474	C02	1.776.269	1.777.962	255	5,06	27737,87	40,59	unstable	None
BolEXPA-03	Bol028570	C02	13.569.549	13.570.560	249	9,62	26537,88	30,17	stable	XP_013612633.1
BolEXPA-04	Bol016568	C02	24.820.663	24.821.775	192	9,58	20959,68	28,46	stable	None
BolEXPA-05	Bol033171	C02	39.682.211	39.683.113	246	8,75	27161,91	31,40	stable	XP_013619888.1
BolEXPA-06	Bol033094	C02	40.656.976	40.658.423	255	9,32	27732,35	46,25	unstable	XP_013616412.1
BolEXPA-07	Bol020605	C03	11.625.872	11.629.230	368	9,61	40008,21	38,56	stable	XP_013622339.1
BolEXPA-08	Bol025756	C03	17.080.880	17.081.930	222	10,46	24708,28	35,60	stable	XP_013627477.1
BolEXPA-09	Bol030713	C03	19.120.952	19.122.195	255	9,88	27886,02	37,58	stable	XP_013619443.1
BolEXPA-10	Bol004851	C04	917.712	918.694	257	8,88	28205,25	30,14	stable	XP_013632395.1
BolEXPA-11	Bol025571	C04	5.160.696	5.162.888	263	9,53	28451,37	27,04	stable	None
BolEXPA-12	Bol008341	C04	15.498.209	15.500.218	258	9,45	27995,98	32,87	stable	XP_013635221.1
BolEXPA-13	Bol033258	C04	32.136.847	32.138.752	260	9,6	28226,21	34,76	stable	XP_013636069.1
BolEXPA-14	Bol025353	C04	38.202.381	38.203.548	180	10,44	19995,83	43,62	unstable	XP_013631553.1
BolEXPA-15	Bol005114	C04	38.962.381	38.963.613	258	8,07	27579,79	33,84	stable	XP_013634560.1
BolEXPA-16	Bol010450	C05	3.449.112	3.450.276	263	9,37	29297,20	26,50	stable	XP_013584946.1
BolEXPA-17	Bol011149	C05	28.099.738	28.100.814	251	10,2	27567,54	30,90	stable	None
BolEXPA-18	Bol023923	C06	7.394.104	7.395.013	240	9,22	25473,52	27,51	stable	XP_013592810.1
BolEXPA-19	Bol007218	C07	30.742.980	30.744.010	253	9,37	26952,46	37,93	stable	XP_013593473.1

EK A.9'un devamı

BolEXPA-20	Bol043003	C07	33.965.676	33.967.948	255	9,12	27694,21	40,79	unstable	XP_013593209.1
BolEXPA-21	Bol043027	C07	34.125.825	34.127.107	249	7,54	27228,96	24,03	stable	XP_013596991.1
BolEXPA-22	Bol023607	C08	22.018.662	22.019.927	252	9,23	26821,31	32,67	stable	XP_013602092.1
BolEXPA-23	Bol032269	C09	2.318.622	2.320.319	255	9,22	27599,21	41,26	unstable	XP_013606308.1
BolEXPA-24	Bol009904	C09	24.296.951	24.300.215	209	9,69	22706,52	29,20	stable	XP_013609998.1
BolEXPA-25	Bol044044	C09	39.151.902	39.153.276	256	8,29	27878,46	37,48	stable	XP_013609295.1
BolEXPB-01	Bol024200	C02	28.256.941	28.258.891	265	6,08	28264,99	32,15	stable	XP_013619958.1
BolEXPB-02	Bol029527	C03	13.112.957	13.114.857	276	8,97	29262,65	41,54	unstable	XP_013627924.1
BolEXPB-03	Bol030151	C04	2.700.065	2.701.120	262	4,7	27881,26	40,57	unstable	XP_013634827.1
BolEXPB-04	Bol030152	C04	2.712.497	2.713.304	195	5,12	20875,61	36,85	stable	XP_013635405.1
BolEXPB-05	Bol030153	C04	2.720.414	2.723.065	237	5,24	24687,89	36,90	stable	XP_013635411.1
BolEXPB-06	Bol030157	C04	2.762.802	2.763.438	141	4,52	14907,67	43,13	unstable	XP_013635405.1
BolEXPB-07	Bol030158	C04	2.772.508	2.773.835	266	5,64	27974,74	37,61	stable	XP_013635411.1
BolEXPB-08	Bol042385	C07	44.664.394	44.665.989	265	9,17	28729,13	38,23	stable	XP_013594109.1
BolEXPB-09	Bol038778	C09	21.380.605	21.381.907	265	9,63	28650,04	37,48	stable	XP_013595881.1
BolEXLB-01	Bol037155	C07	38.831.452	38.833.049	251	7,56	28120,06	27,98	stable	XP_013596310.1
BolEXLB-02	Bol037151	C07	38.849.263	38.851.408	250	6,51	27875,68	28,80	stable	XP_013596220.1

EK A.10 *B. stacei*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>B. stacei</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
BstEXPA-01	Brast01G104300.1.p	Chr-01	6.240.267	6.241.893	252	6,79	26558,53	35,89	stable	None
BstEXPA-02	Brast01G299000.1.p	Chr-01	22.459.525	22.462.238	246	7,54	25657,87	36,05	stable	None
BstEXPA-03	Brast01G317900.1.p	Chr-01	23.787.845	23.788.804	254	6,53	27069,10	46,03	unstable	None
BstEXPA-04	Brast01G318000.1.p	Chr-01	23.791.641	23.792.916	252	9,32	26931,50	36,73	stable	None
BstEXPA-05	Brast02G046200.1.p	Chr-02	2.541.767	2.543.143	257	8,93	27394,67	31,88	stable	None
BstEXPA-06	Brast02G046300.1.p	Chr-02	2.544.812	2.546.075	260	8,41	27856,42	50,28	unstable	None
BstEXPA-07	Brast02G046400.1.p	Chr-02	2.548.597	2.549.758	257	7,45	27492,98	24,48	stable	None
BstEXPA-08	Brast02G046500.1.p	Chr-02	2.551.803	2.553.046	253	8,01	27430,96	33,32	stable	None
BstEXPA-09	Brast02G196900.1.p	Chr-02	12.913.409	12.914.721	244	9,87	25767,27	46,62	unstable	None
BstEXPA-10	Brast02G362100.1.p	Chr-02	26.101.328	26.104.720	267	9,30	28847,73	41,75	unstable	None
BstEXPA-11	Brast03G048900.1.p	Chr-03	2.943.899	2.944.980	258	8,35	27757,67	24,37	stable	None
BstEXPA-12	Brast03G134300.1.p	Chr-03	12.888.285	12.889.292	255	7,42	27212,80	30,16	stable	None
BstEXPA-13	Brast03G134400.1.p	Chr-03	12.907.547	12.908.996	252	6,51	27036,60	30,92	stable	None
BstEXPA-14	Brast03G134500.1.p	Chr-03	12.910.249	12.911.438	254	8,30	27445,11	23,39	stable	None
BstEXPA-15	Brast03G134600.1.p	Chr-03	12.919.327	12.920.460	257	8,36	26926,50	29,23	stable	None
BstEXPA-16	Brast03G183400.1.p	Chr-03	17.092.023	17.093.129	272	9,10	28962,05	27,84	stable	None
BstEXPA-17	Brast03G308900.1.p	Chr-03	25.054.261	25.055.459	271	8,90	29695,85	26,21	stable	None
BstEXPA-18	Brast04G015800.1.p	Chr-04	846.195	847.736	280	9,05	29122,75	40,96	unstable	None
BstEXPA-19	Brast04G227000.1.p	Chr-04	16.805.258	16.806.865	259	8,84	27946,95	28,75	stable	None
BstEXPA-20	Brast04G227200.1.p	Chr-04	16.818.103	16.819.420	259	9,19	27878,87	31,89	stable	None
BstEXPA-21	Brast04G227500.1.p	Chr-04	16.828.243	16.829.683	264	9,29	28389,46	30,90	stable	None

EK A.10'un devamı

BstEXPA-22	Brast04G227700.1.p	Chr-04	16.857.118	16.858.351	262	9,06	28176,37	29,40	stable	None
BstEXPA-23	Brast04G227800.1.p	Chr-04	16.862.195	16.863.403	262	9,06	28190,27	29,60	stable	None
BstEXPA-24	Brast04G227900.1.p	Chr-04	16.869.328	16.870.477	259	8,82	28004,03	30,34	stable	None
BstEXPA-25	Brast07G005300.1.p	Chr-07	315.147	316.730	287	8,69	30276,35	36,97	stable	None
BstEXPA-26	Brast07G171000.1.p	Chr-07	15.762.651	15.765.483	265	8,37	29196,48	29,60	stable	None
BstEXPA-27	Brast07G236800.1.p	Chr-07	20.344.905	20.346.590	308	8,66	32090,23	51,53	unstable	None
BstEXPA-28	Brast08G085200.1.p	Chr-08	5.118.879	5.120.544	248	8,43	25932,04	36,12	stable	None
BstEXPA-29	Brast08G167900.1.p	Chr-08	14.406.417	14.407.764	255	8,80	27626,11	27,55	stable	None
BstEXPA-30	Brast09G038700.1.p	Chr-09	3.038.241	3.039.369	262	8,84	27651,04	43,32	unstable	None
BstEXPA-31	Brast09G182900.1.p	Chr-09	15.579.911	15.584.500	257	8,09	27511,49	36,90	stable	None
BstEXPB-01	Brast02G003800.1.p	Chr-02	191.007	193.24	274	8,91	29783,88	41,16	unstable	None
BstEXPB-02	Brast02G003900.1.p	Chr-02	197.261	199.501	316	5,40	33897,05	43,26	unstable	None
BstEXPB-03	Brast02G006900.1.p	Chr-02	336.139	337.246	266	5,80	28617,39	29,35	stable	None
BstEXPB-04	Brast02G245000.1.p	Chr-02	18.049.551	18.052.320	328	5,40	34843,50	34,66	stable	None
BstEXPB-05	Brast03G191600.1.p	Chr-03	17.629.310	17.630.954	266	8,98	29021,84	35,03	stable	None
BstEXPB-06	Brast03G195200.1.p	Chr-03	17.871.572	17.872.943	267	6,41	29206,87	33,64	stable	None
BstEXPB-07	Brast03G195300.1.p	Chr-03	17.875.369	17.876.769	271	6,98	29477,28	36,31	stable	None
BstEXPB-08	Brast03G195400.1.p	Chr-03	17.878.475	17.880.000	273	8,95	30014,60	32,77	stable	None
BstEXPB-09	Brast03G195500.1.p	Chr-03	17.881.481	17.882.989	267	9,48	29232,09	36,77	stable	None
BstEXPB-10	Brast03G195600.1.p	Chr-03	17.886.429	17.887.935	266	9,53	29158,19	34,46	stable	None
BstEXPB-11	Brast03G195700.1.p	Chr-03	17.892.639	17.894.349	268	5,35	28855,38	24,73	stable	None
BstEXPB-12	Brast03G195800.1.p	Chr-03	17.909.214	17.911.617	284	6,59	31148,95	25,65	stable	None
BstEXPB-13	Brast04G114800.1.p	Chr-04	7.321.319	7.323.018	292	8,86	30609,84	38,00	stable	None
BstEXPB-14	Brast04G114900.1.p	Chr-04	7.338.591	7.340.317	288	9,59	30238,59	40,63	unstable	None
BstEXPB-15	Brast04G115000.1.p	Chr-04	7.345.798	7.347.515	268	5,76	27844,20	37,34	stable	None
BstEXPB-16	Brast04G125500.1.p	Chr-04	8.080.412	8.084.745	275	9,04	28921,01	27,44	stable	None
BstEXPB-17	Brast05G251900.1.p	Chr-05	20.263.833	20.265.326	263	8,06	27596,09	35,49	stable	None

EK A.10'un devamı

BstEXPB-18	Brast05G252000.1.p	Chr-05	20.268.426	20.269.775	257	5,87	26464,68	35,64	stable	None
BstEXPB-19	Brast08G197900.1.p	Chr-08	17.105.173	17.106.206	267	6,51	29231,60	39,29	stable	None
BstEXPB-20	Brast09G151800.1.p	Chr-09	13.447.267	13.451.406	270	8,79	28439,53	27,66	stable	None
BstEXPB-21	Brast09G165600.1.p	Chr-09	14.375.286	14.377.044	260	6,78	26577,99	26,83	stable	None
BstEXPB-22	Brast09G165700.1.p	Chr-09	14.380.177	14.381.698	267	9,31	27807,54	37,04	stable	None
BstEXPB-23	Brast09G165800.1.p	Chr-09	14.382.891	14.384.267	262	8,77	27402,21	35,77	stable	None
BstEXPB-24	Brast10G002100.1.p	Chr-10	139.504	140.557	267	8,48	28815,99	29,73	stable	None
BstEXLA-01	Brast02G029800.1.p	Chr-02	1.595.712	1.597.477	268	8,01	28256,19	36,24	stable	None
BstEXLA-02	Brast02G029900.1.p	Chr-02	1.598.380	1.600.186	271	9,25	29087,28	32,95	stable	None
BstEXLA-03	Brast03G186200.1.p	Chr-03	17.315.964	17.317.902	294	8,98	30526,67	39,72	stable	None
BstEXLA-04	Brast06G131000.1.p	Chr-06	9.119.732	9.122.754	273	9,07	29529,01	41,01	unstable	None
BstEXLB-01	Brast06G121000.1.p	Chr-06	7.943.830	7.945.131	249	4,94	26810,13	33,83	stable	None

EK A.11 *B. stricta*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>B. stacei</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
BosEXPA-01	Bostr.0556s0121.1.p	Scaffold-556	744.611	746.38	253	9,39	27094,75	34,67	stable	None
BosEXPA-02	Bostr.0556s0552.1.p	Scaffold-556	3.409.977	3.412.561	256	9,20	27691,40	36,85	stable	None
BosEXPA-03	Bostr.0556s0592.1.p	Scaffold-556	3.666.504	3.667.708	257	8,75	28686,04	27,30	stable	None
BosEXPA-04	Bostr.2902s0290.1.p	Scaffold-2902	1.396.653	1.397.790	262	9,36	28728,12	21,17	stable	None
BosEXPA-05	Bostr.4824s0001.1.p	Scaffold-4824	1.636	2.710	208	9,60	22938,07	33,48	stable	None
BosEXPA-06	Bostr.4825s0013.1.p	Scaffold-4825	92.414	93.856	251	9,51	27274,13	32,94	stable	None
BosEXPA-07	Bostr.6251s0047.1.p	Scaffold-6251	233.296	235.581	258	9,49	27640,52	24,08	stable	None
BosEXPA-08	Bostr.7128s0621.1.p	Scaffold-7128	2.895.035	2.896.597	254	9,00	27066,64	32,58	stable	None
BosEXPA-09	Bostr.9345s0073.1.p	Scaffold-9345	369.804	371.454	257	6,48	27518,55	36,84	stable	None
BosEXPA-10	Bostr.10273s0412.1.p	Scaffold-10273	2.465.883	2.467.634	248	9,18	26295,63	31,01	stable	None
BosEXPA-11	Bostr.12659s0322.1.p	Scaffold-12659	1.773.183	1.774.792	251	9,36	26510,74	32,96	stable	None
BosEXPA-12	Bostr.13129s0435.1.p	Scaffold-13129	2.036.607	2.037.917	255	4,70	27669,81	31,01	stable	None
BosEXPA-13	Bostr.13671s0203.1.p	Scaffold-13671	1.049.346	1.050.471	263	9,39	29013,85	25,01	stable	None
BosEXPA-14	Bostr.19046s0033.1.p	Scaffold-19046	126.191	128.032	267	8,09	29061,83	42,97	unstable	None
BosEXPA-15	Bostr.22157s0025.1.p	Scaffold-22157	147.635	149.137	257	9,34	27804,48	30,85	stable	None
BosEXPA-16	Bostr.23794s0099.1.p	Scaffold-23794	584.077	585.800	257	9,76	27803,53	35,38	stable	None
BosEXPA-17	Bostr.23794s0313.1.p	Scaffold-23794	1.740.472	1.742.523	262	9,53	28276,07	29,82	stable	None
BosEXPA-18	Bostr.25542s0010.1.p	Scaffold-25542	44.939	47.269	255	8,68	27724,39	39,82	stable	None
BosEXPA-19	Bostr.25849s0012.1.p	Scaffold-25849	101.674	108.571	279	9,25	30008,00	15,73	stable	None

EK A.11'in devamı

BosEXPA-20	Bostr.25849s0013.1.p	Scaffold-25849	109.611	110.839	253	8,81	28111,48	19,77	stable	None
BosEXPA-21	Bostr.25849s0014.1.p	Scaffold-25849	114.764	115.767	274	8,88	30029,50	23,03	stable	None
BosEXPA-22	Bostr.26833s0631.1.p	Scaffold-26833	3.364.509	3.366.236	255	9,77	27674,41	25,85	stable	None
BosEXPA-23	Bostr.27991s0025.1.p	Scaffold-27991	251.087	253.440	256	9,73	27850,72	41,77	unstable	None
BosEXPA-24	Bostr.28625s0163.1.p	Scaffold-28625	874.223	875.269	252	10,37	27606,52	39,24	stable	None
BosEXPB-01	Bostr.7867s0661.1.p	Scaffold-7867	3.226.218	3.228.241	264	8,96	28532,79	32,78	stable	None
BosEXPB-02	Bostr.7903s0083.1.p	Scaffold-7903	394.102	395.781	274	9,39	29300,80	42,59	unstable	None
BosEXPB-03	Bostr.13158s0057.1.p	Scaffold-13158	294.387	296.077	274	9,66	29646,71	42,05	unstable	None
BosEXPB-04	Bostr.25993s0263.1.p	Scaffold-25993	1.300.215	1.301.851	260	8,67	27592,30	30,72	stable	None
BosEXPB-05	Bostr.25993s0264.1.p	Scaffold-25993	1.303.524	1.304.765	274	4,95	29031,81	34,45	stable	None
BosEXLA-01	Bostr.18473s0342.1.p	Scaffold-18473	1.859.548	1.866.894	225	9,47	24915,62	38,81	stable	None
BosEXLA-02	Bostr.24950s0001.1.p	Scaffold-24950	202	1.364	264	8,90	28671,88	45,23	unstable	None
BosEXLA-03	Bostr.25542s0026.1.p	Scaffold-25542	95.891	97.336	264	6,57	28386,26	39,88	stable	None
BosEXLB-01	Bostr.30275s0157.1.p	Scaffold-30275	1.004.759	1.006.758	250	7,02	27859,69	36,34	stable	None

EK A.12 *C. clementina*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. clementina</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CclEXPA-01	Ciclev10010279m	scaffold-1	17.893.358	17.894.719	257	9,96	28555,66	42,47	unstable	XP_006451897.2
CclEXPA-02	Ciclev10017738m	scaffold-2	115.380	116.326	247	9,49	26252,73	18,08	stable	XP_006445551.1
CclEXPA-03	Ciclev10024605m	scaffold-3	6.588.465	6.589.807	266	9,33	29079,19	27,71	stable	XP_006440490.1
CclEXPA-04	Ciclev10021897m	scaffold-3	7.337.405	7.339.222	246	8,64	26232,42	36,49	stable	XP_006440617.1
CclEXPA-05	Ciclev10021887m	scaffold-3	41.095.306	41.096.701	247	9,32	26521,90	36,65	stable	XP_006443365.1
CclEXPA-06	Ciclev10023630m	scaffold-3	47.243.416	47.244.382	255	9,42	27973,76	36,00	stable	XP_024948261.1
CclEXPA-07	Ciclev10032484m	scaffold-4	164.208	166.483	260	9,47	28038,80	34,52	stable	XP_006435550.1
CclEXPA-08	Ciclev10032524m	scaffold-4	2.153.718	2.155.194	254	8,07	27005,18	29,79	stable	XP_006435913.1
CclEXPA-09	Ciclev10033831m	scaffold-4	20.882.554	20.885.304	293	7,95	31914,21	33,00	stable	ESR51203.1
CclEXPA-10	Ciclev10032545m	scaffold-4	24.005.221	24.007.211	249	9,2	26578,70	35,24	stable	XP_006438715.1
CclEXPA-11	Ciclev10002233m	scaffold-5	42.243.513	42.244.971	255	9,1	27552,26	26,94	stable	XP_006435242.1
CclEXPA-12	Ciclev10011981m	scaffold-6	5.407.450	5.408.659	375	8,77	41497,75	50,95	unstable	XP_006428476.1
CclEXPA-13	Ciclev10012518m	scaffold-6	14.194.454	14.196.761	259	9,81	27944,83	26,13	stable	XP_006429095.1
CclEXPA-14	Ciclev10013804m	scaffold-6	17.532.972	17.534.087	256	8,9	27719,33	28,09	stable	XP_006429564.1
CclEXPA-15	Ciclev10012472m	scaffold-6	21.446.971	21.449.098	267	8,39	29282,27	39,67	stable	XP_006430408.1
CclEXPA-16	Ciclev10012611m	scaffold-6	25.033.676	25.035.365	240	9,26	26089,41	33,79	stable	XP_024038574.1
CclEXPA-17	Ciclev10013813m	scaffold-6	25.387.682	25.388.780	259	9,01	28284,31	28,38	stable	ESR44519.1
CclEXPA-18	Ciclev10029135m	scaffold-8	177.831	178.744	250	8,35	27729,38	36,52	stable	XP_006422415.1

EK A.12'nin devamı

CclEXPA-19	Ciclev10029094m	scaffold-8	23.533.364	23.535.946	259	9,53	28062,03	43,72	unstable	XP_006424843.1
CclEXPB-01	Ciclev10016270m	scaffold-2	18.181.400	18.183.878	268	8,43	28903,88	39,37	stable	XP_006447346.1
CclEXPB-02	Ciclev10016660m	scaffold-2	18.181.400	18.182.978	216	6,5	23434,69	39,59	stable	ESR60585.1
CclEXPB-03	Ciclev10021623m	scaffold-3	50.119.464	50.120.716	274	5,83	29218,04	45,49	unstable	XP_006445330.1
CclEXPB-04	Ciclev10005627m	scaffold-9	26.809.709	26.811.810	269	5,84	28574,06	41,91	unstable	XP_006421608.1
CclEXLA-01	Ciclev10029088m	scaffold-8	502.052	503.766	261	8,44	28359,29	30,21	stable	XP_006422480.1
CclEXLA-02	Ciclev10029905m	scaffold-8	651.326	652.763	259	9,09	28445,83	40,66	stable	XP_006422510.1
CclEXLB-01	Ciclev10024449m	scaffold-3	4.849.943	4.851.220	235	4,89	25776,23	31,13	stable	XP_006440176.2
CclEXLB-02	Ciclev10024410m	scaffold-3	4.860.248	4.861.481	247	5,09	27138,00	35,69	stable	XP_006440178.1
CclEXLB-03	Ciclev10021884m	scaffold-3	4.867.451	4.869.045	247	6,13	27235,91	23,78	stable	XP_006440179.1
CclEXLB-04	Ciclev10032508m	scaffold-4	11.827.037	11.828.869	257	5,07	27943,41	37,41	stable	XP_006436816.1
CclEXLB-05	Ciclev10002142m	scaffold-5	1.443.600	1.445.440	273	6,51	30561,82	40,41	unstable	ESR44712.1
CclEXLB-06	Ciclev10002456m	scaffold-5	1.443.600	1.445.440	213	8,38	24066,62	38,03	stable	ESR44713.1

EK A.13 *C. grandiflora*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. grandiflora</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CgrEXPA-01	Cagra.0003S0041.1.p	Scaffold-3	144.681	146.062	260	9,60	27895,73	34,05	stable	None
CgrEXPA-02	Cagra.0007S0086.1.p	Scaffold-7	293.248	294.257	252	10,49	27745,76	42,22	unstable	None
CgrEXPA-03	Cagra.0334S0008.1.p	Scaffold-334	30.161	30.996	251	9,73	27253,21	32,07	stable	None
CgrEXPA-04	Cagra.0487S0017.1.p	Scaffold-487	73.356	75.746	258	9,61	27678,58	21,67	stable	None
CgrEXPA-05	Cagra.0534S0007.1.p	Scaffold-534	36.845	38.560	253	9,40	27074,74	35,92	stable	None
CgrEXPA-06	Cagra.0568S0167.1.p	Scaffold-568	579.320	580.365	263	9,33	28982,80	25,37	stable	None
CgrEXPA-07	Cagra.0716S0085.1.p	Scaffold-716	333.397	335.104	257	9,76	27860,64	31,33	stable	None
CgrEXPA-08	Cagra.0887S0002.1.p	Scaffold-887	4.273	5.977	250	9,30	26584,97	33,90	stable	None
CgrEXPA-09	Cagra.1150S0024.1.p	Scaffold-1150	94.938	96.656	184	6,78	19055,04	25,82	stable	None
CgrEXPA-10	Cagra.1383S0011.1.p	Scaffold-1383	36.578	37.434	236	8,76	25871,54	39,58	stable	None
CgrEXPA-11	Cagra.1475S0004.1.p	Scaffold-1475	5.251	7.156	258	9,20	27888,59	36,80	stable	None
CgrEXPA-12	Cagra.1504S0034.1.p	Scaffold-1504	116.740	117.690	255	5,25	27593,93	35,35	stable	None
CgrEXPA-13	Cagra.1642S0026.1.p	Scaffold-1642	81.744	83.027	258	7,53	27571,66	35,48	stable	None
CgrEXPA-14	Cagra.1670S0005.1.p	Scaffold-1670	16.979	18.294	257	9,38	27954,75	37,60	stable	None
CgrEXPA-15	Cagra.1960S0011.1.p	Scaffold-1960	64.182	66.037	250	9,53	27042,77	43,81	unstable	None
CgrEXPA-16	Cagra.1968S0031.1.p	Scaffold-1968	92.243	93.378	255	9,36	27962,88	27,00	stable	None
CgrEXPA-17	Cagra.2098S0064.1.p	Scaffold-2098	226.653	228.496	266	8,40	29042,81	42,71	unstable	None
CgrEXPA-18	Cagra.3802S0010.1.p	Scaffold-3802	32.711	34.340	258	7,56	28476,48	21,66	stable	None

EK A.13'ün devamı

CgrEXPA-19	Cagra.5862S0023.1.p	Scaffold-5862	68.406	69.534	255	9,72	27480,20	22,74	stable	None
CgrEXPA-20	Cagra.6845S0001.1.p	Scaffold-6845	51	1.035	202	8,75	21906,07	26,17	stable	None
CgrEXPA-21	Cagra.7354S0003.1.p	Scaffold-7354	10.413	11.696	252	8,90	26793,26	35,18	stable	None
CgrEXPA-22	Cagra.18121S0005.1.p	Scaffold-18121	17.744	19.873	262	9,33	28174,89	29,54	stable	None
CgrEXPA-23	Cagra.20943S0001.1.p	Scaffold-20943	96	596	166	9,59	18649,52	14,96	stable	None
CgrEXPA-24	Cagra.20943S0002.1.p	Scaffold-20943	2.512	3.490	270	8,46	29872,41	19,45	stable	None
CgrEXPA-25	Cagra.20943S0003.1.p	Scaffold-20943	4.319	5.323	241	8,69	26361,05	28,34	stable	None
CgrEXPB-01	Cagra.0239S0061.1.p	Scaffold-239	221.746	222.853	275	5,11	29146,06	32,38	stable	None
CgrEXPB-02	Cagra.0239S0062.1.p	Scaffold-239	224.982	226.197	260	8,31	27536,36	37,34	stable	None
CgrEXPB-03	Cagra.0802S0004.1.p	Scaffold-802	6.896	8.510	271	9,47	29193,70	46,35	unstable	None
CgrEXPB-04	Cagra.1225S0072.1.p	Scaffold-1225	259.212	261.307	264	9,14	28327,64	36,18	stable	None
CgrEXPB-05	Cagra.6011S0003.1.p	Scaffold-6011	13.606	14.784	264	9,59	28438,03	40,92	unstable	None
CgrEXLA-01	Cagra.1383S0027.1.p	Scaffold-1383	86.168	87.127	263	8,00	28269,35	42,42	unstable	None
CgrEXLB-01	Cagra.0812S0006.1.p	Scaffold-812	24.972	26.574	250	6,37	27787,62	35,82	stable	None

EK A.14 *C. papaya*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. papaya</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunlu ğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CpEXPA-01	evm.model.supercontig_1.46	supercontig_1	854.482	855.428	249	9,26	26509,81	35,76	Stable	XP_021910510.1
CpEXPA-02	evm.model.supercontig_1.419	supercontig_1	5.171.274	5.172.832	259	9,53	28095,15	42,04	unstable	XP_021910419.1
CpEXPA-03	evm.model.supercontig_2.303	supercontig_2	3.653.829	3.655.238	293	6,73	31629,22	36,73	stable	XP_021909806.1
CpEXPA-04	evm.model.supercontig_5.156	supercontig_5	1.237.024	1.238.967	257	9,41	28853,71	30,58	stable	XP_021908555.1
CpEXPA-05	evm.model.supercontig_14.96	supercontig_14	1.095.707	1.097.036	258	9,46	27978,78	37,82	stable	XP_021905407.1
CpEXPA-06	evm.model.supercontig_19.63	supercontig_19	463.388	464.740	254	6,86	27247,41	30,29	stable	XP_021904225.1
CpEXPA-07	evm.model.supercontig_26.280	supercontig_26	1.853.556	1.854.508	253	9,23	27348,14	22,92	stable	XP_021902586.1
CpEXPA-08	evm.model.supercontig_29.39	supercontig_29	356.326	357.430	261	9,34	28424,43	27,27	stable	XP_021901701.1
CpEXPA-09	evm.model.supercontig_51.87	supercontig_51	898.990	900.404	248	9,53	26523,97	39,96	stable	XP_021898181.1
CpEXPA-10	evm.model.supercontig_57.49	supercontig_57	790.529	791.710	247	9,53	26722,39	32,20	stable	XP_021897261.1
CpEXPA-11	evm.model.supercontig_80.51	supercontig_80	410.399	411.481	251	9,62	27719,66	46,07	unstable	XP_021894662.1

EK A.14'ün devamı

CpEXPA-12	evm.model.supercontig_81. 134	supercontig_8 1	678.142	680.232	263	9,69	28612,73	34,56	stable	XP_021894564 .1
CpEXPA-13	evm.model.supercontig_11 1.17	supercontig_1 11	431.231	432.561	246	9,33	26478,01	30,96	stable	XP_021891837 .1
CpEXPA-14	evm.model.supercontig_11 9.14	supercontig_1 19	70.551	71.477	248	9,44	26885,69	23,92	stable	XP_021891121 .1
CpEXPA-15	evm.model.supercontig_17 8.23	supercontig_1 78	233.830	236.339	275	8,09	29862,92	40,12	unstable	XP_021888079 .1
CpEXPA-16	evm.model.supercontig_26 0.6	supercontig_2 60	166.531	168.553	283	9,58	30715,03	35,11	stable	XP_021912501 .1
CpEXPA-17	evm.model.supercontig_97 6.1	supercontig_9 76	8.322	9.308	240	8,56	26502,24	18,50	stable	XP_021897860 .1
CpEXPA-18	evm.model.supercontig_14 70.1	supercontig_1 470	2.390	3.415	255	8,94	28446,75	32,39	stable	XP_021892419 .1
CpEXPB-01	evm.model.supercontig_34. 142	supercontig_3 4	1.283.195	1.286.181	268	8,08	29330,33	42,47	unstable	XP_021901045 .1
CpEXPB-02	evm.model.supercontig_49. 141	supercontig_4 9	1.061.055	1.062.608	257	7,51	27343,74	30,62	stable	XP_021898530 .1
CpEXPB-03	evm.model.supercontig_21 2.10	supercontig_2 12	326.111	327.337	274	4,57	29343,88	37,43	stable	XP_021887094 .1
CpEXPB-04	evm.model.supercontig_19 96.1	supercontig_1 996	9.657	11.471	274	7,99	29446,34	36,29	stable	XP_021889658 .1
CpEXLA-01	evm.model.supercontig_20. 162	supercontig_2 0	1.662.845	1.664.385	258	8,29	27831,85	37,17	stable	XP_021903627 .1
CpEXLB-01	evm.TU.contig_34171.1	contig_34171	1.933	3.255	246	5,73	27115,01	31,18	stable	XP_021911355 .1

EK A.15 *C. sativus*'a ait TabloS1

EXP Adı	Cucurbit Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. sativus</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CsEXPA-01	CsGy1G002410.1	Chr1	1.499.443	1.500.347	252	8,57	26651,99	32,18	stable	KGn63678.1
CsEXPA-02	CsGy1G005460.1	Chr1	3.597.132	3.598.291	246	9,00	26071,51	34,91	stable	XP_004137414.1
CsEXPA-03	CsGy1G022650.1	Chr1	21.619.249	21.621.202	259	9,55	27784,74	32,76	stable	KGn65728.1
CsEXPA-04	CsGy2G008490.1	Chr2	7.562.051	7.564.281	244	9,17	26272,84	36,40	stable	XP_004138914.1
CsEXPA-05	CsGy2G016740.1	Chr2	27.057.025	27.059.404	258	9,37	28185,95	21,13	stable	NP_001267591.1
CsEXPA-06	CsGy3G003370.1	Chr3	2.705.692	2.706.619	264	9,54	28936,12	30,62	stable	XP_004147965.2
CsEXPA-07	CsGy3G006240.1	Chr3	5.274.336	5.277.140	254	9,47	28341,28	41,38	unstable	XP_004133706.1
CsEXPA-08	CsGy4G008340.1	Chr4	6.331.303	6.332.377	258	8,08	28802,95	22,52	stable	KGn53632.1
CsEXPA-09	CsGy4G014170.1	Chr4	19.059.648	19.061.110	259	9,55	28120,93	32,37	stable	KGn54256.1
CsEXPA-10	CsGy5G003310.1	Chr5	2.168.846	2.170.588	260	9,37	28467,56	36,88	stable	XP_004144001.1
CsEXPA-11	CsGy5G007060.1	Chr5	4.850.395	4.852.829	259	9,50	28102,99	44,98	unstable	XP_004147685.1
CsEXPA-12	CsGy5G013540.1	Chr5	17.571.056	17.581.086	268	8,09	28970,73	41,87	unstable	XP_004148906.1
CsEXPA-13	CsGy5G017510.1	Chr5	23.789.737	23.791.044	263	9,20	28601,52	35,92	stable	KGn51323.1
CsEXPA-14	CsGy5G023420.1	Chr5	28.428.710	28.430.610	248	9,10	26286,34	37,64	stable	XP_004135171.1
CsEXPA-15	CsGy5G028430.1	Chr5	32.088.742	32.090.037	190	7,54	20121,62	33,27	stable	XP_004141444.1
CsEXPA-16	CsGy6G002200.1	Chr6	1.582.617	1.584.097	245	6,86	26191,31	29,37	stable	XP_004138396.1
CsEXPA-17	CsGy6G011740.1	Chr6	10.254.309	10.255.547	268	8,67	30089,09	43,42	unstable	XP_004145809.1
CsEXPA-18	CsGy6G014250.1	Chr6	12.586.862	12.587.915	258	9,65	28017,94	40,52	unstable	XP_004143121.1

EK A.15'in devamı

CsEXPA-19	CsGy6G024340.1	Chr6	24.209.244	24.210.578	280	9,54	31038,50	29,79	stable	XP_004143366.1
CsEXPA-20	CsGy7G001980.1	Chr7	1.661.650	1.662.970	252	6,42	27910,58	34,36	stable	XP_004153758.1
CsEXPB-01	CsGy3G007410.1	Chr3	6.431.381	6.433.306	273	5,14	28659,02	45,75	unstable	XP_004133769.1
CsEXPB-02	CsGy6G010650.1	Chr6	9.137.092	9.138.732	269	8,36	29398,48	30,69	stable	XP_004139938.1
CsEXPB-03	CsGy7G004140.1	Chr7	3.091.715	3.094.911	269	9,19	29400,58	26,29	stable	XP_004136819.1
CsEXLA-01	CsGy1G030680.1	Chr1	29.127.742	29.129.392	265	9,09	29945,79	33,38	stable	XP_011660185.2
CsEXLA-02	CsGy7G001290.1	Chr7	1.265.185	1.267.246	266	7,39	29982,06	36,48	stable	XP_004144876.1
CsEXLA-03	CsGy7G001300.1	Chr7	1.270.227	1.271.598	263	8,57	29335,43	32,82	stable	XP_004144877.1
CsEXLA-04	CsGy7G001310.1	Chr7	1.274.986	1.276.374	257	8,88	28836,06	31,40	stable	XP_004144933.1
CsEXLA-05	CsGy7G001320.1	Chr7	1.279.085	1.280.888	264	8,27	29262,40	35,17	stable	XP_004144934.3
CsEXLA-06	CsGy7G001330.1	Chr7	1.283.322	1.284.684	213	8,59	23733,16	24,20	stable	XP_004153088.1
CsEXLA-07	CsGy7G001340.1	Chr7	1.287.754	1.289.045	262	8,25	29145,23	36,26	stable	XP_031744987.1
CsEXLA-08	CsGy7G001350.1	Chr7	1.292.949	1.294.910	266	7,94	29802,19	33,76	stable	XP_004153444.1
CsEXLB-01	CsGy3G044780.1	Chr3	41.485.025	41.487.078	254	6,92	28387,19	27,78	stable	XP_004148383.1

EK A.16 *C. sinensis*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. sinensis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CisEXPA-01	orange1.1g042474m	scaffold-1	3.690.056	3.691.022	255	9,42	27973,76	36,00	stable	XP_024948261.1
CisEXPA-02	orange1.1g025298m	scaffold-2	4.117.850	4.119.125	255	9,10	27552,26	26,94	stable	XP_006435242.1
CisEXPA-03	orange1.1g044678m	scaffold-3	52.378	53.220	239	7,53	26244,87	24,64	stable	KDO81806.1
CisEXPA-04	orange1.1g025740m	scaffold-3	3.122.579	3.124.421	249	9,19	26550,68	34,93	stable	XP_006438715.1
CisEXPA-05	orange1.1g041395m	scaffold-12	98.269	99.619	257	9,96	28555,66	42,47	unstable	XP_006451897.2
CisEXPA-06	orange1.1g046524m	scaffold-14	204.529	206.515	259	9,53	28048,00	43,39	unstable	XP_006488339.1
CisEXPA-07	orange1.1g026331m	scaffold-15	1.309.857	1.311.291	240	9,37	26108,45	33,79	stable	KDO72599.1
CisEXPA-08	orange1.1g040256m	scaffold-15	1.667.638	1.668.416	228	8,91	24787,16	23,92	stable	XP_006482786.1
CisEXPA-09	orange1.1g024916m	scaffold-21	1.506.643	1.507.954	260	9,47	28038,80	34,52	stable	XP_006435550.1
CisEXPA-10	orange1.1g025617m	scaffold-23	1.311.195	1.312.115	250	8,35	27729,38	36,52	stable	XP_006422415.1
CisEXPA-11	orange1.1g045913m	scaffold-40	497.673	499.079	266	8,97	29015,91	32,34	stable	XP_006477588.1
CisEXPA-12	orange1.1g024520m	scaffold-40	499.768	501.363	266	9,33	29045,17	28,43	stable	KDO63642.1
CisEXPA-13	orange1.1g024457m	scaffold-91	122.635	125.253	267	7,57	29422,43	40,73	unstable	XP_006430408.1
CisEXPA-14	orange1.1g025919m	scaffold-111	232.320	233.728	246	8,64	26232,42	36,49	stable	XP_006440617.1
CisEXPA-15	orange1.1g025827m	scaffold-123	338.655	339.601	247	9,49	26252,73	18,07	stable	XP_006445551.1
CisEXPA-16	orange1.1g025025m	scaffold-189	146.551	148.690	259	9,81	27930,80	26,13	stable	XP_006480833.1
CisEXPA-17	orange1.1g025193m	scaffold-233	238.478	239.587	256	8,90	27731,34	29,59	stable	KDO49685.1
CisEXPA-18	orange1.1g025809m	scaffold-533	90.585	92.259	247	9,22	26507,83	36,33	stable	KDO43109.1
CisEXPA-19	orange1.1g025347m	scaffold-547	77.987	79.681	254	8,07	27049,23	28,48	stable	NP_001275780.1

EK A.16'nin devamı

CisEXPA-20	orange1.1g048775m	scaffold-625	68.223	68.912	229	7,90	25194,20	28,68	stable	KDO42302.1
CisEXPB-01	orange1.1g023962m	scaffold-1	887.603	888.780	274	5,83	29218,04	45,49	unstable	XP_006445330.1
CisEXPB-02	orange1.1g024303m	scaffold-224	218.756	220.646	269	5,84	28588,09	41,91	unstable	KDO49968.1
CisEXPB-03	orange1.1g044280m	scaffold-279	199.366	201.231	268	8,31	28916,85	39,30	stable	KDO48168.1
CisEXPB-04	orange1.1g044689m	scaffold-5690	720	2.548	253	5,47	26934,09	42,80	unstable	XP_006490154.1
CisEXLA-01	orange1.1g025007m	scaffold-23	848.680	850.117	259	9,09	28445,83	40,66	unstable	XP_006422510.1
CisEXLA-02	orange1.1g024895m	scaffold-23	992.384	994.168	261	8,44	28387,31	30,54	stable	XP_006486648.1
CisEXLA-03	orange1.1g029804m	scaffold-23	992.592	994.168	187	8,56	20761,52	29,11	stable	KDO68254.1
CisEXLB-01	orange1.1g025837m	scaffold-95	324.161	325.758	247	5,08	27118,56	26,21	stable	KDO57054.1
CisEXLB-02	orange1.1g025808m	scaffold-170	52.224	53.868	247	5,93	27514,16	37,02	stable	XP_006470179.1
CisEXLB-03	orange1.1g025810m	scaffold-2734	2.534	4.031	247	5,03	26977,71	27,76	stable	KDO38685.1

EK A.17 *D. carota*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>D. carota</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
DcEXPA-01	DCAR_000891	Chr1	5.474.817	5.476.079	256	9,46	28190,32	28,81	stable	XP_017245319.1
DcEXPA-02	DCAR_005350	Chr2	12.135.869	12.137.140	260	9,65	28113,97	38,70	stable	XP_017231088.1
DcEXPA-03	DCAR_005669	Chr2	16.961.597	16.962.577	262	9,46	28884,12	29,43	stable	XP_017234037.1
DcEXPA-04	DCAR_005967	Chr2	20.391.173	20.396.058	564	9,36	61096,82	45,65	unstable	XP_017235094.1
DcEXPA-05	DCAR_007168	Chr2	31.999.444	32.000.420	249	8,63	26420,58	26,42	stable	XP_017231553.1
DcEXPA-06	DCAR_009505	Chr3	8.134.537	8.135.520	255	9,51	27554,39	30,98	stable	XP_017240442.1
DcEXPA-07	DCAR_009506	Chr3	8.143.758	8.144.736	255	9,43	27591,47	29,99	stable	XP_017241888.1
DcEXPA-08	DCAR_010061	Chr3	14.275.929	14.279.279	264	7,53	28674,59	31,22	stable	XP_017237204.1
DcEXPA-09	DCAR_011088	Chr3	32.180.716	32.182.077	242	9,6	26359,79	29,17	stable	XP_017241711.1
DcEXPA-10	DCAR_012094	Chr3	43.784.355	43.787.610	262	9,62	28348,42	35,26	stable	XP_017243429.1
DcEXPA-11	DCAR_013889	Chr4	26.615.778	26.616.755	256	9,22	27382,99	22,03	stable	XP_017247158.1
DcEXPA-12	DCAR_013695	Chr4	28.190.697	28.191.623	247	9,32	26566,85	27,09	stable	XP_017247241.1
DcEXPA-13	DCAR_016738	Chr5	7.223.610	7.227.876	271	7,95	29054,79	28,41	stable	XP_017249677.1
DcEXPA-14	DCAR_017148	Chr5	11.966.430	11.968.229	251	9,67	27868,77	53,89	unstable	XP_017251814.1
DcEXPA-15	DCAR_017665	Chr5	22.168.684	22.169.759	287	8,92	31589,85	30,89	stable	KZM94422.1
DcEXPA-16	DCAR_019891	Chr6	35.969.417	35.970.356	246	9,39	26536,20	20,80	stable	XP_017255828.1
DcEXPA-17	DCAR_024402	Chr7	13.331.093	13.334.205	348	8,28	38147,08	31,87	stable	XP_017215474.1

EK A.17'nin devamı

DcEXPA-18	DCAR_025379	Chr7	26.627.567	26.628.582	240	8,13	25611,69	35,01	stable	XP_017215726.1
DcEXPA-19	DCAR_026061	Chr7	32.829.174	32.830.106	244	6,27	26070,31	40,03	unstable	XP_017218723.1
DcEXPA-20	DCAR_028915	Chr8	258.487	259.434	206	8,95	22360,13	22,20	stable	XP_017220892.1
DcEXPA-21	DCAR_028746	Chr8	1.978.789	1.980.447	255	9,31	27679,47	31,79	stable	XP_017220335.1
DcEXPA-22	DCAR_027424	Chr8	23.252.254	23.253.250	217	8,81	23218,16	29,49	stable	XP_017221659.1
DcEXPA-23	DCAR_027423	Chr8	23.256.258	23.257.290	229	8,81	24464,09	30,40	stable	XP_017223453.1
DcEXPA-24	DCAR_031005	Chr9	31.827.379	31.829.901	243	9,15	25956,02	37,91	stable	XP_017226839.1
DcEXPB-01	DCAR_009742	Chr3	10.522.956	10.524.311	257	5,32	27794,68	42,75	unstable	XP_017239419.1
DcEXPB-02	DCAR_018089	Chr5	26.432.909	26.434.373	293	6,37	31362,49	32,50	stable	XP_017251604.1
DcEXPB-03	DCAR_019186	Chr5	36.954.200	36.955.715	261	9,2	28188,27	40,41	unstable	XP_017249565.1
DcEXPB-04	DCAR_021239	Chr6	24.790.470	24.792.210	307	8,64	33456,26	36,70	stable	XP_017255066.1
DcEXLA-01	DCAR_003207	Chr1	36.873.592	36.875.505	266	8,84	28396,60	33,83	stable	XP_017235568.1
DcEXLB-01	DCAR_008331	Chr2	41.323.591	41.324.986	249	6,37	27648,52	27,52	stable	XP_017232445.1
DcEXLB-02	DCAR_024979	Chr7	21.561.048	21.562.485	239	7,99	25813,19	23,52	stable	XP_017217968.1
DcEXLB-03	DCAR_024980	Chr7	21.564.711	21.566.174	211	4,79	22680,17	39,98	stable	XP_017217570.1

EK A.18 *E. grandis*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>E. grandis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
EgrEXPA-01	Eucgr.A00721.1.p	Chr1	13.822.093	13.823.340	256	9,08	27539,14	37,00	stable	XP_010043148.2
EgrEXPA-02	Eucgr.A01269.1.p	Chr1	22.212.437	22.214.748	238	10,15	25851,58	32,15	stable	XP_018729025.2
EgrEXPA-03	Eucgr.A00986.1.p	Chr1	29.949.712	29.951.416	258	8,90	27686,43	32,50	stable	XP_010045469.2
EgrEXPA-04	Eucgr.A00988.1.p	Chr1	29.955.463	29.956.765	179	9,10	19820,62	34,19	stable	XP_010045469.2
EgrEXPA-05	Eucgr.B00524.1.p	Chr2	5.417.648	5.418.831	245	8,60	25887,97	34,32	stable	XP_010030057.1
EgrEXPA-06	Eucgr.B02355.1.p	Chr2	42.477.322	42.480.190	260	9,84	28085,94	33,75	stable	XP_010043542.1
EgrEXPA-07	Eucgr.B03214.1.p	Chr2	52.398.652	52.400.957	250	8,98	26782,14	40,84	unstable	XP_010044491.1
EgrEXPA-08	Eucgr.D01943.1.p	Chr4	32.953.159	32.954.257	233	8,61	25389,64	36,40	stable	XP_010054792.2
EgrEXPA-09	Eucgr.E00513.1.p	Chr5	4.896.062	4.897.364	272	9,26	29397,53	31,19	stable	XP_010058212.2
EgrEXPA-10	Eucgr.E03359.1.p	Chr5	59.573.399	59.574.305	246	8,56	26685,57	26,62	stable	XP_010064796.3
EgrEXPA-11	Eucgr.F01688.1.p	Chr6	22.433.692	22.435.081	210	8,80	22721,61	23,49	stable	XP_010061097.2
EgrEXPA-12	Eucgr.F02618.1.p	Chr6	38.320.586	38.321.497	247	8,67	27082,8	23,10	stable	XP_010064795.1
EgrEXPA-13	Eucgr.F02621.1.p	Chr6	38.336.556	38.337.465	247	8,01	26922,68	29,30	stable	XP_010064796.3
EgrEXPA-14	Eucgr.F02908.1.p	Chr6	41.243.129	41.248.027	268	9,06	28745,67	45,20	unstable	XP_010062321.1
EgrEXPA-15	Eucgr.F03723.1.p	Chr6	47.912.529	47.914.428	255	8,72	27300,84	30,67	stable	XP_010063311.1
EgrEXPA-16	Eucgr.H05003.1.p	Chr7	36.681.249	36.682.657	250	9,16	26077,14	33,06	stable	XP_010025653.1
EgrEXPA-17	Eucgr.G02490.1.p	Chr7	45.743.066	45.744.628	259	9,60	28059,84	40,01	unstable	KCW64943.1
EgrEXPA-18	Eucgr.G02938.1.p	Chr7	50.572.738	50.574.986	229	7,52	24230,2	34,85	stable	XP_010067412.1

EK A.18'in devamı

EgrEXPA-19	Eucgr.G03134.1.p	Chr7	52.383.176	52.384.779	283	7,49	21201,39	51,04	unstable	XP_018732353.2
EgrEXPA-20	Eucgr.I01954.1.p	Chr9	29.482.157	29.483.928	244	9,10	26287,5	40,32	unstable	XP_010029307.1
EgrEXPA-21	Eucgr.J00120.1.p	Chr10	1.492.436	1.494.089	249	7,53	26524,7	31,20	stable	XP_010031088.1
EgrEXPA-22	Eucgr.J01729.1.p	Chr10	21.740.288	21.741.904	299	8,56	31741,85	31,04	stable	XP_010032826.2
EgrEXPA-23	Eucgr.J02048.1.p	Chr10	25.746.896	25.749.076	263	9,86	28310,19	37,38	stable	XP_010033123.1
EgrEXPA-24	Eucgr.K02434.1.p	Chr11	32.368.176	32.370.028	304	9,67	33498,82	33,76	stable	XP_010037129.2
EgrEXPA-25	Eucgr.L02610.1.p	scaffold_1100	2.292	3.319	266	9,22	29444,81	25,77	stable	XP_010041888.2
EgrEXPB-01	Eucgr.A01806.1.p	Chr1	33.072.883	33.075.888	276	9,54	29564,72	47,15	unstable	XP_010051817.2
EgrEXPB-02	Eucgr.E01626.1.p	Chr5	17.659.652	17.661.627	204	6,80	21749,63	37,78	stable	XP_010056431.2
EgrEXPB-03	Eucgr.E01625.1.p	Chr5	17.706.991	17.709.116	273	4,84	28272,77	43,89	unstable	XP_039168312.1
EgrEXPB-04	Eucgr.E01622.1.p	Chr5	17.764.914	17.766.604	273	6,79	28381,03	41,96	unstable	XP_010056438.2
EgrEXPB-05	Eucgr.E01621.1.p	Chr5	17.796.453	17.798.243	273	7,51	28414,21	42,20	unstable	XP_010056437.2
EgrEXPB-06	Eucgr.E01620.1.p	Chr5	17.810.125	17.812.110	274	5,56	28342,87	41,86	unstable	XP_039168312.1
EgrEXPB-07	Eucgr.E01620.2.p	Chr5	17.810.125	17.812.110	273	5,56	28200,75	41,67	unstable	XP_039168312.1
EgrEXPB-08	Eucgr.E01617.1.p	Chr5	17.884.270	17.886.195	273	5,56	28172,7	41,57	unstable	XP_039168312.1
EgrEXPB-09	Eucgr.E01616.1.p	Chr5	17.898.779	17.899.889	206	6,28	22259,32	39,85	stable	XP_010056434.2
EgrEXPB-10	Eucgr.E01615.1.p	Chr5	17.994.234	17.996.281	273	5,31	28244,76	41,12	unstable	XP_039168312.1
EgrEXPB-11	Eucgr.K00177.1.p	Chr11	1.153.587	1.155.097	276	8,59	29754,67	38,82	stable	XP_010035044.2
EgrEXLA-01	Eucgr.I01493.1.p	Chr9	25.101.822	25.103.893	294	8,78	32328,81	40,71	unstable	XP_010028810.2
EgrEXLA-02	Eucgr.I01493.2.p	Chr9	25.101.822	25.103.893	259	8,45	28177	39,52	stable	XP_010028810.2
EgrEXLB-01	Eucgr.E00317.1.p	Chr5	2.985.806	2.988.252	255	4,83	27506,78	33,21	stable	XP_010055378.1
EgrEXLB-02	Eucgr.E00357.1.p	Chr5	3.348.445	3.350.238	245	7,94	27435,96	39,11	stable	XP_010055415.1

EK A.18’in devamı

EgrEXLB-03	Eucgr.E00358.1.p	Chr5	3.366.607	3.368.171	246	5,43	27393,9	36,98	stable	XP_010055416.2
EgrEXLB-04	Eucgr.E00360.1.p	Chr5	3.393.387	3.395.179	246	5,94	27438,02	33,81	stable	XP_010055416.2

