

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



**ŞEKER PANCARINDA (*Beta vulgaris* L.) ISI ŞOKU  
PROTEİNLERİNİN *IN SILICO*  
ANALİZLERİ VE KURAKLIK-SICAKLIK STRESİNDE GEN  
EKSPRESYONLARININ  
ARAŞTIRILMASI**

**ERDOĞAN HORUZ**

**YÜKSEK LİSANS TEZİ**

**DOÇ. DR. YASEMİN ÇELİK ALTUNOĞLU**

**HAZİRAN - 2022**

**KASTAMONU**

## TAAHHÜTNAME

*Bu tezin tasarımı, hazırlanması, yürütülmesi, arařtırmalarının yapılması ve bulgularının analizlerinde bütün bilgilerin etik davranıř ve akademik kurallar çerçevesinde elde edilerek sunulduđunu; ayrıca tez yazım kurallarına uygun olarak hazırlanan bu alıřmada bana ait olmayan her türlü ifade ve bilginin kaynađına eksiksiz atıf yapıldıđını, bilimsel etiđe uygun olarak kaynak gösterildiđini bildirir ve taahhüt ederim.*

**Erdođan HORUZ**

## ÖZET

### YÜKSEK LİSANS TEZİ

#### ŞEKER PANCARINDA (*Beta vulgaris* L.) ISI ŞOKU PROTEİNLERİNİN *IN SILICO* ANALİZLERİ VE KURAKLIK-SICAKLIK STRESİNDE GEN EKSPRESYONLARININ ARAŞTIRILMASI

ERDOĞAN HORUZ

KASTAMONU ÜNİVERSİTESİ FEN BİLİMLERİ ENSTİTÜSÜ  
GENETİK VE BİYOMÜHENDİSLİK ANA BİLİM DALI

DANIŞMAN:DOÇ. DR. YASEMİN ÇELİK ALTUNOĞLU

Isı şoku proteinleri (Hsp) sıcaklık, kuraklık, tuzluluk, soğuk, UV ışığı ve oksidasyon gibi birçok başka stres altında ve normal koşullarda önemli fonksiyonlara sahip proteinlerdir. Isı şoku proteinlerinin şaperonlar olarak işlev görmesinin yanında denatüre proteinlerin yeniden katlanmasına, yeni oluşan polipeptitlerin katlanmasına ve denatüre protein agregatlarının yeniden çözülmesine yardımcı olur. Şeker pancarı (*Beta vulgaris* L.) şeker üretiminde, alkol üretiminde, hayvan yemi ve gübre yapımında kullanılan ekonomik değeri yüksek bir bitkidir. Şeker pancarı genom dizilimi 2014 yılında belirlenmiştir ve bu genom bilgileri kullanılarak 334 (42 adet *sHsp*, 108 adet *Hsp40*, 36 adet *Hsp60*, 29 adet *Hsp70*, 13 adet *Hsp90* ve 106 adet *Hsp100*) adet *BvHsp* geni saptanmıştır. *BvHsp* genleri kromozom üzerinde rastgele dağılım göstermiş ve en fazla *BvHsp* geninin kromozom 6 üzerinde olduğu belirlenmiştir. *BvHsp* genlerinde toplam 77 çift tandem ve 58 çift segmental duplikasyon tespit edilmiştir. Şeker pancarında 47 adet *Hsp* geninin intron içermediği belirlenmiştir. Şeker pancarı Hsp ailesinin evrimini anlamak için *Arabidopsis*, soya, çeltik ve kavak arasında sinteni analizi yapılmıştır. *BvHsp* genlerinde en fazla ortolog sayısı 323 çift ile soyada belirlenmiştir. Moleküler evrimsel analiz, *BvHsp* genlerinin evriminin negatif seleksiyona uğradığını göstermiştir. Farklı biyoinformatik yöntemler kullanılarak gen ontolojileri, hedef miRNA'ları, filogenetik ilişkileri, korunmuş motifleri, tahmini üç boyutlu protein yapıları ve açık veri tabanlarından elde edilen sıcaklık, tuz, ABA ve ışık streslerine ait transkriptom verileri kullanılarak bu genlerin ifade profilleri incelenmiştir. Ayrıca transkriptom analizi sonucunda seçilen 12 adet *BvHsp* geninin kuraklık, sıcaklık ve kombine strese karşı yaprak dokusundaki gen ifade düzeyleri, eş zamanlı PZR ile saptanmıştır. Seçilen bu genler arasından *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinin kuraklık, sıcaklık ve sıcaklık-kuraklık kombine strese karşı kuraklığa hassas, dayanıklı ve yabancı türde ifadelerinin büyük ölçüde arttığı belirlenmiştir. Bu genlerin kuraklık durumunda erken cevap oluşturabileceği düşünülebilir. Çalışmamız kuraklık, sıcaklık ve kombine streslere dayanıklı türlerin geliştirilmesine ve mahsülde kuraklık toleransının iyileştirilmesine katkıda bulunabilir.

**ANAHTAR KELİMELELER:**Şeker Pancarı, Isı Şoku Proteinleri (Hsp), Biyoinformatik, Abiyotik Stres, Gen İfadesi

Haziran 2022, 252 Sayfa

## ABSTRACT

### MSC THESIS

#### **IN SILICO ANALYSIS OF HEAT SHOCK PROTEINS IN SUGAR BEET (BETA VULGARIS L.) AND INVESTIGATION OF GENE EXPRESSION IN DROUGHT-HEAT STRESS**

**ERDOĞAN HORUZ**

**KASTAMONU UNIVERSITY INSTITUTE OF SCIENCE  
DEPARTMENT OF GENETICS AND BIOENGINEERING**

**SUPERVISOR: ASSOC. PROF. DR. YASEMİN ÇELİK ALTUNOĞLU**

Heat shock proteins (Hsp) have an important function in normal conditions and stress conditions such as heat, drought, salinity, cold, UV light, and oxidation. In addition, heat shock proteins have a function as chaperones and refold denatured proteins, fold newly polypeptides, and degradation. Sugar beet (*Beta vulgaris* L.) is a plant with high economic value that use in sugar production, alcohol production, animal feed, and fertilizer production. The sugar beet genome was sequenced in 2014 and 334 *BvHsps* included 42 *sHsp*, 108 *Hsp40*, 36 *Hsp60*, 29 *Hsp70*, 13 *Hsp90*, and 106 *Hsp100* genes were determined in the sugar beet genome. The *BvHsps* showed random distribution on the chromosomes and was determined that the most *BvHsp* gene was on chromosome 6. Tandem (77 pairs) and segmental (58 pairs) duplications were identified in *BvHsps*. A total of 47 *BvHsp* genes in sugar beet do not contain introns. Synteny analysis was performed between sugar beet and three plant species (including *Arabidopsis*, soybean, rice and, poplar) to better understand the evolution of the sugar beet Hsp family. The highest number of orthologs for *BvHsp* genes was determined between soybean genes with 323 pairs. Molecular evolutionary analysis showed that the evolution of *BvHsp* genes intensity negative (purifying) selection. Using different bioinformatics methods, gene ontologies, target miRNAs, phylogenetic relationships, conserved motifs, and predicted three-dimensional protein structures were determined. Besides, transcriptome data of stresses including heat, salt, ABA and light were accessed from the Sequence Read Archive (SRA) for the determination of expression profiles of *BvHsp* genes. As a result of transcriptome analysis, 12 *BvHsp* genes were selected, and then gene expression profiles in leaf tissue of drought, heat and combined stresses at 0, 0.5, 1 and 2 hours were examined with real-time PCR. Among them, *BvHsp70-22* and *BvHsp90-03* genes were determined that there were significantly increased in drought-sensitive, resistant and wild beet to response drought, heat and drought – heat combined stress. They may create an early response in drought tolerance. The study can provide development of drought, heat and combined stress resistant varieties and improvement of drought tolerance in the crop.

**KEYWORDS:** Sugar Beet, Heat Shock Proteins (Hsp), Bioinformatics, Abiotic Stress, Gene Expression

June 2022, 252 Page

## TEŞEKKÜR

Lisansüstü eğitimim boyunca, bilgi ve deneyimleri ile bana yol gösteren, önerileri ile beni yönlendiren, manevi olarak desteğini hiç esirgemeyen başta değerli danışman hocam Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU'na, çok değerli görüş, öneri ve dönütleri ile bilgisini, ilgisini ve deneyimlerini benden esirgemeyen sayın hocam Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU'na sonsuz teşekkürlerimi ve şükranlarımı sunarım.

Laboratuvar çalışmalarım süresince her zaman desteğini ve yardımlarını sunan Arş. Gör. Ferhat ULU'ya, Arş. Gör. Mustafa ÖÇAL'a ve başta Büşra ARSLAN olmak üzere tüm laboratuvar arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Teknik desteklerinden dolayı Doç. Dr. Orhan ÇORUM ve Dr. Öğr. Üyesi Mustafa HİTİT'e (Kastamonu Üniversitesi, Veteriner Fakültesi) teşekkür ederim.

Eğitim hayatım boyunca her zaman yanımda olan ve sevgisini her koşulda hissettiren canım annem Fidan HORUZ'a, inancımı ve desteğini hep hissettiren babam Bülent HORUZ'a ve evimizin neşe kaynakları kardeşlerim Elif HORUZ ve Alev HORUZ'a teşekkür ederim. Sevgi ve saygısını hep hissettiren, desteğiyle her zaman yanımda olan, hayatımın her anını güzelleştiren sevgili Tuğçe BAYRAM'a teşekkürlerimi sunarım.

Bu çalışma, Kastamonu Üniversitesi Bilimsel Araştırma Projeleri Koordinasyon Birimi tarafından, KÜ-BAP01/2020-56 numaralı "Şeker Pancarı Genomunda Isı Şoku Protein (Hsp) Ailesi Üyelerinin Belirlenmesi, Karakterizasyonu ve Kuraklık ile Sıcaklık Kombine Stres Altında Gen İfade Analizlerinin İncelenmesi" isimli proje kapsamında desteklenmiştir. Desteklerinden dolayı KÜBAP'a teşekkür ederim. Bursiyeri olduğum 2190268 (TÜBİTAK-TOVAG-1001) kodlu "Soğukta Depolama Altındaki Elmada Hormon Etkileşimlerinin Fizyoloji ve Transkriptom Seviyesinde Karşılaştırılmalı Analizleri" isimli proje Türkiye Bilimsel ve Teknolojik Araştırma Kurumu tarafından desteklenmiştir. Desteklerinden dolayı TÜBİTAK'a teşekkür ederim.

ERDOĞAN HORUZ

Kastamonu, 2022

# İÇİNDEKİLER

## Sayfa

TEZ ONAYI .....	ii
TAAHHÜTNAME .....	iii
ÖZET.....	iv
ABSTRACT .....	v
TEŞEKKÜR .....	vi
İÇİNDEKİLER .....	vii
ŞEKİLLER DİZİNİ .....	xii
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ .....	xvi
<b>1. GİRİŞ.....</b>	<b>1</b>
1.1 Şeker Pancarı ( <i>Beta vulgaris</i> L.) .....	1
1.2 Isı Şoku Proteinleri .....	3
1.2.1 Küçük Isı Şoku Proteinleri (sHsp).....	3
1.2.2 Isı Şoku Proteini 40 (Hsp40) .....	4
1.2.3 Isı Şoku Proteini 60 (Hsp60) .....	6
1.2.4 Isı Şoku Proteini 70 (Hsp70) .....	8
1.2.5 Isı Şoku Proteini 90 (Hsp90) .....	10
1.2.6 Isı Şoku Proteini 100 (Hsp100) .....	12
1.3 Bitkilerde Stres Kavramı .....	14
1.3.1 Sıcaklık Stresi .....	14
1.3.2 Kuraklık Stresi .....	15
1.4 Gen İfadesinin Belirlenmesi İçin Kullanılan Yöntemler.....	15
1.4.1 Gerçek Zamanlı RT (Ters Transkripsiyon)-PZR.....	17
1.4.2 RNA Dizileme (RNA-Seq).....	17
<b>2. KURAMSAL ÇERÇEVE .....</b>	<b>19</b>
<b>3. MATERYAL VE YÖNTEM .....</b>	<b>22</b>
3.1 Kimyasal Madde ve Kitler .....	22
3.2 Kullanılan Cihaz ve Aletler .....	22
3.3 <i>Hsp</i> Genlerinin Şeker Pancarında Belirlenmesi .....	23
3.4 Dizilerinin Hizalanması, Filogenetik Ağaç Oluşturulması, Korunmuş Motiflerin Tespiti ve Gen Yapısının Tahmini .....	24
3.5 Gen Ontoloji Analizleri .....	24
3.6 <i>Hsp</i> Genlerinin Kromozom Yerleşimleri, Duplikasyon ve Sinteni Analizi .....	24
3.7 Homolog ve Homolog Olmayan Değişim Oranlarının Hesaplanması .....	25
3.8 <i>Hsp</i> Transkriplerini Hedef Alan miRNA'ların <i>in silico</i> Tanımlanması ....	25
3.9 Isı Şoku Proteinlerinin Homoloji Modellemesi.....	26
3.10 Transkriptom Verileri Aracılığıyla Şeker Pancarı <i>Hsp</i> Genlerine Ait İfade Profillerinin Çıkarılması.....	26
3.11 Bitki Materyali ve Stres Uygulamaları.....	27
3.12 Moleküler Genetik Analizleri.....	27
3.12.1 RNA İzolasyonu .....	27
3.12.2 DNaz Muamelesi .....	28
3.12.3 Komplementer DNA Sentezi.....	28
3.12.4 Primer Tasarımı .....	29

3.12.5	Agaroz Jel Elektroforezi .....	29
3.12.6	Şeker Pancarı Isı Şoku Genlerinin İfadelerinin Gerçek Zamanlı- PZR İle Doğrulanması .....	30
<b>4.</b>	<b>BULGULAR .....</b>	<b>32</b>
4.1	Biyoinformatik Analizler .....	32
4.1.1	<i>BvsHsp</i> Genlerinin Biyoinformatik Analizleri .....	32
4.1.1.1	<i>BvsHsp</i> genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi .....	32
4.1.1.2	<i>BvsHsp</i> genlerinin kromozomal dağılımı.....	32
4.1.1.3	<i>BvsHsp</i> genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları .....	34
4.1.1.4	<i>BvsHsp</i> genlerinin yapısı.....	35
4.1.1.5	<i>BvsHsp</i> proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri.....	36
4.1.1.6	<i>BvsHsp</i> proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi .....	38
4.1.1.7	<i>BvsHsp</i> genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları .....	39
4.1.1.8	<i>BvsHsp</i> transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması.....	41
4.1.1.9	<i>BvsHsp</i> proteinlerinin homoloji modellemesi .....	42
4.1.1.10	<i>BvsHsp</i> genlerinin ontoloji analizi .....	43
4.1.1.11	<i>BvsHsp</i> genlerinin transkriptom analizi .....	43
4.1.2	<i>BvHsp40</i> Genlerinin Biyoinformatik Analizleri.....	44
4.1.2.1	<i>BvHsp40</i> genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi.....	44
4.1.2.2	<i>BvHsp40</i> genlerinin kromozomal dağılımı .....	45
4.1.2.3	<i>BvHsp40</i> genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları .....	45
4.1.2.4	<i>BvHsp40</i> genlerinin yapısı .....	47
4.1.2.5	<i>BvHsp40</i> proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri .....	49
4.1.2.6	<i>BvHsp40</i> proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi.....	50
4.1.2.7	<i>BvHsp40</i> genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları .....	52
4.1.2.8	<i>BvHsp40</i> transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması ....	54
4.1.2.9	<i>BvHsp40</i> proteinlerinin homoloji modellemesi.....	55
4.1.2.10	<i>BvHsp40</i> genlerinin ontoloji analizi.....	56
4.1.2.11	<i>BvHsp40</i> genlerinin transkriptom analizi.....	57
4.1.3	<i>BvHsp60</i> Genlerinin Biyoinformatik Analizleri.....	61
4.1.3.1	<i>BvHsp60</i> genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi.....	61
4.1.3.2	<i>BvHsp60</i> genlerinin kromozomal dağılımı .....	61
4.1.3.3	<i>BvHsp60</i> genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları .....	63
4.1.3.4	<i>BvHsp60</i> genlerinin yapısı .....	64
4.1.3.5	<i>BvHsp60</i> proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri .....	65
4.1.3.6	<i>BvHsp60</i> proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi.....	66
4.1.3.7	<i>BvHsp60</i> genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları .....	67
4.1.3.8	<i>BvHsp60</i> transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması ....	70
4.1.3.9	<i>BvHsp60</i> proteinlerinin homoloji modellemesi.....	71
4.1.3.10	<i>BvHsp60</i> genlerinin ontoloji analizi.....	72
4.1.3.11	<i>BvHsp60</i> genlerinin transkriptom analizi.....	73
4.1.4	<i>BvHsp70</i> Genlerinin Biyoinformatik Analizleri.....	75
4.1.4.1	<i>BvHsp70</i> genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi.....	75
4.1.4.2	<i>BvHsp70</i> genlerinin kromozomal dağılımı .....	76
4.1.4.3	<i>BvHsp70</i> genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları .....	78
4.1.4.4	<i>BvHsp70</i> genlerinin yapısı .....	79

4.1.4.5 BvHsp70 proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri .....	80
4.1.4.6 BvHsp70 proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi.....	81
4.1.4.7 <i>BvHsp70</i> genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları .....	82
4.1.4.8 BvHsp70 transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması ....	84
4.1.4.9 BvHsp70 proteinlerinin homoloji modellemesi.....	86
4.1.4.10 <i>BvHsp70</i> genlerinin ontoloji analizi.....	87
4.1.4.11 <i>BvHsp70</i> genlerinin transkriptom analizi.....	88
4.1.5 <i>BvHsp90</i> Genlerinin Biyoinformatik Analizleri.....	89
4.1.5.1 <i>BvHsp90</i> genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi.....	89
4.1.5.2 <i>BvHsp90</i> genlerinin kromozomal dağılımı .....	89
4.1.5.3 <i>BvHsp90</i> genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları .....	90
4.1.5.4 <i>BvHsp90</i> genlerinin yapısı .....	91
4.1.5.5 BvHsp90 proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri .....	91
4.1.5.6 BvHsp90 proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi.....	92
4.1.5.7 <i>BvHsp90</i> genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları .....	93
4.1.5.8 BvHsp90 transkriptlerini alan hedef miRNA'ların tanımlanması ....	95
4.1.5.9 BvHsp90 proteinlerinin homoloji modellemesi.....	96
4.1.5.10 <i>BvHsp90</i> genlerinin ontoloji analizi.....	97
4.1.5.11 <i>BvHsp90</i> genlerinin transkriptom analizi.....	98
4.1.6 <i>BvHsp100</i> Genlerinin Biyoinformatik Analizleri.....	99
4.1.6.1 <i>BvHsp100</i> genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi... 99	
4.1.6.2 <i>BvHsp100</i> genlerinin kromozomal dağılımı .....	100
4.1.6.3 <i>BvHsp100</i> genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları .....	102
4.1.6.4 <i>BvHsp100</i> genlerinin yapısı .....	103
4.1.6.5 BvHsp100 proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri .....	105
4.1.6.6 BvHsp100 proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi.....	106
4.1.6.7 <i>BvHsp100</i> genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları .....	108
4.1.6.8 BvHsp100 transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması 110	
4.1.6.9 BvHsp100 proteinlerinin homoloji modellemesi.....	111
4.1.6.10 <i>BvHsp100</i> genlerinin ontoloji analizi.....	112
4.1.6.11 <i>BvHsp100</i> genlerinin transkriptom analizi.....	114
4.1.7 <i>BvHsp</i> Genlerinin Karşılaştırılması .....	117
4.2 Gen İfadesi Analizleri .....	119
4.2.1 Bitki Materyali ve Stres Uygulamaları .....	119
4.2.2 RNA İzolasyonu .....	120
4.2.3 Hsp Genlerinin Bağlanma Sıcaklıklarının Belirlenmesi.....	121
4.2.4 Şeker Pancarı ve Yabani Pancar <i>Hsp</i> Genlerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi.....	121
4.2.4.1 Şeker pancarı bitkisinin kuraklığa dayanıklı genotipinde <i>Hsp</i> genlerinin ifade seviyelerinin belirlenmesi .....	121
4.2.4.2 Şeker pancarı bitkisinin kuraklığa hassas genotipinde <i>Hsp</i> genlerinin ifade seviyelerinin belirlenmesi.....	125
4.2.4.3 Yabani pancar türünde <i>Hsp</i> genlerinin ifade seviyelerinin belirlenmesi.....	129
<b>5. SONUÇ VE TARTIŞMA.....</b>	<b>133</b>
<b>6. ÖNERİLER.....</b>	<b>144</b>

<b>KAYNAKLAR .....</b>	<b>145</b>
<b>EKLER.....</b>	<b>157</b>
EK 1 Şeker Pancarı sHsp Proteini Kataloğu .....	158
EK 2 BvsHsp Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları .....	160
EK 3 <i>BvsHsp</i> Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	163
EK 4 <i>BvsHsp</i> Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	164
EK 5 <i>BvsHsp</i> Genlerinin <i>Arabidopsis</i> , Çeltik, Kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	165
EK 6 BvsHsp Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu .....	168
EK 7 Şeker Pancarı Hsp40 Proteini Kataloğu.....	169
EK 8 BvHsp40 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları.....	173
EK 9 <i>BvHsp40</i> Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	181
EK 10 <i>BvHsp40</i> Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	182
EK 11 <i>BvHsp40</i> Genlerinin <i>Arabidopsis</i> , Çeltik, Kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	183
EK 12 BvHsp40 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu .....	191
EK 13 Şeker Pancarı BvHsp60 Proteini Kataloğu .....	193
EK 14 <i>BvHsp60</i> Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları .....	195
EK 15 <i>BvHsp60</i> Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları.....	198
EK 16 <i>BvHsp60</i> Genlerinin <i>Arabidopsis</i> , Çeltik kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	199
EK 17 BvHsp60 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu .....	201
EK 18 Şeker Pancarı Hsp70 Proteini Kataloğu.....	205
EK 19 BvHsp70 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları.....	207
EK 20 <i>BvHsp70</i> Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	210
EK 21 <i>BvHsp70</i> Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	211
EK 22 <i>BvHsp70</i> Genlerinin <i>Arabidopsis</i> , çeltik, kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	212
EK 23 BvHsp70 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu .....	214
EK 24 Şeker Pancarı Hsp90 Proteini Kataloğu.....	218
EK 25 BvHsp90 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları.....	219
EK 26 <i>BvHsp90</i> Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	220
EK 27 <i>BvHsp90</i> Genlerinin <i>Arabidopsis</i> , kavak, soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	221
EK 28 BvHsp90 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu .....	222
EK 29 Şeker Pancarı Hsp100 Proteini Kataloğu.....	226
EK 30 BvHsp100 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları.....	231
EK 31 <i>BvHsp100</i> Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	238
EK 32 <i>BvHsp100</i> Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	239

EK 33 <i>BvHsp100</i> Genlerinin <i>Arabidopsis</i> , Çeltik, Kavak ve Soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları .....	240
EK 34 <i>BvHsp100</i> Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu .....	248
EK 35 <i>BvHsp</i> Genlerinin Erime Eğri Grafikleri .....	250
<b>ÖZGEÇMİŞ</b> .....	<b>251</b>

## ŞEKİLLER DİZİNİ

### Sayfa

Şekil 1. 1 sHsp'lerin çalışma mekanizması. ....	4
Şekil 1. 2 Hsp40 (J Protein) ve Hsp70 ailelerinin çalışma mekanizması.....	5
Şekil 1. 3 Grup I, Grup II ve Grup III şaperoninlerin yapısal özellikleri.....	7
Şekil 1. 4 Şaperoninlerin fonksiyon mekanizması.....	8
Şekil 1. 5 Hsp70 ailesinin çeşitli fonksiyonları.....	9
Şekil 1. 6 Hsp70 ailesinin domain yapısı, organizasyonu ve etki mekanizması.....	10
Şekil 1. 7 Hsp90'ın fonksiyonu, yapısı ve konformasyonel döngüsü .....	11
Şekil 1. 8 Hsp100'ün domain yapısı ve organizasyonu.....	13
Şekil 3. 1 Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon koşulları .....	31
Şekil 4. 1 <i>BvsHsp</i> genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı .....	33
Şekil 4. 2 <i>BvsHsp</i> genlerinin segmental duplikasyonu .....	35
Şekil 4. 3 <i>BvsHsp</i> genlerinin ekzon-intron organizasyonları .....	36
Şekil 4. 4 <i>BvsHsp</i> genlerinin filogenetik sınıflandırılması.....	37
Şekil 4. 5 <i>BvsHsp</i> proteinlerinin korunmuş motif içerikleri .....	38
Şekil 4. 6 <i>BvsHsp</i> genlerinin <i>Arabidopsis</i> , çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi .....	40
Şekil 4. 7 <b>A</b> <i>BvsHsp</i> genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı <b>B</b> Ortologların birbirinden ayrılma zamanları .....	41
Şekil 4. 8 <i>BvsHsp-34</i> ve <i>BvHsp-38</i> transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli ....	41
Şekil 4. 9 <i>BvsHsp-34</i> ve <i>BvHsp-38</i> proteinlerin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu .....	42
Şekil 4. 10 <i>BvsHsp</i> genlerinin fonksiyonel analizleri .....	43
Şekil 4. 11 <i>BvsHsp</i> genlerinin çeşitli stres altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları .....	44
Şekil 4. 12 <i>BvHsp40</i> genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı.....	46
Şekil 4. 13 <i>BvHsp40</i> genlerinin segmental duplikasyonu.....	47
Şekil 4. 14 <i>BvHsp40</i> genlerinin ekzon-intron organizasyonları.....	48
Şekil 4. 15 <i>BvHsp40</i> proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması .....	50
Şekil 4. 16 <i>BvHsp40</i> proteinlerinin korunmuş motif içerikleri .....	51
Şekil 4. 17 <i>BvHsp40</i> genlerinin <i>Arabidopsis</i> , çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi .....	53
Şekil 4. 18 <b>A</b> <i>BvHsp40</i> genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı <b>B</b> Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları.....	54
Şekil 4. 19 <i>BvHsp40-03</i> ve <i>BvHsp40-44</i> transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli .....	55
Şekil 4. 20 <i>BvHsp40-03</i> ve <i>BvHsp40-44</i> proteinlerin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu .....	56
Şekil 4. 21 <i>BvHsp40</i> genlerinin fonksiyonel analizleri.....	57
Şekil 4. 22 <i>BvHsp40</i> genlerinin sıcaklık, tuz ve ışık stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	58
Şekil 4. 23 <i>BvHsp40</i> genlerinin ABA stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	59
Şekil 4. 24 <i>BvHsp40</i> genlerinin yaprak ve kök dokusunda tuz stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	60

Şekil 4. 25 <i>BvHsp60</i> genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı.....	62
Şekil 4. 26 <i>BvHsp60</i> genlerinin segmental duplikasyonu.....	64
Şekil 4. 27 <i>BvHsp60</i> genlerinin ekzon-intron organizasyonları.....	65
Şekil 4. 28 <i>BvHsp60</i> proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması.....	66
Şekil 4. 29 <i>BvHsp60</i> genlerinin korunmuş motif içerikleri.....	67
Şekil 4. 30 <i>BvHsp60</i> genlerinin <i>Arabidopsis</i> , çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi.....	68
Şekil 4. 31 <b>A</b> <i>BvHsp60</i> genlerinin çeşitli türler ile ortogların venn diyagramı <b>B</b> Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları.....	69
Şekil 4. 32 <i>BvHsp60-01</i> transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli.....	70
Şekil 4. 33 <i>BvHsp60-28</i> transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli.....	71
Şekil 4. 34 <i>BvHsp60-28</i> proteininin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu.....	72
Şekil 4. 35 <i>BvHsp60</i> genlerinin fonksiyonel analizleri.....	73
Şekil 4. 36 <i>BvHsp60</i> genlerinin sıcaklık, tuz ve ışık stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	74
Şekil 4. 37 <i>BvHsp60</i> genlerinin ABA ve yaprak dokusunda tuz stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	75
Şekil 4. 38 <i>BvHsp70</i> genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı.....	77
Şekil 4. 39 <i>BvHsp70</i> genlerinin segmental duplikasyonu.....	79
Şekil 4. 40 <i>BvHsp70</i> genlerinin ekzon-intron organizasyonları.....	80
Şekil 4. 41 <i>BvHsp70</i> proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması.....	81
Şekil 4. 42 <i>BvHsp70</i> proteinlerinin korunmuş motif içerikleri.....	82
Şekil 4. 43 <i>BvHsp70</i> genlerinin <i>Arabidopsis</i> , çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi.....	83
Şekil 4. 44 <b>A</b> <i>BvHsp70</i> genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı <b>B</b> Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları.....	84
Şekil 4. 45 <i>BvHsp70-20</i> ve <i>BvHsp70-22</i> transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli.....	85
Şekil 4. 46 <i>BvHsp70-20</i> ve <i>BvHsp70-22</i> proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu.....	86
Şekil 4. 47 <i>BvHsp70</i> genlerinin fonksiyonel analizleri.....	87
Şekil 4. 48 <i>BvHsp70</i> genlerinin çeşitli stres altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	88
Şekil 4. 49 <i>BvHsp90</i> genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı.....	89
Şekil 4. 50 <i>BvHsp90</i> genlerinin segmental duplikasyonu.....	90
Şekil 4. 51 <i>BvHsp90</i> genlerinin ekzon-intron organizasyonları.....	91
Şekil 4. 52 <i>BvHsp90</i> proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması.....	92
Şekil 4. 53 <i>BvHsp90</i> proteinlerinin korunmuş motif içerikleri.....	93
Şekil 4. 54 <i>BvHsp90</i> genlerinin <i>Arabidopsis</i> , kavak ve soya arasındaki sinteni analizi.....	94
Şekil 4. 55 <b>A</b> <i>BvHsp90</i> genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı <b>B</b> Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları.....	95
Şekil 4. 56 <i>BvHsp90-03</i> ve <i>BvHsp90-07</i> transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli.....	96
Şekil 4. 57 <i>BvHsp90-03</i> ve <i>BvHsp90-07</i> proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu.....	97
Şekil 4. 58 <i>BvHsp90</i> genlerinin fonksiyonel analizleri.....	98
Şekil 4. 59 <i>BvHsp90</i> genlerinin çeşitli stres altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	99

Şekil 4. 60 <i>BvHsp100</i> genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı.....	101
Şekil 4. 61 <i>BvHsp100</i> genlerinin segmental duplikasyonu.....	103
Şekil 4. 62 <i>BvHsp100</i> genlerinin ekzon-intron organizasyonları.....	104
Şekil 4. 63 <i>BvHsp100</i> proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması.....	106
Şekil 4. 64 <i>BvHsp100</i> proteinlerinin korunmuş motif içerikleri.....	107
Şekil 4. 65 <i>BvHsp100</i> genlerinin <i>Arabidopsis</i> , kavak, soya ve çeltik arasındaki sinteni analizi.....	109
Şekil 4. 66 <b>A</b> <i>BvHsp100</i> genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı <b>B</b> Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları.....	110
Şekil 4. 67 <i>BvHsp100-12</i> ve <i>BvHsp100-58</i> transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli.....	111
Şekil 4. 68 <i>BvHsp100-12</i> ve <i>BvHsp100-58</i> proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu.....	112
Şekil 4. 69 <i>BvHsp100</i> genlerinin fonksiyonel analizleri.....	113
Şekil 4. 70 <i>BvHsp40</i> genlerinin sıcaklık, tuz ve ışık stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	115
Şekil 4. 71 <i>BvHsp100</i> genlerinin ABA stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	116
Şekil 4. 72 <i>BvHsp100</i> genlerinin yaprak ve kök dokusunda tuz stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları.....	117
Şekil 4. 73 <b>A</b> <i>Hsp</i> genlerinin kromozom üzerindeki dağılımı <b>B</b> <i>Hsp</i> gruplarının dağılımı <b>C</b> <i>Hsp</i> genlerinin kromozomal dağılımı.....	118
Şekil 4. 74 <i>BvHsp</i> genlerinin segmental duplikasyonu.....	119
Şekil 4. 75 Ekilen şeker pancarı bitkisinin 4 haftalık ve stres uygulanmış görüntüleri.....	120
Şekil 4. 76 Pancar bitkilerinden RNA izolasyonu.....	120
Şekil 4. 77 <i>BvHsp</i> genlerinin bağlanma sıcaklıkları.....	121
Şekil 4. 78 Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin sıcaklık stresi altında gen ifade seviyesi.....	122
Şekil 4. 79 Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi.....	123
Şekil 4. 80 Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyesi.....	124
Şekil 4. 81 Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin sıcaklık stresi altında gen ifade seviyesi.....	126
Şekil 4. 82 Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi.....	127
Şekil 4. 83 Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyesi.....	128
Şekil 4. 84 Yabani pancar türünün sıcaklık stresi altında gen ifade seviyesi.....	130
Şekil 4. 85 Yabani pancar türünün kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi.....	131
Şekil 4. 86 Yabani pancar türünün sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyesi.....	132
Şekil 5. 1 Seçilen <i>BvHsp</i> genlerinin ifadelerinin ısı haritası ve venn diyagramı <b>A</b> Kuraklığa dayanıklı genotip. <b>B</b> Kuraklığa hassas genotip. <b>C</b> Yabani tür.....	142

## TABLÖLAR DİZİNİ

### Sayfa

Tablo 1. 1 Türkiye şeker pancarı ekim, üretim, verim, ithalat ve ihracat miktarı.....	2
Tablo 1. 2 En büyük şeker pancarı üreticisi ülkeler .....	2
Tablo 1. 3 Gen ifade analizlerinde kullanılan yöntemler .....	16
Tablo 3. 1 Şeker pancarı bitkisi için kullanılan transkriptom okuma numaraları ....	27
Tablo 3. 2 Kullanılan primerlerin dizileri ve temel özellikleri .....	29
Tablo 3. 3 PZR reaksiyonunda kullanılan bileşenler .....	30
Tablo 3. 4 Reaksiyon koşulları.....	30
Tablo 3. 5 Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon bileşimleri .....	31
Tablo 5. 1 Farklı bitki türlerindeki <i>Hsp</i> genlerinin sayısı .....	134

## SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

<b>ATP</b>	: Adenozin Tri Fosfat
<b>BLAST</b>	: Temel Yerel Hizalama Arama Aracı
<b>bç</b>	: Baz Çifti
<b>cDNA</b>	: Komplementer DNA
<b>Ct</b>	: Cycle Threshold (Döngü Eşiği)
<b>CTD</b>	: Karboksil terminal domaini
<b>Da</b>	: Dalton- Atomik kütle birimi
<b>DNA</b>	: Deoksiribo Nükleik Asit
<b>dNTP</b>	: Deoksiribonükleotid Trifosfat
<b>EDTA</b>	: Etilendiamin Tetraasetik Asit
<b>E-value</b>	: Beklenti Değeri
<b>FAO</b>	: Food and Agriculture Organization
<b>Hsp</b>	: Isı Şoku Proteinleri
<b>Ka</b>	: Homolog Olmayan Değişim Oranı
<b>KD</b>	: Kuraklığa Dayanıklı
<b>kDa</b>	: Kilodalton
<b>Kg</b>	: Kilogram
<b>KH</b>	: Kuraklığa Hassas
<b>Ks</b>	: Homolog Değişim Oranı
<b>Ks/Ka</b>	: Homolog Değişimlerin Homolog Olmayan Değişimlere Oranı
<b>L</b>	: Litre
<b>M</b>	: Molar
<b>Mb:</b>	: Baz Çifti
<b>Mbç</b>	: Bir Milyon Baz Çifti
<b>MEME</b>	: Multiple EM for Motif Elicitation
<b>MD</b>	: Orta domaini
<b>mg</b>	: Miligram
<b>MgCl<sub>2</sub></b>	: Magnezyum Klorür
<b>miRNA</b>	: Mikro RNA
<b>ml</b>	: Mililitre
<b>mRNA</b>	: Mesajcı Ribo Nükleik Asit
<b>M.Ö</b>	: Milattan Önce
<b>MYÖ</b>	: Milyon Yıl Önce
<b>NBD</b>	: Nükleotid bağlama domaini
<b>NBD-2</b>	: İkinci nükleotid bağlama domaini
<b>NEF</b>	: Nükleotid değişim faktörü
<b>ng</b>	: Nanogram
<b>NTD</b>	: Amino-terminal domaini
<b>PDB</b>	: Protein Data Bank
<b>PEG</b>	: Polietilen Glikol 6000
<b>PZR</b>	: Polimer Zincir Reaksiyonu
<b>pl</b>	: İzoelektronik Etki Değeri
<b>Ppi</b>	: Pirofosfat
<b>RNA</b>	: Ribo Nükleik Asit
<b>RNAz</b>	: RiboNükleaz

<b>rpm</b>	: Rotation Per Minute (Dakikadaki Devir Sayısı)
<b>qRT-PZR</b>	: Real Time PZR (Gerçek Zamanlı-PZR)
<b>sn</b>	: Saniye
<b>SBD<math>\beta</math></b>	: Substrat bağlama domaini
<b>SBD<math>\alpha</math></b>	: Helikal kapak domaini
<b>SRA</b>	: Sequence Read Archive
<b>TAE</b>	: Tris-Asetat Tamponu
<b>TÜİK</b>	: Türkiye İstatistik Kurumu
<b>T<sub>m</sub></b>	: Erime Sıcaklığı- Hidrojen Bağlarının Oluştığı Sıcaklık
<b>YT</b>	: Yabani Tür
<b>°C</b>	: Santigrad
<b>~</b>	: Yaklaşık olarak
<b><math>\mu</math></b>	: Mikro
<b><math>\mu\text{mol}</math></b>	: Mikromol
<b><math>\mu\text{M}</math></b>	: Mikromolar
<b><math>\mu\text{l}</math></b>	: Mikrolitre

# 1. GİRİŞ

## 1.1 Şeker Pancarı (*Beta vulgaris* L.)

Şeker pancarının, çiçekli bitkiler (Caryophyllales) takımı Chenopodiaceae familyası *Beta* cinsi *Beta vulgaris* var. *saccharifera* türü içinde yer aldığı,  $2n = 18$  kromozoma sahip ve tahmini genom boyutunun 714-758 Mb olduğu bilinmektedir (Dohm vd., 2014).

Şeker pancarından ilk olarak Mezopotamya yazıtlarında söz edilmektedir. Akdeniz’de yetişen deniz pancarı (sea beet, *Beta maritima*), pancarın atası olarak kabul edilmektedir. Akdeniz’den Kuzey Afrika’ya ve Avrupa’nın Akdeniz Bölgesine yayılan şeker pancarı, ilk olarak yaprakları için daha sonra kökleri için büyütülmeye başlanmıştır. Avrupa’da pancar, ilk hayvan yemi olarak kullanılmış ve 16. yüzyılda insan tüketimi için popüler sebze haline gelmiştir. 19. yüzyılda simyacılar ve kimyacılar tarafından pancar kökünün şeker kaynağı olduğu keşfedilmiştir (Attokaran, 2011). Şeker, beslenmedeki yeri ve enerji kaynağı olması nedeniyle önemli bir gıda maddesidir. Ekonomik değeri yüksek olan şeker pancarı, şeker üretiminde, alkol üretiminde, hayvan yemi ve gübre yapımında kullanılmaktadır. Bunlara ek olarak maya, antibiyotik ve bioetanol ürünlerinin hammaddesini oluşturmakta ve küresel şeker talebinin yaklaşık %30’unu karşılamaktadır (Dohm vd., 2014; Dutton ve Huijbregts, 2006; Sunulu ve Sunulu, 2016).