EK A.19 *E. salsugineum*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>E. salsugineum</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
EsEXPA-01	Thhalv10026049m	scaffold_1	35.776	36.816	255	8,32	27707,34	40,12	unstable	XP_006411605.1
EsEXPA-02	Thhalv10014430m	scaffold_2	489.934	492.641	261	9,64	27796,79	22,89	stable	XP_006398690.1
EsEXPA-03	Thhalv10015496m	scaffold_2	1.528.223	1.529.286	255	4,66	27761,93	34,23	stable	XP_006398992.1
EsEXPA-04	Thhalv10014522m	scaffold_2	5.146.940	5.148.065	242	9,36	26836,77	22,56	stable	XP_006400075.2
EsEXPA-05	Thhalv10014463m	scaffold_2	9.943.807	9.945.230	255	9,71	27594,32	28,88	stable	XP_006401349.1
EsEXPA-06	Thhalv10028899m	scaffold_3	703.283	704.753	255	9,94	27867,90	29,13	stable	XP_006396359.1
EsEXPA-07	Thhalv10008578m	scaffold_5	6.539.781	6.541.635	249	9,38	26319,52	31,64	stable	XP_006415956.1
EsEXPA-08	Thhalv10008566m	scaffold_5	8.543.688	8.545.701	252	9,02	26852,34	34,57	stable	XP_006416423.1
EsEXPA-09	Thhalv10008503m	scaffold_5	11.262.918	11.264.254	263	9,39	29152,10	26,01	stable	XP_006417221.1
EsEXPA-10	Thhalv10009820m	scaffold_5	15.152.264	15.153.460	257	9,15	28163,01	31,33	stable	XP_006418355.1
EsEXPA-11	Thhalv10005494m	scaffold_6	5.381.405	5.383.909	278	8,95	30699,07	32,11	stable	XP_024007168.1
EsEXPA-12	Thhalv10004799m	scaffold_6	5.465.991	5.468.359	255	9,32	27846,51	35,37	stable	XP_006395313.1
EsEXPA-13	Thhalv10004804m	scaffold_6	7.091.383	7.093.212	253	9,50	27168,78	36,06	stable	XP_006395739.1
EsEXPA-14	Thhalv10023648m	scaffold_8	1.319.689	1.321.295	257	9,68	28246,04	35,57	stable	XP_006391800.1
EsEXPA-15	Thhalv10019043m	scaffold_9	5.092.634	5.094.259	249	9,3	26345,68	27,29	stable	XP_006391003.1
EsEXPA-16	Thhalv10017116m	scaffold_10	4.330.555	4.333.163	259	9,58	28166,15	35,86	stable	XP_006409928.1
EsEXPA-17	Thhalv10017095m	scaffold_10	9.335.559	9.337.624	263	9,53	28458,33	29,20	stable	XP_006410954.1
EsEXPA-18	Thhalv10017119m	scaffold_10	10.351.784	10.353.530	258	9,82	27930,80	35,55	stable	XP_006411198.1

EK A.19'un devamı

EsEXPA-19	Thhalv10017120m	scaffold_10	10.873.799	10.875.177	257	7,57	27674,81	32,24	stable	XP_006411329.1
EsEXPA-20	Thhalv10022301m	scaffold_13	4.195.263	4.196.430	250	10,26	27443,34	41,42	unstable	XP_006406976.1
EsEXPA-21	Thhalv10021327m	scaffold_13	8.727.407	8.729.227	268	7,55	29059,88	41,45	unstable	XP_006408328.1
EsEXPA-22	Thhalv10027877m	scaffold_14	4.422.185	4.423.518	283	7,52	30861,32	24,16	stable	XP_006405642.1
EsEXPA-23	Thhalv10028134m	scaffold_14	4.446.606	4.447.946	249	9,43	27261,17	22,46	stable	XP_006405644.2
EsEXPA-24	Thhalv10028214m	scaffold_14	4.449.497	4.450.407	251	8,70	27259,07	32,33	stable	XP_006405645.2
EsEXPA-25	Thhalv10028249m	scaffold_14	4.466.310	4.466.921	203	9,08	22075,48	14,45	stable	XP_006405646.2
EsEXPA-26	Thhalv10028120m	scaffold_14	4.477.213	4.478.235	274	8,65	29686,22	17,04	stable	XP_006405649.1
EsEXPA-27	Thhalv10028333m	scaffold_14	4.495.369	4.496.345	258	8,35	27887,82	18,98	stable	XP_006405650.2
EsEXPA-28	Thhalv10010989m	scaffold_16	235.647	236.671	260	9,53	27995,72	28,73	stable	XP_006403453.2
EsEXPB-01	Thhalv10025985m	scaffold_1	5.112.924	5.115.013	266	9,04	28770,06	37,41	stable	XP_006412979.1
EsEXPB-02	Thhalv10002071m	scaffold_12	10.815.497	10.816.753	273	9,81	29310,94	43,91	unstable	XP_006409012.1
EsEXPB-03	Thhalv10003327m	scaffold_17	1.048.386	1.050.377	260	8,51	27543,28	34,53	stable	XP_006403199.1
EsEXPB-04	Thhalv10006139m	scaffold_19	1.013.575	1.015.011	286	9,67	31193,59	31,45	stable	XP_006402569.1
EsEXPB-05	Thhalv10001589m	scaffold_22	704.513	705.973	261	7,98	27343,92	34,16	stable	XP_006397690.1
EsEXLA-01	Thhalv10025976m	scaffold_1	90.813	92.075	269	8,74	29009,26	48,79	unstable	XP_006411626.1
EsEXLB-01	Thhalv10026076m	scaffold_1	10.289.331	10.291.434	249	6,58	27591,33	37,49	stable	XP_006414282.1

EK A.20 *G. raimondii*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>G. raimondii</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
GrEXPA-01	Gorai.001G083300.1	Chr1	8.825.078	8.826.593	267	8,78	28708,51	39,63	stable	XP_012471295.1
GrEXPA-02	Gorai.001G111100.1	Chr1	12.884.424	12.885.751	287	9,73	31255,71	37,29	stable	XP_012474921.1
GrEXPA-03	Gorai.001G111100.2	Chr1	12.884.062	12.885.851	260	9,65	28142,05	39,48	stable	XP_012474921.1
GrEXPA-04	Gorai.001G148900.1	Chr1	20.470.993	20.472.095	258	9,63	27956,81	39,77	stable	XP_012480279.1
GrEXPA-05	Gorai.001G148900.2	Chr1	20.470.993	20.472.095	215	9,84	23294,64	38,27	stable	XP_012480279.1
GrEXPA-06	Gorai.001G239700.1	Chr1	47.951.574	47.953.240	252	9,40	27544,20	38,67	stable	XP_012441175.1
GrEXPA-07	Gorai.002G071600.1	Chr2	8.328.552	8.330.271	252	10,00	28060,20	39,24	stable	XP_012469068.1
GrEXPA-08	Gorai.002G257400.1	Chr2	61.927.636	61.930.396	264	9,60	28556,45	27,34	stable	XP_012468415.1
GrEXPA-09	Gorai.003G131000.1	Chr3	38.551.122	38.553.456	259	9,69	28141,16	34,90	stable	XP_012471319.1
GrEXPA-10	Gorai.004G148200.1	Chr4	41.680.395	41.681.615	254	9,26	27841,59	32,23	stable	XP_012475035.1
GrEXPA-11	Gorai.004G206100.1	Chr4	53.642.615	53.643.803	267	7,54	29297,22	30,09	stable	XP_012476032.1
GrEXPA-12	Gorai.005G142200.1	Chr5	38.770.056	38.772.198	250	9,48	26829,33	33,29	stable	XP_012478707.1
GrEXPA-13	Gorai.005G142200.2	Chr5	38.770.056	38.771.804	248	9,40	26569,96	32,16	stable	XP_012478707.1
GrEXPA-14	Gorai.006G015100.2	Chr6	3.290.371	3.293.016	265	9,42	29203,03	41,99	unstable	XP_012483583.1
GrEXPA-15	Gorai.006G015100.1	Chr6	3.290.664	3.293.018	303	9,57	33774,28	45,39	unstable	XP_012483583.1
GrEXPA-16	Gorai.006G015100.3	Chr6	3.290.813	3.293.016	268	9,15	29707,65	42,05	unstable	XP_012483582.1
GrEXPA-17	Gorai.006G172400.1	Chr6	43.157.803	43.159.788	264	9,53	28329,23	28,08	stable	XP_012486074.1
GrEXPA-18	Gorai.006G210800.1	Chr6	46.558.522	46.559.525	267	8,38	28948,80	32,80	stable	XP_012486711.1

EK A.20'nin devamı

GrEXPA-19	Gorai.007G022000.1	Chr7	1.594.288	1.595.863	265	9,41	29136,36	27,57	stable	XP_012488711.1
GrEXPA-20	Gorai.007G118900.1	Chr7	9.358.337	9.359.616	258	9,43	28424,18	33,85	stable	XP_012488214.1
GrEXPA-21	Gorai.007G266900.1	Chr7	44.618.491	44.620.465	247	9,32	26374,74	37,76	stable	XP_012492628.1
GrEXPA-22	Gorai.007G376300.1	Chr7	60.751.553	60.753.752	293	9,52	31827,64	34,14	stable	XP_012435223.1
GrEXPA-23	Gorai.007G376300.2	Chr7	60.751.539	60.753.816	262	9,59	28320,37	30,73	stable	XP_012435223.1
GrEXPA-24	Gorai.008G013200.1	Chr8	1.462.487	1.469.859	276	9,05	30373,81	36,61	stable	XP_012435987.1
GrEXPA-25	Gorai.008G013200.2	Chr8	1.463.642	1.469.859	255	8,36	27943,86	39,11	stable	XP_012435987.1
GrEXPA-26	Gorai.008G013200.3	Chr8	1.468.113	1.469.478	253	8,57	27727,67	38,58	stable	XP_012435987.1
GrEXPA-27	Gorai.008G194200.1	Chr8	47.826.652	47.828.907	248	9,19	26757,23	33,76	stable	XP_012438779.1
GrEXPA-28	Gorai.008G194200.2	Chr8	47.826.652	47.828.907	177	9,72	19361,97	42,19	unstable	XP_012438779.1
GrEXPA-29	Gorai.009G098800.1	Chr9	7.156.492	7.158.481	259	9,62	27932,84	36,35	stable	XP_012442392.1
GrEXPA-30	Gorai.009G192100.1	Chr9	14.787.323	14.788.845	255	9,27	27404,28	26,63	stable	XP_012445143.1
GrEXPA-31	Gorai.009G269200.1	Chr9	22.451.542	22.453.200	255	8,88	27394,97	30,15	stable	XP_012448158.1
GrEXPA-32	Gorai.009G293500.1	Chr9	25.463.080	25.465.360	252	8,07	26822,92	31,78	stable	XP_012447191.1
GrEXPA-33	Gorai.009G324900.1	Chr9	32.177.121	32.178.425	253	9,04	27198,65	31,08	stable	XP_012448214.1
GrEXPA-34	Gorai.009G324900.2	Chr9	32.177.121	32.178.601	246	9,04	26405,64	29,11	stable	XP_012448215.1
GrEXPA-35	Gorai.010G001800.1	Chr10	70.787	72.577	255	9,15	27306,14	26,88	stable	XP_012449443.1
GrEXPA-36	Gorai.011G123000.1	Chr11	17.247.050	17.249.227	244	8,82	25997,24	31,28	stable	XP_012457562.1
GrEXPA-37	Gorai.011G128500.1	Chr11	18.497.320	18.498.792	259	8,05	28187,72	30,64	stable	XP_012456152.1
GrEXPA-38	Gorai.011G128500.3	Chr11	18.497.320	18.498.792	256	8,05	27887,40	29,31	stable	XP_012456152.1
GrEXPA-39	Gorai.011G128500.4	Chr11	18.497.320	18.498.792	238	8,02	25819,19	27,39	stable	XP_012456152.1
GrEXPA-40	Gorai.011G128500.5	Chr11	18.497.320	18.498.792	231	8,80	25266,76	32,79	stable	XP_012456152.1

EK A.20'nin devamı

GrEXPA-41	Gorai.011G128500.6	Chr11	18.497.320	18.498.792	229	8,63	25083,54	31,44	stable	XP_012456152.1
GrEXPA-42	Gorai.011G128500.7	Chr11	18.497.320	18.498.792	214	8,37	23321,28	31,99	stable	XP_012456152.1
GrEXPA-43	Gorai.011G209100.1	Chr11	50.243.498	50.245.059	253	7,55	27055,26	33,33	stable	XP_012457213.1
GrEXPA-44	Gorai.011G266000.1	Chr11	59.759.750	59.761.606	258	9,55	28116,94	36,94	stable	XP_012453171.1
GrEXPA-45	Gorai.012G014400.1	Chr12	1.602.167	1.603.642	253	8,02	27075,43	32,54	stable	XP_012460536.1
GrEXPA-46	Gorai.012G049300.1	Chr12	6.442.154	6.443.272	262	9,18	29224,74	16,96	stable	XP_012458446.1
GrEXPA-47	Gorai.012G104400.1	Chr12	23.449.175	23.451.327	264	9,19	28538,43	34,60	stable	XP_012459294.1
GrEXPA-48	Gorai.013G007000.1	Chr13	488.493	490.334	254	8,61	27273,61	30,96	stable	XP_012462488.1
GrEXPA-49	Gorai.013G022200.1	Chr13	1.588.988	1.590.431	258	9,43	28100,85	34,09	stable	XP_012465439.1
GrEXPA-50	Gorai.013G086900.1	Chr13	13.151.178	13.152.604	248	9,30	26348,56	31,82	stable	XP_012464802.1
GrEXPA-51	Gorai.013G092900.1	Chr13	14.967.345	14.968.326	254	8,53	28193,27	29,35	stable	XP_012464969.1
GrEXPA-52	Gorai.013G092900.2	Chr13	14.967.419	14.968.326	232	8,04	25728,34	31,04	stable	XP_012464970.1
GrEXPA-53	Gorai.013G272000.1	Chr13	58.243.158	58.244.775	249	8,36	26998,38	30,67	stable	XP_012462778.1
GrEXPB-01	Gorai.004G164200.1	Chr4	45.625.239	45.626.801	273	5,03	28613,06	33,82	stable	XP_012475309.1
GrEXPB-02	Gorai.005G202200.1	Chr5	57.902.111	57.904.237	275	9,07	30319,58	34,53	stable	XP_012479710.1
GrEXPB-03	Gorai.008G106700.1	Chr8	33.547.903	33.549.468	176	5,03	18475,89	30,61	stable	KJB49206.1
GrEXPB-04	Gorai.008G153800.1	Chr8	41.216.021	41.218.911	267	8,58	29020,15	31,25	stable	XP_012438167.1
GrEXPB-05	Gorai.008G153800.2	Chr8	41.216.741	41.218.911	226	7,99	24426,89	38,92	stable	XP_012438167.1
GrEXLA-01	Gorai.002G203200.1	Chr2	54.450.585	54.452.311	259	8,26	28025,01	33,65	stable	XP_012467628.1
GrEXLA-02	Gorai.002G203200.3	Chr2	54.450.586	54.452.043	189	8,72	20272,48	34,07	stable	XP_012467628.1
GrEXLA-03	Gorai.005G257500.1	Chr5	63.379.382	63.381.547	260	8,24	28211,20	33,56	stable	XP_012480509.1
GrEXLA-04	Gorai.005G257500.2	Chr5	63.379.600	63.381.319	250	8,31	27377,41	31,19	stable	XP_012480509.1

EK A.20'nin devamı

GrEXLA-05	Gorai.012G157800.1	Chr12	33.108.698	33.111.158	259	8,59	28132,01	29,82	stable	XP_012458808.1
GrEXLB-01	Gorai.003G178400.1	Chr3	44.995.234	44.997.598	249	5,94	27681,33	23,63	stable	XP_012472102.1
GrEXLB-02	Gorai.004G188800.1	Chr4	50.419.320	50.421.905	256	4,84	27872,23	30,20	stable	XP_012475758.1
GrEXLB-03	Gorai.004G188800.2	Chr4	50.419.320	50.422.242	252	4,84	27495,80	30,97	stable	XP_012475758.1
GrEXLB-04	Gorai.004G192300.1	Chr4	50.982.088	50.983.587	252	6,06	27598,34	29,98	stable	XP_012475809.1
GrEXLB-05	Gorai.004G192300.2	Chr4	50.982.088	50.983.587	249	6,06	27295,99	30,56	stable	XP_012475809.1
GrEXLB-06	Gorai.004G192400.1	Chr4	51.000.332	51.001.639	248	8,95	27570,70	24,28	stable	XP_012475808.1
GrEXLB-07	Gorai.004G192500.1	Chr4	51.004.663	51.006.098	289	7,44	31871,42	26,98	stable	XP_012475807.1
GrEXLB-08	Gorai.008G229300.1	Chr8	51.522.469	51.524.085	249	4,65	27075,36	35,69	stable	XP_012439385.1

EK A.21 *K. fedtschenkoi*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>K. fedtschenkoi</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
KfEXPA-01	Kaladp0002s0124.1.p	Scaffold-2	883.174	884.700	282	9,17	31121,62	29,40	stable	None
KfEXPA-02	Kaladp0003s0086.1.p	Scaffold-3	992.241	993.229	261	8,98	28084,75	19,74	stable	None
KfEXPA-03	Kaladp0011s0994.1.p	Scaffold-11	7.331.120	7.332.490	249	8,63	26622,91	28,52	stable	None
KfEXPA-04	Kaladp0011s1316.1.p	Scaffold-11	10.085.319	10.087.092	244	9,5	26515,01	33,98	stable	None
KfEXPA-05	Kaladp0016s0113.1.p	Scaffold-16	882.785	884.451	257	8,4	27610,25	26,56	stable	None
KfEXPA-06	Kaladp0018s0202.1.p	Scaffold-18	1.387.158	1.388.630	265	6,98	28791,39	35,48	stable	None
KfEXPA-07	Kaladp0030s0149.1.p	Scaffold-30	1.288.019	1.290.559	336	9,28	36859,71	45,53	unstable	None
KfEXPA-08	Kaladp0032s0333.1.p	Scaffold-32	2.858.192	2.859.993	273	9,36	29617,65	39,12	stable	None
KfEXPA-09	Kaladp0037s0199.1.p	Scaffold-37	1.447.935	1.449.914	257	8,07	27263,62	28,78	stable	None
KfEXPA-10	Kaladp0037s0226.1.p	Scaffold-37	1.606.479	1.607.435	246	9,22	25944,18	27,39	stable	None
KfEXPA-11	Kaladp0039s0394.1.p	Scaffold-39	3.211.309	3.212.642	274	5,45	29556,35	44,73	unstable	None
KfEXPA-12	Kaladp0045s0407.1.p	Scaffold-45	4.113.411	4.114.539	262	9,68	28643,80	22,49	stable	None
KfEXPA-13	Kaladp0058s0574.1.p	Scaffold-58	4.099.503	4.101.727	243	8,38	26047,13	33,07	stable	None
KfEXPA-14	Kaladp0059s0193.1.p	Scaffold-59	1.351.132	1.351.954	168	6,81	18014,13	36,89	stable	None
KfEXPA-15	Kaladp0064s0149.1.p	Scaffold-64	1.167.011	1.169.068	290	8,88	30833,55	28,23	stable	None
KfEXPA-16	Kaladp0068s0359.1.p	Scaffold-68	3.267.134	3.268.557	256	9,15	27392,91	15,51	stable	None
KfEXPA-17	Kaladp0071s0184.1.p	Scaffold-71	1.048.186	1.057.399	758	9,4	84789,13	41,35	unstable	None
KfEXPA-18	Kaladp0071s0184.2.p	Scaffold-71	1.056.028	1.057.931	240	9,14	25609,81	40,92	unstable	None

EK A.21'in devamı

KfEXPA-19	Kaladp0074s0082.1.p	Scaffold-74	761.127	762.601	255	5,18	27684,66	35,67	stable	None
KfEXPA-20	Kaladp0075s0052.1.p	Scaffold-75	471.878	473.316	267	9,33	29293,51	21,72	stable	None
KfEXPA-21	Kaladp0083s0056.1.p	Scaffold-83	560.772	562.800	257	9,62	27726,60	35,85	stable	None
KfEXPA-22	Kaladp0095s0561.1.p	Scaffold-95	4.015.525	4.017.359	248	8,58	26217,30	32,87	stable	None
KfEXPA-23	Kaladp0100s0073.1.p	Scaffold-100	650.321	652.392	257	9,65	27735,62	36,43	stable	None
KfEXPA-24	Kaladp0101s0095.1.p	Scaffold-101	664.713	665.747	258	8,86	28016,85	33,92	stable	None
KfEXPA-25	Kaladp0101s0198.1.p	Scaffold-101	1.436.325	1.437.286	243	9,67	26271,99	46,85	unstable	None
KfEXPA-26	Kaladp0101s0251.1.p	Scaffold-101	1.829.773	1.831.727	243	9,45	26007,30	38,85	stable	None
KfEXPA-27	Kaladp0674s0163.1.p	Scaffold-674	986.167	987.822	331	8,12	35904,21	32,02	stable	None
KfEXPA-28	Kaladp0742s0005.1.p	Scaffold-742	34.882	36.331	251	9,28	26977,35	34,60	stable	None
KfEXPA-29	Kaladp1154s0001.1.p	Scaffold-1154	728	2.554	248	8,08	26334,57	28,59	stable	None
KfEXPB-01	Kaladp0002s0067.1.p	Scaffold-2	525.639	527.305	214	8,9	22363,48	44,30	unstable	None
KfEXPB-02	Kaladp0016s0164.1.p	Scaffold-16	1.208.540	1.209.832	293	3,8	30330,64	33,16	stable	None
KfEXPB-03	Kaladp0039s0043.1.p	Scaffold-39	429.162	432.085	263	8,83	28240,29	46,70	unstable	None
KfEXPB-04	Kaladp0058s0390.1.p	Scaffold-58	2.560.184	2.562.368	273	4,95	28877,36	39,77	stable	None
KfEXPB-05	Kaladp0091s0084.1.p	Scaffold-91	830.306	831.596	293	3,84	30306,60	34,55	stable	None
KfEXLA-01	Kaladp0055s0270.1.p	Scaffold-55	2.397.636	2.399.766	261	8,25	28362,36	39,65	stable	None
KfEXLB-01	Kaladp0091s0125.1.p	Scaffold-91	1.183.509	1.185.449	257	5,1	27986,30	43,25	unstable	None
KfEXLB-02	Kaladp0808s0062.1.p	Scaffold-808	687.900	689.988	256	5,41	28814,66	35,77	stable	None

EK A.22 *L. usitatissimum*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>L. usitatissimum</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
LusEXPA-01	Lus10034548	scaffold-9	511.479	512.438	253	9,22	27592,34	27,36	Stable	None
LusEXPA-02	Lus10024388	scaffold-16	658.285	659.917	260	9,47	28254,31	30,65	stable	None
LusEXPA-03	Lus10036763	scaffold-31	510.123	511.619	253	9,63	26930,3	44,63	unstable	None
LusEXPA-04	Lus10039009	scaffold-34	1.250.449	1.251.845	268	8,1	29027,98	41,44	unstable	None
LusEXPA-05	Lus10033011	scaffold-51	1.188.893	1.189.877	261	9,06	28187,74	39,34	stable	None
LusEXPA-06	Lus10040286	scaffold-86	1.187.629	1.187.629	262	9,55	28271,18	39,3	stable	None
LusEXPA-07	Lus10021845	scaffold-108	829.796	830.771	260	9,12	28329,26	28,96	stable	None
LusEXPA-08	Lus10017256	scaffold-117	406.984	407.968	260	8,08	28320,08	31,23	stable	None
LusEXPA-09	Lus10042214	scaffold-123	1.238.999	1.240.278	256	9,1	27626,05	36,05	stable	None
LusEXPA-10	Lus10040801	scaffold-156	1.530.604	1.531.563	258	9,65	28011,04	38,49	stable	None
LusEXPA-11	Lus10024478	scaffold-159	456.973	457.893	272	8,88	29808,72	37,16	stable	None
LusEXPA-12	Lus10014406	scaffold-176	294.655	296.997	299	9,38	33504,11	41,3	unstable	None
LusEXPA-13	Lus10002997	scaffold-180	105.402	106.276	210	9,16	23434,36	40,18	unstable	None
LusEXPA-14	Lus10009917	scaffold-200	95.873	97.651	253	8,43	27128,34	42,62	unstable	None
LusEXPA-15	Lus10012747	scaffold-206	378.543	379.932	261	9,15	28978,01	29,3	stable	None
LusEXPA-16	Lus10014137	scaffold-231	10.095	11.773	280	8,92	30596,65	38,12	stable	None
LusEXPA-17	Lus10009253	scaffold-267	280.660	281.695	259	9,48	28401,15	37,46	stable	None
LusEXPA-18	Lus10016533	scaffold-279	399.097	400.052	258	9,65	28041,11	38,07	stable	None

EK A.22'nin devamı

LusEXPA-19	Lus10034227	scaffold-310	140.863	142.097	254	7,54	26871,04	39,65	stable	None
LusEXPA-20	Lus10034465	scaffold-310	1.453.801	1.454.784	293	9,01	31365,57	37,33	stable	None
LusEXPA-21	Lus10029038	scaffold-376	212.789	213.910	254	7,54	26988,21	40,41	unstable	None
LusEXPA-22	Lus10010841	scaffold-440	69.907	76.309	570	9,68	62576,24	47,48	unstable	None
LusEXPA-23	Lus10037164	scaffold-462	484.484	486.399	260	9,72	27431,8	45,75	unstable	None
LusEXPA-24	Lus10027304	scaffold-472	715.691	717.044	269	8,1	29029,02	41,52	unstable	None
LusEXPA-25	Lus10038013	scaffold-475	830.751	831.783	258	9,55	28189,88	37,86	stable	None
LusEXPA-26	Lus10003438	scaffold-543	114.018	115.709	338	9,65	35589,63	35,48	stable	None
LusEXPA-27	Lus10026566	scaffold-617	422.323	423.761	263	6,5	28509,06	28,55	stable	None
LusEXPA-28	Lus10026614	scaffold-617	663.280	664.608	253	9,3	26622,84	34,21	stable	None
LusEXPA-29	Lus10013849	scaffold-618	273.915	274.912	265	6,5	28389,77	23,86	stable	None
LusEXPA-30	Lus10020257	scaffold-641	106.355	107.252	270	9,31	29174,17	27,53	stable	None
LusEXPA-31	Lus10003822	scaffold-654	163.574	166.568	432	8,73	47277,64	36,93	stable	None
LusEXPA-32	Lus10007205	scaffold-674	140.522	142.158	267	10	29470,68	43,38	unstable	None
LusEXPA-33	Lus10010454	scaffold-910	190.132	191.486	265	8,41	28645,56	41,43	unstable	None
LusEXPA-34	Lus10030449	scaffold-917	174.000	175.209	204	9,06	21417	42,2	unstable	None
LusEXPA-35	Lus10027740	scaffold-1143	172.250	173.603	259	5,53	28711,49	23,13	stable	None
LusEXPA-36	Lus10023407	scaffold-1216	50.352	51.852	262	9,25	28339,17	39,91	stable	None
LusEXPA-37	Lus10008603	scaffold-1686	93.876	95.153	256	9,1	27562,05	37,98	stable	None
LusEXPA-38	Lus10002638	scaffold-2083	107.672	109.833	363	9,64	39704,8	37,9	stable	None
LusEXPA-39	Lus10006711	scaffold-2932	227.443	228.682	273	9,13	29688,71	34,48	stable	None
LusEXPA-40	Lus10000304	scaffold-3936	1.091	2.281	240	8,86	26415,1	23,68	stable	None

EK A.22'nin devamı

LusEXPB-01	Lus10039816	scaffold-15	1.752.578	1.754.338	264	8,07	28447,37	39,83	stable	None
LusEXPB-02	Lus10038933	scaffold-34	909.471	911.405	295	5,26	30946,45	46,49	unstable	None
LusEXPB-03	Lus10036066	scaffold-76	1.027.754	1.028.755	237	6,7	24533,55	42,74	unstable	None
LusEXPB-04	Lus10033700	scaffold-701	1.175.501	1.178.241	332	7,52	36581,12	43,96	unstable	None
LusEXPB-05	Lus10031638	scaffold-863	1.240.667	1.244.305	427	7,04	47302,2	39,51	stable	None
LusEXPB-06	Lus10018583	scaffold-1308	436.492	438.274	264	8,07	28576,57	40,12	unstable	None
LusEXLA-01	Lus10022639	scaffold-59	273.268	274.635	266	8,49	28613,76	26,74	stable	None
LusEXLA-02	Lus10023968	scaffold-177	727.477	728.515	269	8,66	29024,24	29,98	stable	None
LusEXLA-03	Lus10003336	scaffold-1120	68.611	70.031	266	8,77	28731,88	32,1	stable	None
LusEXLB-01	Lus10040149	scaffold-86	443.375	444.420	246	6,64	26602,37	38,36	stable	None
LusEXLB-02	Lus10042095	scaffold-123	679.768	681.128	323	7,97	35268,89	35,45	stable	None
LusEXLB-03	Lus10030931	scaffold-261	55.042	56.462	258	4,96	28206,6	39,37	stable	None
LusEXLB-04	Lus10011012	scaffold-1035	116.703	118.14	251	6,52	27717,38	40,65	unstable	None
LusEXLB-05	Lus10011013	scaffold-1035	118.993	120.708	237	5,96	26350,8	28,8	stable	None
LusEXLB-06	Lus10001244	scaffold-1746	58.241	59.65	286	7,57	31406,36	38,25	stable	None
LusEXLB-07	Lus10001009	scaffold-2096	66.484	67.938	253	6,16	28190,07	29,52	stable	None
LusEXLB-08	Lus10001010	scaffold-2096	68.746	70.159	252	6,59	27814,56	35,46	stable	None
LusEXLB-09	Lus10000957	scaffold-2914	4.951	5.997	246	6,43	26583,28	39,54	stable	None
LusEXLB-10	Lus10000958	scaffold-2914	13.881	15.031	249	5,62	27730,57	31,13	stable	None

EK A.23 *M. acuminata*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>M. acuminata</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Molekül er Ağırlık (Da)	Kararsızl ık indeksi	Kararlı veya Kararsı z	NCBI Adı
		Kromozo m	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
MacEXPA-01	GSMUA_Achr1P00140_001	Chr1	106.865	107.795	243	9,03	26048,39	39,32	stable	XP_00940263 8.1
MacEXPA-02	GSMUA_Achr1P02650_001	Chr1	2.169.774	2.170.710	259	4,57	27639,86	38,93	stable	XP_00939098 7.1
MacEXPA-03	GSMUA_Achr1P15400_001	Chr1	11.573.405	11.574.349	262	6,25	27769,36	35,90	stable	XP_00940089 9.2
MacEXPA-04	GSMUA_Achr1P19730_001	Chr1	14.782.365	14.783.287	265	8,06	28972,49	30,84	stable	XP_00941161 0.1
MacEXPA-05	GSMUA_Achr1P21690_001	Chr1	16.269.273	16.270.195	250	8,64	26486,63	30,47	stable	XP_00940911 9.1
MacEXPA-06	GSMUA_Achr2P03520_001	Chr2	9.203.023	9.203.959	257	8,77	27581,35	30,27	stable	XP_00938340 2.1
MacEXPA-07	GSMUA_Achr2P07340_001	Chr2	11.866.211	11.867.219	250	8,8	26404,60	35,89	stable	XP_00938957 7.2
MacEXPA-08	GSMUA_Achr2P16370_001	Chr2	17.282.282	17.284.277	258	9,11	27817,47	42,72	unstable	XP_00938861 3.1
MacEXPA-09	GSMUA_Achr2P18840_001	Chr2	19.085.779	19.087.183	337	8,7	36477,08	38,60	stable	XP_00938775 5.1
MacEXPA-10	GSMUA_Achr2P18850_001	Chr2	19.090.824	19.092.066	255	6,91	27216,49	33,43	stable	XP_00938774 3.1
MacEXPA-11	GSMUA_Achr2P21970_001	Chr2	21.240.298	21.241.544	250	9,36	26587,91	37,35	stable	XP_00939030 8.1

EK A.23'ün devamı

MacEXPA-12	GSMUA_Achr4P21540_001	Chr4	21.990.225	21.991.258	258	9,1	27833,61	44,39	unstable	XP_00939850 2.1
MacEXPA-13	GSMUA_Achr4P25480_001	Chr4	24.989.395	24.991.903	287	8,96	30944,65	32,84	stable	XP_00939800 0.1
MacEXPA-14	GSMUA_Achr4P27910_001	Chr4	26.558.232	26.559.158	246	5,11	26554,12	27,52	stable	XP_00939775 5.1
MacEXPA-15	GSMUA_Achr4P27950_001	Chr4	26.566.609	26.567.539	246	5,67	26685,55	26,94	stable	XP_00939775 4.1
MacEXPA-16	GSMUA_Achr4P28010_001	Chr4	26.594.952	26.596.022	246	7,51	26672,54	29,37	stable	XP_00939775 3.1
MacEXPA-17	GSMUA_Achr5P07470_001	Chr5	5.373.891	5.375.377	255	8,63	27384,67	33,72	stable	XP_00939990 9.1
MacEXPA-18	GSMUA_Achr5P07480_001	Chr5	5.377.722	5.378.997	255	7,55	27225,37	28,35	stable	XP_00939991 0.2
MacEXPA-19	GSMUA_Achr5P07630_001	Chr5	5.468.696	5.470.175	272	8,03	29048,40	37,24	stable	XP_00939992 5.1
MacEXPA-20	GSMUA_Achr5P20270_001	Chr5	22.008.732	22.009.682	264	8,99	28997,13	32,19	stable	XP_00940206 8.1
MacEXPA-21	GSMUA_Achr6P10730_001	Chr6	7.146.822	7.148.218	248	9,43	26427,75	28,06	stable	XP_00940408 1.1
MacEXPA-22	GSMUA_Achr6P32260_001	Chr6	31.737.482	31.738.391	247	6,48	26125,32	34,31	stable	XP_00940684 2.1
MacEXPA-23	GSMUA_Achr7P10570_001	Chr7	8.494.191	8.495.529	257	9,34	27698,40	45,38	unstable	XP_00940901 9.1
MacEXPA-24	GSMUA_Achr7P15100_001	Chr7	12.117.744	12.119.499	261	9,42	28031,82	31,53	stable	XP_00940951 6.1
MacEXPA-25	GSMUA_Achr7P22100_001	Chr7	24.666.476	24.667.758	253	7,55	26769,82	35,95	stable	XP_00941051 6.1

EK A.23'ün devamı

MacEXPA-26	GSMUA_Achr9P04790_001	Chr9	3.120.608	3.121.510	254	6,17	27133,38	30,02	stable	XP_00941671 2.2
MacEXPA-27	GSMUA_Achr9P24100_001	Chr9	28.912.384	28.913.307	258	8,82	27773,44	28,58	stable	XP_00941868 9.1
MacEXPA-28	GSMUA_Achr9P28320_001	Chr9	32.371.713	32.372.993	264	9,42	28591,54	44,85	unstable	XP_00941926 0.1
MacEXPA-29	GSMUA_Achr10P06590_001	Chr10	16.919.095	16.920.035	260	8,89	27703,53	34,67	stable	XP_00942046 9.2
MacEXPA-30	GSMUA_Achr10P22630_001	Chr10	27.753.065	27.754.334	262	9,02	27919,62	36,47	stable	XP_00938063 7.1
MacEXPA-31	GSMUA_Achr10P26620_001	Chr10	30.100.498	30.101.680	258	9,1	27807,48	43,86	unstable	XP_00938107 5.1
MacEXPA-32	GSMUA_Achr11P19780_001	Chr11	20.835.084	20.836.285	250	5,12	26308,25	33,56	stable	XP_00941051 6.1
MacEXPA-33	GSMUA_Achr11P21930_001	Chr11	22.374.240	22.375.261	287	9,23	31753,82	31,27	stable	XP_01867624 0.1
MacEXPA-34	GSMUA_Achr11P22960_001	Chr11	23.054.950	23.056.041	250	8,86	27327,85	35,69	stable	XP_00938467 8.1
MacEXPA-35	GSMUA_Achr11P23660_001	Chr11	23.485.786	23.486.962	251	4,85	27096,13	39,90	stable	XP_00938477 1.1
MacEXPA-36	GSMUA_AchrUn_randomP082 00_001	ChrUn_ra ndom	35.143.481	35.146.013	275	8,57	29619,81	34,64	stable	XP_00938628 1.1
MacEXPB-01	GSMUA_Achr1P00120_001	Chr1	99.361	101.127	266	8,63	29244,50	43,18	unstable	XP_00940037 6.1
MacEXPB-02	GSMUA_Achr2P13730_001	Chr2	15.739.682	15.740.729	262	7,46	26897,30	39,01	stable	XP_00938975 2.1
MacEXPB-03	GSMUA_Achr2P13740_001	Chr2	15.759.763	15.760.810	262	8,67	26857,33	38,11	stable	XP_00938975 0.1

EK A.23'ün devamı

MacEXPB-04	GSMUA_Achr2P13750_001	Chr2	15.781.674	15.782.718	261	8,53	27203,77	39,05	stable	XP_00938974 9.1
MacEXPB-05	GSMUA_Achr4P26910_001	Chr4	25.963.196	25.964.241	272	5,01	28603,14	42,95	unstable	XP_00939888 7.1
MacEXPB-06	GSMUA_Achr5P12080_001	Chr5	8.742.324	8.744.548	267	6,15	29249,08	40,79	unstable	XP_00940059 8.1
MacEXPB-07	GSMUA_Achr7P07040_001	Chr7	5.169.045	5.170.194	281	5,78	29361,03	43,21	unstable	XP_00940781 1.1
MacEXPB-08	GSMUA_AchrUn_randomP063 10_001	ChrUn_ra ndom	26.036.370	26.039.006	263	7,01	28463,44	32,73	stable	XP_00938607 3.1
MacEXPB-09	GSMUA_AchrUn_randomP237 70_001	ChrUn_ra ndom	116.954.487	116.955.526	264	7,46	27482,04	42,85	unstable	XP_00938815 4.1
MacEXLA-01	GSMUA_Achr1P02170_001	Chr1	1.766.817	1.768.086	307	8,87	33047,65	33,83	stable	XP_00941114 8.1
MacEXLA-02	GSMUA_Achr5P11590_001	Chr5	8.289.301	8.290.430	261	7,9	28227,36	38,79	stable	XP_00940033 0.1
MacEXLA-03	GSMUA_Achr5P19030_001	Chr5	20.539.097	20.540.501	264	9,1	28891,09	38,17	stable	XP_00940188 9.1
MacEXLA-04	GSMUA_Achr11P01300_001	Chr11	873.490	874.874	266	8,29	28370,22	41,11	unstable	XP_00938205 9.1
MacEXLA-05	GSMUA_Achr11P22460_001	Chr11	22.758.053	22.759.334	265	8,76	28840,96	40,32	unstable	XP_00938461 8.1
MacEXLA-06	GSMUA_AchrUn_randomP254 10_001	ChrUn_ra ndom	125.444.259	125.445.066	188	8,85	19660,86	32,21	stable	XP_00938835 4.1
MacEXLB-01	GSMUA_Achr5P12710_001	Chr5	9.111.161	9.113.159	319	6,22	34797,61	53,99	unstable	XP_01868163 2.1

EK A.23'ün devamı

MacEXLB-02	GSMUA_Achr11P00090_001	Chr11	37.050	38.175	254	6,19	27325,98	42,56	unstable	XP_00938301 4.1
MacEXLB-03	GSMUA_AchrUn_randomP047 50_001	ChrUn_ra ndom	18.754.276	18.755.390	254	5,12	27176,48	30,03	stable	XP_00938595 2.1

EK A.24 *M. esculenta*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>M. esculenta</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
MsEXPA-01	Manes.01G034500.1	Chr1	5.327.635	5.329.335	248	9,36	26459,71	34,59	stable	XP_021626907.1
MsEXPA-02	Manes.01G092600.1	Chr1	21.691.969	21.693.634	241	8,96	26134,41	38,45	stable	XP_021633048.1
MsEXPA-03	Manes.01G172700.1	Chr1	27.520.463	27.522.632	259	9,63	27920,83	39,02	stable	XP_021623912.1
MsEXPA-04	Manes.01G236600.1	Chr1	31.769.189	31.770.194	253	5,54	27494,85	35,92	stable	XP_021606672.1
MsEXPA-05	Manes.02G029700.1	Chr2	2.254.679	2.255.744	264	8,99	28904,71	34,46	stable	XP_021596569.1
MsEXPA-06	Manes.02G053000.1	Chr2	4.028.255	4.029.729	254	8,95	27391,88	41,84	unstable	XP_021600115.1
MsEXPA-07	Manes.02G053000.2	Chr2	4.028.264	4.029.729	241	8,81	25902,03	41,41	unstable	XP_021600122.1
MsEXPA-08	Manes.02G131900.1	Chr2	9.678.390	9.680.858	259	9,66	28079,08	34,37	stable	XP_021605228.1
MsEXPA-09	Manes.02G138700.1	Chr2	10.222.669	10.224.133	253	9,33	28292,53	31,73	stable	XP_021603793.1
MsEXPA-10	Manes.03G086100.1	Chr3	14.195.788	14.197.224	248	8,74	26564,91	23,74	stable	XP_021606969.1
MsEXPA-11	Manes.03G111500.1	Chr3	20.718.630	20.719.568	250	9,74	27525,40	38,12	stable	XP_021608893.1
MsEXPA-12	Manes.05G006600.1	Chr5	463.313	464.242	254	9,15	27681,38	39,71	stable	XP_021612049.1
MsEXPA-13	Manes.05G103900.1	Chr5	8.921.834	8.923.599	249	9,18	26393,66	36,91	stable	XP_021611567.1
MsEXPA-14	Manes.05G143800.1	Chr5	20.516.486	20.517.840	253	8,98	27271,06	32,22	stable	XP_021612476.1
MsEXPA-15	Manes.06G090900.1	Chr6	20.426.820	20.427.535	208	6,86	22465,53	35,06	stable	XP_043813140.1
MsEXPA-16	Manes.06G091300.1	Chr6	20.452.495	20.453.945	249	6,92	26675,99	35,82	stable	XP_021615064.1
MsEXPA-17	Manes.07G081300.1	Chr7	18.565.363	18.569.825	282	8,58	30707,92	36,37	stable	XP_021618562.1
MsEXPA-18	Manes.07G117200.1	Chr7	24.553.590	24.555.165	258	9,5	27785,52	41,99	unstable	XP_021617748.1

EK A.24'ün devamı

MsEXPA-19	Manes.07G140700.1	Chr7	26.522.244	26.523.621	252	8,07	26894,17	30,57	stable	XP_021617395.1
MsEXPA-20	Manes.08G013500.1	Chr8	971.455	973.065	278	9,13	30354,88	25,56	stable	XP_021619683.1
MsEXPA-21	Manes.08G080300.1	Chr8	17.487.849	17.489.669	256	9,43	27800,54	32,55	stable	XP_021619783.1
MsEXPA-22	Manes.08G148500.1	Chr8	31.389.791	31.392.457	247	8,42	26254,45	26,86	stable	XP_021619398.1
MsEXPA-23	Manes.08G172000.1	Chr8	33.177.503	33.178.834	251	9,04	27224,58	35,63	stable	XP_021620473.2
MsEXPA-24	Manes.09G093200.1	Chr9	20.282.216	20.284.636	256	9,62	27784,85	31,22	stable	XP_021622285.1
MsEXPA-25	Manes.09G143300.1	Chr9	26.109.876	26.111.937	247	8,95	26298,48	33,87	stable	XP_021622343.1
MsEXPA-26	Manes.09G143300.2	Chr9	26.109.876	26.111.937	219	9,13	23498,38	36,51	stable	XP_021622343.1
MsEXPA-27	Manes.10G000900.1	Chr10	41.122	42.717	252	7,51	26836,13	31,22	stable	XP_021625482.1
MsEXPA-28	Manes.10G029400.1	Chr10	2.481.444	2.483.103	255	9,35	27583,45	37,29	stable	XP_021624879.1
MsEXPA-29	Manes.10G063600.1	Chr10	8.394.361	8.399.101	292	8,83	31927,43	37,71	stable	XP_021624551.1
MsEXPA-30	Manes.14G079900.1	Chr14	6.448.499	6.449.769	248	8,08	26408,60	33,28	stable	XP_021634779.1
MsEXPA-31	Manes.15G113800.1	Chr15	8.552.692	8.553.747	252	8,04	27718,58	31,89	stable	XP_021593675.1
MsEXPA-32	Manes.18G010200.1	Chr18	861.062	862.194	256	8,87	27518,31	25,23	stable	XP_021600908.2
MsEXPA-33	Manes.S055800.1	Scaffold-1042	28.786	30.207	251	6,39	26953,15	37,40	stable	XP_021602659.1
MsEXPA-34	Manes.S069200.1	Scaffold-1144	17.698	18.689	279	9,72	30777,38	22,51	stable	XP_021602802.2
MsEXPA-35	Manes.S069300.1	Scaffold-1144	32.175	33.140	270	9,76	29647,27	21,94	stable	XP_021602803.2
MsEXPB-01	Manes.01G269500.1	Chr1	34.305.477	34.306.457	266	5,31	28245,81	36,39	stable	XP_021615770.1
MsEXPB-02	Manes.05G049700.1	Chr5	3.694.638	3.695.954	272	5,28	28814,52	39,11	stable	XP_021614116.1
MsEXPB-03	Manes.13G147700.1	Chr13	27.579.605	27.581.900	264	8,67	28972,00	34,77	stable	XP_043805211.1
MsEXLA-01	Manes.04G068200.1	Chr4	19.849.968	19.851.863	259	7,95	28179,06	34,93	stable	XP_021609595.1

EK A.24'ün devamı

MsEXLA-02	Manes.11G105800.1	Chr11	19.387.928	19.389.372	244	8,64	26593,53	40,06	unstable	XP_021609595.1
MsEXLB-01	Manes.01G087800.1	Chr1	21.246.642	21.248.137	245	7,96	27290,09	30,15	stable	XP_021628957.1
MsEXLB-02	Manes.02G044700.2	Chr2	3.469.328	3.470.881	233	5,33	26030,47	37,99	stable	XP_021604097.2
MsEXLB-03	Manes.02G044700.1	Chr2	3.469.333	3.470.880	247	5	27332,94	36,92	stable	XP_021604097.2
MsEXLB-04	Manes.17G018000.1	Chr17	6.961.777	6.963.363	260	4,81	28024,33	44,70	unstable	XP_021598991.1
MsEXLB-05	Manes.17G018100.1	Chr17	7.013.014	7.014.882	256	4,58	27934,08	39,02	stable	XP_021598990.1

EK A.25 *M. guttatus*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>M. guttatus</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
MgEXPA-01	Migut.B00829.1.p	scaffold-2	4.915.784	4.916.932	264	8,35	28437,38	39,84	stable	XP_012850381.1
MgEXPA-02	Migut.C00888.1.p	scaffold-3	16.172.874	16.174.233	257	9,19	27678,39	24,76	stable	XP_012829562.1
MgEXPA-03	Migut.D00821.1.p	scaffold-4	3.981.054	3.982.386	253	6,93	27408,70	30,33	stable	XP_012841685.1
MgEXPA-04	Migut.D00821.2.p	scaffold-4	3.981.332	3.982.386	208	8,11	22659,45	31,24	stable	XP_012841685.1
MgEXPA-05	Migut.D02087.1.p	scaffold-4	17.917.106	17.919.668	260	9,58	27989,95	41,34	unstable	XP_012827800.1
MgEXPA-06	Migut.E00081.1.p	scaffold-5	402.717	404.421	246	9,24	26220,49	31,76	stable	XP_012855355.1
MgEXPA-07	Migut.E01021.1.p	scaffold-5	12.468.534	12.470.485	265	9,1	28112,87	20,55	stable	XP_012847433.1
MgEXPA-08	Migut.E01272.1.p	scaffold-5	15.994.472	15.996.580	264	9,1	28039,82	20,19	stable	XP_012854382.1
MgEXPA-09	Migut.F00603.1.p	scaffold-6	2.811.369	2.812.592	249	7,53	26502,50	26,85	stable	XP_012858622.1
MgEXPA-10	Migut.F00780.1.p	scaffold-6	3.745.082	3.746.392	262	9,06	28894,11	33,04	stable	XP_012858859.1
MgEXPA-11	Migut.F01249.1.p	scaffold-6	6.586.050	6.588.097	261	9,46	28112,77	36,86	stable	XP_012839894.1
MgEXPA-12	Migut.I00191.1.p	scaffold-9	2.159.541	2.161.178	252	6,27	27035,19	40,80	unstable	XP_012839298.1
MgEXPA-13	Migut.I00321.1.p	scaffold-9	4.705.892	4.707.307	259	8,48	28719,69	27,87	stable	XP_012830473.1
MgEXPA-14	Migut.J00050.1.p	scaffold-10	228.380	229.588	254	9,25	27365,93	32,47	stable	XP_012832268.1
MgEXPA-15	Migut.J00325.1.p	scaffold-10	1.465.847	1.468.009	262	9,5	28339,41	28,38	stable	XP_012832016.1
MgEXPA-16	Migut.J00459.1.p	scaffold-10	2.191.525	2.192.566	264	8,59	28244,17	22,12	stable	XP_012831733.1
MgEXPA-17	Migut.L01275.1.p	scaffold-12	22.698.091	22.699.838	248	9,73	26547,87	38,16	stable	XP_012847708.1
MgEXPA-18	Migut.L01949.1.p	scaffold-12	26.204.644	26.206.209	262	9,43	27776,55	28,98	stable	XP_012850171.1

EK A.25'in devamı

MgEXPA-19	Migut.M00818.1.p	scaffold-13	15.436.222	15.438.257	258	10,18	28551,54	42,07	unstable	XP_012847693.1
MgEXPA-20	Migut.N03182.1.p	scaffold-14	25.309.744	25.311.696	259	9,03	27857,67	29,23	stable	XP_012839202.1
MgEXPB-01	Migut.B01585.1.p	scaffold-2	17.336.943	17.338.871	269	8,77	28497,35	31,81	stable	EYU31944.1
MgEXPB-02	Migut.B01586.1.p	scaffold-2	17.339.528	17.340.684	270	9,23	29331,29	28,99	stable	EYU31945.1
MgEXPB-03	Migut.F00505.1.p	scaffold-6	2.390.018	2.391.798	278	8,29	29879,96	36,45	stable	XP_012858830.1
MgEXPB-04	Migut.F01487.1.p	scaffold-6	13.304.876	13.306.711	260	8,58	27824,48	30,90	stable	XP_012842433.1
MgEXPB-05	Migut.F01489.1.p	scaffold-6	13.543.695	13.545.648	260	8,43	27733,32	30,60	stable	XP_012842433.1
MgEXPB-06	Migut.F01689.1.p	scaffold-6	16.703.647	16.704.919	257	7,43	27431,92	28,94	stable	XP_012843349.1
MgEXPB-07	Migut.F01690.1.p	scaffold-6	16.706.971	16.708.226	263	6,25	27515,73	33,94	stable	XP_012843348.1
MgEXPB-08	Migut.F01691.1.p	scaffold-6	16.719.717	16.721.351	269	6,69	28916,63	37,28	stable	XP_012843347.1
MgEXPB-09	Migut.F01692.1.p	scaffold-6	16.722.785	16.724.702	271	6,55	28770,41	31,21	stable	XP_012843346.1
MgEXPB-10	Migut.F01693.1.p	scaffold-6	16.742.121	16.743.523	263	7,52	27593,92	41,53	unstable	XP_012843345.1
MgEXPB-11	Migut.F01694.1.p	scaffold-6	16.748.875	16.750.522	268	6,69	28829,42	34,76	stable	XP_012843347.1
MgEXPB-12	Migut.F01696.1.p	scaffold-6	16.772.887	16.774.103	259	6,4	27659,11	35,64	stable	XP_012843341.1
MgEXPB-13	Migut.H01074.1.p	scaffold-8	8.998.099	9.002.408	251	8,28	27184,96	36,64	stable	XP_012850889.1
MgEXPB-14	Migut.H01074.2.p	scaffold-8	9.001.079	9.002.408	210	6,5	22939,16	41,66	unstable	XP_012850889.1
MgEXLA-01	Migut.B00030.1.p	scaffold-2	152.814	154.832	272	8,4	29837,96	45,11	unstable	XP_012837236.1
MgEXLA-02	Migut.B00030.2.p	scaffold-2	152.983	154.608	197	8,68	21417,64	47,35	unstable	XP_012837236.1
MgEXLB-01	Migut.A00275.1.p	scaffold-1	1.355.963	1.357.236	256	4,95	28070,30	32,50	stable	XP_012855869.1
MgEXLB-02	Migut.E00829.1.p	scaffold-5	6.550.521	6.552.114	260	6,58	28883,97	30,18	stable	XP_012829107.1