Ülkemizin iklim koşulları şeker kamışı yetiştiriciliğine uygun olmadığından şeker üretimi şeker pancarından yapılmaktadır. Ülkemizde sözleşmeli üretimin ilk örneklerinden biri olan şeker pancarı üretimi, tarımın sanayiye entegre olmasını sağlamıştır ve ülkemizde tarıma dayalı sanayinin gelişmesinde lokomotif görevi görmüştür. Şeker pancarı tarımı ve şeker üretimi, T.C. Gıda Tarım ve Hayvancılık Bakanlığı kontrolünde Türkşeker, Pankobirlik ve Özel Şeker Fabrikaları olmak üzere 33 fabrika ile ülkemizde en iyi organize üretim sistemine sahiptir (Türkşeker, 2020). Türkiye’nin son 10 yılda şeker pancarı ekim alanları değişiklik göstermiş olup ekilen alana oranla, üretilen pancar ve verim artış göstermektedir. Türkiye’nin son 10 yılda

şeker pancarı ihracatında %153,47 artış ve ithalatında %397,55 artış görülmüştür (Tablo 1.1).

Tablo 1. 1 Türkiye şeker pancarı ekim, üretim, verim, ithalat ve ihracat miktarları (TUİK, 2022)

	Ekilen Alan (Dekar)	Üretilen Pancar (Ton)	Verim (Kg/Da)	Şeker İthalat (Ton)	Şeker İhracat (Ton)
2010	3.291.669	17.942.112	5.459	43.701	233.805
2011	2.972.648	16.126.489	5.488	47.670	252.849
2012	2.806.945	14.919.940	5.325	55.441	282.590
2013	2.913.282	16.488.590	5.668	56.591	269.915
2014	2.887.851	16.743.045	5.824	132.673	272.798
2015	2.744.873	16.022.783	5.848	327.633	251.833
2016	3.224.477	19.592.731	6.086	310.608	268.649
2017	3.392.742	21.149.020	6.241	291.092	251.319
2018	2.921.044	17.436.100	5.998	242.211	377.717
2019	3.137.891	18.054.320	5.822	283.662	244.712
2020	3.381.078	23.025.738	6.846	217.436	592.629
2021	2.893.167	18.250.000	6.316	-	-

Şeker pancarı doğrudan veya dolaylı olarak yaklaşık 10 milyon kişiyi etkilemekte olup hayvancılık, ilaç sanayisi, ulaşım sektörü ve istihdam alanında ekonomiye yüksek oranda katma değer yaratmaktadır (Eştürk, 2018). Türkiye, dünya şeker pancarı ekim alanı ve üretimi sıralamasında 5. sırada bulunmaktadır. Türkiye şeker pancarı veriminde Almanya, Hollanda, Japonya, Belçika ve Danimarka'dan sonra 6. sırada yer almaktadır (Tablo 1.2).

Tablo 1. 2 En büyük şeker pancarı üreticisi ülkeler (2020) (FAO, 2022)

Ülke	Ekim Alanı (Ha)	Üretim (ton)	Verim (Kg/Ha)
Rusya	916.647	33.915.086	36.999
ABD	462.280	30.497.740	65.972
Fransa	420.890	26.195.460	62.238
Almanya	386.000	28.618.100	74.140
<b>Türkiye</b>	<b>336.348</b>	<b>23.025.738</b>	<b>68.458</b>
Polonya	245.920	14.171.540	57.626
Ukrayna	220.000	9.150.180	41.591
Çin	195.246	11.597.764	59.400
İngiltere	111.100	5.980.000	53.825
İran	93.658	6.225.795	66.473
Belarus	83.193	4.010.943	48.212
Hollanda	81.460	6.691.360	82.142
Çekya	59.680	3.671.230	61.515
Fas	57.589	3.631.554	63.059
Japonya	56.800	3.912.000	68.873
Belçika	56.750	4.783.970	84.299
Sırbistan	37.418	2.018.215	53.937
Danimarka	33.200	2.558.600	77.066

## 1.2 Isı Şoku Proteinleri

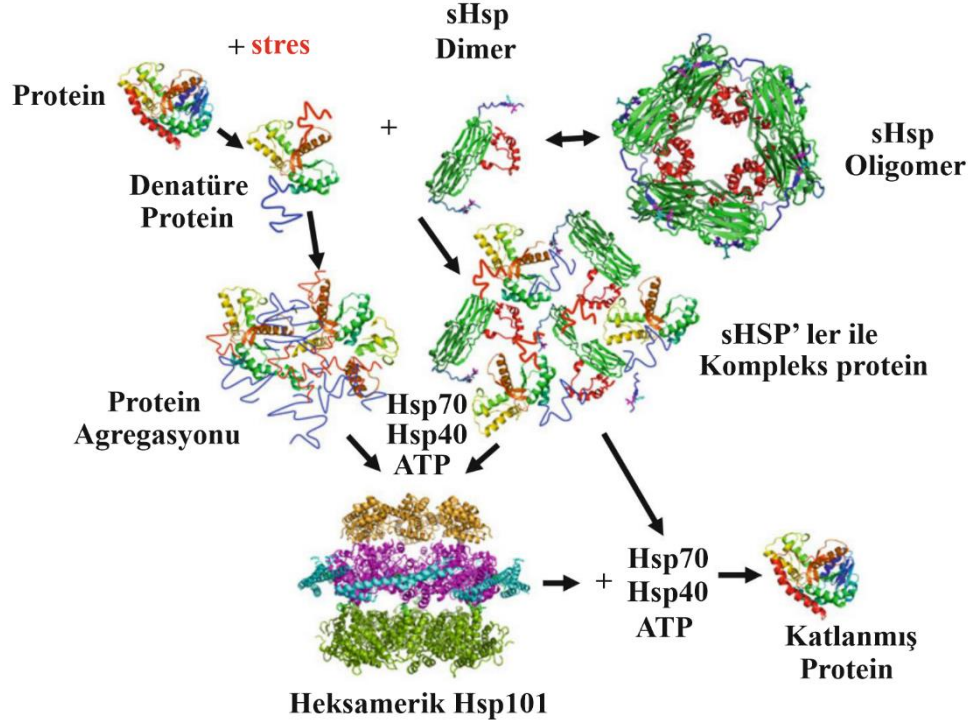
Isı şoku proteinleri (Hsp) ilk olarak 1962 yılında *Drosophila melanogaster* hücrelerinde ısı şoku proteinleri olarak tanımlanmıştır (Ritossa, 1962). Sıcaklığa ek olarak, kuraklık, tuzluluk, soğuk, UV ışığı ve oksidasyon gibi birçok başka stres altında uyarıldıkları bilinmektedir (Cho ve Choi, 2009; He vd., 2015; Liu vd., 2010; Rizhsky vd., 2002). Bazı ısı şoku proteinlerinin bitkilerde ve hayvanlarda viral enfeksiyonlar ile ilişkili olduğu belirlenmiştir (Gorovits ve Czosnek, 2017; Lahaye vd., 2012). Bunlara ek olarak, ısı şoku proteinleri şaperonlar olarak işlev görür ve denatüre proteinlerin yeniden katlanmasına, yeni oluşan polipeptitlerin katlanmasına ve denatüre protein agregatlarının çözülmesine yardımcı olur (Lubben vd., 1989; Qiu vd., 2006; Suzuki vd., 2009). Isı şoku proteinleri moleküler ağırlıklarına ve işlevlerine göre altı grupta sınıflandırılır: küçük ısı şoku proteinleri (sHsps), Hsp40 (J-proteinler), Hsp60 (şaperonlar), Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 (Clp proteinler) (NS vd., 2012).

### 1.2.1 Küçük Isı Şoku Proteinleri (sHsp)

Küçük ısı şoku proteinleri (sHsp) eski, önemli ve çeşitli protein ailesidir. sHsp'ler 12-43 kDa arasında değişen molekül ağırlığına sahiptir, fakat çoğu sHsp 15-22 kDa arasında olduğu için Hsp20 olarak da adlandırılmaktadır (Elizabeth R. Waters, 2012). Yapısal analizler sonucunda sHsp'lerde 90-100 amino asitlik korunmuş bir alfa-crystallin domaini, N-terminal bölgesi ve C-terminal bölgesi olmak üzere 3 önemli yapı belirlenmiştir. Alfa-crystallin domainin amino asit dizisinde değişiklikler olabilir fakat alfa-crystallin domaini uzunluğu ve yapısı,  $\beta$ -yapraklı sandviç yapı oluşturan ortalama 94 amino asit ile iyi bir şekilde korunmaktadır (Asea vd., 2016). sHsp'ler, ısı, soğuk, kuraklık, tuzluluk ve oksidatif stres altında denatüre olmuş proteinlerin tekrar katlanmalarını sağlayan, hasarlı proteinleri onaran ve yanlış katlanmış proteinlerin agregasyonunu önlemek için ATP'den bağımsız moleküler şaperonlar olarak görev yapan proteinlerdir (G. J. Lee vd., 1997; Mogk ve Bukau, 2017; W. Wang vd., 2004; Elizabeth R Waters vd., 1996).

Denatüre olmuş proteinler, sHsp dimerleri ile etkileşime girerek substrat-şaperon kompleksini ya da protein agregasyonunu oluşturmaktadırlar. ATP kullanan

Hsp70 ve Hsp40 (J-proteinleri) kompleks oluşturarak bir katlanma mekanizması meydana getirmektedir. Protein agregatları üzerine etki edebilen fakat sHsp-substrat kompleksleri üzerinde daha verimli çalışan bir heksamerik ATPaz olan Hsp101, tekrar katlanmayı arttırabilmektedir (Şekil 1.1) (Santhanagopalan vd., 2015).



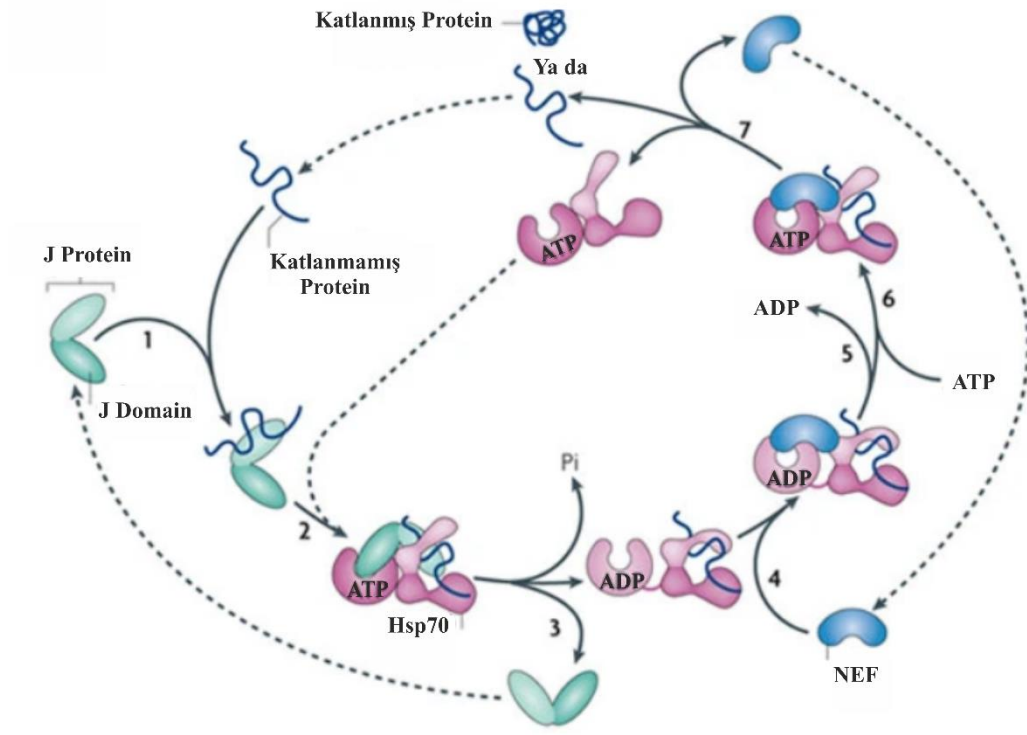
Şekil 1. 1 sHsp'lerin çalışma mekanizması (Santhanagopalan vd. (2015), s. 129, Şekil 5.4'den Türkçeleştirilerek alınmıştır)

### 1.2.2 Isı Şoku Proteini 40 (Hsp40)

Isı Şoku Proteini 40, 40 kDa'luk molekül ağırlığına sahip, Hsp70 şaperonlarının substrat bağlanmasını ve ATPaz aktivitesini düzenleyen, protein kalite kontrolünde önemli bir rol oynayan, J-domain varlığından dolayı J-proteinleri olarak adlandırılan yardımcı şaperon (co-chaperone) ailesidir. Hsp40 (DNAJ) ailesi, ATPase aktivitesinin uyarılmasından sorumlu olduğu bilinen korunmuş bir J-domainin varlığı ile karakterizedir. Bu proteinler ayrıca üç alt sınıfa ayrılır: DNAJA, DNAJB ve DNAJC (Kampinga vd., 2009). Hsp70, ATPaz aktivitesi substrat bağlanma ve serbest bırakılma işlevi için yetersiz olduğundan J-domain (Hsp40) alanı Hsp70 ATPase aktivitesini hızlandırmaktadır (Laufen vd., 1999). Hsp40 ailesi, protein katlanması,

açılması, translasyon, translokasyon ve protein degradasyonu gibi şaperon fonksiyonu göstermektedir (Chatterjee ve Burns, 2017).

Hsp40, peptit bağlanma alanları aracılığıyla proteinlere bağlanır ve J-domain aracılığıyla Hsp70-ATP ile etkileşime girer. Protein, Hsp70'in 'açık' peptit bağlama bölgesi ile hızlı ancak geçici olarak etkileşime girmektedir. ATP hidrolizi, hem J-domaini hem de protein tarafından uyarılır, Hsp70 konformasyonel değişikliğe neden olur ve daha sonra J proteini kompleksi terk eder. Hsp70-ADP için Hsp70-ATP'den daha yüksek bir afiniteye sahip olan nükleotid değişim faktörü (NEF) Hsp70'i bağlar. ADP daha sonra ATP-bağlanma domainin bozulmasıyla ayrılır ve ardından ATP, Hsp70'e bağlanır. Protein, Hsp70-ATP'den düşük afinitesi nedeniyle salınmaktadır. Protein serbest bırakıldığında doğal durumuna ulaşmazsa, J proteini açıkta kalan hidrofobik bölgelerine yeniden bağlanır ve döngü yeniden başlar (Şekil 1.2) (Kampinga ve Craig, 2010).

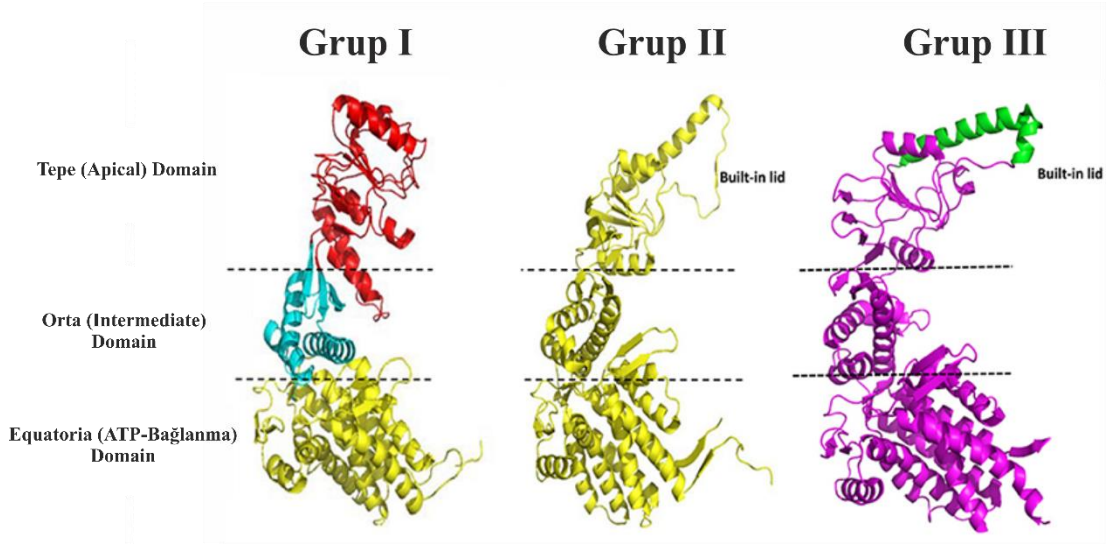


Şekil 1. 2 Hsp40 (J Protein) ve Hsp70 ailelerinin çalışma mekanizması (Kampinga ve Craig, 2010)

### 1.2.3 Isı Şoku Proteini 60 (Hsp60)

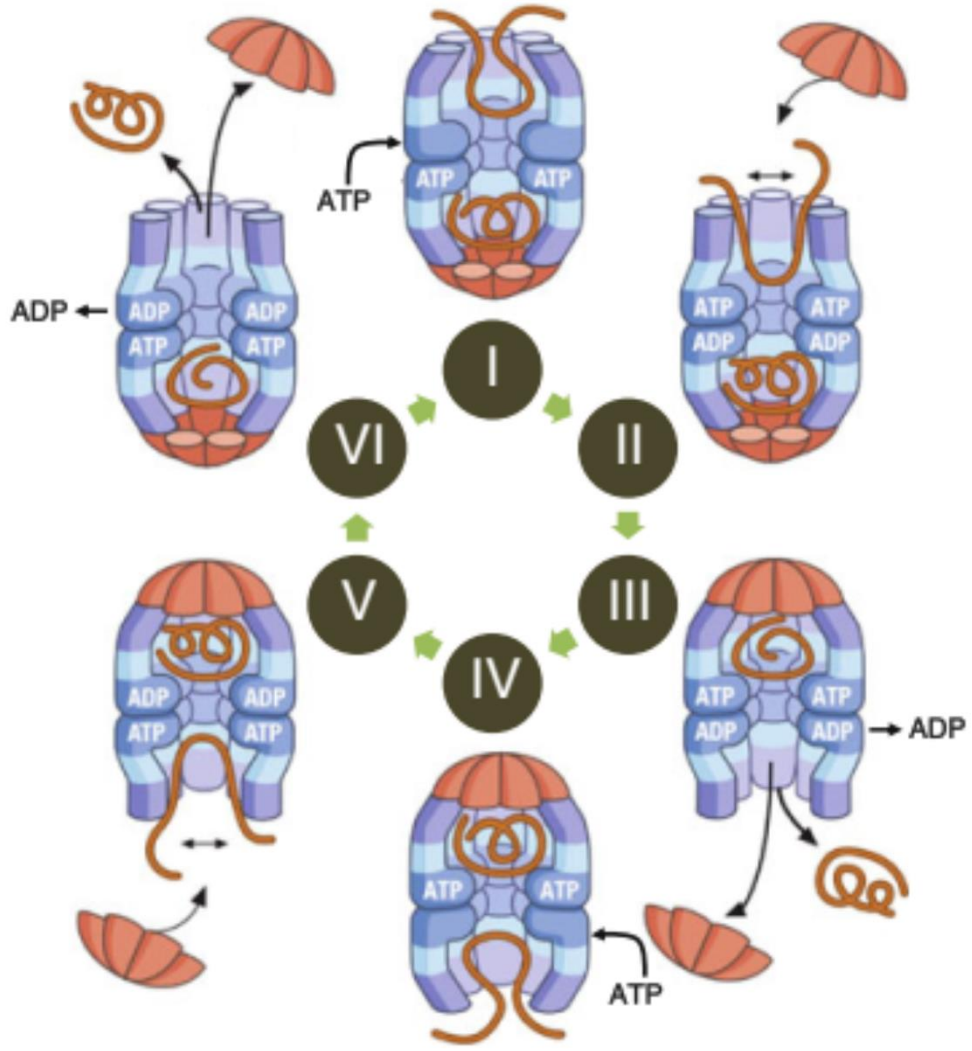
Isı şoku proteini 60 (Hsp60), hem prokaryotik hem de ökaryotik hücrelerde ifade edilen yüksek oranda korunmuş protein ailesidir. Hsp60, Hsp10 ile birlikte mitokondride bir protein katlama makinesi olarak kabul edilmektedir (Czarnecka vd., 2006; Peng vd., 2011). Hsp60, proteinlerin sitoplazmadan mitokondriye taşınması ve yeniden katlanmasında, doğrusal amino asit zincirlerinin ilgili üç boyutlu yapılarına katlanmasında şaperonin işlevi görmektedir. Hsp60'ın bakteriyel homoloğu olan groEL üzerinde yapılan kapsamlı çalışma sayesinde, Hp60'ın temel mitokondriyal proteinlerin hücre sitoplazmasından mitokondriyal matrikse sentezi ve taşınmasında gerekli olduğu kabul edilmiştir. Daha ileri çalışmalar HSP60'ı, diyabet, stres tepkisi, kanser ve belirli immünolojik bozukluklarla ilişkilendirmiştir (Asea ve Kaur, 2019).

Grup I şaperoninler, bakterilerde (GroEL), mitokondrilerde (Hsp60) ve kloroplastlarda (Cpn60) bulunmaktadır. Grup I şaperonin, ATP bağımlı şekilde bağlanıp ayrılabilen kafes benzeri kapsülleme işlevi gören kapak yapısı (bakterilerde GroES, mitokondride Hsp10 ve kloroplastlarda Cpn10/Cpn20) ile birlikte çalışmaktadır. *E. coli* üzerinde yapılan yapısal ve fonksiyonel çalışmalar, GroEL'in GroES'e bağlandıktan sonra üst üste gelmiş iki heptamerik halkadan oluşan tetradekamerik yapı oluşturduğunu göstermiştir. Her GroES monomeri 10 kDa ve her GroEL monomeri ~57 kDa büyüklüğündedir. GroEL, Tepe (apical), orta (intermediate) ve ekvatorial (equatoria) alan olmak üzere üç alana ayrılmaktadır. Ekvatorial alan ATP bağlanma bölgesini ve tepe alan substrat bağlanma bölgesini içermektedir ve orta alan tepe alanı ile ekvatorial alanı bağlayan bölgedir. Grup II şaperoninler, ökaryotik hücrelerin sitozolinde ve arkelerde 8-9 alt birimden oluşan halkalara sahiptir ve şaperoninlerin yapısındaki merkezi boşluklarının açılması ve kapanması mekanizmasını kullanarak çalışmaktadır (Şekil 1.3) (Gupta vd., 2014). Daha sonra yapılan çalışmalarda üçüncü bir şaperonin (Grup III) keşfedilmiştir. Grup III şaperoninlerin, yardımcı şaperoninden bağımsız bir şekilde protein katlanmasını kolaylaştırabilmeleri bakımından Grup I'den ziyade Grup II'ye benzer olduğu belirlenmiştir. Bunun yanında, her ne kadar Grup II'ye benzerlik gösterse de filogenetik olarak ve yapısal olarak farklılık göstermektedir (Şekil 1.3) (An vd., 2017; Ansari ve Mande, 2018; Techtmann ve Robb, 2010).



Şekil 1. 3 Grup I, Grup II ve Grup III şaperoninlerin yapısal özellikleri (Ansari ve Mande, 2018)

GroEL oluşturan iki heptamerik yapı birbirine zıt biçimdedir, böylece durum I'deki üst halka durum IV'teki alt halka ayna görüntüsü oluşturur. Tepe alanı katlanmamış veya kısmen katlanmış proteini, çoğunlukla hidrofobik etkileşimler yoluyla bağlar ve ATP nükleotit bağlanma bölgelerine bağlanır (I). Daha sonra heptamerik yapıdaki GroES tepe alanı ile etkileşime girer ve katlanan proteini şaperonin boşluğuna bağlar (II). Üst halkadaki konformasyonel değişiklikler alt halkadaki konformasyonel değişikliklere neden olur (III). Üst halkaya bağlanan GroES kapağı, alt halkadan ADP moleküllerinin ve proteinin salınması tetikler, böylece alt halkaya başka bir katlanmamış proteinin bağlanması için hazırlanır (IV). ATP'nin ADP'ye hidrolizi üzerine alt halka ATP moleküllerini bağlar ve GroES kapağı bağlanır (V). ADP ve GroES serbest bırakılır ve döngü durum I'e ulaşarak yeniden başlayabilecek duruma gelir (VI) (Şekil 1.4) (Bross, 2015).

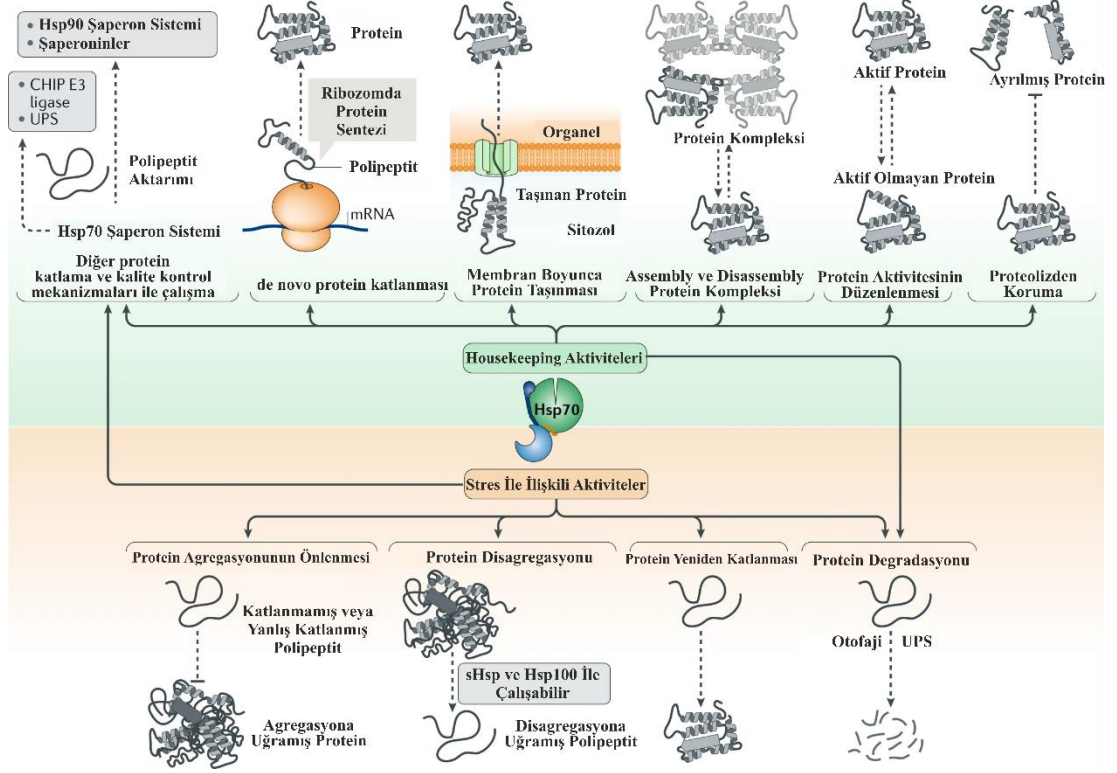


Şekil 1. 4 Şaperoninlerin fonksiyon mekanizması (Bross, 2015)

#### 1.2.4 Isı Şoku Proteini 70 (Hsp70)

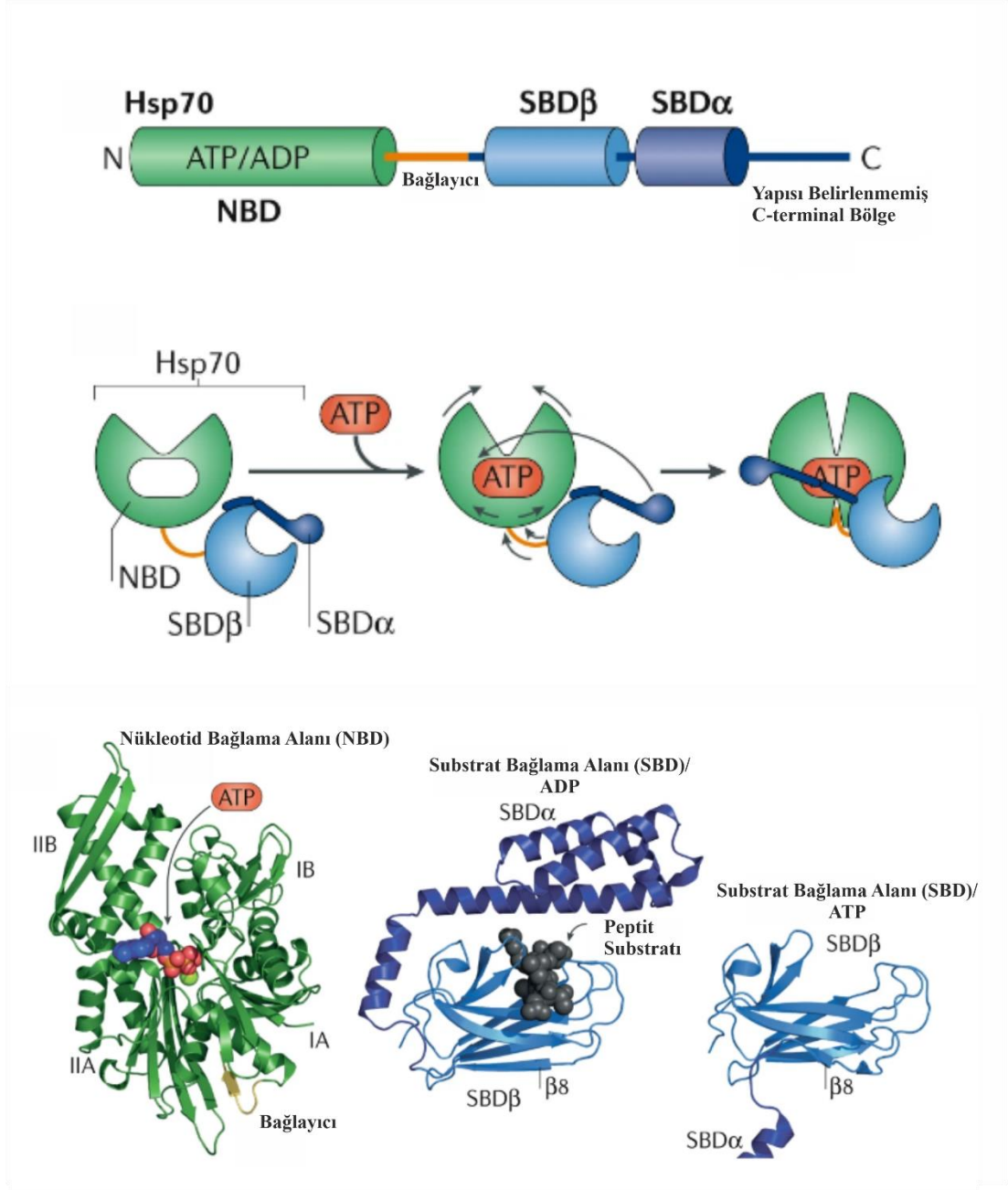
Hsp70 şaperonları, yeni sentezlenmiş protein katlanması, polipeptitlerin mitokondriye, kloroplasta ve endoplazmik retikuluma (ER) taşınması, kompleks protein aktivitelerinin düzenlenmesi, proteinlerin agregasyonlarının önlenmesi, agregasyona uğramış proteinlerin çözünmesi, denatüre olmuş proteinlerin yeniden katlanması gibi çok çeşitli faaliyetlerde görev almaktadırlar. Bunlara ek olarak, anormal proteinleri ve protein agregatlarını temizlemek için otofaji ve ubiquitin-proteazom sistemi (UPS) gibi hücrel bozulma makineleri ile birlikte çalışmaktadır. Hsp70 proteinleri, küçük ısı şoku proteinleri, şaperoninler (bakteriyel ve mitokondriyal GroEL–GroES, ökaryotik

TRiC/CCT), Hsp90 ve Hsp100 ile birlikte fonksiyon göstermektedir (Şekil 1.5) (Rosenzweig vd., 2019).



Şekil 1. 5 Hsp70 ailesinin çeşitli fonksiyonları (Rosenzweig vd. (2019)'dan Türkçeleştirilmiştir)

Hsp70 proteinlerinde, N-terminal bölge, 45 kDa nükleotid bağlama domaini (NBD), 15 kDa substrat bağlama domaini (SBD $\beta$ ), 10 kDa Helikal kapak domaini (SBD $\alpha$ ) ve değişken uzunlukta yapısı çözülmemiş C-terminal bölgeleri belirlenmiştir. Nükleotid bağlama domaini (NBD), IA, IB, IIA ve IIB alt domainlere sahiptir. Bu alt domainler ATP aktivitesi için yüksek oranda korunmuş bölgelerdir ve nükleotid ile doğrudan ilişkilidir. Substrat bağlama domaini (SBD $\beta$ ), 8  $\beta$ -sandviç yapısından oluşan polipeptit bağlanma bölgesinden oluşmaktadır. SBD $\alpha$ , nükleotid olmadığı ve ADP'ye bağlı durumda SBD $\beta$ 'yı kapatmaktadır. ATP bağlandığında, SBD $\alpha$  ve SBD $\beta$  birbirinden ayrılır, SBD $\beta$  ile NBD etkileşime girer ve peptitler hızlıca bağlanıp ayrılabilir. ADP bağlandığında ise Hsp70 düşük afiniteye dönüşür, SBD $\alpha$  kapağı kapatır ve peptitler sıkıca substrat bağlanma domainine bağlanır (Şekil 1.6) (Flaherty vd., 1990; NS vd., 2012; Rosenzweig vd., 2019).



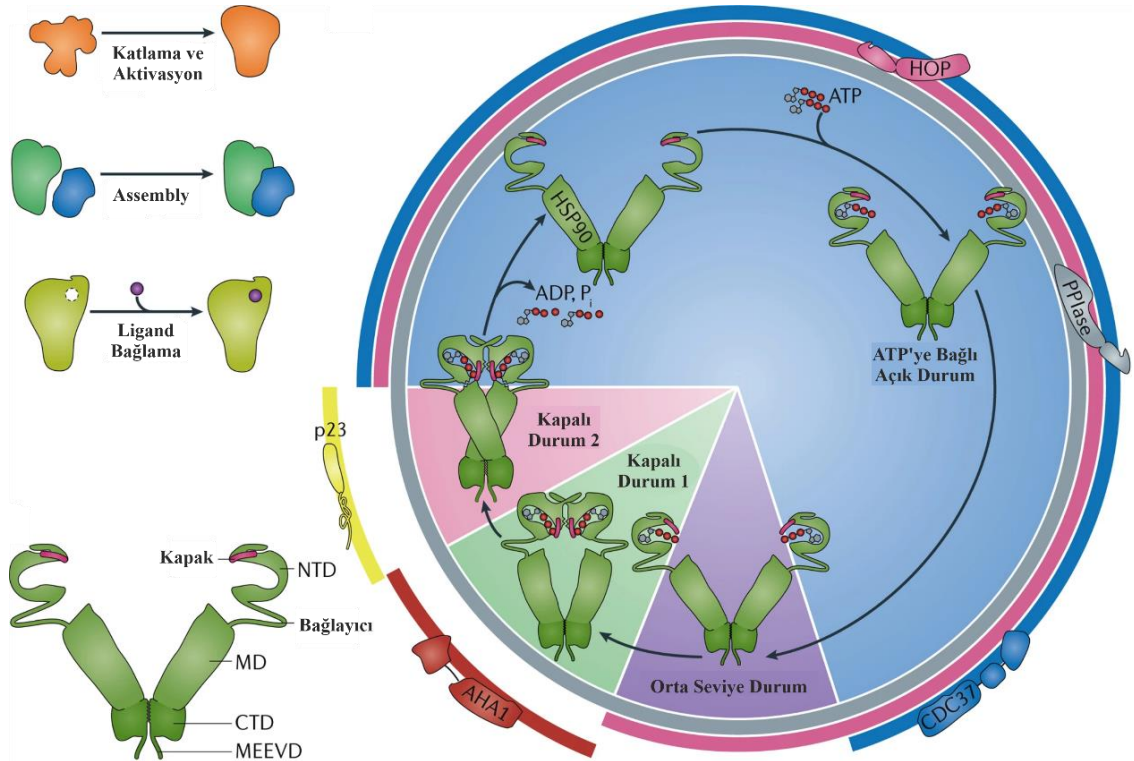
Şekil 1. 6 Hsp70 ailesinin domain yapısı, organizasyonu ve etki mekanizması (Rosenzweig vd. (2019)' den Türkçeleştirilmiştir)

### 1.2.5 Isı Şoku Proteini 90 (Hsp90)

Isı şoku proteini 90 (Hsp90), 90 kDa moleküler ağırlığa sahip, bakterilerden insanlara kadar birçok canlıda bulunan ve ökaryotik hücrede protein kinazlar, hormon reseptörleriyle ve transkripsiyon faktörleri gibi birçok sinyal proteinini aktive etmek için yüksek oranda korunmuş moleküler bir şaperondur (Pearl ve Prodromou, 2006; Schopf vd., 2017). İnsanlarda Hsp90 $\alpha$  ve Hsp90 $\beta$ , farelerde Hsp86 ve Hsp84,

*Drosophila*'da Hsp83 ve mayada Hsc82 ve Hsp82 olarak adlandırılır. Bakteriyel sitozolde HtpG, ökaryotların endoplazmik retikulumunda Grp94/gp96, mitokondriyal matraste Hsp75/TRAP1 ve ökaryotik sitoplazmada Hsp90 olarak bulunduğu ve ortak yapısal alanlarından dolayı benzer mekanizmaya sahip oldukları belirlenmiştir (Young vd., 2001). Hsc82 ve HSP90 $\beta$  yapısal olarak ifade edilirken, Hsp82 ve HSP90 $\alpha$ 'nın ifadesi ısı şoku ile uyarılmıştır (Schopf vd., 2017).

Hsp90 ekspresyonunun sıcaklık, tuzluluk, UV radyasyonu ve bakteriyel veya viral enfeksiyonlarda arttığı belirlenmiştir. Hsp90, ATP'ye bağlanmaya aracılık eden amino-terminal domaini (NTD), ATP hidrolizi ve Hsp90'ın bağlanması için önemli olan orta domaini (MD) ve Hsp90 dimerizasyonundan sorumlu olan karboksil terminal domaini (CTD) olmak üzere üç domainden oluşmaktadır. Karboksil terminal domaini (CTD) bölgesinde MEEVD motifi bulunmaktadır (Harris vd., 2004).