EK A.26 *M. polymorpha*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>M. polymorpha</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
MpoEXPA-01	Mapoly0002s0243.1.p	scaffold-2	2.438.749	2.441.360	259	9,17	28473,49	16,21	stable	None
MpoEXPA-02	Mapoly0006s0158.1.p	scaffold-6	1.481.798	1.484.663	278	4,81	30163,04	20,13	stable	None
MpoEXPA-03	Mapoly0019s0184.1.p	scaffold-19	1.868.698	1.873.101	257	9,19	27687,29	35,64	stable	None
MpoEXPA-04	Mapoly0022s0134.1.p	scaffold-22	1.213.746	1.215.627	255	8,34	27112,92	27,40	stable	None
MpoEXPA-05	Mapoly0022s0139.1.p	scaffold-22	1.240.242	1.242.405	259	8,32	27736,25	32,01	stable	None
MpoEXPA-06	Mapoly0022s0142.1.p	scaffold-22	1.279.467	1.283.459	332	7,5	35592,27	35,91	stable	None
MpoEXPA-07	Mapoly0022s0143.1.p	scaffold-22	1.287.707	1.290.112	258	6,92	27781,37	37,73	stable	None
MpoEXPA-08	Mapoly0024s0046.1.p	scaffold-24	608.658	611.411	265	9,81	29242,76	20,86	stable	None
MpoEXPA-09	Mapoly0050s0033.1.p	scaffold-50	245.060	246.851	264	9,46	28989,04	31,25	stable	None
MpoEXPA-10	Mapoly0050s0034.1.p	scaffold-50	251.518	252.463	249	8,95	26582,99	25,59	stable	None
MpoEXPA-11	Mapoly0050s0035.1.p	scaffold-50	255.584	257.425	269	8,82	29745,55	20,21	stable	None
MpoEXPA-12	Mapoly0050s0035.2.p	scaffold-50	255.584	257.907	264	8,58	29079,68	19,17	stable	None
MpoEXPA-13	Mapoly0058s0020.1.p	scaffold-58	155.564	157.173	256	5,68	27874,21	28,87	stable	None
MpoEXPA-14	Mapoly0058s0021.1.p	scaffold-58	159.881	162.200	258	9,08	27982,93	20,15	stable	None
MpoEXPA-15	Mapoly0061s0082.1.p	scaffold-61	645.492	648.393	259	9,66	28364,44	23,68	stable	None
MpoEXPA-16	Mapoly0061s0098.1.p	scaffold-61	813.960	815.652	244	6,48	26072,01	20,91	stable	None
MpoEXPA-17	Mapoly0085s0011.1.p	scaffold-85	80.153	82.464	269	9,45	29402,83	23,16	stable	None
MpoEXPA-18	Mapoly0085s0014.1.p	scaffold-85	93.781	94.877	187	4,66	19927,31	27,33	stable	None

EK A.26'nin devamı

MpoEXPA-19	Mapoly0085s0015.1.p	scaffold-85	95.003	96.593	243	4,52	25825,09	30,54	stable	None
MpoEXPA-20	Mapoly0085s0051.1.p	scaffold-85	360.214	362.731	267	6,79	28828,64	20,89	stable	None
MpoEXPA-21	Mapoly0085s0052.1.p	scaffold-85	369.317	371.691	270	9,15	28934,14	27,75	stable	None
MpoEXPA-22	Mapoly0085s0053.1.p	scaffold-85	374.868	376.957	275	6,94	29922,05	37,81	stable	None
MpoEXPA-23	Mapoly0085s0061.1.p	scaffold-85	449.854	452.263	265	9,73	29182,66	19,26	stable	None
MpoEXPA-24	Mapoly0090s0011.1.p	scaffold-90	116.942	117.697	251	7,54	26329,96	29,37	stable	None
MpoEXPA-25	Mapoly0090s0012.1.p	scaffold-90	126.865	127.605	246	6,37	25875,38	32,46	stable	None
MpoEXPA-26	Mapoly0105s0025.1.p	scaffold-105	228.997	231.057	246	8,02	27047,71	30,56	stable	None
MpoEXPA-27	Mapoly0107s0006.1.p	scaffold-107	39.680	43.066	337	8,08	36828,59	42,15	unstable	None
MpoEXPA-28	Mapoly0118s0014.1.p	scaffold-118	214.145	217.600	271	8,66	30045,43	26,18	stable	None
MpoEXPA-29	Mapoly0118s0015.1.p	scaffold-118	225.450	228.019	267	9,35	29449,66	20,63	stable	None
MpoEXPA-30	Mapoly0118s0017.1.p	scaffold-118	253.913	256.821	255	8,92	27577,20	30,54	stable	None
MpoEXPA-31	Mapoly0125s0001.2.p	scaffold-125	22.913	26.652	256	6,08	27439,82	24,88	stable	None
MpoEXPA-32	Mapoly0125s0001.1.p	scaffold-125	22.942	25.957	263	6,69	28329,91	24,37	stable	None
MpoEXPA-33	Mapoly0131s0018.1.p	scaffold-131	310.751	313.920	266	10,02	29189,84	33,71	stable	None
MpoEXPA-34	Mapoly0137s0020.1.p	scaffold-137	282.983	285.670	264	9,59	28597,70	22,97	stable	None
MpoEXPA-35	Mapoly0137s0021.1.p	scaffold-137	288.230	291.252	269	9,28	28794,69	30,60	stable	None
MpoEXPA-36	Mapoly0161s0011.1.p	scaffold-161	106.355	109.332	296	9	32273,13	14,93	stable	None
MpoEXPA-37	Mapoly0178s0007.1.p	scaffold-178	78.202	80.632	252	10,07	27532,04	21,1	stable	None
MpoEXPA-38	Mapoly0178s0009.1.p	scaffold-178	98.478	99.786	260	8,12	28416,25	24,79	stable	None

EK A.27 *M. truncatula*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>M. truncatula</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
MtrEXPA-01	Medtr1g026020.1	Chr1	8.373.566	8.375.989	255	8,89	27829,61	29,48	stable	XP_003589554.2
MtrEXPA-02	Medtr1g085460.1	Chr1	38.164.772	38.166.135	257	9,35	27969,02	30,78	stable	XP_013469113.1
MtrEXPA-03	Medtr2g090255.1	Chr2	38.354.584	38.356.267	252	8,26	28031,02	39,79	stable	XP_013465076.1
MtrEXPA-04	Medtr2g097030.1	Chr2	41.489.556	41.491.699	260	9,63	28473,49	32,25	stable	XP_013465412.1
MtrEXPA-05	Medtr3g435430.1	Chr3	11.590.733	11.593.257	247	8,92	26302,75	29,57	stable	XP_013459280.1
MtrEXPA-06	Medtr3g466760.1	Chr3	27.476.444	27.478.431	260	8,37	28072,60	30,53	stable	XP_013460425.1
MtrEXPA-07	Medtr3g466790.1	Chr3	27.487.700	27.489.977	254	7,55	27406,73	32,47	stable	XP_013460427.1
MtrEXPA-08	Medtr3g064510.1	Chr3	29.068.579	29.070.728	286	6,06	31165,12	46,18	unstable	XP_003600633.1
MtrEXPA-09	Medtr3g094040.1	Chr3	42.965.158	42.967.247	253	8,37	27041,34	28,66	stable	XP_013461515.1
MtrEXPA-10	Medtr3g094060.1	Chr3	42.973.626	42.975.332	253	8,57	27068,35	25,38	stable	XP_013461516.1
MtrEXPA-11	Medtr4g063975.1	Chr4	23.856.595	23.859.315	258	9,64	28188,13	36,18	stable	XP_013456138.1
MtrEXPA-12	Medtr4g081950.1	Chr4	31.830.763	31.833.405	284	8,97	30617,64	36,27	stable	XP_024638848.1
MtrEXPA-13	Medtr4g102450.1	Chr4	42.465.431	42.467.447	262	8,83	28520,47	30,72	stable	XP_013457655.1
MtrEXPA-14	Medtr4g124340.1	Chr4	51.423.188	51.424.794	284	9,22	30662,04	25,06	stable	AES92110.1
MtrEXPA-15	Medtr5g011210.1	Chr5	3.183.139	3.184.843	263	9,39	28956,22	34,29	stable	XP_003611187.1
MtrEXPA-16	Medtr5g041700.1	Chr5	18.299.811	18.302.055	248	9,5	26586,06	33,39	stable	XP_003613849.1
MtrEXPA-17	Medtr5g075320.1	Chr5	31.998.955	32.001.178	251	8,93	27089,50	33,30	stable	XP_024639442.1
MtrEXPA-18	Medtr5g076950.1	Chr5	32.823.320	32.826.387	266	8,4	29121,94	44,37	unstable	XP_003616175.1

EK A.27'nin devamı

MtrEXPA-19	Medtr5g079950.1	Chr5	34.206.809	34.208.293	259	9,64	28046,79	33,25	stable	XP_003616412.1
MtrEXPA-20	Medtr6g012520.1	Chr6	3.813.982	3.815.849	244	9,38	26596,96	32,66	stable	XP_003618513.1
MtrEXPA-21	Medtr7g011060.1	Chr7	2.865.390	2.868.018	242	9,32	26138,29	38,04	stable	XP_003621257.1
MtrEXPA-22	Medtr7g013120.1	Chr7	3.731.569	3.732.586	253	8,36	27971,01	22,84	stable	XP_003621417.1
MtrEXPA-23	Medtr7g013140.1	Chr7	3.739.087	3.739.934	251	5,85	27320,02	21,21	stable	XP_003621419.1
MtrEXPA-24	Medtr7g013150.1	Chr7	3.744.455	3.745.651	253	9,07	27955,02	23,91	stable	XP_003621420.2
MtrEXPA-25	Medtr7g061720.1	Chr7	22.311.667	22.315.087	258	9,69	27702,58	28,70	stable	XP_013448859.1
MtrEXPA-26	Medtr7g110990.1	Chr7	45.506.174	45.507.359	239	9,54	26271,93	35,63	stable	XP_024626285.1
MtrEXPA-27	Medtr7g111010.1	Chr7	45.511.807	45.512.887	254	9,47	27988,06	36,52	stable	XP_024626285.1
MtrEXPA-28	Medtr8g058990.1	Chr8	20.521.998	20.523.500	253	5,1	28191,97	17,11	stable	XP_013445398.2
MtrEXPA-29	Medtr8g464350.1	Chr8	22.732.660	22.734.252	254	6,57	28538,61	22,04	stable	XP_013445556.1
MtrEXPA-30	Medtr0040s0140.1	scaffold0040	56.287	58.582	256	8,67	28477,73	33,12	stable	XP_013443114.1
MtrEXPB-01	Medtr2g090265.1	Chr2	38.363.047	38.365.828	258	8,35	28249,04	35,67	stable	XP_013465078.1
MtrEXPB-02	Medtr2g090270.1	Chr2	38.369.376	38.371.921	260	7,59	28424,21	26,04	stable	XP_013465079.1
MtrEXPB-03	Medtr4g028640.1	Chr4	9.628.639	9.630.991	267	7,44	29082,95	41,38	unstable	XP_003605327.2
MtrEXPB-04	Medtr0118s0070.1	scaffold0118	38.900	41.967	275	5,25	29361,93	39,81	stable	XP_013442647.1
MtrEXPB-05	Medtr0122s0020.1	scaffold0122	5.905	10.805	266	8,31	29121,35	36,82	stable	XP_013442634.1
MtrEXPB-06	Medtr0122s0020.2	scaffold0122	5.905	10.805	209	7,05	22936,45	35,11	stable	XP_013442634.1
MtrEXPB-07	Medtr0809s0010.1	scaffold0809	1.123	3.500	271	5,74	28956,69	39,66	stable	XP_013441536.1
MtrEXLA-01	Medtr4g075790.1	Chr4	29.007.807	29.009.773	260	8,24	28436,35	39,30	stable	XP_013456587.1
MtrEXLA-02	Medtr4g075790.2	Chr4	29.007.820	29.009.753	194	8,54	21840,98	34,22	stable	KEH30619.1
MtrEXLB-01	Medtr4g098930.1	Chr4	40.866.852	40.868.963	254	4,46	27386,55	40,59	unstable	XP_013457536.1
MtrEXLB-02	Medtr4g099370.1	Chr4	41.232.063	41.233.559	251	5,02	28020,52	35,46	stable	XP_013457593.1

EK A.27'nin devamı

MtrEXLB-03	Medtr4g099400.1	Chr4	41.244.357	41.245.315	179	8,68	20196,96	37,63	stable	KEH31627.1
MtrEXLB-04	Medtr5g013440.1	Chr5	4.262.829	4.265.000	252	5,83	28204,92	32,86	stable	XP_003611388.2

EK A.28 *O. sativa*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>O. sativa</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
OstEXPA-01	LOC_Os01g14650.1	Chr1	8.196.003	8.197.164	251	9,03	26333,77	32,17	Stable	XP_015632452.1
OstEXPA-02	LOC_Os01g14660.1	Chr1	8.201.896	8.202.798	254	6,09	26986,96	34,14	stable	XP_015642130.1
OstEXPA-03	LOC_Os01g16770.1	Chr1	9.526.187	9.526.984	234	7,55	23642,06	38,63	stable	XP_015632122.1
OstEXPA-04	LOC_Os01g60770.1	Chr1	35.145.516	35.147.338	251	6,78	26673,71	39,73	stable	XP_015625064.1
OstEXPA-05	LOC_Os02g16730.1	Chr2	9.551.856	9.553.485	262	9,19	27971,18	26,93	stable	XP_015625531.1
OstEXPA-06	LOC_Os02g16780.1	Chr2	9.569.677	9.570.574	262	8,96	28387,35	27,22	stable	XP_015624733.1
OstEXPA-07	LOC_Os02g16800.1	Chr2	9.574.547	9.575.502	278	9,02	29974,40	35,12	stable	XP_015624731.1
OstEXPA-08	LOC_Os02g16839.1	Chr2	9.578.458	9.579.369	303	9,02	33075,43	24,85	stable	XP_015624166.1
OstEXPA-09	LOC_Os02g16809.1	Chr2	9.589.066	9.590.040	267	9,24	28573,53	24,54	stable	XP_015624166.1
OstEXPA-10	LOC_Os02g16850.1	Chr2	9.600.237	9.601.261	280	8,91	30219,48	30,50	stable	XP_015624729.1
OstEXPA-11	LOC_Os02g51040.1	Chr2	31.220.568	31.222.229	291	9,43	30174,73	43,40	unstable	XP_015623675.1
OstEXPA-12	LOC_Os03g06000.1	Chr3	2.998.855	3.000.007	250	8,51	26429,51	27,60	stable	XP_015628563.1
OstEXPA-13	LOC_Os03g06010.1	Chr3	3.003.413	3.004.575	255	8,37	27086,70	27,72	stable	XP_015628562.1
OstEXPA-14	LOC_Os03g06020.1	Chr3	3.006.330	3.007.331	258	8,92	27595,28	41,26	unstable	XP_015629199.1
OstEXPA-15	LOC_Os03g06040.1	Chr3	3.021.246	3.022.567	249	6,5	26430,92	41,79	unstable	XP_015629343.1
OstEXPA-16	LOC_Os03g06050.1	Chr3	3.026.461	3.027.521	249	5,11	26792,28	35,54	stable	XP_015629981.1
OstEXPA-17	LOC_Os03g06060.1	Chr3	3.036.386	3.037.894	240	5,65	25789,27	33,88	stable	XP_015630094.1

EK A.28'in devamı

OstEXPA-18	LOC_Os03g21820.1	Chr3	12.469.262	12.470.602	259	9,78	27137,74	51,59	unstable	XP_015629257.1
OstEXPA-19	LOC_Os03g25990.1	Chr3	14.894.714	14.896.384	264	9,53	27284,79	49,75	unstable	XP_015629932.1
OstEXPA-20	LOC_Os03g31480.1	Chr3	17.934.776	17.935.790	256	4,86	27148,48	39,18	stable	XP_015629916.1
OstEXPA-21	LOC_Os03g60720.1	Chr3	34.508.262	34.511.279	264	9,45	28222,99	45,75	unstable	XP_015631937.1
OstEXPA-22	LOC_Os04g15840.1	Chr4	8.599.011	8.600.299	261	7,44	27748,18	39,51	stable	XP_015634193.1
OstEXPA-23	LOC_Os04g49410.1	Chr4	29.485.142	29.489.558	257	8,35	27550,59	34,10	stable	XP_015636818.1
OstEXPA-24	LOC_Os05g19570.1	Chr5	11.393.114	11.394.900	255	8,67	27304,93	41,05	unstable	XP_015638086.1
OstEXPA-25	LOC_Os05g19600.1	Chr5	11.418.127	11.419.599	248	8,54	26629,09	33,64	stable	XP_015638203.1
OstEXPA-26	LOC_Os05g39990.1	Chr5	23.495.606	23.497.572	246	8,13	25883,81	37,67	stable	XP_015640854.1
OstEXPA-27	LOC_Os06g01920.1	Chr6	511.855	512.804	284	5,87	30433,21	32,55	stable	XP_015642083.1
OstEXPA-28	LOC_Os06g41700.1	Chr6	24.982.183	24.986.654	260	7,49	27997,97	27,59	stable	XP_015641048.1
OstEXPA-29	LOC_Os06g50400.1	Chr6	30.520.191	30.521.381	263	9,4	28036,62	40,78	unstable	XP_015642522.1
OstEXPA-30	LOC_Os08g44790.1	Chr8	28.137.549	28.138.715	269	9,04	28776,79	23,66	stable	XP_015649517.1
OstEXPA-31	LOC_Os10g30330.1	Chr10	15.751.894	15.753.575	255	8,38	27089,72	41,00	unstable	XP_015613767.1
OstEXPA-32	LOC_Os10g30340.1	Chr10	15.754.875	15.755.891	255	8,01	27114,72	21,60	stable	XP_015613768.1
OstEXPA-33	LOC_Os10g39110.1	Chr10	20.846.283	20.847.507	266	8,72	27930,67	21,74	stable	XP_015614556.1
OstEXPA-34	LOC_Os12g36040.1	Chr12	22.089.434	22.091.866	290	8,49	30046,80	33,36	stable	XP_015619553.2
OstEXPB-01	LOC_Os02g42650.1	Chr2	25.652.321	25.659.494	272	7,59	28840,69	32,46	stable	XP_015624223.1
OstEXPB-02	LOC_Os02g44106.1	Chr2	26.638.624	26.639.988	273	5,89	28175,71	43,88	unstable	XP_015624927.1
OstEXPB-03	LOC_Os02g44108.1	Chr2	26.648.837	26.650.607	292	9,14	30500,10	37,15	stable	XP_015623786.1
OstEXPB-04	LOC_Os03g01260.1	Chr3	179.154	180.206	276	8,58	29761,59	29,69	stable	XP_015632131.1
OstEXPB-05	LOC_Os03g01270.1	Chr3	189.333	191.297	327	6,22	34446,51	40,80	unstable	XP_015632130.1

EK A.28'in devamı

OstEXPB-06	LOC_Os03g01610.1	Chr3	386.873	388.100	267	6,34	28626,75	30,46	stable	XP_015629185.1
OstEXPB-07	LOC_Os03g01630.1	Chr3	391.571	392.374	267	6,88	28937,10	28,88	stable	XP_015629905.1
OstEXPB-08	LOC_Os03g01640.1	Chr3	397.341	398.440	228	5,55	24269,68	24,83	stable	XP_015629185.1
OstEXPB-09	LOC_Os03g01650.1	Chr3	401.057	402.286	267	6,34	28626,75	30,46	stable	XP_015629185.1
OstEXPB-10	LOC_Os03g44290.2	Chr3	24.894.952	24.898.217	368	5,45	38582,91	35,25	stable	XP_015629168.1
OstEXPB-11	LOC_Os03g44290.1	Chr3	24.894.957	24.898.217	375	5,77	39392,85	35,63	stable	XP_015629167.1
OstEXPB-12	LOC_Os04g46630.1	Chr4	27.645.595	27.647.517	264	8,06	27366,04	30,83	stable	XP_015634512.1
OstEXPB-13	LOC_Os04g46650.1	Chr4	27.655.666	27.657.079	275	9,64	28717,66	43,12	unstable	XP_015635052.1
OstEXPB-14	LOC_Os05g15690.1	Chr5	8.870.360	8.871.945	264	6,68	27152,67	27,48	stable	XP_015638415.1
OstEXPB-15	LOC_Os06g45200.1	Chr6	27.326.491	27.328.703	171	5,83	18906,47	10,03	stable	XP_015642411.2
OstEXPB-16	LOC_Os06g45210.1	Chr6	27.329.131	27.330.356	228	9,13	24464,07	10,33	stable	XP_015642412.1
OstEXPB-17	LOC_Os10g40090.1	Chr10	21.465.009	21.466.849	269	8,66	28985,41	38,93	stable	XP_015614058.1
OstEXPB-18	LOC_Os10g40700.1	Chr10	21.830.151	21.831.694	275	7,57	29883,69	34,46	stable	XP_015614019.1
OstEXPB-19	LOC_Os10g40710.1	Chr10	21.835.930	21.837.651	261	9,1	28685,60	29,36	stable	XP_015614021.1
OstEXPB-20	LOC_Os10g40720.1	Chr10	21.847.804	21.849.726	268	5,51	29191,77	24,17	stable	XP_015612911.1
OstEXPB-21	LOC_Os10g40730.1	Chr10	21.858.750	21.861.307	286	5,96	31358,10	26,66	stable	XP_015614992.1
OstEXLA-01	LOC_Os03g04020.1	Chr3	1.831.332	1.833.506	279	9,23	30038,33	32,63	stable	XP_015628071.1
OstEXLA-02	LOC_Os03g04020.2	Chr3	1.831.332	1.833.506	239	8,95	25889,43	28,55	stable	XP_015628071.1
OstEXLA-03	LOC_Os06g50960.1	Chr6	30.846.360	30.848.025	313	6,13	34120,44	53,76	unstable	XP_015641760.1
OstEXLA-04	LOC_Os07g29290.1	Chr7	17.161.995	17.165.698	276	8,92	29726,06	35,42	stable	XP_015645083.1
OstEXLA-05	LOC_Os10g39640.1	Chr10	21.179.529	21.181.718	275	9,13	29301,42	37,91	stable	XP_015614226.1
OstEXLB-01	LOC_Os07g31390.1	Chr7	18.598.157	18.599.606	256	5,55	27576,10	39,93	stable	XP_015647574..1

EK A.29 *O. thomaeum*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>O. thomaeum</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
OthEXPA-01	Oropetium_20150105_13358A	Oropetium_genomic_20141112_015	1.768.844	1.769.748	268	9,56	26223,72	26,44	stable	None
OthEXPB-01	Oropetium_20150105_00776A	Oropetium_genomic_20141112_001	4.539.549	4.540.838	181	4,53	19149,55	32,99	stable	None
OthEXPB-02	Oropetium_20150105_02861A	Oropetium_genomic_20141112_004	2.230.237	2.233.245	240	8,56	25630,10	32,69	stable	None
OthEXPB-03	Oropetium_20150105_08357A	Oropetium_genomic_20141112_011	2.498.813	2.504.155	334	4,77	35420,20	26,57	stable	None
OthEXPB-04	Oropetium_20150105_08393A	Oropetium_genomic_20141112_011	2.767.710	2.768.528	272	6,24	29361,58	28,55	stable	None
OthEXPB-05	Oropetium_20150105_10836A	Oropetium_genomic_20141112_013	2.293.094	2.295.240	305	8,11	33223,29	31,69	stable	None
OthEXPB-06	Oropetium_20150105_13208A	Oropetium_genomic_20141112_015	475.319	476.762	318	9,81	33145,26	48,71	unstable	None
OthEXPB-07	Oropetium_20150105_12183A	Oropetium_genomic_20141112_029	1.507.661	1.510.742	175	9,54	19153,01	25,20	stable	None
OthEXPB-08	Oropetium_20150105_12309A	Oropetium_genomic_20141112_029	2.236.136	2.242.081	375	8,58	39342,31	37,90	stable	None
OthEXPB-09	Oropetium_20150105_21003A	Oropetium_genomic_20141112_045	947.754	948.572	272	7,55	29243,50	30,57	stable	None
OthEXPB-10	Oropetium_20150105_20002A	Oropetium_genomic_20141112_051	9.593	11.656	258	7,56	28784,22	31,69	stable	None

EK A.29'un devamı

OthEXPB-11	Oropetium_20150105_21 237A	Oropetium_genomic_20141112_0 74	946.213	947.997	307	9,28	32830,43	34,93	stable	None
OthEXPB-12	Oropetium_20150105_21 238A	Oropetium_genomic_20141112_0 74	952.175	959.994	510	7,42	53498,08	34,13	stable	None
OthEXPB-13	Oropetium_20150105_22 027A	Oropetium_genomic_20141112_0 76	555.129	556.286	275	5,36	26107,56	32,88	stable	None
OthEXPB-14	Oropetium_20150105_22 072A	Oropetium_genomic_20141112_0 76	973.388	1.007.871	1874	9,29	203838,59	34,41	stable	None
OthEXPB-15	Oropetium_20150105_21 288A	Oropetium_genomic_20141112_0 90	86.580	87.559	274	8,59	29987,69	40,94	unstable	None
OthEXPB-16	Oropetium_20150105_26 576A	Oropetium_genomic_20141112_1 10	282.190	283.009	146	5,11	14863,63	22,18	stable	None
OthEXPB-17	Oropetium_20150105_27 747A	Oropetium_genomic_20141112_2 43	3.971	5.323	267	7,02	29152,75	28,42	stable	None
OthEXPB-18	Oropetium_20150105_27 748A	Oropetium_genomic_20141112_2 43	20.485	22.548	263	7,56	29382,92	30,83	stable	None
OthEXPB-19	Oropetium_20150105_21 300A	Oropetium_genomic_20141112_3 07	23.041	23.925	270	8,89	27893,35	26,32	stable	None
OthEXPB-20	Oropetium_20150105_26 808A	Oropetium_genomic_20141112_3 07	23.041	23.925	294	9,24	30726,57	30,37	stable	None
OthEXLA-01	Oropetium_20150105_13 302A	Oropetium_genomic_20141112_0 15	1.260.339	1.262.425	252	8,94	27181,19	33,99	stable	None
OthEXLA-02	Oropetium_20150105_22 652A	Oropetium_genomic_20141112_0 89	576.447	577.843	256	9,33	27572,54	33,76	stable	None

EK A.30 *P. hallii*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. hallii</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PhEXPA-01	Pahal.1G112800.1.p	Chr1	8.711.532	8.712.846	271	9,12	28634,44	34,46	stable	XP_025804401.1
PhEXPA-02	Pahal.1G112900.1.p	Chr1	8.728.500	8.729.681	268	9,12	28399,33	33,04	stable	XP_025804406.1
PhEXPA-03	Pahal.1G113200.1.p	Chr1	8.755.579	8.756.661	268	7,56	28533,45	27,58	stable	XP_025813700.1
PhEXPA-04	Pahal.1G113300.1.p	Chr1	8.774.144	8.775.687	233	9,28	25350,17	41,65	unstable	XP_025813700.1
PhEXPA-05	Pahal.1G113400.1.p	Chr1	8.787.898	8.789.203	258	9,5	27761,62	25,99	stable	XP_025819354.1
PhEXPA-06	Pahal.1G115400.1.p	Chr1	8.975.208	8.976.442	269	8,81	28779,44	32,66	stable	XP_025819374.1
PhEXPA-07	Pahal.1G381400.1.p	Chr1	54.496.077	54.497.739	291	9,69	30216,87	39,40	stable	XP_025816204.1
PhEXPA-08	Pahal.2G376000.1.p	Chr2	50.137.729	50.138.816	266	9,08	28147,00	34,30	stable	XP_025801681.1
PhEXPA-09	Pahal.3G240700.1.p	Chr3	15.599.411	15.601.755	248	8,45	25873,87	31,98	stable	XP_025808301.1
PhEXPA-10	Pahal.3G393800.1.p	Chr3	48.024.728	48.026.172	256	8,71	27749,36	33,55	stable	XP_025804818.1
PhEXPA-11	Pahal.4G011400.1.p	Chr4	773.551	774.954	265	9,37	28326,06	36,23	stable	XP_025811316.1
PhEXPA-12	Pahal.4G080800.1.p	Chr4	5.521.477	5.524.825	260	7,52	27928,77	26,56	stable	XP_025810370.1
PhEXPA-13	Pahal.4G354900.1.p	Chr4	52.478.989	52.480.226	278	7,97	29939,59	43,96	unstable	XP_025813829.1
PhEXPA-14	Pahal.5G110400.1.p	Chr5	6.638.320	6.640.491	251	7,47	26441,50	34,62	stable	XP_025814775.1
PhEXPA-15	Pahal.5G414300.1.p	Chr5	51.239.725	51.241.472	245	8,82	25315,17	40,67	unstable	XP_025819679.1
PhEXPA-16	Pahal.5G433700.1.p	Chr5	52.556.830	52.557.994	250	6,04	26471,50	37,67	stable	XP_025816825.1
PhEXPA-17	Pahal.5G434200.1.p	Chr5	52.576.443	52.577.831	256	9,71	27607,37	42,17	unstable	XP_025816912.1
PhEXPA-18	Pahal.6G013800.1.p	Chr6	1.148.852	1.149.753	258	6,51	27506,96	42,16	unstable	XP_025820725.1

EK A.30'un devamı

PhEXPA-19	Pahal.6G305600.1.p	Chr6	45.417.674	45.418.489	271	8,99	28561,36	32,61	stable	XP_025822508.1
PhEXPA-20	Pahal.7G266300.1.p	Chr7	42.647.988	42.651.342	257	8,7	27659,74	37,44	stable	XP_025823364.1
PhEXPA-21	Pahal.9G029900.1.p	Chr9	1.671.634	1.675.012	261	9,36	27977,75	43,00	unstable	XP_025793067.1
PhEXPA-22	Pahal.9G238400.1.p	Chr9	16.060.751	16.062.176	258	9,13	27022,69	39,88	stable	XP_025798179.1
PhEXPA-23	Pahal.9G238500.1.p	Chr9	16.082.045	16.083.361	257	8,87	27312,98	35,44	stable	XP_025798035.1
PhEXPA-24	Pahal.9G238600.1.p	Chr9	16.084.155	16.085.521	252	8,01	26220,44	33,20	stable	XP_025796781.1
PhEXPA-25	Pahal.9G238700.1.p	Chr9	16.090.418	16.091.641	251	6,68	26675,11	32,89	stable	XP_025796782.1
PhEXPA-26	Pahal.9G238800.1.p	Chr9	16.098.077	16.099.376	253	5,66	26838,30	31,43	stable	XP_025798303.1
PhEXPA-27	Pahal.9G238900.1.p	Chr9	16.104.595	16.105.454	249	6,67	26198,44	38,01	stable	XP_025798304.1
PhEXPA-28	Pahal.9G239000.1.p	Chr9	16.114.971	16.116.178	252	9,03	26614,16	38,83	stable	XP_025797257.1
PhEXPA-29	Pahal.9G239100.1.p	Chr9	16.120.274	16.121.437	250	6,67	26053,30	35,29	stable	XP_025797258.1
PhEXPA-30	Pahal.9G403100.1.p	Chr9	57.218.180	57.219.436	257	9,38	27641,52	30,71	stable	XP_025796726.1
PhEXPA-31	Pahal.9G449000.1.p	Chr9	61.052.287	61.055.507	256	10,2	26798,43	43,47	unstable	XP_025797748.1
PhEXPA-32	Pahal.9G599700.1.p	Chr9	70.975.378	70.976.643	252	5,83	27247,86	33,66	stable	XP_025794988.1
PhEXPA-33	Pahal.9G599900.1.p	Chr9	70.989.056	70.990.578	249	9,11	26728,30	24,79	stable	XP_025798368.1
PhEXPA-34	Pahal.9G600000.1.p	Chr9	70.992.029	70.996.449	288	9	30414,55	40,88	unstable	XP_025791948.1
PhEXPA-35	Pahal.9G600400.1.p	Chr9	71.014.524	71.016.419	382	9,76	41541,85	43,02	unstable	XP_025797553.1
PhEXPB-01	Pahal.1G323700.1.p	Chr1	50.777.857	50.781.913	269	8,3	28057,79	36,10	stable	XP_025792098.1
PhEXPB-02	Pahal.1G334700.1.p	Chr1	51.427.554	51.428.685	239	6,04	24969,95	35,36	stable	XP_025815389.1
PhEXPB-03	Pahal.1G334800.1.p	Chr1	51.449.876	51.451.600	268	8,37	27959,58	38,83	stable	XP_025815395.1
PhEXPB-04	Pahal.1G334900.1.p	Chr1	51.455.244	51.456.857	231	6,87	24174,28	35,21	stable	XP_025826676.1
PhEXPB-05	Pahal.1G334900.2.p	Chr1	51.455.244	51.456.860	221	7,48	23416,62	35,64	stable	XP_025826676.1
PhEXPB-06	Pahal.1G335300.1.p	Chr1	51.494.888	51.496.632	292	8,75	30360,44	35,19	stable	XP_025824289.1

EK A.30'un devamı

PhEXPB-07	Pahal.2G115200.1.p	Chr2	9.555.403	9.556.952	315	9,41	33239,22	40,29	unstable	XP_025802812.1
PhEXPB-08	Pahal.2G116000.1.p	Chr2	9.639.856	9.640.953	297	9,66	31024,58	44,33	unstable	PVH63826.1
PhEXPB-09	Pahal.3G473500.1.p	Chr3	60.685.155	60.686.404	268	7,47	28726,07	27,78	stable	XP_025808383.1
PhEXPB-10	Pahal.3G473800.1.p	Chr3	60.700.853	60.702.095	268	7,95	28679,00	28,18	stable	XP_025808382.1
PhEXPB-11	Pahal.4G163500.1.p	Chr4	20.592.545	20.594.282	319	9,48	33428,16	39,12	stable	XP_025812285.1
PhEXPB-12	Pahal.7G230100.1.p	Chr7	40.264.706	40.269.050	273	8,81	29032,46	34,66	stable	XP_025823230.1
PhEXPB-13	Pahal.7G244900.1.p	Chr7	41.197.045	41.198.604	262	6,25	26927,34	33,12	stable	XP_025825872.1
PhEXPB-14	Pahal.7G245000.1.p	Chr7	41.199.017	41.200.142	284	9,73	29433,61	42,76	unstable	PAN39464.1
PhEXPB-15	Pahal.7G245100.1.p	Chr7	41.202.633	41.204.193	264	5,86	27028,43	34,16	stable	XP_025825875.1
PhEXPB-16	Pahal.7G245200.1.p	Chr7	41.206.300	41.207.947	293	9,38	30765,68	41,94	unstable	XP_025825874.1
PhEXPB-17	Pahal.9G153500.1.p	Chr9	9.463.275	9.468.137	297	4,97	31266,09	40,86	unstable	XP_025791578.1
PhEXPB-18	Pahal.9G153700.1.p	Chr9	9.468.634	9.473.031	305	5,73	32026,99	35,33	stable	XP_025791578.1
PhEXPB-19	Pahal.9G196400.1.p	Chr9	12.588.110	12.590.029	325	6,04	34965,78	34,98	stable	XP_025797066.1
PhEXPB-20	Pahal.9G388200.1.p	Chr9	52.318.563	52.321.310	285	7,06	31249,21	25,21	stable	XP_025792493.1
PhEXPB-21	Pahal.9G388300.1.p	Chr9	55.975.506	55.978.696	326	7,49	35150,88	40,53	unstable	XP_025792492.1
PhEXPB-22	Pahal.9G388400.1.p	Chr9	55.995.451	55.997.214	266	5,19	28709,23	31,36	stable	XP_025794798.1
PhEXPB-23	Pahal.9G388500.1.p	Chr9	56.002.322	56.004.105	269	5,35	29162,73	33,75	stable	XP_025794797.1
PhEXPB-24	Pahal.9G388600.1.p	Chr9	56.018.108	56.019.821	273	8,98	29456,40	43,25	unstable	XP_025795220.1
PhEXPB-25	Pahal.9G388700.1.p	Chr9	56.024.472	56.026.224	267	9,68	29263,31	39,31	stable	XP_025793093.1
PhEXPB-26	Pahal.9G389000.1.p	Chr9	56.043.432	56.044.891	272	9,21	29192,36	30,95	stable	XP_025793092.1
PhEXPB-27	Pahal.9G389200.1.p	Chr9	56.051.544	56.053.035	280	9,34	30510,61	29,31	stable	XP_025793090.1
PhEXPB-28	Pahal.9G389500.1.p	Chr9	56.094.928	56.096.742	276	7,59	30258,20	33,05	stable	XP_025793091.1
PhEXPB-29	Pahal.9G395100.1.p	Chr9	56.607.527	56.608.927	268	8,77	28934,34	26,98	stable	XP_025791437.1

EK A.30'un devamı

PhEXPB-30	Pahal.9G395200.1.p	Chr9	56.610.179	56.611.214	276	5,61	29598,55	34,85	stable	XP_025791436.1
PhEXPB-31	Pahal.9G639200.1.p	Chr9	73.605.989	73.606.795	268	7,47	28754,06	27,26	stable	XP_025795930.1
PhEXPB-32	Pahal.9G639300.1.p	Chr9	73.609.730	73.610.536	268	7,47	28782,12	30,11	stable	XP_025795967.1
PhEXPB-33	Pahal.9G640900.1.p	Chr9	73.740.177	73.742.140	301	5,57	31970,76	43,87	unstable	XP_025794329.1
PhEXPB-34	Pahal.9G641000.1.p	Chr9	73.744.243	73.745.632	273	9,19	29907,82	44,80	unstable	XP_025794331.1
PhEXLA-01	Pahal.2G370400.1.p	Chr2	49.774.631	49.777.396	282	9,22	30601,08	37,10	stable	XP_025802118.1
PhEXLA-02	Pahal.4G009100.1.p	Chr4	617.082	619.134	289	8,5	30684,04	51,10	unstable	XP_025812416.1
PhEXLA-03	Pahal.9G399400.1.p	Chr9	56.942.578	56.944.986	268	9,07	28567,52	43,16	unstable	XP_025794946.1
PhEXLA-04	Pahal.9G616700.1.p	Chr9	72.041.797	72.044.494	270	9,17	29062,36	38,36	stable	XP_025791439.1
PhEXLB-01	Pahal.2G379900.1.p	Chr2	50.373.055	50.375.552	256	6,05	27426,10	34,67	stable	XP_025804646.1

EK A.31 *R. communis*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>R. communis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
RcEXPA-01	27383.m000164	27383	80.315	82.273	201	10,2	22097,26	31,57	stable	EEF29236.1
RcEXPA-02	28223.m000099	28223	65.845	68.862	259	9,78	27897,92	37,32	stable	XP_002533097.1
RcEXPA-03	28649.m000224	28649	83.039	84.704	241	8,95	26025,28	38,01	stable	XP_002533125.1
RcEXPA-04	28842.m000919	28842	135.508	136.433	247	8,94	26545,86	24,41	stable	XP_002523388.1
RcEXPA-05	29044.m000170	29044	83.157	84.126	248	8,72	26778,06	25,14	stable	XP_002532867.1
RcEXPA-06	29729.m002361	29729	525.919	527.592	252	8,06	27063,22	33,58	stable	XP_002520863.1
RcEXPA-07	29804.m001486	29804	430.797	433.078	256	7,5	27255,58	40,08	unstable	XP_002518284.1
RcEXPA-08	29813.m001510	29813	394.792	396.537	249	9,26	26612,95	38,28	stable	XP_002522457.1
RcEXPA-09	29897.m000363	29897	223.065	224.585	258	9,55	28437,36	42,20	unstable	XP_025014631.1
RcEXPA-10	29950.m001164	29950	253.561	254.637	247	9,6	26473,97	29,88	stable	XP_002525458.1
RcEXPA-11	30076.m004515	30076	461.379	462.490	255	9,6	27742,65	35,17	stable	XP_002515144.1
RcEXPA-12	30076.m004517	30076	469.800	470.890	255	9,09	27794,74	32,53	stable	XP_002515146.1
RcEXPA-13	30078.m002246	30078	242.274	244.158	282	9,48	31184,58	27,59	stable	XP_002519448.1
RcEXPA-14	30138.m004059	30138	1.602.964	1.604.310	249	8,63	26672,91	35,10	stable	XP_002514740.1
RcEXPA-15	30162.m001293	30162	1.646.665	1.647.684	251	7,5	27837,76	38,78	stable	XP_002514405.1
RcEXPA-16	30170.m014276	30170	3.690.701	3.691.686	256	9,19	27755,60	31,92	stable	XP_002510588.1
RcEXPA-17	30171.m000416	30171	214.940	217.708	269	8,4	29492,60	38,88	stable	XP_002526588.1
RcEXPA-18	30190.m011094	30190	1.775.481	1.776.767	266	8,38	29120,06	29,60	stable	XP_002509677.1

EK A.31'in devamı

RcEXPB-01	29983.m003217	29983	639.63	642.782	259	8,87	28310,35	26,47	stable	XP_002517939.1
RcEXPB-02	30174.m008816	30174	469.388	470.72	272	7,5	28796,42	44,24	unstable	XP_002511649.1
RcEXLA-01	28349.m000062	28349	8.350	10.241	259	8,64	28121,12	44,28	unstable	XP_002534094.1
RcEXLB-01	27940.m000328	27940	37.273	39.160	247	6,7	27210,03	30,46	stable	XP_002531220.1
RcEXLB-02	27940.m000329	27940	53.281	55.049	248	8,66	27715,60	26,1	stable	XP_002531221.1
RcEXLB-03	29628.m000766	29628	84.765	86.129	256	4,61	27803,13	36,09	stable	XP_002528779.2
RcEXLB-04	29628.m000767	29628	89.523	90.973	256	4,54	27697,91	39,85	stable	XP_002528780.1

EK A.32 *S. bicolor*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. bicolor</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SbEXPA-01	Sobic.001G033300.1.p	Chr1	2.523.358	2.527.858	262	9,47	28157,04	44,04	unstable	XP_002463623.1
SbEXPA-02	Sobic.001G155600.2.p	Chr1	12.595.945	12.599.641	270	9,53	28629,26	39,24	stable	XP_002437605.1
SbEXPA-03	Sobic.001G237800.1.p	Chr1	24.405.609	24.407.166	256	8,41	26947,38	37,29	stable	XP_002464570.1
SbEXPA-04	Sobic.001G237900.1.p	Chr1	24.426.353	24.428.132	257	9,04	27445,27	27,90	stable	XP_002464571.1
SbEXPA-05	Sobic.001G238000.1.p	Chr1	24.430.349	24.431.772	253	8,84	26757,24	39,41	stable	XP_002467181.1
SbEXPA-06	Sobic.001G238100.1.p	Chr1	24.465.182	24.466.545	253	8,04	26989,46	35,05	stable	XP_002467182.2
SbEXPA-07	Sobic.001G238200.1.p	Chr1	24.470.313	24.471.749	291	7,96	30917,84	37,70	stable	XP_002467183.1
SbEXPA-08	Sobic.001G238300.1.p	Chr1	24.476.223	24.477.439	251	8,81	26612,00	36,17	stable	XP_002464572.1
SbEXPA-09	Sobic.001G238400.1.p	Chr1	24.481.079	24.482.375	253	8,79	26515,73	32,25	stable	XP_002464573.1
SbEXPA-10	Sobic.001G314600.1.p	Chr1	60.271.253	60.272.510	264	9,14	28374,43	26,19	stable	XP_002467588.1
SbEXPA-11	Sobic.001G356400.1.p	Chr1	64.569.251	64.570.347	261	10,2	27445,09	52,28	unstable	XP_002467788.1
SbEXPA-12	Sobic.001G499701.1.p	Chr1	76.913.420	76.914.768	249	9,03	26647,03	31,30	stable	XP_002468482.1
SbEXPA-13	Sobic.001G499800.1.p	Chr1	76.917.505	76.925.530	261	8,74	27758,50	36,17	stable	OQU93208.1
SbEXPA-14	Sobic.001G499900.1.p	Chr1	76.927.341	76.928.911	254	9,25	27234,62	32,79	stable	XP_002468484.1
SbEXPA-15	Sobic.002G305800.1.p	Chr2	68.078.457	68.079.892	272	9,43	29174,07	26,01	stable	XP_002460713.2
SbEXPA-16	Sobic.003G059900.1.p	Chr3	5.295.008	5.296.202	253	5,21	26768,82	30,22	stable	XP_002457299.1
SbEXPA-17	Sobic.003G112100.1.p	Chr3	10.081.930	10.084.791	254	4,96	26885,94	30,62	stable	XP_002457563.1
SbEXPA-18	Sobic.003G128800.1.p	Chr3	11.875.335	11.883.124	244	8,08	25194,12	31,75	stable	XP_002455446.1

EK A.32'nin devamı

SbEXPA-19	Sobic.003G338801.1.p	Chr3	66.191.754	66.194.027	252	6,38	26440,47	36,31	stable	XP_002456550.1
SbEXPA-20	Sobic.003G444400.1.p	Chr3	74.266.256	74.267.531	282	9,67	30199,46	38,30	stable	XP_002457027.1
SbEXPA-21	Sobic.004G119600.1.p	Chr4	12.817.997	12.819.125	257	9,46	27516,49	27,45	stable	XP_002451921.1
SbEXPA-22	Sobic.004G119800.1.p	Chr4	12.833.400	12.834.729	270	9,16	28760,83	31,17	stable	XP_002451922.1
SbEXPA-23	Sobic.004G119900.1.p	Chr4	12.863.750	12.866.021	254	9,85	27186,17	32,42	stable	XP_021314574.1
SbEXPA-24	Sobic.004G120000.1.p	Chr4	12.910.117	12.911.141	246	9,51	26437,07	36,95	stable	EES04900.1
SbEXPA-25	Sobic.004G121600.1.p	Chr4	13.330.906	13.332.319	262	9,22	28287,34	32,53	stable	XP_002451930.1
SbEXPA-26	Sobic.004G121700.1.p	Chr4	13.374.207	13.375.247	255	9,39	27558,53	30,09	stable	EES04907.1
SbEXPA-27	Sobic.004G121800.1.p	Chr4	13.392.150	13.393.497	259	9,02	27870,91	31,33	stable	XP_002451932.1
SbEXPA-28	Sobic.004G121900.1.p	Chr4	13.420.736	13.422.191	258	9,13	27784,79	27,78	stable	XP_002451933.1
SbEXPA-29	Sobic.004G238801.1.p	Chr4	58.664.711	58.666.648	292	9,43	30350,99	35,59	stable	XP_002454289.1
SbEXPA-30	Sobic.006G191700.1.p	Chr6	54.588.520	54.591.502	263	8,63	27951,42	37,00	stable	XP_002446193.1
SbEXPA-31	Sobic.007G018000.1.p	Chr7	1.554.396	1.555.756	257	8,53	27832,95	35,72	stable	XP_002446990.1
SbEXPA-32	Sobic.007G019900.1.p	Chr7	1.855.603	1.856.772	266	5,63	28408,89	36,31	stable	XP_002444925.1
SbEXPA-33	Sobic.007G020100.1.p	Chr7	1.873.666	1.875.062	278	7,47	30053,05	45,58	unstable	XP_002444938.1
SbEXPA-34	Sobic.007G020200.1.p	Chr7	1.885.830	1.887.792	260	6,24	28103,82	35,84	stable	XP_002443775.1
SbEXPA-35	Sobic.007G166500.1.p	Chr7	60.163.042	60.163.905	259	6,24	27987,69	36,12	stable	XP_002443776.1
SbEXPA-36	Sobic.009G173700.1.p	Chr9	52.914.266	52.924.065	274	9,11	28829,68	36,10	stable	KXG25373.1
SbEXPA-37	Sobic.010G006200.1.p	Chr10	503.695	504.961	248	6,87	25831,78	35,11	stable	XP_002441263.1
SbEXPA-38	Sobic.010G194500.1.p	Chr10	53.707.267	53.710.736	276	8,51	29254,15	42,92	unstable	XP_002437687.1
SbEXPA-39	Sobic.010G268700.1.p	Chr10	60.323.587	60.324.852	261	6,88	28096,86	28,40	stable	XP_002437295.1
SbEXPB-01	Sobic.001G155700.5.p	Chr1	12.601.267	12.605.527	325	4,96	34230,69	37,35	stable	XP_002466755.2

EK A.32'nin devamı

SbEXPB-02	Sobic.001G300400.1.p	Chr1	58.170.939	58.174.678	306	5,34	32126,19	33,15	stable	XP_002466756.1
SbEXPB-03	Sobic.001G300500.1.p	Chr1	58.200.893	58.202.638	290	6,99	31852,82	30,22	stable	XP_002467502.1
SbEXPB-04	Sobic.001G300700.1.p	Chr1	58.217.949	58.219.755	319	8,68	35099,67	30,73	stable	KXG38933.1
SbEXPB-05	Sobic.001G300800.2.p	Chr1	58.233.407	58.238.074	266	5,35	29126,60	27,95	stable	XP_002464944.1
SbEXPB-06	Sobic.001G300800.1.p	Chr1	58.236.575	58.238.354	325	4,89	34837,25	37,09	stable	OQU92156.1
SbEXPB-07	Sobic.001G300900.2.p	Chr1	58.244.005	58.250.989	266	4,87	28805,24	27,37	stable	OQU92156.1
SbEXPB-08	Sobic.001G301000.1.p	Chr1	58.262.947	58.264.636	308	5,75	33463,73	27,15	stable	XP_021319764.1
SbEXPB-09	Sobic.001G301300.1.p	Chr1	58.289.455	58.290.954	276	9,62	29946,98	36,77	stable	XP_002464947.1
SbEXPB-10	Sobic.001G301400.1.p	Chr1	58.302.321	58.303.918	269	9,51	28920,15	27,41	stable	XP_002464949.1
SbEXPB-11	Sobic.001G301500.1.p	Chr1	58.340.492	58.342.011	278	9,56	29996,87	28,48	stable	XP_002464950.1
SbEXPB-12	Sobic.001G301600.1.p	Chr1	58.350.449	58.351.958	282	7,02	30885,74	36,84	stable	XP_002464951.1
SbEXPB-13	Sobic.001G306200.1.p	Chr1	59.017.764	59.019.186	282	6,64	30853,70	37,67	stable	XP_002467508.1
SbEXPB-14	Sobic.001G306200.2.p	Chr1	59.017.764	59.019.186	266	9,15	28693,17	25,79	stable	XP_021316389.1
SbEXPB-15	Sobic.001G306400.1.p	Chr1	59.040.123	59.041.559	259	9,3	28066,59	27,42	stable	KXG38970.1
SbEXPB-16	Sobic.001G306500.1.p	Chr1	59.117.709	59.119.251	266	9,15	28753,20	28,33	stable	XP_002467539.1
SbEXPB-17	Sobic.001G306500.3.p	Chr1	59.117.709	59.119.251	266	9,15	28741,15	28,70	stable	XP_021306935.1
SbEXPB-18	Sobic.001G306500.2.p	Chr1	59.117.709	59.119.251	244	9,24	26397,69	31,95	stable	KXG38973.1
SbEXPB-19	Sobic.001G539600.1.p	Chr1	80.240.703	80.241.503	224	9,16	24352,39	28,70	stable	KXG38974.1
SbEXPB-20	Sobic.001G539700.1.p	Chr1	80.252.891	80.254.162	256	6,44	27761,77	24,17	stable	OQU93455.1
SbEXPB-21	Sobic.001G539880.1.p	Chr1	80.252.891	80.254.162	266	6,88	28630,74	24,15	stable	XP_002466019.1
SbEXPB-22	Sobic.001G539940.1.p	Chr1	80.277.240	80.278.527	212	7,69	23088,26	25,80	stable	OQU93456.1
SbEXPB-23	Sobic.001G540000.2.p	Chr1	80.285.730	80.287.036	266	6,88	28619,67	25,32	stable	XP_002468686.1

EK A.32'nin devamı

SbEXPB-24	Sobic.001G542100.1.p	Chr1	80.531.707	80.533.460	266	6,44	28672,77	23,90	stable	XP_002468687.1
SbEXPB-25	Sobic.001G542200.2.p	Chr1	80.544.362	80.545.961	320	5,97	33849,92	43,27	unstable	XP_002468693.2
SbEXPB-26	Sobic.001G542200.1.p	Chr1	80.544.367	80.545.961	273	9,04	29865,78	34,76	stable	KAG0553264.1
SbEXPB-27	Sobic.002G124400.1.p	Chr2	16.611.974	16.613.474	297	9,3	32572,85	37,11	stable	XP_002466040.2
SbEXPB-28	Sobic.002G124500.1.p	Chr2	16.648.054	16.649.441	307	9,44	31962,64	37,42	stable	XP_002461926.1
SbEXPB-29	Sobic.004G191600.1.p	Chr4	54.338.676	54.341.686	312	9,55	33031,05	40,49	unstable	XP_002461928.1
SbEXPB-30	Sobic.004G191600.2.p	Chr4	54.338.688	54.341.686	318	6,49	34624,41	34,88	stable	XP_002452339.1
SbEXPB-31	Sobic.004G191600.3.p	Chr4	54.338.688	54.341.686	309	6,12	33830,34	38,85	stable	OQU85200.1
SbEXPB-32	Sobic.004G227900.1.p	Chr4	57.748.597	57.753.412	296	6,15	32262,41	39,31	stable	OQU85199.1
SbEXPB-33	Sobic.004G227900.2.p	Chr4	57.749.44	57.753.429	273	8,08	28582,20	28,92	stable	XP_002452512.1
SbEXPB-34	Sobic.004G294300.1.p	Chr4	63.429.826	63.431.751	196	9,34	21017,96	31,77	stable	OQU85377.1
SbEXPB-35	Sobic.004G294400.1.p	Chr4	63.449.764	63.451.513	295	8,84	30770,99	37,14	stable	XP_002452804.1
SbEXPB-36	Sobic.004G294500.1.p	Chr4	63.460.123	63.462.394	294	8,82	30766,06	41,96	unstable	XP_002454532.1
SbEXPB-37	Sobic.006G031900.1.p	Chr6	6.888.717	6.890.214	264	7,49	27406,98	41,83	unstable	XP_002454533.1
SbEXPB-38	Sobic.006G157000.2.p	Chr6	51.588.198	51.598.775	696	5,77	76814,03	32,56	stable	OQU82013.1
SbEXPB-39	Sobic.006G171100.1.p	Chr6	52.761.527	52.763.240	288	9,87	30560,90	33,88	stable	XP_002446905.1
SbEXPB-40	Sobic.006G171200.1.p	Chr6	52.765.817	52.767.437	263	7,5	26909,39	29,20	stable	XP_002446906.1
SbEXPB-41	Sobic.006G171300.1.p	Chr6	52.770.941	52.773.652	291	9,6	30693,60	37,60	stable	XP_002446907.1
SbEXPB-42	Sobic.010G120100.1.p	Chr10	13.680.107	13.681.549	259	7,45	26903,23	37,44	stable	XP_002436887.1
SbEXPB-43	Sobic.010G121800.1.p	Chr10	14.150.586	14.152.163	259	6,79	26757,94	36,93	stable	XP_002438262.2
SbEXLA-01	Sobic.001G311000.1.p	Chr1	59.789.307	59.792.062	282	9,05	30159,29	42,46	unstable	XP_021311364.1
SbEXLA-02	Sobic.001G516500.1.p	Chr1	78.317.740	78.320.162	270	9,03	29211,45	32,85	stable	XP_002468570.1

EK A.32'nin devamı

SbEXLA-03	Sobic.002G300000.1.p	Chr2	67.618.522	67.621.266	274	8,72	29259,50	28,28	stable	XP_002462849.1
SbEXLA-04	Sobic.002G300000.2.p	Chr2	67.618.522	67.621.267	264	9,52	28837,02	42,48	unstable	OQU89944.1
SbEXLA-05	Sobic.010G271000.1.p	Chr10	60.503.934	60.506.087	443	9,33	47308,42	64,80	unstable	KAG0516280.1

EK A.33 *S. fallax*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. fallax</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SfEXPA-01	Sphfalx0000s0527.1.p	super_0	7.934.470	7.937.938	281	6,77	30047,94	30,06	stable	KAH8942631.1
SfEXPA-02	Sphfalx0000s0531.1.p	super_0	8.019.704	8.021.721	260	9,5	27795,59	25,22	stable	KAH8942628.1
SfEXPA-03	Sphfalx0000s0533.1.p	super_0	8.074.506	8.077.144	258	5,72	27636,01	29,45	stable	KAH8942626.1
SfEXPA-04	Sphfalx0003s0205.1.p	super_3	2.719.814	2.723.217	367	4,22	38107,41	20,62	stable	KAH8953895.1
SfEXPA-05	Sphfalx0005s0194.1.p	super_5	2.802.457	2.803.958	265	8,07	28251,08	25,37	stable	KAH8942712.1
SfEXPA-06	Sphfalx0005s0298.1.p	super_5	4.164.155	4.167.322	278	4,99	30299,53	38,58	stable	KAH8968727.1
SfEXPA-07	Sphfalx0005s0299.1.p	super_5	4.191.622	4.194.240	259	5,89	27750,17	23,89	stable	KAH8968726.1
SfEXPA-08	Sphfalx0007s0263.1.p	super_7	4.227.492	4.230.914	527	9,44	57716,35	45,86	unstable	KAH8944289.1
SfEXPA-09	Sphfalx0009s0025.1.p	super_9	298.466	301.026	307	6,38	31694,23	38,08	stable	KAH8958070.1
SfEXPA-10	Sphfalx0011s0210.1.p	super_11	3.348.986	3.351.427	405	5,12	42349,84	32,49	stable	KAH8940177.1
SfEXPA-11	Sphfalx0011s0210.2.p	super_11	3.348.663	3.351.427	404	5,12	42218,65	32,61	stable	KAH8940177.1
SfEXPA-12	Sphfalx0012s0046.1.p	super_12	672.892	675.336	275	5,33	28964,46	34,68	stable	KAH8975539.1
SfEXPA-13	Sphfalx0021s0071.1.p	super_21	1.231.271	1.233.581	257	8,39	27502,98	23,99	stable	KAH8941019.1
SfEXPA-14	Sphfalx0027s0083.1.p	super_27	1.028.575	1.030.013	292	9,51	31679,03	28,41	stable	KAH8939166.1
SfEXPA-15	Sphfalx0027s0083.2.p	super_27	1.028.485	1.030.311	210	9,22	22744,77	24,15	stable	KAH8939166.1
SfEXPA-16	Sphfalx0028s0010.1.p	super_28	136.519	138.026	208	4,72	22268,96	28,55	stable	KAH8957286.1
SfEXPA-17	Sphfalx0045s0004.1.p	super_45	51.776	54.019	255	6,03	26946,26	22,89	stable	KAH8968625.1
SfEXPA-18	Sphfalx0047s0059.1.p	super_47	812.353	814.762	265	4,73	27661,88	25,25	stable	KAH8971990.1

EK A.33'ün devamı

SfEXPA-19	Sphfalx0056s0072.1.p	super_56	894.400	897.457	248	6,92	26338,48	28,40	stable	KAH8942634.1
SfEXPA-20	Sphfalx0086s0081.1.p	super_86	1.246.891	1.249.391	252	6,92	26795,14	29,75	stable	KAH8940784.1
SfEXPA-21	Sphfalx0086s0082.1.p	super_86	1.292.410	1.295.135	264	6,25	28406,08	27,09	stable	KAH8940785.1
SfEXPA-22	Sphfalx0086s0083.1.p	super_86	1.297.281	1.300.656	265	8,72	28343,02	36,03	stable	KAH8940786.1
SfEXPA-23	Sphfalx0086s0084.1.p	super_86	1.323.473	1.326.837	283	7,51	30394,41	29,60	stable	KAH8940787.1
SfEXPA-24	Sphfalx0109s0022.1.p	super_109	293.234	295.584	286	5,41	29949,55	27,68	stable	KAH8944796.1
SfEXPA-25	Sphfalx0172s0008.1.p	super_172	145.837	147.882	287	6,21	30230,02	23,27	stable	KAH8934774.1
SfEXPA-26	Sphfalx0288s0005.1.p	super_288	103.711	106.858	284	5,83	30795,92	33,85	stable	KAH8955782.1
SfEXPA-27	Sphfalx0288s0007.1.p	super_288	128.093	130.614	283	5,89	30184,96	25,08	stable	KAH8955775.1
SfEXPA-28	Sphfalx0288s0008.1.p	super_288	142.136	145.165	192	4,67	20674,20	29,74	stable	KAH8955771.1
SfEXPB-01	Sphfalx0006s0054.1.p	super_6	776.021	777.415	273	4,54	28804,25	32,31	stable	KAH8936135.1
SfEXPB-02	Sphfalx0046s0088.1.p	super_46	1.672.261	1.674.315	272	4,5	28500,83	28,75	stable	KAH8937196.1
SfEXPB-03	Sphfalx0050s0124.1.p	super_50	1.959.054	1.961.079	240	4,79	26055,08	21,94	stable	KAH8941368.1
SfEXPB-04	Sphfalx0102s0007.1.p	super_102	77.238	79.385	271	4,63	29365,15	28,46	stable	KAH8949776.1
SfEXPB-05	Sphfalx0229s0003.1.p	super_229	44.531	47.316	286	4,22	31200,90	31,52	stable	KAH8939731.1

EK A.34 *S. moellendorffi*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. moellendorffi</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SmEXPA-01	75237	scaffold-0	4.038.356	4.039.273	269	9,74	29236,71	33,60	stable	XP_002961058.2
SmEXPA-02	78615	scaffold-2	4.266.953	4.267.916	270	9,75	29587,99	36,21	stable	XP_024518056.1
SmEXPA-03	230202	scaffold-3	2.321.457	2.322.390	255	4,85	27650,02	38,27	stable	XP_002963702.2
SmEXPA-04	143857	scaffold-7	1.351.604	1.352.741	250	8,95	27005,64	30,31	stable	XP_002966542.1
SmEXPA-05	231226	scaffold-11	1.223.792	1.224.620	227	7,58	24008,74	31,72	stable	XP_002969022.2
SmEXPA-06	91129	scaffold-11	1.226.362	1.227.246	231	6,49	24376,06	25,53	stable	XP_002968746.2
SmEXPA-07	90935	scaffold-11	1.246.594	1.247.566	267	9,35	28390,61	23,29	stable	XP_002968747.1
SmEXPA-08	409954	scaffold-11	1.999.835	2.000.808	236	6,17	24993,94	32,08	stable	XP_002969116.1
SmEXPA-09	90332	scaffold-11	2.003.081	2.004.013	240	8,42	25586,64	30,06	stable	XP_024529372.1
SmEXPA-10	410512	scaffold-13	60.035	61.014	257	8,88	28167,09	41,85	unstable	XP_024530675.1
SmEXPA-11	95369	scaffold-17	140.767	147.054	131	4,7	14430,13	37,58	stable	XP_024529372.1
SmEXPA-12	174522	scaffold-26	63.667	65.007	257	6,26	27528,58	34,69	stable	XP_002974898.2
SmEXPA-13	102623	scaffold-26	65.750	66.888	252	8,11	26225,46	29,03	stable	EFJ23863.1
SmEXPA-14	419575	scaffold-43	371.070	371.965	248	5,65	26306,25	26,62	stable	XP_002980074.1
SmEXPA-15	179212	scaffold-51	796.872	798.773	281	8,12	29488,65	30,49	stable	XP_002981865.1
SmEXPA-16	236978	scaffold-320	5.456	6.428	255	9,17	27168,32	21,93	stable	XP_002968747.1
SmEXPB-01	171427	scaffold-14	1.607.993	1.609.208	238	5,73	25142,31	35,01	stable	XP_002970309.2

EK A.34'ün devamı

SmEXPB-02	36179	scaffold-38	1.121.050	1.121.901	217	4,2	23014,44	36,77	stable	XP_024545485.1
SmEXPB-03	234188	scaffold-57	221.119	222.228	257	9,23	27838,77	24,09	stable	XP_002983319.1

EK A.35 *S. polyrhiza*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. polyrhiza</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SpEXPA-01	Spipo1G0052100	pseudo1	3.369.307	3.370.575	241	7,62	26317,01	33,12	stable	None
SpEXPA-02	Spipo12G0039500	pseudo12	2.914.176	2.915.132	255	7,08	27159,43	39,01	stable	None
SpEXPA-03	Spipo17G0044900	pseudo17	3.250.152	3.251.155	279	9,69	30602,51	42,72	unstable	None
SpEXPA-04	Spipo20G0037100	pseudo20	3.105.648	3.106.573	253	8,92	26426,98	31,30	stable	None
SpEXPA-05	Spipo22G0026300	pseudo22	1.967.764	1.968.637	251	8,26	26726,03	33,80	stable	None
SpEXPA-06	Spipo22G0037800	pseudo22	2.555.503	2.556.869	260	9,38	27891,84	29,85	stable	None
SpEXPA-07	Spipo23G0016200	pseudo23	960.680	961.626	243	9,2	26028,42	38,62	stable	None
SpEXPB-01	Spipo1G0037900	pseudo1	2.547.012	2.548.753	262	6,3	28131,15	36,74	stable	None
SpEXPB-02	Spipo11G0034600	pseudo11	2.839.496	2.840.837	277	6,18	29338,15	56,67	unstable	None
SpEXPB-03	Spipo11G0034700	pseudo11	2.848.658	2.849.894	265	8,95	27358,96	37,17	stable	None
SpEXLA-01	Spipo1G0075200	pseudo1	4.671.213	4.672.358	265	8,75	28638,68	38,97	stable	None

EK A.36 *S. tuberosum*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. tuberosum</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
StEXPA-01	PGSC0003DMP400011588	Chr1	41.973.691	41.975.955	241	9,49	25963,53	25,39	Stable	XP_006366709.1
StEXPA-02	PGSC0003DMP400029232	Chr2	36.875.753	36.879.047	267	8,6	28961,73	34,97	Stable	XP_006348172.1
StEXPA-03	PGSC0003DMP400002572	Chr2	46.128.596	46.130.200	239	9,36	25542,88	29,06	Stable	XP_015162460.1
StEXPA-04	PGSC0003DMP400041627	Chr3	2.723.057	2.725.494	274	8,56	29705,84	34,99	Stable	XP_006343301.1
StEXPA-05	PGSC0003DMP400042661	Chr3	55.320.358	55.324.943	410	8,87	44949,44	25,18	Stable	KAH0691763.1
StEXPA-06	PGSC0003DMP400042662	Chr3	55.333.818	55.338.034	488	8,56	54492,27	31,02	Stable	KAH0703499.1
StEXPA-07	PGSC0003DMP400033904	Chr3	55.854.971	55.856.425	207	9,02	22187,18	21,65	Stable	XP_006364587.1
StEXPA-08	PGSC0003DMP400017571	Chr4	71.156.323	71.158.638	257	8,97	27679,36	27,26	Stable	XP_006342074.1
StEXPA-09	PGSC0003DMP400032108	Chr5	4.628.414	4.630.087	249	9,14	26568,79	34,34	Stable	XP_006355116.1
StEXPA-10	PGSC0003DMP400020661	Chr5	47.483.572	47.486.093	208	9,08	22258,94	21,77	Stable	XP_006365348.1
StEXPA-11	PGSC0003DMP400007815	Chr6	4.847.448	4.850.330	257	9,39	28057,10	30,41	Stable	XP_006366490.1
StEXPA-12	PGSC0003DMP400007816	Chr6	4.848.673	4.850.330	224	9,69	24842,35	29,95	Stable	XP_006366490.1
StEXPA-13	PGSC0003DMP400041197	Chr6	24.929.840	24.930.718	261	9,55	28560,74	29,59	Stable	KAH0658085.1
StEXPA-14	PGSC0003DMP400029123	Chr6	33.814.151	33.815.519	247	7,52	26458,50	30,41	Stable	XP_006358751.1
StEXPA-15	PGSC0003DMP400052934	Chr6	56.688.304	56.689.895	260	9,32	28281,21	36,26	Stable	XP_006350774.1
StEXPA-16	PGSC0003DMP400021965	Chr7	53.266.888	53.273.035	445	9,35	48542,87	57,58	unstable	XP_006348244.1
StEXPA-17	PGSC0003DMP400022107	Chr8	142.611	144.260	208	9,22	22295,44	22,91	Stable	XP_006358384.1

EK A.36'nin devamı

StEXPA-18	PGSC0003DMP400039412	Chr8	53.742.165	53.743.709	245	9,25	26764,59	26,60	Stable	XP_006358908.2
StEXPA-19	PGSC0003DMP400015511	Chr9	1.725.396	1.728.135	260	9,32	28260,37	23,01	Stable	XP_006341021.1
StEXPA-20	PGSC0003DMP400003397	Chr9	16.289.831	16.291.516	256	9,38	28048,86	36,09	Stable	XP_006346675.1
StEXPA-21	PGSC0003DMP400033279	Chr10	51.189.414	51.191.496	259	9,43	27990,88	19,09	Stable	XP_006349505.1
StEXPA-22	PGSC0003DMP400019543	Chr10	54.363.952	54.365.383	257	9,23	28256,09	25,63	Stable	XP_006339024.1
StEXPA-23	PGSC0003DMP400051072	Chr12	57.168.862	57.171.926	257	9,03	27548,01	30,26	Stable	XP_006342562.1
StEXPB-01	PGSC0003DMP400045146	Chr1	70.112.753	70.114.333	271	7,99	28661,27	42,10	unstable	KAH0726323.1
StEXPB-02	PGSC0003DMP400045145	Chr1	70.112.847	70.117.387	459	7,37	48264,37	35,15	Stable	KAH0731117.1
StEXPB-03	PGSC0003DMP400032846	Chr3	38.408.070	38.408.908	194	8,82	20746,72	43,59	unstable	KAH0686159.1
StEXPB-04	PGSC0003DMP400066761	Chr7	45.374.172	45.376.410	250	6,88	26868,20	26,47	Stable	KAH0653449.1
StEXPB-05	PGSC0003DMP400031910	Chr7	48.987.656	48.991.493	267	8,76	28951,92	39,48	Stable	XP_006357491.1
StEXPB-06	PGSC0003DMP400037598	Chr10	3.954.410	3.956.784	262	9,87	28636,05	30,71	Stable	XP_006366023.1
StEXLA-01	PGSC0003DMP400032465	Chr1	87.935.935	87.937.337	260	8,47	28246,34	29,68	Stable	KAH0727631.1
StEXLB-01	PGSC0003DMP400046206	Chr6	44.271.332	44.273.950	225	8,36	24720,14	32,14	Stable	XP_006361160.2
StEXLB-02	PGSC0003DMP400035606	Chr8	1.155.092	1.159.185	253	4,87	27763,07	35,28	Stable	XP_006362493.1
StEXLB-03	PGSC0003DMP400003309	Chr8	50.183.182	50.184.530	255	4,68	27905,24	40,85	unstable	XP_006358602.1
StEXLB-04	PGSC0003DMP400045512	Chr8	51.058.022	51.060.862	253	5,96	28245,15	18,96	Stable	XP_006359217.1
StEXLB-05	PGSC0003DMP400045511	Chr8	51.058.731	51.060.862	205	6,07	22877,98	17,74	Stable	XP_006359217.1
StEXLB-06	PGSC0003DMP400045513	Chr8	51.064.995	51.067.112	246	7,47	26833,61	37,00	Stable	XP_006359263.1
StEXLB-07	PGSC0003DMP400045514	Chr8	51.064.995	51.067.112	251	6,42	27467,31	38,23	Stable	XP_006359263.1
StEXLB-08	PGSC0003DMP400045515	Chr8	51.069.637	51.071.280	251	8,47	27974,12	17,79	Stable	XP_006359218.1

EK A.37 *S. viridis*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. viridis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SvEXPA-01	Sevir.1G008100.1.p	Chr1	518.016	519.589	269	9,21	28458,45	30,85	stable	None
SvEXPA-02	Sevir.1G008200.1.p	Chr1	533.171	534.445	269	9,39	28491,52	26,25	stable	None
SvEXPA-03	Sevir.1G008400.2.p	Chr1	547.892	549.057	215	9,6	23506,85	26,38	stable	TKW36838.1
SvEXPA-04	Sevir.1G010400.1.p	Chr1	782.821	783.903	272	8,57	29281,20	33,83	stable	XP_034586591.1
SvEXPA-05	Sevir.1G010500.1.p	Chr1	786.815	788.236	269	8,8	28694,75	31,37	stable	XP_034586600.1
SvEXPA-06	Sevir.1G010700.1.p	Chr1	797.730	799.617	158	9,64	17695,24	33,59	stable	XP_034584002.1
SvEXPA-07	Sevir.1G324300.1.p	Chr1	37.470.240	37.471.990	288	9,3	29934,50	39,73	stable	XP_034573598.1
SvEXPA-08	Sevir.2G329500.1.p	Chr2	39.646.278	39.647.135	261	9,2	27735,50	28,37	stable	XP_034578149.1
SvEXPA-09	Sevir.3G209800.1.p	Chr3	15.354.956	15.357.125	248	8,67	26070,12	35,85	stable	None
SvEXPA-10	Sevir.3G304700.1.p	Chr3	29.623.463	29.624.860	255	8,56	27693,34	34,91	stable	XP_034587879.1
SvEXPA-11	Sevir.4G006000.1.p	Chr4	520.615	521.981	266	7,46	28647,28	33,19	stable	XP_034591536.1
SvEXPA-12	Sevir.4G223000.1.p	Chr4	32.399.817	32.403.118	262	8,38	28032,00	27,21	stable	XP_034589401.1
SvEXPA-13	Sevir.4G223000.2.p	Chr4	32.399.817	32.403.118	218	8,08	23236,45	30,22	stable	XP_034589402.1
SvEXPA-14	Sevir.5G042100.1.p	Chr5	3.299.279	3.301.183	244	8,39	25329,36	38,59	stable	None
SvEXPA-15	Sevir.5G062000.1.p	Chr5	4.863.764	4.865.396	250	6,04	26473,57	36,44	stable	XP_034593013.1
SvEXPA-16	Sevir.5G062100.1.p	Chr5	4.877.230	4.878.618	253	9,15	27199,73	41,22	unstable	None
SvEXPA-17	Sevir.5G368500.1.p	Chr5	39.668.690	39.671.001	250	8	26113,18	32,70	stable	XP_034596707.1

EK A.37'nin devamı

SvEXPA-18	Sevir.6G085900.1.p	Chr6	8.081.667	8.082.799	262	5,57	28089,60	31,52	stable	XP_034601099.1
SvEXPA-19	Sevir.6G256300.1.p	Chr6	36.029.589	36.030.437	282	9,11	30192,32	32,62	stable	TKW11803.1
SvEXPA-20	Sevir.7G014200.1.p	Chr7	7.499.477	7.501.042	259	8,52	27629,11	31,14	stable	None
SvEXPA-21	Sevir.7G224300.1.p	Chr7	27.459.721	27.463.116	257	8,7	27725,80	34,97	stable	None
SvEXPA-22	Sevir.9G031600.1.p	Chr9	1.762.226	1.765.596	262	9,24	27995,77	43,49	unstable	None
SvEXPA-23	Sevir.9G241300.1.p	Chr9	18.828.663	18.829.874	254	8,67	26543,06	31,64	stable	XP_034573010.1
SvEXPA-24	Sevir.9G241400.1.p	Chr9	18.830.803	18.832.364	311	9,29	33047,70	36,49	stable	XP_034573009.1
SvEXPA-25	Sevir.9G241500.1.p	Chr9	18.831.975	18.834.941	252	8,01	26579,88	35,84	stable	XP_034575851.1
SvEXPA-26	Sevir.9G241600.1.p	Chr9	18.845.946	18.847.332	252	8,31	26509,87	38,72	stable	XP_034575851.1
SvEXPA-27	Sevir.9G241700.1.p	Chr9	18.850.601	18.851.837	249	6,77	26531,86	30,73	stable	XP_034575961.1
SvEXPA-28	Sevir.9G241800.1.p	Chr9	18.855.226	18.856.350	249	7,46	26118,44	32,47	stable	XP_034576036.1
SvEXPA-29	Sevir.9G241900.1.p	Chr9	18.872.983	18.874.314	252	8,82	26523,16	37,21	stable	XP_034576036.1
SvEXPA-30	Sevir.9G242000.1.p	Chr9	18.885.066	18.886.252	250	7,97	26285,65	35,92	stable	XP_034570654.1
SvEXPA-31	Sevir.9G242100.1.p	Chr9	18.888.484	18.889.698	250	8,05	26143,36	34,55	stable	XP_034575939.1
SvEXPA-32	Sevir.9G347600.1.p	Chr9	38.643.161	38.644.502	259	9,15	28048,00	32,30	stable	None
SvEXPA-33	Sevir.9G389900.1.p	Chr9	42.691.017	42.692.686	256	10,12	26687,33	50,37	unstable	XP_034571230.1
SvEXPA-34	Sevir.9G539800.1.p	Chr9	53.449.313	53.450.667	251	7,46	27138,86	34,04	stable	XP_034575877.1
SvEXPA-35	Sevir.9G540000.1.p	Chr9	53.461.134	53.462.482	250	8,88	26928,55	26,92	stable	XP_034573009.1
SvEXPA-36	Sevir.9G540100.1.p	Chr9	53.463.773	53.465.316	259	8,62	27191,87	37,05	stable	XP_034572529.1
SvEXPA-37	Sevir.9G540200.1.p	Chr9	53.468.464	53.470.108	253	9,15	27266,50	31,65	stable	XP_034573449.1
SvEXPB-01	Sevir.1G253100.3.p	Chr1	32.208.392	32.211.367	196	9,23	21068,02	36,44	stable	XP_034606180.1
SvEXPB-02	Sevir.1G264800.1.p	Chr1	33.182.800	33.185.742	261	5,79	27826,44	46,79	unstable	XP_034594241.1

EK A.37'nin devamı

SvEXPB-03	Sevir.1G264900.1.p	Chr1	33.188.081	33.189.368	265	7,51	27786,35	40,97	unstable	XP_034606724.1
SvEXPB-04	Sevir.1G265200.1.p	Chr1	33.213.130	33.214.854	298	9,05	31121,30	38,40	stable	XP_034581687.1
SvEXPB-05	Sevir.1G265400.1.p	Chr1	33.234.593	33.236.366	292	8,87	30500,67	40,23	unstable	None
SvEXPB-06	Sevir.2G127600.1.p	Chr2	13.114.417	13.116.053	317	9,28	33210,04	41,22	unstable	XP_034578958.1
SvEXPB-07	Sevir.2G127700.1.p	Chr2	13.128.534	13.130.299	312	9,42	32873,87	40,90	unstable	XP_034579043.1
SvEXPB-08	Sevir.6G037500.1.p	Chr6	3.253.609	3.254.507	268	8,38	29162,57	43,93	unstable	XP_034600885.1
SvEXPB-09	Sevir.7G186900.1.p	Chr7	24.740.353	24.745.657	276	8,8	29349,75	29,68	stable	XP_034601725.1
SvEXPB-10	Sevir.7G202900.1.p	Chr7	25.809.273	25.810.897	289	10,01	30107,47	37,23	stable	XP_034605004.1
SvEXPB-11	Sevir.7G203000.1.p	Chr7	25.813.174	25.814.382	264	6,79	27183,67	30,75	stable	XP_034604781.1
SvEXPB-12	Sevir.7G203100.1.p	Chr7	25.816.304	25.818.105	296	9,56	31193,37	44,88	unstable	XP_034604781.1
SvEXPB-13	Sevir.8G199200.2.p	Chr8	33.933.832	33.936.537	317	6,37	34428,30	33,59	stable	XP_034606500.1
SvEXPB-14	Sevir.8G199200.1.p	Chr8	33.933.835	33.936.483	330	5,56	36057,88	37,56	stable	TKW01751.1
SvEXPB-15	Sevir.9G155700.2.p	Chr9	10.127.723	10.131.149	298	4,63	31010,86	38,60	stable	XP_034570508.1
SvEXPB-16	Sevir.9G155700.3.p	Chr9	10.127.788	10.131.126	229	4,57	23754,73	41,04	unstable	TKV92310.1
SvEXPB-17	Sevir.9G155700.1.p	Chr9	10.127.792	10.131.126	314	4,81	32712,89	40,38	unstable	XP_034570508.1
SvEXPB-18	Sevir.9G155800.1.p	Chr9	10.131.644	10.135.834	308	5,42	32412,58	32,20	stable	XP_034570508.1
SvEXPB-19	Sevir.9G332000.1.p	Chr9	36.722.289	36.725.013	287	6,74	31576,48	26,14	stable	XP_034572469.1
SvEXPB-20	Sevir.9G332200.1.p	Chr9	36.738.024	36.739.745	265	6,09	29132,88	28,78	stable	XP_034606500.1
SvEXPB-21	Sevir.9G332400.1.p	Chr9	36.818.593	36.820.583	265	5,21	28954,43	29,41	stable	XP_034606500.1
SvEXPB-22	Sevir.9G332600.1.p	Chr9	36.840.420	36.842.251	265	5,2	28830,44	25,21	stable	XP_034606500.1
SvEXPB-23	Sevir.9G332700.1.p	Chr9	36.847.412	36.849.419	269	9,46	29628,61	42,82	unstable	None
SvEXPB-24	Sevir.9G332900.1.p	Chr9	36.912.671	36.914.161	265	9,02	28611,61	27,44	stable	XP_034571509.1

EK A.37'nin devamı

SvEXPB-25	Sevir.9G333000.1.p	Chr9	36.921.484	36.923.153	281	9,2	30835,04	24,43	stable	None
SvEXPB-26	Sevir.9G333100.1.p	Chr9	36.955.573	36.957.148	274	7,02	29974,81	33,52	stable	None
SvEXPB-27	Sevir.9G337500.1.p	Chr9	37.527.233	37.528.554	267	8,87	28730,17	30,44	stable	XP_034576558.1
SvEXPB-28	Sevir.9G337800.1.p	Chr9	37.628.540	37.629.597	271	8,95	29075,45	36,32	stable	XP_034573097.1
SvEXPB-29	Sevir.9G580900.1.p	Chr9	56.119.810	56.122.164	320	5,89	34129,12	46,00	unstable	XP_034571509.1
SvEXPB-30	Sevir.9G581000.1.p	Chr9	56.126.946	56.128.128	269	8,96	29614,49	43,89	unstable	XP_034573108.1
SvEXLA-01	Sevir.2G322800.1.p	Chr2	39.143.360	39.146.552	277	9,23	29361,70	31,61	stable	XP_034578468.1
SvEXLA-02	Sevir.2G322800.2.p	Chr2	39.143.360	39.146.552	267	9,25	28186,35	31,20	stable	TKW34697.1
SvEXLA-03	Sevir.4G297100.1.p	Chr4	39.054.214	39.056.002	288	9,22	31273,69	47,82	unstable	XP_034589645.1
SvEXLA-04	Sevir.9G343700.1.p	Chr9	38.281.047	38.284.475	305	9,09	32617,89	41,89	unstable	TKV95165.1
SvEXLA-05	Sevir.9G343700.2.p	Chr9	38.281.047	38.284.475	269	9,07	28844,70	37,70	stable	XP_034570860.1
SvEXLA-06	Sevir.9G556200.1.p	Chr9	54.511.100	54.513.464	274	9,13	29622,97	39,57	stable	TKV95164.1
SvEXLB-01	Sevir.2G333300.1.p	Chr2	39.908.981	39.910.771	281	6,63	30308,40	36,68	stable	XP_034581634.1

EK A.38 *T. cacao*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>T. cacao</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
TcEXPA-01	Thecc.01G328100.1.p	Chromosome_1	35.198.547	35.203.816	301	9,66	33303,25	34,93	stable	EOX95495.1
TcEXPA-02	Thecc.02G147900.1.p	Chromosome_2	7.959.411	7.961.424	251	8,47	27529,49	31,62	stable	XP_007043104.1
TcEXPA-03	Thecc.02G333600.1.p	Chromosome_2	41.364.541	41.365.911	252	8,35	27659,67	36,63	stable	EOY01741.1
TcEXPA-04	Thecc.02G343800.1.p	Chromosome_2	41.882.153	41.884.755	250	9,19	26538,91	33,18	stable	EOY01894.1
TcEXPA-05	Thecc.03G090800.1.p	Chromosome_3	20.411.511	20.416.712	290	9,11	31353,68	34,72	stable	EOY21893.1
TcEXPA-06	Thecc.03G268000.1.p	Chromosome_3	32.496.221	32.498.254	267	9,07	29207,13	31,87	stable	XP_017973729.1
TcEXPA-07	Thecc.04G065000.1.p	Chromosome_4	8.695.599	8.697.516	265	8,38	28549,40	44,73	unstable	XP_017975397.1
TcEXPA-08	Thecc.04G084700.1.p	Chromosome_4	17.143.178	17.145.457	250	9,13	27090,61	39,28	stable	EOY14253.1
TcEXPA-09	Thecc.04G093100.1.p	Chromosome_4	18.226.698	18.227.743	255	8,85	28312,46	26,05	stable	EOY03633.1
TcEXPA-10	Thecc.04G152900.1.p	Chromosome_4	25.202.333	25.203.521	257	7,98	27822,28	25,41	stable	XP_007099524.1
TcEXPA-11	Thecc.05G038700.1.p	Chromosome_5	1.778.830	1.781.176	263	9,53	28115,90	29,77	stable	EOY07514.1
TcEXPA-12	Thecc.05G072200.1.p	Chromosome_5	3.797.498	3.798.943	295	9,31	32156,77	38,45	stable	XP_017977351.1
TcEXPA-13	Thecc.05G258400.1.p	Chromosome_5	36.826.578	36.828.447	247	9,19	26250,51	33,89	stable	EOY10714.1
TcEXPA-14	Thecc.07G082500.1.p	Chromosome_7	4.984.448	4.987.205	280	9,97	31431,03	55,25	unstable	EOY12936.1
TcEXPA-15	Thecc.08G049600.1.p	Chromosome_8	2.263.474	2.265.294	255	9,07	27203,94	29,57	stable	XP_017981310.1
TcEXPA-16	Thecc.09G320300.1.p	Chromosome_9	39.988.893	39.991.617	258	9,59	27891,88	35,96	stable	XP_007016396.1
TcEXPA-17	Thecc.09G363200.1.p	Chromosome_9	42.139.402	42.141.003	254	6,48	27319,54	23,64	stable	EOY34695.1
TcEXPA-18	Thecc.10G036000.1.p	Chromosome_10	1.881.694	1.883.582	259	9,33	27836,69	36,08	stable	XP_017985150.1

EK A.38'in devamı

TcEXPA-19	Thecc.10G181900.1.p	Chromosome_10	25.573.119	25.574.882	331	8,66	35814,38	33,54	stable	XP_007011319.1
TcEXPB-01	Thecc.01G384900.1.p	Chromosome_1	38.137.688	38.140.449	306	5,59	32526,61	37,48	stable	EOX96333.1
TcEXPB-02	Thecc.01G385000.1.p	Chromosome_1	38.143.626	38.145.359	272	5,2	28778,32	39,42	stable	EOX96334.1
TcEXPB-03	Thecc.02G177600.1.p	Chromosome_2	11.147.438	11.150.687	266	8,83	28934,16	35,70	stable	XP_007043563.1
TcEXPB-04	Thecc.03G151400.1.p	Chromosome_3	25.952.946	25.955.135	273	6,29	29271,35	33,76	stable	EOY22823.1
TcEXLA-01	Thecc.02G049900.1.p	Chromosome_2	2.587.444	2.589.177	259	8,26	27881,80	32,43	stable	EOX97509.1
TcEXLB-01	Thecc.03G234700.1.p	Chromosome_3	30.628.639	30.631.184	272	4,6	29525,09	40,90	unstable	EOY24093.1
TcEXLB-02	Thecc.03G241800.1.p	Chromosome_3	31.047.349	31.049.065	250	6,8	27647,26	35,73	stable	EOY24192.1
TcEXLB-03	Thecc.03G242000.1.p	Chromosome_3	31.055.132	31.057.173	252	7,93	27724,51	37,87	stable	EOY24195.1

EK A.39 *T. pratense*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>T. pratense</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
TprEXPA-01	Tp57577_TGAC_v2_mRNA3101	Tp57577_TGAC_v2_LG1	21.812.895	21.814.389	255	8,35	27146,12	28,60	Stable	PNX94174.1
TprEXPA-02	Tp57577_TGAC_v2_mRNA3103	Tp57577_TGAC_v2_LG1	21.819.301	21.820.799	291	9,43	32109,98	29,77	Stable	PNX87542.1
TprEXPA-03	Tp57577_TGAC_v2_mRNA27273	Tp57577_TGAC_v2_LG1	22.995.998	22.998.233	256	9,16	27852,75	34,72	Stable	PNY09553.1
TprEXPA-04	Tp57577_TGAC_v2_mRNA12957	Tp57577_TGAC_v2_LG2	24.803.532	24.805.578	288	8,87	31039,32	35,47	Stable	PNX76351.1
TprEXPA-05	Tp57577_TGAC_v2_mRNA20239	Tp57577_TGAC_v2_LG2	31.250.846	31.256.284	222	9,65	24399,90	38,07	Stable	XP_045818285.1
TprEXPA-06	Tp57577_TGAC_v2_mRNA39336	Tp57577_TGAC_v2_LG2	31.777.490	31.778.845	253	8,38	28438,49	24,44	Stable	PNX97856.1
TprEXPA-07	Tp57577_TGAC_v2_mRNA9103	Tp57577_TGAC_v2_LG3	1.483.094	1.485.412	254	9,13	27714,31	35,52	Stable	PNX93200.1
TprEXPA-08	Tp57577_TGAC_v2_mRNA12337	Tp57577_TGAC_v2_LG3	11.555.989	11.558.201	248	8,63	26225,58	28,59	Stable	XP_045825766.1
TprEXPA-09	Tp57577_TGAC_v2_mRNA1714	Tp57577_TGAC_v2_LG3	12.792.629	12.796.516	258	9,47	27875,60	25,14	Stable	None
TprEXPA-10	Tp57577_TGAC_v2_mRNA40567	Tp57577_TGAC_v2_LG3	17.810.044	17.812.682	248	9,4	26604,18	31,43	Stable	None
TprEXPA-11	Tp57577_TGAC_v2_mRNA16688	Tp57577_TGAC_v2_LG3	21.617.000	21.618.508	232	8,01	25146,23	23,86	Stable	PNX84340.1

EK A.39'un devamı

TprEXPA-12	Tp57577_TGAC_v2_mRNA14962	Tp57577_TGAC_v2_LG3	23.009.349	23.013.229	257	9,75	28156,03	36,38	Stable	None
TprEXPA-13	Tp57577_TGAC_v2_mRNA19556	Tp57577_TGAC_v2_LG4	8.972.554	8.975.972	298	8,34	30388,24	44,87	unstable	PNY01851.1
TprEXPA-14	Tp57577_TGAC_v2_mRNA6007	Tp57577_TGAC_v2_LG4	14.820.075	14.825.921	260	8,07	28126,57	28,43	Stable	None
TprEXPA-15	Tp57577_TGAC_v2_mRNA22503	Tp57577_TGAC_v2_LG4	15.038.038	15.040.103	281	8,41	31022,39	36,84	Stable	PNY06570.1
TprEXPA-16	Tp57577_TGAC_v2_mRNA38878	Tp57577_TGAC_v2_LG5	8.212.302	8.214.376	255	8,75	27707,53	25,67	Stable	PNX85064.1
TprEXPA-17	Tp57577_TGAC_v2_mRNA8673	Tp57577_TGAC_v2_LG6	1.136.612	1.138.278	251	9,43	27563,59	39,86	Stable	PNX96232.1
TprEXPA-18	Tp57577_TGAC_v2_mRNA34609	Tp57577_TGAC_v2_LG6	19.633.253	19.634.631	251	8,95	27500,50	25,00	Stable	PNX82918.1
TprEXPA-19	Tp57577_TGAC_v2_mRNA34588	Tp57577_TGAC_v2_LG6	19.639.539	19.648.111	574	7,16	61795,55	40,33	unstable	PNX71960.1
TprEXPA-20	Tp57577_TGAC_v2_mRNA34595	Tp57577_TGAC_v2_LG6	19.666.032	19.667.119	188	6,27	20985,21	34,97	Stable	PNX71960.1
TprEXPA-21	Tp57577_TGAC_v2_mRNA34745	Tp57577_TGAC_v2_LG6	20.931.178	20.933.374	242	9,32	26356,58	34,93	Stable	PNY09542.1
TprEXPA-22	Tp57577_TGAC_v2_mRNA35473	Tp57577_TGAC_v2_LG7	351.181	353.476	300	9,78	28413,51	29,84	Stable	None
TprEXPA-23	Tp57577_TGAC_v2_mRNA6621	Tp57577_TGAC_v2_LG7	30.209.376	30.210.868	187	6,21	20889,46	43,48	unstable	PNY06570.1
TprEXPA-24	Tp57577_TGAC_v2_mRNA27602	Tp57577_TGAC_v2_scaf_142	19.759	22.224	285	6,07	30996,73	46,51	unstable	PNX74596.1
TprEXPA-25	Tp57577_TGAC_v2_mRNA36862	Tp57577_TGAC_v2_scaf_642	5.336	6.578	271	8,97	28146,25	20,83	Stable	PNX82918.1

EK A.39'un devamı

TprEXPA-26	Tp57577_TGAC_v2_mRNA32575	Tp57577_TGAC_v2_scaf_724	36.426	39.314	202	9,38	22302,66	49,88	unstable	PNX73572.1
TprEXPA-27	Tp57577_TGAC_v2_mRNA32327	Tp57577_TGAC_v2_scaf_733	106.290	109.755	317	9,55	33177,74	26,77	Stable	PNX82918.1
TprEXPA-28	Tp57577_TGAC_v2_mRNA31966	Tp57577_TGAC_v2_scaf_785	95.986	97.063	218	8,83	22611,66	21,32	Stable	PNX82918.1
TprEXPA-29	Tp57577_TGAC_v2_mRNA37356	Tp57577_TGAC_v2_scaf_3051	1.398	3.885	310	9,75	25957,78	29,06	Stable	None
TprEXPB-01	Tp57577_TGAC_v2_mRNA22494	Tp57577_TGAC_v2_LG4	15.062.751	15.065.793	245	7,64	27112,84	31,95	Stable	PNX94110.1
TprEXPB-02	Tp57577_TGAC_v2_mRNA5204	Tp57577_TGAC_v2_LG4	28.384.950	28.387.542	264	9,19	28868,91	30,41	Stable	PNY18071.1
TprEXPB-03	Tp57577_TGAC_v2_mRNA40485	Tp57577_TGAC_v2_LG6	18.483.954	18.485.727	274	7,46	29164,00	38,16	Stable	PNX77079.1
TprEXPB-04	Tp57577_TGAC_v2_mRNA40440	Tp57577_TGAC_v2_LG6	18.511.492	18.513.737	272	5,24	29138,59	42,79	unstable	PNX99580.1
TprEXPB-05	Tp57577_TGAC_v2_mRNA6704	Tp57577_TGAC_v2_LG7	30.200.216	30.203.724	230	6,35	25033,88	28,46	Stable	None
TprEXLA-01	Tp57577_TGAC_v2_mRNA21988	Tp57577_TGAC_v2_scaf_378	213.560	215.885	260	7,49	28496,29	41,22	unstable	None
TprEXLB-01	Tp57577_TGAC_v2_mRNA19845	Tp57577_TGAC_v2_LG4	4.181.119	4.183.682	254	4,53	27358,56	40,19	unstable	PNY06324.1
TprEXLB-02	Tp57577_TGAC_v2_mRNA26650	Tp57577_TGAC_v2_scaf_164	300.175	301.475	253	8,82	28426,27	36,59	Stable	PNY05743.1
TprEXLB-03	Tp57577_TGAC_v2_mRNA17720	Tp57577_TGAC_v2_scaf_233	287.684	289.075	250	8,64	27974,58	29,93	Stable	PNY05743.1
TprEXLB-04	Tp57577_TGAC_v2_mRNA32483	Tp57577_TGAC_v2_scaf_721	37.438	40.316	251	5,73	28021,74	33,06	Stable	PNY00506.1

EK A.40 *Z. marina*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>Z. marina</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
ZmrEXPA-01	Zosma1g02850.1	scaffold-1	1.945.921	1.947.018	261	9,49	28607,64	33,05	stable	KMZ70306.1
ZmrEXPA-02	Zosma6g01560.1	scaffold-6	794.795	796.654	261	9,62	28454,45	38,93	stable	KMZ59223.1
ZmrEXPA-03	Zosma31g00880.1	scaffold-31	499.750	500.951	243	9,43	26047,62	27,03	stable	KMZ65500.1
ZmrEXPA-04	Zosma45g00530.1	scaffold-45	574.931	576.767	270	8,3	29475,53	35,57	stable	KMZ62511.1
ZmrEXPA-05	Zosma56g01230.1	scaffold-56	483.309	484.424	249	8,07	26535,58	36,09	stable	KMZ60892.1
ZmrEXPA-06	Zosma68g00430.1	scaffold-68	402.937	403.974	256	6,09	28213,92	28,65	stable	KMZ59458.1
ZmrEXPA-07	Zosma79g00560.1	scaffold-79	559.084	560.161	257	9,08	27844,66	38,31	stable	KMZ58213.1
ZmrEXPA-08	Zosma91g00540.1	scaffold-91	353.392	354.505	278	10,49	30269,05	35,74	stable	KMZ56788.1
ZmrEXPA-09	Zosma117g00160.1	scaffold-117	96.048	96.918	257	10,09	28532,78	35,04	stable	KMZ75198.1
ZmrEXPA-10	Zosma136g00370.1	scaffold-136	437.670	438.875	279	9,3	30189,08	28,61	stable	KMZ74069.1
ZmrEXPA-11	Zosma155g00030.1	scaffold-155	20.569	21.942	248	8,6	26639,76	24,94	stable	KMZ73005.1
ZmrEXPA-12	Zosma196g00420.1	scaffold-196	232.197	233.272	251	9,47	27120,81	23,23	stable	KMZ70692.1
ZmrEXPA-13	Zosma267g00290.1	scaffold-267	114.653	115.672	286	6,57	29935,34	34,45	stable	KMZ67476.1
ZmrEXPB-01	Zosma3g00730.1	scaffold-3	416.648	417.699	258	9,66	28750,88	32,50	stable	KMZ63592.1
ZmrEXPB-02	Zosma8g01110.1	scaffold-8	855.315	856.896	266	8,93	29273,43	29,62	stable	KMZ56965.1
ZmrEXPB-03	Zosma85g00480.1	scaffold-85	208.610	210.024	266	9,22	28667,13	25,18	stable	KMZ57481.1
ZmrEXLA-01	Zosma1g02200.1	scaffold-1	1.676.170	1.677.392	264	8,62	28615,57	26,81	stable	KMZ70244.1

EK A.41 *A. duranensis*'e ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. duranensis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AdEXPA-01	XP_015948983.1	A01	7.243.233	7.246.084	252	6,87	27295,72	33,08	stable	XP_015948983.1
AdEXPA-02	XP_015967110.1	A01	55.160.818	55.167.257	266	8,01	28629,42	30,43	stable	XP_015967110.1
AdEXPA-03	XP_015942841.1	A01	105.965.953	105.968.222	252	8,45	26724,03	34,16	stable	XP_015942841.1
AdEXPA-04	XP_020990824.1	A02	1.142.713	1.147.648	253	8,95	28210,44	26,60	stable	XP_020990824.1
AdEXPA-05	XP_015950007.1	A02	73.904.827	73.907.398	210	9,58	23084,23	26,52	stable	XP_015950007.1
AdEXPA-06	XP_015952249.1	A03	2.608.840	2.611.117	260	9,57	28333,40	39,33	stable	XP_015952249.1
AdEXPA-07	XP_015953453.1	A03	18.656.855	18.658.951	254	8,29	28195,07	33,04	stable	XP_015953453.1
AdEXPA-08	XP_015954129.1	A03	28.221.547	28.223.395	260	9,97	28691,03	55,81	unstable	XP_015954129.1
AdEXPA-09	XP_015956698.1	A03	122.812.131	122.815.290	323	6,65	35009,68	54,20	unstable	XP_015956698.1
AdEXPA-10	XP_015956912.1	A03	126.498.778	126.500.605	249	9,28	26600,03	34,35	stable	XP_015956912.1
AdEXPA-11	XP_015960725.1	A04	79.284.548	79.288.152	259	9,35	27763,56	25,92	stable	XP_015960725.1
AdEXPA-12	XP_015962748.1	A04	117.921.749	117.923.381	242	9,27	26374,71	32,88	stable	XP_015962748.1
AdEXPA-13	XP_015962303.2	A04	118.548.426	118.549.793	253	9,1	27538,61	13,09	stable	XP_015962303.2
AdEXPA-14	XP_015964352.1	A05	12.551.936	12.555.716	264	9,06	28929,85	34,03	stable	XP_015964352.1
AdEXPA-15	XP_015965572.1	A05	52.840.093	52.842.934	250	9,34	26821,23	38,21	stable	XP_015965572.1
AdEXPA-16	XP_015968756.1	A06	6.246.783	6.255.211	253	8,94	27955,92	36,71	stable	XP_015968756.1
AdEXPA-17	XP_015968757.1	A06	6.246.783	6.255.211	253	9,31	27735,77	30,43	stable	XP_015968757.1

EK A.41'in devamı

AdEXPA-18	XP_020980193.1	A06	17.802.656	17.804.120	298	9,33	32219,63	34,12	stable	XP_020980193.1
AdEXPA-19	XP_015931509.1	A07	13.084.560	13.086.449	258	9,63	27980,73	32,06	stable	XP_015931509.1
AdEXPA-20	XP_015931782.1	A07	15.693.811	15.695.738	271	7,58	29212,10	37,07	stable	XP_015931782.1
AdEXPA-21	XP_015931805.1	A07	17.973.618	17.975.772	254	8,12	27130,57	29,33	stable	XP_015931805.1
AdEXPA-22	XP_015933965.1	A08	2.769.623	2.771.738	255	9,13	27516,15	27,00	stable	XP_015933965.1
AdEXPA-23	XP_015935646.1	A08	25.098.601	25.100.264	259	9,63	28160,05	38,62	stable	XP_015935646.1
AdEXPA-24	XP_015937805.1	A08	49.306.244	49.307.719	251	8,67	26727,20	33,07	stable	XP_015937805.1
AdEXPA-25	XP_015939537.1	A09	20.338.205	20.340.440	256	9,26	28100,99	33,79	stable	XP_015939537.1
AdEXPA-26	XP_015945084.1	A10	70.384.775	70.386.619	253	8,37	26874,08	27,34	stable	XP_015945084.1
AdEXPA-27	XP_015946123.1	A10	101.050.021	101.053.532	288	9,23	31501,89	36,39	stable	XP_015946123.1
AdEXPB-01	XP_020992184.1	A02	85.280.456	85.283.586	265	8,54	28870,65	32,95	stable	XP_020992184.1
AdEXPB-02	XP_015950837.2	A02	85.309.463	85.312.019	304	5,44	33260,66	37,74	stable	XP_015950837.2
AdEXPB-03	XP_015953447.1	A03	18.677.107	18.681.204	268	7,54	29271,33	34,09	stable	XP_015953447.1
AdEXPB-04	XP_015936223.1	A08	31.377.530	31.379.711	263	8,28	28762,88	30,27	stable	XP_015936223.1
AdEXLA-01	XP_015952733.1	A01	32.814.173	32.816.032	263	8,6	28347,52	36,88	stable	XP_015952733.1
AdEXLB-01	XP_015957561.1	A01	19.877.663	19.879.820	248	8,96	27334,39	29,30	stable	XP_015957561.1
AdEXLB-02	XP_015960077.1	A01	28.973.160	28.975.022	254	4,39	27327,58	34,61	stable	XP_015960077.1
AdEXLB-03	XP_015960847.1	A01	32.683.345	32.686.338	251	5,07	28137,48	35,64	stable	XP_015960847.1
AdEXLB-04	XP_015961089.1	A01	32.814.173	32.816.032	253	6,92	28296,10	30,89	stable	XP_015961089.1
AdEXLB-05	XP_015960973.1	A01	33.523.067	33.525.174	248	8,32	26617,10	25,25	stable	XP_015960973.1
AdEXLB-06	XP_020986675.1	A01	33.595.197	33.598.282	354	9,18	39321,83	34,47	stable	XP_020986675.1
AdEXLB-07	XP_015963649.1	A05	4.844.594	4.846.178	250	5,31	28024,67	31,69	stable	XP_015963649.1
AdEXLB-08	XP_015963679.1	A05	5.216.362	5.219.655	257	4,42	28087,15	37,08	stable	XP_015963679.1

EK A.42 *A. ipaensis*'e ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. ipaensis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AipEXPA-01	XP_016200824.1	B01	2.916.610	2.922.619	256	6,87	27598,07	35,34	stable	XP_016200824.1
AipEXPA-02	XP_016175800.1	B01	68.617.416	68.621.042	266	8,31	28554,36	31,62	stable	XP_016175800.1
AipEXPA-03	XP_016192163.1	B01	114.343.476	114.346.030	252	8,13	26614,82	32,53	stable	XP_016192163.1
AipEXPA-04	XP_016183739.1	B02	85.481.586	85.484.201	260	9,6	28189,02	24,82	stable	XP_016183739.1
AipEXPA-05	XP_016187785.1	B03	144.454	146.256	251	8,66	26573,03	29,83	stable	XP_016187785.1
AipEXPA-06	XP_020973501.1	B03	4.684.343	4.686.732	260	9,57	28333,40	39,33	stable	XP_020973501.1
AipEXPA-07	XP_016193284.1	B03	21.159.840	21.162.041	254	8,29	28136,95	32,94	stable	XP_016193284.1
AipEXPA-08	XP_016193366.1	B03	30.897.282	30.899.557	260	10,01	28735,97	55,19	unstable	XP_016193366.1
AipEXPA-09	XP_016190918.1	B03	127.380.577	127.382.296	249	9,28	26525,90	34,20	stable	XP_016190918.1
AipEXPA-10	XP_016198410.1	B04	84.727.399	84.730.655	259	9,35	27763,56	25,92	stable	XP_016198410.1
AipEXPA-11	XP_016194296.1	B04	127.862.455	127.864.634	242	9,27	26346,66	33,19	stable	XP_016194296.1
AipEXPA-12	XP_016196238.2	B04	128.506.998	128.508.435	257	9,22	28118,34	17,84	stable	XP_016196238.2
AipEXPA-13	XP_020978738.1	B05	13.203.476	13.207.936	264	9,05	28863,84	34,06	stable	XP_020978738.1
AipEXPA-14	XP_016202753.1	B05	46.934.058	46.937.200	250	9,3	26795,19	39,17	stable	XP_016202753.1
AipEXPA-15	XP_016204820.1	B06	249.437	250.405	264	9,25	28497,30	37,23	stable	XP_016204820.1
AipEXPA-16	XP_016207540.1	B06	10.770.860	10.771.882	253	9,26	28011,14	35,13	stable	XP_016207540.1
AipEXPA-17	XP_016205664.1	B06	10.778.526	10.779.825	253	9,16	27677,63	31,01	stable	XP_016205664.1

EK A.42'nin devamı

AipEXPA-18	XP_016206562.1	B06	69.151.213	69.153.086	284	9,39	31243,44	26,01	stable	XP_016206562.1
AipEXPA-19	XP_016167031.1	B07	12.929.355	12.931.558	259	9,63	28045,83	31,79	stable	XP_016167031.1
AipEXPA-20	XP_016167185.1	B07	16.373.667	16.375.844	271	7,58	29224,15	37,39	stable	XP_016167185.1
AipEXPA-21	XP_016166949.1	B07	19.460.289	19.462.760	254	8,12	27116,55	30,09	stable	XP_016166949.1
AipEXPA-22	XP_016167376.1	B07	101.040.640	101.043.121	255	9,13	27516,15	27,00	stable	XP_016167376.1
AipEXPA-23	XP_016169989.1	B08	2.626.073	2.627.731	259	9,63	28174,07	36,92	stable	XP_016169989.1
AipEXPA-24	XP_016172297.1	B09	2.014.353	2.016.144	253	8,9	28197,50	25,33	stable	XP_016172297.1
AipEXPA-25	XP_016175270.1	B09	25.615.114	25.617.439	255	9,17	27914,77	33,88	stable	XP_016175270.1
AipEXPA-26	XP_016181153.1	B10	98.128.392	98.130.656	253	8,37	26888,10	27,49	stable	XP_016181153.1
AipEXPA-27	XP_016180319.1	B10	126.668.898	126.672.443	241	9,17	26071,36	35,10	stable	XP_016180319.1
AipEXPB-01	XP_016186083.1	B02	97.754.515	97.758.446	277	6,52	29966,26	46,22	unstable	XP_016186083.1
AipEXPB-02	XP_016186643.1	B02	97.858.406	97.862.599	269	4,95	29016,59	38,72	stable	XP_016186643.1
AipEXPB-03	XP_016188300.1	B03	21.192.947	21.196.938	268	7,54	29253,36	33,48	stable	XP_016188300.1
AipEXPB-04	XP_016162584.1	B06	125.844.414	125.847.361	278	4,88	29567,09	37,39	stable	XP_016162584.1
AipEXPB-05	XP_016171516.1	B08	9.423.514	9.425.648	263	8,47	28705,81	31,63	stable	XP_016171516.1
AipEXLA-01	XP_016187884.1	B03	10.636.893	10.638.953	263	8,77	28529,69	37,90	stable	XP_016187884.1
AipEXLB-01	XP_016174662.1	B01	25.874.788	25.876.629	248	8,3	27290,03	32,34	stable	XP_016174662.1
AipEXLB-02	XP_016186850.1	B01	35.079.881	35.081.746	254	4,44	27333,58	33,79	stable	XP_016186850.1
AipEXLB-03	XP_016175086.1	B01	39.560.907	39.563.377	202	4,84	22841,35	34,27	stable	XP_016175086.1
AipEXLB-04	XP_016175097.1	B01	39.632.403	39.636.302	253	6,87	28304,10	30,71	stable	XP_016175097.1
AipEXLB-05	XP_020976206.1	B01	40.599.356	40.601.471	249	8,53	26730,22	28,28	stable	XP_020976206.1
AipEXLB-06	XP_016175121.1	B01	40.619.337	40.623.093	254	9,17	28131,21	35,08	stable	XP_016175121.1