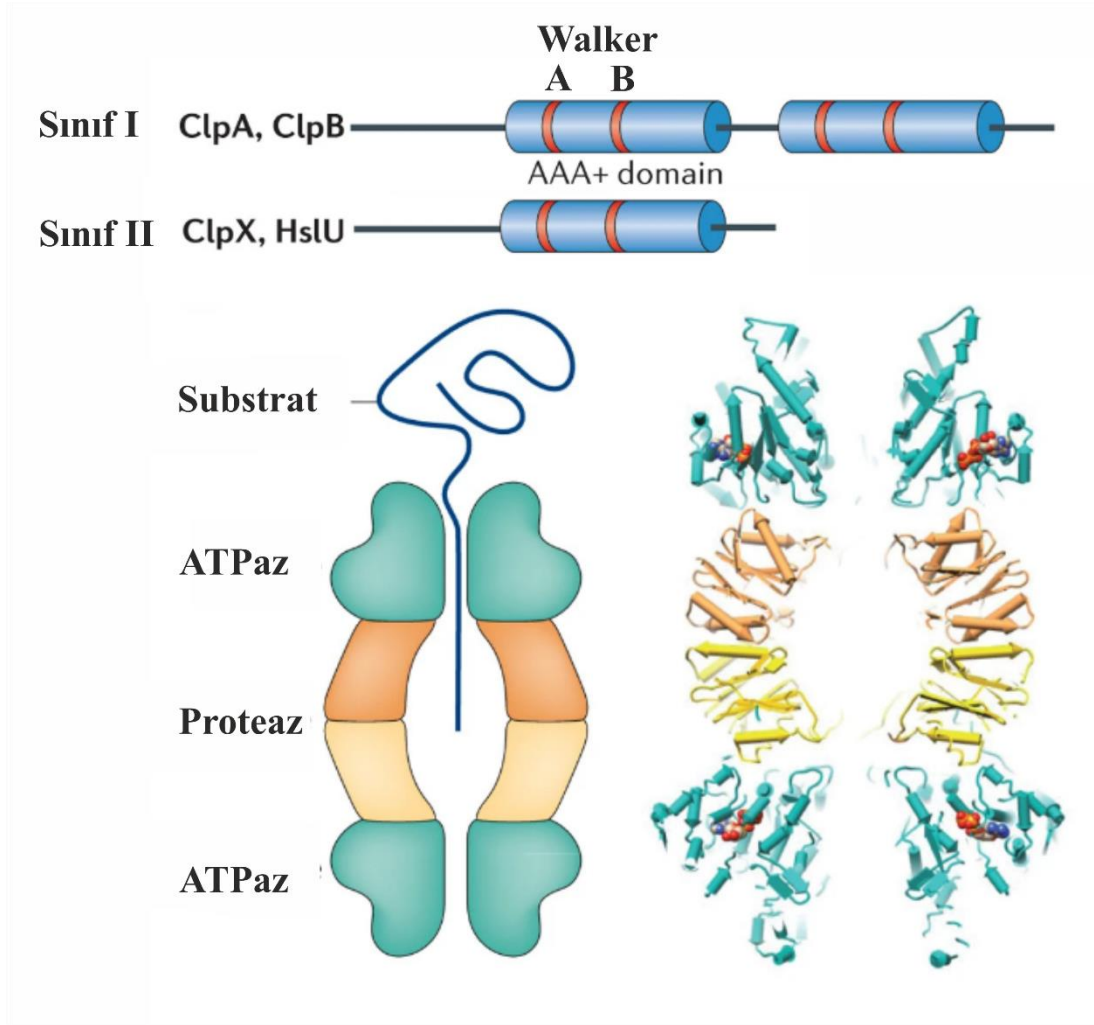
Şekil 1. 7 Hsp90'ın fonksiyonu, yapısı ve konformasyonel döngüsü (Schopf vd. (2017)'den Türkçeleştirilmiştir)

Isı şoku proteini 90 (Hsp90), protein katlanmasını, kümelenmiş protein kompleksinin düzenlenmesini, ligantların hedeflere ve reseptörlere bağlanmasını kolaylaştırabilir. Hsp90, farklı zamanlarda farklı konformasyonel durumlarda bulunmaktadır. Hsp90'a

bağlanma, 34 amino asitlik heliks-dönüş-heliks tetratrikopeptit tekrar (TPR) alanları içeren yardımcı şaperonlar ile etkileşim için önemli olan bir C-terminal Met-Glu-Glu-Val-Asp (MEEVD)'in polipeptite bağlamasını sağlamaktadır. Hsp90, ATP'ye bağlı durumdan orta seviye duruma geçiş yapar ve ATP bağlandıktan sonra kapağı kapatır. Kapalı Durum I'e geçiş yaptığında amino-terminal domaini (NTD) etkileşime girer. Kapalı durum II'ye geldiğinde Hsp90 monomerleri kıvrılmaya başlar. TPR alanı içeren yardımcı şaperonlardan biri hem Hsp70 hem de Hsp90'a bağlanan HSC70/HSP90 (HOP) düzenleyici proteindir. Yardımcı şaperonlar, HSP90'ın belirli konformasyonel durumları ile ilişkilidir. Hsc70/Hsp90 düzenleyici protein (HOP) Hsp90'a bağlanır ve açık konformasyonu stabilize eder, böylece Hsp90'ın ATPaz aktivitesini inhibe etmiş olur. Peptid Prolil cis-trans izomerazın (PPIases) Hsp90'ın tüm konformasyonel durumlarını bağladığı düşünülmektedir. CDC37, döngünün başlarında Hsp90'a bağlanır ve kinazlarının güçlendirilmesi için önemlidir. Hsp90 ATPase homolog 1 (AHA1) aktivatörü, kapalı durum I'in oluşumunu destekler ve şaperon döngüsünü hızlandırır. p23 kapalı durum II'yi stabilize eder ve Hsp90'ın ATPaz aktivitesini azaltarak reaksiyon döngüsünün ilerlemesini düzenlemektedir. Son olarak, ATPaz hidroliz edilir, ADP ve Pi (inorganik fosfat) yardımcı şaperon olarak salınır ve Hsp90 açık yapıda bekleyerek bir sonraki döngü için hazır bulunmaktadır (Şekil 1.7) (Schopf vd., 2017).

### **1.2.6 Isı Şoku Proteini 100 (Hsp100)**

Isı Şoku Proteini 100 (Hsp100), protein agregasyonunu ve yanlış katlanmayı önleme, katlanmamış ve yanlış katlanmış proteinlerin yeniden katlanması ve yeniden aktifleştirilmesi, denatürasyon veya agregasyondan kaynaklanan zararlı polipeptitlerin uzaklaştırılması, hücrel homeostazın korunması gibi işlevlere sahiptir. Hsp100/Clp ailesi şaperonları, genellikle bitkilerde yapısal olarak eksprese edilmektedir ve sıcaklık, soğuk, dehidrasyon ve yüksek tuz gibi farklı stresler altında uyarılmaktadır (Glover ve Lindquist, 1998; Goloubinoff vd., 1999; Kirstein vd., 2009; Saibil, 2013).



Şekil 1. 8 Hsp100'ün domain yapısı ve organizasyonu (Saibil, 2013)

Hsp100 proteinleri, tipik olarak oligomerik halka yapıları oluşturan ve polipeptitleri veya polinükleotitleri açmak veya çözmek için merkezi bir kanaldan geçirmek gibi mekanik eylemlere sahip olan AAA+ süper ailesinin üyeleridir. Bu aile, AAA+, Walker A ve Walker B nükleotid bağlama domaini içeren ~200-250 amino asitlik bir temel çekirdeğin varlığı ile belirlenmiştir. İlk olarak substrat, Hsp100 kanalının girişine hedeflenir ve ATP'ye bağımlı olarak yeniden şekillenir. Hsp100 şaperonları Sınıf I ve Sınıf II olmak üzere iki sınıfa ayrılmaktadır. Sınıf I; ClpA, ClpB ve ClpC ve Sınıf II; ClpX ve HslU proteinlerinden oluşmaktadır. Sınıf I, iki ATP bağlanma bölgesi sunarken; Sınıf II bir tane ATP bağlanma bölgesi sunmaktadır. ClpB, nükleotid bağlanma domaini (NBD-1), orta domaini (M domain), ikinci nükleotid bağlanma domaini (NBD-2) ve amino ucu domaininden (N domain) oluşmaktadır. ClpA, ClpB ve ClpC proteinlerinde yüksek oranda korunmuş homolog nükleotid bağlanma domaini (NBD) ortaktır ve N ve M domainleri değişiklik gösterebilmektir. Örneğin,

ClpC'nin M alanı vardır ve ClpA'nın M alanı yoktur, Sınıf II proteinlerde bulunan NBD, sınıf I proteinlerinin NBD-2'sine homologtur (Şekil 1. 8) (Glynn vd., 2009; Saibil, 2013).

### 1.3 Bitkilerde Stres Kavramı

Bitkiler, hayvanlardan farklı olarak çevreden kaçamazlar ancak bu probleme karşı bir dizi moleküler tepki oluşturarak değişen ortama uyum sağlarlar. Çevre koşullarının bitkiler üzerindeki etkisi abiyotik ve biyotik stres olarak adlandırılır ve bitkilerin büyümelerini ve gelişmelerini azaltmaktadır (Mitchell, 1996; Shao vd., 2007). Biyotik stres faktörleri, patojenler (virüsler, bakteriler ve mantarlar), böcekler, otoburlar ve kemirgenlerdir. Abiyotik stres faktörleri ise, soğuk (soğuk ve don), ısı (yüksek sıcaklık), tuzluluk, kuraklık, fazla su, radyasyon, kimyasallar ve kirleticiler (ağır metaller, pestisitler ve aerosoller), oksidatif stres (reaktif oksijen türleri, ozon), rüzgâr (rüzgârdaki kum ve toz parçacıkları) ve toprakta besin yoksunluğudur (Mahajan ve Tuteja, 2005). Stres uygulandığında, bitkiler genellikle farklı zaman dilimlerinde meydana gelen ve stres toleransına ya da kaçınmaya yol açan biyokimyasal ve morfolojik düzenlemeler içeren bir yanıt dizisi sergilemektedir (Mitchell, 1996). Abiyotik streslere tolerans veya duyarlılık çok karmaşık bir olaydır çünkü stres, bitki gelişiminin birden çok aşamasında meydana gelebilir ve genellikle birden fazla stres aynı anda bitkiyi etkileyebilmektedir (Chinnusamy vd., 2004).

#### 1.3.1 Sıcaklık Stresi

Küresel ısınma, bitkiler de dahil olmak üzere tüm canlı organizmalar için giderek artan bir tehdit haline gelmektedir. Küresel ısınmanın olumsuz sonuçları açıktır ve dünya çapında artan bir endişe kaynağı haline gelmektedir (Hedhly vd., 2009). İklim değişikliği ve küresel ısınma nedeniyle, dünyanın sıcaklığı yavaş yavaş yükselmektedir ve 21. yüzyılın sonunda küresel sıcaklıktaki artışın 1,5-4 °C aralığında olacağı tahmin edilmektedir (Lavania vd., 2015). Tahıllar için yapılan deneyde, mevsimsel sıcaklıktaki her 1°C'lik artış, %2,5-16 oranında verim kayıplarına neden olmaktadır (Battisti ve Naylor, 2009). Yüksek sıcaklıklar yaprakların ve gövdelerin yanmasına, yaprak dökülmesine ve yaşlanmaya, sürgün ve kök büyümesinin

inhibisyonuna veya meyve hasarına neden olarak bitki verimini düşürmektedir (Bita ve Gerats, 2013). Sıcaklığın yüksek seviyelere çıkması, protein denatürasyonu ve agregasyonu ve membran bütünlüğünün kaybının bir sonucu olarak hücre ölümüne yol açabilmektedir (Driedonks vd., 2015).

### **1.3.2 Kuraklık Stresi**

Kuraklık stresi, dünya çapında mahsul kaybının önemli bir nedeni olarak kabul edilen abiyotik streslerden biridir (Mahajan ve Tuteja, 2005). Su veya nem eksikliğinden dolayı bitkiler, yaşam döngüsünün herhangi bir büyüme ve gelişme aşamasında genellikle kuraklık stresinden zarar görmektedir (Mishra ve Cherkauer, 2010). Kuraklık stresi, bitki su durumunu değiştirerek bitkilerin büyümesini ve üretkenliğini doğrudan etkilemektedir (Baloğlu vd., 2012), Bunlara ek olarak, çimlenmeyi, büyümeyi ve kuru madde birikimini engelleyerek bitki büyümesini ve gelişimini etkilemektedir ve kuraklık stresine maruz kaldıklarında besin eksikliğinden zarar görmektedir (Reddy vd., 2004; Vardharajula vd., 2011).

Doğada bitkiler, kuraklık veya sıcaklık gibi stresleri içerebilen bir dizi çevresel koşul ile karşılaşır. Kuraklık ve sıcaklık streslerinin kombine olarak maruz kalınması bitkilerde, stomaların kapanmasına, fotosentezin baskılanmasına, solunumun ve yaprak sıcaklığının artmasına neden olmuştur. Kuraklık sırasında indüklenen dehidrin, katalaz ve glikolat oksidazı kodlayan gibi bazı transkriptler ve sıcaklık sırasında indüklenen tioredoksin peroksidaz ve askorbat peroksidaz gibi bazı transkriptler, kuraklık ve ısı şoku kombinasyonu sırasında baskılanmıştır. Sonuç olarak, sıcaklık ve kuraklık streslerinin kombinasyonunun bitkilerdeki etkisinin, ayrı ayrı kuraklık veya sıcaklık stresine maruz kalan bitkilerden farklı olduğu gösterilmiştir (Rizhsky vd., 2002).

## **1.4 Gen İfadesinin Belirlenmesi İçin Kullanılan Yöntemler**

Hücrelerin, dokuların ve organizmaların biyolojik aktiviteleri moleküler biyolojinin santral dogmasına dayanmaktadır. Transkriptom ya da genomik DNA'dan kopyalanan genlerin çalışması olan transkriptomik, hücredeki tüm transkript çeşidinin ve

miktarının eş zamanlı olarak incelenmesidir (Z. Wang vd., 2009). Gen ifadesi analizi çalışmaları, kapalı ve açık sistem olmak üzere iki kategoriye ayrılabilir. Kapalı sistemde, iyi bir şekilde karakterize edilmiş genler organizmanın genom bilgisine bağlı olarak analiz edilmektedir; fakat gen ya da genom hakkında herhangi bir bilgi mevcut değilse kapalı sistemler kullanılmamaktadır. Kapalı sistemlerde ve açık sistemlerde kullanılan yöntemler Tablo 1.3’de verilmiştir ve kapalı sistemlerde en fazla kullanılan yöntemler gerçek zamanlı RT (ters transkripsiyon)-PZR ve mikro-dizin (mikro-array) sistemleridir. Açık sistemler mevcut transkriptom bilgisine bağlı olmasada, analiz sürecini büyük ölçüde kolaylaştırır ve bilinen ya da yeni gen tanımlamasının verimliliğini artırmak için mevcut eksprese edilmiş genom veritabanlarından yararlanır. Kapalı ve açık sistemler birbirini tamamlamaktadır yani açık sistemde yeni gen veya bilinen genlerin yeni ortologları tanımlandıktan sonra bu genler daha sonra kapalı sistemlerde kullanılabilir (Green vd., 2001).

Tablo 1. 3 Gen ifade analizlerinde kullanılan yöntemler (Kavas, 2018)

<b>Teknik</b>	<b>Sınıf</b>	<b>Yapısı</b>	<b>Kit</b>	<b>SNP tespiti</b>
<b>5’ nükleaz testi/ Gerçek zamanlı RT-PZR</b>	Görsel	Açık	Evet	Hayır
<b>AFLP (Çoğaltılmış Parça Uzunluk Polimorfizim)</b>	Görsel	Açık	Hayır	Evet
<b>Antisens gösterim</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>DDRT-PZR (Farklılık Gösterimi RT-PZR)</b>	Görsel	Açık	Evet	Hayır
<b>DEPD (Dijital ifade şablonu gösterimi)</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>Diferansiyel hibridizasyon (Diferansiyel cDNA kütüphane taraması)</b>	Hibridizasyon	Açık	Hayır	Hayır
<b>GES (Gen ifadesi tarama)</b>	Görsel	Açık	Hayır	Evet
<b>In situ Hibridizasyon</b>	Hibridizasyon	Kapalı	Evet	Hayır
<b>Invader Assay</b>	Görsel	Kapalı	Evet	Evet
<b>Mikroarray hibridizasyonu</b>	Hibridizasyon	Kapalı	Evet	Hayır
<b>Moleküler indeksleme</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>MPSS</b>	Dizileme	Açık	Hayır	Hayır
<b>Northern-Blotting (Dot-/Slot-Blotting)</b>	Hibridizasyon	Kapalı	Evet	Hayır
<b>Nuclear run on assay/nuclease S1 analysis</b>	Görsel	Kapalı	Evet	Hayır
<b>ODD (sıralı farklılık gösterimi)</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>Kantitatif RT-PCR</b>	Görsel	Kapalı	Evet	Hayır
<b>RAGE (gen ifadesinin hızlı analizi)</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>RNA arbitrarily primed-PZR</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır

Tablo 1.3'ün devamı;

<b>RDA</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>RLCS</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>RPA (ribonükleaz koruma analizi)</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>RSDD (karşılıklı çıkarım farklılık gösterimi)</b>	Görsel	Açık	Hayır	Hayır
<b>SAGE (gen ifadesinin seri analizi)</b>	Dizileme	Açık	Evet	Hayır
<b>SEM-PZR</b>	Görsel	Kapalı	Hayır	Hayır
<b>SSH</b>	Hibridizasyon	Açık	Evet	Hayır
<b>Kompetitif PZR</b>	Görsel	Kapalı	Hayır	Hayır
<b>TALEST</b>	Dizileme	Açık	Hayır	Hayır
<b>RNA dizileme</b>	Dizileme	Açık	Evet	Evet

#### 1.4.1 Gerçek Zamanlı RT (Ters Transkripsiyon)-PZR

qRT-PZR (gerçek zamanlı ters transkripsiyon-PZR) (Gibson vd., 1996), RNA hedeflerinin tespiti ve incelenmesi için standart haline gelmiştir ve yaygın olarak kullanılan bir teknoloji olmuştur (Ginzinger, 2002). Bu teknikte, genetik materyal olarak mRNA kullanılmaktadır ve izole edilen mRNA'lar komplementer DNA'ya (cDNA) çevrilmektedir. Genlerin ifade düzeyleri referans bir genin yardımıyla belirlenebilmekte olup birkaç adetten birkaç yüze kadar genin ifadesi qRT-PCR ile belirlenebilmektedir. Kalıp olarak kullanılan DNA ile gerçek zamanlı olarak genom içindeki miktarları ve genlerin ifade düzeyleri belirlenebilmektedir. Çoğalan cDNA moleküllerini belirlemek için SYBR green, etidyum bromür gibi boyalar ve TaqMan prob (Applied Biosystem), LightCycler (Roche), LUX (Invitrogen), Moleküler Boncuk (Sigma Adrich, IDT) gibi sistemler kullanılmaktadır. SYBR green, interkalasyon yapan, çift zincirli DNA molekülüne bağlanan bir boyadır ve özgülüğü düşük olup, istenmeyen ürünlere bağlanabilme ihtimali bulunmaktadır. İstenmeyen ürünlere bağlanabilme ihtimalini düşürmek için DNA kontaminasyonunun önlenmesi ve spesifik primer tasarımına dikkat edilmelidir. Bu dezavantajın yanında, SYBR green boyasının en önemli avantajı maliyetinin düşük ve uygulanabilirliğinin kolay olmasıdır (Kavas, 2018).

#### 1.4.2 RNA Dizileme (RNA-Seq)

Transkriptom, bir hücrede ya da dokuda belirli bir gelişim aşamasında veya fizyolojik durumda var olan transkriptlerin tamamına denilmektedir. RNA dizileme teknolojisi

translokasyon olaylarının, gen izoformlarının, nükleotit varyasyonlarının ve transkripsiyon sonrası nükleotit deęişikliklerinin incelenmesini ve belirlenmesini sağlamaktadır. RNA dizileme çalışmaları kapsamında mRNA'lar ve non-coding RNA'lar dizilenmektedir. Tipik bir RNA dizileme çalışmasında ilk olarak, RNA izolasyonu yapılır. Daha sonra dizilenecek molekülün pürifikasyonu yapılır ve RNA dizileme teknolojileri sonucu milyonlarca hatta milyarlarca dizinin analiz edilmesiyle transkriptom, kantitatif ve kalitatif olarak elde edilmiş olmaktadır. Bunlara ek olarak yeni transkriptlerin ve izoformların tespit edilmesi, tek nükleotid polimorfizmi (SNP), alternatif kesme/yapıştırma analizleri ve genomları tamamlanmayan canlılarda gerçek transkript düzeylerinin tespit edilmesi gibi avantajları olmaktadır. Diğer tekniklerle karşılaştırıldığı zaman RNA dizileme teknięi, daha fazla bilgilendirici ve avantajlıdır fakat oldukça büyük ve karmaşık veriler elde edilmektedir (Kavas, 2018).

## 2. KURAMSAL ÇERÇEVE

Kuraklık, tuzluluk, sıcaklık, kimyasal toksisite ve oksidatif stres gibi abiyotik stresler tarım için ciddi tehditlerdir. Abiyotik stres dünyada mahsul kaybının birinci nedenlerindedir ve çoğu bitkinin %50'den daha fazla verim kaybetmesine neden olmaktadır (W. Wang vd., 2004). Bu yüzyılın sonunda artan sıcaklıkla birlikte bitkilerin sıcaklık stresine karşı savunmalarının azalması beklenmektedir. Bu nedenle, son zamanlarda özellikle ekimi yapılan bitkilerde ısı stresi tepki mekanizması ve ısıya dayanıklı ırkların yetiştirilmesi önemli hale gelmiştir (Qu vd., 2013).

Yüksek sıcaklıklar, yaprakların ve gövdelerin yanmasına, yaprak dökülmesine ve yaşlanmaya, sürgün ve kök büyümesinin inhibisyonuna veya meyve hasarı ile bitki verimliliğinin düşmesine neden olabilmektedir (Bita ve Gerats, 2013). Kuraklık, çimlenmeyi, büyümeyi ve kuru madde birikimini engelleyerek bitki büyümesini ve gelişimini etkilemektedir ve kuraklık stresiyle azalan terleme, besin emilimini azaltmaktadır (Reddy vd., 2004; Vardharajula vd., 2011). Doğada bitkiler, kuraklık ya da sıcaklık gibi stresleri içerebilen çevresel koşulların bir kombinasyonu ile karşılaşmaktadır. Kuraklık ve sıcaklık streslerinin kombine olarak verilmesi veya ayrı ayrı uygulanması bu streslerin her birine bitkilerin tepkisinin farklı olduğunu göstermiştir (Rizhsky vd., 2002). Bu nedenle, kuraklık ve sıcaklık streslerinin kombinasyonunun kapsamlı bir şekilde çalışılması ile mekanizmasının anlaşılması ve kombine streslere dayanıklı bitkilerin yetiştirilmesi oldukça önemli hale gelmiştir.

Bitki transkriptomunun yaklaşık %5'inin ısı stresi tepki olarak iki kat veya daha fazla yukarı regüle edildiği bulunmuştur ancak ısı şoku proteinleri bunun sadece küçük bir kısmını oluşturur (Mittler vd., 2012). Bununla birlikte, kazanılmış sıcaklık toleransının en iyi karakterize edilen yönü, ısı şoku proteinlerinin ifade edilmesidir. Hücre proteinlerinin homeostazı ısı stresi başladığında bozulmaktadır. Protein yapısı, proteinlerin düzgün çalışması için büyük önem taşımaktadır. Protein yapısı ısı stresinden etkilendiğinde (denatürasyon, yanlış katlanma veya agregasyon açısından) protein işleyişini olumsuz etkilemektedir. Hücre proteinlerine verilen hasarı en aza indirmek için, şaperon proteinlerinin hücre seviyeleri genellikle yukarı doğru

düzenlenmektedir. Isı şoku proteinleri, yeniden katlanmanın kolaylaştırılması, proteinlerin agregasyondan korunması, protein translokasyonu ve bozulması gibi homeostazın çeşitli yönlerinde yer alan moleküler şaperonlar gibi davranmaktadır (Fragkostefanakis vd., 2015; Lavania vd., 2015; W. Zhou vd., 2012).

Daha önce yapılan çalışmalarda, *Arabidopsis thaliana* bitkisinin genomunda 19 adet sHsp (Scharf vd., 2001), 89 adet Hsp40 (Miernyk, 2001), 29 adet Hsp60 (Hill ve Hemmingsen, 2001), 14 adet Hsp70 (Lin vd., 2001; Sung vd., 2001), 7 adet Hsp90 (Krishna ve Gloor, 2001), 8 adet Hsp100 (Agarwal vd., 2001) proteini belirlenmiştir.

*Oryza sativa* (çeltik) bitkisinde yapılan çalışmalarda, 23 adet sHsp (Sarkar vd., 2009), 104 adet Hsp40 (Sarkar vd., 2013), 3 adet Hsp60 (Yongfei Wang vd., 2014), 29 adet Hsp70 (W. Hu vd., 2009), 9 adet Hsp90 (W. Hu vd., 2009) ve 10 adet Hsp100 (W. Hu vd., 2009) protein ailesi belirlenmiştir. Bunlara ek olarak, Yongfei Wang vd. (2014)'de yapmış olduğu çalışmada *Oryza sativa* bitkisinde 12 adet sHsp, 6 adet Hsp70, 3 adet Hsp90 ve 3 adet Hsp100 protein ailesi belirlenmiştir.

*Glycine max* (soya) bitkisinde yapılan çalışmalarda, 51 adet sHsp (Lopes-Caitar vd., 2013), 61 adet Hsp70 (Zhang vd., 2015), 12 adet Hsp90 (J. Xu vd., 2013) protein ailesi belirlenmiştir. Ayrıca sHsp ve Hsp70 proteinlerinin filogenetik ağaçları, genlerin yapısı, kromozomlara dağılımı, tandem ve segmental duplikasyonları ve gen ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları oluşturulmuştur (Lopes-Caitar vd., 2013; Zhang vd., 2015)

Yer vd. (2018)'nin yapmış olduğu çalışmada, *Populus trichocarpa* (kavak) genomunda 60 adet sHsp, 145 adet Hsp40, 49 adet Hsp60, 34 adet Hsp70, 12 adet Hsp90 ve 90 adet Hsp100 protein ailesi belirlenmiştir. Kavak *Hsp* genlerinin kromozomlar üzerindeki dağılımları, tandem ve segmental duplikasyonları, filogenetik ağaçları, genlerin yapısının ve motif bölgelerinin belirlenmesi, gen ontoloji analizleri ve proteinlerin üç boyutlu modellenmesi yapılarak gen ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları ve *Hsp* genlerini hedef alan miRNA analizleri gerçekleştirilmiştir (Yer vd., 2018).

*Hordeum vulgare* (arpa) bitkisinde yapılan çalışmada, 17 adet Hsp70, 6 adet Hsp90 ve 8 adet Hsp100 protein ailesi belirlenmiştir. Buna ek olarak, filogenetik ağaç, genlerin yapısı ve protein domainlerinin belirlenmesi analizi yapılmıştır (Chaudhary vd., 2019).

*Triticum aestivum* (ekmeklik buğday) bitkisinde yapılan çalışmada, 169 adet sHsp, 273 adet Hsp40, 95 adet Hsp60, 114 adet Hsp70, 18 adet Hsp90 ve 84 adet Hsp100 protein ailesi belirlenmiştir. Ekmeklik buğday *Hsp* genlerinin kromozomlar üzerindeki dağılımları, tandem duplikasyonları, filogenetik ağaç, gen ontoloji analizleri ve sinteni analizi yapılmıştır (Kumar vd., 2020).

*Lactuca sativa L.* (marul) bitkisinde yapılan çalışmada, 32 adet sHsp, 22 adet Hsp60, 64 adet Hsp70, 7 adet Hsp90 ve 7 adet Hsp100 protein ailesi belirlenmiştir (Kim vd., 2021). Ayrıca kromozomlar üzerindeki dağılımları, gen yapısı, motif analizi ve filogenetik ilişkileri belirlenmiştir.

Çalışmamızın amacı, şeker pancarının tüm genom bilgisi yardımıyla, ısı şoku proteinlerini kodlayan genlerin belirlenmesi ve belirlenen bu genlerin ve protein ürünlerinin şeker pancarı kromozomları üzerindeki dağılımının, filogenetik ilişkilerinin, şeker pancarı *Hsp* genlerini hedef alan miRNA'ların, amino asit dizilimlerinin, gen ontolojilerinin, tahmini üç boyutlu yapılarının, farklı bitkilerdeki *Hsp* genleri ile karşılaştırmalı kromozomal haritalarının ortaya çıkarılmasıdır. Bunun yanında açık veri tabanından (SRA) elde edilen transkriptom verileri kullanılarak gen ifade profillerinin analizi ve bu profillere göre seçilecek olan *Hsp* genlerinin kuraklık, sıcaklık ve kuraklık-sıcaklık kombine stres koşulları altındaki ifade düzeylerinin de belirlenmesi amaçlanmıştır. Böylece hücrelerin yaşamsal faaliyetinde önemli role sahip olan *Hsp* genlerinin şeker pancarında kuraklık, sıcaklık ve kuraklık-sıcaklık kombine stresleri altında, kuraklığa hassas, kuraklığa dayanıklı ve yabani tür (*Beta maritima*) karşılaştırılarak strese karşı cevap mekanizmalarının aydınlatılmasına katkıda bulunacak değerli bilgiler elde edilmiş olacaktır.

### 3. MATERYAL VE YÖNTEM

#### 3.1 Kimyasal Madde ve Kitler

- Agaroz low (Applichem, Almanya)
- DNaz I, RNaz-free (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- EDTA (Applichem, Almanya)
- Etanol (Kimetsan, Türkiye)
- Bitki Besini (Hoagland) (Phyto Technology Laboratories, ABD)
- iScript cDNA sentez kiti (Biorad, Almanya)
- iTaq Universal SYBR Green Supermix (Biorad, Almanya)
- İzopropanol (Applichem, Almanya)
- Kloroform (Applichem, Almanya)
- Nucleic Acid Staining Solution-Jel Boyası (Intron Biotechnology)
- PEG-6000 (Applichem, Almanya)
- RiboEx™ RNA İzolasyon Kiti (GeneAll, South Korea)
- Sıvı azot
- Tris (Applichem, Almanya)
- Trizol Reagent (Ambion, ABD)

#### 3.2 Kullanılan Cihaz ve Aletler

- Buz makinesi (Hoshizaki, Europe Limited)
- CFX96 Touch Real-Time PCR Detection System (Biorad, Almanya)
- Çok Amaçlı Vorteks (Wisd Laboratory Instruments, Kore)
- Derin Dondurucu -20°C, Buzdolabı +4°C (Arçelik 4252N, Türkiye)
- Derin Dondurucu -82°C (Glacier Nuaire Nu-9668E, Meksika)
- Distile Su Cihazı (Protek Lab, Türkiye)
- Elektroforez (Thermo Scientific EC1000XL2 ve EC300XL2, ABD)
- Hassas Terazî (Presica 350-8519, İsviçre)
- Jel görüntüleme sistemi ECX-F20.M (Vilber Lourmat, Fransa)
- Jel görüntüleme sistemi Quantum ST5 (Vilber Lourmat, Fransa)

- Manyetik Karıştırıcı (Wisd Laboratory MSH-20A, Kore)
- Mikrodalga Fırın (Arçelik, Türkiye)
- Mikropipet (Thermo, ABD)
- Mikrosantrifüj (N2631-0007 Star Lab, Kore)
- Phmetre (Jenco Quality Instruments, Çin)
- Soğutmalı Santrifüj (Hetrich Micro 220/220R, Almanya)
- Spektrofotometre Nano Drop (Thermo Scientific, Multiskan go, Finlandiya)
- Test kabini TK252 (Nüve, Türkiye)
- Bitki büyütme kabini (Protek Lab, Türkiye)
- Thermal Cycler Isı bloğu (Thermo, ABD)
- Thermo-Shaker (Biosan Ts-100, Letonya)

### 3.3 *Hsp* Genlerinin Şeker Pancarında Belirlenmesi

HSPiR (<http://pdslab.biochem.iisc.ernet.in/hspir>) olarak bilinen, farklı bitkilerde *Hsp* gen ailelerine ait tüm gen ve protein dizilerinin depolandığı veri tabanı kullanılarak sHsps, Hsp70, Hsp40, Hsp60, Hsp90 ve Hsp100 proteinlerinin şimdiye kadar çeşitli bitkilerde tanımlanmış protein dizileri elde edilmiştir (NS vd., 2012). Şeker pancarı genom ve protein dizileri NCBI (National Center for Biotechnology Information) veri tabanından (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) indirilmiştir. Şeker pancarı protein dizileri ve Hsp protein dizileri, CLC Genomics Workbench 11.0.01 programı kullanılarak BLASTP taraması yapılmıştır. Bu tarama sonucunda  $\geq e^{-60}$  beklenti değeri ve  $\geq \%65$  benzerlik anlamlı olarak kabul edilmiştir ve şeker pancarı ile homolog protein dizileri belirlenmiştir. Son olarak, olası şeker pancarı *Hsp* genlerine ait proteinlerin dizilerinde Pfam Domain Search doğrulama analizleri yapılmıştır ve şeker pancarı *Hsp* gen ailesinin tüm üyeleri saptanmıştır. Belirlenen proteinlere ait moleküler ağırlıklar, amino asit uzunluğu, izoelektronik etki değerleri (pI) ve stabilite gibi parametreler ProtParam Tool kullanılarak belirlenmiştir (<https://web.expasy.org/protparam/>) (Gasteiger vd., 2005).

### **3.4 Dizilerinin Hizalanması, Filogenetik Ağaç Oluşturulması, Korunmuş Motiflerin Tespiti ve Gen Yapısının Tahmini**

Aminoasit dizileri, MEGA 11 (Kumar vd., 2018) programına yüklenmiştir ve ClustalW algoritması aracılığıyla çoklu dizi hizalamaları yapılmıştır. Hizalanan diziler, 1000 tekrarlı olacak şekilde maksimum benzerlik (Maximum Likelihood) yöntemi (Felsenstein, 1981) ile filogenetik ağaç oluşturulmasında kullanılmıştır.

Protein dizi motifleri ise DNA motif arama aracı (MEME) (<https://meme-suite.org/meme/>) (Bailey ve Elkan, 1994) kullanılarak saptanmıştır. Protein dizileri MEME veri tabanına yüklenerek en fazla 10 motif sayısında tutulmuştur. Belirlenen motifler Pfam veri tabanında taranmıştır. Elde edilen veriler Tertools programı ile görselleştirilmiştir (C. Chen vd., 2020).

*Hsp* gen ailesine ait tüm genlerin ekzon-intron bölgeleri belirlenmiştir. Bu kapsamda, komplementer DNA'ları (cDNA) ve tahmin edilen genlerin mRNA dizilerinin karşılaştırılmasına dayanan 'gene structure display server' adlı veri tabanı (<http://gsds.gao-lab.org/>) kullanılmıştır (B. Hu vd., 2015).

### **3.5 Gen Ontoloji Analizleri**

Isı şoku proteinlerinin amino asit dizileri OmicsBox 2.0 (<https://www.biobam.com/omicsbox/>) programına yüklenmiştir. Sırasıyla Blast, InterProScan, Annotation ve GO Mapping olmak üzere 4 adımda gerçekleştirilmiştir. Böylece, ısı şoku proteinlerinin hangi biyolojik süreçlerde yer aldıkları, hücredeki yerleşimleri ve moleküler işlevi belirlenmiştir.

### **3.6 *Hsp* Genlerinin Kromozom Yerleşimleri, Duplikasyon ve Sinteni Analizi**

Şeker pancarında *Hsp* gen ailesini kodlayan genlerin kromozom üzerindeki yerleşimleri için NCBI veri tabanından 'genome data viewer' (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/gdv/>) kullanılmıştır. Elde edilen verilerden Tertools programı aracılığıyla genlerin kromozomal yerleşimlerini gösteren kromozom görselleri oluşturulmuştur (Chen, Chen et al. 2020).

*Hsp* genlerinin sintenik ilişkili ortologlarını belirlemek için Phytozome (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>) veri tabanından *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Oryza sativa* ve *Populus thichocarpa*'ya ait genomik diziler ve genom özellik dosyaları (.gff) indirilmiştir. Tertools programı aracılığıyla One-Step MCScanX sintenik ilişkileri belirlemek için kullanılmıştır. Şeker pancarı ile diğer türlerin genomik dizileri ve genom özellik dosyaları One-Step MCScanX'e yüklenmiştir. Elde edilen Ctl, GFF ve Collinearity çıktı dosyaları kullanılarak Dual Synteny Plotter ile görselleştirilmiştir (C. Chen vd., 2020).

Ortolog genlerin ve ifadesi artan genlerin karşılaştırılmasında Venn diagram (<https://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/Venn>) kullanılmıştır. Tüm grafikler CoreIDRAW 2020 programı ile düzenlemiştir.

### 3.7 Homolog ve Homolog Olmayan Değişim Oranlarının Hesaplanması

Tandem duplikasyon, segmental duplikasyon ve şeker pancarı *Hsp* genleri ile *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Oryza sativa* ve *Populus thichocarpa* organizmaları arasındaki ortolog genler CLUSTALW tabanlı çevrimiçi çoklu dizi hizalama aracı kullanılarak hizalanmıştır. Daha sonra CLUSTALW çıktı sonucu ile *Hsp* genlerinin komplementer DNA dizileri kullanılarak CODEML (<http://www.bork.embl.de/pal2nal/>) programı aracılığı ile homolog (Ks) ve homolog olmayan (Ka) değişim oranları hesaplanmıştır (Suyama vd., 2006). Bunlara ek olarak,  $T \text{ (Myö)} = Ks/2\lambda$  ( $\lambda = 6.5 \times 10^{-9}$ ) formülü ile ayrılma zamanı (milyon yıl önce, Myö) hesaplanmıştır (Lynch ve Conery, 2000).

### 3.8 Hsp Transkriplerini Hedef Alan miRNA'ların *in silico* Tanımlanması

Şeker pancarında bulunan *Hsp* gen transkriptlerinin miRNA hedefleri tanımlanmıştır. Bunun için PmiREN 2.0 (<https://www.pmiREN.com/>) veri tabanı kullanılmıştır ve önceden bilinen *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Oryza sativa* ve *Populus thichocarpa*'ya ait miRNA'lar elde edilmiştir (Z. Guo vd., 2021). Şeker pancarında bulunan *Hsp* gen transkript hedef alan miRNA'ların tanımlanması için de psRNA Target Server (<https://www.zhaolab.org/psRNATarget/>) veri tabanı kullanılarak

*Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Oryza sativa* ve *Populus trichocarpa* miRNA'ları ile şeker pancarı *Hsp* gen transkriptleri hizalanmıştır (Dai ve Zhao, 2011).

### **3.9 Isı Şoku Proteinlerinin Homoloji Modellemesi**

Şeker pancarı Hsp'lerin üç boyutlu (3D) yapısı AlphaFold 2 aracılığıyla belirlenmiştir (<https://www.alphafold.ebi.ac.uk/>) (Jumper vd., 2021). Şeker pancarı *Hsp* genlerinin amino asit dizileri Protein Data Bank'da (PDB) veri tabanında taranmış, şeker pancarına ait Hsp proteinleri ile en çok homolojiye ve bilinen üç boyutlu yapıya sahip örnekler tespit edilmiştir. PyMOL (<http://pymol.org>) programı ile modeller görselleştirilmiştir.