EK A.42'nin devamı

AipEXLB-07	XP_016201487.1	B05	4.927.531	4.929.114	250	5,51	28008,71	31,60	stable	XP_016201487.1
AipEXLB-08	XP_016199051.1	B05	5.327.979	5.330.358	257	4,27	28042,01	38,65	stable	XP_016199051.1

EK A.43 *A. occidentale*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. occidentale</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AocEXPA-01	Anaoc.0001s0230.1.p	scaffold-1	1.336.668	1.337.848	253	8,06	27491,00	28,31	Stable	None
AocEXPA-02	Anaoc.0001s0373.1.p	scaffold-1	2.149.971	2.151.788	137	11,63	15286,59	24,60	Stable	None
AocEXPA-03	Anaoc.0001s0629.1.p	scaffold-1	3.596.119	3.598.186	293	8,77	32695,13	37,80	Stable	None
AocEXPA-04	Anaoc.0002s0253.1.p	scaffold-2	3.035.385	3.036.305	278	9,16	29736,63	32,71	Stable	None
AocEXPA-05	Anaoc.0002s1771.1.p	scaffold-2	18.371.816	18.372.763	315	5,94	34730,38	39,12	Stable	None
AocEXPA-06	Anaoc.0003s1214.1.p	scaffold-3	8.049.619	8.051.356	254	6,22	28184,09	39,60	Stable	None
AocEXPA-07	Anaoc.0003s1214.2.p	scaffold-3	8.049.619	8.051.356	229	8,35	25553,11	35,57	Stable	None
AocEXPA-08	Anaoc.0003s1214.3.p	scaffold-3	8.049.619	8.051.356	184	8,43	20604,51	39,12	Stable	None
AocEXPA-09	Anaoc.0004s0617.1.p	scaffold-4	9.273.256	9.275.732	249	8,91	26376,73	26,92	Stable	None
AocEXPA-10	Anaoc.0004s1485.1.p	scaffold-4	15.916.464	15.918.375	249	8,43	26892,17	32,98	Stable	None
AocEXPA-11	Anaoc.0005s0894.1.p	scaffold-5	11.546.922	11.548.406	246	8,78	26090,30	24,64	Stable	None
AocEXPA-12	Anaoc.0005s1833.1.p	scaffold-5	17.527.308	17.528.811	247	8,96	26283,52	37,61	Stable	None
AocEXPA-13	Anaoc.0007s1052.1.p	scaffold-7	14.987.958	14.989.066	206	8,59	22359,18	32,32	Stable	None
AocEXPA-14	Anaoc.0008s0966.1.p	scaffold-8	6.289.570	6.291.174	279	9,38	30340,62	35,37	Stable	None
AocEXPA-15	Anaoc.0008s1294.1.p	scaffold-8	10.916.738	10.917.865	250	9,21	27861,63	32,73	Stable	None
AocEXPA-16	Anaoc.0009s0069.1.p	scaffold-9	453.158	455.239	257	8,34	27646,18	28,09	Stable	None
AocEXPA-17	Anaoc.0010s0934.1.p	scaffold-10	11.760.475	11.762.968	260	9,67	28271,33	41,13	unstable	None

EK A.43'ün devamı

AocEXPA-18	Anaoc.0010s1294.1.p	scaffold-10	14.382.614	14.386.282	265	8,39	28890,76	36,16	Stable	None
AocEXPA-19	Anaoc.0011s0802.1.p	scaffold-11	4.825.351	4.827.723	258	9,22	27995,77	28,29	Stable	None
AocEXPA-20	Anaoc.0014s1188.1.p	scaffold-14	12.172.532	12.173.906	244	9,33	27515,99	38,05	Stable	None
AocEXPA-21	Anaoc.0014s1190.1.p	scaffold-14	12.187.810	12.189.176	213	9,19	24037,21	44,67	unstable	None
AocEXPA-22	Anaoc.0014s1192.1.p	scaffold-14	12.203.148	12.204.522	244	9,17	27539,97	40,70	unstable	None
AocEXPA-23	Anaoc.0015s0449.1.p	scaffold-15	9.893.806	9.894.700	265	8,67	28709,55	25,12	Stable	None
AocEXPA-24	Anaoc.0016s1014.1.p	scaffold-16	6.507.952	6.509.253	252	8,36	27010,28	34,89	Stable	None
AocEXPA-25	Anaoc.0016s1152.1.p	scaffold-16	7.399.029	7.400.541	258	9,34	27913,72	31,59	Stable	None
AocEXPA-26	Anaoc.0018s0932.1.p	scaffold-18	11.577.696	11.578.833	190	5,76	20800,46	26,47	Stable	None
AocEXPA-27	Anaoc.0018s0998.1.p	scaffold-18	11.929.949	11.932.203	228	9,07	24785,73	38,81	Stable	None
AocEXPA-28	Anaoc.0020s0184.1.p	scaffold-20	5.229.100	5.232.050	262	9,55	28281,23	28,76	Stable	None
AocEXPA-29	Anaoc.0020s0582.1.p	scaffold-20	9.304.756	9.305.750	262	9,36	28993,06	41,24	unstable	None
AocEXPA-30	Anaoc.0931s0002.1.p	contig-931	3.147	4.063	239	7,54	25687,99	30,64	Stable	None
AocEXPA-31	Anaoc.1067s0001.1.p	contig-1067	2.267	3.068	202	8,71	22042,12	27,86	Stable	None
AocEXPA-32	Anaoc.1081s0001.1.p	contig-1081	418	1.432	236	9,27	26337,70	28,69	Stable	None
AocEXPA-33	Anaoc.1091s0001.1.p	contig-1091	1.056	3.144	137	11,76	15345,72	30,93	Stable	None
AocEXPA-34	Anaoc.1114s0004.1.p	contig-1114	24.772	26.270	243	9,95	26628,61	41,95	unstable	None
AocEXPA-35	Anaoc.1544s0001.1.p	contig-1544	364	1.306	216	5,16	23726,48	34,79	Stable	None
AocEXPB-01	Anaoc.0002s2200.1.p	scaffold-2	20.806.263	20.807.643	274	4,66	29034,52	40,62	unstable	None
AocEXPB-02	Anaoc.0006s0711.1.p	scaffold-6	11.856.223	11.858.268	278	8,79	30628,98	32,50	Stable	None
AocEXPB-03	Anaoc.0006s0711.2.p	scaffold-6	11.856.223	11.858.268	266	9,07	29283,45	32,35	Stable	None
AocEXPB-04	Anaoc.0014s0554.1.p	scaffold-14	8.301.511	8.303.660	265	8,79	29170,31	23,13	Stable	None

EK A.43'ün devamı

AocEXPB-05	Anaoc.0014s0554.2.p	scaffold-14	8.302.307	8.303.663	214	6,97	23628,02	27,11	Stable	None
AocEXPB-06	Anaoc.0018s0415.1.p	scaffold-18	3.253.350	3.254.537	268	4,97	28288,68	49,53	unstable	None
AocEXLA-01	Anaoc.0003s1264.1.p	scaffold-3	8.365.046	8.367.113	300	8,81	33086,35	35,49	Stable	None
AocEXLB-01	Anaoc.0002s1456.1.p	scaffold-2	16.674.621	16.676.102	254	5,2	27784,13	34,07	Stable	None
AocEXLB-02	Anaoc.0015s0414.1.p	scaffold-15	8.938.283	8.939.801	251	5,94	27927,75	38,28	Stable	None

EK A.44 *A. officinalis*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>A. officinalis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
AofEXPA-01	evm.model.AsparagusV1_01.1210	V1_01	26.778.453	26.779.705	258	8,93	28102,78	31,61	stable	XP_020243584.1
AofEXPA-02	evm.model.AsparagusV1_03.10	V1_03	324.549	325.619	247	9,56	25778,90	34,98	stable	XP_020255474.1
AofEXPA-03	evm.model.AsparagusV1_03.1682	V1_03	38.853.000	38.854.709	287	8,69	30770,63	39,10	stable	ONK75436.1
AofEXPA-04	evm.model.AsparagusV1_04.766	V1_04	19.176.465	19.192.854	523	8,63	58171,23	37,88	stable	ONK71356.1
AofEXPA-05	evm.model.AsparagusV1_04.2424	V1_04	90.044.430	90.047.164	275	9,46	30010,13	31,02	stable	ONK72868.1
AofEXPA-06	evm.model.AsparagusV1_07.179	V1_07	4.457.698	4.459.486	200	9,94	21915,74	54,84	unstable	ONK62238.1
AofEXPA-07	evm.model.AsparagusV1_07.547	V1_07	14.200.772	14.201.950	159	9,72	17309,60	22,28	stable	ONK62568.1
AofEXPA-08	evm.model.AsparagusV1_07.803	V1_07	22.132.545	22.133.956	227	9,08	24211,06	28,41	stable	ONK62777.1
AofEXPA-09	evm.model.AsparagusV1_07.1041	V1_07	30.278.324	30.279.376	259	8,72	27831,37	35,78	stable	ONK63006.1
AofEXPA-10	evm.model.AsparagusV1_08.193	V1_08	2.918.088	2.919.608	241	8,76	26151,39	29,58	stable	XP_020241879.1
AofEXPA-11	evm.model.AsparagusV1_08.3365	V1_08	126.445.918	126.455.256	465	7,43	50890,09	28,41	stable	ONK61794.1
AofEXPB-01	evm.model.AsparagusV1_04.3276	V1_04	136.020.565	136.025.121	207	10,25	23130,73	56,80	unstable	ONK73547.1
AofEXPB-02	evm.model.AsparagusV1_04.3450	V1_04	141.918.503	141.921.540	203	9,23	22467,69	46,15	unstable	ONK73714.1
AofEXPB-03	evm.model.AsparagusV1_10.622	V1_10	14.203.505	14.206.002	175	8,5	18291,62	29,01	stable	ONK56292.1
AofEXPB-04	evm.model.AsparagusV1_10.675	V1_10	16.033.783	16.036.313	264	5,05	27422,70	45,29	unstable	ONK56317.1
AofEXLB-01	evm.model.AsparagusV1_04.1290	V1_04	35.853.734	35.855.811	253	4,25	26944,94	33,39	stable	XP_020260899.1
AofEXLB-02	evm.model.AsparagusV1_10.322	V1_10	4.779.920	4.791.922	846	6,05	93333,88	40,89	unstable	ONK56011.1

EK A.45 *B. sylavaticum*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>B. sylavaticum</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
BsyEXPA-01	Brasy1G141400.1.p	Chr01	10.628.749	10.630.545	252	6,25	26547,50	35,39	stable	None
BsyEXPA-02	Brasy1G378400.1.p	Chr01	32.341.327	32.342.894	246	8,13	25613,82	33,52	stable	None
BsyEXPA-03	Brasy1G412700.1.p	Chr01	35.563.829	35.565.104	255	6,53	27000,04	44,04	unstable	None
BsyEXPA-04	Brasy1G412800.1.p	Chr01	35.567.076	35.568.386	253	9,66	27029,65	42,32	unstable	None
BsyEXPA-05	Brasy2G067600.1.p	Chr02	4.945.586	4.947.393	255	8,69	26994,19	37,65	stable	None
BsyEXPA-06	Brasy2G067900.1.p	Chr02	4.965.610	4.966.960	255	8,31	27233,76	22,44	stable	None
BsyEXPA-07	Brasy2G068000.1.p	Chr02	4.968.917	4.970.410	262	9,31	27482,87	45,83	unstable	None
BsyEXPA-08	Brasy3G054200.2.p	Chr03	4.606.017	4.607.501	245	9,81	25690,06	43,70	unstable	None
BsyEXPA-09	Brasy3G072100.1.p	Chr03	6.365.169	6.366.146	255	8,4	27149,83	25,24	stable	None
BsyEXPA-10	Brasy3G104700.1.p	Chr03	8.961.497	8.963.444	259	9,1	27941,88	32,33	stable	None
BsyEXPA-11	Brasy3G161300.1.p	Chr03	14.794.239	14.795.282	255	6,51	27187,76	29,20	stable	None
BsyEXPA-12	Brasy3G161400.1.p	Chr03	14.805.161	14.807.217	253	6,68	27072,58	34,19	stable	None
BsyEXPA-13	Brasy3G161500.1.p	Chr03	14.808.013	14.809.328	253	8,04	27295,84	26,55	stable	None
BsyEXPA-14	Brasy3G347300.1.p	Chr03	29.910.749	29.911.648	274	8,39	29809,01	27,84	stable	None
BsyEXPA-15	Brasy4G110700.1.p	Chr04	9.256.727	9.257.630	269	8,76	28450,33	28,29	stable	None
BsyEXPA-16	Brasy4G266400.1.p	Chr04	24.912.914	24.916.514	260	8,35	28000,82	27,53	stable	None
BsyEXPA-17	Brasy4G266700.1.p	Chr04	24.927.817	24.929.281	259	9,19	27808,78	30,63	stable	None

EK A.45'in devamı

BsyEXPA-18	Brasy4G266900.1.p	Chr04	24.962.770	24.965.270	282	9,52	30626,85	38,62	stable	None
BsyEXPA-19	Brasy5G396300.1.p	Chr05	37.807.139	37.810.797	270	9,28	29170,11	47,86	unstable	None
BsyEXPA-20	Brasy7G006300.1.p	Chr07	470.000	471.513	292	8,69	30690,74	40,26	unstable	None
BsyEXPA-21	Brasy7G166300.1.p	Chr07	16.322.400	16.325.360	340	9,2	37205,33	44,10	unstable	None
BsyEXPA-22	Brasy8G244300.1.p	Chr08	23.758.754	23.760.169	254	8,8	27642,22	28,41	stable	None
BsyEXPA-23	Brasy9G273900.1.p	Chr09	24.985.312	24.988.916	300	8,7	32331,05	35,11	stable	None
BsyEXPA-24	Brasy9G282600.1.p	Chr09	25.644.878	25.646.744	353	9,78	36878,94	52,32	unstable	None
BsyEXPA-25	BrasyJ014700.1.p	Segkk253_quiver	44.529	45.928	261	8,85	27795,22	44,66	unstable	None
BsyEXPA-26	BrasyJ092200.1.p	Segkk858_quiver	37.463	39.548	251	8,34	26539,70	35,15	stable	None
BsyEXPB-01	Brasy1G069600.1.p	Chr01	4.903.172	4.906.896	267	9,4	27831,54	38,45	stable	None
BsyEXPB-02	Brasy1G069800.1.p	Chr01	4.908.949	4.910.277	262	6,39	26607,02	27,47	stable	None
BsyEXPB-03	Brasy2G013600.1.p	Chr02	950.991	953.463	273	9,21	29767,03	44,86	unstable	None
BsyEXPB-04	Brasy2G013700.1.p	Chr02	956.696	959.325	314	5,39	33492,58	43,44	unstable	None
BsyEXPB-05	Brasy2G020200.1.p	Chr02	1.548.486	1.549.295	269	5,67	28768,39	33,72	stable	None
BsyEXPB-06	Brasy2G262200.1.p	Chr02	23.836.005	23.837.778	368	4,63	39272,55	32,20	stable	None
BsyEXPB-07	Brasy3G207600.1.p	Chr03	19.362.960	19.364.418	266	9,07	28874,59	34,07	stable	None
BsyEXPB-08	Brasy3G211300.1.p	Chr03	19.696.418	19.698.039	268	6,41	29215,86	34,64	stable	None
BsyEXPB-09	Brasy3G211400.1.p	Chr03	19.700.237	19.701.590	269	7,59	29389,17	38,56	stable	None
BsyEXPB-10	Brasy3G211500.1.p	Chr03	19.703.309	19.704.883	273	8,82	29925,46	30,35	stable	None
BsyEXPB-11	Brasy3G211600.1.p	Chr03	19.707.696	19.709.382	267	9,48	29266,23	38,13	stable	None
BsyEXPB-12	Brasy3G211700.1.p	Chr03	19.713.469	19.715.118	262	9,45	28673,57	36,25	stable	None
BsyEXPB-13	Brasy3G211800.1.p	Chr03	19.718.894	19.720.947	268	5,35	28852,38	24,27	stable	None

EK A.45'in devamı

BsyEXPB-14	Brasy3G211900.1.p	Chr03	19.732.724	19.735.547	284	6,31	31102,97	26,43	stable	None
BsyEXPB-15	Brasy4G196500.1.p	Chr04	17.337.805	17.339.528	268	6,87	28068,73	39,40	stable	None
BsyEXPB-16	Brasy4G196600.1.p	Chr04	17.344.233	17.345.977	288	9,61	30072,41	43,71	unstable	None
BsyEXPB-17	Brasy4G196700.1.p	Chr04	17.357.940	17.359.685	293	8,75	30630,77	35,65	stable	None
BsyEXPB-18	Brasy4G311700.1.p	Chr04	28.926.798	28.931.019	272	8,98	28732,81	26,97	stable	None
BsyEXPB-19	Brasy5G003300.1.p	Chr05	283.556	284.359	267	8,51	28958,07	26,25	stable	None
BsyEXPB-20	Brasy5G441600.1.p	Chr05	41.256.775	41.258.134	255	9,12	27885,13	44,17	unstable	None
BsyEXPB-21	Brasy5G448300.1.p	Chr05	41.865.553	41.866.705	266	7,45	27657,18	45,07	unstable	None
BsyEXPB-22	Brasy5G448400.1.p	Chr05	41.889.481	41.890.607	250	7,49	25730,06	38,18	stable	None
BsyEXPB-23	Brasy8G210200.1.p	Chr08	20.217.208	20.218.572	268	8,58	29124,31	37,47	stable	None
BsyEXPB-24	Brasy9G223500.1.p	Chr09	20.400.879	20.405.212	271	8,51	28439,45	26,77	stable	None
BsyEXPB-25	Brasy9G223500.2.p	Chr09	20.402.279	20.405.220	199	9,1	21347,45	29,03	stable	None
BsyEXPB-26	Brasy9G242300.1.p	Chr09	22.060.849	22.062.024	262	8,65	27454,24	34,88	stable	None
BsyEXLA-01	Brasy2G047100.1.p	Chr02	3.318.995	3.321.708	269	6,81	28512,40	35,98	stable	None
BsyEXLA-02	Brasy2G047200.1.p	Chr02	3.322.116	3.324.686	269	9,25	28851,07	36,39	stable	None
BsyEXLA-03	Brasy2G047200.2.p	Chr02	3.322.791	3.324.686	188	9,56	20777,82	31,32	stable	None
BsyEXLA-04	Brasy3G201200.1.p	Chr03	18.705.887	18.708.540	300	8,93	31368,44	42,53	unstable	None
BsyEXLA-05	Brasy6G156200.1.p	Chr06	12.785.855	12.788.840	273	8,98	29682,15	44,95	unstable	None
BsyEXLA-06	Brasy7G220800.1.p	Chr07	21.104.597	21.105.673	313	6,93	32804,81	58,22	unstable	None

EK A.46 *C. arietinum* 'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. arietinum</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CarEXPA-01	Ca_02620	Ca1	11.336.495	11.337.838	257	9,57	28324,25	39,41	stable	XP_004486999.1
CarEXPA-02	Ca_10508	Ca2	3.509.229	3.510.575	230	9,22	25088,10	37,01	stable	XP_004489402.1
CarEXPA-03	Ca_18084	Ca2	12.630.237	12.632.046	248	9,32	26601,92	34,26	stable	NP_001266116.1
CarEXPA-04	Ca_15654	Ca2	27.334.559	27.336.140	201	9,17	21768,49	28,25	stable	XP_004490713.1
CarEXPA-05	Ca_14386	Ca2	28.154.667	28.156.843	272	8,89	29751,75	45,80	unstable	XP_004490781.1
CarEXPA-06	Ca_16103	Ca2	29.897.337	29.899.071	260	9,48	28192,00	37,54	stable	XP_004490888.1
CarEXPA-07	Ca_22377	Ca3	4.220.576	4.222.285	245	9,37	26459,73	34,28	stable	NP_001266044.1
CarEXPA-08	Ca_21133	Ca3	18.005.002	18.007.745	258	9,76	27888,69	30,16	stable	XP_004492358.1
CarEXPA-09	Ca_01059	Ca3	37.255.312	37.257.536	255	9,33	28144,17	40,17	unstable	XP_004494489.1
CarEXPA-10	Ca_03574	Ca4	6.712.370	6.714.327	255	9,33	27845,97	34,94	stable	XP_004495836.1
CarEXPA-11	Ca_20760	Ca4	48.926.797	48.928.158	255	9,05	27796,48	34,00	stable	XP_004499303.1
CarEXPA-12	Ca_08945	Ca5	26.802.610	26.804.658	235	8,11	25301,13	31,26	stable	NP_001265970.1
CarEXPA-13	Ca_04109	Ca5	46.523.240	46.524.813	250	8,63	26753,90	30,68	stable	XP_004502832.1
CarEXPA-14	Ca_13256	Ca6	290.282	291.808	283	6,43	30548,60	47,50	unstable	XP_004503092.1
CarEXPA-15	Ca_16377	Ca6	20.556.916	20.557.895	248	9,07	26628,88	29,58	stable	NP_001266033.1
CarEXPA-16	Ca_16682	Ca6	26.405.103	26.407.452	257	9,63	28114,03	36,62	stable	XP_004505858.1
CarEXPA-17	Ca_15754	Ca7	45.820.254	45.821.818	250	6,28	27366,17	22,75	stable	XP_012574300.1
CarEXPA-18	Ca_02397	Ca8	2.054.695	2.056.627	222	9,67	24415,99	28,33	stable	XP_027193366.1

EK A.46'nin devamı

CarEXPA-19	Ca_25291	scaffold369	36.407	37.648	245	5,01	27399,11	27,18	stable	XP_004514099.2
CarEXPA-20	Ca_25295	scaffold369	100.670	102.074	247	5,03	27521,34	26,56	stable	XP_004514103.2
CarEXPA-21	Ca_21175	scaffold484	183.563	186.146	254	9,1	28245,40	46,92	unstable	XP_012575306.1
CarEXPA-22	Ca_23288	scaffold537	223.806	225.700	251	8,5	27807,83	36,10	stable	XP_004514456.1
CarEXPA-23	Ca_08727	scaffold1348_1	393.568	395.145	263	9,16	28693,75	27,87	stable	XP_004515786.1
CarEXPA-24	Ca_28193	scaffold5674	13.520	16.660	248	8,4	26443,72	32,37	stable	XP_004517024.1
CarEXPA-25	Ca_27312	C11180336	13.590	15.850	285	8,69	31094,30	32,23	stable	XP_004517307.1
CarEXPB-01	Ca_02806	Ca1	9.850.175	9.851.694	272	5,06	29109,60	50,23	unstable	XP_004486758.1
CarEXPB-02	Ca_14086	Ca1	13.233.018	13.235.542	258	8,06	28021,81	37,66	stable	XP_004487295.1
CarEXPB-03	Ca_23286	scaffold537	207.041	210.077	264	8,31	28716,84	27,14	stable	XP_004514453.1
CarEXPB-04	Ca_25510	scaffold1804	89.248	91.708	275	5,21	29474,98	49,51	unstable	XP_004516288.1
CarEXPB-05	Ca_25511	scaffold1804	117.142	118.801	273	8,62	29141,10	35,60	stable	XP_004516289.1
CarEXPB-06	Ca_25515	scaffold1804	233.878	235.211	194	8,64	21008,90	32,76	stable	XP_004516292.1
CarEXPB-07	Ca_25516	scaffold1804	288.230	289.870	271	8,48	28804,67	41,13	unstable	XP_027186907.1
CarEXLA-01	Ca_11127	Ca6	23.297.233	23.299.076	260	7,99	28438,28	37,37	stable	XP_004505673.1
CarEXLB-01	Ca_12821	Ca7	10.641.297	10.642.830	254	4,4	27385,54	37,90	stable	XP_004508990.1
CarEXLB-02	Ca_02311	Ca8	2.678.498	2.680.771	251	5,47	27908,53	26,59	stable	XP_004511738.1

EK A.47 *C. quinoa*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. quinoa</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CqEXPA-01	AUR62013196	Scaffold-1040	3.085.109	3.087.218	262	4,92	29042,67	37,78	stable	XP_021714023.1
CqEXPA-02	AUR62043276	Scaffold-1045	133.157	135.581	258	9,16	28137,90	33,00	stable	XP_021714793.1
CqEXPA-03	AUR62005814	Scaffold-1214	8.551.728	8.553.916	242	9,45	26150,48	33,25	stable	XP_021746927.1
CqEXPA-04	AUR62010206	Scaffold-1257	2.631.895	2.634.077	262	5,01	29121,77	42,51	unstable	XP_021753284.1
CqEXPA-05	AUR62010561	Scaffold-1280	3.515.072	3.516.429	247	9,45	27015,71	21,48	stable	XP_021753755.1
CqEXPA-06	AUR62010562	Scaffold-1280	3.533.382	3.534.948	253	9,4	27660,61	19,95	stable	XP_021753853.1
CqEXPA-07	AUR62010563	Scaffold-1280	3.573.022	3.574.316	216	9,51	23767,03	25,91	stable	XP_021735776.1
CqEXPA-08	AUR62034258	Scaffold-1337	1.404.944	1.407.070	239	10,2	26572,23	54,77	unstable	XP_021754778.1
CqEXPA-09	AUR62013907	Scaffold-1412	4.332.175	4.333.196	254	9,36	27626,44	29,13	stable	XP_021756182.1
CqEXPA-10	AUR62013908	Scaffold-1412	4.338.014	4.339.381	257	9,3	27725,47	26,54	stable	XP_021756183.1
CqEXPA-11	AUR62013909	Scaffold-1412	4.353.520	4.354.952	259	9,49	28188,08	22,95	stable	XP_021756210.1
CqEXPA-12	AUR62013910	Scaffold-1412	4.417.891	4.419.023	273	9,17	29920,06	31,15	stable	XP_021756580.1
CqEXPA-13	AUR62024921	Scaffold-1516	2.810.366	2.812.382	252	8,78	26929,19	30,79	stable	XP_021758210.1
CqEXPA-14	AUR62024923	Scaffold-1516	2.825.301	2.827.589	249	6,03	26512,67	27,34	stable	XP_021758212.1
CqEXPA-15	AUR62024925	Scaffold-1516	2.844.120	2.846.119	251	8,37	26721,98	28,86	stable	XP_021758213.1
CqEXPA-16	AUR62025807	Scaffold-1534	6.775.914	6.781.721	282	8,79	30531,57	20,32	stable	XP_021759263.1
CqEXPA-17	AUR62021584	Scaffold-1675	816.175	818.303	258	8,94	28689,65	25,83	stable	XP_021761378.1

EK A.47'nin devamı

CqEXPA-18	AUR62021586	Scaffold-1675	831.797	833.222	244	5,61	26613,25	22,95	stable	XP_021761379.1
CqEXPA-19	AUR62021662	Scaffold-1675	2.085.310	2.087.637	251	9,2	26862,21	35,88	stable	XP_021761608.1
CqEXPA-20	AUR62018602	Scaffold-1817	78.031	79.859	319	5,7	34647,29	30,48	stable	XP_021765458.1
CqEXPA-21	AUR62018603	Scaffold-1817	82.141	83.817	256	5,89	28012,22	25,40	stable	XP_021765459.1
CqEXPA-22	AUR62018604	Scaffold-1817	135.486	137.794	286	5,93	31801,16	32,91	stable	XP_021765460.1
CqEXPA-23	AUR62007383	Scaffold-1971	4.732.943	4.734.435	289	6,08	32038,42	31,25	stable	XP_021768307.1
CqEXPA-24	AUR62007384	Scaffold-1971	4.736.286	4.738.021	256	5,88	28014,42	25,44	stable	XP_021767848.1
CqEXPA-25	AUR62007385	Scaffold-1971	4.741.753	4.743.448	335	5,65	36699,42	30,86	stable	XP_021767849.1
CqEXPA-26	AUR62012104	Scaffold-1995	407.637	410.473	258	9,65	27907,89	43,43	stable	XP_021769005.1
CqEXPA-27	AUR62018280	Scaffold-2048	9.673.578	9.675.104	257	9,17	27989,60	27,52	stable	XP_021771071.1
CqEXPA-28	AUR62018281	Scaffold-2048	9.691.464	9.692.995	259	9,58	28020,90	20,51	stable	XP_021771072.1
CqEXPA-29	AUR62018282	Scaffold-2048	9.708.096	9.709.768	257	9,2	27795,56	24,89	stable	XP_021771074.1
CqEXPA-30	AUR62018283	Scaffold-2048	9.714.512	9.715.534	257	9,3	28026,90	28,61	stable	XP_021771073.1
CqEXPA-31	AUR62018284	Scaffold-2048	9.735.183	9.736.639	259	9,28	28128,04	26,64	stable	XP_021770748.1
CqEXPA-32	AUR62026939	Scaffold-2185	4.342.664	4.344.504	258	9,17	28124,94	32,36	stable	XP_021774555.1
CqEXPA-33	AUR62009564	Scaffold-2493	1.061.156	1.063.873	260	9,66	28363,25	34,59	stable	XP_021716136.1
CqEXPA-34	AUR62007934	Scaffold-2646	6.488.186	6.489.963	251	8,32	28048,97	22,68	stable	XP_021718409.1
CqEXPA-35	AUR62001349	Scaffold-2716	3.409.682	3.415.100	358	7,47	39717,24	41,39	unstable	XP_021720317.1
CqEXPA-36	AUR62001776	Scaffold-2716	8.314.932	8.317.363	262	9,66	28564,50	37,49	stable	XP_021720842.1
CqEXPA-37	AUR62029377	Scaffold-2939	2.572.964	2.584.590	425	9,12	46993,15	62,21	unstable	XP_021726118.1
CqEXPA-38	AUR62008431	Scaffold-3422	4.483.231	4.486.047	251	9,06	26868,17	35,40	stable	XP_021733863.1

EK A.47'nin devamı

CqEXPA-39	AUR62008506	Scaffold-3422	5.687.457	5.695.603	410	7,4	45205,37	25,36	stable	XP_021734099.1
CqEXPA-40	AUR62017326	Scaffold-3489	2.012.525	2.014.080	248	9,53	27129,74	22,42	stable	XP_021735776.1
CqEXPA-41	AUR62017327	Scaffold-3489	2.024.786	2.026.430	262	9,41	28691,72	21,70	stable	XP_021735695.1
CqEXPA-42	AUR62017328	Scaffold-3489	2.030.467	2.031.793	247	9,56	27088,77	20,96	stable	XP_021735777.1
CqEXPA-43	AUR62030621	Scaffold-3631	1.319.290	1.321.555	251	8,02	26688,92	28,92	stable	XP_021737940.1
CqEXPA-44	AUR62030622	Scaffold-3631	1.322.260	1.325.989	227	5,89	24276,95	27,82	stable	XP_021737941.1
CqEXPA-45	AUR62030623	Scaffold-3631	1.329.467	1.331.306	252	8,61	26912,16	31,61	stable	XP_021737942.1
CqEXPA-46	AUR62032807	Scaffold-3751	486.520	488.842	248	9,4	26816,15	34,66	stable	XP_021739935.1
CqEXPA-47	AUR62004766	Scaffold-3820	1.817.009	1.822.285	226	8,91	24418,80	30,27	stable	XP_021742047.1
CqEXPA-48	AUR62037485	Scaffold-4036	451.067	458.683	295	9,04	31916,74	33,84	stable	XP_021745189.1
CqEXPA-49	AUR62039364	Scaffold-4317	78.773	81.607	258	9,68	27950,96	43,64	unstable	XP_021749542.1
CqEXPB-01	AUR62038960	Scaffold-1059	2.132.079	2.142.555	265	8,88	28608,66	27,94	stable	XP_021715815.1
CqEXPB-02	AUR62039969	Scaffold-1360	218.951	225.264	271	5,22	28611,82	26,50	stable	XP_021755321.1
CqEXPB-03	AUR62013691	Scaffold-1412	899.249	900.928	270	4,83	29458,91	31,54	stable	XP_021756164.1
CqEXPB-04	AUR62018308	Scaffold-2048	10.455.384	10.457.452	129	6,49	14190,09	44,04	unstable	XP_021737896.1
CqEXPB-05	AUR62037361	Scaffold-2588	3.119.464	3.131.303	313	9,26	33166,66	35,34	stable	XP_021717380.1
CqEXPB-06	AUR62030573	Scaffold-3631	565.673	571.106	208	5,78	22544,48	44,51	unstable	XP_021737896.1
CqEXPB-07	AUR62004157	Scaffold-4250	415.064	416.999	270	5,07	29299,69	34,27	stable	XP_021748276.1
CqEXLA-01	AUR62012950	Scaffold-1040	752.299	754.114	262	8,27	28753,74	32,78	stable	XP_021774677.1
CqEXLA-02	AUR62012951	Scaffold-1040	762.308	781.989	1418	8,64	154836,22	26,26	stable	XP_021772972.1
CqEXLA-03	AUR62012952	Scaffold-1040	786.541	788.361	225	8,84	24531,98	19,82	stable	XP_021773664.1

EK A.47'nin devamı

CqEXLA-04	AUR62009959	Scaffold-1257	221.782	237.573	531	8,75	58459,90	28,82	stable	XP_021752937.1
CqEXLA-05	AUR62009960	Scaffold-1257	239.310	247.931	505	8,81	54341,92	21,82	stable	XP_021752939.1
CqEXLA-06	AUR62027154	Scaffold-2314	1.846.222	1.850.493	300	6,2	33022,43	28,43	stable	XP_021743129.1
CqEXLA-07	AUR62044290	Scaffold-2880	1.994	27.658	597	8,58	65351,89	23,87	stable	XP_021752979.1
CqEXLA-08	AUR62044177	Scaffold-3858	11.544	17.868	483	8,95	52554,21	25,18	stable	XP_021743128.1
CqEXLB-01	AUR62019931	Scaffold-1480	2.604.913	2.607.474	248	7,54	27496,34	28,46	stable	XP_021757765.1
CqEXLB-02	AUR62018845	Scaffold-1817	2.862.599	2.863.855	206	5,84	22793,76	36,54	stable	XP_021765784.1
CqEXLB-03	AUR62018846	Scaffold-1817	2.883.375	2.884.818	218	6,51	24163,65	38,75	stable	XP_021765785.1
CqEXLB-04	AUR62018849	Scaffold-1817	2.905.377	2.906.819	206	5,36	22875,84	40,39	unstable	XP_021765479.1
CqEXLB-05	AUR62018850	Scaffold-1817	2.908.484	2.910.530	226	5,53	25036,66	34,62	stable	XP_021765786.1
CqEXLB-06	AUR62007160	Scaffold-1971	2.170.164	2.172.004	177	8,64	19579,42	33,70	stable	XP_021768044.1
CqEXLB-07	AUR62007161	Scaffold-1971	2.173.548	2.192.578	693	5,9	76723,61	36,79	stable	XP_021768045.1
CqEXLB-08	AUR62007220	Scaffold-1971	2.888.942	2.890.482	256	4,55	27791,72	34,54	stable	XP_021768107.1

EK A.48 *E. guineensis*'e ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>E. guineensis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
EgEXPA-01	XP_010939330.2	Chr1	44.567.235	44.569.237	252	5,69	27078,73	24,68	stable	XP_010939330.2
EgEXPA-02	XP_010939619.1	Chr1	44.646.370	44.648.566	255	8,33	28083,98	18,89	stable	XP_010939619.1
EgEXPA-03	XP_010909709.1	Chr2	512.033	514.055	255	8,59	27693,23	33,42	stable	XP_010909709.1
EgEXPA-04	XP_010913883.1	Chr2	51.817.924	51.820.130	262	7,49	28897,65	32,63	stable	XP_010913883.1
EgEXPA-05	XP_010917068.2	Chr3	29.253.551	29.256.318	264	9,27	28330,05	37,25	stable	XP_010917068.2
EgEXPA-06	XP_019705001.1	Chr3	29.254.106	29.256.111	248	9,22	26430,69	34,50	stable	XP_019705001.1
EgEXPA-07	XP_029120143.1	Chr4	32.315.977	32.320.932	508	8,85	50784,38	36,51	stable	XP_029120143.1
EgEXPA-08	XP_010920093.1	Chr4	50.966.261	50.969.027	256	6,06	27544,14	35,82	stable	XP_010920093.1
EgEXPA-09	XP_010920576.1	Chr5	1.226.084	1.228.839	260	9,34	28112,95	37,30	stable	XP_010920576.1
EgEXPA-10	XP_010921134.1	Chr5	7.223.215	7.224.391	255	5,81	27146,26	33,95	stable	XP_010921134.1
EgEXPA-11	XP_010921302.1	Chr5	9.566.882	9.568.654	247	6,86	26103,08	27,17	stable	XP_010921302.1
EgEXPA-12	XP_010922733.1	Chr5	43.230.418	43.231.929	254	6,02	27242,36	34,32	stable	XP_010922733.1
EgEXPA-13	XP_010922313.2	Chr5	48.722.793	48.724.779	258	9,1	27711,73	43,57	unstable	XP_010922313.2
EgEXPA-14	XP_010923649.1	Chr6	4.917.022	4.919.049	252	6,4	27650,47	30,44	stable	XP_010923649.1
EgEXPA-15	XP_010931278.1	Chr10	4.235.027	4.237.066	258	9,24	27882,80	41,19	unstable	XP_010931278.1
EgEXPA-16	XP_010931357.1	Chr10	6.866.777	6.868.109	253	8,06	26978,44	36,65	stable	XP_010931357.1
EgEXPA-17	XP_010934985.3	Chr12	14.747.359	14.749.125	243	7,5	26595,00	30,35	stable	XP_010934985.3
EgEXPA-18	XP_010935158.1	Chr12	18.775.582	18.777.592	258	8,72	27934,78	34,46	stable	XP_010935158.1

EK A.48'in devamı

EgEXPA-19	XP_010937180.1	Chr13	23.236.141	23.237.980	251	9,17	26911,37	27,34	stable	XP_010937180.1
EgEXPA-20	XP_010937609.1	Chr14	1.760.052	1.762.306	260	9,19	28231,06	35,22	stable	XP_010937609.1
EgEXPA-21	XP_010938009.1	Chr14	4.625.542	4.627.199	256	6,39	27510,56	27,23	stable	XP_010938009.1
EgEXPA-22	XP_010939461.1	Chr15	9.600.720	9.602.712	239	8,1	25934,46	26,11	stable	XP_010939461.1
EgEXPA-23	XP_010910535.1	scaffold	864	3.673	250	9	26722,10	39,04	stable	XP_010910535.1
EgEXPA-24	XP_010908423.1	scaffold	390.851	394.314	296	8,87	32034,61	42,02	unstable	XP_010908423.1
EgEXPB-01	XP_019705227.1	Chr1	49.060.069	49.061.097	193	7,59	20766,42	35,76	stable	XP_019705227.1
EgEXPB-02	XP_010919901.1	Chr4	44.456.625	44.458.926	279	5,51	29090,78	42,68	unstable	XP_010919901.1
EgEXPB-03	XP_029120152.1	Chr4	44.478.662	44.480.556	225	5,18	23744,67	40,82	unstable	XP_029120152.1
EgEXPB-04	XP_010919903.1	Chr4	44.501.061	44.503.566	279	4,5	29173,62	43,07	unstable	XP_010919903.1
EgEXPB-05	XP_010919650.1	Chr4	45.375.596	45.377.539	263	6,22	27798,47	35,57	stable	XP_010919650.1
EgEXPB-06	XP_010919653.1	Chr4	45.406.534	45.408.680	264	6,92	28479,09	32,94	stable	XP_010919653.1
EgEXPB-07	XP_019705836.1	Chr4	45.452.601	45.454.482	264	6,93	28386,99	28,75	stable	XP_019705836.1
EgEXPB-08	XP_010905528.1	scaffold	923.262	927.865	286	8,95	31202,63	38,81	stable	XP_010905528.1
EgEXLA-01	XP_010918218.1	Chr4	8.798.161	8.800.551	264	7,98	28904,95	36,22	stable	XP_010918218.1
EgEXLA-02	XP_010943941.1	scaffold	1.274.891	1.276.973	263	8,75	28610,71	25,59	stable	XP_010943941.1
EgEXLB-01	XP_010919842.1	Chr4	47.957.161	47.958.777	257	4,47	27486,63	32,51	stable	XP_010919842.1
EgEXLB-02	XP_010933564.1	Chr11	23.901.524	23.903.277	249	5,72	27405,12	32,51	stable	XP_010933564.1

EK A.49 *H. annuus*'a ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>H. annuus</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
HanEXPA-01	HanXRQChr01g0009521	Chr1	64.064.838	64.068.076	257	9,55	27920,78	32,46	stable	XP_021972225.1
HanEXPA-02	HanXRQChr01g0024881	Chr1	134.067.068	134.069.988	251	9,46	27088,87	30,89	stable	XP_021983481.1
HanEXPA-03	HanXRQChr04g0114001	Chr4	124.040.378	124.043.092	263	8,61	28359,93	35,25	stable	XP_022035113.1
HanEXPA-04	HanXRQChr05g0134961	Chr5	32.045.756	32.047.880	257	9,62	27926,84	35,37	stable	XP_022037293.1
HanEXPA-05	HanXRQChr06g0165191	Chr6	3.341.409	3.343.390	269	9,56	29525,82	28,86	stable	XP_021969103.1
HanEXPA-06	HanXRQChr06g0178721	Chr6	51.216.670	51.219.551	259	9,69	28001,87	31,85	stable	XP_021970438.1
HanEXPA-07	HanXRQChr07g0201381	Chr7	85.383.247	85.385.749	256	9,45	28046,81	31,07	stable	XP_021973805.1
HanEXPA-08	HanXRQChr07g0203691	Chr7	91.558.260	91.559.590	245	8,1	26203,33	24,60	stable	XP_021974030.1
HanEXPA-09	HanXRQChr08g0210821	Chr8	9.589.958	9.592.439	245	9,53	26470,78	38,35	stable	XP_021976292.1
HanEXPA-10	HanXRQChr08g0220801	Chr8	46.250.808	46.252.091	121	7,66	14040,03	41,43	unstable	XP_021977106.1
HanEXPA-11	HanXRQChr08g0220891	Chr8	46.704.131	46.705.508	253	8,09	27631,31	30,74	stable	XP_021977106.1
HanEXPA-12	HanXRQChr08g0227911	Chr8	92.112.427	92.114.010	244	9,36	26660,26	35,89	stable	XP_021977781.1
HanEXPA-13	HanXRQChr08g0236981	Chr8	151.037.735	151.039.716	257	9,72	28114,07	36,75	stable	XP_021978567.1
HanEXPA-14	HanXRQChr09g0262011	Chr9	158.671.918	158.673.773	243	6,38	26060,17	29,45	stable	XP_021983021.1
HanEXPA-15	HanXRQChr09g0264741	Chr9	169.965.238	169.972.034	231	8,96	25069,12	39,40	stable	XP_021983280.1
HanEXPA-16	HanXRQChr09g0270611	Chr9	189.762.140	189.763.612	284	8,99	30249,37	39,29	stable	KAF5792692.1
HanEXPA-17	HanXRQChr11g0322221	Chr11	7.574.592	7.577.414	254	9,06	27400,19	31,40	stable	XP_021992398.1

EK A.49'un devamı

HanEXPA-18	HanXRQChr11g0325311	Chr11	21.619.082	21.624.004	257	9,53	28038,00	31,84	stable	XP_021992669.1
HanEXPA-19	HanXRQChr12g0366791	Chr12	44.011.540	44.013.045	253	8,88	27472,24	33,62	stable	XP_021997600.1
HanEXPA-20	HanXRQChr12g0369581	Chr12	61.720.646	61.722.165	259	9,21	28215,00	30,77	stable	XP_021997844.1
HanEXPA-21	HanXRQChr12g0378631	Chr12	114.386.890	114.388.480	244	9,34	26608,27	34,81	stable	XP_021998625.1
HanEXPA-22	HanXRQChr12g0378641	Chr12	114.435.608	114.437.190	244	9,34	26603,30	33,94	stable	XP_021998626.1
HanEXPA-23	HanXRQChr12g0378651	Chr12	114.441.096	114.442.684	244	9,24	26645,30	35,78	stable	XP_021998627.1
HanEXPA-24	HanXRQChr12g0378661	Chr12	114.448.318	114.449.899	239	9,14	26011,83	26,52	stable	KAF5779565.1
HanEXPA-25	HanXRQChr12g0378671	Chr12	114.476.542	114.478.125	244	9,34	26667,42	34,29	stable	XP_021998628.1
HanEXPA-26	HanXRQChr12g0378681	Chr12	114.482.057	114.483.540	207	9,28	22602,60	34,85	stable	XP_021998629.1
HanEXPA-27	HanXRQChr13g0386941	Chr13	2.469.795	2.471.756	254	9,31	27545,47	33,98	stable	XP_021999753.1
HanEXPA-28	HanXRQChr13g0414031	Chr13	150.347.738	150.350.052	266	9,12	29337,34	29,68	stable	XP_022005019.1
HanEXPA-29	HanXRQChr13g0415791	Chr13	157.877.772	157.879.071	266	9,44	29441,67	22,49	stable	XP_022005032.1
HanEXPA-30	HanXRQChr13g0415821	Chr13	157.899.740	157.901.505	292	9,09	32335,65	29,09	stable	KAF5774601.1
HanEXPA-31	HanXRQChr14g0429611	Chr14	20.393.986	20.396.438	249	9,49	27126,97	35,59	stable	XP_022008725.1
HanEXPA-32	HanXRQChr14g0437951	Chr14	85.719.307	85.727.473	342	9,46	37204,36	32,74	stable	KAF5768687.1
HanEXPA-33	HanXRQChr14g0443481	Chr14	114.933.791	114.936.580	259	8,38	28007,79	37,71	stable	XP_022009892.1
HanEXPA-34	HanXRQChr14g0460101	Chr14	168.430.010	168.431.384	245	6,86	26191,21	25,86	stable	XP_022006484.1
HanEXPA-35	HanXRQChr15g0463181	Chr15	943.619	945.386	286	9,29	31158,54	31,09	stable	XP_022011432.1
HanEXPA-36	HanXRQChr15g0486391	Chr15	96.181.610	96.184.460	275	9,3	30299,42	32,55	stable	XP_022012541.1
HanEXPA-37	HanXRQChr16g0500671	Chr16	11.088.878	11.091.068	263	9,62	28644,67	32,81	stable	XP_022018223.1
HanEXPA-38	HanXRQChr16g0503111	Chr16	21.198.192	21.200.644	256	9,1	27063,65	31,95	stable	XP_022016559.1
HanEXPA-39	HanXRQChr17g0570851	Chr17	214.553.944	214.555.988	252	9,28	26863,31	32,51	stable	XP_022020545.2

EK A.49'un devamı

HanEXPB-01	HanXRQChr08g0222741	Chr8	56.556.727	56.558.350	265	8,04	28922,83	32,53	stable	XP_021977321.1
HanEXPB-02	HanXRQChr09g0252151	Chr9	111.782.692	111.784.091	264	4,93	28178,84	36,05	stable	XP_021979927.1
HanEXPB-03	HanXRQChr14g0456441	Chr14	159.219.230	159.220.513	256	4,74	27524,32	36,38	stable	XP_022008333.1
HanEXPB-04	HanXRQChr16g0507321	Chr16	47.777.088	47.779.445	268	5,13	28961,51	36,28	stable	KAF5759379.1
HanEXPB-05	HanXRQChr16g0507331	Chr16	47.795.355	47.797.104	250	8,49	26989,65	28,38	stable	XP_035841628.1
HanEXPB-06	HanXRQChr16g0507341	Chr16	47.985.873	47.986.599	201	8,59	22129,02	37,42	stable	KAF5759381.1
HanEXPB-07	HanXRQChr17g0553561	Chr17	85.930.547	85.934.041	267	9,17	29060,20	33,53	stable	XP_022020483.1
HanEXLA-01	HanXRQChr17g0543761	Chr17	35.333.644	35.338.054	256	8,87	27691,75	36,85	stable	XP_022021929.1
HanEXLA-02	HanXRQChr17g0559441	Chr17	141.001.560	141.002.729	264	8,2	28455,39	33,19	stable	XP_022025946.1
HanEXLB-01	HanXRQChr03g0074761	Chr3	102.114.076	102.115.665	249	6,2	27543,29	29,06	stable	XP_022028396.1
HanEXLB-02	HanXRQChr11g0332781	Chr11	57.787.382	57.789.225	247	5,96	27630,36	28,47	stable	XP_021993213.1
HanEXLB-03	HanXRQChr17g0535741	Chr17	7.320.157	7.321.878	259	4,9	28538,10	32,14	stable	XP_022023590.1

EK A.50 *L. sativa*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>L. sativa</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
LsEXPA-01	Lsat_1_v5_gn_0_860.1	lg_0	17.141.234	17.142.682	253	8,88	27364,11	31,19	stable	XP_023755386.1
LsEXPA-02	Lsat_1_v5_gn_1_58901.1	lg_1	70.487.894	70.488.907	244	9,33	26412,77	24,39	stable	XP_023769930.1
LsEXPA-03	Lsat_1_v5_gn_2_7740.1	lg_2	15.498.602	15.500.345	252	9,45	27415,23	35,78	stable	XP_023731088.1
LsEXPA-04	Lsat_1_v5_gn_2_58701.2	lg_2	126.139.169	126.140.785	286	9,83	30838,33	34,59	stable	XP_023768970.1
LsEXPA-05	Lsat_1_v5_gn_2_58701.1	lg_2	126.139.343	126.140.770	257	9,48	27075,76	32,82	stable	XP_023768970.1
LsEXPA-06	Lsat_1_v5_gn_2_71700.2	lg_2	145.234.142	145.235.817	254	8,98	27872,87	32,26	stable	XP_023767458.1
LsEXPA-07	Lsat_1_v5_gn_2_71700.1	lg_2	145.234.271	145.235.512	251	8,58	27457,33	31,87	stable	XP_023767458.1
LsEXPA-08	Lsat_1_v5_gn_2_119040.1	lg_2	198.096.750	198.098.351	258	9,71	28137,97	31,83	stable	XP_023757258.1
LsEXPA-09	Lsat_1_v5_gn_2_124880.1	lg_2	204.947.920	204.949.206	245	7,53	26226,27	26,72	stable	XP_023736096.1
LsEXPA-10	Lsat_1_v5_gn_3_4521.1	lg_3	7.369.873	7.371.743	266	9,62	29062,24	23,68	stable	XP_023772227.1
LsEXPA-11	Lsat_1_v5_gn_3_67081.1	lg_3	88.012.446	88.014.029	266	7,52	29205,03	32,62	stable	XP_023773189.1
LsEXPA-12	Lsat_1_v5_gn_4_11020.1	lg_4	15.772.811	15.774.151	242	8,95	25750,86	28,87	stable	XP_023732270.1
LsEXPA-13	Lsat_1_v5_gn_4_11020.2	lg_4	15.772.813	15.774.729	313	9,27	33839,25	31,84	stable	XP_023732270.1
LsEXPA-14	Lsat_1_v5_gn_4_109320.1	lg_4	189.057.234	189.058.737	288	9,05	30907,20	33,17	stable	XP_023730042.1
LsEXPA-15	Lsat_1_v5_gn_4_109320.2	lg_4	189.057.641	189.058.767	248	9	26130,63	30,27	stable	XP_023730042.1
LsEXPA-16	Lsat_1_v5_gn_4_178600.2	lg_4	363.917.531	363.920.922	239	8,81	25944,13	37,93	stable	XP_023740116.1
LsEXPA-17	Lsat_1_v5_gn_4_178600.1	lg_4	363.917.615	363.920.761	231	8,81	25088,03	38,06	stable	XP_023740116.1