### **3.10 Transkriptom Verileri Aracılığıyla Şeker Pancarı Hsp Genlerine Ait İfade Profillerinin Çıkarılması**

Ücretsiz ve açık bir veri tabanı olan SRA (Sequence Read Archive) veri tabanından şeker pancarına ait transkriptom verileri fastq formatında çekilmiştir. İndirilen veriler Tablo 3.1'de gösterilmiştir. Bu verilerin FASTQC (<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>) programı ile kalite kontrolleri yapılmıştır. Düşük kalitedeki okumaların ( $Q < 20$ ) çıkarılması için CLC Genomics Workbench 11.0 (QiagenA; <https://digitalinsights.qiagen.com>) ile adaptörlerin uzaklaştırılması (trimming) analizi yapılmıştır. NCBI veri tabanından (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>, <http://bvseq.boku.ac.at/Genome/Download/index.shtml>) şeker pancarı referans genomu indirilmiştir. Yüksek kaliteli ham sekans verileri, referans genom kullanılarak birleştirilmiş ve RNA-seq analizi gerçekleştirilmiştir. Ekspresyon değeri olarak RPKM (reads per kilobase per million mapped reads) kullanılmıştır, Normalizasyon ve transformasyon işlemleri yapılarak gen ifade düzeyini içeren tablo elde edilmiştir. Elde edilen veriler kullanılarak, şeker pancarına ait *Hsp* genlerinin ifade profilleri çıkarılmıştır. Permut Matrix programı aracılığı ile de ısı haritaları (HeatMap) oluşturulmuştur (Caraux ve Pinloche, 2005).

Tablo 3. 1 Şeker pancarı bitkisi için kullanılan transkriptom okuma numaraları

Proje Tipi	Proje Erişim Numarası	Uygulanan Stres Durumu	Kaynaklar
BioProject	PRJNA516574	Tuz (Yaprak ve Kök)	(Li vd., 2019)
BioProject	PRJNA254489	Yaprak Sıcaklık-Tuz- 4h Işık	(Minoche vd., 2015)
BioProject	PRJNA594791	Kök ABA Uygulaması	(Xing vd., 2020)

### 3.11 Bitki Materyali ve Stres Uygulamaları

Tohumlar Türkiye Şeker Fabrikaları A.Ş. Şeker Enstitüsü (Ankara)'den tedarik edilmiştir. Bitki materyali olarak kuraklığa hassas genotip (KH), kuraklığa dayanıklı genotip (KD) ve yabani tür (*Beta maritima*) (YT) olmak üzere 3 farklı pancar genotipi kullanılmıştır. Tohumlar 1 dakika boyunca %75 etanolde bekletildikten sonra 3 defa distile su ile yıkanmıştır. Bir gün boyunca distile suda bekletilen tohumlar, plastik saksılara ekilerek Hoagland solüsyonu (Hoagland ve Arnon, 1950) ile bitki büyütme kabininde  $24 \pm 2^\circ\text{C}$  ve 16 saat ışık ve 8 saat karanlık fotoperiyotta  $550\text{-}600 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$  ışık şiddetinde 4 hafta boyunca büyütülmüştür (Wu vd., 2013). Kontrol örnekleri aynı koşullarda büyütülmeye devam edilirken yaprak dokuları alınmıştır. Kuraklık stres uygulaması ise %20'lik polietilen glikol 6000 (PEG-6000) içeren Hoagland solüsyonu ile yapılmış ve uygulamanın 0; 0,5; 1 ve 2. saatlerinde yaprak örnekleri alınmıştır. Sıcaklık stresi, bitkiler  $50^\circ\text{C}$ 'de tutularak gerçekleştirilmiştir ve uygulamanın 0; 0,5; 1 ve 2. saatlerinde yaprak örnekleri alınmıştır. Kombine stres uygulamasında ise kuraklık (%20'lik PEG) ve sıcaklık ( $50^\circ\text{C}$ ) stresleri birlikte uygulanarak 0; 0,5; 1 ve 2. saatlerde yaprak örnekleri alınmıştır. Verilen her stres için üçer biyolojik örnekleme yapılmış olup, alınan örnekler hemen dondurularak gen ifade profillerine bakılmak üzere  $-80^\circ\text{C}$ 'de saklanmıştır (Altunoğlu vd., 2019).

### 3.12 Moleküler Genetik Analizleri

#### 3.12.1 RNA İzolasyonu

RNA izolasyonunda RiboEx™ RNA İzolasyon Kiti (GeneAll, South Korea) kullanılmıştır. Yaklaşık 100 mg doku örnekleri önce steril havanlarda sıvı azot yardımıyla homojenize edilmiştir. Ardından 1 ml Trizol reaktifi eklenmiştir ve

nükleoprotein komplekslerinin ayrışması için 5 dakika oda ısısında bekletilmiştir. 4°C’de 12000 g hız ile 10 dakika santrüfuj yapılmıştır ve ardından supernatant yeni bir tüpe alınmıştır. 0,2 ml kloroform eklenmiştir, 15 saniye karıştırılmış ve oda sıcaklığında 2 dakika bekletilmiştir. 4°C’de 12000 g hız ile 10 dakika santrüfuj yapılmıştır ve daha sonra üst sıvı faz yeni bir tüpe alınmıştır. 0,5 ml izopropanol eklenmiştir ve 3-5 defa alt üst yapılarak yavaşça karıştırılmıştır. Oda sıcaklığında 10 dakika inkübe edilmiştir. 4°C’de 12000 g hız ile 10 dakika santrüfuj yapılmıştır ve supernatant uzaklaştırılmıştır. Pelet üzerine 1ml %75 etanol eklenmiştir. 5 dakika 7500 g hız ile santrüfuj yapılmıştır, supernatant uzaklaştırılmıştır ve etanol uzaklaştırılması için 5 dakika kuramaya bırakılmıştır. RNA üzerine 20 ul DEPC su eklenmiştir ve 5 dakika 56 °C’de inkübe edilerek pelet çözülmesi sağlanmıştır. RNA’nın kalite ve sağlamlığı agaroz jel elektroforezi ve MultiscanGO nano-spektrofotometre (Thermo) cihazları kullanılarak yapılmıştır. RNA örnekleri –80°C’de muhafaza edilmiştir (Celik Altunoglu vd., 2016).

### **3.12.2 DNaz Muamelesi**

DNaz muamelesi için DNase I, RNase-free (Thermo Fisher Scientific, ABD) kiti kullanılmıştır. DNA kalıntılarını uzaklaştırmak üzere DNazI enzimi ile RNA örnekleri muamele edilmiştir. 1 µg RNA örneği, 10X reaksiyon tamponu ve MgCl<sub>2</sub>, 1U/µl DNazI enzimi ve DEPC-muamele edilmiş su ile hacmi 10 µl’ye tamamlanmıştır. Reaksiyonun gerçekleşmesi için 37°C’de 30 dakika inkübasyon yapılmıştır. Daha sonra 50 mM EDTA 1 µl eklenmiştir ve 65°C’de 10 dakika inkübasyon yapılmıştır.

### **3.12.3 Komplementer DNA Sentezi**

Komplementer DNA sentezi için iScript cDNA sentez kiti (Biorad, Almanya) kullanılmıştır. Buna göre, 5x iscript reaksiyon karışımından 4 µl, 1 µg total RNA, 1 µl iScript reverse transkriptaz enzimi konularak nükleaz içermeyen su ile reaksiyon hacmi 20 µl’ye tamamlanmıştır.

### 3.12.4 Primer Tasarımı

Polimeraz zincir reaksiyonunda (PZR) ve gerçek zamanlı polimeraz zincir reaksiyonunda (RT-PZR) kullanılmak üzere transkriptom datarlarından seçimi yapılan genlere spesifik primerler NCBI Primer BLAST veri tabanı aracılığıyla (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/>) tasarlanmıştır. GC%, Tm değerleri ve hairpin oluşumları için primerler, Beacon Designer™ (<http://www.premierbiosoft.com/qOligo/Oligo>) veri tabanı aracılığı kullanılarak kontrol edilmiştir. Çalışmada referans gen olarak *β-actin* ve *GAPDH* genleri kullanılmıştır. Kullanılan primerler ve dizileri Tablo 3.2’de gösterilmiştir.

Tablo 3. 2 Kullanılan primerlerin dizileri ve temel özellikleri

Primer Adı	Amplikon Boyutu (bp)	Primer Yönü	Primer Dizisi (5'→3')	Primer Uzunluğu (bp)	Optimize Edilen Bağlanma Sıcaklığı
<b>β-actin</b>	125	İleri	ACTGGTATTGTGCTTGACTC	20	58°C
		Geri	ATGAGATAATCAGTGAGATC	20	
<b>GAPDH</b>	132	İleri	GCTTTGAACGACCACTTCGC	20	58°C
		Geri	ACGCCGAGAGCAACTTGAAC	20	
<b>BvHsp-34</b>	82	İleri	CTCCGAGGAGGTTACAAGG	20	58°C
		Geri	ACACCATCCTCATACCCAGC	20	
<b>BvHsp-38</b>	262	İleri	TGGCTGCTCGAATTGTCAC	20	58°C
		Geri	TATGATGGTTCGCTCAGGGGA	20	
<b>BvHsp40-03</b>	90	İleri	GACTTCTGTGCGCGTAGCTT	20	58°C
		Geri	ATCTCTTTACCCGTCGCACC	20	
<b>BvHsp40-44</b>	125	İleri	ATCGCGTCGCATTTGTTCA	20	58°C
		Geri	CAAAGCAAGGCGTCGGAAAG	20	
<b>BvHsp60-01</b>	114	İleri	CTCTGAGCCTTGGCCTTGA	20	58°C
		Geri	TCCACGCGATTTAAGCCAGT	20	
<b>BvHsp60-28</b>	209	İleri	TTGCCTACAATGCTGGGGTT	20	58°C
		Geri	CTCCACGACGATAGCCTGAG	20	
<b>BvHsp70-20</b>	176	İleri	GAGCCACCCCTTTCACATCA	20	58°C
		Geri	TACAGGACCTACACCGGAGG	20	
<b>BvHsp70-22</b>	233	İleri	TCCAAATTGTCCGAAGCCGA	20	58°C
		Geri	TTAGGACCAGCACCACTTGC	20	
<b>BvHsp90-03</b>	167	İleri	ACCTTCGCATTTTCAGGCAGA	20	58°C
		Geri	GGCTGAGCATCGAGCTTACT	20	
<b>BvHsp90-07</b>	92	İleri	AGCTCGCTGAGTTGCTTAGG	20	58°C
		Geri	CTGGCCCTCCTTCATTCTGG	20	
<b>BvHsp100-12</b>	166	İleri	TCCCTGTGGAGCATGTTGTC	20	58 °C
		Geri	GGTGGTCCGTCCTTTGAGTT	20	
<b>BvHsp100-58</b>	114	İleri	GCGTGGAGGAAATGCTTTGG	20	58°C
		Geri	GCTCTAACAAACACCTCGGCT	20	

### 3.12.5 Agaroz Jel Elektrofrezisi

Elde edilen RNA örneklerinin kontrolü, %1’lik agaroz jel elektrofrezisi ile gerçekleştirilmiştir. Agaroz jelin hazırlanması için 0,5 gram agaroz tartılarak 50 ml

Tris-asetik asit-EDTA (TAE) tamponunda çözülmüştür, jel karışımına 2,5 µl RedSafe jel boyası eklenmiştir ve elektroforez tankına dökülmüştür. Tris-EDTA tamponunun hazırlanması için 48,5 gr TRİS 800 ml distile su ile karıştırılmıştır, 11,4 ml Glasiyal Asidik asit (17,4M) ve 20 ml 0.5M EDTA (pH 8) eklenerek son hacim 1000 ml olana kadar distile su eklenmiştir. Örnekler 2 µl RNA örneği, 2 µl 6x DNA jel yükleme boyası (DNA Loading Dye) ve 8 µl distile su eklenerek jele yüklenmiştir. PZR ürünlerinin jele yüklenmesinde 10 µl PZR ürünü ve 2 µl 6x DNA jel yükleme boyası kullanılmıştır. Jelde yürüyen örneklerin boyutlarının belirlenebilmesi için 1 µl GeneRuler 100 bp DNA Belirteci, 1 µl 6x DNA jel yükleme boyası ve 4 µl distile su ile jele yüklenmiştir. Örnekler 100 voltta 40 dakika yürütülmüştür ve Vilber-Lourmat marka UV-Jel görüntüsü sistemi ile görüntüler elde edilmiştir.

### 3.12.6 Şeker Pancarı Isı Şoku Genlerinin İfadelerinin Gerçek Zamanlı-PZR İle Doğrulanması

Primerlerin bağlanma sıcaklıkları (Tm) gradiyent PZR yapılarak belirlenmiştir (Tablo 3.3, Tablo 3.4).

Tablo 3. 3 PZR reaksiyonunda kullanılan bileşenler

Reaksiyon Bileşenleri	Miktar
10X reaksiyon buffer	2 µl
2 mM dNTP	2 µl
25 mM MgCl <sub>2</sub>	3 µl
10 µM İleri Primer	1 µl
10 µM Geri Primer	1 µl
Taq DNA Polimeraz	0,5 U
Kalıp cDNA	100 ng
Son hacim 20 µl olacak şekilde PZR kalitesinde su eklenir.	

Tablo 3. 4 Reaksiyon koşulları

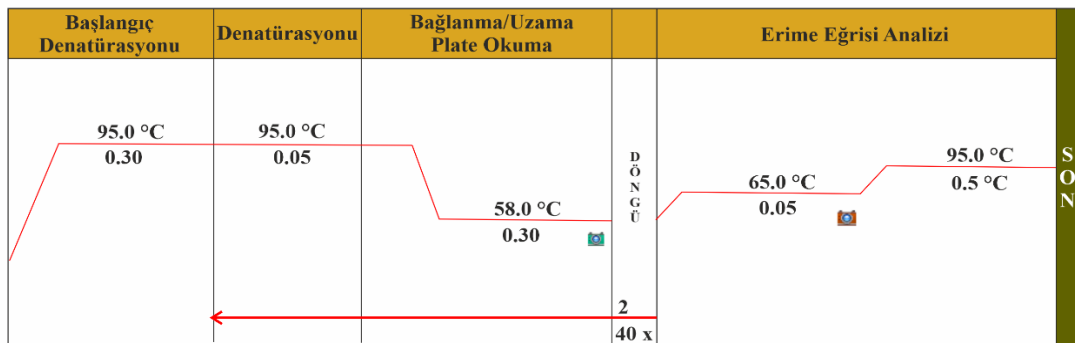
Basamaklar	Uygulanan Sıcaklık	Süre	Döngü Sayısı
Başlangıç Denatürasyonu	95 °C	5 dk	1
Denatürasyon	95 °C	1 dk	35
Birleşme	58 °C	1 dk	
Uzama	72 °C	1 dk	
Son uzama	72 °C	7 dk	1

Transkriptom veri analizi sonuçlarına göre seçilen genler için ‘real time’ PZR sistemi (Biorad CFX96 Touch Real-Time PZR Sistemi) ve iTaq Universal SYBR Green Supermix kiti kullanılarak gen ifade analizlerine bakılmıştır. Tablo 3.5’de reaksiyon karışımları verilmiştir. RT-PZR reaksiyonu sonunda ise erime eğrisi analizi ile doğru DNA bölgesinin çoğaltılıp çoğaltılmadığının kontrolü yapılmıştır. Bunun için RT-PZR reaksiyon karışımı 95°C’de denatüre edilip 65°C’de bekletilmiş ve floresan sinyalleri 530 nm’de 65°C’den 95°C’ye kadar her bir 0,5°C derecede her saniyede alınmıştır (Şekil 3.1).

Tablo 3. 5 Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon bileşimleri

Reaksiyon Bileşenleri	Miktar
Supermix	5 µl
10 µM İleri Primer	1 µl
10 µM Geri Primer	1 µl
Kalıp cDNA	50 ng
Su ile 10 µl'ye tamamlanır.	

Gen ekspresyonunun değerlendirilmesi için referans genler kullanılıp bağıl gen ekspresyonları belirlenmiştir. Buna göre gen ekspresyon seviyeleri, referans olarak kullanılan genlere oranlanarak kontrol ile stres zaman periyodlarının birbirleri ile karşılaştırılmasıyla belirlenmiştir. Her bir yükseltme eğrisi için döngü eşik değeri (Ct) hesaplanarak kalibrasyon eğrileri oluşturulmuştur.  $\Delta Ct$  ve  $\Delta\Delta Ct$  değerleri;  $\Delta Ct = \text{örnek genin Ct değeri} - \text{referans genin Ct değeri}$ ,  $\Delta\Delta Ct = \text{örnek genin } \Delta Ct - \text{kontrol (0 saat) } \Delta Ct$ , ekspresyon =  $2^{-\Delta\Delta Ct}$  olarak hesaplanmıştır. İstatistiksel analizlerde tek yönlü ANOVA testi uygulanmıştır. p değeri < 0,05 ise farklılık anlamlı olarak kabul edilmiş ve istatistiksel olarak anlamlı farkı göstermek için “ \* ” şeklinde gösterilmiştir (Arslan vd., 2021; Celik Altunoglu vd., 2016; Livak ve Schmittgen, 2001).



Şekil 3. 1 Gerçek zamanlı-PZR reaksiyon koşulları

## 4. BULGULAR

### 4.1 Biyoinformatik Analizler

#### 4.1.1 *BvsHsp* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri

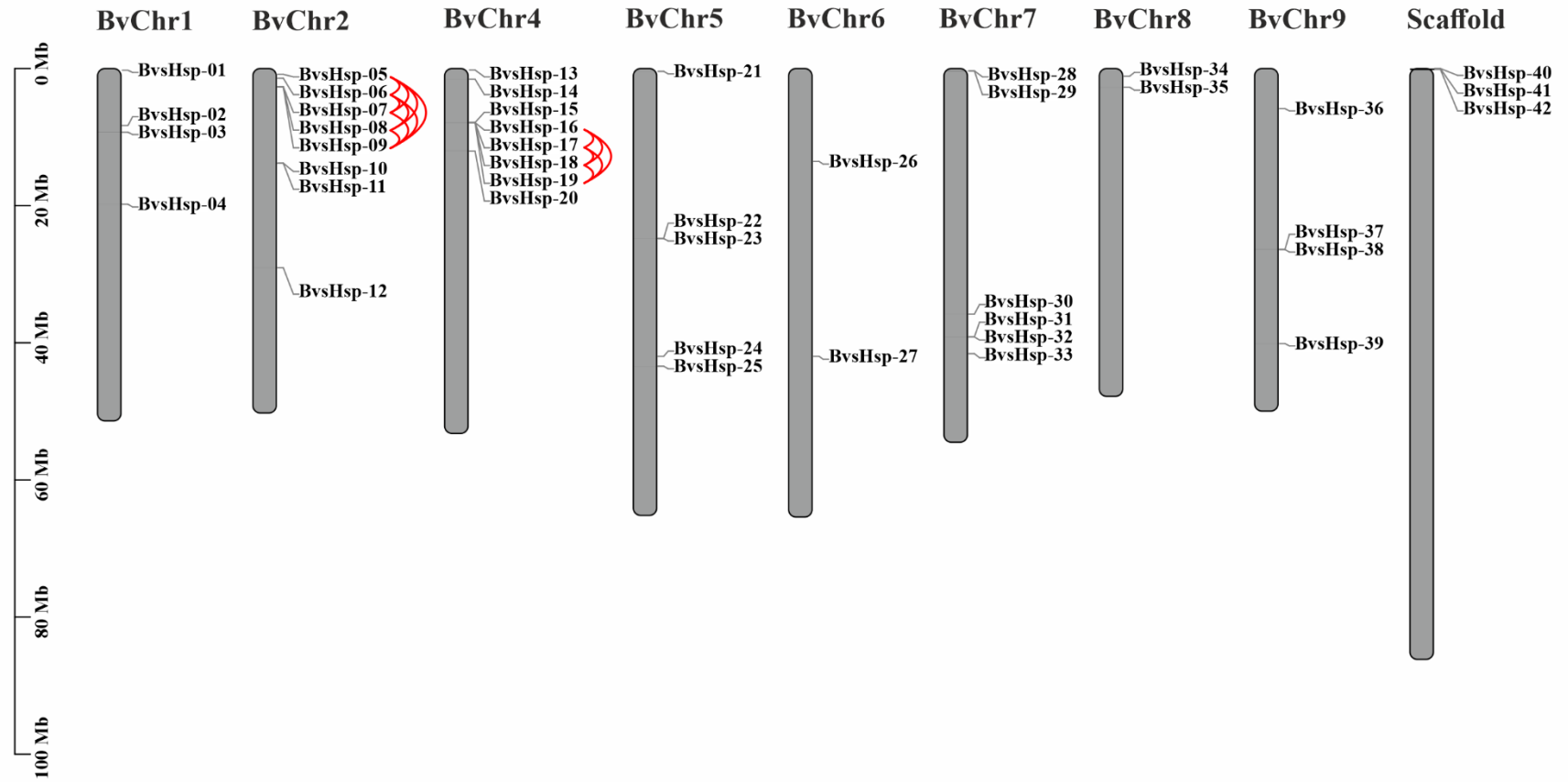
##### 4.1.1.1 *BvsHsp* genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi

Yapılan analizler sonucunda şeker pancarı genomunda küçük ısı şoku proteinlerini kodlayan genler belirlenmiştir ve 42 adet *sHsp* kodlayan gen bulunmuştur. Bulunan bu genler şeker pancarının Latince isminin (*Beta vulgaris*) baş harfleri kullanılarak *BvsHsp* olarak isimlendirilmiştir (EK 1).

Şeker pancarında belirlenen sHsp proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 116 amino asit (*BvsHsp-40*) ile 457 amino asit (*BvsHsp-25*) arasında, moleküler ağırlığının ise 13,1 kDa (*BvsHsp-40*) ile 50,8 kDa (*BvsHsp-25*) arasında değiştiği belirlenmiştir. *BvsHsp* proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,76 (*BvsHsp-04*) ile 9,36 (*BvsHsp-13*) arasında değiştiği belirlenmiştir. Bulunan 42 proteinden 10 tanesinin (*BvsHsp-07*, *BvsHsp-10*, *BvsHsp-11*, *BvsHsp-15*, *BvsHsp-24*, *BvsHsp-30*, *BvsHsp-34*, *BvsHsp-35*, *BvsHsp-36* ve *BvsHsp-37*) kararlı olduğu saptanmıştır (EK 1).

##### 4.1.1.2 *BvsHsp* genlerinin kromozomal dağılımı

*BvsHsp* genlerinin şeker pancarının 9 kromozomundan 8'ine (3. kromozom hariç) değişik oranlarda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. En fazla sayıda *BvsHsp* geni içeren kromozomun 8 adet ile 2. ve 4. kromozom olduğu, en az sayıda *BvsHsp* geni içeren kromozomun ise 2 adet ile 6 ve 8. kromozom olduğu bulunmuştur. Üç adet gen (*BvsHsp-40*, *BvsHsp-41* ve *BvsHsp-42*) scaffold seviyesinde belirlenmiştir (Şekil 4.1).

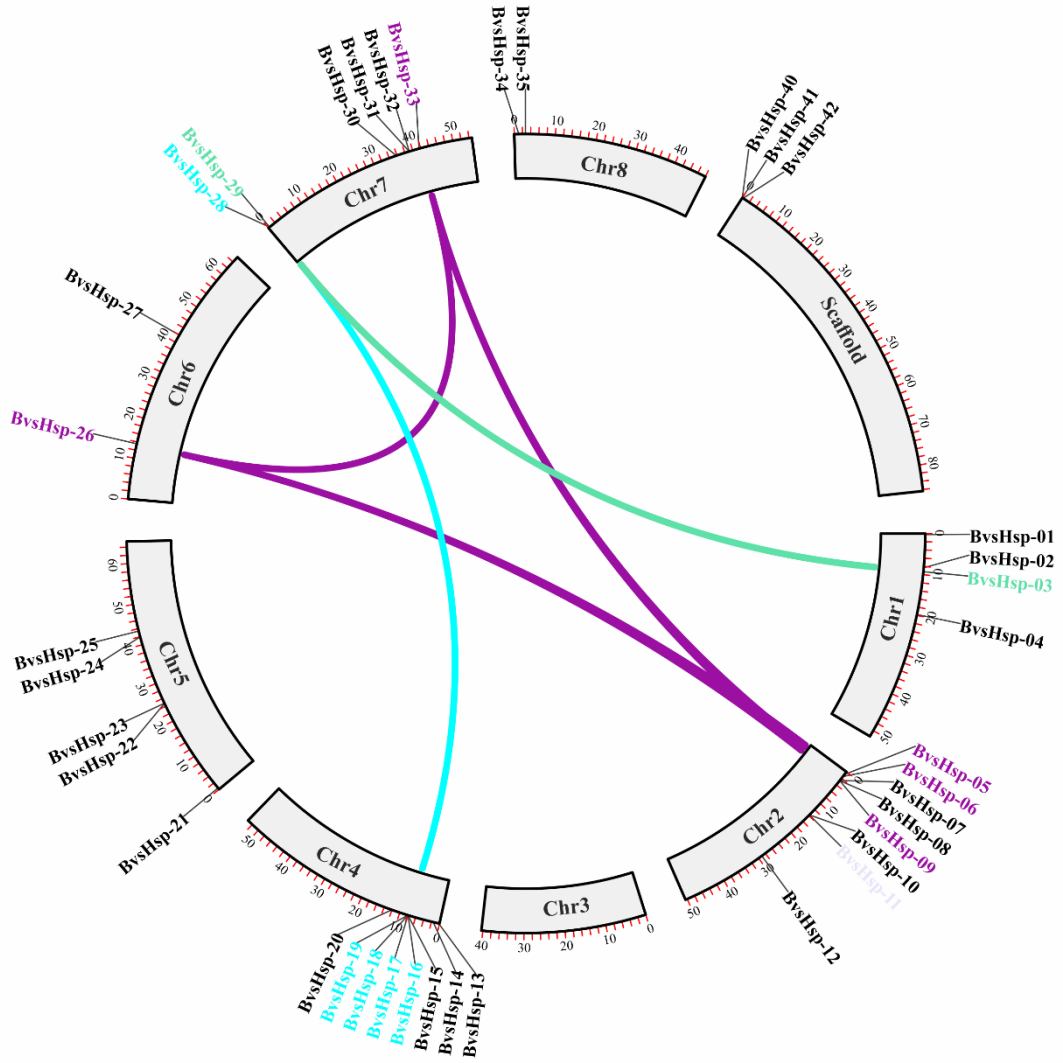


Şekil 4. 1 *BvsHsp* genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı

#### 4.1.1.3 *BvsHsp* genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları

Gen duplikasyon olayları, genlerin çeşitlenmesinde ve sayısının artmasında oldukça önemli bir rol oynamaktadır. Homolog olmayan ( $K_a$ ), homolog ( $K_s$ ) ve  $K_a/K_s$  değişim oranları genlerin evrimini anlamaya yardımcı olmak için yaygın olarak kullanılmaktadır (J. Li vd., 2009). Şeker pancarı *sHsp* genleri 15 çift tandem (Şekil 4.1) ve 12 çift segmental (Şekil 4.2) duplikasyon göstermiştir. *sHsp* genleri 2. ve 4. kromozom üzerinde tandem duplikasyon göstermiştir. Tandem duplikasyonlar Şekil 4.1'de kırmızı ile gösterilmiştir. Tandem duplikasyon gösteren *sHsp* genlerinin ortalama  $K_a$  oranının 0,163;  $K_s$  oranının 12,20;  $K_a/K_s$  oranının ise 0,166 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar tandem duplikasyonun ortalama 93,87 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 3).

Kromozom 1, 2, 4, 6, 7 ve 9'da segmental duplikasyon bölgeleri tespit edilmiştir. Segmental duplikasyonlar Şekil 4.2'de kromozomlar arası çizgiler ile gösterilmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *sHsp* genlerinin ortalama  $K_a$  oranının 0,159;  $K_s$  oranının 6,595;  $K_a/K_s$  oranının ise 0,127 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar, segmental duplikasyonun ortalama 50,72 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 4).

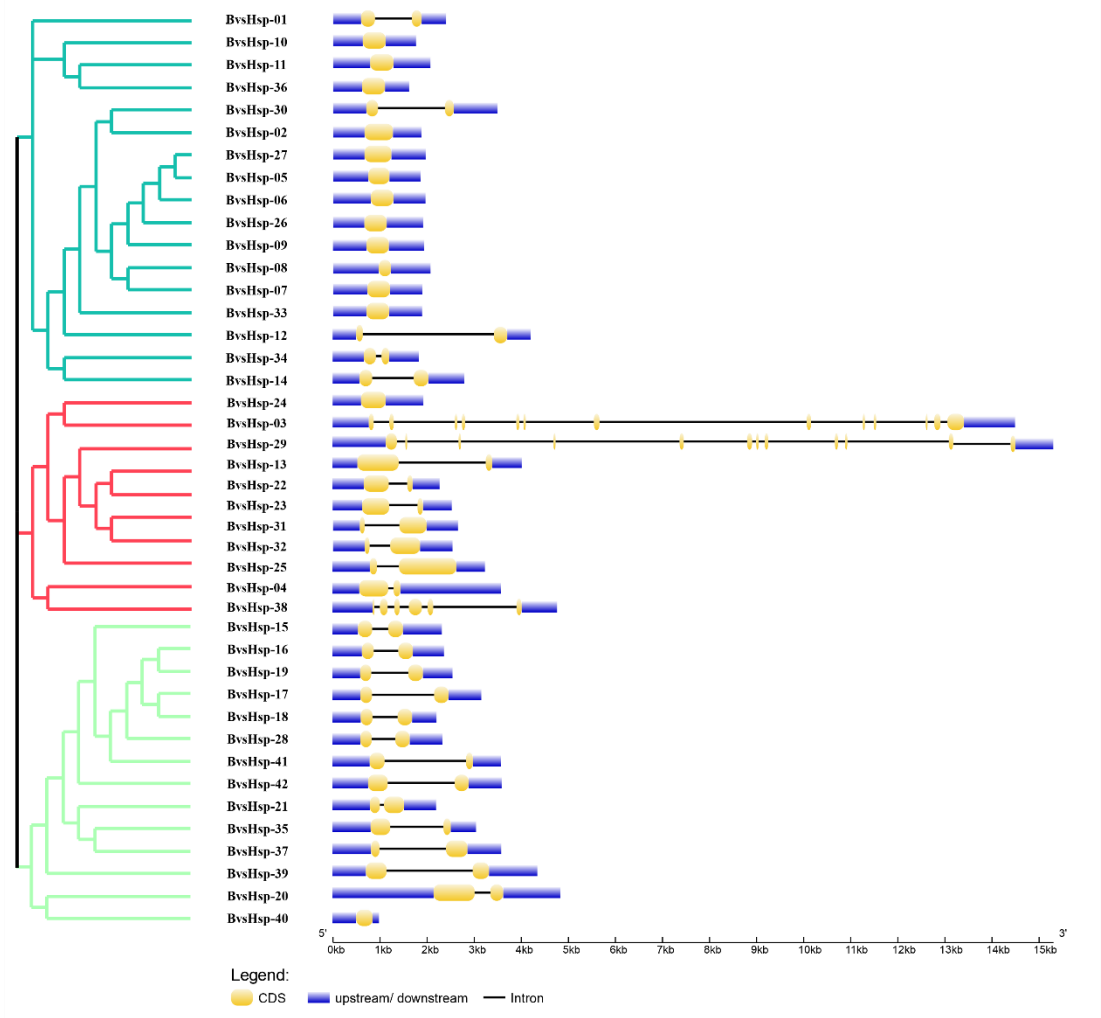


Şekil 4. 2 *BvsHsp* genlerinin segmental duplikasyonu

#### 4.1.1.4 *BvsHsp* genlerinin yapısı

Alternatif sıplays (alternative splicing), gen ekspresyonunun kontrolü ve protein çeşitliliğini artırmak için önemli bir mekanizmadır. Alternatif sıplays düzenlemesi intronlar için oldukça önemlidir (Greenberg ve Soreq, 2013; Jo ve Choi, 2015). İtron açısından zengin olan genler daha yüksek ekspresyon göstermiştir ve gen ekspresyonu ile intron sayısı arasında önemli bir pozitif korelasyon olduğu tespit edilmiştir (Deshmukh vd., 2016). Şeker pancarı *BvsHsp* genlerinin ekzon-intron organizasyonlarına yani gen yapılarına bakılacak olursa, *sHsp* genlerinden *BvsHsp-10*, *BvsHsp-11*, *BvsHsp-36*, *BvsHsp-02*, *BvsHsp-27*, *BvsHsp-05*, *BvsHsp-06*, *BvsHsp-26*, *BvsHsp-09*, *BvsHsp-08*, *BvsHsp-07*, *BvsHsp-33*, *BvsHsp-24* ve *BvsHsp-40* genlerinin intron içermediği gözlenmiştir. *BvsHsp-03* geninin en çok intron (12 adet) içeren *sHsp*

geni olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.3). İntron içermeyen *BvsHsp* genlerinin filogenetik ağaçta çoğunlukla III. sınıfta (*BvsHsp-40* hariç) yer aldığı belirlenmiştir (Şekil 4.3).



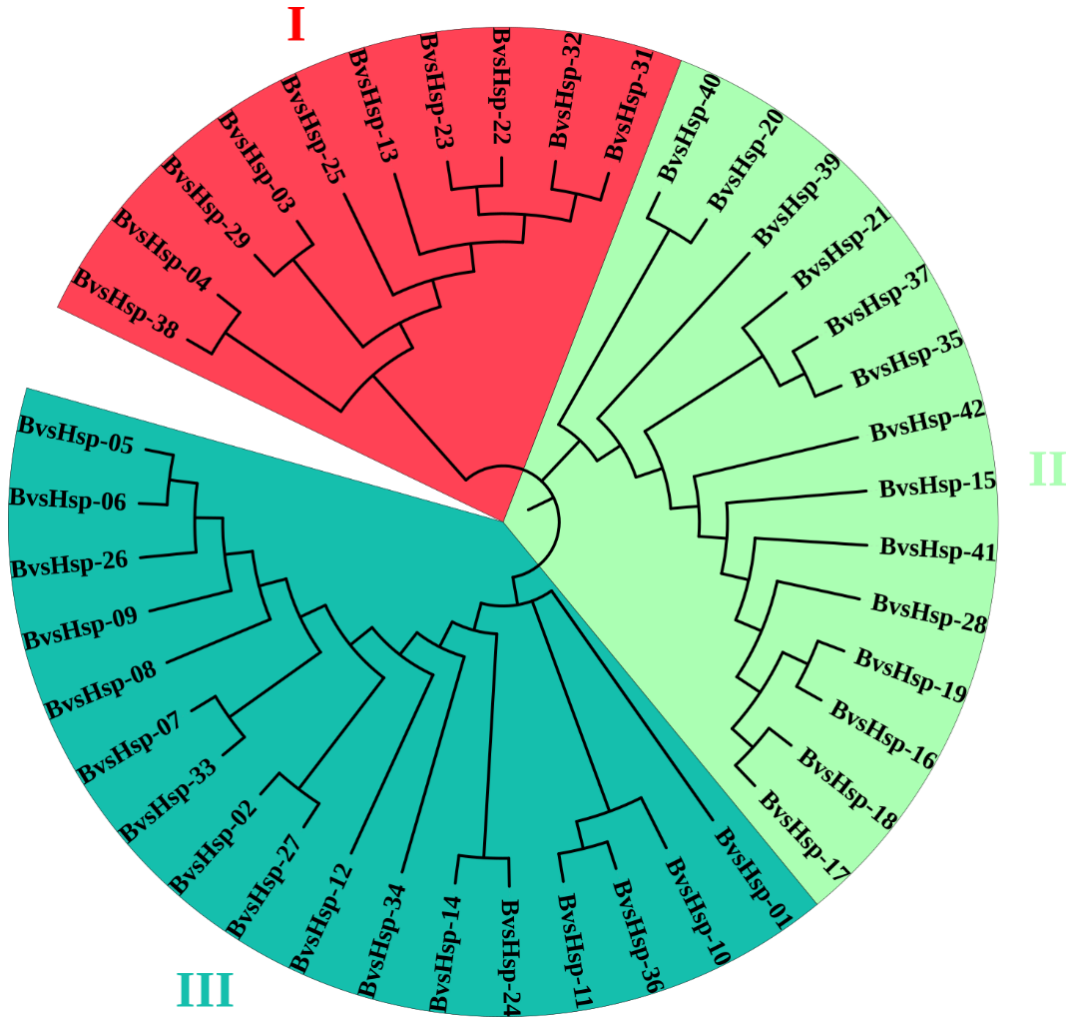
Şekil 4. 3 *BvsHsp* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

#### 4.1.1.5 *BvsHsp* proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri

Isı şoku proteinlerinin evrimsel ilişkisini anlamak için detaylı bir filogenetik sınıflandırma yapılmıştır. Filogenetik ağaç analizine göre sHsp proteinleri 3 ana sınıfta kategorize edilmiştir. Tandem duplikasyon gösteren *BvsHsp-05-BvsHsp-06*, *BvsHsp-05-BvsHsp-07*, *BvsHsp-05-BvsHsp-08*, *BvsHsp-05-BvsHsp-09*, *BvsHsp-06-BvsHsp-07*, *BvsHsp-06-BvsHsp-09*, *BvsHsp-06-BvsHsp-08* genlerine ait proteinlerin filogenetik ağaçta III. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvsHsp-16-BvsHsp-17*, *BvsHsp-16-BvsHsp-18*, *BvsHsp-16-BvsHsp-19*, *BvsHsp-17-BvsHsp-18*, *BvsHsp-*

17-*BvsHsp-19*, *BvsHsp-18-BvsHsp-19* genlerine ait proteinlerin filogenetik ağaçta II. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir.

Segmental duplikasyon gösteren *BvsHsp-03-BvsHsp-29* genlerine ait proteinlerin I. grupta ve *BvsHsp-16-BvsHsp-28*, *BvsHsp-17-BvsHsp-28*, *BvsHsp-18-BvsHsp-28*, *BvsHsp-19-BvsHsp-28* genlerine ait proteinlerin II. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvsHsp-05- BvsHsp-26*, *BvsHsp-06- BvsHsp-26*, *BvsHsp-06- BvsHsp-33*, *BvsHsp-09- BvsHsp-26*, *BvsHsp-09- BvsHsp-33*, *BvsHsp-11-BvsHsp-36*, *BvsHsp-26- BvsHsp-33* genlerine ait proteinlerin III. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.4). Sonuç olarak, tandem ve segmental duplikasyonlar gösteren genlere ait proteinlerin filogenetik ağaçta aynı grupta ve aynı dalda olması sHsp proteinlerinin evrimini anlamak için yapılan filogenetik ağaç analizi ile güvenilir veriler elde edilmiştir (Şekil 4.4).



Şekil 4. 4 *BvsHsp* genlerinin filogenetik sınıflandırılması

#### 4.1.1.6 BvsHsp proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi

Analiz edilen şeker pancarı sHsp proteinleri için 10 farklı korunmuş motif belirlenmiştir. Pfam veritabanı aracılığıyla motif taraması yapılmıştır ve motif 1, motif 2 ve motif 3'de sHsp domaini (Hsp20/alpha crystallin family) ve motif 8'de ARID domaini (ARID/BRIGHT DNA binding domain) bulunmuştur. sHsp proteinlerinde genellikle Motif 1 ve motif 2 bulunmaktadır. Sadece motif 2 ve motif 8 içeren BvsHsp-03 ile BvsHsp-29 proteinlerinin filogenetik ağaçta I. grupta olduğu belirlenmiştir. Motif 3 ve motif 6 bulunan proteinlerin filogenetik ağaçta III. grupta, motif 4, motif 7 ve motif 9 bulunan genlerin filogenetik ağaçta II. grupta olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak tanımlanan BvsHsp proteinlerinin korunmuş motiflerinin yapısal olarak benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.5).