EK A.50'nin devamı

LsEXPA-18	Lsat_1_v5_gn_5_170161.3	lg_5	313.168.639	313.171.250	290	9,63	31502,89	35,04	stable	XP_023767958.1
LsEXPA-19	Lsat_1_v5_gn_5_170161.1	lg_5	313.168.706	313.171.000	257	9,35	27892,70	34,49	stable	XP_023767958.1
LsEXPA-20	Lsat_1_v5_gn_6_8220.1	lg_6	12.272.906	12.274.225	279	9,33	30151,50	27,27	stable	XP_023770122.1
LsEXPA-21	Lsat_1_v5_gn_6_78860.1	lg_6	129.664.968	129.666.260	266	9,31	29631,77	31,76	stable	XP_023754093.1
LsEXPA-22	Lsat_1_v5_gn_6_78920.1	lg_6	129.686.047	129.687.324	266	9,31	29574,76	29,08	stable	XP_023754099.1
LsEXPA-23	Lsat_1_v5_gn_6_78980.1	lg_6	129.761.751	129.762.993	266	9,33	29535,63	28,25	stable	XP_023754108.1
LsEXPA-24	Lsat_1_v5_gn_8_15340.1	lg_8	20.015.106	20.016.386	259	9,26	28447,20	37,89	stable	XP_023745134.1
LsEXPA-25	Lsat_1_v5_gn_8_29600.1	lg_8	37.197.544	37.198.762	253	9,36	27654,71	32,67	stable	XP_023765833.1
LsEXPA-26	Lsat_1_v5_gn_8_51000.3	lg_8	70.957.832	70.959.348	287	9,94	31081,13	39,85	stable	XP_023754686.1
LsEXPA-27	Lsat_1_v5_gn_8_51000.1	lg_8	70.957.863	70.959.348	253	9,73	26964,43	37,04	stable	XP_023754686.1
LsEXPA-28	Lsat_1_v5_gn_8_73960.1	lg_8	264.514.472	264.517.093	260	9,69	28218,15	31,92	stable	XP_023755180.1
LsEXPA-29	Lsat_1_v5_gn_9_13940.1	lg_9	18.891.117	18.892.469	249	8,11	26765,08	35,56	stable	XP_023728827.1
LsEXPA-30	Lsat_1_v5_gn_9_23601.1	lg_9	26.942.936	26.944.375	259	9,78	28008,85	34,38	stable	XP_023753837.1
LsEXPA-31	Lsat_1_v5_gn_9_23601.3	lg_9	26.943.165	26.944.419	316	9,77	34797,61	41,33	unstable	XP_023753837.1
LsEXPA-32	Lsat_1_v5_gn_9_37760.1	lg_9	42.186.874	42.188.575	240	9,13	26216,40	26,41	stable	XP_023749910.1
LsEXPA-33	Lsat_1_v5_gn_9_37760.3	lg_9	42.186.877	42.188.638	252	9,13	27605,23	26,58	stable	XP_023749910.1
LsEXPA-34	Lsat_1_v5_gn_9_59761.1	lg_9	70.441.501	70.443.230	246	8,11	26446,53	30,29	stable	XP_023737376.1
LsEXPB-01	Lsat_1_v5_gn_5_54081.3	lg_5	123.695.484	123.696.992	260	8,05	28419,26	35,19	stable	XP_023728139.1
LsEXPB-02	Lsat_1_v5_gn_5_54081.1	lg_5	123.695.921	123.696.992	258	8,55	28093,94	35,02	stable	XP_023728139.1
LsEXPB-03	Lsat_1_v5_gn_7_78660.1	lg_7	129.710.189	129.711.335	252	7,44	27172,77	37,04	stable	XP_023756377.1
LsEXPB-04	Lsat_1_v5_gn_7_78621.1	lg_7	129.776.659	129.778.226	265	9,15	28961,26	31,17	stable	XP_023756376.1
LsEXPB-05	Lsat_1_v5_gn_8_10000.1	lg_8	13.527.644	13.529.472	267	8,53	29027,04	44,47	unstable	XP_023728651.1

EK A.50'nin devamı

LsEXPB-06	Lsat_1_v5_gn_8_99280.4	lg_8	147.474.028	147.483.152	403	7,91	43719,68	23,85	stable	XP_042753250.1
LsEXPB-07	Lsat_1_v5_gn_8_99280.5	lg_8	147.474.028	147.475.011	225	5,65	24290,30	28,32	stable	XP_042753250.1
LsEXPB-08	Lsat_1_v5_gn_8_99280.2	lg_8	147.481.957	147.483.152	242	8,34	26051,79	18,54	stable	XP_023736158.1
LsEXPB-09	Lsat_1_v5_gn_8_132761.1	lg_8	212.421.319	212.425.948	273	9,07	29676,82	34,74	stable	XP_023734502.1
LsEXPB-10	Lsat_1_v5_gn_9_118741.1	lg_9	194.255.442	194.256.618	238	4,91	25642,74	37,58	stable	XP_023734986.1
LsEXPB-11	Lsat_1_v5_gn_9_118741.2	lg_9	194.256.029	194.256.615	173	5,61	18910,33	43,77	unstable	XP_023734986.1
LsEXPB-12	Lsat_1_v5_gn_9_118721.2	lg_9	194.260.368	194.261.022	177	6,03	19550,98	39,06	stable	XP_042754439.1
LsEXLA-01	Lsat_1_v5_gn_3_47800.1	lg_3	60.520.704	60.522.052	256	8,76	27654,81	36,00	stable	XP_023736394.1
LsEXLA-02	Lsat_1_v5_gn_8_121820.3	lg_8	187.729.409	187.732.157	288	7,97	31159,39	37,17	stable	XP_023741618.1
LsEXLA-03	Lsat_1_v5_gn_8_121820.1	lg_8	187.730.062	187.732.159	261	7,99	28203,89	38,10	stable	XP_023741618.1
LsEXLB-01	Lsat_1_v5_gn_6_60620.1	lg_6	89.714.027	89.716.062	256	6,08	28190,11	26,17	stable	XP_023747763.1

EK A.51 *M. sinensis*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>M. sinensis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
McsEXPA-01	Misin01G211600.1.p	Chr1	47.800.121	47.800.981	207	4,72	21902,66	31,21	stable	None
McsEXPA-02	Misin01G211700.1.p	Chr1	47.843.001	47.843.897	252	8,33	26493,86	37,32	stable	None
McsEXPA-03	Misin01G211800.1.p	Chr1	47.846.676	47.847.729	253	8,79	27004,59	28,84	stable	None
McsEXPA-04	Misin01G211900.1.p	Chr1	47.859.248	47.860.139	255	8,09	26854,20	36,89	stable	None
McsEXPA-05	Misin01G221600.1.p	Chr1	51.614.531	51.615.294	247	8,62	25957,11	32,79	stable	None
McsEXPA-06	Misin01G297200.1.p	Chr1	99.821.873	99.822.762	261	8,88	28092,10	29,51	stable	None
McsEXPA-07	Misin01G478300.1.p	Chr1	143.223.800	143.224.958	250	8,75	26797,22	31,99	stable	None
McsEXPA-08	Misin01G478500.1.p	Chr1	143.303.110	143.304.164	253	8,95	26944,32	32,50	stable	None
McsEXPA-09	Misin02G014000.1.p	Chr2	2.100.297	2.103.565	230	9,37	24443,64	42,76	unstable	None
McsEXPA-10	Misin02G208500.1.p	Chr2	49.444.903	49.446.637	246	8,42	25754,78	41,74	unstable	None
McsEXPA-11	Misin02G208600.1.p	Chr2	49.494.932	49.495.970	254	8,4	27229,03	29,34	stable	None
McsEXPA-12	Misin02G208700.1.p	Chr2	49.498.170	49.499.039	232	8,45	24530,60	35,09	stable	None
McsEXPA-13	Misin02G208800.1.p	Chr2	49.527.509	49.530.497	230	8,1	24862,90	33,37	stable	None
McsEXPA-14	Misin02G208900.1.p	Chr2	49.543.197	49.544.065	205	8,14	21970,64	33,70	stable	None
McsEXPA-15	Misin02G209000.1.p	Chr2	49.664.249	49.665.096	249	8,01	26112,34	38,94	stable	None
McsEXPA-16	Misin02G209100.1.p	Chr2	49.691.915	49.692.676	253	8,41	26353,42	31,76	stable	None
McsEXPA-17	Misin02G289500.1.p	Chr2	94.852.376	94.853.668	261	8,89	27945,87	29,66	stable	None

EK A.51'in devamı

McsEXPA-18	Misin02G330500.1.p	Chr2	106.566.327	106.567.150	235	9,46	24336,46	47,35	unstable	None
McsEXPA-19	Misin02G470900.1.p	Chr2	137.746.715	137.747.689	170	8,86	17785,08	28,72	stable	None
McsEXPA-20	Misin02G471000.1.p	Chr2	137.750.190	137.751.083	261	8,11	27589,26	38,03	stable	None
McsEXPA-21	Misin02G471100.1.p	Chr2	137.753.481	137.755.008	252	8,83	26851,10	33,33	stable	None
McsEXPA-22	Misin03G262600.1.p	Chr3	90.329.509	90.330.408	269	9,39	28816,71	27,81	stable	None
McsEXPA-23	Misin04G144900.1.p	Chr4	51.356.833	51.357.660	248	7,13	26593,30	24,01	stable	None
McsEXPA-24	Misin04G147500.1.p	Chr4	52.802.392	52.803.327	268	6,45	28952,59	25,12	stable	None
McsEXPA-25	Misin04G286700.1.p	Chr4	93.739.420	93.740.434	268	9,31	28772,57	26,40	stable	None
McsEXPA-26	Misin05G088900.1.p	Chr5	19.010.639	19.011.479	246	9,74	26112,55	39,28	stable	None
McsEXPA-27	Misin05G113100.1.p	Chr5	25.380.102	25.381.345	251	5,22	26693,77	27,57	stable	None
McsEXPA-28	Misin05G126800.1.p	Chr5	30.206.559	30.207.587	244	7,52	25318,28	31,49	stable	None
McsEXPA-29	Misin05G317500.1.p	Chr5	97.706.476	97.708.649	252	6,01	26613,64	34,15	stable	None
McsEXPA-30	Misin06G093200.1.p	Chr6	22.894.262	22.895.100	240	4,98	25437,25	32,81	stable	None
McsEXPA-31	Misin06G093700.1.p	Chr6	23.061.622	23.063.007	251	9,6	26983,57	41,81	unstable	None
McsEXPA-32	Misin06G107500.1.p	Chr6	27.723.287	27.725.061	240	8,43	24940,97	35,15	stable	None
McsEXPA-33	Misin06G305800.1.p	Chr6	98.986.290	98.988.179	252	5,68	26568,64	32,55	stable	None
McsEXPA-34	Misin07G113600.1.p	Chr7	22.916.645	22.917.564	264	8,95	28030,95	29,54	stable	None
McsEXPA-35	Misin07G114900.1.p	Chr7	23.162.767	23.163.737	236	8,98	25414,96	30,92	stable	None
McsEXPA-36	Misin07G116100.1.p	Chr7	23.556.010	23.557.191	264	10,03	28333,07	43,65	unstable	None
McsEXPA-37	Misin07G271800.1.p	Chr7	62.095.793	62.096.635	280	8,85	29538,46	35,95	stable	None
McsEXPA-38	Misin07G279200.1.p	Chr7	64.280.765	64.285.570	202	5,38	21859,45	28,93	stable	None
McsEXPA-39	Misin07G481800.1.p	Chr7	146.101.138	146.102.899	288	9,3	29838,34	34,58	stable	None

EK A.51'in devamı

McsEXPA-40	Misin08G113100.1.p	Chr8	31.045.444	31.046.359	269	8,94	28424,44	31,60	stable	None
McsEXPA-41	Misin08G114900.1.p	Chr8	31.681.834	31.683.552	313	9,37	33629,58	31,67	stable	None
McsEXPA-42	Misin08G115600.1.p	Chr8	31.985.361	31.986.367	204	8,9	21366,20	35,94	stable	None
McsEXPA-43	Misin08G116000.1.p	Chr8	32.019.746	32.020.740	267	9,15	28641,62	29,39	stable	None
McsEXPA-44	Misin08G116100.1.p	Chr8	32.044.267	32.055.863	249	8,95	26788,61	29,40	stable	None
McsEXPA-45	Misin08G270700.1.p	Chr8	84.947.865	84.949.938	292	9,02	30375,95	36,92	stable	None
McsEXPA-46	Misin09G027200.1.p	Chr9	6.426.836	6.427.327	135	10,05	15226,59	25,43	stable	None
McsEXPA-47	Misin09G151000.1.p	Chr9	61.801.392	61.802.148	212	9,41	23118,48	31,1	stable	None
McsEXPA-48	Misin11G027000.1.p	Chr11	14.818.168	14.819.322	260	8,76	27792,35	32,01	stable	None
McsEXPA-49	Misin11G185000.1.p	Chr11	65.846.804	65.849.920	258	8,33	27960,09	34,87	stable	None
McsEXPA-50	Misin11G194200.1.p	Chr11	67.930.785	67.931.688	265	8,65	29341,50	37,85	stable	None
McsEXPA-51	Misin12G002700.1.p	Chr12	916.878	917.739	236	4,8	25596,82	44,20	unstable	None
McsEXPA-52	Misin12G191700.1.p	Chr12	69.871.573	69.874.751	239	7,05	25571,19	31,97	stable	None
McsEXPA-53	Misin13G145400.1.p	Chr13	56.404.020	56.404.847	275	8,95	29101,05	29,64	stable	None
McsEXPA-54	Misin16G046000.1.p	Chr16	10.164.228	10.165.132	249	8,43	25957,05	23,93	stable	None
McsEXPA-55	Misin16G173300.1.p	Chr16	64.005.551	64.007.769	248	8,43	26094,18	34,11	stable	None
McsEXPA-56	Misin17G172100.1.p	Chr17	64.731.214	64.733.343	248	8,43	26052,10	34,46	stable	None
McsEXPA-57	Misin18G004500.1.p	Chr18	1.252.917	1.255.558	271	7,48	28953,52	39,62	stable	None
McsEXPA-58	Misin18G269900.1.p	Chr18	82.350.667	82.351.949	274	9,46	29189,82	36,93	stable	None
McsEXPA-59	Misin19G187200.1.p	Chr19	65.677.474	65.681.936	262	7,56	28187,07	27,57	stable	None
McsEXPA-60	MisinT004900.1.p	scaffold00021	104.608	106.622	265	9,57	27842,46	40,77	unstable	None
McsEXPA-61	MisinT034100.1.p	scaffold00042	190.457	192.175	278	9,85	29429,64	35,13	stable	None

EK A.51'in devamı

McsEXPA-62	MisinT115200.1.p	scaffold00163	3.024	5.735	171	7,76	18935,61	45,55	unstable	None
McsEXPA-63	MisinT115300.1.p	scaffold00163	8.948	9.876	259	6,38	27961,75	37,44	stable	None
McsEXPA-64	MisinT127300.1.p	scaffold00188	32.777	33.436	191	8,96	20064,71	21,83	stable	None
McsEXPA-65	MisinT136900.1.p	scaffold00210	107.480	108.344	259	6,78	28011,75	31,80	stable	None
McsEXPA-66	MisinT137000.1.p	scaffold00210	113.222	116.028	259	6,02	27962,64	37,93	stable	None
McsEXPA-67	MisinT224700.1.p	scaffold00435	94.366	96.466	262	7,55	28201,83	35,70	stable	None
McsEXPA-68	MisinT234100.1.p	scaffold00464	10.746	15.118	272	6,68	28913,59	37,38	stable	None
McsEXPB-01	Misin01G134900.2.p	Chr1	24.965.960	24.969.599	296	4,58	31279,12	36,57	stable	None
McsEXPB-02	Misin01G134900.1.p	Chr1	24.966.008	24.969.541	324	4,81	34239,35	40,74	unstable	None
McsEXPB-03	Misin01G283900.1.p	Chr1	94.671.891	94.673.657	266	5,35	29079,58	28,99	stable	None
McsEXPB-04	Misin01G284000.1.p	Chr1	94.761.197	94.763.211	266	6,21	29107,75	24,03	stable	None
McsEXPB-05	Misin01G284300.1.p	Chr1	94.826.466	94.829.543	285	7,06	31271,21	28,05	stable	None
McsEXPB-06	Misin01G284500.1.p	Chr1	94.887.797	94.889.565	278	6,04	30565,26	35,37	stable	None
McsEXPB-07	Misin01G284600.1.p	Chr1	94.912.991	94.914.371	270	9,49	29051,22	29,29	stable	None
McsEXPB-08	Misin01G284800.1.p	Chr1	95.020.140	95.022.020	271	9,43	29433,37	36,31	stable	None
McsEXPB-09	Misin01G284900.1.p	Chr1	95.047.251	95.050.383	299	5,55	32554,02	30,49	stable	None
McsEXPB-10	Misin01G289600.1.p	Chr1	97.089.217	97.090.383	269	8,96	29229,72	28,28	stable	None
McsEXPB-11	Misin01G289700.1.p	Chr1	97.096.887	97.097.913	273	6,05	29400,48	41,14	unstable	None
McsEXPB-12	Misin01G514200.1.p	Chr1	149.878.503	149.879.270	255	5,99	27541,40	21,27	stable	None
McsEXPB-13	Misin01G514400.1.p	Chr1	149.967.619	149.968.986	278	6,88	30139,47	24,48	stable	None
McsEXPB-14	Misin02G132400.1.p	Chr2	25.513.481	25.517.375	325	6,09	34530,05	40,78	unstable	None
McsEXPB-15	Misin02G132400.4.p	Chr2	25.513.481	25.515.196	321	5,16	34059,44	40,08	unstable	None

EK A.51'in devamı

McsEXPB-16	Misin02G132400.2.p	Chr2	25.513.481	25.517.034	296	4,72	31219,12	36,81	stable	None
McsEXPB-17	Misin02G132500.1.p	Chr2	25.537.840	25.539.528	307	5,39	32402,55	38,11	stable	None
McsEXPB-18	Misin02G273200.1.p	Chr2	89.353.403	89.356.830	290	7,03	31708,60	27,57	stable	None
McsEXPB-19	Misin02G273300.1.p	Chr2	89.370.372	89.372.327	268	6,2	29245,96	25,65	stable	None
McsEXPB-20	Misin02G273400.1.p	Chr2	89.394.191	89.396.006	267	5,35	29269,77	27,42	stable	None
McsEXPB-21	Misin02G273500.1.p	Chr2	89.450.591	89.452.302	264	4,96	28712,29	27,38	stable	None
McsEXPB-22	Misin02G273800.1.p	Chr2	89.496.986	89.498.463	271	9,33	29567,46	39,59	stable	None
McsEXPB-23	Misin02G274200.1.p	Chr2	89.562.658	89.564.204	269	9,3	29115,19	30,05	stable	None
McsEXPB-24	Misin02G274200.2.p	Chr2	89.562.658	89.564.204	259	9,13	28043,89	30,66	stable	None
McsEXPB-25	Misin02G274200.3.p	Chr2	89.562.658	89.564.204	202	9,59	22373,81	32,70	stable	None
McsEXPB-26	Misin02G274300.1.p	Chr2	89.577.638	89.579.157	277	6,43	30496,25	37,23	stable	None
McsEXPB-27	Misin02G278700.1.p	Chr2	91.202.381	91.203.686	269	9,04	29298,83	28,95	stable	None
McsEXPB-28	Misin02G278800.1.p	Chr2	91.237.868	91.238.886	273	5,88	29614,73	40,50	unstable	None
McsEXPB-29	Misin02G512400.1.p	Chr2	145.237.105	145.237.893	262	6,81	28326,37	25,69	stable	None
McsEXPB-30	Misin02G512500.1.p	Chr2	145.266.780	145.267.553	257	6,33	27762,79	22,57	stable	None
McsEXPB-31	Misin02G512600.1.p	Chr2	145.275.326	145.276.092	241	5,68	26077,85	26,01	stable	None
McsEXPB-32	Misin02G512700.1.p	Chr2	145.295.370	145.298.760	185	5,69	20440,43	22,74	stable	None
McsEXPB-33	Misin02G515300.1.p	Chr2	145.850.254	145.851.688	272	8,89	29547,44	30,29	stable	None
McsEXPB-34	Misin02G515400.1.p	Chr2	145.868.389	145.871.099	334	5,97	35111,21	43,71	unstable	None
McsEXPB-35	Misin03G106200.1.p	Chr3	33.345.738	33.347.208	323	9,46	33462,20	39,11	stable	None
McsEXPB-36	Misin04G118700.1.p	Chr4	35.431.003	35.432.425	322	9,49	33300,05	38,42	stable	None
McsEXPB-37	Misin04G118800.1.p	Chr4	35.456.778	35.458.133	311	9,26	32908,76	42,82	unstable	None

EK A.51'in devamı

McsEXPB-38	Misin07G382200.1.p	Chr7	119.247.420	119.250.580	356	5,68	38650,00	43,02	unstable	None
McsEXPB-39	Misin07G385100.1.p	Chr7	120.186.354	120.187.127	257	6,33	27780,82	21,69	stable	None
McsEXPB-40	Misin07G421000.1.p	Chr7	131.127.223	131.131.598	277	8,46	28945,80	31,28	stable	None
McsEXPB-41	Misin07G434100.1.p	Chr7	135.004.536	135.006.302	292	8,82	30469,75	38,31	stable	None
McsEXPB-42	Misin07G434200.1.p	Chr7	135.046.064	135.047.412	267	8,03	27707,23	40,16	unstable	None
McsEXPB-43	Misin08G216400.1.p	Chr8	72.977.397	72.983.432	277	7,98	28881,68	31,62	stable	None
McsEXPB-44	Misin08G230300.1.p	Chr8	76.099.428	76.101.344	292	8,94	30581,89	36,99	stable	None
McsEXPB-45	Misin08G230400.1.p	Chr8	76.105.901	76.107.540	293	8,82	30753,04	40,15	unstable	None
McsEXPB-46	Misin08G230500.1.p	Chr8	76.121.282	76.122.630	261	5,57	27179,65	35,47	stable	None
McsEXPB-47	Misin11G165700.1.p	Chr11	62.833.786	62.835.410	262	6,25	27009,44	31,66	stable	None
McsEXPB-48	Misin12G162900.1.p	Chr12	63.579.271	63.584.423	289	8,97	30840,40	26,30	stable	None
McsEXPB-49	Misin12G162900.2.p	Chr12	63.579.271	63.584.423	286	9,06	30581,19	26,47	stable	None
McsEXPB-50	Misin12G162900.3.p	Chr12	63.579.271	63.584.423	278	9,14	29640,08	26,72	stable	None
McsEXPB-51	Misin12G162900.4.p	Chr12	63.579.271	63.584.423	275	9,24	29380,86	26,91	stable	None
McsEXPB-52	Misin12G182900.1.p	Chr12	67.615.346	67.616.775	290	9,44	30535,25	36,11	stable	None
McsEXPB-53	Misin12G183000.1.p	Chr12	67.618.275	67.619.610	262	6,25	26905,27	29,91	stable	None
McsEXPB-54	Misin12G183100.1.p	Chr12	67.662.176	67.663.353	284	9,75	30239,54	32,38	stable	None
McsEXPB-55	Misin18G135400.1.p	Chr18	37.529.175	37.530.469	264	5,11	27461,69	37,31	stable	None
McsEXPB-56	MisinT067800.1.p	scaffold00083	15.299	16.533	266	8,69	28975,87	32,50	stable	None
McsEXLA-01	Misin01G294100.1.p	Chr1	98.596.866	98.599.126	279	9,04	29778,92	33,59	stable	None
McsEXLA-02	Misin01G494700.1.p	Chr1	146.405.883	146.408.395	271	8,92	29297,52	35,21	stable	None
McsEXLA-03	Misin02G283000.1.p	Chr2	92.868.701	92.870.710	279	9,14	29915,08	38,37	stable	None

EK A.51'in devamı

McsEXLA-04	Misin02G504800.1.p	Chr2	143.999.265	144.001.884	271	9,13	29214,47	33,73	stable	None
McsEXLA-05	Misin04G282500.1.p	Chr4	92.921.972	92.924.848	277	8,72	29532,79	25,42	stable	None
McsEXLA-06	Misin19G260900.1.p	Chr19	84.535.001	84.537.666	307	9,03	32388,09	53,89	unstable	None

EK A.52 *O. brachyantha*'ya ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>O. brachyantha</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
ObEXPA-01	XP_006643994.1	Chr1	6.503.204	6.504.734	251	8,95	26460,86	36,61	stable	XP_006643994.1
ObEXPA-02	XP_006645709.1	Chr1	6.507.975	6.509.466	254	5,6	26563,38	34,66	stable	XP_006645709.1
ObEXPA-03	XP_015695042.1	Chr1	7.552.687	7.553.548	239	5,71	24156,05	31,67	stable	XP_015695042.1
ObEXPA-04	XP_006644922.1	Chr1	27.098.600	27.100.845	248	5,83	26026,03	35,46	stable	XP_006644922.1
ObEXPA-05	XP_006648527.1	Chr2	7.237.306	7.238.745	267	9,1	28276,32	25,89	stable	XP_006648527.1
ObEXPA-06	XP_006648529.1	Chr2	7.264.712	7.266.160	153	9,69	16939,42	23,59	stable	XP_006648529.1
ObEXPA-07	XP_006647143.1	Chr2	7.282.341	7.283.507	280	9,11	29440,46	26,27	stable	XP_006647143.1
ObEXPA-08	XP_015689279.1	Chr2	23.172.109	23.173.509	219	9,69	22767,69	35,19	stable	XP_015689279.1
ObEXPA-09	XP_006649422.1	Chr3	2.531.260	2.532.485	252	6,54	26655,62	24,76	stable	XP_006649422.1
ObEXPA-10	XP_006649423.1	Chr3	2.535.642	2.536.817	259	8,56	27474,23	34,22	stable	XP_006649423.1
ObEXPA-11	XP_006649424.1	Chr3	2.538.498	2.540.512	256	8,06	27080,59	25,47	stable	XP_006649424.1
ObEXPA-12	XP_006649425.1	Chr3	2.543.404	2.545.210	251	7,43	26656,14	37,57	stable	XP_006649425.1
ObEXPA-13	XP_006651052.1	Chr3	2.548.536	2.550.177	172	6,53	18462,03	42,70	unstable	XP_006651052.1
ObEXPA-14	XP_015690764.1	Chr3	11.096.795	11.098.267	256	9,84	26996,78	44,95	unstable	XP_015690764.1
ObEXPA-15	XP_006651432.1	Chr3	13.005.991	13.009.702	214	9,64	21997,82	46,54	unstable	XP_006651432.1
ObEXPA-16	XP_006650810.1	Chr3	28.107.272	28.110.947	264	9,32	28042,83	43,58	unstable	XP_006650810.1
ObEXPA-17	XP_006652124.1	Chr4	4.044.606	4.046.065	262	7,42	27720,10	38,40	stable	XP_006652124.1

EK A.52'nin devamı

ObEXPA-18	XP_006652695.1	Chr4	16.606.539	16.610.701	266	7,57	28582,72	32,69	stable	XP_006652695.1
ObEXPA-19	XP_006654209.1	Chr5	7.134.686	7.136.004	250	7,48	26729,14	34,27	stable	XP_006654209.1
ObEXPA-20	XP_006654210.1	Chr5	7.157.878	7.160.694	253	8,31	26962,42	38,03	stable	XP_006654210.1
ObEXPA-21	XP_006654542.1	Chr5	15.241.205	15.244.910	246	7,58	26155,09	37,40	stable	XP_006654542.1
ObEXPA-22	XP_006655694.1	Chr6	328.808	329.927	283	6,48	30013,80	32,49	stable	XP_006655694.1
ObEXPA-23	XP_006656263.1	Chr6	17.048.686	17.053.260	259	6,8	27861,77	28,31	stable	XP_006656263.1
ObEXPA-24	XP_015693813.1	Chr6	17.048.686	17.053.260	231	7,45	24773,21	30,80	stable	XP_015693813.1
ObEXPA-25	XP_015693713.1	Chr6	21.379.388	21.380.267	169	10,21	18624,27	48,16	unstable	XP_015693713.1
ObEXPA-26	XP_006659063.1	Chr8	776.614	777.623	252	8,44	26937,65	34,93	stable	XP_006659063.1
ObEXPA-27	XP_006661794.2	Chr10	8.909.111	8.909.111	313	8,67	33073,47	32,93	stable	XP_006661794.2
ObEXPA-28	XP_006662383.1	Chr10	8.922.318	8.923.664	257	7,48	27148,62	23,39	stable	XP_006662383.1
ObEXPA-29	XP_006662550.1	Chr10	12.670.789	12.671.842	261	8,06	27207,86	26,48	stable	XP_006662550.1
ObEXPB-01	XP_006647630.1	Chr2	19.410.801	19.412.476	271	4,96	28064,65	36,97	stable	XP_006647630.1
ObEXPB-02	XP_006647631.1	Chr2	19.421.047	19.423.118	294	9,15	30454,85	40,50	unstable	XP_006647631.1
ObEXPB-03	XP_015689738.1	Chr3	136.789	138.243	226	5,91	23526,44	28,62	stable	XP_015689738.1
ObEXPB-04	XP_006650949.1	Chr3	143.160	145.562	315	5,81	33204,13	42,32	unstable	XP_006650949.1
ObEXPB-05	XP_006649233.1	Chr3	242.809	244.126	267	6,94	28886,94	29,90	stable	XP_006649233.1
ObEXPB-06	XP_006649234.1	Chr3	253.339	254.576	267	5,63	29126,27	29,84	stable	XP_006649234.1
ObEXPB-07	XP_006650341.2	Chr3	19.988.677	19.992.731	315	4,73	33210,77	49,56	unstable	XP_006650341.2
ObEXPB-08	XP_015690313.1	Chr3	19.988.699	19.992.542	368	5,29	38025,14	49,03	unstable	XP_015690313.1
ObEXPB-09	XP_006653618.1	Chr4	14.309.033	14.315.521	274	8,67	29247,46	29,90	stable	XP_006653618.1
ObEXPB-10	XP_006652615.1	Chr4	15.163.431	15.165.496	264	8,06	27177,77	26,51	stable	XP_006652615.1

EK A.52'nin devamı

ObEXPB-11	XP_006653655.1	Chr4	15.168.634	15.170.635	291	9,2	30215,05	47,64	unstable	XP_006653655.1
ObEXPB-12	XP_006662029.1	Chr10	13.166.485	13.168.999	268	8,98	29128,63	31,23	stable	XP_006662029.1
ObEXPB-13	XP_006662045.1	Chr10	13.456.783	13.458.545	274	6,07	29462,27	30,49	stable	XP_006662045.1
ObEXPB-14	XP_006662046.1	Chr10	13.461.519	13.463.590	261	8,46	28753,48	31,96	stable	XP_006662046.1
ObEXPB-15	XP_006662047.1	Chr10	13.473.980	13.476.190	266	5,33	28909,41	25,62	stable	XP_006662047.1
ObEXPB-16	XP_006662048.1	Chr10	13.486.976	13.489.723	286	6,07	31174,07	25,34	stable	XP_006662048.1
ObEXPB-17	XP_006665160.1	scaffold	274	1.332	267	6,53	28903,92	27,89	stable	XP_006665160.1
ObEXLA-01	XP_006651010.1	Chr3	1.548.136	1.550.957	270	9,31	28913,11	30,46	stable	XP_006651010.1
ObEXLA-02	XP_006657358.1	Chr6	21.480.620	21.482.465	305	7,59	32948,30	46,53	unstable	XP_006657358.1
ObEXLA-03	XP_015694922.1	Chr7	9.271.605	9.276.475	280	8,47	29759,00	37,41	stable	XP_015694922.1
ObEXLA-04	XP_006657686.1	Chr7	9.271.605	9.276.475	278	8,47	29614,87	37,60	stable	XP_006657686.1
ObEXLA-05	XP_006662562.1	Chr10	12.918.157	12.920.446	270	9,25	28912,01	41,20	unstable	XP_006662562.1
ObEXLB-01	XP_006657721.1	Chr7	10.058.179	10.060.575	255	5,76	27597,02	37,42	stable	XP_006657721.1

EK A.53 *O. europaea*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>O. europaea</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
OeuEXPA-01	Oeu006052.1	Chr1	22.045.982	22.047.380	206	7,54	22139,56	29,12	stable	XP_022879735.1
OeuEXPA-02	Oeu027747.1	Chr4	5.498.472	5.499.917	252	8,54	27162,40	29,28	stable	XP_022874649.1
OeuEXPA-03	Oeu004157.1	Chr4	8.832.241	8.833.727	260	9,64	28417,45	36,57	stable	XP_022874855.1
OeuEXPA-04	Oeu033624.1	Chr7	20.658.960	20.659.883	238	9,01	25827,04	24,27	stable	XP_022880039.1
OeuEXPA-05	Oeu056818.1	Chr8	1.454.385	1.456.136	261	9,38	28593,71	22,89	stable	XP_022882240.1
OeuEXPA-06	Oeu021058.1	Chr8	14.441.682	14.442.645	235	9,5	25267,20	39,01	stable	XP_022881827.1
OeuEXPA-07	Oeu047283.1	Chr10	24.866.065	24.867.555	248	7,52	26544,82	34,23	stable	XP_022885182.1
OeuEXPA-08	Oeu055108.1	Chr11	10.382.852	10.384.514	234	9,1	25116,10	32,93	stable	XP_022887560.1
OeuEXPA-09	Oeu057990.1	Chr13	25.054.743	25.055.949	248	8,75	27043,31	33,06	stable	XP_022894097.1
OeuEXPA-10	Oeu010219.1	Chr18	3.237.447	3.238.569	227	9,48	24642,72	35,07	stable	XP_022843661.1
OeuEXPA-11	Oeu051152.1	Chr18	14.460.210	14.461.214	254	9,43	27825,64	36,22	stable	XP_022844274.1
OeuEXPA-12	Oeu028275.1	scaffold236	261.120	263.026	247	9,17	26424,74	33,43	stable	XP_022861297.1
OeuEXPA-13	Oeu049253.1	scaffold537	858.715	861.305	477	9,64	52102,79	25,43	stable	XP_022869506.1
OeuEXPA-14	Oeu001903.1	scaffold1057	89.105	91.294	263	9,24	29009,11	25,55	stable	XP_022851159.1
OeuEXPA-15	Oeu015567.1	scaffold1618	46.493	47.418	245	8,94	26533,75	30,97	stable	XP_022856000.1
OeuEXPA-16	Oeu016537.1	scaffold1668	135.526	136.984	258	9,12	28263,12	34,43	stable	XP_022856446.1
OeuEXPA-17	Oeu011415.1	scaffold1433	171.422	173.550	261	9,37	28246,22	29,17	stable	XP_022854643.1

EK A.53'ün devamı

OeuEXPA-18	Oeu013876.1	scaffold1545	96.360	97.402	256	9,24	27725,50	28,71	stable	XP_022855408.1
OeuEXPA-19	Oeu014020.1	scaffold1553	81.115	82.235	254	9,5	27708,50	35,10	stable	XP_022855450.1
OeuEXPA-20	Oeu021145.1	scaffold1923	62.082	63.697	261	9,33	28559,61	26,43	stable	XP_022858137.1
OeuEXPA-21	Oeu026705.1	scaffold2248	114.581	115.843	264	9,48	28496,81	37,54	stable	XP_022860547.1
OeuEXPA-22	Oeu035038.1	scaffold2971	21.580	22.992	252	8,59	27008,22	30,67	stable	XP_022864754.1
OeuEXPA-23	Oeu036536.1	scaffold3130	92.957	94.645	252	8,37	26920,19	26,81	stable	XP_022865492.1
OeuEXPA-24	Oeu017145.1	scaffold17021	651	1.944	232	9,27	25501,87	28,94	stable	XP_022856554.1
OeuEXPB-01	Oeu006099.1	Chr1	22.832.331	22.840.728	220	6,93	24284,70	44,77	unstable	XP_022891110.1
OeuEXPB-02	Oeu005827.1	Chr3	4.476.629	4.477.769	268	4,84	28721,55	37,41	stable	XP_022856136.1
OeuEXPB-03	Oeu005831.1	Chr3	4.501.584	4.502.619	268	4,64	28640,03	45,77	unstable	XP_022862931.1
OeuEXPB-04	Oeu021696.1	Chr12	21.319.398	21.322.298	274	5,67	29829,69	33,78	stable	XP_022892135.1
OeuEXPB-05	Oeu021697.1	Chr12	21.349.542	21.352.307	274	5,71	29705,61	32,91	stable	XP_022892136.1
OeuEXPB-06	Oeu000033.1	Chr15	4.210.718	4.213.789	234	6,87	25152,36	30,46	stable	XP_022897455.1
OeuEXPB-07	Oeu029921.1	Chr16	8.918.706	8.920.559	264	8,52	28900,86	35,52	stable	XP_022898545.1
OeuEXPB-08	Oeu048156.1	scaffold510	58.106	59.867	264	8,72	28675,62	39,88	stable	XP_022869136.1
OeuEXLA-01	Oeu045075.1	Chr16	11.918.039	11.919.325	264	7,95	28770,80	39,10	stable	XP_022898668.1
OeuEXLB-01	Oeu028059.1	Chr13	8.507.824	8.508.965	247	6,58	27637,55	28,88	stable	XP_022892783.1
OeuEXLB-02	Oeu032809.1	scaffold2744	47.009	49.363	244	8,86	26976,79	34,96	stable	XP_022863639.1

EK A.54 *O. sativa kitaake*'ye ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>O. sativa kitaake</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
OskEXPA-01	OsKitaake01g103700.1.p	Chr1	8.321.844	8.323.057	251	9,03	26333,77	32,17	stable	XP_015632452.1
OskEXPA-02	OsKitaake01g103800.1.p	Chr1	8.327.781	8.328.767	254	6,09	26986,96	34,14	stable	XP_015642130.1
OskEXPA-03	OsKitaake01g382400.1.p	Chr1	36.066.155	36.068.268	251	6,78	26673,71	39,73	stable	XP_015625064.1
OskEXPA-04	OsKitaake02g117900.1.p	Chr2	9.672.614	9.674.349	262	9,19	27971,18	26,93	stable	XP_015625531.1
OskEXPA-05	OsKitaake02g118200.1.p	Chr2	9.690.478	9.691.379	262	8,96	28387,35	27,22	stable	XP_015624733.1
OskEXPA-06	OsKitaake02g118300.1.p	Chr2	9.695.250	9.696.447	278	9,02	29974,40	35,12	stable	XP_015624731.1
OskEXPA-07	OsKitaake02g118400.1.p	Chr2	9.699.137	9.700.346	271	9,13	29022,02	24,22	stable	XP_015624166.1
OskEXPA-08	OsKitaake02g118800.1.p	Chr2	9.720.837	9.722.061	280	8,91	30219,48	30,50	stable	XP_015624729.1
OskEXPA-09	OsKitaake02g331000.1.p	Chr2	32.377.017	32.378.890	291	9,43	30174,73	43,40	unstable	XP_015623675.1
OskEXPA-10	OsKitaake03g043500.1.p	Chr3	3.095.557	3.097.035	250	8,51	26429,51	27,60	stable	XP_015628563.1
OskEXPA-11	OsKitaake03g043600.1.p	Chr3	3.100.245	3.101.672	199	8,44	20828,74	32,46	stable	KAF2937344.1
OskEXPA-12	OsKitaake03g043700.1.p	Chr3	3.102.918	3.104.747	260	8,92	27797,56	41,50	unstable	XP_015629199.1
OskEXPA-13	OsKitaake03g043800.1.p	Chr3	3.118.082	3.119.524	249	6,5	26430,92	41,79	unstable	XP_015629343.1
OskEXPA-14	OsKitaake03g043900.1.p	Chr3	3.123.388	3.124.571	249	5,11	26792,28	35,54	stable	XP_015629981.1
OskEXPA-15	OsKitaake03g044000.1.p	Chr3	3.133.335	3.134.819	240	5,65	25789,27	33,88	stable	XP_015630094.1
OskEXPA-16	OsKitaake03g170000.1.p	Chr3	12.592.095	12.593.457	259	9,78	27137,74	51,59	unstable	XP_015629257.1
OskEXPA-17	OsKitaake03g196100.1.p	Chr3	15.118.831	15.120.501	264	9,53	27284,79	49,75	unstable	XP_015629932.1

EK A.54'ün devamı

OskEXPA-18	OsKitaake03g223300.1.p	Chr3	18.338.604	18.339.616	256	4,86	27148,48	39,18	stable	XP_015629916.1
OskEXPA-19	OsKitaake03g394900.1.p	Chr3	35.848.336	35.851.351	264	9,45	28222,99	45,75	unstable	NP_001389240.1
OskEXPA-20	OsKitaake04g049000.1.p	Chr4	9.348.246	9.349.731	261	7,44	27748,18	39,51	stable	XP_015634193.1
OskEXPA-21	OsKitaake04g237800.1.p	Chr4	30.782.368	30.786.086	257	8,35	27550,59	34,10	stable	XP_015636818.1
OskEXPA-22	OsKitaake05g095100.1.p	Chr5	11.229.444	11.231.252	255	8,67	27304,93	41,05	unstable	XP_015638086.1
OskEXPA-23	OsKitaake05g095200.1.p	Chr5	11.254.321	11.255.905	248	8,54	26629,09	33,64	stable	XP_015638203.1
OskEXPA-24	OsKitaake05g206300.1.p	Chr5	23.615.020	23.616.986	246	8,13	25883,81	37,67	stable	XP_015640854.1
OskEXPA-25	OsKitaake06g004800.1.p	Chr6	545.767	547.028	284	5,87	30433,21	32,55	stable	XP_015642083.1
OskEXPA-26	OsKitaake06g217900.1.p	Chr6	24.580.706	24.585.297	260	7,49	27997,97	27,59	stable	XP_015641048.1
OskEXPA-27	OsKitaake06g284503.1.p	Chr6	30.319.731	30.321.007	263	9,4	28036,62	40,78	unstable	XP_015642522.1
OskEXPA-28	OsKitaake08g251200.1.p	Chr8	29.008.003	29.009.172	269	9,04	28776,79	23,66	stable	XP_015649517.1
OskEXPA-29	OsKitaake10g111500.1.p	Chr10	16.446.439	16.447.804	255	8,38	27089,72	41,00	unstable	XP_015613767.1
OskEXPA-30	OsKitaake10g111600.1.p	Chr10	16.449.141	16.450.533	255	8,01	27114,72	21,60	stable	XP_015613768.1
OskEXPA-31	OsKitaake10g173200.1.p	Chr10	21.644.602	21.646.476	266	8,72	27930,67	21,74	stable	XP_015614556.1
OskEXPA-32	OsKitaake12g169200.1.p	Chr12	21.596.228	21.599.237	290	8,49	30046,80	33,36	stable	XP_015619553.2
OskEXPB-01	OsKitaake02g263100.2.p	Chr2	26.383.604	26.390.836	196	9,19	21164,18	32,67	stable	KAF2946049.1
OskEXPB-02	OsKitaake02g263100.1.p	Chr2	26.383.607	26.390.836	272	7,59	28840,69	32,46	stable	XP_015624223.1
OskEXPB-03	OsKitaake02g263100.3.p	Chr2	26.384.940	26.390.836	212	8,96	22685,95	31,32	stable	KAF2946051.1
OskEXPB-04	OsKitaake02g263100.4.p	Chr2	26.384.944	26.390.836	215	8,76	23063,42	30,98	stable	XP_025878513.1
OskEXPB-05	OsKitaake02g275100.1.p	Chr2	27.374.526	27.376.238	273	5,89	28175,71	43,88	unstable	XP_015624927.1
OskEXPB-06	OsKitaake02g275200.1.p	Chr2	27.384.854	27.386.660	292	9,14	30500,10	37,15	stable	XP_015623786.1
OskEXPB-07	OsKitaake03g002800.1.p	Chr3	189.053	190.114	276	8,58	29761,59	29,69	stable	XP_015632131.1

EK A.54'ün devamı

OskEXPB-08	OsKitaake03g003000.1.p	Chr3	199.141	201.192	327	6,22	34446,51	40,80	unstable	XP_015632130.1
OskEXPB-09	OsKitaake03g005800.1.p	Chr3	400.952	402.130	267	6,88	28937,10	28,88	stable	XP_015629905.1
OskEXPB-10	OsKitaake03g005900.1.p	Chr3	407.088	407.891	260	8,3	28108,21	29,32	stable	KAF2936818.1
OskEXPB-11	OsKitaake03g006200.1.p	Chr3	411.353	412.572	267	6,34	28626,75	30,46	stable	XP_015629185.1
OskEXPB-12	OsKitaake03g270400.2.p	Chr3	25.587.436	25.590.939	368	5,45	38582,91	35,25	stable	XP_015629168.1
OskEXPB-13	OsKitaake03g270400.1.p	Chr3	25.587.437	25.590.939	375	5,77	39392,85	35,63	stable	XP_015629167.1
OskEXPB-14	OsKitaake03g270400.3.p	Chr3	25.588.715	25.590.939	309	4,67	32577,99	36,50	stable	XP_015629167.1
OskEXPB-15	OsKitaake04g204700.1.p	Chr4	27.772.484	27.777.810	278	8,81	29528,92	26,20	stable	XP_015634509.1
OskEXPB-16	OsKitaake04g217700.1.p	Chr4	28.930.970	28.932.892	264	8,06	27366,04	30,83	stable	XP_015634512.1
OskEXPB-17	OsKitaake04g217800.1.p	Chr4	28.941.025	28.942.613	275	9,64	28717,66	43,12	unstable	XP_015635052.1
OskEXPB-18	OsKitaake05g086400.1.p	Chr5	9.245.130	9.246.714	264	6,68	27152,67	27,48	stable	XP_015638415.1
OskEXPB-19	OsKitaake10g182000.1.p	Chr10	22.264.650	22.266.488	269	8,66	28985,41	38,93	stable	NP_001391252.1
OskEXPB-20	OsKitaake10g187200.1.p	Chr10	22.629.571	22.631.265	275	7,57	29883,69	34,46	stable	NP_001391274.1
OskEXPB-21	OsKitaake10g187300.1.p	Chr10	22.635.350	22.637.233	261	9,1	28685,60	29,36	stable	NP_001391266.1
OskEXPB-22	OsKitaake10g187400.1.p	Chr10	22.647.160	22.649.339	268	5,51	29191,77	24,17	stable	NP_001391275.1
OskEXPB-23	OsKitaake10g187500.1.p	Chr10	22.658.172	22.660.728	286	5,96	31358,10	26,66	stable	NP_001391276.1
OskEXLA-01	OsKitaake03g027500.1.p	Chr3	1.921.160	1.923.704	279	9,23	30038,33	32,63	stable	NP_001388961.1
OskEXLA-02	OsKitaake03g027500.2.p	Chr3	1.921.160	1.923.704	239	8,95	25889,43	28,55	stable	KAF2937133.1
OskEXLA-03	OsKitaake06g288900.1.p	Chr6	30.638.894	30.640.935	313	6,13	34120,44	53,76	unstable	XP_015641760.1
OskEXLA-04	OsKitaake07g138900.1.p	Chr7	17.002.190	17.005.889	276	8,92	29726,06	35,42	stable	XP_015645083.1
OskEXLA-05	OsKitaake10g177800.1.p	Chr10	21.978.899	21.980.878	275	9,13	29301,42	37,91	stable	XP_015614226.1
OskEXLB-01	OsKitaake07g149900.1.p	Chr7	18.478.174	18.479.708	284	7,63	30526,55	46,11	unstable	KAF2922922.1

EK A.55 *P. deltoides*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. deltoides</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PdEXPA-01	Podel.01G001200.1.p	Chr1	120.864	123.175	247	9,15	26566,00	23,55	stable	None
PdEXPA-02	Podel.01G119300.1.p	Chr1	9.606.176	9.607.731	269	9,66	29191,60	26,73	stable	None
PdEXPA-03	Podel.01G251700.1.p	Chr1	26.073.647	26.076.385	262	9,65	28405,49	44,97	unstable	None
PdEXPA-04	Podel.01G425100.1.p	Chr1	45.698.960	45.698.960	254	9,91	28112,13	47,80	unstable	None
PdEXPA-05	Podel.02G017300.1.p	Chr2	1.029.112	1.030.579	256	9,17	27833,66	35,43	stable	None
PdEXPA-06	Podel.02G204000.1.p	Chr2	16.165.221	16.166.382	256	9,25	27876,53	29,05	stable	None
PdEXPA-07	Podel.04G087000.1.p	Chr4	7.716.820	7.719.044	273	8,9	29809,16	31,91	stable	None
PdEXPA-08	Podel.04G131300.1.p	Chr4	13.055.953	13.057.325	241	8,81	25936,07	40,35	unstable	None
PdEXPA-09	Podel.04G214200.1.p	Chr4	21.657.183	21.658.816	250	8,07	27777,63	33,05	stable	None
PdEXPA-10	Podel.05G260100.1.p	Chr5	25.411.766	25.413.111	256	9,17	27869,62	29,76	stable	None
PdEXPA-11	Podel.06G092900.1.p	Chr6	7.153.750	7.155.737	260	9,41	28168,01	28,33	stable	None
PdEXPA-12	Podel.06G117300.1.p	Chr6	9.482.861	9.484.258	254	9,02	27468,93	30,20	stable	None
PdEXPA-13	Podel.08G071000.1.p	Chr8	4.667.090	4.669.052	258	9,53	27947,76	34,51	stable	None
PdEXPA-14	Podel.08G106000.1.p	Chr8	7.107.726	7.109.902	249	9,45	26448,64	39,54	stable	None
PdEXPA-15	Podel.09G031100.1.p	Chr9	4.039.133	4.041.544	262	9,43	28418,50	42,95	unstable	None
PdEXPA-16	Podel.09G175000.1.p	Chr9	13.342.914	13.344.778	250	8,09	27832,67	40,35	unstable	None
PdEXPA-17	Podel.10G168700.1.p	Chr10	15.920.507	15.922.764	249	9,34	26581,79	36,36	stable	None

EK A.55'in devamı

PdEXPA-18	Podel.10G207300.1.p	Chr10	18.582.468	18.584.182	258	9,62	27886,76	36,60	stable	None
PdEXPA-19	Podel.13G064500.1.p	Chr13	4.734.745	4.736.531	242	9,23	25797,14	31,48	stable	None
PdEXPA-20	Podel.13G195100.1.p	Chr13	17.001.500	17.002.836	221	6,48	23597,66	30,40	stable	None
PdEXPA-21	Podel.16G102300.1.p	Chr16	9.596.903	9.598.209	286	9,58	31602,31	33,51	stable	None
PdEXPA-22	Podel.16G103400.1.p	Chr16	9.774.885	9.776.147	286	8,66	31448,78	28,17	stable	None
PdEXPA-23	Podel.16G140200.1.p	Chr16	14.000.670	14.002.102	254	9,15	27605,19	22,77	stable	None
PdEXPA-24	Podel.17G089000.1.p	Chr17	10.046.871	10.048.448	248	9,38	26962,43	41,41	unstable	None
PdEXPA-25	Podel.17G089000.2.p	Chr17	10.046.871	10.048.448	241	9,38	26068,39	40,79	unstable	None
PdEXPA-26	Podel.17G096700.1.p	Chr17	10.766.349	10.767.648	248	8,07	27439,28	26,51	stable	None
PdEXPA-27	Podel.17G152300.1.p	Chr17	15.257.626	15.259.986	274	8,88	29879,33	33,33	stable	None
PdEXPA-28	Podel.19G059000.1.p	Chr19	8.357.254	8.359.204	223	8,57	23826,12	32,31	stable	None
PdEXPA-29	Podel.T187000.1.p	scaffold-50	54.064	55.326	286	8,66	31423,77	25,80	stable	None
PdEXPA-30	Podel.T123900.1.p	scaffold-297	37.751	38.971	223	9,05	24408,08	29,18	stable	None
PdEXPB-01	Podel.13G143600.1.p	Chr13	15.072.238	15.074.600	251	8,51	27494,51	22,78	stable	None
PdEXPB-02	Podel.14G066700.1.p	Chr14	4.902.910	4.904.586	251	5,67	26620,96	40,88	unstable	None
PdEXPB-03	Podel.19G108000.1.p	Chr19	13.268.807	13.271.583	262	8,51	28696,72	25,15	stable	None
PdEXLA-01	Podel.04G184900.1.p	Chr4	19.481.916	19.484.038	214	7,53	23676,79	37,22	stable	None
PdEXLA-02	Podel.09G147000.1.p	Chr9	11.573.519	11.575.448	280	7,44	30427,72	32,39	stable	None
PdEXLB-01	Podel.01G158400.1.p	Chr1	12.999.030	13.001.044	256	5,02	28024,25	37,45	stable	None
PdEXLB-02	Podel.01G158400.2.p	Chr1	12.999.030	13.001.044	255	5,02	27953,17	39,99	stable	None
PdEXLB-03	Podel.01G163200.1.p	Chr1	13.520.960	13.522.141	255	6,29	27781,83	26,38	stable	None
PdEXLB-04	Podel.03G086800.1.p	Chr3	10.660.513	10.662.136	250	6,8	27664,48	28,80	stable	None
PdEXLB-05	Podel.03G090600.1.p	Chr3	11.015.063	11.016.856	256	4,59	28138,38	30,24	stable	None

EK A.56 *P. equestis*'e ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. equestis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PeqEXPA-01	XP_020598607.1	scaffold	19.427	23.270	258	8,11	28265,38	30,81	stable	XP_020598607.1
PeqEXPA-02	XP_020590408.1	scaffold	31.139	34.447	263	9,24	28087,83	44,79	unstable	XP_020590408.1
PeqEXPA-03	XP_020571641.1	scaffold	45.422	47.710	252	8,13	27116,32	38,81	stable	XP_020571641.1
PeqEXPA-04	XP_020592460.1	scaffold	152.880	154.926	254	9,13	27401,21	38,15	stable	XP_020592460.1
PeqEXPA-05	XP_020576896.1	scaffold	168.538	170.284	256	9,11	27882,63	38,32	stable	XP_020576896.1
PeqEXPA-06	XP_020583030.1	scaffold	181.572	183.433	252	8,93	26955,68	31,12	stable	XP_020583030.1
PeqEXPA-07	XP_020592044.1	scaffold	214.482	216.051	254	5,69	26889,37	33,33	stable	XP_020592044.1
PeqEXPA-08	XP_020579985.1	scaffold	259.920	260.638	257	8,39	28392,16	48,64	unstable	XP_020579985.1
PeqEXPA-09	XP_020581041.1	scaffold	472.563	473.944	291	9,97	32771,13	43,26	unstable	XP_020581041.1
PeqEXPA-10	XP_020593812.1	scaffold	588.178	590.707	210	9,36	22940,06	31,18	stable	XP_020593812.1
PeqEXPA-11	XP_020572179.1	scaffold	842.986	844.816	286	9,27	30772,31	49,89	unstable	XP_020572179.1
PeqEXPA-12	XP_020575602.1	scaffold	1.472.155	1.474.222	249	9,04	26814,22	36,30	stable	XP_020575602.1
PeqEXPB-01	XP_020596892.1	scaffold	3.699	8.391	280	6,4	29300,09	40,85	unstable	XP_020596892.1
PeqEXPB-02	XP_020599294.1	scaffold	24.505	43.203	302	8,33	33361,67	36,47	stable	XP_020599294.1
PeqEXLA-01	XP_020597913.1	scaffold	4.207	6.302	263	8,69	28557,64	39,04	stable	XP_020597913.1
PeqEXLA-02	XP_020574149.1	scaffold	577.038	578.442	184	6,53	20428,09	37,60	stable	XP_020574149.1
PeqEXLA-03	XP_020574186.1	scaffold	615.265	617.470	262	8,69	28512,60	40,42	unstable	XP_020574186.1
PeqEXLB-01	XP_020577846.1	scaffold	395.357	396.519	173	4,23	18768,00	37,12	stable	XP_020577846.1

EK A.57 *P. halli hal*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. halli hal</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PhhEXPA-01	PhHAL.1G108900.1.p	Chr1	7.805.741	7.807.135	273	9,12	28888,81	34,59	stable	PUZ74962.1
PhhEXPA-02	PhHAL.1G109100.1.p	Chr1	7.820.174	7.821.506	268	9,22	28486,45	34,14	stable	PUZ74964.1
PhhEXPA-03	PhHAL.1G109300.1.p	Chr1	7.839.864	7.840.949	268	6,93	28533,41	29,18	stable	PUZ74967.1
PhhEXPA-04	PhHAL.1G109500.1.p	Chr1	7.869.205	7.870.384	213	9,66	23336,64	24,83	stable	PUZ74968.1
PhhEXPA-05	PhHAL.1G111100.1.p	Chr1	8.008.861	8.009.885	269	8,81	28745,43	32,66	stable	PUZ74989.1
PhhEXPA-06	PhHAL.1G373900.1.p	Chr1	53.455.787	53.457.581	291	9,69	30212,88	39,80	stable	PUZ77467.1
PhhEXPA-07	PhHAL.2G365000.1.p	Chr2	50.480.882	50.481.968	266	9,08	28134,99	34,30	stable	PUZ72084.1
PhhEXPA-08	PhHAL.3G230500.1.p	Chr3	13.717.973	13.720.231	248	8,45	25873,87	31,98	stable	None
PhhEXPA-09	PhHAL.3G374300.1.p	Chr3	42.866.659	42.868.225	256	8,71	27749,36	33,55	stable	None
PhhEXPA-10	PhHAL.4G011200.1.p	Chr4	771.607	772.884	265	9,37	28312,04	36,23	stable	PUZ59060.1
PhhEXPA-11	PhHAL.4G081900.1.p	Chr4	5.453.308	5.456.505	260	7,52	27894,75	26,56	stable	PUZ59916.1
PhhEXPA-12	PhHAL.4G366000.1.p	Chr4	50.491.400	50.492.612	278	7,48	29812,40	43,66	unstable	PUZ62534.1
PhhEXPA-13	PhHAL.5G111300.1.p	Chr5	6.125.174	6.127.145	251	7,47	26441,50	34,62	stable	None
PhhEXPA-14	PhHAL.5G416600.1.p	Chr5	51.087.957	51.089.479	245	8,82	25281,14	39,36	stable	PUZ57271.1
PhhEXPA-15	PhHAL.5G438200.1.p	Chr5	52.597.435	52.598.588	250	6,04	26485,52	38,35	stable	PUZ57513.1
PhhEXPA-16	PhHAL.5G438500.1.p	Chr5	52.617.873	52.619.037	257	9,71	27754,55	42,04	unstable	PUZ57516.1
PhhEXPA-17	PhHAL.6G014600.1.p	Chr6	1.114.434	1.115.222	232	8,93	24693,81	30,92	stable	PUZ49885.1

EK A.57'nin devamı

PhhEXPA-18	PhHAL.6G292000.1.p	Chr6	42.490.955	42.492.194	276	8,99	29034,89	31,89	stable	PUZ52718.1
PhhEXPA-19	PhHAL.7G258300.1.p	Chr7	38.473.446	38.476.665	257	8,7	27689,77	37,44	stable	PUZ48603.1
PhhEXPA-20	PhHAL.9G028900.1.p	Chr9	1.670.464	1.674.035	261	9,36	27977,75	43,00	unstable	None
PhhEXPA-21	PhHAL.9G234000.1.p	Chr9	15.651.422	15.653.062	258	9,13	27022,69	39,88	stable	None
PhhEXPA-22	PhHAL.9G234400.1.p	Chr9	15.689.290	15.690.552	257	8,87	27312,98	35,44	stable	None
PhhEXPA-23	PhHAL.9G234500.1.p	Chr9	15.691.451	15.692.761	252	8,31	26257,54	34,95	stable	PUZ38916.1
PhhEXPA-24	PhHAL.9G234600.1.p	Chr9	15.697.658	15.698.825	251	6,68	26635,00	32,55	stable	PUZ38917.1
PhhEXPA-25	PhHAL.9G234700.1.p	Chr9	15.705.395	15.706.648	253	5,66	26838,30	31,43	stable	PUZ38917.1
PhhEXPA-26	PhHAL.9G234800.1.p	Chr9	15.711.369	15.712.228	249	8,06	26306,67	34,89	stable	PUZ38919.1
PhhEXPA-27	PhHAL.9G234900.1.p	Chr9	15.722.820	15.723.693	252	9,03	26596,19	39,93	stable	PUZ38920.1
PhhEXPA-28	PhHAL.9G235000.1.p	Chr9	15.727.836	15.728.688	250	6,03	26037,26	34,26	stable	PUZ38921.1
PhhEXPA-29	PhHAL.9G417800.1.p	Chr9	55.592.320	55.593.426	257	9,38	27611,50	29,96	stable	PUZ40366.1
PhhEXPA-30	PhHAL.9G460400.1.p	Chr9	58.678.162	58.680.653	256	10,2	26798,43	43,47	stable	None
PhhEXPA-31	PhHAL.9G609300.1.p	Chr9	68.243.524	68.244.469	252	5,83	27247,86	33,66	stable	None
PhhEXPA-32	PhHAL.9G609500.1.p	Chr9	68.253.314	68.254.618	249	9,11	26728,30	24,79	stable	None
PhhEXPA-33	PhHAL.9G609600.1.p	Chr9	68.255.854	68.257.258	258	8,92	27054,68	38,86	stable	PUZ42784.1
PhhEXPA-34	PhHAL.9G609900.1.p	Chr9	68.283.133	68.285.778	476	10,07	52125,99	46,71	unstable	PUZ42787.1
PhhEXPB-01	PhHAL.1G315700.1.p	Chr1	49.748.014	49.751.936	269	8	28059,76	33,97	stable	PUZ76750.1
PhhEXPB-02	PhHAL.1G326700.1.p	Chr1	50.408.064	50.409.798	268	8,06	27987,59	39,73	stable	PUZ76900.1
PhhEXPB-03	PhHAL.1G326900.1.p	Chr1	50.413.853	50.415.025	195	8,09	20693,64	34,90	stable	PUZ76902.1
PhhEXPB-04	PhHAL.1G327100.1.p	Chr1	50.439.927	50.441.674	292	8,75	30402,52	36,17	stable	PUZ76906.1
PhhEXPB-05	PhHAL.2G111300.1.p	Chr2	9.490.393	9.492.144	319	9,54	33363,14	39,39	stable	PUZ69472.1

EK A.57'nin devamı

PhhEXPB-06	PhHAL.2G111400.1.p	Chr2	9.509.066	9.510.639	315	9,41	33249,26	40,06	unstable	PUZ69473.1
PhhEXPB-07	PhHAL.3G448000.1.p	Chr3	54.827.503	54.828.309	268	7,47	28738,06	30,43	stable	PUZ67589.1
PhhEXPB-08	PhHAL.3G448100.1.p	Chr3	54.831.700	54.832.506	268	7,47	28679,98	28,18	stable	PUZ67590.1
PhhEXPB-09	PhHAL.3G448200.1.p	Chr3	54.835.479	54.836.285	268	7,47	28742,07	26,90	stable	PUZ67591.1
PhhEXPB-10	PhHAL.7G222200.1.p	Chr7	36.092.261	36.096.611	273	8,92	29043,47	33,66	stable	PUZ48149.1
PhhEXPB-11	PhHAL.7G237500.1.p	Chr7	37.059.313	37.060.512	262	6,39	26899,33	33,45	stable	PUZ48331.1
PhhEXPB-12	PhHAL.7G237600.1.p	Chr7	37.061.151	37.062.276	284	9,73	29433,61	42,76	unstable	PUZ76906.1
PhhEXPB-13	PhHAL.7G237700.1.p	Chr7	37.064.800	37.066.310	264	5,86	27056,48	34,16	stable	PUZ48333.1
PhhEXPB-14	PhHAL.7G237800.1.p	Chr7	37.068.635	37.070.218	293	9,38	30764,73	40,84	unstable	PUZ48334.1
PhhEXPB-15	PhHAL.9G148800.1.p	Chr9	9.044.813	9.049.193	306	5,6	32117,11	35,62	stable	PUZ37805.1
PhhEXPB-16	PhHAL.9G191800.1.p	Chr9	12.153.718	12.155.637	325	6,04	35007,92	34,57	stable	PUZ38382.1
PhhEXPB-17	PhHAL.9G402700.1.p	Chr9	54.336.982	54.340.170	285	7,06	31263,24	26,75	stable	PUZ40167.1
PhhEXPB-18	PhHAL.9G402800.1.p	Chr9	54.348.556	54.350.335	270	6,51	29439,28	30,01	stable	PUZ40169.1
PhhEXPB-19	PhHAL.9G404000.1.p	Chr9	54.463.733	54.465.525	266	5,35	28752,25	32,80	stable	PUZ40178.1
PhhEXPB-20	PhHAL.9G404100.1.p	Chr9	54.470.620	54.472.416	269	5,35	29172,76	33,03	stable	PUZ40179.1
PhhEXPB-21	PhHAL.9G404200.1.p	Chr9	54.481.341	54.483.150	273	8,98	29474,43	42,27	unstable	PUZ40180.1
PhhEXPB-22	PhHAL.9G404300.1.p	Chr9	54.487.885	54.489.496	267	9,68	29235,26	39,63	stable	PUZ40181.1
PhhEXPB-23	PhHAL.9G404500.1.p	Chr9	54.506.660	54.507.967	272	9,21	29240,41	30,95	stable	PUZ40183.1
PhhEXPB-24	PhHAL.9G404700.1.p	Chr9	54.523.445	54.525.019	280	9,34	30510,61	29,31	stable	PUZ40180.1
PhhEXPB-25	PhHAL.9G404900.1.p	Chr9	54.539.202	54.540.956	276	7,59	30288,22	33,05	stable	PUZ40186.1
PhhEXPB-26	PhHAL.9G409700.1.p	Chr9	54.960.211	54.961.545	268	8,77	28894,32	28,08	stable	PUZ40252.1
PhhEXPB-27	PhHAL.9G409800.1.p	Chr9	54.962.837	54.963.866	274	5,84	29337,32	33,76	stable	PUZ40253.1

EK A.57'nin devamı

PhhEXPB-28	PhHAL.9G649000.1.p	Chr9	70.739.146	70.739.952	265	7,95	28871,22	32,53	stable	PUZ43271.1
PhhEXPB-29	PhHAL.9G649100.1.p	Chr9	70.742.837	70.744.123	268	7,95	28813,14	30,57	stable	PUZ43272.1
PhhEXPB-30	PhHAL.9G649200.1.p	Chr9	70.746.150	70.746.956	268	7,47	28785,04	27,61	stable	PUZ43273.1
PhhEXPB-31	PhHAL.9G649300.1.p	Chr9	70.749.868	70.750.674	268	7,49	28854,14	27,45	stable	PUZ43274.1
PhhEXPB-32	PhHAL.9G650600.1.p	Chr9	70.867.471	70.869.586	301	5,73	31984,83	43,87	unstable	PUZ43301.1
PhhEXPB-33	PhHAL.9G650700.1.p	Chr9	70.871.723	70.873.122	273	9,08	29939,87	44,38	unstable	PUZ43302.1
PhhEXLA-01	PhHAL.2G358600.1.p	Chr2	50.096.510	50.099.392	282	9,22	30567,05	36,11	stable	PUZ72004.1
PhhEXLA-02	PhHAL.4G008800.1.p	Chr4	646.830	649.270	289	8,67	30592,89	51,44	unstable	PUZ59027.1
PhhEXLA-03	PhHAL.9G414000.1.p	Chr9	55.288.960	55.291.341	268	8,96	28560,44	38,78	stable	PUZ40326.1
PhhEXLB-01	PhHAL.2G369000.1.p	Chr2	50.743.487	50.746.415	301	5,29	32602,94	38,74	stable	PUZ72138.1

EK A.58 *S. bicolor rio*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. bicolor rio</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SbrEXPA-01	SbRio.01G034500.1.p	chromosome_1	2.847.015	2.851.515	262	9,47	28157,04	44,04	unstable	None
SbrEXPA-02	SbRio.01G252400.1.p	chromosome_1	26.688.342	26.689.532	256	8,41	26947,38	37,29	stable	None
SbrEXPA-03	SbRio.01G252500.1.p	chromosome_1	26.748.027	26.748.968	253	8,04	26989,46	35,05	stable	None
SbrEXPA-04	SbRio.01G252600.1.p	chromosome_1	26.752.808	26.754.242	291	7,96	30917,84	37,70	stable	None
SbrEXPA-05	SbRio.01G252700.1.p	chromosome_1	26.758.855	26.759.715	251	8,81	26612,00	36,17	stable	None
SbrEXPA-06	SbRio.01G252800.1.p	chromosome_1	26.763.898	26.764.659	253	8,79	26515,73	32,25	stable	None
SbrEXPA-07	SbRio.01G337500.1.p	chromosome_1	59.618.031	59.619.257	264	9,14	28374,43	26,19	stable	None
SbrEXPA-08	SbRio.01G380500.1.p	chromosome_1	64.413.280	64.414.337	261	10,2	27445,09	52,28	unstable	None
SbrEXPA-09	SbRio.01G533500.1.p	chromosome_1	77.463.766	77.464.721	249	9,03	26647,03	31,30	stable	None
SbrEXPA-10	SbRio.01G533600.1.p	chromosome_1	77.477.756	77.478.798	254	9,25	27234,62	32,79	stable	None
SbrEXPA-11	SbRio.02G321400.1.p	chromosome_2	80.193.898	80.195.413	273	9,3	29276,12	26,60	stable	None
SbrEXPA-12	SbRio.03G116600.1.p	chromosome_3	10.217.475	10.218.589	254	4,96	26935,01	30,62	stable	None
SbrEXPA-13	SbRio.03G134700.1.p	chromosome_3	11.952.245	11.960.083	244	8,08	25194,12	31,75	stable	None
SbrEXPA-14	SbRio.03G365700.1.p	chromosome_3	67.684.522	67.686.841	252	6,38	26440,47	36,31	stable	None
SbrEXPA-15	SbRio.03G477200.1.p	chromosome_3	75.583.781	75.585.017	281	9,67	30082,35	37,71	stable	None
SbrEXPA-16	SbRio.04G128200.1.p	chromosome_4	13.592.782	13.593.659	256	9,46	27429,41	26,77	stable	None
SbrEXPA-17	SbRio.04G128400.1.p	chromosome_4	13.608.354	13.609.528	270	9,16	28738,81	28,05	stable	None

EK A.58'in devamı

SbrEXPA-18	SbRio.04G128500.1.p	chromosome_4	13.665.673	13.666.629	253	9,13	27139,74	27,00	stable	None
SbrEXPA-19	SbRio.04G129500.1.p	chromosome_4	13.993.768	13.995.074	262	9,22	28228,26	32,16	stable	None
SbrEXPA-20	SbRio.04G129600.1.p	chromosome_4	14.093.137	14.094.531	258	9,13	27784,79	27,78	stable	None
SbrEXPA-21	SbRio.04G254200.1.p	chromosome_4	56.097.314	56.098.955	292	9,43	30350,99	35,59	stable	None
SbrEXPA-22	SbRio.06G034800.1.p	chromosome_6	8.015.281	8.017.006	263	8,63	27951,42	37,00	stable	None
SbrEXPA-23	SbRio.06G209100.1.p	chromosome_6	62.565.532	62.568.611	257	8,53	27832,95	35,72	stable	None
SbrEXPA-24	SbRio.07G018800.1.p	chromosome_7	1.594.549	1.595.785	266	5,63	28408,89	36,31	stable	None
SbrEXPA-25	SbRio.07G021000.1.p	chromosome_7	1.921.458	1.922.444	278	7,47	30053,05	45,58	unstable	None
SbrEXPA-26	SbRio.07G021200.1.p	chromosome_7	1.939.259	1.940.737	260	6,24	28103,82	35,84	stable	None
SbrEXPA-27	SbRio.07G021300.1.p	chromosome_7	1.951.607	1.953.307	259	6,24	27987,69	36,12	stable	None
SbrEXPA-28	SbRio.07G178100.1.p	chromosome_7	64.649.204	64.650.483	287	8,95	30226,22	38,31	stable	None
SbrEXPA-29	SbRio.09G183000.1.p	chromosome_9	53.461.954	53.464.460	248	6,87	25831,78	35,11	stable	None
SbrEXPA-30	SbRio.10G006800.1.p	chromosome_10	476.094	476.989	276	8,51	29254,15	42,92	unstable	None
SbrEXPA-31	SbRio.10G253500.1.p	chromosome_10	52.974.836	52.978.254	261	6,88	28096,86	28,40	stable	None
SbrEXPA-32	SbRio.10G345700.1.p	chromosome_10	60.177.243	60.178.139	270	9,53	28629,26	39,24	stable	None
SbrEXPB-01	SbRio.01G163800.1.p	chromosome_1	13.211.195	13.214.221	325	4,96	34230,69	37,35	stable	None
SbrEXPB-02	SbRio.01G163900.1.p	chromosome_1	13.216.374	13.220.658	306	5,34	32126,19	33,15	stable	None
SbrEXPB-03	SbRio.01G292800.1.p	chromosome_1	52.006.270	52.008.045	266	4,87	28805,24	27,37	stable	None
SbrEXPB-04	SbRio.01G293000.1.p	chromosome_1	52.019.514	52.022.076	314	5,76	34143,59	29,87	stable	None
SbrEXPB-05	SbRio.01G293000.2.p	chromosome_1	52.019.514	52.022.076	308	5,75	33463,73	27,15	stable	None
SbrEXPB-06	SbRio.01G293100.1.p	chromosome_1	52.031.930	52.034.077	276	9,62	29946,98	36,77	stable	None
SbrEXPB-07	SbRio.01G293400.1.p	chromosome_1	52.054.710	52.056.083	269	9,51	28973,21	28,84	stable	None

EK A.58'in devamı

SbrEXPB-08	SbRio.01G293500.1.p	chromosome_1	52.067.432	52.068.874	278	9,56	29996,87	28,48	stable	None
SbrEXPB-09	SbRio.01G293600.1.p	chromosome_1	52.096.772	52.098.298	282	7,02	30885,74	36,84	stable	None
SbrEXPB-10	SbRio.01G324700.1.p	chromosome_1	58.075.577	58.078.125	290	6,99	31852,82	30,22	stable	None
SbrEXPB-11	SbRio.01G324900.1.p	chromosome_1	58.104.948	58.106.743	319	8,68	35069,64	29,86	stable	None
SbrEXPB-12	SbRio.01G325100.1.p	chromosome_1	58.122.552	58.124.479	266	5,35	29126,60	27,95	stable	None
SbrEXPB-13	SbRio.01G327600.1.p	chromosome_1	58.494.919	58.496.003	194	9,04	21483,97	25,47	stable	None
SbrEXPB-14	SbRio.01G327800.1.p	chromosome_1	58.547.276	58.548.754	266	9,15	28755,18	27,77	stable	None
SbrEXPB-15	SbRio.01G327800.2.p	chromosome_1	58.547.276	58.548.754	244	9,24	26411,72	30,93	stable	None
SbrEXPB-16	SbRio.01G327800.3.p	chromosome_1	58.547.276	58.548.754	224	9,16	24366,42	27,59	stable	None
SbrEXPB-17	SbRio.01G576300.1.p	chromosome_1	80.852.615	80.853.893	266	6,88	28714,90	23,87	stable	None
SbrEXPB-18	SbRio.01G576400.1.p	chromosome_1	80.864.846	80.865.701	239	6,44	25786,50	23,48	stable	None
SbrEXPB-19	SbRio.01G576500.1.p	chromosome_1	80.877.847	80.879.076	266	6,88	28646,74	24,47	stable	None
SbrEXPB-20	SbRio.01G576600.1.p	chromosome_1	80.886.125	80.887.421	266	6,88	28619,67	25,32	stable	None
SbrEXPB-21	SbRio.01G576700.1.p	chromosome_1	80.894.623	80.895.929	266	6,44	28672,77	23,90	stable	None
SbrEXPB-22	SbRio.01G579100.1.p	chromosome_1	81.149.524	81.151.315	320	5,97	33849,92	43,27	unstable	None
SbrEXPB-23	SbRio.01G579200.1.p	chromosome_1	81.164.078	81.165.675	297	9,3	32572,85	37,11	stable	None
SbrEXPB-24	SbRio.01G579200.2.p	chromosome_1	81.164.078	81.165.675	273	9,04	29865,78	34,76	stable	None
SbrEXPB-25	SbRio.02G130700.1.p	chromosome_2	18.922.189	18.923.693	307	9,44	31962,64	37,42	stable	None
SbrEXPB-26	SbRio.02G130900.1.p	chromosome_2	18.958.278	18.959.676	312	9,55	33031,05	40,49	unstable	None
SbrEXPB-27	SbRio.04G203800.1.p	chromosome_4	51.562.742	51.564.335	318	6,49	34624,41	34,88	stable	None
SbrEXPB-28	SbRio.04G242800.1.p	chromosome_4	55.146.901	55.151.788	273	8,08	28582,20	28,92	stable	None
SbrEXPB-29	SbRio.04G313800.1.p	chromosome_4	60.928.436	60.930.339	295	8,84	30770,99	37,14	stable	None

EK A.58'in devamı

SbrEXPB-30	SbRio.04G313900.1.p	chromosome_4	60.948.344	60.950.007	294	8,82	30732,04	41,96	unstable	None
SbrEXPB-31	SbRio.04G314000.1.p	chromosome_4	60.958.337	60.961.053	264	7,49	27378,97	39,34	stable	None
SbrEXPB-32	SbRio.06G172400.1.p	chromosome_6	59.453.238	59.459.071	274	9,14	29241,61	26,79	stable	None
SbrEXPB-33	SbRio.06G187200.1.p	chromosome_6	60.713.255	60.714.855	288	9,87	30560,90	33,88	stable	None
SbrEXPB-34	SbRio.06G187300.1.p	chromosome_6	60.717.544	60.719.156	263	7,5	26909,39	29,20	stable	None
SbrEXPB-35	SbRio.06G187400.1.p	chromosome_6	60.722.668	60.724.335	291	9,6	30693,60	37,60	stable	None
SbrEXPB-36	SbRio.10G147900.1.p	chromosome_10	14.664.835	14.666.170	259	7,45	26903,23	37,44	stable	None
SbrEXPB-37	SbRio.10G150200.1.p	chromosome_10	15.191.590	15.193.054	259	6,79	26757,94	36,93	stable	None
SbrEXLA-01	SbRio.01G333700.1.p	chromosome_1	59.161.395	59.164.369	282	9,04	30080,19	41,17	unstable	None
SbrEXLA-02	SbRio.01G551600.1.p	chromosome_1	78.852.741	78.855.131	270	9,03	29183,40	32,85	stable	None
SbrEXLA-03	SbRio.02G315700.1.p	chromosome_2	79.738.186	79.741.032	274	8,83	29188,47	28,90	stable	None
SbrEXLA-04	SbRio.10G348400.1.p	chromosome_10	60.365.110	60.367.424	461	9,39	49316,62	64,80	unstable	None

EK A.59 *C. rubella*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>C. rubella</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
CrEXPA-01	Carub.0001s0136.1.p	scaffold-1	480.934	482.004	218	9,3	23821,93	27,35	stable	EOA38924.1
CrEXPA-02	Carub.0001s1225.1.p	scaffold-1	4.371.371	4.372.379	263	9,33	28982,80	25,37	stable	XP_006303220.1
CrEXPA-03	Carub.0001s1972.1.p	scaffold-1	7.036.790	7.038.143	252	8,9	26779,23	33,44	stable	XP_006305548.1
CrEXPA-04	Carub.0001s2424.1.p	scaffold-1	8.726.343	8.727.861	254	9,45	26754,94	32,66	stable	EOA38370.1
CrEXPA-05	Carub.0002s0203.1.p	scaffold-2	839.339	840.665	257	9,38	27981,77	35,89	stable	XP_006301544.1
CrEXPA-06	Carub.0002s1618.1.p	scaffold-2	9.560.108	9.561.730	250	9,18	26556,91	33,90	stable	XP_006302737.1
CrEXPA-07	Carub.0003s0237.1.p	scaffold-3	763.148	765.040	266	8,4	29042,81	42,71	unstable	XP_006296727.1
CrEXPA-08	Carub.0003s1509.1.p	scaffold-3	5.305.519	5.306.518	252	10,49	27747,73	42,55	unstable	XP_006298390.1
CrEXPA-09	Carub.0004s0994.1.p	scaffold-4	7.035.940	7.038.086	256	9,73	27757,60	42,10	unstable	XP_006294844.1
CrEXPA-10	Carub.0004s1957.1.p	scaffold-4	10.827.292	10.829.299	262	9,33	28174,89	29,54	stable	XP_006294816.1
CrEXPA-11	Carub.0004s2174.1.p	scaffold-4	11.646.083	11.647.799	257	9,76	27874,67	32,08	stable	XP_006294843.1
CrEXPA-12	Carub.0004s2290.1.p	scaffold-4	12.097.066	12.098.046	258	7,55	27605,67	36,69	stable	XP_006296492.1
CrEXPA-13	Carub.0005s0193.1.p	scaffold-5	749.685	751.381	253	9,4	27102,79	36,26	stable	EOA24555.1
CrEXPA-14	Carub.0005s0762.1.p	scaffold-5	3.284.375	3.286.287	258	9,2	27918,62	36,65	stable	XP_006291705.1
CrEXPA-15	Carub.0005s2222.1.p	scaffold-5	10.792.676	10.793.718	260	9,57	27907,82	32,57	stable	XP_006291698.1
CrEXPA-16	Carub.0006s0110.1.p	scaffold-6	409.790	413.278	258	9,61	27678,58	21,67	stable	XP_006288496.1
CrEXPA-17	Carub.0006s0422.1.p	scaffold-6	1.550.056	1.551.010	255	5,05	27623,91	33,24	stable	XP_006289507.1
CrEXPA-18	Carub.0006s1372.1.p	scaffold-6	5.104.822	5.105.994	262	8,72	28672,76	22,62	stable	XP_006289401.1

EK A.59'un devamı

CrEXPA-19	Carub.0006s3557.1.p	scaffold-6	15.979.181	15.980.045	251	9,79	27308,29	32,07	stable	XP_006289321.1
CrEXPA-20	Carub.0007s0010.1.p	scaffold-7	39.307	40.668	255	8,69	27722,47	42,39	unstable	XP_006284385.1
CrEXPA-21	Carub.0007s3662.1.p	scaffold-7	16.817.931	16.819.220	317	9,59	35442,07	20,63	stable	XP_006284933.2
CrEXPA-22	Carub.0007s3663.1.p	scaffold-7	16.820.652	16.822.026	267	8,54	29742,10	21,25	stable	XP_006285777.2
CrEXPA-23	Carub.0007s3664.1.p	scaffold-7	16.823.916	16.824.998	270	8,61	29862,43	22,11	stable	XP_006286196.2
CrEXPA-24	Carub.0007s3666.1.p	scaffold-7	16.831.288	16.832.401	262	8,91	28593,72	26,42	stable	XP_006282866.2
CrEXPA-25	Carub.0008s0787.1.p	scaffold-8	5.277.521	5.278.771	264	9,4	29329,07	26,64	stable	XP_006282225.1
CrEXPA-26	Carub.0008s1664.1.p	scaffold-8	8.907.546	8.909.574	317	9,49	34218,02	28,89	stable	XP_023639883.1
CrEXPB-01	Carub.0003s3532.1.p	scaffold-3	14.937.045	14.938.797	271	9,47	29167,66	44,09	unstable	XP_006298316.1
CrEXPB-02	Carub.0004s2768.1.p	scaffold-4	13.820.721	13.821.531	177	4,87	18732,15	45,15	unstable	EOA28401.1
CrEXPB-03	Carub.0004s2769.1.p	scaffold-4	13.822.714	13.823.825	275	5,26	29191,16	33,61	stable	XP_006296505.1
CrEXPB-04	Carub.0004s2770.1.p	scaffold-4	13.825.873	13.827.212	260	8,31	27537,34	37,43	stable	XP_006295829.1
CrEXPB-05	Carub.0005s2729.1.p	scaffold-5	12.675.096	12.676.281	264	9,58	28424,05	41,24	unstable	XP_023639069.1
CrEXPB-06	Carub.0007s1251.1.p	scaffold-7	4.766.512	4.768.482	264	9,24	28396,74	36,18	stable	XP_006284345.1
CrEXLA-01	Carub.0005s0808.1.p	scaffold-5	3.582.698	3.584.296	258	7,56	28504,49	22,32	stable	XP_006292680.2
CrEXLA-02	Carub.0005s1180.1.p	scaffold-5	6.874.488	6.875.238	170	9,19	19273,08	29,41	stable	XP_006290296.1
CrEXLA-03	Carub.0005s1181.1.p	scaffold-5	6.875.983	6.876.967	263	9,32	28589,77	35,33	stable	XP_006292201.1
CrEXLA-04	Carub.0005s1182.1.p	scaffold-5	6.887.991	6.889.155	265	8,76	28570,67	36,94	stable	XP_006291686.1
CrEXLA-05	Carub.0007s0029.1.p	scaffold-7	98.499	99.776	263	8,29	28195,25	42,27	unstable	XP_006284347.1
CrEXLB-01	Carub.0007s2439.1.p	scaffold-7	9.264.282	9.265.575	250	6,37	27801,64	35,48	stable	XP_006284415.1

EK A.60 *N. sylvestris*'e ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>N. sylvestris</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
NsEXPA-01	XP_009779477.1	scaffold	3.723	6.753	257	9,12	27450,04	26,30	stable	XP_009779477.1
NsEXPA-02	XP_009767600.1	scaffold	5.837	9.786	248	6,38	26406,66	29,18	stable	XP_009767600.1
NsEXPA-03	XP_009801593.1	scaffold	5.950	9.415	256	9	27754,28	25,06	stable	XP_009801593.1
NsEXPA-04	XP_009780854.1	scaffold	6.190	8.814	253	8,4	27093,14	32,48	stable	XP_009780854.1
NsEXPA-05	XP_009770971.1	scaffold	6.677	12.671	259	8,56	28327,13	28,28	stable	XP_009770971.1
NsEXPA-06	XP_009768238.1	scaffold	7.217	10.431	257	9,55	27856,76	35,24	stable	XP_009768238.1
NsEXPA-07	XP_009794018.1	scaffold	7.280	10.347	249	9,22	26637,94	30,23	stable	XP_009794018.1
NsEXPA-08	XP_009800062.1	scaffold	12.094	14.125	261	8,32	28787,78	24,57	stable	XP_009800062.1
NsEXPA-09	XP_009789308.1	scaffold	16.347	19.253	257	9,49	27814,66	30,21	stable	XP_009789308.1
NsEXPA-10	XP_009760108.1	scaffold	17.233	22.129	266	8,6	28844,79	37,47	stable	XP_009760108.1
NsEXPA-11	XP_009776279.1	scaffold	17.299	38.014	254	7,54	27341,38	33,85	stable	XP_009776279.1
NsEXPA-12	XP_009776281.1	scaffold	17.299	38.014	206	8,12	22152,58	30,47	stable	XP_009776281.1
NsEXPA-13	XP_009765412.1	scaffold	18.155	26.482	249	9,05	26609,77	31,24	stable	XP_009765412.1
NsEXPA-14	XP_009776122.1	scaffold	18.307	20.134	264	9,37	29126,54	26,79	stable	XP_009776122.1
NsEXPA-15	XP_009757427.1	scaffold	22.785	25.652	261	9,67	28419,47	27,27	stable	XP_009757427.1
NsEXPA-16	XP_009760985.1	scaffold	28.802	31.438	240	9,6	26167,56	35,22	stable	XP_009760985.1
NsEXPA-17	XP_009772489.1	scaffold	30.584	33.978	257	9,23	27942,79	21,97	stable	XP_009772489.1

EK A.60'ın devamı

NsEXPA-18	XP_009800063.1	scaffold	32.797	34.537	260	9,06	28831,82	23,76	stable	XP_009800063.1
NsEXPA-19	XP_009762738.1	scaffold	34.903	39.254	263	9,01	28631,14	35,06	stable	XP_009762738.1
NsEXPA-20	XP_009787901.1	scaffold	39.004	44.861	293	9,09	32016,63	25,75	stable	XP_009787901.1
NsEXPA-21	XP_009804397.1	scaffold	43.805	47.648	266	8,35	28450,84	29,44	stable	XP_009804397.1
NsEXPA-22	XP_009776167.1	scaffold	53.581	56.424	266	8,86	29082,93	20,25	stable	XP_009776167.1
NsEXPA-23	XP_009776123.1	scaffold	57.516	59.305	264	9,43	29273,59	26,30	stable	XP_009776123.1
NsEXPA-24	XP_009800065.1	scaffold	63.316	65.028	261	8,48	28790,87	24,1	stable	XP_009800065.1
NsEXPA-25	XP_009788740.1	scaffold	64.197	69.340	259	9,33	27890,03	16,39	stable	XP_009788740.1
NsEXPA-26	XP_009789307.1	scaffold	81.899	84.020	257	9,44	27970,72	36,97	stable	XP_009789307.1
NsEXPA-27	XP_009761115.1	scaffold	177.107	180.912	260	9,43	28527,71	29,78	stable	XP_009761115.1
NsEXPA-28	XP_009789502.1	scaffold	187.663	190.947	254	9,73	28530,80	52,36	unstable	XP_009789502.1
NsEXPB-01	XP_009782073.1	scaffold	7.074	8.695	258	7,49	27167,73	30,52	stable	XP_009782073.1
NsEXPB-02	XP_009780864.1	scaffold	10.726	13.521	190	5,24	20441,93	30,73	stable	XP_009780864.1
NsEXPB-03	XP_009786643.1	scaffold	21.250	22.808	258	7,46	27162,67	32,49	stable	XP_009786643.1
NsEXPB-04	XP_009792658.1	scaffold	34.854	40.460	233	7,65	25616,04	30,60	stable	XP_009792658.1
NsEXPB-05	XP_009763854.1	scaffold	35.673	42.790	268	9,69	29036,31	41,09	unstable	XP_009763854.1
NsEXPB-06	XP_009784253.1	scaffold	47.951	49.895	266	4,95	28693,05	42,86	unstable	XP_009784253.1
NsEXPB-07	XP_009776226.1	scaffold	78.704	80.638	261	5,09	28048,53	37,57	stable	XP_009776226.1
NsEXPB-08	XP_009762995.1	scaffold	79.459	82.363	278	8,75	29902,01	44,07	unstable	XP_009762995.1
NsEXPB-09	XP_009791512.1	scaffold	128.050	130.432	273	6,86	28912,67	33,09	stable	XP_009791512.1
NsEXPB-10	XP_009775666.1	scaffold	139.711	144.473	268	8,51	29025,96	37,11	stable	XP_009775666.1
NsEXLA-01	XP_009797268.1	scaffold	37.763	40.741	264	9,11	28751,80	38,26	stable	XP_009797268.1

EK A.60’ın devamı

NsEXLA-02	XP_009768114.1	scaffold	69.539	73.257	263	8,27	28442,44	34,17	stable	XP_009768114.1
NsEXLB-01	XP_009785593.1	scaffold	20.995	23.440	307	7,52	34170,85	30,52	stable	XP_009785593.1
NsEXLB-02	XP_009804317.1	scaffold	60.959	63.149	255	4,77	27799,07	35,13	stable	XP_009804317.1
NsEXLB-03	XP_009801873.1	scaffold	63.748	67.600	252	5,97	28116,09	19,30	stable	XP_009801873.1
NsEXLB-04	XP_009774408.1	scaffold	267.702	270.679	273	4,82	29196,27	40,16	unstable	XP_009774408.1
NsEXLB-05	XP_009792536.1	scaffold	278.308	281.545	251	4,73	27350,64	30,45	stable	XP_009792536.1

EK A.61 *N. tomentosoformis*'e ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>N. tomentosoformis</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
NtmEXPA-01	XP_009609692.2	scaffold	189	1.493	208	8,77	22908,11	25,02	stable	XP_009609692.2
NtmEXPA-02	XP_009629442.1	scaffold	336	10.096	249	9,17	26600,82	30,79	stable	XP_009629442.1
NtmEXPA-03	XP_009625406.1	scaffold	927	4.007	248	8,55	26440,83	31,46	stable	XP_009625406.1
NtmEXPA-04	XP_009594696.1	scaffold	4.602	7.153	257	9,07	27544,18	27,86	stable	XP_009594696.1
NtmEXPA-05	XP_009589509.1	scaffold	5.292	7.683	240	9,5	26168,55	37,18	stable	XP_009589509.1
NtmEXPA-06	XP_009619444.1	scaffold	9.227	11.100	257	9,58	27804,62	34,17	stable	XP_009619444.1
NtmEXPA-07	XP_009615126.1	scaffold	10.195	11.991	264	9,36	29230,63	25,51	stable	XP_009615126.1
NtmEXPA-08	XP_009591327.1	scaffold	10.378	15.799	259	8,72	28334,16	31,04	stable	XP_009591327.1
NtmEXPA-09	XP_009607404.1	scaffold	10.670	13.334	263	8,9	28550,12	33,91	stable	XP_009607404.1
NtmEXPA-10	XP_009593802.3	scaffold	19.496	21.983	249	9,22	26587,92	30,23	stable	XP_009593802.3
NtmEXPA-11	XP_009631918.1	scaffold	19.648	26.018	265	9,19	28313,79	27,60	stable	XP_009631918.1
NtmEXPA-12	XP_009614162.1	scaffold	22.467	25.732	266	8,96	29174,00	19,92	stable	XP_009614162.1
NtmEXPA-13	XP_009597793.1	scaffold	23.037	25.219	260	9,48	28345,34	33,86	stable	XP_009597793.1
NtmEXPA-14	XP_009594513.1	scaffold	23.927	26.723	253	8,62	27082,24	29,17	stable	XP_009594513.1
NtmEXPA-15	XP_009587747.1	scaffold	25.925	29.778	259	9,4	27964,20	17,70	stable	XP_009587747.1
NtmEXPA-16	XP_009612177.1	scaffold	28.886	33.828	266	8,09	28919,72	38,45	stable	XP_009612177.1
NtmEXPA-17	XP_009613959.1	scaffold	29.349	32.865	260	9,5	28521,79	34,24	stable	XP_009613959.1

EK A.61'in devamı

NtmEXPA-18	XP_009601949.1	scaffold	38.003	41.306	256	9,05	27687,18	25,11	stable	XP_009601949.1
NtmEXPA-19	XP_009626498.1	scaffold	41.387	43.214	264	9,36	29274,68	25,08	stable	XP_009626498.1
NtmEXPA-20	XP_033515735.1	scaffold	42.754	44.396	114	9,75	13067,04	40,17	unstable	XP_033515735.1
NtmEXPA-21	XP_009618705.1	scaffold	59.844	63.068	248	6,56	26596,92	28,84	stable	XP_009618705.1
NtmEXPA-22	XP_009607348.1	scaffold	63.430	68.740	293	9,27	32031,72	22,37	stable	XP_009607348.1
NtmEXPA-23	XP_009619445.1	scaffold	74.814	80.381	296	9,81	32432,04	42,00	unstable	XP_009619445.1
NtmEXPA-24	XP_009619446.1	scaffold	74.814	80.381	257	9,53	27916,67	36,18	stable	XP_009619446.1
NtmEXPA-25	XP_009610453.1	scaffold	92.272	95.454	257	9,23	27935,75	19,09	stable	XP_009610453.1
NtmEXPA-26	XP_009595572.1	scaffold	109.333	112.466	254	9,88	28613,86	52,07	unstable	XP_009595572.1
NtmEXPA-27	XP_009622932.1	scaffold	191.221	193.74	254	7,54	27383,42	33,56	stable	XP_009622932.1
NtmEXPB-01	XP_009624764.1	scaffold	710	7.082	269	9,74	29206,56	35,25	stable	XP_009624764.1
NtmEXPB-02	XP_009593948.2	scaffold	8.005	10.406	308	7,13	32672,92	34,96	stable	XP_009593948.2
NtmEXPB-03	XP_018625696.2	scaffold	23.060	35.285	299	4,72	32683,42	38,91	stable	XP_018625696.2
NtmEXPB-04	XP_033509441.1	scaffold	36.677	40.313	261	9,69	28446,49	30,77	stable	XP_033509441.1
NtmEXPB-05	XP_009613842.1	scaffold	77.624	80.791	273	4,63	29296,32	40,49	unstable	XP_009613842.1
NtmEXPB-06	XP_009591234.1	scaffold	95.986	101.076	268	8,51	29022,01	38,29	stable	XP_009591234.1
NtmEXLA-01	XP_009594036.1	scaffold	25.581	30.395	263	8,84	28616,52	39,47	stable	XP_009594036.1
NtmEXLA-02	XP_009606813.1	scaffold	61.826	64.548	266	8,62	28980,08	38,05	stable	XP_009606813.1
NtmEXLB-01	XP_009626892.1	scaffold	9.136	12.602	248	7,97	27098,02	21,17	stable	XP_009626892.1
NtmEXLB-02	XP_009596665.1	scaffold	36.111	38.326	255	4,96	27751,16	33,11	stable	XP_009596665.1
NtmEXLB-03	XP_009608881.1	scaffold	41.559	45.009	254	5,96	28385,40	18,41	stable	XP_009608881.1
NtmEXLB-04	XP_009628233.1	scaffold	75.333	79.079	271	4,91	29859,74	30,80	stable	XP_009628233.1

EK A.62 *P. patens*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. patens</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PpEXPA-01	Pp3c3_16280V3.1.p	Chr3	11.436.542	11.438.886	255	9,87	27683,93	38,50	stable	XP_024370862.1
PpEXPA-02	Pp3c3_37280V3.1.p	Chr3	24.972.099	24.974.078	258	6,7	27396,64	33,86	stable	XP_024369733.1
PpEXPA-03	Pp3c7_12810V3.1.p	Chr7	8.674.341	8.676.137	255	9,91	27970,27	43,64	unstable	XP_024381464.1
PpEXPA-04	Pp3c7_12810V3.2.p	Chr7	8.674.341	8.676.137	275	10,18	30150,93	48,07	unstable	XP_024381464.1
PpEXPA-05	Pp3c7_12870V3.1.p	Chr7	8.724.647	8.726.078	256	9,16	27585,68	39,92	stable	XP_024380035.1
PpEXPA-06	Pp3c7_12940V3.1.p	Chr7	8.846.260	8.849.088	274	9,5	29915,61	44,13	unstable	XP_024380581.1
PpEXPA-07	Pp3c7_25260V3.1.p	Chr7	17.045.073	17.046.258	212	10,01	23221,57	50,15	unstable	PNR51661.1
PpEXPA-08	Pp3c7_25260V3.2.p	Chr7	17.045.073	17.046.258	228	10,18	25146,70	52,29	unstable	PNR51661.1
PpEXPA-09	Pp3c8_870V3.1.p	Chr8	414.688	418.419	708	4,14	73950,16	44,36	unstable	XP_024382985.1
PpEXPA-10	Pp3c8_870V3.2.p	Chr8	414.688	418.419	735	4,21	77139,08	43,91	unstable	XP_024382984.1
PpEXPA-11	Pp3c8_1320V3.1.p	Chr8	678.028	680.162	257	7,49	27431,02	33,69	stable	XP_024382176.1
PpEXPA-12	Pp3c8_13450V3.1.p	Chr8	8.694.012	8.696.181	248	9,89	27111,27	34,45	stable	XP_024382010.1
PpEXPA-13	Pp3c8_13450V3.2.p	Chr8	8.694.012	8.696.181	269	9,76	29511,05	35,65	stable	XP_024381972.1
PpEXPA-14	Pp3c8_13470V3.3.p	Chr8	8.699.689	8.702.014	290	9,91	31544,31	32,56	stable	XP_024381972.1
PpEXPA-15	Pp3c8_14900V3.1.p	Chr8	9.701.907	9.704.893	252	10,05	27146,19	36,63	stable	XP_024382063.1
PpEXPA-16	Pp3c8_15200V3.1.p	Chr8	10.007.662	10.010.516	256	9,5	27702,56	37,20	stable	XP_024382132.1
PpEXPA-17	Pp3c8_15200V3.3.p	Chr8	10.007.662	10.010.516	288	9,24	31344,76	38,80	stable	XP_024382132.1

EK A.62 'nin devamı

PpEXPA-18	Pp3c11_12000V3.1.p	Chr11	7.792.123	7.794.136	262	9,58	28015,35	38,77	stable	XP_024388287.1
PpEXPA-19	Pp3c11_12000V3.2.p	Chr11	7.792.123	7.794.136	318	9,12	34057,04	40,54	unstable	XP_024388287.1
PpEXPA-20	Pp3c12_4560V3.1.p	Chr12	3.275.317	3.277.508	255	6,03	26795,11	28,71	stable	XP_024390438.1
PpEXPA-21	Pp3c13_8440V3.1.p	Chr13	5.618.874	5.622.902	263	9,47	28420,35	22,73	stable	XP_024392378.1
PpEXPA-22	Pp3c13_20360V3.1.p	Chr13	14.311.265	14.313.155	262	8,1	27717,32	24,35	stable	XP_024392177.1
PpEXPA-23	Pp3c14_18030V3.1.p	Chr14	11.965.550	11.966.867	261	9,75	28485,94	31,69	stable	XP_024394040.1
PpEXPA-24	Pp3c14_18440V3.1.p	Chr14	12.252.756	12.254.538	261	9,83	28229,55	30,77	stable	XP_024393822.1
PpEXPA-25	Pp3c14_18440V3.3.p	Chr14	12.252.756	12.254.538	252	9,77	27352,57	31,38	stable	XP_024393822.1
PpEXPA-26	Pp3c14_18510V3.1.p	Chr14	12.262.438	12.263.727	252	9,77	27292,45	31,53	stable	XP_024393926.1
PpEXPA-27	Pp3c14_18510V3.2.p	Chr14	12.262.438	12.263.727	261	9,83	28211,52	31,23	stable	XP_024393926.1
PpEXPA-28	Pp3c14_18590V3.1.p	Chr14	12.439.215	12.440.893	261	9,83	28321,69	29,48	stable	XP_024393799.1
PpEXPA-29	Pp3c18_19660V3.1.p	Chr18	13.965.590	13.968.229	256	6,93	27000,69	21,85	stable	XP_024401682.1
PpEXPA-30	Pp3c18_19690V3.1.p	Chr18	13.972.298	13.977.304	261	9,8	28369,60	32,87	stable	XP_024401935.1
PpEXPA-31	Pp3c18_19720V3.1.p	Chr18	13.986.070	13.988.541	253	8,36	26299,59	26,02	stable	XP_024401699.1
PpEXPA-32	Pp3c20_5780V3.1.p	Chr20	3.549.448	3.552.027	250	6,17	26581,91	46,24	unstable	XP_024357875.1
PpEXPA-33	Pp3c20_5780V3.2.p	Chr20	3.549.448	3.552.027	286	6,48	30694,99	46,27	unstable	XP_024357875.1
PpEXPA-34	Pp3c21_1850V3.1.p	Chr21	1.212.541	1.214.849	253	8,63	26350,58	24,29	stable	XP_024359036.1
PpEXPA-35	Pp3c21_1890V3.1.p	Chr21	1.231.558	1.233.452	259	9,01	27825,58	26,01	stable	XP_024358974.1
PpEXPA-36	Pp3c21_1940V3.1.p	Chr21	1.250.661	1.254.179	251	8,1	26746,35	24,70	stable	XP_024359790.1
PpEXPA-37	Pp3c22_760V3.1.p	Chr22	566.462	569.299	268	8,8	28320,00	25,49	stable	XP_024360245.1
PpEXPA-38	Pp3c22_3550V3.1.p	Chr22	2.293.550	2.295.747	256	9,25	27373,09	34,49	stable	XP_024360478.1
PpEXPA-39	Pp3c24_9250V3.1.p	Chr24	6.377.080	6.378.441	211	11,53	23512,53	53,02	unstable	PNR28241.1

EK A.62 ‘nin devamı

PpEXPA-40	Pp3c24_9250V3.2.p	Chr24	6.377.080	6.378.441	202	10,89	22312,94	51,47	unstable	PNR28241.1
PpEXPA-41	Pp3c24_15400V3.1.p	Chr24	10.147.407	10.149.750	251	8,07	26838,56	36,11	stable	XP_024363555.1
PpEXPA-42	Pp3c24_15400V3.2.p	Chr24	10.147.407	10.149.750	262	8	28128,15	35,35	stable	XP_024363554.1
PpEXPA-43	Pp3c24_15400V3.3.p	Chr24	10.147.407	10.149.750	272	8,96	29630,82	44,46	unstable	XP_024363554.1
PpEXPB-01	Pp3c1_37980V3.1.p	Chr1	26.361.817	26.363.694	262	8,1	27717,32	24,35	stable	XP_024392177.1
PpEXPB-02	Pp3c2_3390V3.1.p	Chr2	2.168.089	2.169.432	274	9,27	30203,90	22,1	stable	PNR59357.1
PpEXPB-03	Pp3c17_12970V3.1.p	Chr17	9.178.518	9.180.264	265	5,33	27859,60	34,31	stable	XP_024400396.1
PpEXPB-04	Pp3c17_12980V3.1.p	Chr17	9.182.555	9.183.918	268	5,11	28674,66	40,22	unstable	XP_024400455.1
PpEXPB-05	Pp3c22_630V3.1.p	Chr22	474.093	475.773	268	5,18	29008,70	23,47	stable	XP_024360390.1
PpEXPB-06	Pp3c22_17770V3.1.p	Chr22	11.412.705	11.414.985	270	4,91	29053,79	37,55	stable	XP_024360429.1
PpEXPB-07	Pp3c22_17770V3.3.p	Chr22	11.412.705	11.414.985	204	4,79	21643,41	40,16	unstable	XP_024360429.1

EK A.63 *P. persica*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. persica</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PrpEXPA-01	Prupe.1G276700.1.p	Pp01	28.184.036	28.186.173	252	9,33	26742,10	36,37	stable	XP_007226005.1
PrpEXPA-02	Prupe.1G360700.1.p	Pp01	33.252.341	33.253.970	257	9,14	27775,43	31,59	stable	XP_007223681.1
PrpEXPA-03	Prupe.1G516600.1.p	Pp01	42.489.505	42.490.485	253	9,1	28134,07	30,65	stable	XP_007226739.2
PrpEXPA-04	Prupe.1G516700.1.p	Pp01	42.493.625	42.494.638	262	9,18	29345,54	31,07	stable	XP_007227192.1
PrpEXPA-05	Prupe.2G121800.1.p	Pp02	17.896.150	17.897.099	260	8,59	28742,82	15,87	stable	XP_007220880.1
PrpEXPA-06	Prupe.2G237000.1.p	Pp02	25.821.592	25.823.533	259	9,41	27831,69	32,63	stable	XP_007218834.1
PrpEXPA-07	Prupe.2G263600.1.p	Pp02	27.148.380	27.150.400	252	9,62	26742,81	31,32	stable	XP_007218849.1
PrpEXPA-08	Prupe.3G014800.1.p	Pp03	1.053.856	1.056.980	265	8,6	28668,92	34,51	stable	XP_007215822.1
PrpEXPA-09	Prupe.3G256600.1.p	Pp03	24.463.403	24.464.337	259	8,89	28511,66	20,87	stable	XP_007217852.1
PrpEXPA-10	Prupe.3G265800.1.p	Pp03	24.933.871	24.936.121	241	9,32	26118,36	41,54	unstable	XP_007215892.1
PrpEXPA-11	Prupe.3G265800.3.p	Pp03	24.933.871	24.936.121	224	9,3	24689,11	41,35	unstable	ONI19225.1
PrpEXPA-12	Prupe.4G183400.1.p	Pp04	10.861.180	10.863.415	265	9,83	29105,16	46,75	unstable	XP_007212479.1
PrpEXPA-13	Prupe.5G087100.1.p	Pp05	9.840.383	9.841.932	263	9,39	28991,07	34,89	stable	XP_007211248.1
PrpEXPA-14	Prupe.5G195200.1.p	Pp05	15.841.790	15.843.588	249	9,08	26217,47	26,91	stable	XP_007209512.1
PrpEXPA-15	Prupe.6G042000.1.p	Pp06	3.098.658	3.100.528	254	8,43	27267,44	32,60	stable	XP_007205762.1
PrpEXPA-16	Prupe.6G075100.1.p	Pp06	5.154.970	5.158.223	260	9,58	28019,86	33,98	stable	XP_007205740.1
PrpEXPA-17	Prupe.6G256500.1.p	Pp06	24.927.303	24.929.312	258	8,59	27955,70	29,41	stable	XP_007205748.1
PrpEXPA-18	Prupe.6G292300.1.p	Pp06	26.924.639	26.926.976	257	8,92	27509,17	34,98	stable	XP_007205756.1