Şekil 4. 5 BvsHsp proteinlerinin korunmuş motif içerikleri

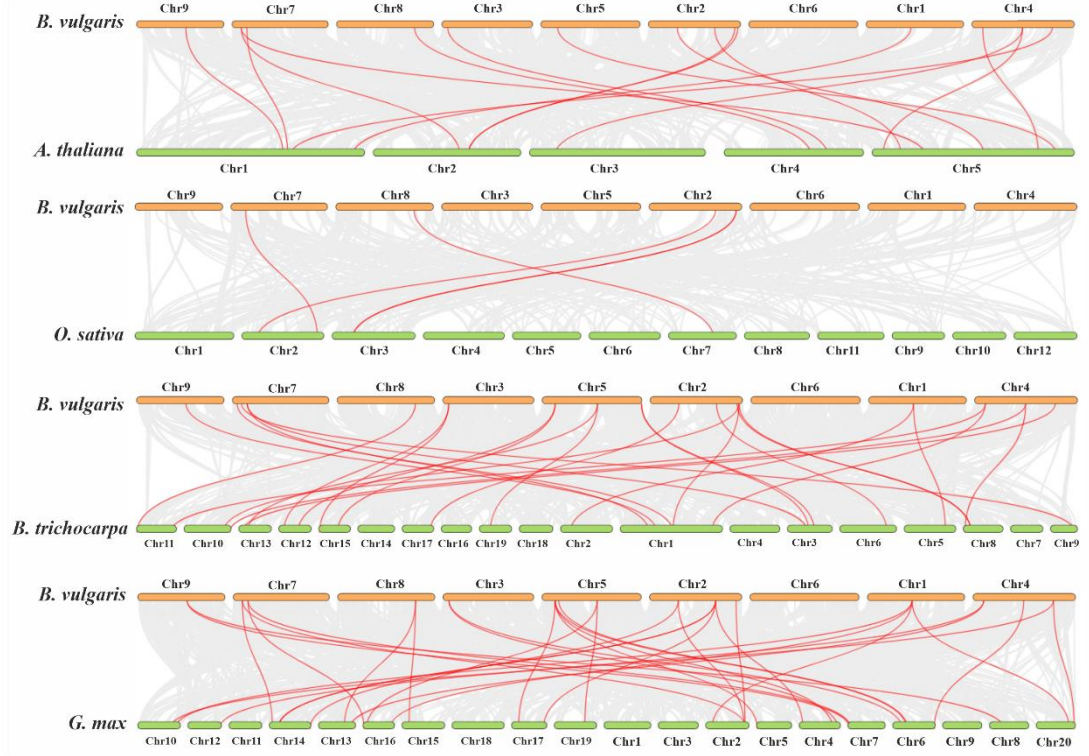
#### 4.1.1.7 *BvsHsp* genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları

Nadeau ve Taylor (1984) sinteni terimini aynı kromozom üzerinde iki veya daha fazla homolog gen bulunması olarak tanımlamışlardır ve bu tanımda homolog genler fonksiyon olarak benzerlik gösteren genler şeklinde belirtilmiştir. Günümüzde sinteni terimi, türleşme olaylarında ortolog genler için genişletilmiş bir tanımdır ve fonksiyonun korunmasından ziyade dizinin korunmasına dayandırılmıştır (Ghiurcuta ve Moret, 2014; McCouch, 2001; Restrepo-Montoya vd., 2021). Sinteni analizi, evrimsel ilişkileri araştırmak ve işlevsel olarak ilişkili genleri belirlemek için yararlı bir yöntemdir (Restrepo-Montoya vd., 2021).

Şeker pancarı ile *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasında sintenik ilişkiler belirlenmiştir. Gri çizgiler kromozomlar arasındaki tüm ortolog genleri kırmızı çizgiler ise *BvsHsp* genleri arasındaki ortolog genleri göstermektedir (Şekil 4.6).

En fazla ortolog ilişki şeker pancarı ile *P. trichocarpa* arasında olup, 17 gen olduğu belirlenmiştir ve daha sonra sırasıyla *G. max* 15, *Arabidopsis* 14 ve *O. sativa*'da 5 gende ortolog ilişki gözlenmiştir. İki çenekli (dikotiledon) şeker pancarı ile iki çenekli bitkilerin (*Arabidopsis*, kavak ve soya) ortolog gen sayısının birbirine yakın olduğu belirlenmiştir. Bunun yanında, tek çenekli (monokotiledon) bitki olan çeltik (*Oryza sativa*) ile en az ortolog gen (5 adet) belirlenmiştir (EK 5).

Şeker pancarı ile diğer türlerde *BvsHsp-10*, *BvsHsp-30* ve *BvsHsp-34* genleri ortak ortolog olarak belirlenmiştir (Şekil 4.7 A) ve bu genler evrimsel süreçte yüksek oranda korunmuş olduğu düşünülebilir. Bu sonuçlar *sHsp* genlerinin evrimini aydınlatmak için değerli olabilir.



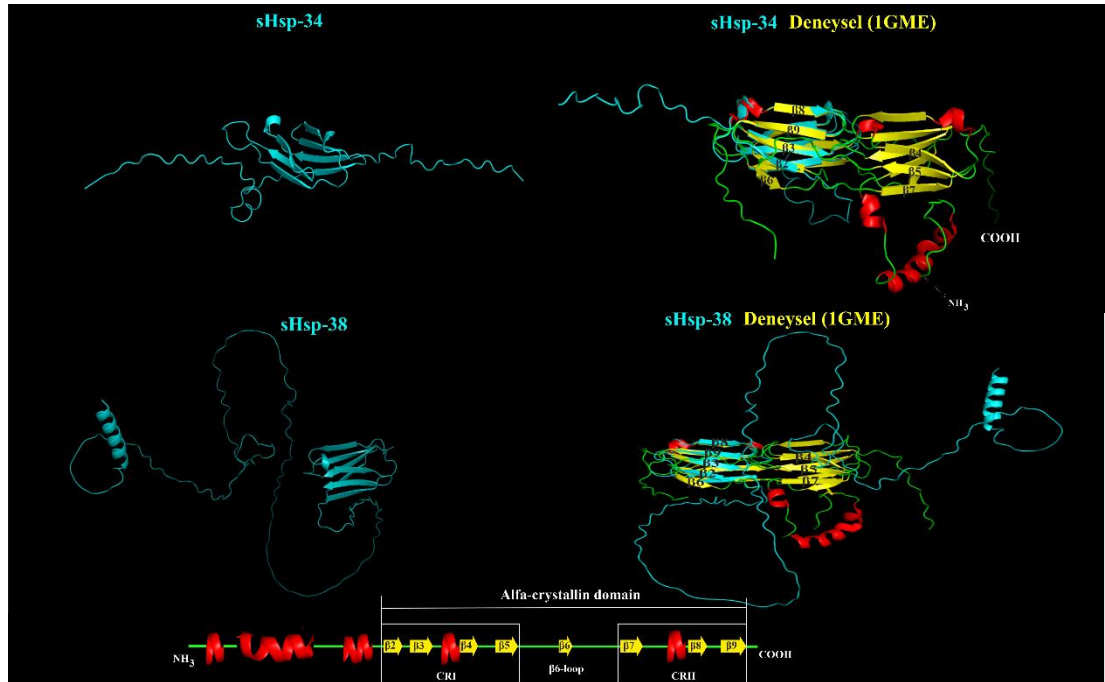
Şekil 4. 6 *BvsHsp* genlerinin *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi

Homolog olmayan ( $K_a$ ), homolog ( $K_s$ ) ve  $K_a/K_s$  değişim oranları genlerin evrimini anlamaya yardımcı olmak için yaygın olarak kullanılmaktadır (J. Li vd., 2009).  $K_a/K_s > 1$  pozitif seleksiyonu,  $K_a/K_s < 1$  negatif seleksiyonu ve  $K_a/K_s \approx 1$  nötr seleksiyonu belirtmektedir (Hurst, 2002). *Arabidopsis* (16 çift), soya (29 çift), çeltik (5 çift) ve kavak (27 çift) *sHsp* genlerinin ortologları için  $K_a$ ,  $K_s$  ve  $K_a/K_s$  değerleri hesaplanmıştır (Şekil 4. 7B). Şeker pancarı *sHsp* genlerinin ortologları bulunan *Arabidopsis* genomunda ortalama  $K_a/K_s$  değeri 0,14; soyada 0,08; çeltikte 0,01; kavakta 0,06 olarak bulunmuştur.  $K_s$  değeri kullanılarak yapılan hesaplamada, *BvsHsp* genlerinin *Arabidopsis* bitkisindeki ortolog genler ile en erken ayrılma zamanı 10,85; soya bitkisinde 11,73; çeltikte 303,84 ve kavakta 118,59 Myö olarak belirlenmiştir. Sonuç olarak,  $K_a/K_s < 1$  olduğu ve şeker pancarı *sHsp* genlerinin evriminin kuvvetli bir negatif seleksiyona uğradığını göstermektedir (EK 5).



#### 4.1.1.9 BvsHsp proteinlerinin homoloji modellemesi

Homoloji modellemesi için yapay zeka algoritması aracılığıyla yüksek benzerlik ve homoloji gösteren AlphaFold veritabanı kullanılmıştır (Jumper vd., 2021). qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen BvsHsp-34 ve BvHsp-38 proteinlerinin homoloji modellemesi yapılmıştır. Hsp20/Alfa-crystallin domaini küçük ısı şoku proteinleri için imza niteliğindedir. Alfa-crystallin domaini (ACD) yaklaşık 80-100 amino asitlik korunmuş bir alana sahiptir ve N- ve C-terminal bölgeleri ile çevrilidir (Santhanagopalan vd., 2015).  $\beta$ -sandviç yapısına sahip olan alfa-crystallin domaini (ACD) tüm sHspler arasında korunmuştur (Poulain vd., 2010). Ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum*) sHsp proteinin yapısal organizasyonu belirlenmiştir ve 1GME Protein Data Bank (PDB) erişim numarası ile elde edilmiştir. sHsp (1GME) proteini, korunmuş bölge I (CRI), korunmuş bölge II (CRII) ve  $\beta$ -loop'dan meydana gelen alfa-crystallin domaini'nden (ACD) oluşmaktadır (Bondino vd., 2012). BvsHsp-34 ve BvHsp-38 proteinleri ile deneysel 1GME sHsp proteini alfa-crystallin domaini (ACD) oluşturan  $\beta$ -sandviç yapılarıyla yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir (Şekil 4.9). Elde edilen bu sonuç, proteinlerin evrimini ve fonksiyonlarını anlamamıza yardımcı olabilir (Şekil 4.9).

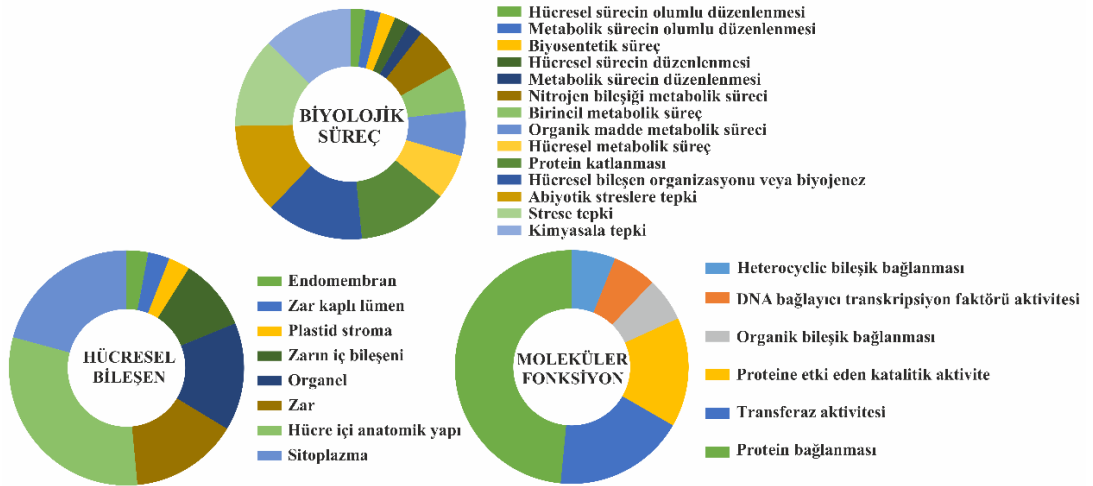


Şekil 4. 9 BvsHsp-34 ve BvHsp-38 proteinlerin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu

#### 4.1.1.10 *BvsHsp* genlerinin ontoloji analizi

OmicsBox programı kullanılarak *sHsp* genlerinin biyolojik işlevleri, hücrel yerleşimleri ve moleküler fonksiyonları belirlenmiştir. *sHsp* ailesi üyelerinin çoğunlukla, hücrel bileşenlerin organizasyonu ve biyogenez, abiyotik streslere tepki, streslere tepki, kimyasala tepki ve protein katlanması gibi biyolojik süreçlerde rol aldıkları, hücre içi anatomik yapı, zar ve sitoplazmada buldukları ve protein bağlanması, transferaz aktivitesi ve proteine etki eden katalik aktivite fonksiyonuna sahip oldukları belirlenmiştir (Şekil 4.10).

Genel olarak *sHsp* genleri “small heat shock protein, heat shock protein ve heat shock protein-like” olarak tanımlanmıştır. qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvsHsp-34* ve *BvHsp-38* genlerinin ontoloji analizleri yapılmıştır. *BvsHsp-34* geni “15.4 kDa class V heat shock protein” ve *BvsHsp-38* geni “putative small heat shock protein” olarak tanımlanmıştır ayrıca *BvsHsp-34* geninin protein katlanması, ısıya yanıt, tuz stresine yanıt ve katlanmamış protein bağlanması fonksiyonlarının olduğu belirlenmiştir (EK 2).

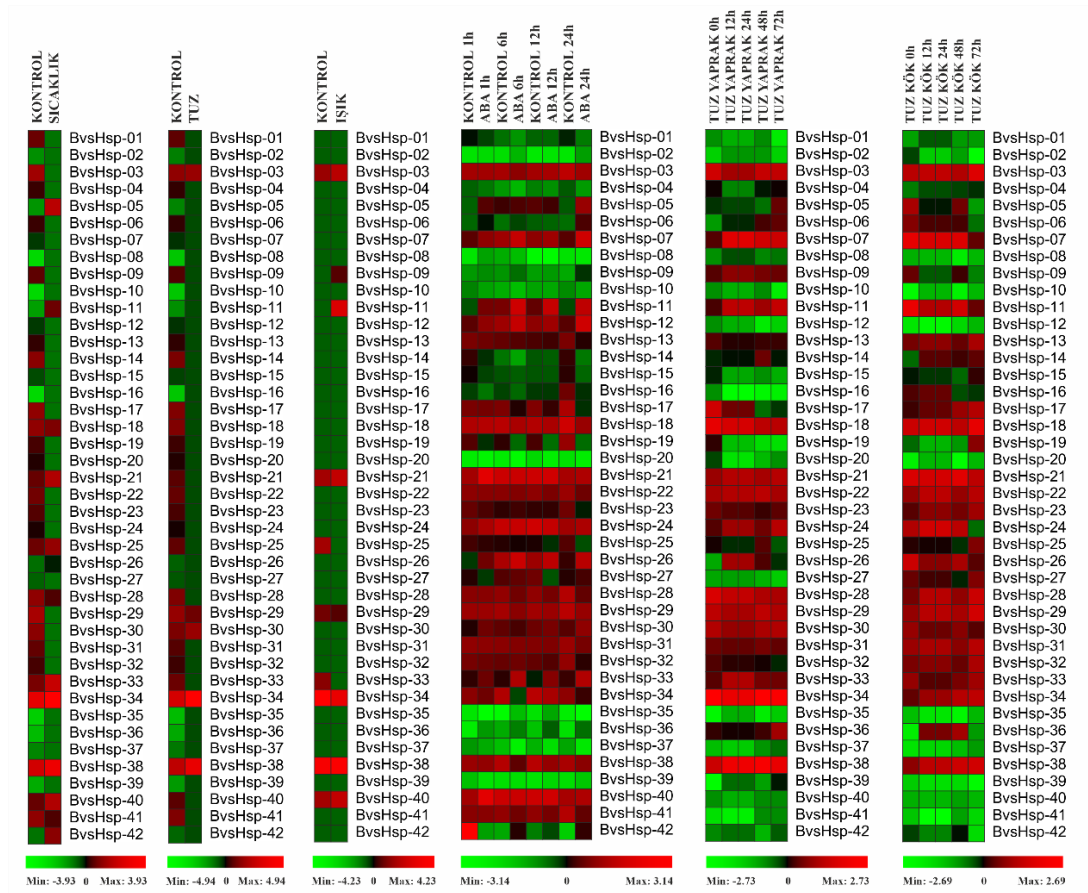


Şekil 4. 10 *BvsHsp* genlerinin fonksiyonel analizleri

#### 4.1.1.11 *BvsHsp* genlerinin transkriptom analizi

NCBI veri tabanından sıcaklık, tuz, ışık ve ABA hormonu uygulamasına ait transkriptom dataları PRJNA516574 (Li vd., 2019), PRJNA254489 (Minoche vd., 2015) ve PRJNA594791 (Xing vd., 2020) erişim numaraları ile elde edilmiştir. CLC

Genomics Workbench programı ile RNA-seq analizi yapılmıştır ve *BvsHsp* genlerinin RPKM değerleri kullanılarak ısı haritası oluşturulmuştur. Sıcaklık ve tuz stresinde *BvsHsp-08,10,16* genlerinin, tuz stresinde *BvsHsp-03,29,30,34,38* genlerinin ve ABA stresinde *BvsHsp-10* geninin ifadesinde artış gözlenmemiştir. Yaprak ve kök dokusunda tuz stresi uygulanan örnekte *BvsHsp-40* geninin ifadesinde artış gözlenmemiştir. Diğer tüm genlerin farklı stres ve dokularda ifade edildiği belirlenmiştir. Elde edilen veriler sonucunda *BvsHsp-34* ve *BvsHsp-38* genlerinde yüksek ifade seviyesi gözlenmiştir (Şekil 4.11).



Şekil 4. 11 *BvsHsp* genlerinin çeşitli stres altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları

## 4.1.2 *BvHsp40* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri

### 4.1.2.1 *BvHsp40* genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi

Yapılan analizler sonucunda şeker pancarı genomunda ısı şoku proteinleri 40 (*Hsp40*) kodlayan genler belirlenmiştir ve 108 adet *Hsp40* kodlayan gen bulunmuştur. Bulunan

bu genler şeker pancarının Latince isminin (*Beta vulgaris*) baş harfleri kullanılarak *BvHsp40* olarak isimlendirilmiştir (EK 7).

Şeker pancarında belirlenen Hsp40 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 110 amino asit (*BvHsp40-18*) ile 2602 amino asit (*BvHsp40-91*) arasında, moleküler ağırlığının ise 11,8 kDa (*BvHsp40-18*) ile 284,2 kDa (*BvHsp40-91*) arasında değiştiği belirlenmiştir. *BvHsp40* Hsp proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,32 (*BvHsp40-88*) ile 10,19 (*BvHsp40-59*) arasında değiştiği gözlenmiştir. Bulunan 108 proteinden 26 tanesinin kararlı olduğu saptanmıştır (EK 7).

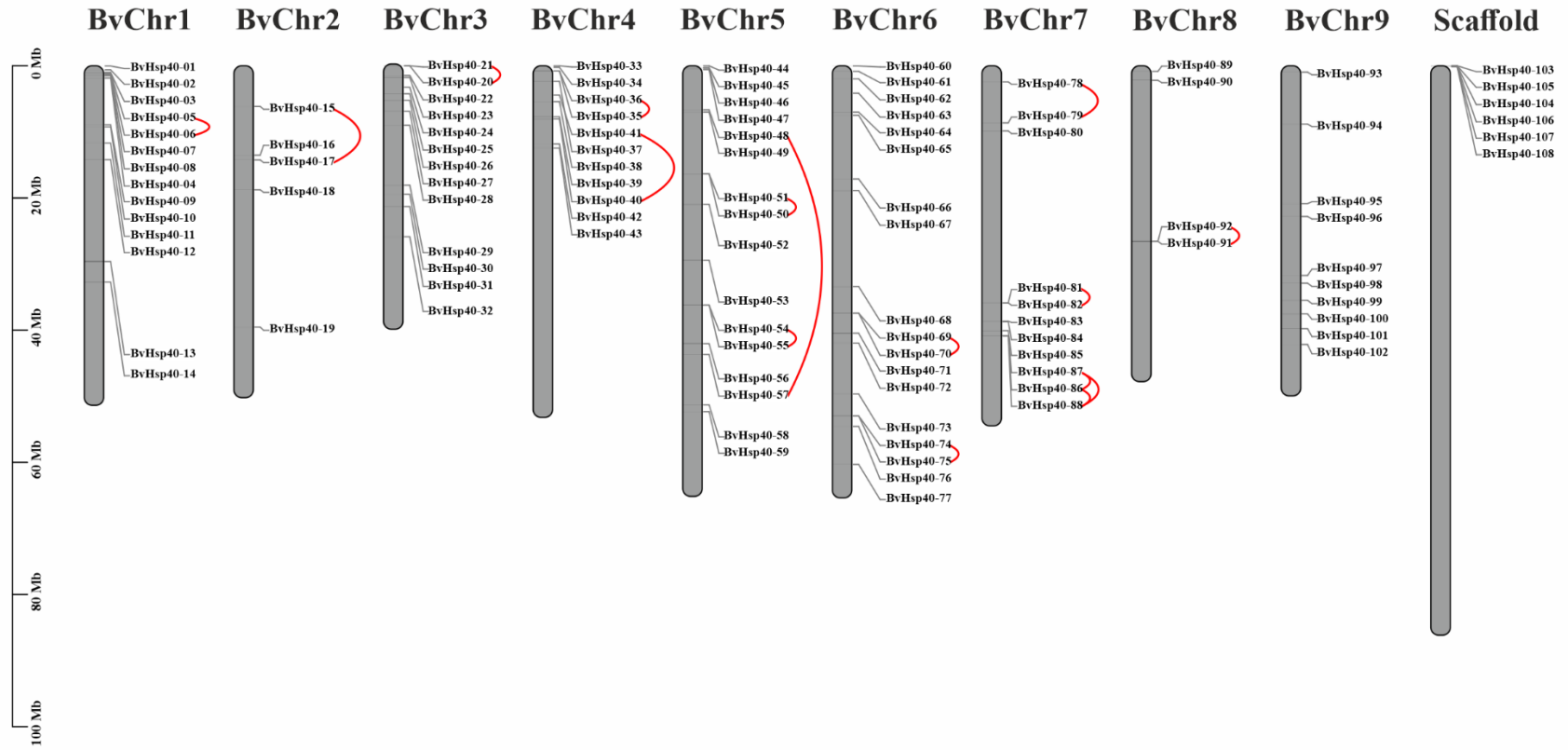
#### **4.1.2.2 *BvHsp40* genlerinin kromozomal dağılımı**

*BvHsp40* genlerinin şeker pancarının 9 kromozomuna değişik oranlarda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. En fazla sayıda *BvHsp40* geni içeren kromozomun 18 adet ile 6. kromozom üzerinde olduğu, en az sayıda *BvHsp40* geni içeren kromozomun ise 4 adet ile 8. kromozom olduğu bulunmuştur. 6 adet gen (*BvHsp40-103, 104, 105, 106, 107, 108*) scaffold seviyesinde belirlenmiştir (Şekil 4.12).

#### **4.1.2.3 *BvHsp40* genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları**

Şeker pancarı *Hsp40* genleri 16 çift tandem (Şekil 4.12) ve 8 çift segmental (Şekil 4.13) duplikasyon göstermiştir. *Hsp40* genleri 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 ve 8. kromozom üzerinde tandem duplikasyon göstermiştir. Tandem duplikasyonlar Şekil 4.12’de kırmızı çizgiler ile gösterilmiştir. Tandem duplikasyon gösteren *Hsp40* genleri ortalama Ka oranının 0,10; Ks oranının 5,96; Ka/Ks oranının 15,03 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar tandem duplikasyonun ortalama 31,50 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 9).

Kromozom 4, 5, 7 ve scaffold’da segmental duplikasyon bölgeleri tespit edilmiştir. Segmental duplikasyonlar Şekil 4.13’de kromozomlar arası çizgiler ile gösterilmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *Hsp40* genlerinin ortalama Ka oranının 0,19; Ks oranının 9,27; Ka/Ks oranının 0,04 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar, segmental duplikasyonun ortalama 71,32 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 10).



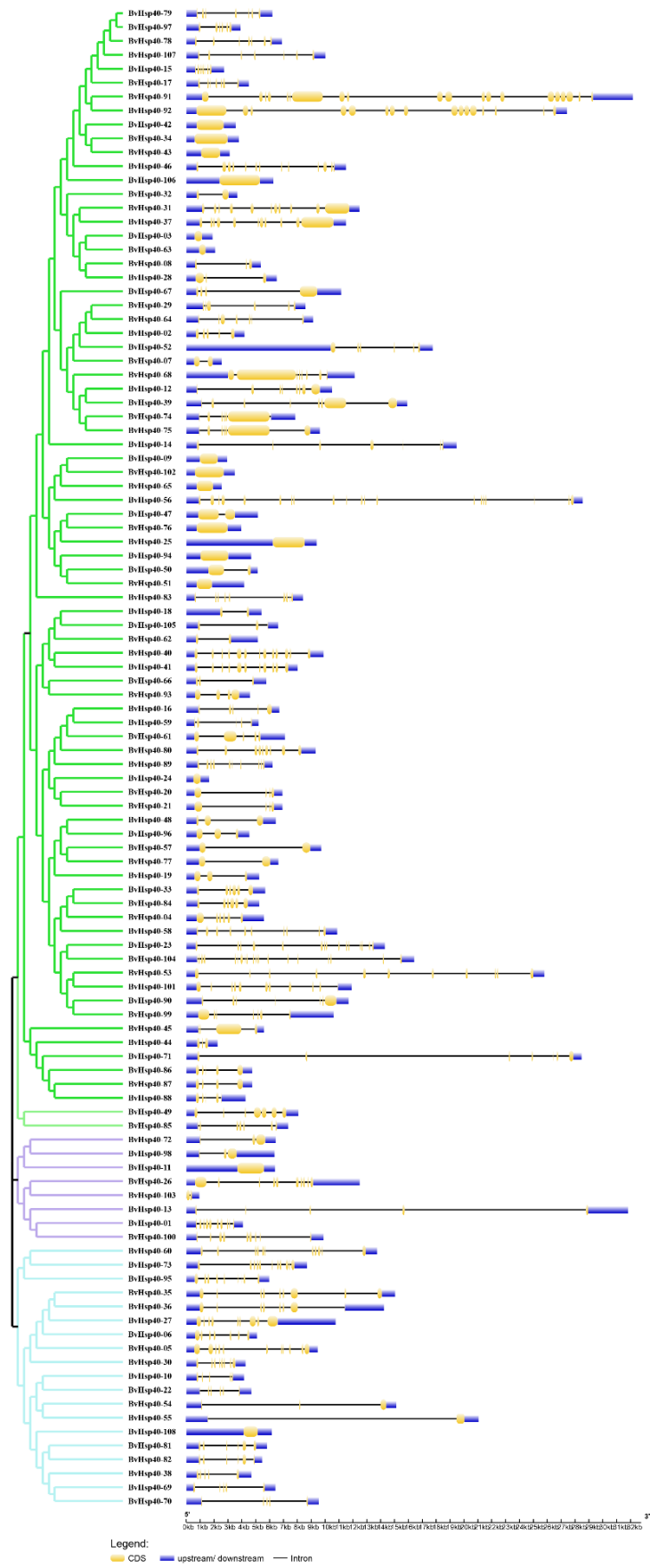
Şekil 4. 12 *BvHsp40* genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı



Şekil 4. 13 *BvHsp40* genlerinin segmental duplikasyonu

#### 4.1.2.4 *BvHsp40* genlerinin yapısı

Şeker pancarı *BvHsp40* genlerinin ekzon-intron organizasyonlarına yani gen yapılarına bakılacak olursa, *BvHsp40-03*, *08*, *09*, *11*, *24*, *25*, *34*, *42*, *43*, *51*, *63*, *65*, *76*, *94*, *102*, *106* genlerinin intron içermediği gözlenmiştir. *BvHsp40-91* ve *BvHsp40-56* genlerinin ise en çok intron (19 adet) içeren *Hsp40* genleri olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.14).



Şekil 4. 14 *BvHsp40* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

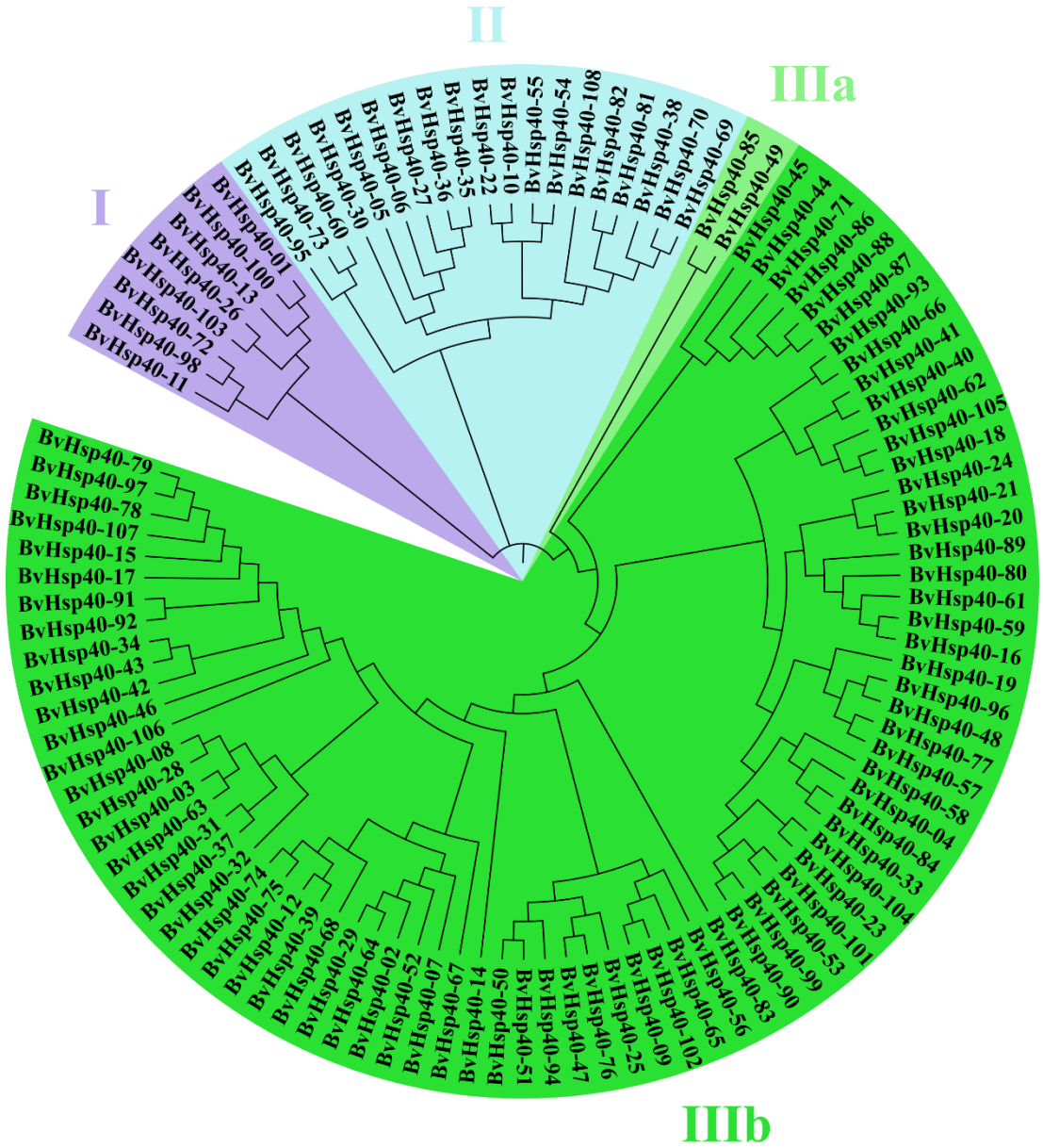
#### 4.1.2.5 BvHsp40 proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri

Filogenetik ağaç analizine göre Hsp40 proteinleri 3 farklı sınıfta (I, II, IIIa ve IIIb) kategorize edilmiştir (Şekil 4.15).

Tandem duplikasyon gösteren *BvHsp40-05-BvHsp40-06*, *BvHsp40-35-BvHsp40-36*, *BvHsp40-54-BvHsp40-55*, *BvHsp40-69-BvHsp40-70*, *BvHsp40-81-BvHsp40-82* genlerine ait proteinlerin filogenetik ağaçta II. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvHsp40-15-17*, *BvHsp40-20-21*, *BvHsp40-40-41*, *BvHsp40-48-57*, *BvHsp40-50-51*, *BvHsp40-74-75*, *BvHsp40-78-79*, *BvHsp40-86-87*, *BvHsp40-86-88*, *BvHsp40-87-88*, *BvHsp40-91-92* genlerine ait proteinlerin filogenetik ağaçta IIIb grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.15).

Segmental duplikasyon gösteren *BvHsp40-48-BvHsp40-96*, *BvHsp40-78-BvHsp40-107*, *BvHsp40-78-BvHsp40-97*, *BvHsp40-79-BvHsp40-107*, *BvHsp40-79-BvHsp40-97*, *BvHsp40-84-BvHsp40-33*, *BvHsp40-84-BvHsp40-04*, *BvHsp40-97-BvHsp40-107* genlerine ait proteinlerin IIIb grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.15).

Sonuç olarak, tandem ve segmental duplikasyonlar gösteren genlere ait proteinlerin filogenetik ağaçta aynı grupta ve aynı dalda olması, Hsp40 proteinlerin evrimini anlamak için yapılan filogenetik ağaç analizi ile güvenilir verilerin elde edildiğini göstermektedir (Şekil 4.15).



Şekil 4. 15 BvHsp40 proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması

#### 4.1.2.6 BvHsp40 proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi

Analiz edilen şeker pancarı Hsp40 proteini için 10 farklı korunmuş motif belirlenmiştir. Pfam veritabanı aracılığıyla motif taraması yapılmıştır ve motif 1, motif 2 ve motif 3’de DnaJ domaini, motif 5, motif 9 ve motif 10’da DnaJ C terminal domain ve motif 4 ve motif 7’de Lysine\_decarbox domaini bulunmuştur, diğer motiflerde spesifik bir açıklama bulunamamıştır. Hsp40 proteinlerinde genellikle motif 1, motif 2 ve motif 3 bulunmaktadır. Motif 5, motif 9 ve motif 10 (DnaJ domaini) belirlenen BvHsp40 proteinlerin (BvHsp40-04, 19, 23, 33, 48, 53, 57, 58, 77, 84, 96, 99, 101 ve 104) filogenetik ağaçta IIIb grubunda ve yan yana olduğu belirlenmiştir. Motif 4 ve

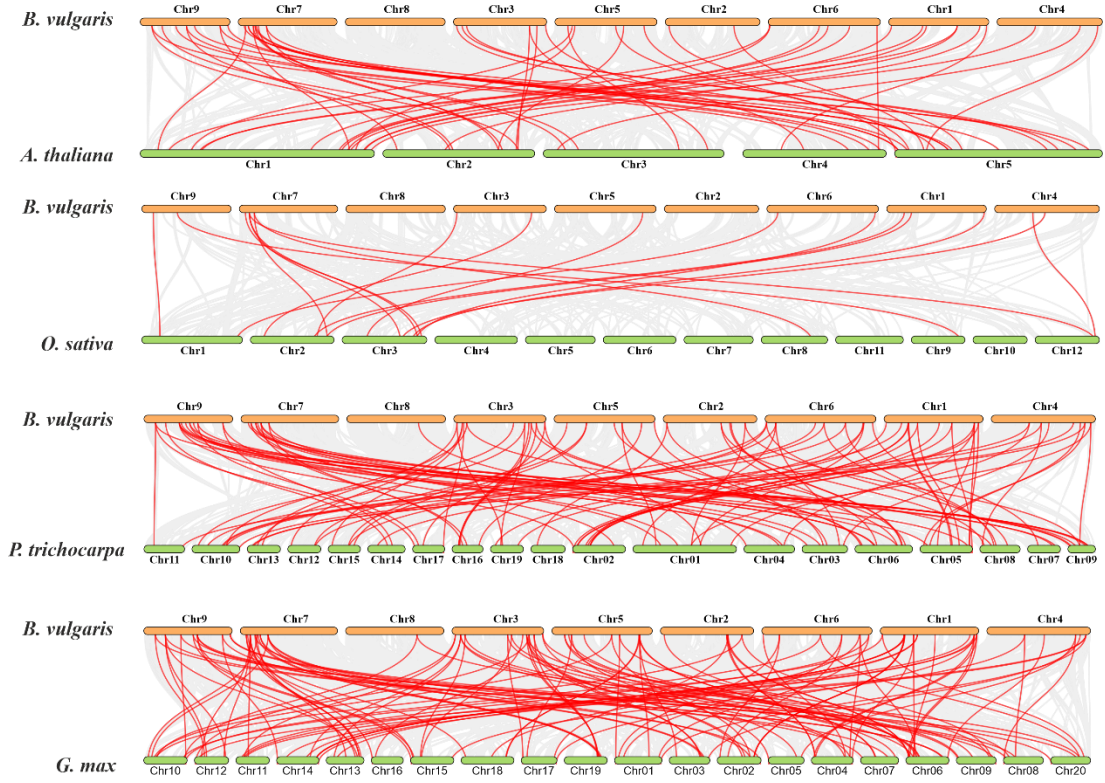


#### 4.1.2.7 *BvHsp40* genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları

Şeker pancarı ile *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasında sintenik ilişkiler belirlenmiştir. Gri çizgiler kromozomlar arasındaki tüm ortolog genleri ve kırmızı çizgiler *BvHsp40* genleri arasındaki ortolog genleri göstermektedir (Şekil 4.17).

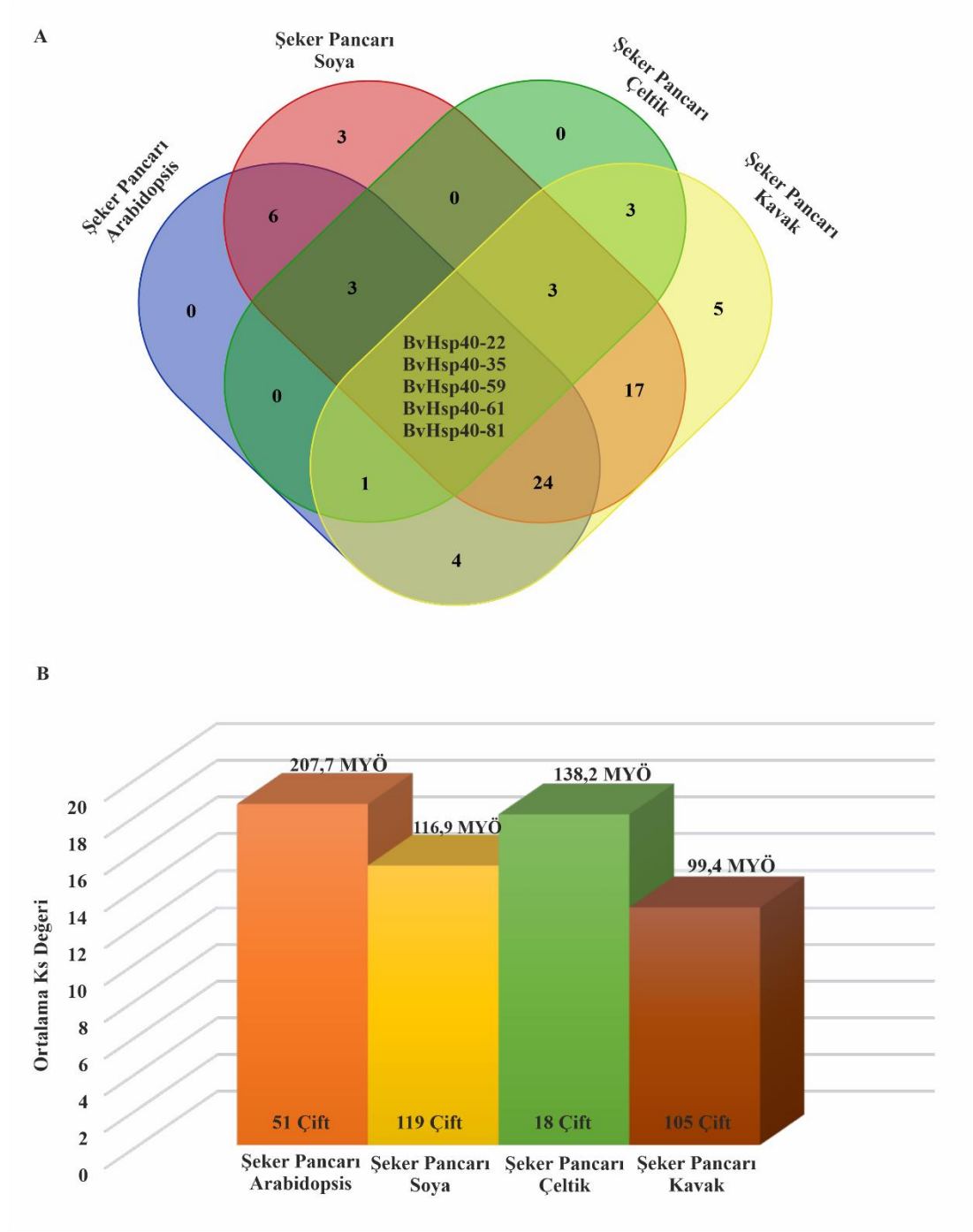
En fazla ortolog ilişki şeker pancarı ile *P. trichocarpa* arasında olup, 62 genin ortolog olduğu belirlenmiştir ve daha sonra sırasıyla *G. max*'da 61, *Arabidopsis*'de 43 ve *O. sativa*'da 15 gende ortolog ilişki gözlenmiştir. İki çenekli şeker pancarı ile iki çenekli bitkilerde (*Arabidopsis*, kavak ve soya) ortolog gen sayısı birbirine yakın olduğu belirlenmiştir. Tek çenekli bitki olan çeltikte (*Oryza sativa*) en az ortolog gen (15 adet) belirlenmiştir (EK 11).

Şeker pancarı ile diğer türlerde *BvHsp40-22*, *BvHsp40-35*, *BvHsp40-59*, *BvHsp40-61* ve *BvHsp40-81* genleri ortak ortolog olarak belirlenmiştir (Şekil 4.18A) ve bu genler evrimsel süreçte yüksek oranda korunmuş olabilir. Bu sonuçlar *Hsp40* genlerinin evrimini aydınlatmak için değerli olabilir.



Şekil 4. 17 *BvHsp40* genlerinin *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi

*Arabidopsis* (51 çift), soya (119 çift), çeltik (18 çift) ve kavak (105 çift) *Hsp40* genlerinin ortologları için  $K_a$ ,  $K_s$  ve  $K_a/K_s$  değerleri hesaplanmıştır (Şekil 4.18B). Şeker pancarı *Hsp40* genlerinin ortologları bulunan *Arabidopsis* genomunda ortalama  $K_a/K_s$  değeri 0,13; soyada 0,06; çeltikte 0,04; kavakta 0,06 olarak bulunmuştur.  $K_s$  değeri kullanılarak yapılan hesaplamada, *BvHsp40* genlerinin *Arabidopsis* bitkisindeki ortolog genler ile en erken ayrılma zamanı 1,07; soya bitkisinde 9,84; çeltikte 24,86 ve kavakta 6,8 Myö olarak bulunmuştur. Sonuç olarak,  $K_a/K_s < 1$  olduğu belirlenmiştir ve şeker pancarı *Hsp40* genlerinin kuvvetli bir negatif seleksiyona uğradığını göstermektedir (EK 11).

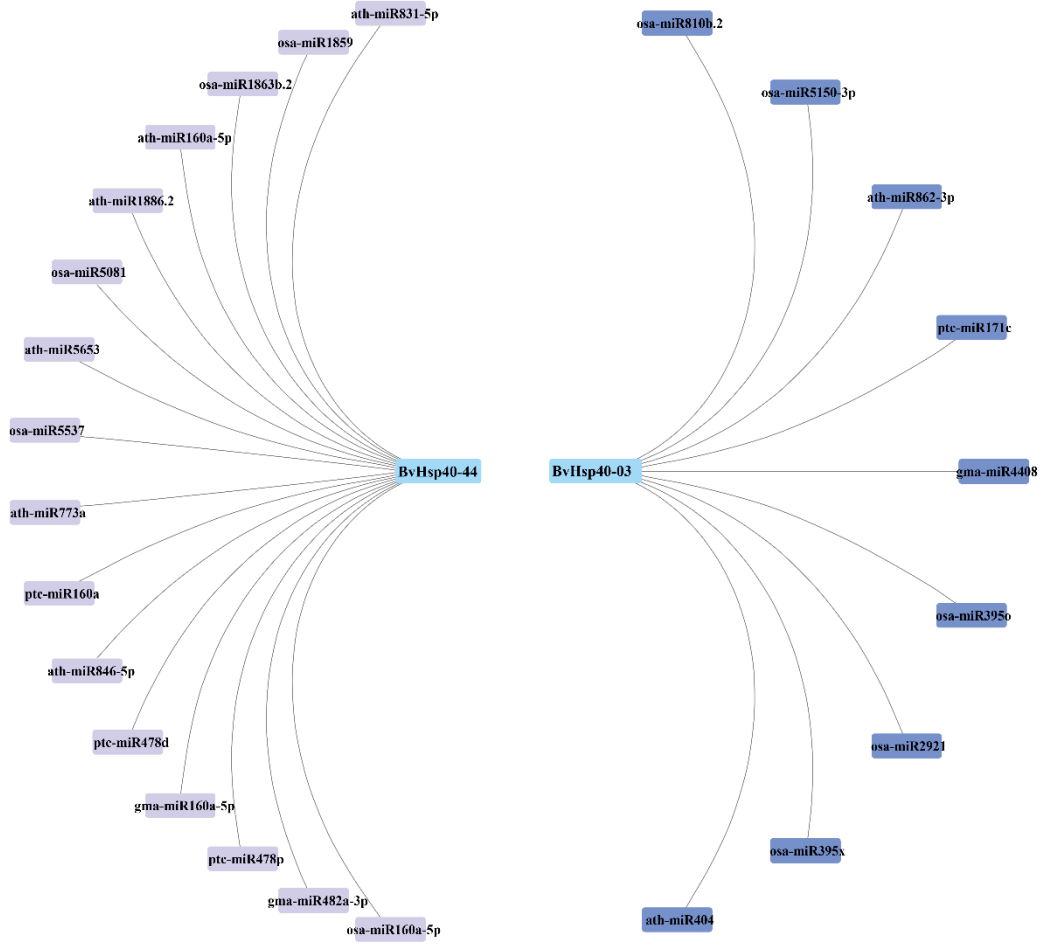


Şekil 4. 18 **A** *BvHsp40* genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı **B** Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları

#### 4.1.2.8 *BvHsp40* transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması

qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp40-03* ve *BvHsp40-44* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar belirlenmiştir. *BvHsp40-03* ve *BvHsp40-44* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların belirlenmesi amacıyla yapılan analizde,

*Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Oryza sativa* ve *Populus trichocarpa* bitkilerinden 25 farklı miRNA'nın *BvHsp40-03* ve *BvHsp40-44* gen transkriptlerini hedeflediği belirlenmiştir (Şekil 4.19) (EK 12).

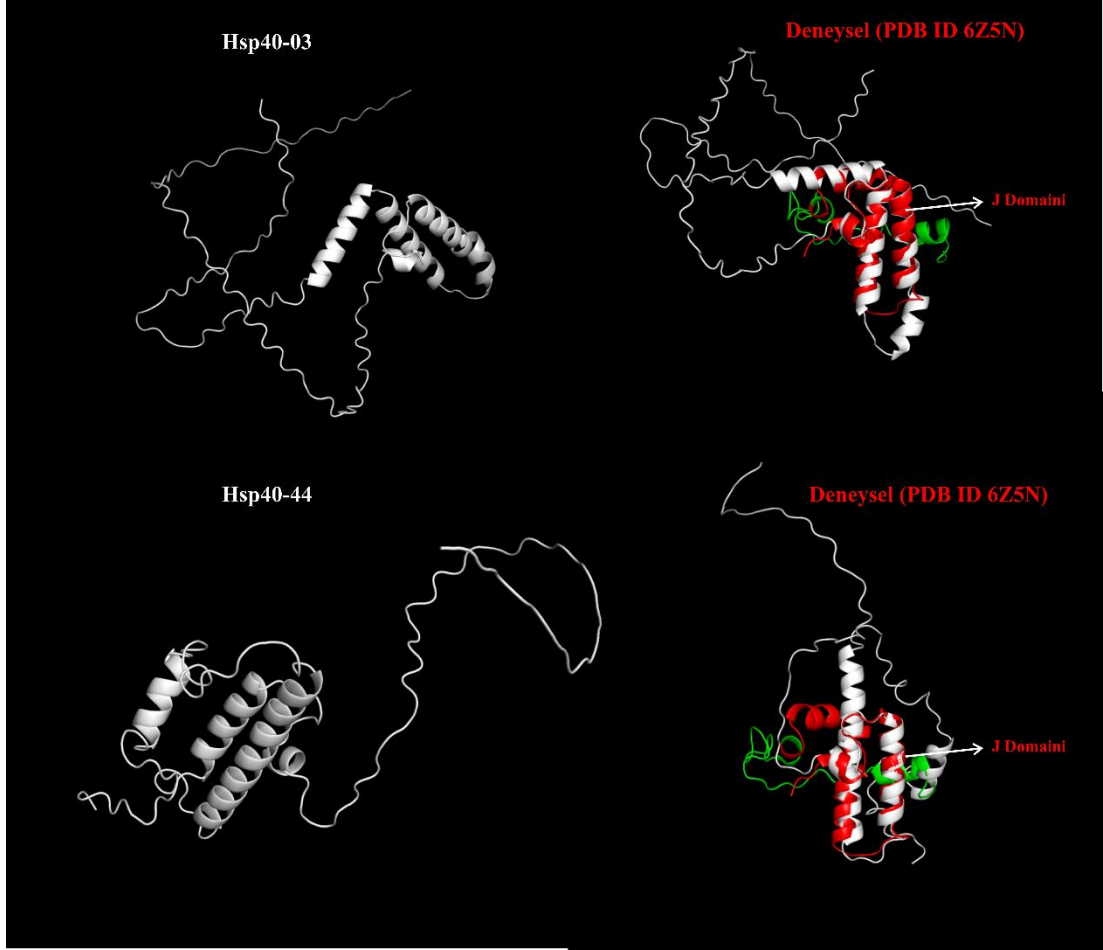


Şekil 4. 19 BvHsp40-03 ve BvHsp40-44 transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli

#### 4.1.2.9 BvHsp40 proteinlerinin homoloji modellemesi

qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen BvHsp40-03 ve BvHsp40-44 proteinlerinin homoloji modellemesi yapılmıştır. Hsp40 (DNAJ) ailesi, ATPase aktivitesinin uyarılmasından sorumlu olduğu bilinen korunmuş bir J-domainin varlığı ile karakterizedir (Kampinga vd., 2009). Hsp40, peptit bağlanma alanları aracılığıyla proteinlere bağlanır ve J-domain aracılığıyla Hsp70-ATP ile etkileşime girmektedir (Kampinga ve Craig, 2010). BvHsp40-03 ve BvHsp40-44 proteinleri deneysel olarak belirlenmiş olan Hsp40 (PDB ID:6Z5N) proteini (Faust vd., 2020) ile J-domaini alanı

yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir (Şekil 4.20). Elde edilen bu sonuç, proteinlerin evrimini ve fonksiyonlarını anlamamıza yardımcı olabilir.

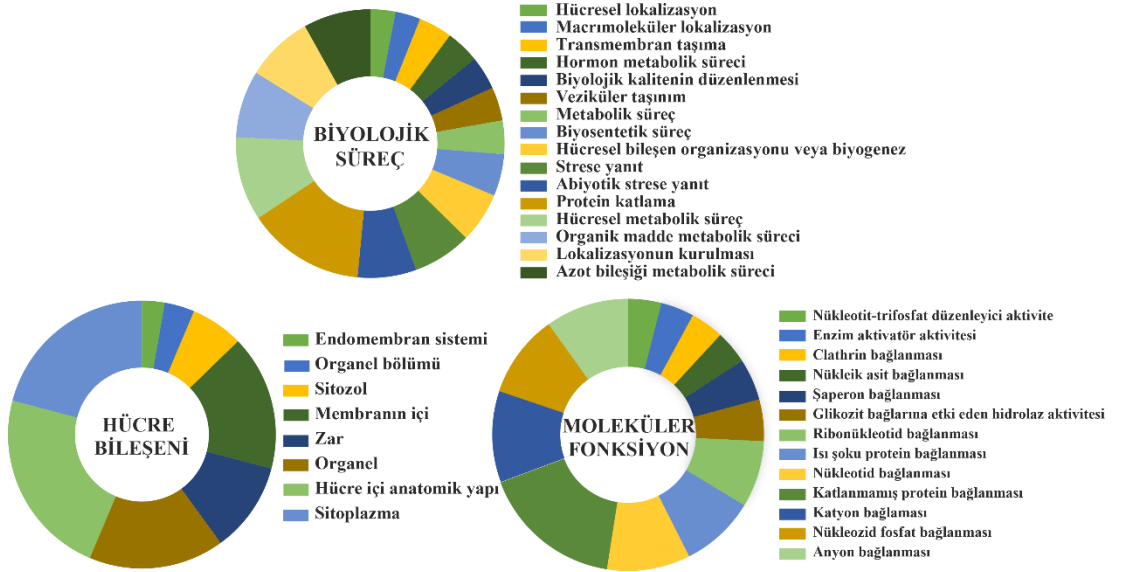


Şekil 4. 20 BvHsp40-03 ve BvHsp40-44 proteinlerin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu

#### 4.1.2.10 *BvHsp40* genlerinin ontoloji analizi

OmicsBox programı kullanılarak *Hsp40* genlerinin biyolojik işlevleri, hücresel yerleşimleri ve moleküler fonksiyonları belirlenmiştir. *Hsp40* ailesinin genelinin protein katlanması, hücresel metabolik süreç, organik madde metabolik süreci gibi biyolojik süreçlerde rol aldıkları, sitoplazma, hücre içi anatomik yapı ve organellerde buldukları ve katlanmamış protein bağlanması, katyon bağlanması, nükleotid bağlanması, anyon bağlanması ve nükleozit fosfat bağlanması fonksiyonuna sahip oldukları belirlenmiştir (Şekil 4.21).

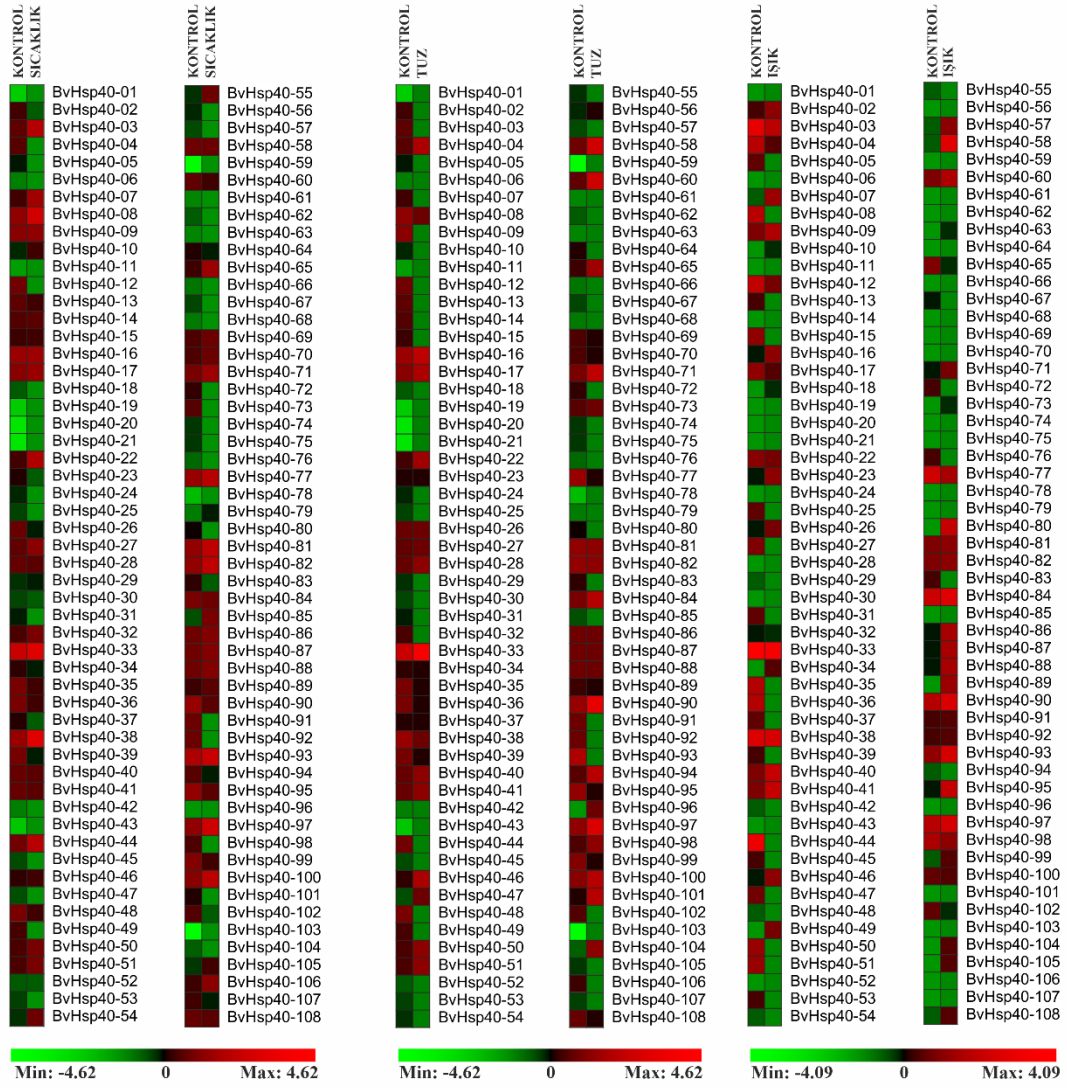
Genel olarak *Hsp40* genleri “chaperone protein dnaJ, dnaJ homolog subfamily” olarak tanımlanmıştır. qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp40-03* ve *BvHsp40-44* genlerinin ontoloji analizi yapılmıştır. *BvHsp40-03* geni “chaperone protein dnaJ 11, chloroplastic-like” ve *BvHsp40-44* geni “chaperone protein dnaJ 8, chloroplastic” olarak tanımlanmıştır ayrıca *BvHsp40-03* DNA bağlanması fonksiyonuna ve *BvHsp40-44* hücre içi membran ile çevrili organelde olduğu belirlenmiştir (EK 8).



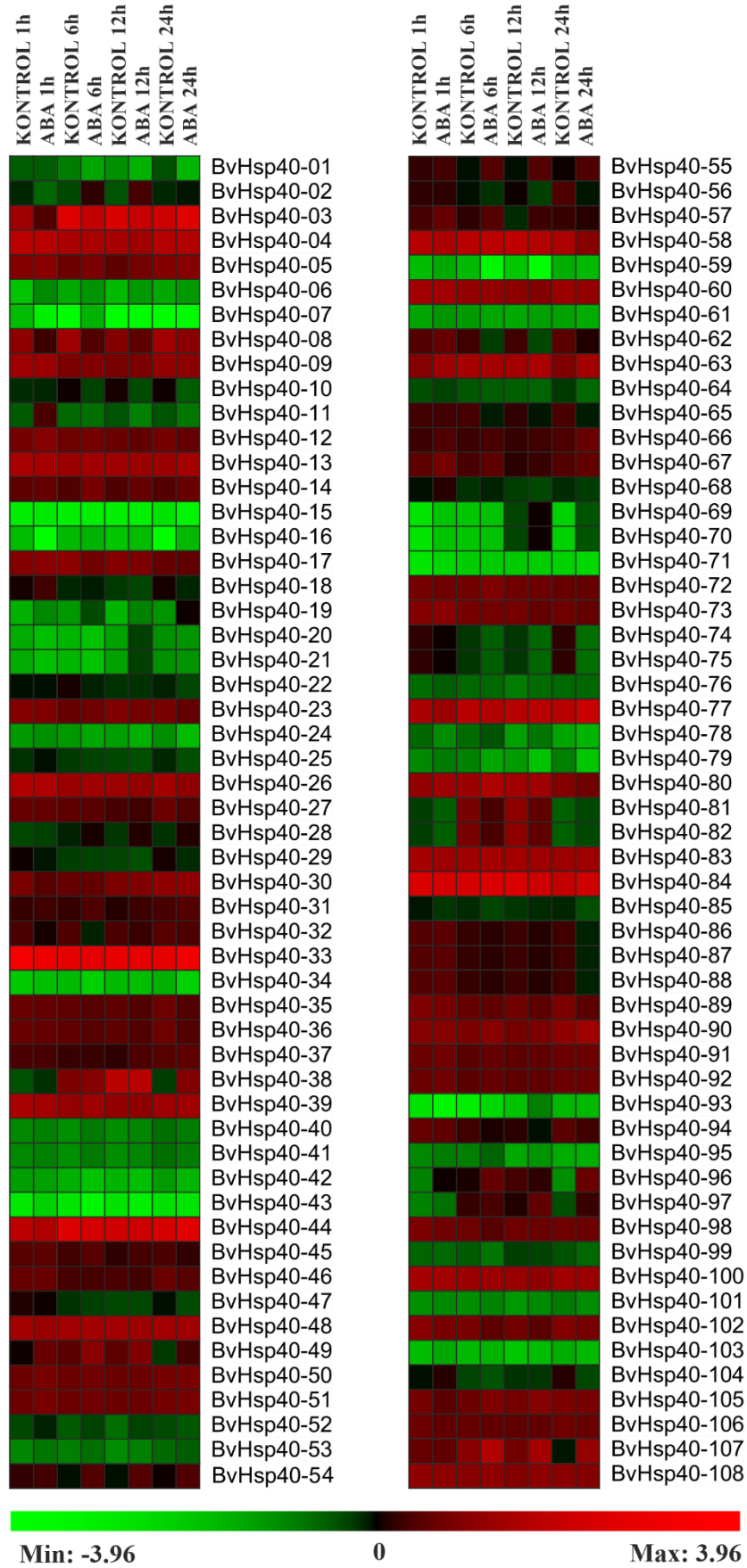
Şekil 4. 21 *BvHsp40* genlerinin fonksiyonel analizleri

#### 4.1.2.11 *BvHsp40* genlerinin transkriptom analizi

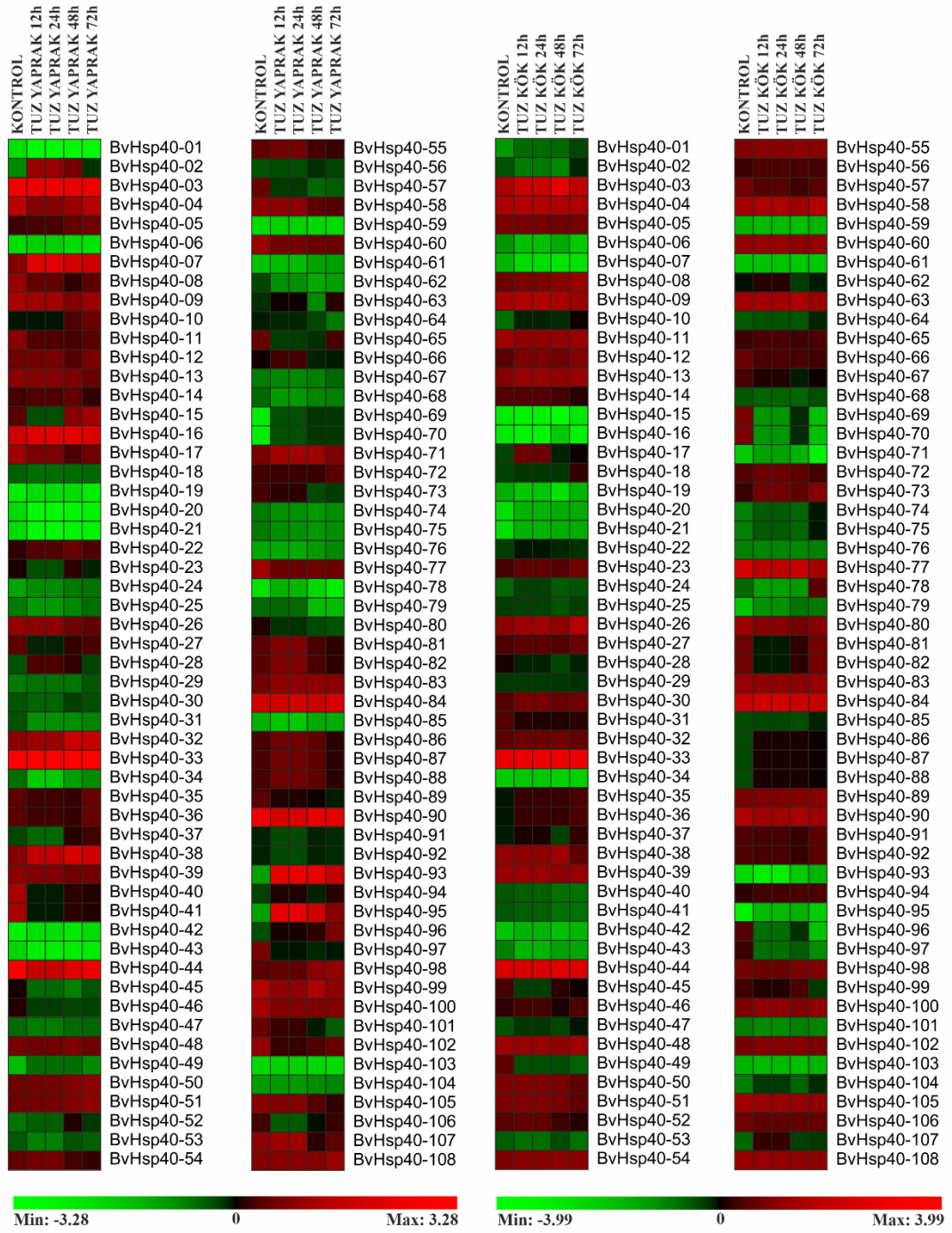
NCBI veri tabanından sıcaklık, tuz, ışık ve ABA hormonu uygulamasına ait transkriptom dataları PRJNA516574 (Li vd., 2019), PRJNA254489 (Minoche vd., 2015) ve PRJNA594791 (Xing vd., 2020) erişim numaraları ile elde edilmiştir. CLC Genomics Workbench programı ile RNA-seq analizi yapılmıştır ve *BvHsp40* genlerinin RPKM değerleri kullanılarak ısı haritası oluşturulmuştur. Sıcaklık ve tuz stresinde *BvHsp40-103* geninin, tuz stresi uygulanan yaprak ve kök dokusunda *BvHsp40-59* ve *BvHsp40-103* genlerinin ifadesinde artış gözlenmemiştir. Diğer tüm genlerin farklı stres ve dokularda ifade edildiği belirlenmiştir. *BvHsp40-07,15,16,71,93,95* genlerinde kök dokusuna göre yaprak dokusunda ve *BvHsp40-30,31,52,56,57,63, 91,92, 95* genlerinde yaprak dokusuna göre kök dokusunda belirgin bir ifade artışı gözlenmiştir. Elde edilen veriler sonucunda *BvHsp40-03* ve *BvHsp40-44* genlerinde yüksek ifade seviyesi gözlenmiştir (Şekil 4.22, Şekil 4.23, Şekil 4.24).



Şekil 4. 22 *BvHsp40* genlerinin sıcaklık, tuz ve ışık stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları



Şekil 4. 23 *BvHsp40* genlerinin ABA stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları



Şekil 4. 24 *BvHsp40* genlerinin yaprak ve kök dokusunda tuz stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları

### 4.1.3 *BvHsp60* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri

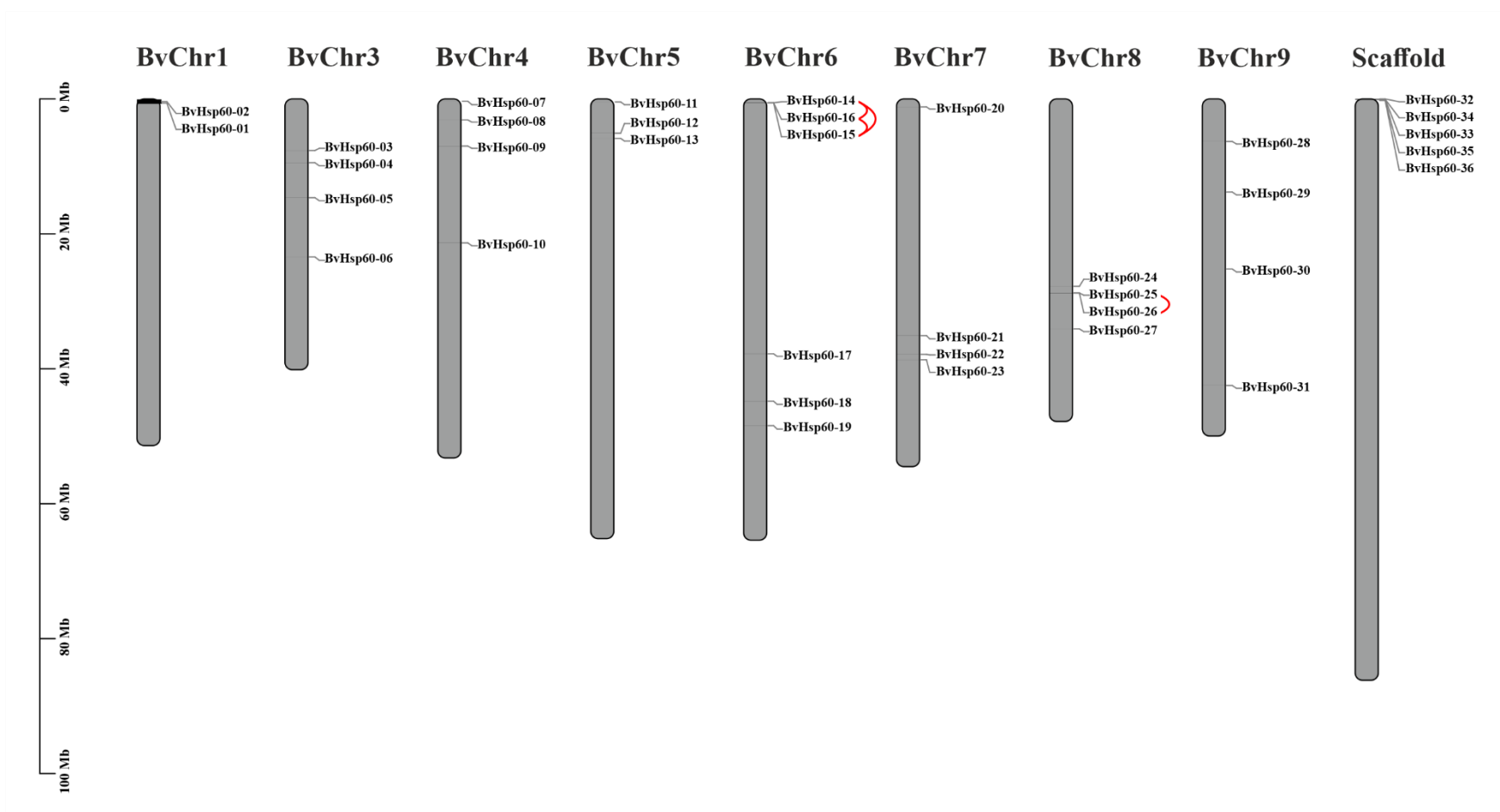
#### 4.1.3.1 *BvHsp60* genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi

Yapılan analizler sonucunda şeker pancarı genomunda ısı şoku proteini 60 (Hsp60) kodlayan genler belirlenmiştir ve 36 adet *Hsp60* kodlayan gen bulunmuştur. Bulunan bu genler şeker pancarının latince isminin (*Beta vulgaris*) baş harfleri kullanılarak *BvHsp60* olarak isimlendirilmiştir (EK 13).

Şeker pancarında belirlenen Hsp60 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 90 amino asit (BvHsp60-29, BvHsp60-30, BvHsp60-35) ile 1811 amino asit (BvHsp60-21) arasında, moleküler ağırlığının ise 9,7 kDa (BvHsp60-35) ile 201,6 kDa (BvHsp60-21) arasında değiştiği belirlenmiştir. BvHsp60 proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,70 (BvHsp60-30) ile 8,48 (BvHsp60-14) arasında değiştiği belirlenmiştir. Bulunan 36 proteinden 28 tanesinin kararlı olduğu saptanmıştır (EK 13).

#### 4.1.3.2 *BvHsp60* genlerinin kromozomal dağılımı

*BvHsp60* genleri şeker pancarının 9 kromozomundan 8' ine (2. kromozom hariç) değişik oranlarda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. En fazla sayıda *BvHsp60* geni içeren kromozomun 6 adet ile 6. kromozom üzerinde olduğu, en az sayıda *BvHsp60* geni içeren kromozomun ise 2 adet ile 1. kromozom olduğu bulunmuştur. 5 adet gen (*BvHsp60-32*, *BvHsp60-33*, *BvHsp60-34*, *BvHsp60-35* ve *BvHsp60-36*) scaffold seviyesinde belirlenmiştir (Şekil 4.25).

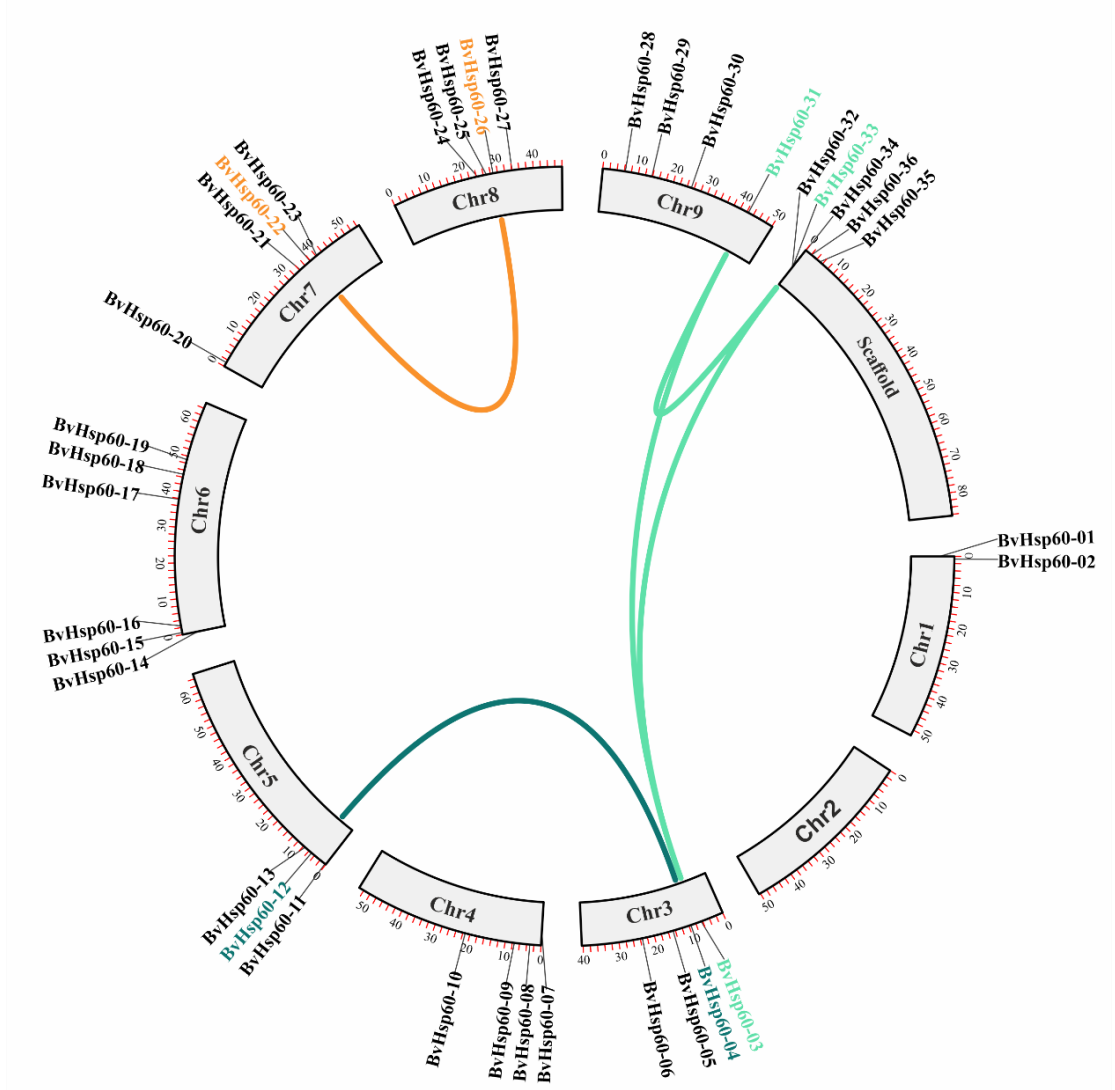


Şekil 4. 25 *BvHsp60* genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı

#### 4.1.3.3 *BvHsp60* genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları

Şeker pancarı *Hsp60* genleri 4 çift tandem (Şekil 4.25) ve 5 çift segmental (Şekil 4.26) duplikasyon göstermiştir. *Hsp60* genleri 6 ve 8. kromozom üzerinde tandem duplikasyon göstermiştir. Tandem duplikasyonlar şekil 4.25’de kırmızı çizgiler ile gösterilmiştir. Tandem duplikasyon gösteren *Hsp60* genleri ortalama  $K_a$  oranının 0,012;  $K_s$  oranının 0,033;  $K_a/K_s$  oranının 0,72 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar tandem duplikasyonun ortalama 0,064 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 15).