EK A.63'ün devamı

PrpEXPA-19	Prupe.7G124900.1.p	Pp07	14.696.830	14.698.736	266	8,84	29497,64	26,54	stable	XP_007203396.1
PrpEXPA-20	Prupe.7G125000.1.p	Pp07	14.700.445	14.702.517	288	8,57	31555,05	35,27	stable	XP_007202404.1
PrpEXPA-21	Prupe.8G182000.1.p	Pp08	18.177.541	18.180.101	259	8,28	28571,62	41,08	unstable	XP_007200593.1
PrpEXPB-01	Prupe.2G136500.1.p	Pp02	19.413.038	19.414.571	272	4,72	28524,91	43,71	unstable	XP_007220864.2
PrpEXPB-02	Prupe.2G274400.1.p	Pp02	27.667.659	27.669.298	277	6,58	29547,49	39,29	stable	XP_007218794.1
PrpEXPB-03	Prupe.3G155600.1.p	Pp03	17.378.279	17.380.733	266	8,83	28583,70	28,70	stable	XP_007215818.1
PrpEXLA-01	Prupe.8G174500.1.p	Pp08	17.730.970	17.732.931	261	8,84	28216,23	37,14	stable	XP_007201894.1
PrpEXLB-01	Prupe.5G047300.1.p	Pp05	5.024.093	5.026.144	255	4,69	27697,90	35,42	stable	XP_007211070.1
PrpEXLB-02	Prupe.5G047300.2.p	Pp05	5.024.093	5.026.144	254	4,69	27614,77	36,61	stable	XP_020420550.1
PrpEXLB-03	Prupe.5G057900.1.p	Pp05	6.263.458	6.265.439	252	7,46	27982,57	31,66	stable	XP_007209504.1

EK A.64 *S. pennellii*'ye ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. pennellii</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SpnEXPA-01	XP_027771121.1	Chr1	6.728.668	6.734.114	190	9,45	20509,51	24,57	stable	XP_027771121.1
SpnEXPA-02	XP_015085396.1	Chr1	6.740.204	6.747.334	241	9,49	26014,57	24,1	stable	XP_015085396.1
SpnEXPA-03	XP_015066660.1	Chr2	48.965.161	48.968.875	264	8,6	28712,55	33,28	stable	XP_015066660.1
SpnEXPA-04	XP_015067000.1	Chr2	54.465.955	54.467.895	239	9,34	25620,00	28,20	stable	XP_015067000.1
SpnEXPA-05	XP_015071208.1	Chr3	4.501.709	4.505.040	268	8,56	28937,87	36,33	stable	XP_015071208.1
SpnEXPA-06	XP_027771726.1	Chr3	69.496.490	69.498.697	231	8,88	25698,55	29,1	stable	XP_027771726.1
SpnEXPA-07	XP_015069262.1	Chr3	69.510.077	69.511.311	259	8,07	28934,04	29,14	stable	XP_015069262.1
SpnEXPA-08	XP_015069340.1	Chr3	69.511.183	69.513.488	260	8,98	28415,49	33,03	stable	XP_015069340.1
SpnEXPA-09	XP_027771444.1	Chr3	69.519.756	69.520.956	236	9,04	26169,31	29,47	stable	XP_027771444.1
SpnEXPA-10	XP_015069324.1	Chr3	69.522.432	69.524.120	258	8,58	28858,03	37,43	stable	XP_015069324.1
SpnEXPA-11	XP_015067973.1	Chr3	69.951.743	69.954.185	250	8,78	26760,38	26,08	stable	XP_015067973.1
SpnEXPA-12	XP_015073830.1	Chr4	76.383.437	76.386.767	257	9,17	27714,44	25,22	stable	XP_015073830.1
SpnEXPA-13	XP_015076393.1	Chr5	2.482.924	2.486.184	249	9,03	26554,76	33,30	stable	XP_015076393.1
SpnEXPA-14	XP_015075739.1	Chr5	74.417.865	74.421.426	258	8,71	27711,06	21,07	stable	XP_015075739.1
SpnEXPA-15	XP_015079970.1	Chr6	653.047	656.816	257	9,55	28146,26	28,61	stable	XP_015079970.1
SpnEXPA-16	XP_015079370.1	Chr6	39.889.970	39.892.053	247	8,39	26470,55	31,56	stable	XP_015079370.1
SpnEXPA-17	XP_015077583.1	Chr6	44.928.883	44.930.461	261	9,46	28646,81	28,21	stable	XP_015077583.1

EK A.64'ün devamı

SpnEXPA-18	XP_015080175.1	Chr6	58.358.309	58.360.850	260	9,39	28311,22	34,24	stable	XP_015080175.1
SpnEXPA-19	XP_015081879.1	Chr7	76.799.021	76.801.817	256	10,26	28679,81	48,22	unstable	XP_015081879.1
SpnEXPA-20	XP_015083539.1	Chr8	2.518.276	2.521.612	266	9,1	28663,59	22,12	stable	XP_015083539.1
SpnEXPA-21	XP_015084489.1	Chr8	67.929.998	67.931.801	269	9,46	29468,88	25,63	stable	XP_015084489.1
SpnEXPA-22	XP_015085983.1	Chr9	4.346.238	4.350.388	263	9,48	28715,00	22,14	stable	XP_015085983.1
SpnEXPA-23	XP_015086547.1	Chr9	16.769.945	16.772.454	255	9,31	27997,77	32,13	stable	XP_015086547.1
SpnEXPA-24	XP_015055190.1	Chr10	81.133.043	81.135.632	257	9,13	28216,09	21,30	stable	XP_015055190.1
SpnEXPA-25	XP_015089459.1	Chr10	82.293.280	82.295.899	259	9,45	27925,81	20,07	stable	XP_015089459.1
SpnEXPA-26	XP_015060001.1	Chr12	80.374.046	80.377.186	257	8,93	27623,12	28,79	stable	XP_015060001.1
SpnEXPB-01	XP_015085071.1	Chr1	94.707.412	94.709.677	275	6,79	29037,61	42,68	unstable	XP_015085071.1
SpnEXPB-02	XP_015081446.1	Chr1	94.712.490	94.713.869	254	9,02	26965,72	37,45	stable	XP_015081446.1
SpnEXPB-03	XP_015069142.1	Chr3	56.721.751	56.724.041	285	9,17	31080,45	43,90	unstable	XP_015069142.1
SpnEXPB-04	XP_015081509.1	Chr7	70.423.765	70.425.192	257	6,27	27727,24	30,24	stable	XP_015081509.1
SpnEXPB-05	XP_015082663.1	Chr7	73.807.733	73.812.050	267	8,89	29048,08	41,14	unstable	XP_015082663.1
SpnEXPB-06	XP_015089351.1	Chr10	2.698.581	2.702.379	262	9,79	28583,06	24,78	stable	XP_015089351.1
SpnEXPB-07	XP_015055310.1	Chr10	10.815.130	10.817.616	265	4,89	28352,14	45,09	unstable	XP_015055310.1
SpnEXLA-01	XP_015067588.1	Chr1	108.980.434	108.982.356	261	7,51	28279,14	36,11	stable	XP_015067588.1
SpnEXLB-01	XP_015084733.1	Chr8	1.843.603	1.847.416	253	4,66	27791,09	36,34	stable	XP_015084733.1
SpnEXLB-02	XP_015083683.1	Chr8	65.659.938	65.661.966	255	4,73	27833,17	41,18	unstable	XP_015083683.1
SpnEXLB-03	XP_015084502.1	Chr8	66.236.358	66.240.126	253	6,06	28260,16	20,65	stable	XP_015084502.1
SpnEXLB-04	XP_015085406.1	Chr8	66.243.457	66.245.990	251	8,62	27967,09	18,17	stable	XP_015085406.1

EK A.65 *S. indicum*'a ait TabloS1

EXP Adı	NCBI Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. indicum</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SinEXPA-01	XP_011071788.1	LG1	5.114.342	5.118.074	265	9,02	28680,64	28,95	stable	XP_011071788.1
SinEXPA-02	XP_011070988.1	LG2	17.134.550	17.136.652	250	9,08	26440,65	30,23	stable	XP_011070988.1
SinEXPA-03	XP_011071693.1	LG3	2.625.326	2.627.536	250	6,02	26975,99	34,42	stable	XP_011071693.1
SinEXPA-04	XP_011073047.1	LG3	10.463.663	10.465.751	248	9,16	27720,98	15,56	stable	XP_011073047.1
SinEXPA-05	XP_011074708.1	LG3	23.757.224	23.758.954	242	9,11	26212,18	33,34	stable	XP_011074708.1
SinEXPA-06	XP_011075523.1	LG4	4.162.209	4.162.209	248	9,43	26594,88	35,38	stable	XP_011075523.1
SinEXPA-07	XP_011076589.1	LG4	11.999.062	12.001.710	252	6,25	26836,97	34,84	stable	XP_011076589.1
SinEXPA-08	XP_011077214.1	LG4	16.593.698	16.595.581	259	9,33	28313,34	38,56	stable	XP_011077214.1
SinEXPA-09	XP_011077647.2	LG5	1.595.255	1.597.433	272	9,5	29514,88	31,29	stable	XP_011077647.2
SinEXPA-10	XP_011080662.1	LG6	5.899.050	5.899.050	253	6,97	27359,72	28,44	stable	XP_011080662.1
SinEXPA-11	XP_011081164.2	LG6	9.088.487	9.090.901	246	9,39	26715,75	26,74	stable	XP_011081164.2
SinEXPA-12	XP_011082666.1	LG6	21.477.855	21.479.933	255	10,39	28157,09	37,24	stable	XP_011082666.1
SinEXPA-13	XP_011083443.1	LG7	2.508.682	2.510.449	256	9,37	27893,55	28,23	stable	XP_011083443.1
SinEXPA-14	XP_011084824.1	LG7	10.412.453	10.415.102	273	9,17	29539,28	39,52	stable	XP_011084824.1
SinEXPA-15	XP_011087233.1	LG8	14.912.436	14.914.262	261	9	28245,88	31,90	stable	XP_011087233.1
SinEXPA-16	XP_011087744.1	LG8	17.589.885	17.591.380	302	9,27	33040,82	42,90	unstable	XP_011087744.1
SinEXPA-17	XP_011089478.1	LG9	3.164.568	3.168.013	260	9,62	28127,18	37,41	stable	XP_011089478.1

EK A.65'in devamı

SinEXPA-18	XP_011089527.1	LG9	3.471.890	3.474.026	249	8,64	26804,02	30,04	stable	XP_011089527.1
SinEXPA-19	XP_011094574.1	LG11	12.904.769	12.907.164	284	9,82	31638,18	33,37	stable	XP_011094574.1
SinEXPA-20	XP_011094866.1	LG11	14.067.301	14.069.858	262	9,11	28171,18	26,38	stable	XP_011094866.1
SinEXPA-21	XP_011095130.1	LG11	15.234.227	15.234.227	263	8,79	28643,26	24,87	stable	XP_011095130.1
SinEXPA-22	XP_011098644.1	LG15	1.028.310	1.030.263	240	9,2	25975,17	32,83	stable	XP_011098644.1
SinEXPB-01	XP_011094535.1	LG1	16.759.060	16.761.427	272	5,2	28727,24	36,81	stable	XP_011094535.1
SinEXPB-02	XP_011076519.1	LG4	11.097.781	11.100.775	276	7,08	29961,82	45,78	unstable	XP_011076519.1
SinEXPB-03	XP_020549165.1	LG4	14.315.076	14.317.471	252	7,48	27202,76	28,64	stable	XP_020549165.1
SinEXPB-04	XP_011076957.1	LG4	14.320.865	14.322.792	264	8,64	28186,95	30,30	stable	XP_011076957.1
SinEXPB-05	XP_011076958.1	LG4	14.324.985	14.327.327	255	6,1	27618,20	31,64	stable	XP_011076958.1
SinEXPB-06	XP_011076959.1	LG4	14.330.202	14.332.644	268	9,24	29340,30	30,81	stable	XP_011076959.1
SinEXPB-07	XP_011084266.1	LG7	7.872.281	7.874.484	256	8,53	27174,79	29,88	stable	XP_011084266.1
SinEXPB-08	XP_011085969.1	LG8	7.678.419	7.683.870	258	7,5	27602,31	33,22	stable	XP_011085969.1
SinEXLA-01	XP_011088678.1	LG8	21.277.224	21.279.194	267	7,98	28872,03	36,54	stable	XP_011088678.1
SinEXLB-01	XP_011070248.1	LG2	12.191.518	12.194.773	255	6,09	28109,68	19,99	stable	XP_011070248.1
SinEXLB-02	XP_011081880.1	LG6	17.532.346	17.532.346	257	4,97	28425,88	30,79	stable	XP_011081880.1

EK A.66 *S. italica*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. italica</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SitEXPA-01	Seita.1G008200.1.p	scaffold-1	615.603	617.063	269	9,21	28458,45	30,85	Stable	XP_004951234.1
SitEXPA-02	Seita.1G008300.1.p	scaffold-1	620.851	622.142	269	9,39	28491,52	26,25	stable	XP_004951235.1
SitEXPA-03	Seita.1G008500.1.p	scaffold-1	634.286	635.386	256	9,48	27510,41	24,57	stable	XP_004954567.1
SitEXPA-04	Seita.1G010000.1.p	scaffold-1	770.120	771.264	272	7,53	29311,18	32,70	stable	XP_004954571.1
SitEXPA-05	Seita.1G010100.1.p	scaffold-1	774.124	775.161	237	8,8	25122,63	30,26	stable	RCV04553.1
SitEXPA-06	Seita.1G318000.1.p	scaffold-1	37.884.222	37.885.959	289	9,3	30005,58	39,62	stable	XP_004953873.1
SitEXPA-07	Seita.2G318400.1.p	scaffold-2	40.763.573	40.764.431	261	9,2	27749,52	29,1	stable	XP_004957725.1
SitEXPA-08	Seita.3G204900.1.p	scaffold-3	15.769.426	15.771.523	248	8,67	26070,12	35,85	stable	XP_004961745.1
SitEXPA-09	Seita.3G294900.1.p	scaffold-3	31.024.118	31.025.486	255	8,72	27621,28	34,24	stable	XP_004962508.1
SitEXPA-10	Seita.4G006000.1.p	scaffold-4	412.544	413.843	266	7,48	28718,44	37,41	stable	XP_004966590.1
SitEXPA-11	Seita.4G213300.1.p	scaffold-4	33.094.798	33.098.139	262	8,38	28062,03	27,21	stable	XP_004965866.1
SitEXPA-12	Seita.4G282500.1.p	scaffold-4	39.694.110	39.695.288	263	9,35	28182,85	36,97	stable	XP_004967292.1
SitEXPA-13	Seita.5G044100.1.p	scaffold-5	4.022.851	4.024.661	244	8,39	25329,36	38,59	stable	XP_004967705.1
SitEXPA-14	Seita.5G062500.1.p	scaffold-5	5.471.874	5.473.444	250	6,68	26442,56	35,35	stable	XP_004971579.1
SitEXPA-15	Seita.5G062700.1.p	scaffold-5	5.491.111	5.492.557	253	9,15	27199,73	41,22	unstable	XP_004967871.1
SitEXPA-16	Seita.5G363100.1.p	scaffold-5	40.138.466	40.140.463	251	8	26226,34	32,61	stable	XP_004970396.1
SitEXPA-17	Seita.6G086200.1.p	scaffold-6	7.676.200	7.677.104	262	8,66	28154,80	32,63	stable	XP_004974503.1
SitEXPA-18	Seita.6G086300.1.p	scaffold-6	7.687.698	7.688.584	257	5,57	27615,07	33,12	stable	RCV30333.1

EK A.66'nin devamı

SitEXPA-19	Seita.6G251700.1.p	scaffold-6	35.753.524	35.754.370	281	9,11	30063,16	32,02	stable	XP_004974227.1
SitEXPA-20	Seita.7G029300.1.p	scaffold-7	8.014.308	8.015.618	259	8,52	27629,11	31,14	stable	XP_004975119.1
SitEXPA-21	Seita.7G212500.1.p	scaffold-7	28.286.014	28.289.147	257	8,7	27725,80	34,97	stable	XP_004976598.1
SitEXPA-22	Seita.9G032400.1.p	scaffold-9	1.768.036	1.771.504	262	9,24	27995,77	43,49	unstable	XP_004981242.1
SitEXPA-23	Seita.9G241400.1.p	scaffold-9	18.877.613	18.878.711	254	8,67	26543,00	31,64	stable	XP_004983029.1
SitEXPA-24	Seita.9G241500.1.p	scaffold-9	18.881.844	18.883.243	254	8,72	27148,86	29,56	stable	XP_004986556.1
SitEXPA-25	Seita.9G241600.1.p	scaffold-9	18.884.105	18.885.868	252	8,01	26579,88	35,84	stable	XP_004983030.1
SitEXPA-26	Seita.9G241700.1.p	scaffold-9	18.896.540	18.897.881	252	8,31	26491,84	38,23	stable	XP_004983031.1
SitEXPA-27	Seita.9G241800.1.p	scaffold-9	18.901.209	18.902.420	249	6,24	26633,95	30,50	stable	XP_004986557.1
SitEXPA-28	Seita.9G241900.1.p	scaffold-9	18.905.873	18.906.888	202	7,5	20960,64	25,76	stable	RCV42761.1
SitEXPA-29	Seita.9G242000.1.p	scaffold-9	18.910.276	18.911.606	252	8,82	26523,16	37,21	stable	XP_004986558.1
SitEXPA-30	Seita.9G242100.1.p	scaffold-9	18.954.184	18.955.368	250	7,97	26285,65	35,92	stable	RCV42763.1
SitEXPA-31	Seita.9G242200.1.p	scaffold-9	18.957.731	18.958.657	250	8,05	26157,38	34,55	stable	XP_004986560.1
SitEXPA-32	Seita.9G342900.1.p	scaffold-9	40.336.518	40.337.809	259	9,15	28048,00	32,30	stable	XP_004986855.1
SitEXPA-33	Seita.9G385300.1.p	scaffold-9	44.297.959	44.299.744	256	10,12	26717,36	50,37	unstable	XP_004984221.1
SitEXPA-34	Seita.9G535500.1.p	scaffold-9	55.893.901	55.895.273	251	7,46	27110,81	34,04	stable	XP_004985650.1
SitEXPA-35	Seita.9G535700.1.p	scaffold-9	55.906.036	55.907.349	250	8,88	26928,55	26,92	stable	XP_004985653.1
SitEXPA-36	Seita.9G535800.1.p	scaffold-9	55.908.649	55.910.214	259	8,57	27139,79	37,86	stable	XP_004985654.1
SitEXPA-37	Seita.9G535900.1.p	scaffold-9	55.913.407	55.915.164	253	9,13	27279,54	26,97	stable	XP_004985655.1
SitEXPB-01	Seita.1G248900.1.p	scaffold-1	32.498.920	32.503.299	271	7,55	28253,89	35,36	stable	XP_004953237.1
SitEXPB-02	Seita.1G248900.2.p	scaffold-1	32.498.920	32.503.299	226	7,54	23269,27	42,09	unstable	XP_004953238.1

EK A.66'nin devamı

SitEXPB-03	Seita.1G260400.1.p	scaffold-1	33.428.944	33.431.898	261	5,78	27671,28	43,78	unstable	XP_012700899.1
SitEXPB-04	Seita.1G260500.1.p	scaffold-1	33.434.233	33.435.763	265	7,49	27832,44	42,95	unstable	XP_004953359.1
SitEXPB-05	Seita.1G260700.1.p	scaffold-1	33.456.806	33.458.512	298	9,12	31121,34	37,22	stable	XP_004953360.1
SitEXPB-06	Seita.1G260800.1.p	scaffold-1	33.474.024	33.475.919	292	8,87	30500,67	40,23	unstable	XP_004953362.1
SitEXPB-07	Seita.2G122700.1.p	scaffold-2	13.853.747	13.855.343	317	9,35	33263,09	40,47	unstable	XP_004956111.1
SitEXPB-08	Seita.2G122800.1.p	scaffold-2	13.868.268	13.869.480	317	9,54	33380,48	38,07	stable	RCV10596.1
SitEXPB-09	Seita.2G321900.1.p	scaffold-2	41.044.305	41.045.825	281	6,27	30378,45	34,58	stable	RCV13123.1
SitEXPB-10	Seita.6G040200.1.p	scaffold-6	3.052.643	3.053.545	269	8,38	29243,60	43,80	unstable	XP_004972702.1
SitEXPB-11	Seita.7G177400.1.p	scaffold-7	25.676.575	25.681.771	276	8,8	29333,71	31,08	stable	XP_004976320.1
SitEXPB-12	Seita.7G190600.1.p	scaffold-7	26.610.941	26.612.565	289	10,01	30095,46	36,93	stable	XP_004976444.1
SitEXPB-13	Seita.7G190700.1.p	scaffold-7	26.614.849	26.616.043	264	6,79	27183,67	30,75	stable	RCV34847.1
SitEXPB-14	Seita.7G190800.1.p	scaffold-7	26.617.967	26.619.659	296	9,56	31193,37	44,88	unstable	XP_014660981.1
SitEXPB-15	Seita.8G190900.1.p	scaffold-8	33.767.200	33.768.781	330	5,56	35926,73	35,12	stable	RCV39037.1
SitEXPB-16	Seita.9G157100.1.p	scaffold-9	10.337.608	10.340.657	315	4,91	32853,12	41,12	unstable	RCV41699.1
SitEXPB-17	Seita.9G157100.2.p	scaffold-9	10.337.608	10.340.657	230	4,68	23894,96	42,06	unstable	RCV41702.1
SitEXPB-18	Seita.9G157100.3.p	scaffold-9	10.337.608	10.340.657	299	4,72	31151,09	39,39	stable	RCV41699.1
SitEXPB-19	Seita.9G157200.1.p	scaffold-9	10.341.487	10.345.549	308	5,42	32412,58	32,20	stable	RCV41703.1
SitEXPB-20	Seita.9G325900.1.p	scaffold-9	37.814.884	37.817.363	287	6,7	31552,50	26,14	stable	XP_004983685.1
SitEXPB-21	Seita.9G326100.1.p	scaffold-9	37.830.632	37.832.225	265	6,09	29132,88	28,78	stable	XP_004983686.1
SitEXPB-22	Seita.9G326300.1.p	scaffold-9	37.918.710	37.920.426	265	5,21	28954,43	29,41	stable	XP_004983690.1
SitEXPB-23	Seita.9G326600.1.p	scaffold-9	37.937.299	37.938.989	265	5,2	28830,44	25,21	stable	XP_004983688.1

EK A.66'nin devamı

SitEXPB-24	Seita.9G326700.1.p	scaffold-9	37.944.897	37.946.748	269	9,46	29628,61	42,82	unstable	XP_004983691.1
SitEXPB-25	Seita.9G326900.1.p	scaffold-9	38.010.096	38.011.581	265	9,02	28611,61	27,44	stable	XP_004983693.1
SitEXPB-26	Seita.9G327000.1.p	scaffold-9	38.018.922	38.020.539	281	9,2	30835,04	24,43	stable	XP_004983694.1
SitEXPB-27	Seita.9G327100.1.p	scaffold-9	38.052.984	38.054.536	274	7,02	29974,81	33,52	stable	XP_004983695.1
SitEXPB-28	Seita.9G332700.1.p	scaffold-9	39.120.824	39.122.029	267	8,87	28688,09	31,22	stable	XP_004983734.1
SitEXPB-29	Seita.9G334300.1.p	scaffold-9	39.257.932	39.258.990	271	8,95	29061,42	35,70	stable	XP_004983746.1
SitEXPB-30	Seita.9G575500.1.p	scaffold-9	58.509.537	58.510.655	268	6,44	28585,73	33,68	stable	XP_004986062.1
SitEXPB-31	Seita.9G577300.1.p	scaffold-9	58.639.084	58.641.039	321	5,89	34159,15	46,87	unstable	XP_004986106.1
SitEXPB-32	Seita.9G577400.1.p	scaffold-9	58.645.762	58.646.959	270	8,96	29687,54	43,76	unstable	XP_004986105.1
SitEXLA-01	Seita.2G311700.1.p	scaffold-2	40.226.387	40.229.849	277	9,23	29347,68	30,92	stable	XP_012698930.1
SitEXLA-02	Seita.2G311700.2.p	scaffold-2	40.226.387	40.229.849	222	9,42	24087,54	28,49	stable	RCV12998.1
SitEXLA-03	Seita.4G284800.1.p	scaffold-4	39.808.359	39.810.522	288	9,23	31153,53	47,01	unstable	XP_004966496.1
SitEXLA-04	Seita.9G339600.1.p	scaffold-9	39.990.667	39.993.395	269	8,96	28902,74	38,01	stable	RCV44008.1
SitEXLA-05	Seita.9G551900.1.p	scaffold-9	56.980.502	56.982.528	274	9,13	29622,97	39,57	stable	XP_004985830.1

EK A.67 *S. purpurea*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>S. purpurea</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
SprEXPA-01	Sapur.001G000800.1.p	Chr1	63.325	65.293	252	9,45	26948,56	28,59	stable	None
SprEXPA-02	Sapur.001G000800.2.p	Chr1	63.325	65.293	247	9,33	26350,75	28,29	stable	None
SprEXPA-03	Sapur.001G092300.1.p	Chr1	6.502.050	6.503.338	269	9,6	29140,38	34,01	stable	None
SprEXPA-04	Sapur.002G012400.1.p	Chr2	817.695	819.305	256	9,17	27728,52	28,37	stable	None
SprEXPA-05	Sapur.002G134300.1.p	Chr2	11.022.006	11.025.107	256	9,26	27798,46	29,39	stable	None
SprEXPA-06	Sapur.003G169600.1.p	Chr3	14.216.585	14.218.165	248	8,88	26616,95	22,93	stable	None
SprEXPA-07	Sapur.004G056400.1.p	Chr4	4.278.464	4.280.798	272	8,6	29521,64	34,38	stable	None
SprEXPA-08	Sapur.004G156200.1.p	Chr4	14.391.242	14.392.950	316	9,12	35018,97	40,47	unstable	None
SprEXPA-09	Sapur.004G169300.1.p	Chr4	15.418.893	15.420.364	255	8,94	27658,20	30,16	stable	None
SprEXPA-10	Sapur.005G195600.1.p	Chr5	17.374.814	17.376.270	256	9,17	27651,35	33,09	stable	None
SprEXPA-11	Sapur.008G044600.1.p	Chr8	2.802.833	2.804.962	258	9,55	27682,44	31,31	stable	None
SprEXPA-12	Sapur.008G069600.1.p	Chr8	4.570.299	4.572.265	251	9,58	26787,15	42,17	unstable	None
SprEXPA-13	Sapur.008G069600.2.p	Chr8	4.570.299	4.572.265	249	9,5	26527,79	41,12	unstable	None
SprEXPA-14	Sapur.010G128800.1.p	Chr10	11.210.872	11.213.381	249	9,36	26556,78	35,68	stable	None
SprEXPA-15	Sapur.013G056400.1.p	Chr13	4.376.377	4.378.008	268	9,15	28689,40	37,75	stable	None
SprEXPA-16	Sapur.013G056400.2.p	Chr13	4.376.377	4.378.008	242	9,14	25665,97	36,38	stable	None
SprEXPA-17	Sapur.013G138800.1.p	Chr13	14.294.137	14.295.526	250	8,04	26534,76	37,79	stable	None
SprEXPA-18	Sapur.15WG060700.1.p	Chr15W	6.843.871	6.846.941	258	9,48	27728,53	32,06	stable	None

EK A.67'nin devamı

SprEXPA-19	Sapur.15WG061800.1.p	Chr15W	6.969.150	6.970.696	263	9,25	28597,82	39,74	stable	None
SprEXPA-20	Sapur.016G088600.1.p	Chr16	9.532.567	9.533.740	258	9,17	28321,42	27,65	stable	None
SprEXPA-21	Sapur.016G089600.1.p	Chr16	9.772.106	9.773.409	287	9,44	31838,53	33,69	stable	None
SprEXPA-22	Sapur.016G133400.1.p	Chr16	15.449.674	15.452.330	262	9,72	28465,41	46,40	unstable	None
SprEXPA-23	Sapur.016G259700.1.p	Chr16	27.053.762	27.055.182	254	10,13	28147,04	44,10	unstable	None
SprEXPA-24	Sapur.017G070700.1.p	Chr17	7.417.131	7.419.366	266	9,19	28888,60	43,33	unstable	None
SprEXPA-25	Sapur.017G070700.2.p	Chr17	7.417.131	7.419.366	241	9,07	25998,18	39,08	stable	None
SprEXPA-26	Sapur.017G076600.1.p	Chr17	8.119.770	8.120.761	264	8,7	29058,22	27,61	stable	None
SprEXPA-27	Sapur.017G115200.1.p	Chr17	11.373.239	11.375.625	279	8,89	30396,96	35,74	stable	None
SprEXPA-28	Sapur.019G061000.1.p	Chr19	9.296.275	9.297.928	250	8,06	26499,58	31,33	stable	None
SprEXPB-01	Sapur.013G126100.1.p	Chr13	13.446.707	13.449.580	265	8,06	29050,95	30,26	stable	None
SprEXPB-02	Sapur.014G048000.1.p	Chr14	3.486.112	3.487.727	272	5,14	28854,36	40,79	unstable	None
SprEXPB-03	Sapur.019G097700.1.p	Chr19	12.908.909	12.911.568	262	8,78	28559,78	28,78	stable	None
SprEXLA-01	Sapur.004G136800.1.p	Chr4	12.948.849	12.951.167	259	8,6	28275,21	35,68	stable	None
SprEXLA-02	Sapur.004G136800.2.p	Chr4	12.948.849	12.951.167	225	6,58	25109,71	35,02	stable	None
SprEXLB-01	Sapur.001G122000.1.p	Chr1	9.203.019	9.204.987	257	5,49	27876,09	42,01	unstable	None
SprEXLB-02	Sapur.003G051700.1.p	Chr3	5.496.146	5.497.838	249	6,51	27382,05	31,16	stable	None
SprEXLB-03	Sapur.003G054900.1.p	Chr3	5.790.986	5.792.615	256	4,59	28063,35	38,43	stable	None

EK A.68 *K. laxiflora*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>K. laxiflora</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
KIEXPA-01	Kalax.0001s0059.1.p	scaffold-1	488.516	490.293	244	9,5	26497,04	33,06	stable	None
KIEXPA-02	Kalax.0002s0015.1.p	scaffold-2	94.674	96.751	243	9,75	26494,04	35,58	stable	None
KIEXPA-03	Kalax.0006s0019.1.p	scaffold-6	142.036	143.380	249	8,63	26648,99	28,52	stable	None
KIEXPA-04	Kalax.0006s0117.1.p	scaffold-6	1.025.660	1.027.521	257	9,62	27724,63	36,42	stable	None
KIEXPA-05	Kalax.0006s0284.1.p	scaffold-6	2.284.145	2.285.657	267	9,4	29299,50	18,85	stable	None
KIEXPA-06	Kalax.0007s0076.1.p	scaffold-7	670.224	672.449	285	9,48	31564,97	33,94	stable	None
KIEXPA-07	Kalax.0009s0092.1.p	scaffold-9	562.305	564.266	248	9,35	26546,85	39,81	stable	None
KIEXPA-08	Kalax.0010s0103.1.p	scaffold-10	781.415	782.896	257	8,4	27610,25	26,56	stable	None
KIEXPA-09	Kalax.0016s0004.1.p	scaffold-16	27.066	28.547	265	7,55	28724,34	36,85	stable	None
KIEXPA-10	Kalax.0017s0104.1.p	scaffold-17	637.777	640.120	248	8,08	26376,65	28,78	stable	None
KIEXPA-11	Kalax.0027s0099.1.p	scaffold-27	889.770	890.792	258	8,96	28077,01	36,88	stable	None
KIEXPA-12	Kalax.0030s0080.1.p	scaffold-30	791.245	792.891	251	8,84	27199,80	36,53	stable	None
KIEXPA-13	Kalax.0034s0027.1.p	scaffold-34	150.182	152.420	257	8,07	27245,60	29,05	stable	None
KIEXPA-14	Kalax.0037s0090.1.p	scaffold-37	755.604	756.914	257	8,87	27638,15	37,18	stable	None
KIEXPA-15	Kalax.0047s0014.1.p	scaffold-47	166.927	168.695	248	8,59	26239,37	34,24	stable	None
KIEXPA-16	Kalax.0049s0128.1.p	scaffold-49	989.092	990.511	249	8,41	26611,88	27,74	stable	None
KIEXPA-17	Kalax.0050s0025.1.p	scaffold-50	172.581	173.593	265	6,98	28811,52	36,43	stable	None

EK A.68'in devamı

KIEXPA-18	Kalax.0056s0124.1.p	scaffold-56	741.590	742.747	243	8,34	25932,04	33,20	stable	None
KIEXPA-19	Kalax.0058s0002.1.p	scaffold-58	12.200	13.306	282	9,26	31149,68	29,40	stable	None
KIEXPA-20	Kalax.0059s0010.1.p	scaffold-59	178.634	180.967	252	8,58	27059,42	34,25	stable	None
KIEXPA-21	Kalax.0065s0019.1.p	scaffold-65	134.630	135.604	246	9,22	25922,14	27,39	stable	None
KIEXPA-22	Kalax.0069s0068.1.p	scaffold-69	654.051	655.993	257	9,65	27750,59	35,09	stable	None
KIEXPA-23	Kalax.0074s0071.1.p	scaffold-74	865.528	866.976	267	9,24	29265,45	21,71	stable	None
KIEXPA-24	Kalax.0085s0066.1.p	scaffold-85	417.282	419.185	248	8,58	26169,26	33,65	stable	None
KIEXPA-25	Kalax.0086s0047.1.p	scaffold-86	399.820	401.151	242	5,15	26178,87	35,25	stable	None
KIEXPA-26	Kalax.0104s0001.1.p	scaffold-104	11.022	13.039	257	9,62	27726,60	35,85	stable	None
KIEXPA-27	Kalax.0152s0064.1.p	scaffold-152	423.913	425.775	240	9,14	25567,72	40,92	unstable	None
KIEXPA-28	Kalax.0155s0060.1.p	scaffold-155	571.262	572.612	256	9,06	27398,77	16,31	stable	None
KIEXPA-29	Kalax.0171s0001.1.p	scaffold-171	18.184	19.619	251	9,28	26965,29	34,60	stable	None
KIEXPA-30	Kalax.0238s0020.1.p	scaffold-238	172.388	174.726	300	8,78	31920,01	34,59	stable	None
KIEXPA-31	Kalax.0256s0007.1.p	scaffold-256	87.600	88.831	127	11,13	13845,82	43,28	unstable	None
KIEXPA-32	Kalax.0259s0005.1.p	scaffold-259	21.732	22.719	261	9,09	28083,77	19,74	stable	None
KIEXPA-33	Kalax.0260s0004.1.p	scaffold-260	89.700	91.549	257	9,55	27794,60	35,84	stable	None
KIEXPA-34	Kalax.0262s0022.1.p	scaffold-262	129.428	130.459	258	8,96	28057,95	32,84	stable	None
KIEXPA-35	Kalax.0274s0039.1.p	scaffold-274	397.981	399.208	266	9,42	29086,33	29,67	stable	None
KIEXPA-36	Kalax.0311s0049.1.p	scaffold-311	342.125	343.114	261	8,98	28084,75	19,74	stable	None
KIEXPA-37	Kalax.0346s0034.1.p	scaffold-346	296.923	301.600	722	6,93	78949,08	36,14	stable	None
KIEXPA-38	Kalax.0368s0016.1.p	scaffold-368	116.851	121.449	609	6,23	66369,09	35,29	stable	None

EK A.68'in devamı

KIEXPA-39	Kalax.0409s0008.1.p	scaffold-409	47.594	49.456	273	9,28	29581,66	39,66	stable	None
KIEXPA-40	Kalax.0441s0028.1.p	scaffold-441	179.221	181.419	300	8,92	31919,02	34,59	stable	None
KIEXPA-41	Kalax.0476s0035.1.p	scaffold-476	176.236	178.145	248	9,45	26488,81	39,20	stable	None
KIEXPA-42	Kalax.0512s0006.1.p	scaffold-512	43.003	43.588	194	6,58	21097,99	36,94	stable	None
KIEXPA-43	Kalax.0520s0010.1.p	scaffold-520	84.891	87.000	243	8,59	26060,17	30,64	stable	None
KIEXPA-44	Kalax.0561s0013.1.p	scaffold-561	168.457	170.069	243	8,05	25835,87	32,64	stable	None
KIEXPA-45	Kalax.0565s0026.1.p	scaffold-565	174.128	175.304	255	5,63	27568,59	34,56	stable	None
KIEXPA-46	Kalax.0575s0007.1.p	scaffold-575	33.548	34.983	256	9,15	27421,91	16,31	stable	None
KIEXPA-47	Kalax.0588s0022.1.p	scaffold-588	163.811	164.809	258	9,66	28101,28	47,68	unstable	None
KIEXPA-48	Kalax.0603s0022.1.p	scaffold-603	138.838	140.494	251	8,84	27185,78	36,58	stable	None
KIEXPA-49	Kalax.0610s0018.1.p	scaffold-610	119.964	120.930	243	9,58	26163,86	43,04	unstable	None
KIEXPA-50	Kalax.0712s0003.1.p	scaffold-712	14.043	15.161	259	9,18	27725,42	23,54	stable	None
KIEXPA-51	Kalax.0920s0003.1.p	scaffold-920	7.724	8.718	265	6,98	28791,39	34,76	stable	None
KIEXPA-52	Kalax.1017s0004.1.p	scaffold-1017	16.871	19.190	237	8,03	25282,48	27,86	stable	None
KIEXPA-53	Kalax.1025s0015.1.p	scaffold-1025	85.213	87.319	248	7,57	26392,61	29,20	stable	None
KIEXPA-54	Kalax.1051s0013.1.p	scaffold-1051	86.621	88.016	282	9,17	31133,61	29,26	stable	None
KIEXPA-55	Kalax.1292s0001.1.p	scaffold-1292	19.892	20.716	172	8,56	19074,42	33,11	stable	None
KIEXPA-56	Kalax.1351s0007.1.p	scaffold-1351	32.119	33.241	255	4,9	27386,73	40,72	unstable	None
KIEXPA-57	Kalax.1472s0006.1.p	scaffold-1472	24.525	27.257	274	5,45	29538,31	45,71	unstable	None
KIEXPA-58	Kalax.1554s0001.1.p	scaffold-1554	21.534	22.740	266	9,33	28975,14	30,53	stable	None
KIEXPA-59	Kalax.1868s0001.1.p	scaffold-1868	2.893	5.128	257	8,07	27235,57	28,78	stable	None

EK A.68'in devamı

KIEXPA-60	Kalax.1874s0002.1.p	scaffold-1874	5.910	8.101	243	8,59	26140,26	31,66	stable	None
KIEXPB-01	Kalax.0032s0055.1.p	scaffold-32	478.117	479.428	293	3,79	30264,52	33,70	stable	None
KIEXPB-02	Kalax.0051s0083.1.p	scaffold-51	670.963	673.103	271	8,56	29542,79	36,01	stable	None
KIEXPB-03	Kalax.0056s0134.1.p	scaffold-56	817.344	818.408	263	8,95	28182,26	46,66	unstable	None
KIEXPB-04	Kalax.0089s0086.1.p	scaffold-89	628.451	629.517	263	9,05	28339,41	47,64	unstable	None
KIEXPB-05	Kalax.0099s0086.1.p	scaffold-99	723.843	725.154	293	3,86	30342,55	33,19	stable	None
KIEXPB-06	Kalax.0135s0019.1.p	scaffold-135	110.243	112.407	273	4,95	28863,34	41,02	unstable	None
KIEXPB-07	Kalax.0314s0011.1.p	scaffold-314	74.824	77.525	272	8,72	29599,93	35,20	stable	None
KIEXPB-08	Kalax.0704s0014.1.p	scaffold-704	77.668	79.831	291	8,6	31680,52	48,03	unstable	None
KIEXPB-09	Kalax.0704s0015.1.p	scaffold-704	84.135	85.690	227	8,6	23590,41	34,25	stable	None
KIEXPB-10	Kalax.0947s0008.1.p	scaffold-947	38.993	41.056	284	8,6	30740,47	46,38	unstable	None
KIEXPB-11	Kalax.0947s0009.1.p	scaffold-947	45.234	47.363	325	9,35	35409,22	44,16	unstable	None
KIEXLA-01	Kalax.0040s0084.1.p	scaffold-40	916.027	918.601	261	8,25	28417,40	39,40	stable	None
KIEXLA-02	Kalax.0052s0131.1.p	scaffold-52	1.063.732	1.066.265	261	8,25	28362,36	39,65	stable	None
KIEXLA-03	Kalax.0052s0131.2.p	scaffold-52	1.063.732	1.066.265	224	9,13	24383,31	34,24	stable	None
KIEXLB-01	Kalax.0032s0087.1.p	scaffold-32	707.875	709.806	257	4,98	28019,34	42,23	unstable	None
KIEXLB-02	Kalax.0188s0010.1.p	scaffold-188	82.259	84.574	256	5,93	28771,64	34,69	stable	None
KIEXLB-03	Kalax.0531s0009.1.p	scaffold-531	76.546	78.406	257	5,1	28018,36	42,07	unstable	None
KIEXLB-04	Kalax.0531s0009.2.p	scaffold-531	76.546	78.406	232	4,86	25345,23	41,80	unstable	None

EK A.69 *P. trichocarpa*'ya ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. trichocarpa</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PtEXPA-01	Potri.001G001100.1.p	Chr1	96.008	100.357	247	9,16	26581,96	24,06	stable	XP_024442842.1
PtEXPA-02	Potri.001G112901.1.p	Chr1	9.141.525	9.143.276	269	9,63	29225,53	27,37	stable	XP_024453740.1
PtEXPA-03	Potri.001G240900.1.p	Chr1	25.842.641	25.845.222	262	9,65	28377,43	45,29	unstable	XP_002298353.1
PtEXPA-04	Potri.001G401700.1.p	Chr1	42.769.789	42.771.411	254	9,91	28029,10	47,64	unstable	PNT59293.1
PtEXPA-05	Potri.002G017900.1.p	Chr2	1.086.788	1.088.294	256	9,19	27876,62	31,30	stable	XP_002300688.2
PtEXPA-06	Potri.002G184700.1.p	Chr2	14.643.307	14.644.650	256	9,16	27848,48	28,30	stable	XP_024450879.1
PtEXPA-07	Potri.004G080200.1.p	Chr4	6.609.163	6.611.366	276	8,9	30068,55	31,88	stable	XP_002305908.2
PtEXPA-08	Potri.004G123200.2.p	Chr4	11.791.583	11.793.273	241	8,81	25904,01	39,99	stable	None
PtEXPA-09	Potri.004G123200.3.p	Chr4	11.791.583	11.793.273	254	9,12	27472,03	40,92	unstable	None
PtEXPA-10	Potri.004G208300.1.p	Chr4	21.530.908	21.532.836	349	9,24	39403,96	46,09	unstable	XP_006384869.2
PtEXPA-11	Potri.005G244100.1.p	Chr5	23.970.460	23.971.876	256	9,27	27821,56	30,93	stable	XP_002307745.1
PtEXPA-12	Potri.006G086100.1.p	Chr6	6.441.047	6.442.448	260	9,41	28182,04	28,33	stable	XP_002309061.1
PtEXPA-13	Potri.006G108000.1.p	Chr6	8.386.187	8.387.592	254	8,75	27414,83	30,46	stable	XP_002309181.2
PtEXPA-14	Potri.008G057100.1.p	Chr8	3.352.503	3.354.454	258	9,53	27963,76	33,60	stable	XP_002312101.1
PtEXPA-15	Potri.008G088300.2.p	Chr8	5.519.014	5.521.281	251	9,53	26708,00	40,60	unstable	XP_002312253.1
PtEXPA-16	Potri.009G031800.2.p	Chr9	4.253.137	4.255.609	262	9,43	28388,47	40,54	unstable	XP_002313434.1
PtEXPA-17	Potri.009G169500.1.p	Chr9	12.882.111	12.883.670	250	8,09	27818,65	40,85	unstable	XP_002313572.1
PtEXPA-18	Potri.010G167200.5.p	Chr10	17.020.561	17.023.093	269	9,82	29098,00	35,32	stable	XP_006378591.1

EK A.69'un devamı

PtEXPA-19	Potri.010G167200.6.p	Chr10	17.020.561	17.023.093	249	9,34	26581,79	36,36	stable	XP_006378591.1
PtEXPA-20	Potri.010G202500.1.p	Chr10	19.468.567	19.470.350	258	9,53	27843,69	37,08	stable	XP_002315218.2
PtEXPA-21	Potri.013G060800.1.p	Chr13	4.461.723	4.463.456	242	9,12	25784,10	31,13	stable	XP_002319704.2
PtEXPA-22	Potri.013G154700.1.p	Chr13	15.006.117	15.007.978	250	7,52	26705,96	37,77	stable	XP_002319409.1
PtEXPA-23	Potri.016G097500.1.p	Chr16	9.765.836	9.767.534	286	9,48	31603,25	32,67	stable	XP_002322908.2
PtEXPA-24	Potri.016G098700.1.p	Chr16	9.986.993	9.988.254	286	8,9	31430,84	29,13	stable	XP_002323502.3
PtEXPA-25	Potri.016G135200.1.p	Chr16	13.938.394	13.939.708	254	9,15	27605,19	22,77	stable	XP_002309181.2
PtEXPA-26	Potri.017G085300.3.p	Chr17	9.822.017	9.823.612	241	9,38	26082,42	40,79	unstable	None
PtEXPA-27	Potri.017G092700.1.p	Chr17	10.553.505	10.554.438	257	8,53	28421,40	30,54	stable	XP_002323897.2
PtEXPA-28	Potri.017G140000.1.p	Chr17	14.081.364	14.083.702	284	9,09	31136,81	36,00	stable	XP_006372474.1
PtEXPA-29	Potri.019G057500.3.p	Chr19	9.644.759	9.647.043	250	7,55	26644,78	28,31	stable	XP_002325925.3
PtEXPB-01	Potri.013G134300.1.p	Chr13	13.985.553	13.988.596	262	7,6	28654,64	20,94	stable	XP_006371575.1
PtEXPB-02	Potri.014G066300.1.p	Chr14	4.127.560	4.129.170	274	5,82	29025,59	37,01	stable	XP_002320708.1
PtEXPB-03	Potri.019G101900.1.p	Chr19	13.780.663	13.783.496	262	8,51	28682,69	25,47	stable	XP_006371575.1
PtEXLA-01	Potri.004G181700.1.p	Chr4	19.584.071	19.586.455	259	8,25	28470,30	38,92	stable	XP_002305545.3
PtEXLA-02	Potri.009G141400.2.p	Chr9	11.288.993	11.291.054	278	8,55	30210,67	30,41	stable	XP_002313682.2
PtEXLB-01	Potri.001G147200.5.p	Chr1	12.149.175	12.151.087	256	5,02	28024,25	37,45	stable	XP_024457992.1
PtEXLB-02	Potri.001G151500.1.p	Chr1	12.679.215	12.680.692	254	7,45	27764,79	24,34	stable	XP_006368949.2
PtEXLB-03	Potri.001G151500.3.p	Chr1	12.679.215	12.680.692	258	8,24	28257,37	25,19	stable	XP_024463835.1
PtEXLB-04	Potri.003G083200.1.p	Chr3	10.982.095	10.983.772	250	6,29	27608,37	28,95	stable	XP_006385562.1
PtEXLB-05	Potri.003G087000.1.p	Chr3	11.356.622	11.358.450	256	4,49	28142,36	31,18	stable	XP_006385603.1

EK A.70 *P. vulgaris*'e ait TabloS1

EXP Adı	Phytozome Genom Veri Tabanı Adı	<i>P. vulgaris</i> Genomunda Fiziksel Pozisyon			Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık indeksi	Kararlı veya Kararsız	NCBI Adı
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)						
PvEXPA-01	Phvul.001G003700.1.p	Chr1	211.726	214.060	255	8,98	27469,12	34,16	stable	XP_007160632.1
PvEXPA-02	Phvul.001G181600.1.p	Chr1	43.956.895	43.959.063	273	9,05	30206,48	25,61	stable	XP_007162798.1
PvEXPA-03	Phvul.001G219700.1.p	Chr1	47.514.674	47.515.707	254	9,56	28121,35	29,30	stable	XP_007163263.1
PvEXPA-04	Phvul.001G232600.1.p	Chr1	48.630.905	48.632.311	258	9,82	28066,07	42,06	unstable	XP_007163413.1
PvEXPA-05	Phvul.002G083600.1.p	Chr2	13.380.200	13.382.320	252	9,28	27065,46	32,76	stable	XP_007157607.1
PvEXPA-06	Phvul.002G152900.1.p	Chr2	30.638.213	30.639.852	266	9,45	29122,44	36,83	stable	XP_007158445.1
PvEXPA-07	Phvul.002G170300.2.p	Chr2	33.002.856	33.004.576	246	9,32	26242,52	32,43	stable	XP_007158645.1
PvEXPA-08	Phvul.003G213800.1.p	Chr3	44.060.762	44.062.103	260	7,52	27841,57	32,51	stable	XP_007155577.1
PvEXPA-09	Phvul.004G030500.1.p	Chr4	3.632.907	3.635.003	250	9,17	27126,46	38,56	stable	XP_007151247.1
PvEXPA-10	Phvul.006G077200.1.p	Chr6	18.914.107	18.916.576	255	7,57	27262,56	29,27	stable	XP_007146869.1
PvEXPA-11	Phvul.006G086800.1.p	Chr6	19.868.294	19.869.443	278	6,58	30215,20	49,80	unstable	XP_007146985.1
PvEXPA-12	Phvul.007G207600.1.p	Chr7	32.999.374	33.000.655	254	9,21	27509,42	36,19	stable	XP_007145077.1
PvEXPA-13	Phvul.007G235300.1.p	Chr7	35.959.998	35.961.590	268	7,53	28555,32	40,29	unstable	XP_007145394.1
PvEXPA-14	Phvul.008G034700.1.p	Chr8	2.843.192	2.845.105	254	5,05	27693,09	29,96	stable	XP_007139498.1
PvEXPA-15	Phvul.008G037500.1.p	Chr8	3.075.997	3.077.603	246	9,11	26737,19	33,66	stable	XP_017416875.1
PvEXPA-16	Phvul.008G120700.1.p	Chr8	10.458.517	10.461.853	258	9,76	27859,72	29,47	stable	XP_007140533.1
PvEXPA-17	Phvul.008G232200.1.p	Chr8	53.489.728	53.491.721	260	9,4	27888,74	35,44	stable	XP_007141864.1
PvEXPA-18	Phvul.008G240800.1.p	Chr8	58.962.721	58.965.019	269	7,6	29088,97	40,27	unstable	XP_007141964.1

EK A.70'in devamı

PvEXPA-19	Phvul.008G248000.1.p	Chr8	59.694.786	59.697.110	251	8,43	27219,63	34,28	stable	XP_007142047.1
PvEXPA-20	Phvul.009G019000.1.p	Chr9	3.641.658	3.643.695	256	8,63	27477,33	29,34	stable	XP_007136114.1
PvEXPA-21	Phvul.009G142800.1.p	Chr9	21.430.379	21.432.162	252	7,53	27018,25	35,31	stable	XP_007137631.1
PvEXPA-22	Phvul.009G142800.2.p	Chr9	21.430.379	21.432.162	215	8,45	23533,51	30,86	stable	XP_007137630.1
PvEXPA-23	Phvul.009G186400.1.p	Chr9	28.212.023	28.214.859	249	9,08	26768,19	32,11	stable	XP_007138173.1
PvEXPA-24	Phvul.010G010200.1.p	Chr10	1.473.804	1.476.777	258	9,68	27810,66	29,47	stable	XP_007133996.1
PvEXPA-25	Phvul.011G063800.1.p	Chr11	5.701.936	5.703.968	259	9,37	28254,21	37,72	stable	XP_007132063.1
PvEXPA-26	Phvul.011G117600.1.p	Chr11	17.127.432	17.128.765	254	8,28	28090,97	36,95	stable	XP_007132704.1
PvEXPA-27	Phvul.L006043.1.p	scaffold_15	382.380	383.648	256	9,23	27770,67	39,53	stable	XP_007150329.1
PvEXPB-01	Phvul.005G104600.1.p	Chr5	32.416.528	32.419.807	261	8,3	28439,30	26,64	stable	XP_007149859.1
PvEXPB-02	Phvul.008G144100.1.p	Chr8	31.082.993	31.084.949	275	4,81	29245,53	46,40	unstable	XP_007140810.1
PvEXPB-03	Phvul.010G070900.1.p	Chr10	31.667.641	31.670.150	257	9,32	27532,69	22,27	stable	XP_007134729.1
PvEXPB-04	Phvul.010G071000.1.p	Chr10	31.708.480	31.709.705	266	4,89	28832,45	37,96	stable	XP_007134730.1
PvEXPB-05	Phvul.011G117500.1.p	Chr11	17.149.536	17.152.999	266	8,52	28928,02	35,00	stable	XP_007132703.1
PvEXLA-01	Phvul.011G024801.1.p	Chr11	2.237.180	2.238.984	261	6,8	28350,07	37,20	stable	None
PvEXLB-01	Phvul.002G001700.1.p	Chr2	127.767	129.960	251	6,22	28149,69	32,85	stable	XP_007156590.1
PvEXLB-02	Phvul.002G004100.1.p	Chr2	503.774	505.288	255	4,56	27841,96	42,92	unstable	XP_007156627.1
PvEXLB-03	Phvul.003G224600.1.p	Chr3	45.519.985	45.521.531	248	8,87	27546,53	31,78	stable	XP_007155708.1
PvEXLB-04	Phvul.003G224800.1.p	Chr3	45.538.140	45.539.776	251	5,94	27921,30	34,98	stable	XP_007155710.1
PvEXLB-05	Phvul.003G228000.1.p	Chr3	45.936.990	45.939.085	250	4,62	26857,10	37,08	stable	XP_007155744.1