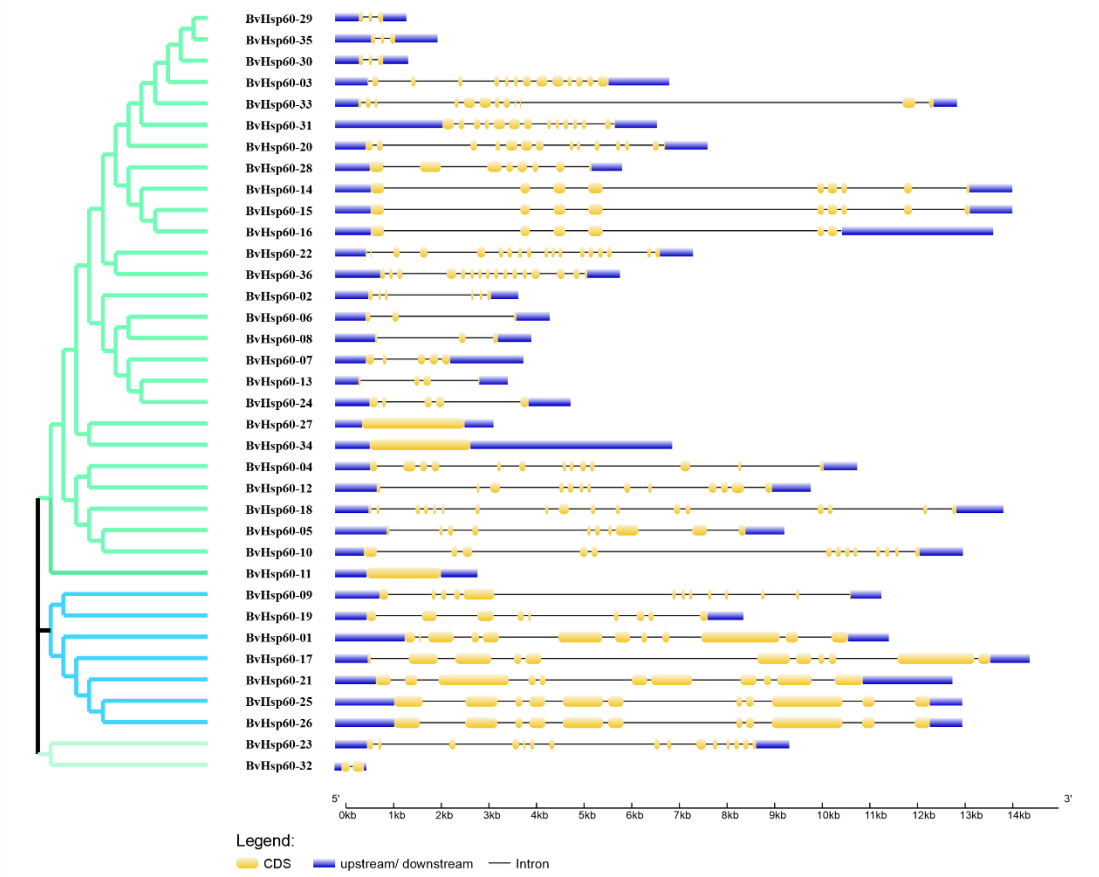
Kromozom 4, 7, 9 ve scaffold’da segmental duplikasyonlar tespit edilmiştir. Segmental duplikasyonlar şekil 4.26’da kromozomlar arası çizgiler ile gösterilmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *Hsp60* genlerinin ortalama  $K_a$  oranının 0,41;  $K_s$  oranının 23,25;  $K_a/K_s$  oranının 0,17 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar, segmental duplikasyonun ortalama 178,87 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 15).



Şekil 4. 26 *BvHsp60* genlerinin segmental duplikasyonu

#### 4.1.3.4 *BvHsp60* genlerinin yapısı

Şeker pancarı *BvHsp60* genlerinin ekzon-intron organizasyonlarına yani gen yapılarına bakılacak olursa, *BvHsp60-27*, *BvHsp60-34* ve *BvHsp60-11* genlerinin intron içermediği gözlenmiştir. *BvHsp60-22* geninin en çok intron (17 adet) içeren *Hsp60* geni olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.27).



Şekil 4. 27 *BvHsp60* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

#### 4.1.3.5 *BvHsp60* proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri

Filogenetik ağaç analizine göre *Hsp60* proteinleri 3 farklı sınıfta (I, II, IIIa ve IIIb) kategorize edilmiştir.

Tandem duplikasyon gösteren *BvHsp60-25* ve *BvHsp60-26* genlerinin filogenetik ağaçta II. grupta olduğu ve *BvHsp60-14*, *BvHsp60-15* ve *BvHsp60-16* genlerine ait proteinlerin filogenetik ağaçta III. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir.

Segmental duplikasyon gösteren *BvHsp60-03-BvHsp60-31*, *BvHsp60-03-BvHsp60-33*, *BvHsp60-04-BvHsp60-12*, *BvHsp60-22-BvHsp60-36* ve *BvHsp60-31-BvHsp60-33* genlerine ait proteinlerin IIIb grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.28). Sonuç olarak, tandem ve segmental duplikasyonlar gösteren genlerin filogenetik ağaçta çoğunlukla aynı grupta yer aldığı gözlenmiştir (Şekil 4.28).



grubunda ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak tanımlanan BvHsp60 proteinleri korunmuş motiflerin yapısal olarak benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.29).



Şekil 4. 29 BvHsp60 genlerinin korunmuş motif içerikleri

#### 4.1.3.7 BvHsp60 genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları

Şeker pancarı ile Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasında sintenik ilişkiler belirlenmiştir. Gri çizgiler kromozomlar arasındaki tüm ortolog genleri ve kırmızı çizgiler BvHsp60 genleri arasındaki ortolog genleri göstermektedir (Şekil 4.30).

En fazla ortolog ilişki şeker pancarı ile *G. max* arasında olup, 12 gen olduğu belirlenmiştir ve daha sonra sırasıyla *P. trichocarpa* 11, *Arabidopsis* 8 ve *O. sativa* 3 gende ortolog ilişki gözlenmiştir. İki çenekli şeker pancarı ile iki çenekli bitkilerde (*Arabidopsis*, kavak ve soya) ortolog gen sayısının birbirine yakın olduğu belirlenmiştir. Tek çenekli bitki olan çeltik (*Oryza sativa*) de en az ortolog gen (3 adet) saptanmıştır (EK 16).

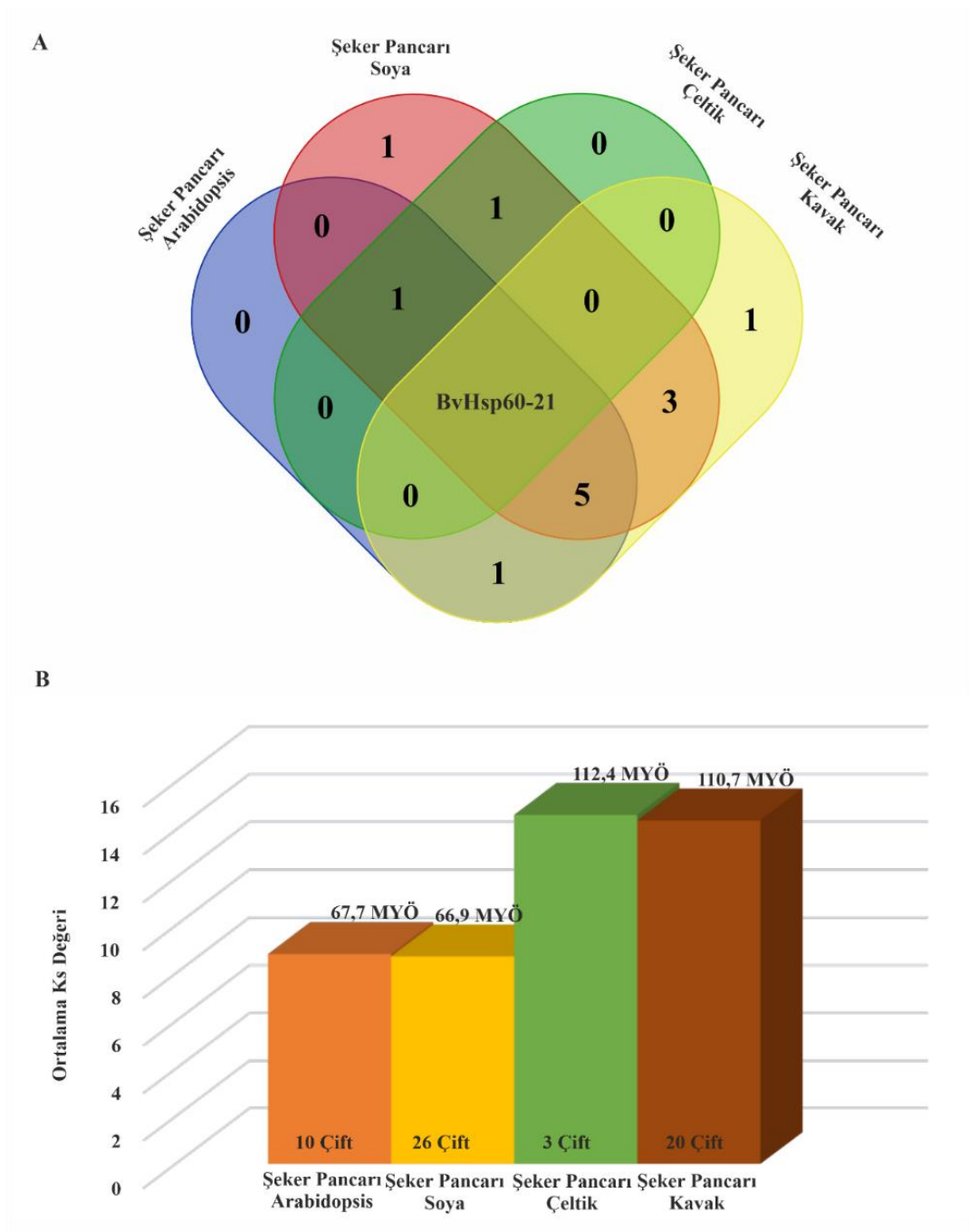
Şeker pancarı ile diğer türlerde *BvHsp60-21* geni ortak ortolog olarak belirlenmiştir (Şekil 4.31 A) ve bu gen evrimsel süreçte yüksek oranda korunmuş olabilir. Bu sonuçlar *Hsp60* genlerinin evrimini aydınlatmak için değerli olabilir.



Şekil 4. 30 *BvHsp60* genlerinin *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi

*Arabidopsis* (10 çift), soya (26 çift), çeltik (3 çift) ve kavak (20 çift) *Hsp60* genlerinin ortologları için  $K_a$ ,  $K_s$  ve  $K_a/K_s$  değerleri hesaplanmıştır (Şekil 4.31 B). Şeker pancarı *Hsp60* genlerinin ortologları bulunan *Arabidopsis* genomunda ortalama  $K_a/K_s$  değeri 0,08; soyada 0,06; çeltikte 0,05; kavakta 0,05 olarak bulunmuştur.  $K_s$  değeri kullanılarak yapılan hesaplamada, *BvHsp60* genlerinin *Arabidopsis* bitkisindeki ortolog genler ile en erken ayrılma zamanı 9,23; soya bitkisinde 12,51; çeltikte 112,54 ve kavakta 110,77 Myö olarak bulunmuştur. Sonuç olarak,  $K_a/K_s < 1$  olduğu

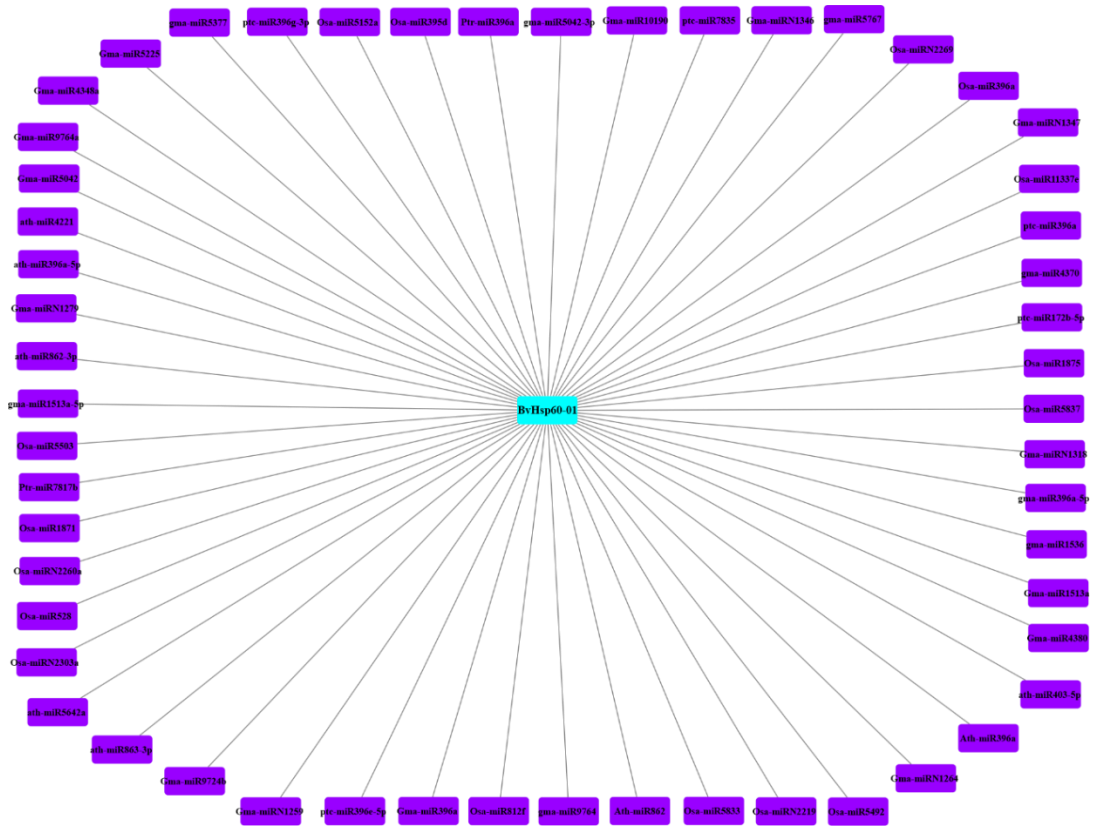
belirlenmiştir ve şeker pancarı *Hsp60* genlerinin evriminin kuvvetli bir negatif seleksiyona uğradığını göstermektedir (EK 16).



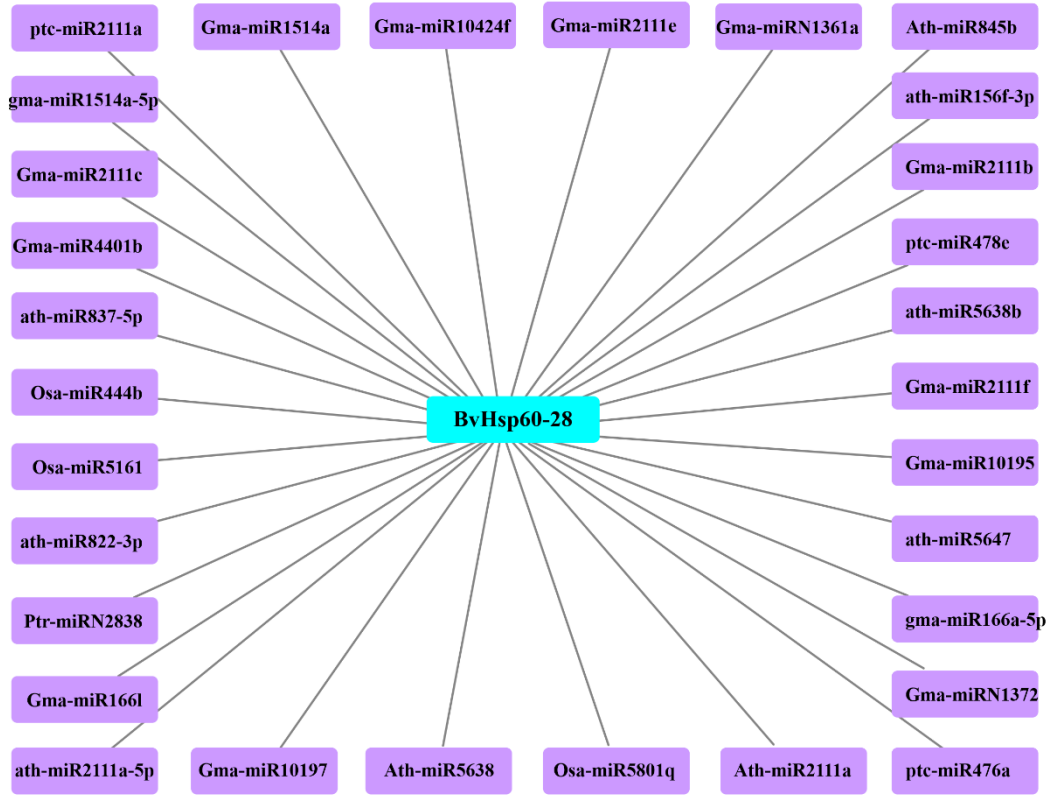
Şekil 4. 31 **A** *BvHsp60* genlerinin çeşitli türler ile ortogların venn diyagramı **B** Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları

#### 4.1.3.8 BvHsp60 transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması

qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp60-01* ve *BvHsp60-28* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar belirlenmiştir. *BvHsp60-01* ve *BvHsp60-28* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların belirlenmesi amacıyla yapılan analizde, *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Oryza sativa* ve *Populus trichocarpa* bitkilerinin 84 farklı miRNA'sının *BvHsp60-01* ve *BvHsp60-28* gen transkriptlerini hedeflediği belirlenmiştir (Şekil 4.32) (EK 17).



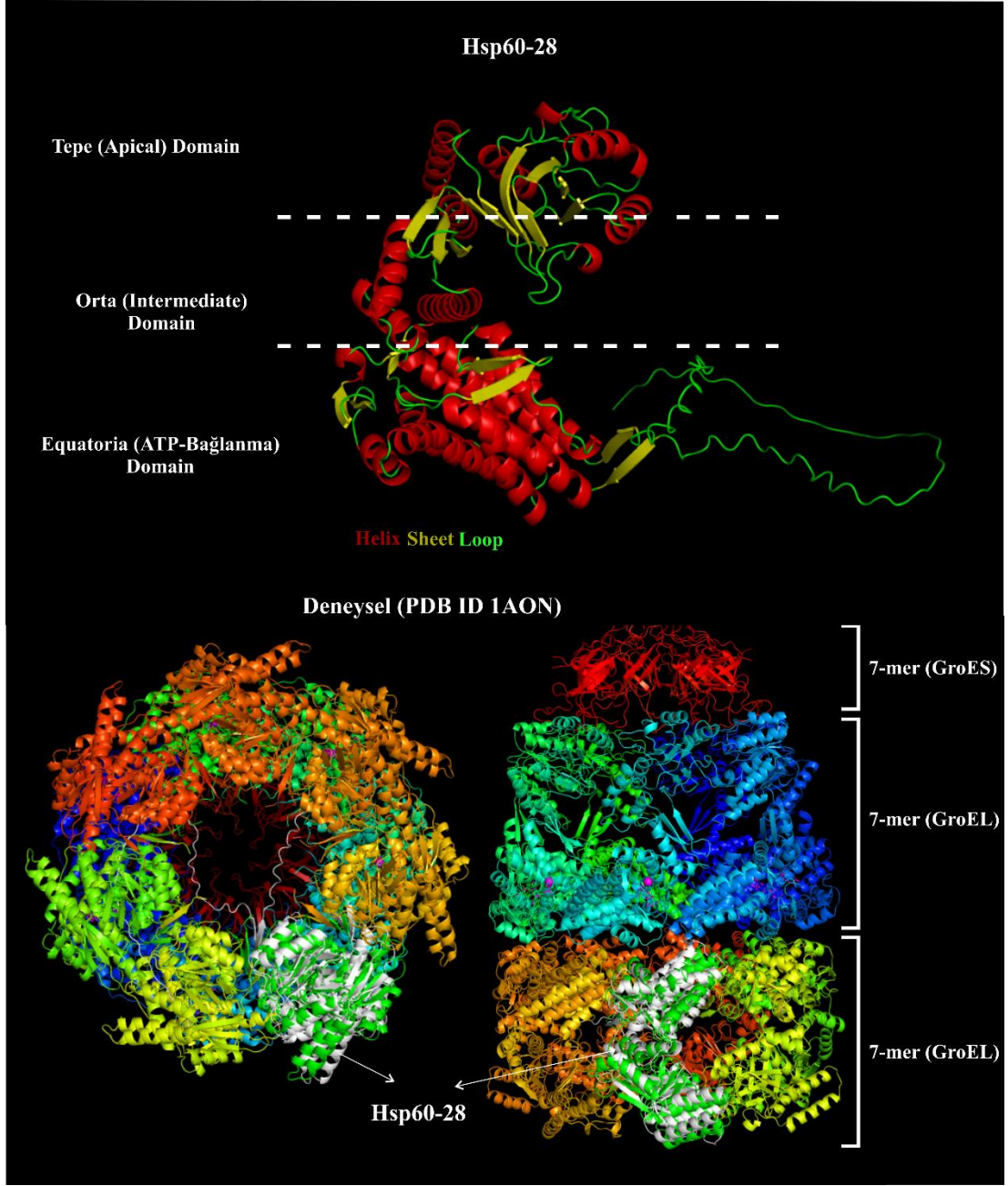
Şekil 4. 32 BvHsp60-01 transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli



Şekil 4. 33 BvHsp60-28 transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli

#### 4.1.3.9 BvHsp60 proteinlerinin homoloji modellemesi

Her GroES monomeri 10 kDa büyüklüğünde ve her GroEL monomeri ~57 kDa büyüklüğündedir. GroEL, Tepe (apical), orta (intermediate) ve ekvatorial (equatoria) alan olmak üzere üç alana ayrılmaktadır. Ekvatorial alan ATP bağlanma bölgesini ve tepe alan substrak bağlanma bölgesini içermektedir ve orta alan tepe alanı ile ekvatorial alanı bağlayan bölgedir (Gupta vd., 2014). BvHsp60-28 proteininin deneysel olarak belirlenmiş Hsp60 (PDB ID:1AON) proteini (Z. Xu vd., 1997) ile tepe, orta ve ekvatorial alanı yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir (Şekil 4.34). Elde edilen bu sonuç, proteinlerin evrimini ve fonksiyonlarını anlamamıza yardımcı olabilir.



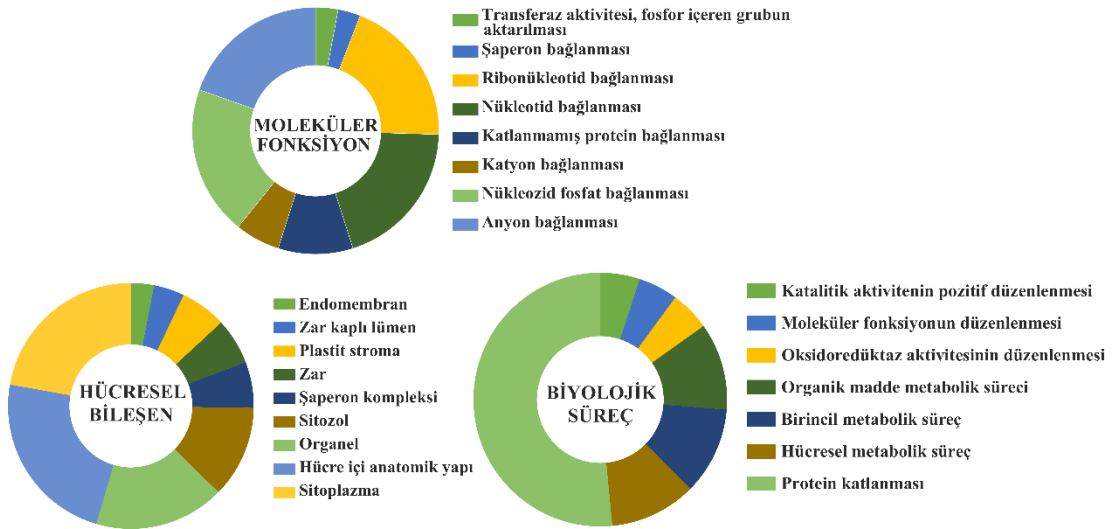
Şekil 4. 34 BvHsp60-28 proteininin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu

#### 4.1.3.10 *BvHsp60* genlerinin ontoloji analizi

OmicBox programı kullanılarak *Hsp60* genlerinin biyolojik işlevleri, hücresel yerleşimleri ve moleküler fonksiyonları belirlenmiştir. Hsp60 ailesinin genelinin protein katlanması, hücresel metabolik süreç, birincil metabolik süreç ve organik madde metabolik süreci gibi biyolojik süreçlerde rol aldıkları, hücre içi anatomik yapı, sitoplazma ve organellerde buldukları ve anyon bağlanması, nükleozid fosfat

bağlanması ve nükleotid bağlanması fonksiyonuna sahip oldukları belirlenmiştir (Şekil 4.35).

Genel olarak *Hsp60* genleri “T-complex protein 1 subunit, chaperonin 60 subunit, ruBisCO large subunit-binding protein subunit” olarak tanımlanmıştır. qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp60-01* ve *BvHsp60-28* genlerinin ontoloji analizi yapılmıştır. *BvHsp60-01* geni “putative 1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase” ve *BvHsp60-28* geni “ruBisCO large subunit-binding protein subunit alpha” olarak tanımlanmıştır. Bunlara ek olarak, *BvHsp60-01* ATP bağlama fonksiyonuna ve endozom membranda bulunduğu belirlenmiştir. *BvHsp60-28* ATP bağlama ve protein yeniden katlanması fonksiyonunun olduğu belirlenmiştir (EK 14).



Şekil 4. 35 *BvHsp60* genlerinin fonksiyonel analizleri

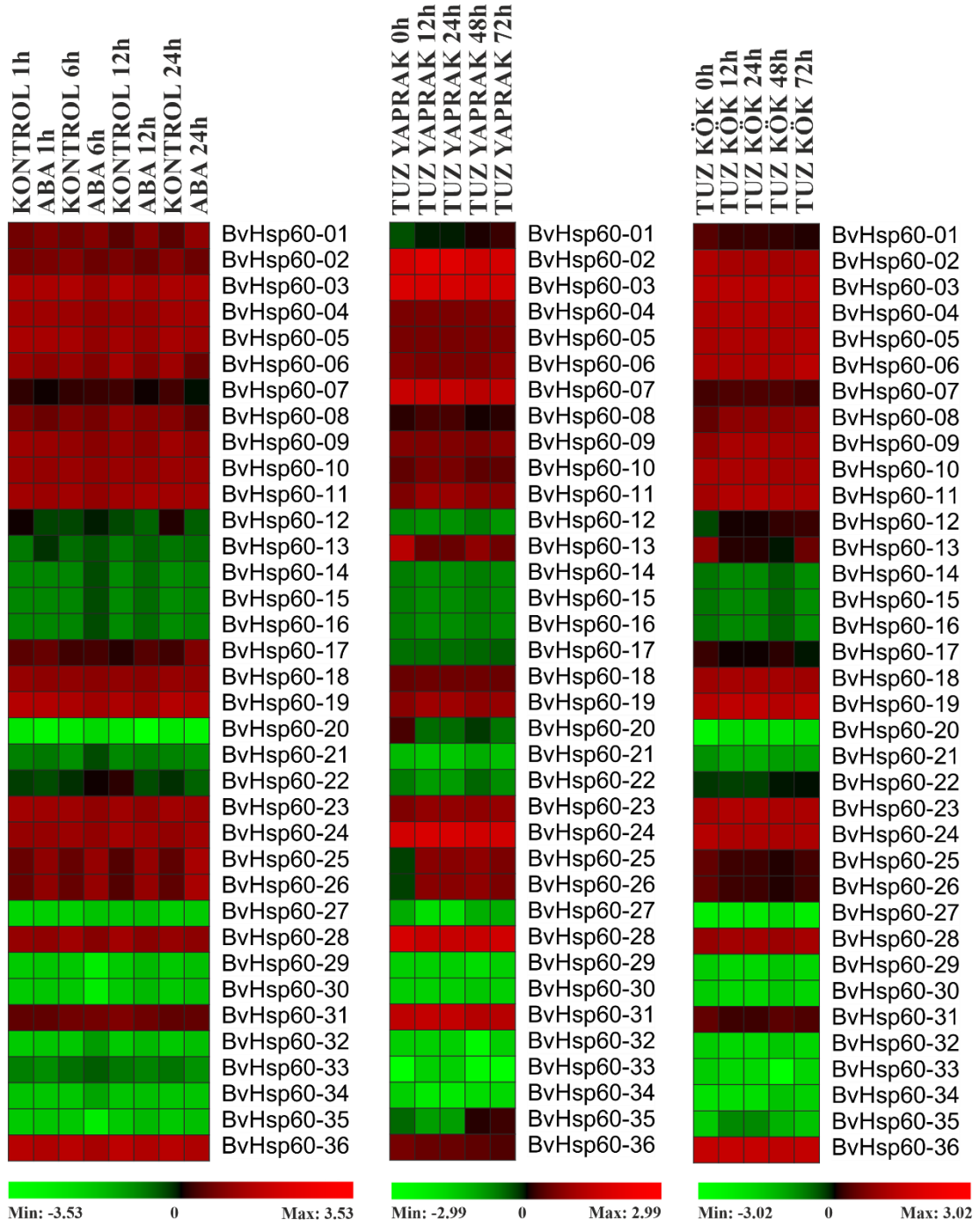
#### 4.1.3.11 *BvHsp60* genlerinin transkriptom analizi

NCBI veri tabanından sıcaklık, tuz, ışık ve ABA hormonu uygulamasına ait transkriptom dataları PRJNA516574 (Li vd., 2019), PRJNA254489 (Minoche vd., 2015) ve PRJNA594791 (Xing vd., 2020) erişim numaraları ile elde edilmiştir. CLC Genomics Workbench programı ile RNA-seq analizi yapılmıştır ve *BvHsp60* genlerin RPKM değerleri kullanılarak ısı haritası oluşturulmuştur. Sıcaklık ve tuz stresinde *BvHsp60-32* geninin, ışık stresinde *BvHsp60-08,12,13,29,30,32,33,35* genlerinin, tuz stresi uygulanan yaprak dokusunda *BvHsp60-30,32* genlerinin ve tuz stresi uygulanan kök dokusunda *BvHsp60-29,30,32* genlerinin ifadesinde artış gözlenmemiştir. Diğer

tüm genlerin farklı stres ve dokularda ifade edildiği belirlenmiştir. Elde edilen veriler sonucunda *BvHsp60-01* ve *BvHsp60-28* genlerinde yüksek ifade seviyesi gözlenmiştir (Şekil 4.36 ve Şekil 4.37).



Şekil 4. 36 *BvHsp60* genlerinin sıcaklık, tuz ve ışık stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları



Şekil 4. 37 *BvHsp60* genlerinin ABA ve yaprak dokusunda tuz stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları

#### 4.1.4 *BvHsp70* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri

##### 4.1.4.1 *BvHsp70* genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi

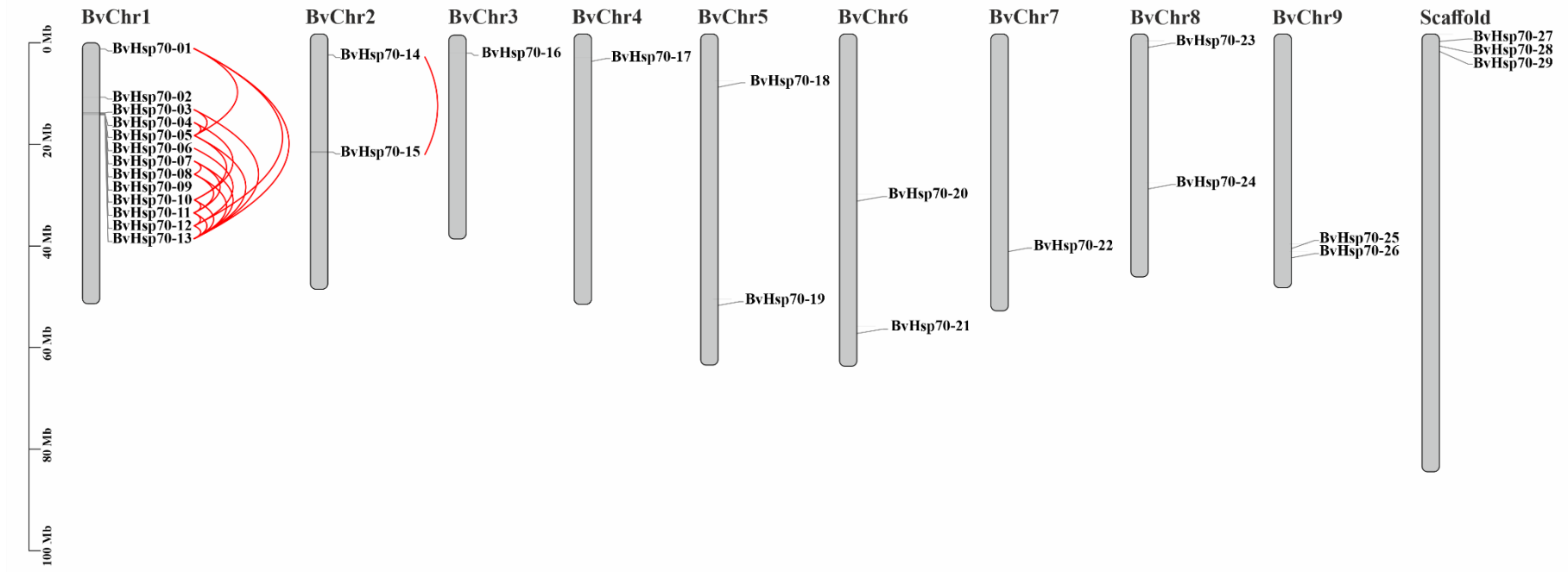
Yapılan analizler sonucunda şeker pancarı genomunda ısı şoku proteini 70 (Hsp70) kodlayan genler belirlenmiştir ve 29 adet *Hsp70* kodlayan gen bulunmuştur. Bulunan

bu genler şeker pancarının latince isminin (*Beta vulgaris*) baş harfleri kullanılarak *BvHsp70* olarak isimlendirilmiştir (Ek 18).

Şeker pancarında belirlenen Hsp70 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 140 amino asit (*BvHsp70-14*) ile 1526 amino asit (*BvHsp70-15*) arasında, moleküler ağırlığının ise 15,05 kDa (*BvHsp70-14*) ile 168,82 kDa (*BvHsp70-15*) arasında değiştiği belirlenmiştir. *BvHsp70* proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,78 (*BvHsp70-14*) ile 9,36 (*BvHsp70-02*) arasında değiştiği belirlenmiştir. Bulunan 29 proteinden 21 tanesinin kararlı olduğu saptanmıştır (Ek 18).

#### **4.1.4.2 *BvHsp70* genlerinin kromozomal dağılımı**

*BvHsp70* genleri şeker pancarının 9 kromozomuna değişik oranlarda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. En fazla sayıda *BvHsp70* geni içeren kromozomun 13 adet ile 1. kromozom üzerinde olduğu, en az sayıda *BvHsp70* geni içeren kromozom ise 1 adet ile 3, 4 ve 7. kromozom olduğu bulunmuştur. 3 adet gen (*BvHsp70-27*, *BvHsp70-28* ve *BvHsp70-29*) scaffold seviyesinde belirlenmiştir (Şekil 4.38).

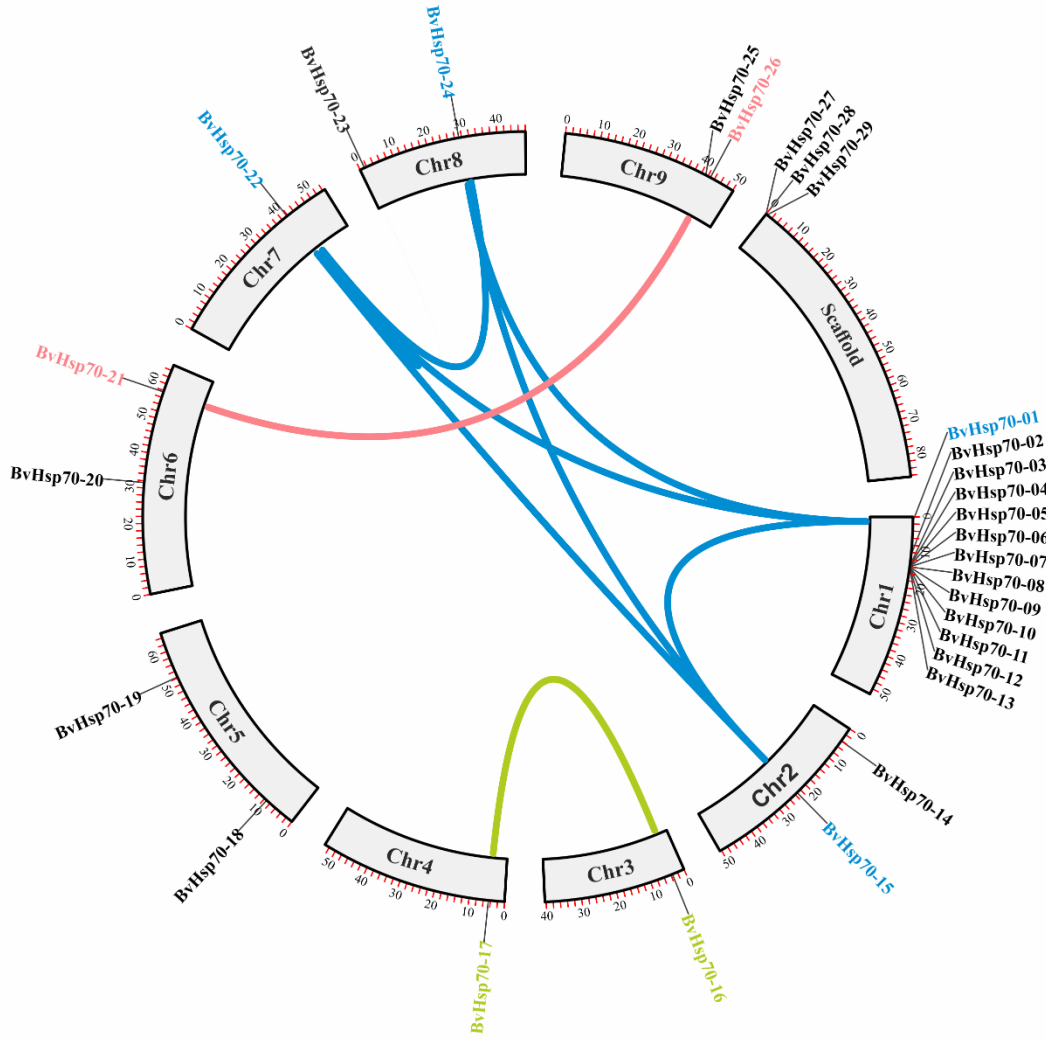


Şekil 4. 38 *BvHsp70* genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı

#### 4.1.4.3 *BvHsp70* genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları

Şeker pancarı *Hsp70* genleri 21 çift tandem (Şekil 4.38) ve 8 çift segmental (Şekil 4.39) duplikasyon göstermiştir. *Hsp70* genleri 1 ve 2. kromozom üzerinde tandem duplikasyon göstermiştir. Tandem duplikasyonlar şekil 4.38’de kırmızı çizgiler ile gösterilmiştir. Tandem duplikasyon gösteren *Hsp70* genlerinin ortalama Ka oranının 0,22; Ks oranının 4,02; Ka/Ks oranının ise 0,17 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar tandem duplukasyonunun 30,69 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 20).

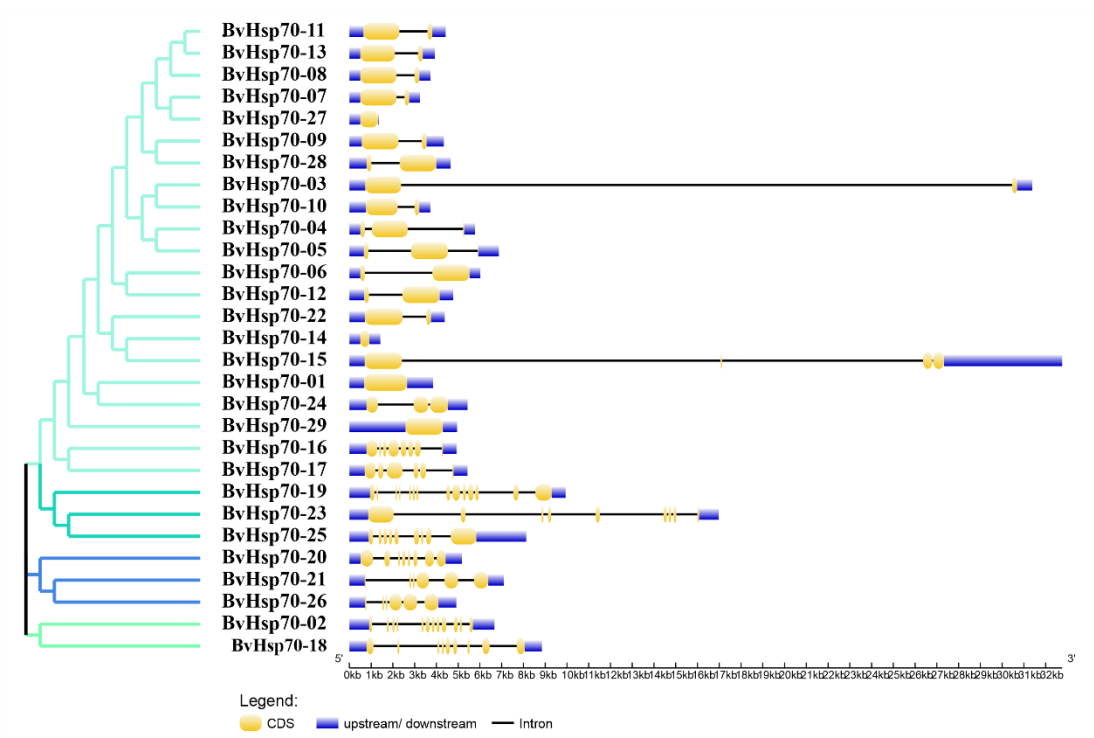
Kromozom 1, 2, 3, 6, 7, 8 ve 9’da segmental duplikasyonlar tespit edilmiştir. Segmental duplikasyonlar şekil 4.39’da kromozomlar arası çizgiler ile gösterilmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *Hsp70* genlerinin ortalama Ka oranının 0,11; Ks oranının 19,06; Ka/Ks oranının ise 0,01 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar, segmental duplukasyonunun ortalama 146,59 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 21).



Şekil 4. 39 *BvHsp70* genlerinin segmental duplikasyonu

#### 4.1.4.4 *BvHsp70* genlerinin yapısı

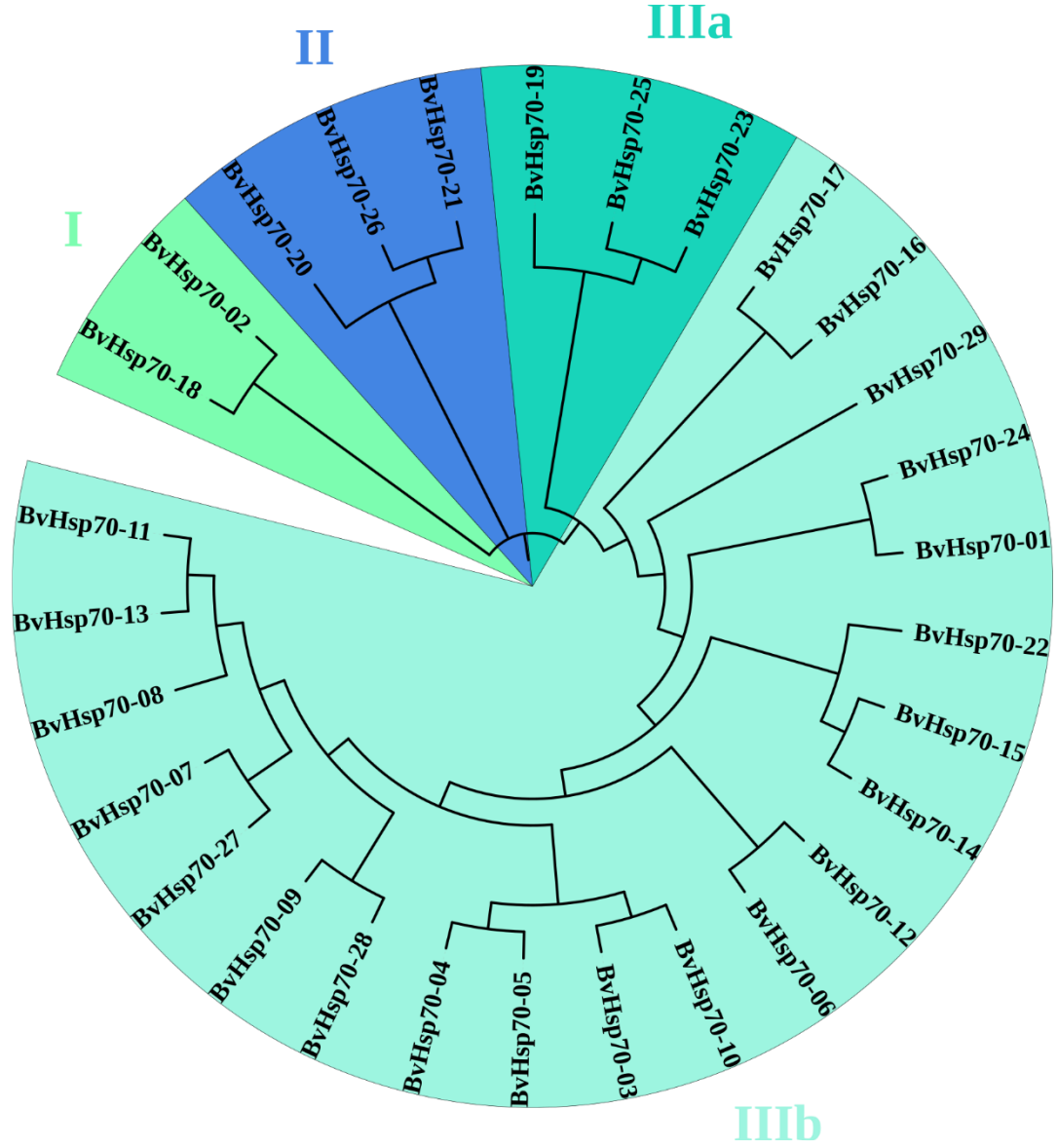
Şeker pancarı *BvHsp70* genlerinin ekzon-intron organizasyonlarına yani gen yapılarına bakılacak olursa, *BvHsp70-27*, *BvHsp70-14*, *BvHsp70-01* ve *BvHsp70-29* genlerinin intron içermediği gözlenmiştir. *BvHsp70-19* geni en çok intron (13 adet) içeren *Hsp70* geni olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.40).



Şekil 4. 40 *BvHsp70* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

#### 4.1.4.5 *BvHsp70* proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri

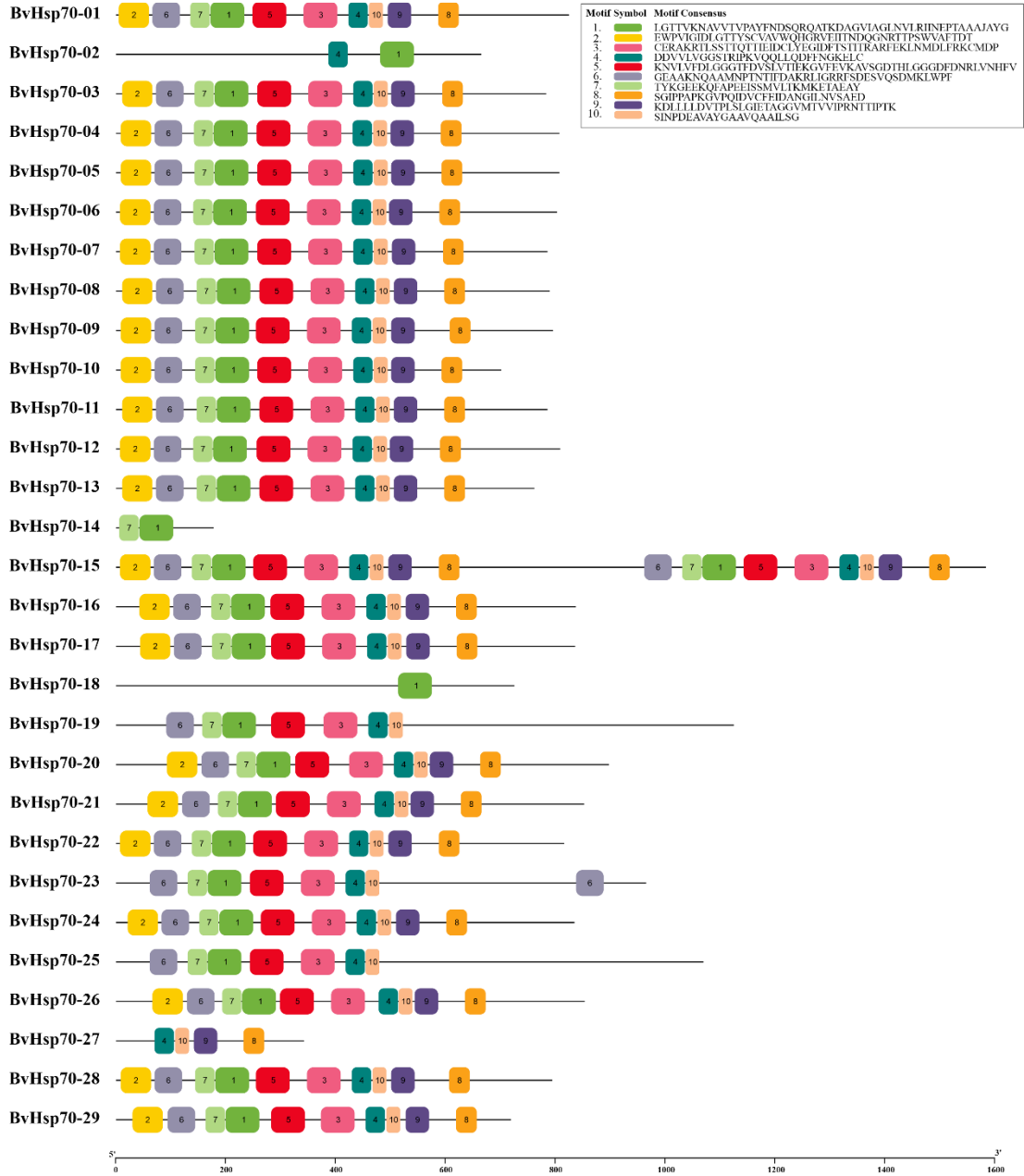
Filogenetik ağaç analizine göre *Hsp70* proteinleri 3 farklı sınıfta (I, II, IIIa ve IIIb) kategorize edilmiştir. Tandem duplikasyon gösteren 21 çift gen filogenetik ağaçta IIIb grubunda olduğu belirlenmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *BvHsp70-01-BvHsp70-22*, *BvHsp70-01-BvHsp70-24*, *BvHsp70-01-BvHsp70-15*, *BvHsp70-15-BvHsp70-22*, *BvHsp70-15-BvHsp70-24*, *BvHsp70-16-BvHsp70-17*, *BvHsp70-22-BvHsp70-24* genlerine ait proteinlerin IIIb grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvHsp70-21-BvHsp70-26* genlerine ait proteinlerin II. grupta ve aynı dal da olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak, tandem ve segmental duplikasyonlar gösteren genlerin filogenetik ağaçta aynı grupta ve aynı dalda yer aldığı gözlenmiştir (Şekik 4.41).



Şekil 4. 41 BvHsp70 proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması

#### 4.1.4.6 BvHsp70 proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi

Analiz edilen şeker pancarı Hsp70 proteini için 10 farklı korunmuş motif belirlenmiştir. Pfam veritabanı aracılığıyla motif taraması yapılmıştır ve tüm motiflerde Hsp70 domaini belirlenmiştir. BvHsp70-02, BvHsp70-14, BvHsp70-18 ve BvHsp70-27 proteinleri hariç genel olarak tüm motifler BvHsp70 proteinlerinde bulunmaktadır. Sadece motif 1 bulunan BvHsp70-02 ve BvHsp70-18 proteinleri filogenetik ağaçta I. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak tanımlanan BvHsp70 proteinleri korunmuş motiflerin yapısal olarak benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.42).



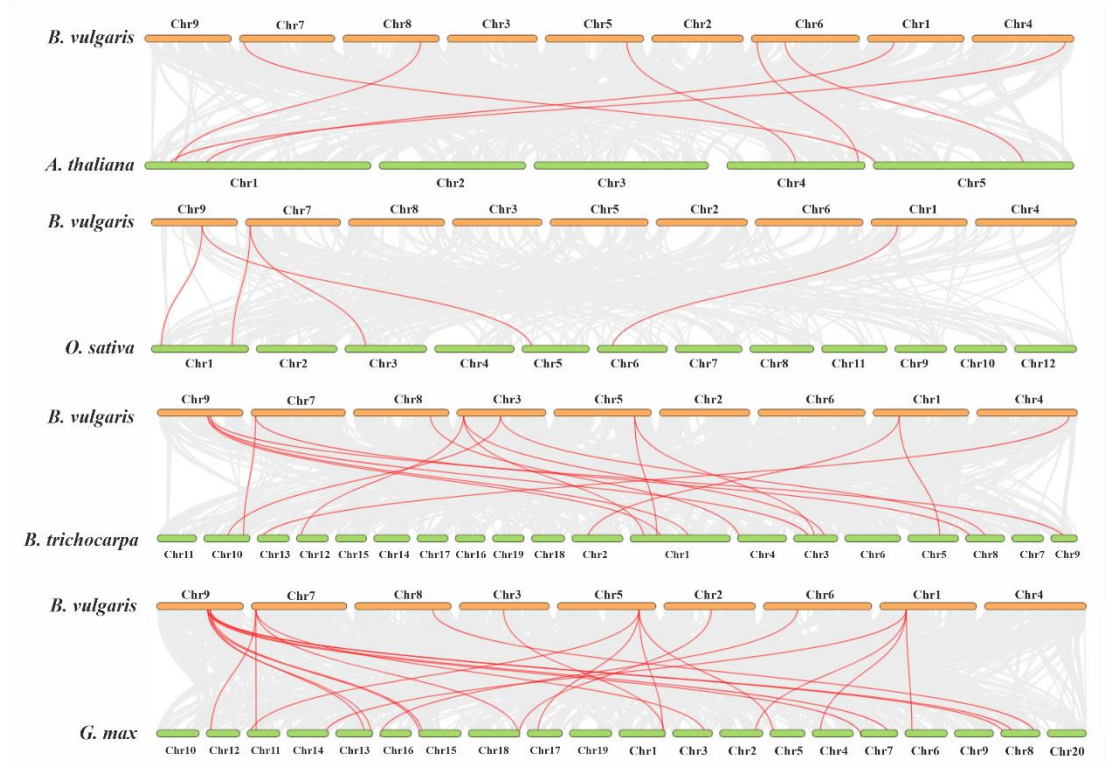
Şekil 4. 42 BvHsp70 proteinlerinin korunmuş motif içerikleri

#### 4.1.4.7 BvHsp70 genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları

Şeker pancarı ile *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasında sintenik ilişkiler belirlenmiştir. Gri çizgiler kromozomlar arasındaki tüm ortolog genleri ve kırmızı çizgiler *BvHsp70* genleri arasındaki ortolog genleri göstermektedir (Şekil 4.43). En fazla ortolog ilişkisi şeker pancarı ile *G. max* ve *P. trichocarpa* arasında 9 gen olduğu

belirlenmiştir, daha sonra sırasıyla *Arabidopsis* 7 ve *O. sativa* ile 3 gende ortolog ilişki gözlenmiştir. İki çenekli şeker pancarı ile iki çenekli bitkilerde (*Arabidopsis*, kavak ve soya) ortolog gen sayısının birbirine yakın olduğu belirlenmiştir. Tek çenekli çeltik (*Oryza sativa*) bitkisinde en az ortolog gen (3 adet) belirlenmiştir (EK 22).

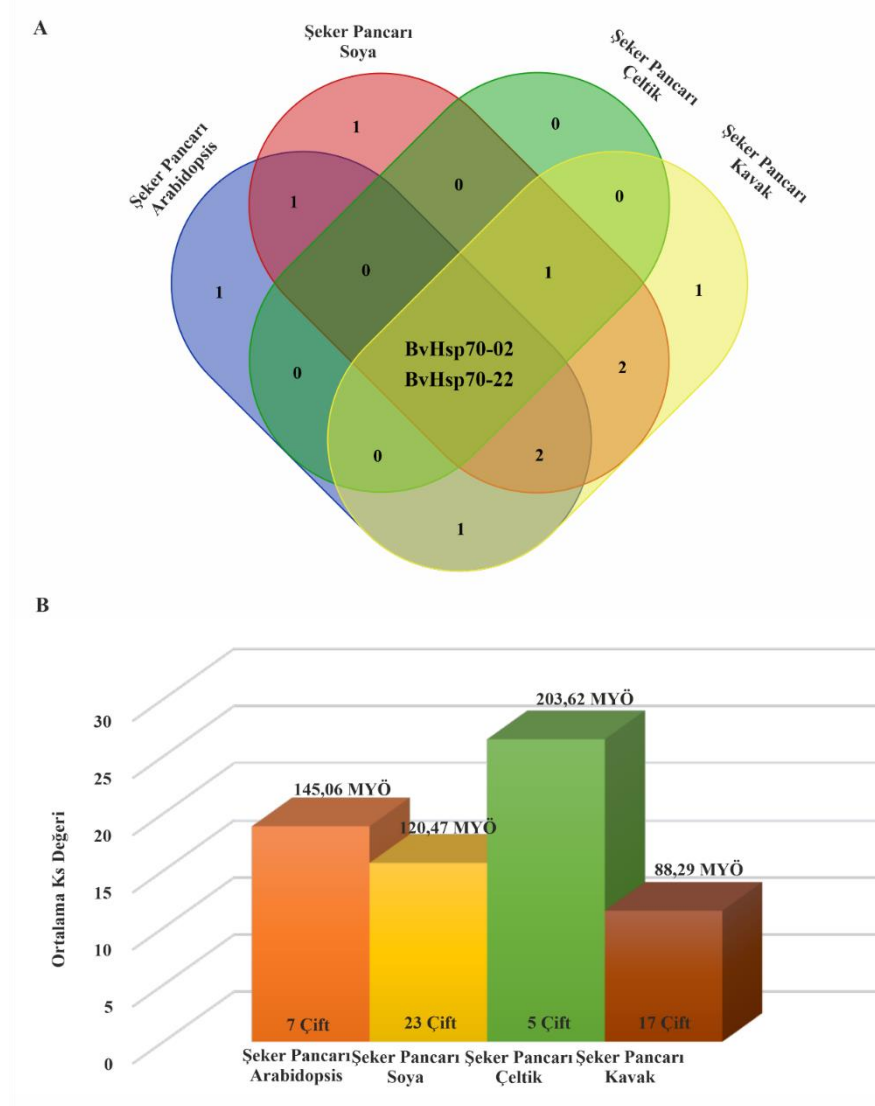
Şeker pancarı ile diğer türlerde *BvHsp70-02* ve *BvHsp70-22* genleri ortak ortolog olarak belirlenmiştir (Şekil 4.44 A). Bu genler evrimsel süreçte yüksek oranda korunmuş olabilir. Bu sonuçlar *Hsp70* genlerinin evrimini aydınlatmak için değerli olabilir.



Şekil 4. 43 *BvHsp70* genlerinin *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi

*Arabidopsis* (7 çift), soya (23 çift), çeltik (3 çift) ve kavak (17 çift) *Hsp70* genlerinin ortologları için  $K_a$ ,  $K_s$  ve  $K_a/K_s$  değerleri hesaplanmıştır (Şekil 4.44 B). Şeker pancarı *Hsp70* genlerinin ortologları bulunan *Arabidopsis* genomunda ortalama  $K_a/K_s$  değeri 0,03; soyada 0,02; çeltikte 0,02; kavakta 0,03 olarak bulunmuştur.  $K_s$  değeri kullanılarak yapılan hesaplamada, *BvHsp70* genlerinin *Arabidopsis* bitkisindeki ortolog genler ile en erken ayrılma zamanı 18,79; soya bitkisinde 11,35; çeltikte 25,39 ve kavakta 9,72 Myö olarak bulunmuştur. Sonuç olarak,  $K_a/K_s < 1$  olduğu

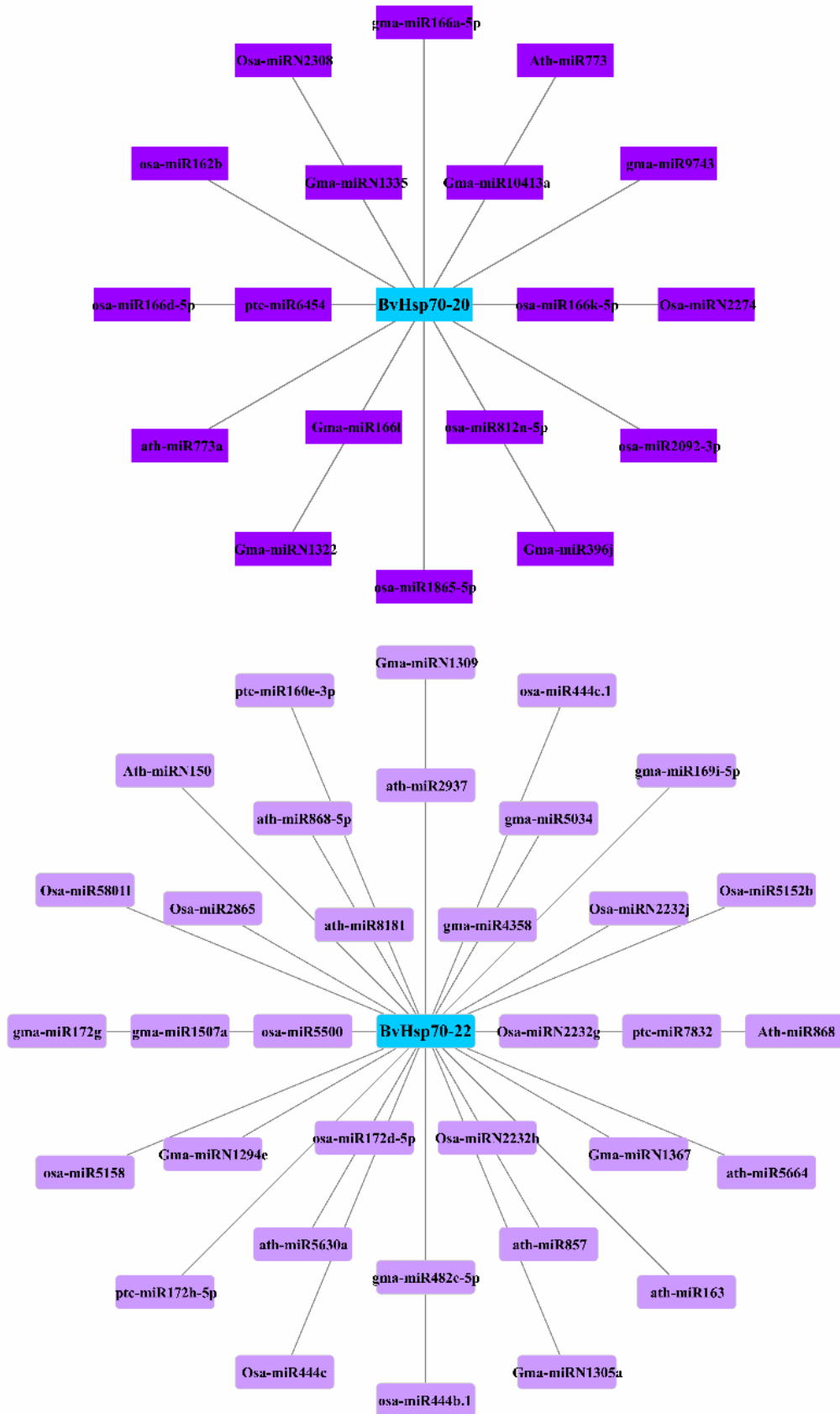
belirlenmiştir ve şeker pancarı *Hsp70* genlerinin evriminin kuvvetli bir negatif seleksiyona uğradığını göstermektedir (EK 22).



Şekil 4. 44 A *BvHsp70* genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı B Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları

#### 4.1.4.8 *BvHsp70* transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması

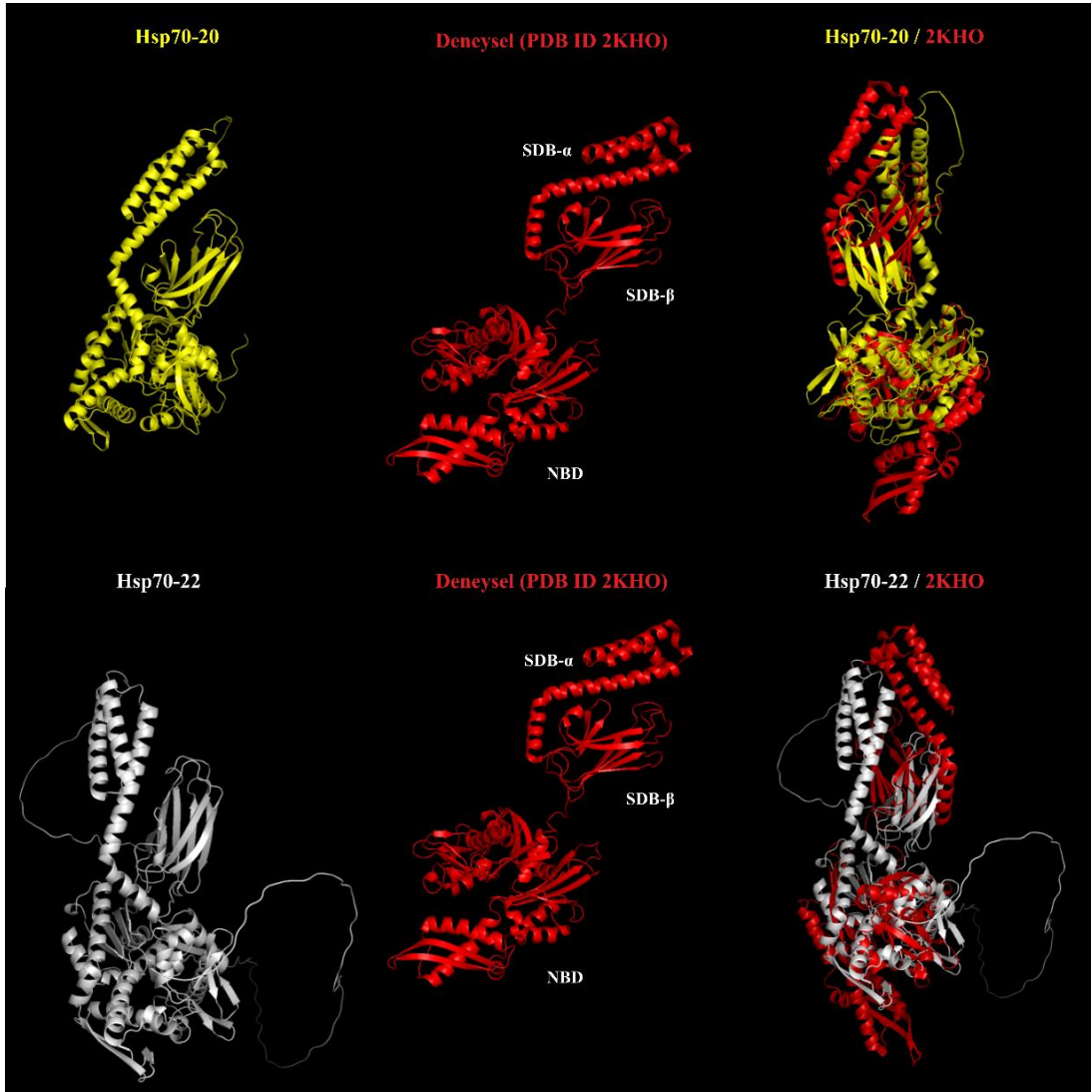
qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp70-20* ve *BvHsp70-22* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar belirlenmiştir. *BvHsp70-20* ve *BvHsp70-22* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların belirlenmesi amacıyla yapılan analizde, *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Oryza sativa* ve *Populus trichocarpa* bitkilerinin 52 farklı miRNA'sının *BvHsp70-20* ve *BvHsp70-22* gen transkriptlerini hedeflediği belirlenmiştir (Şekil 4.45) (EK 23).



Şekil 4. 45 BvHsp70-20 ve BvHsp70-22 transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli

#### 4.1.4.9 BvHsp70 proteinlerinin homoloji modellemesi

qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen BvHsp70-20 ve BvHsp70-22 proteinlerinin homoloji modellemesi yapılmıştır. Hsp70 proteinlerinde, nükleotid bağlama domaini (NBD), substrat bağlama domaini (SBD $\beta$ ), Helikal kapak domaini (SBD $\alpha$ ) bölgeleri belirlenmiştir (Rosenzweig vd., 2019). BvHsp70-20 ve BvHsp70-22 proteinleri deneysel olarak belirlenmiş olan Hsp70 (PDB ID:2KHO) proteini (Bertelsen vd., 2009) ile NBD, SBD $\beta$  ve SBD $\alpha$  alanı yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir (Şekil 4.46).

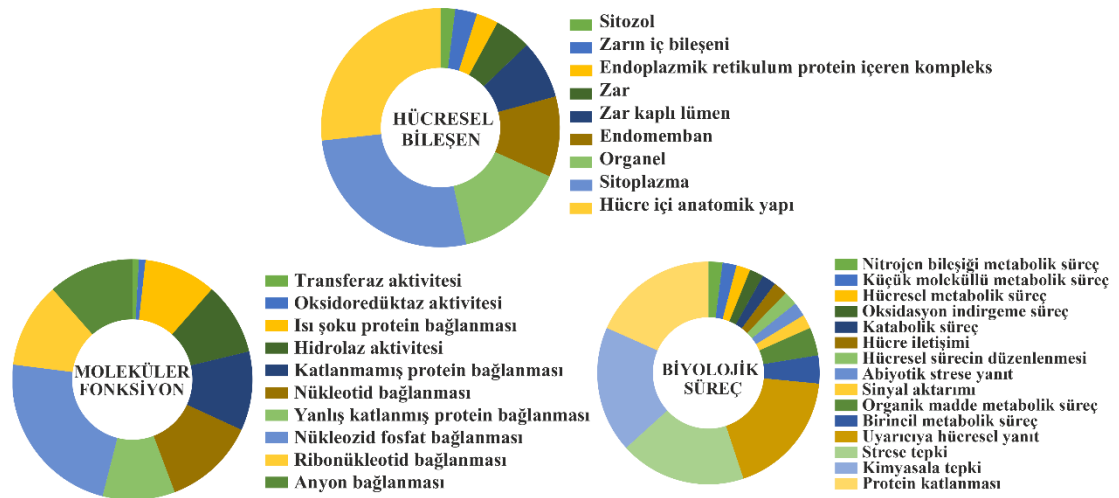


Şekil 4. 46 BvHsp70-20 ve BvHsp70-22 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu

#### 4.1.4.10 *BvHsp70* genlerinin ontoloji analizi

OmicsBox programı kullanılarak *Hsp70* genlerinin biyolojik işlevleri, hücrel yerleşimleri ve moleküler fonksiyonları belirlenmiştir. *Hsp70* ailesinin genelinin protein katlanması, kimyasala tepki, strese tepki ve uyarıcıya hücrel yanıt gibi biyolojik süreçlerde rol aldıkları, hücre içi anatomik yapı, sitoplazma ve organellerde buldukları ve nükleotid bağlanması, nükleozid fosfat bağlanması, anyon bağlanması, rübonükleotid bağlanması fonksiyonuna sahip oldukları belirlenmiştir (Şekil 4.47).

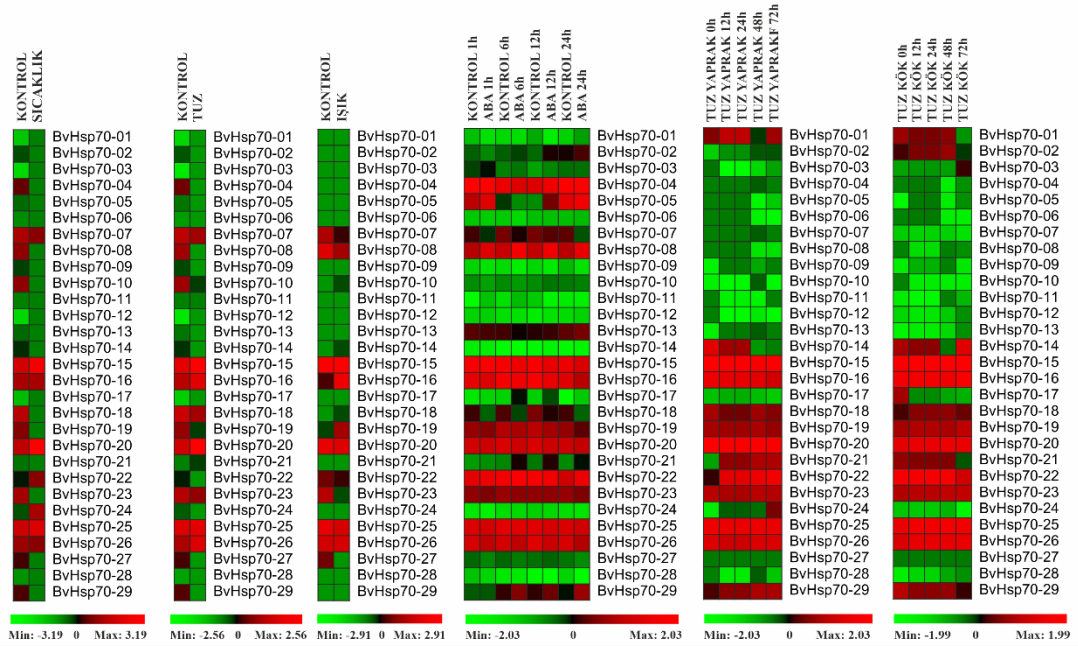
Genel olarak *Hsp70* genleri “heat shock cognate 70 kDa protein ve heat shock 70 kDa protein” olarak tanımlanmıştır. qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp70-20* ve *BvHsp70-22* genlerinin ontoloji analizi yapılmıştır. *BvHsp70-20* geni “stromal 70 kDa heat shock-related protein” ve *BvHsp70-22* geni “heat shock cognate 70 kDa protein 2-like” olarak tanımlanmıştır. Bunlara ek olarak, *BvHsp70-20* ATP bağlama, protein katlanması, katlanmamış protein bağlanması fonksiyonuna sahip olduğu ve kloroplast da bulunduğu belirlenmiştir. *BvHsp70-22* ATP bağlama, ATPaz aktivitesi, ısı şoku protein bağlama, protein yeniden katlanması, protein katlama şaperonu, katlanmamış protein bağlanması, şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması ve yanlış katlanmış protein bağlanması fonksiyonuna sahip olduğu ve sitoplazmada bulunduğu belirlenmiştir (EK 19).



Şekil 4. 47 *BvHsp70* genlerinin fonksiyonel analizleri

#### 4.1.4.11 *BvHsp70* genlerinin transkriptom analizi

NCBI veri tabanından sıcaklık, tuz, ışık ve ABA hormonu uygulamasına ait transkriptom dataları PRJNA516574 (Li vd., 2019), PRJNA254489 (Minoche vd., 2015) ve PRJNA594791 (Xing vd., 2020) erişim numaraları ile elde edilmiştir. CLC Genomics Workbench programı ile RNA-seq analizi yapılmıştır ve *BvHsp70* genlerinin RPKM değerleri kullanılarak ısı haritası oluşturulmuştur. Sıcaklık ve tuz stresinde *BvHsp-70-11* geni ve ışık stresinde *BvHsp-70-01,02,03,04,05,06,09,11,12,13,17,21,24,28,29* genlerinin ifadesinde artış gözlenmemiştir. Tuz stresi uygulanan yaprak dokusunda *BvHsp-70-04,07,27* ve tuz stresi uygulanan kök dokusunda *BvHsp-70-27* genlerinin ifadesinde artış gözlenmemiştir. Diğer tüm genlerin farklı stres ve dokularda ifade edildiği belirlenmiştir. Elde edilen veriler sonucunda *BvHsp70-20* ve *BvHsp70-22* genlerinde yüksek ifade seviyesi gözlenmiştir (Şekil 4.48).



Şekil 4. 48 *BvHsp70* genlerinin çeşitli stres altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları

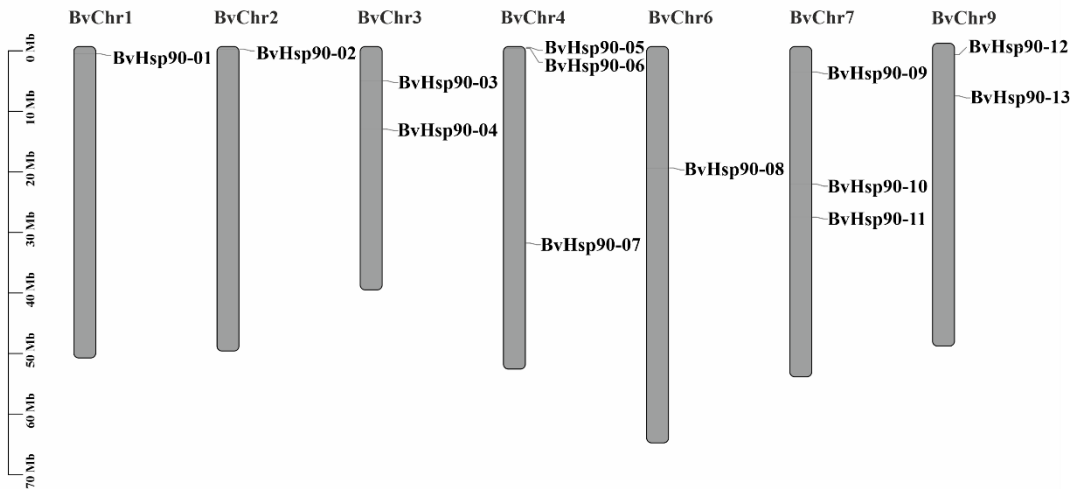
#### 4.1.5 *BvHsp90* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri

##### 4.1.5.1 *BvHsp90* genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi

Yapılan analizler sonucunda şeker pancarı genomunda ısı şoku proteini 90 (Hsp90) kodlayan genler belirlenmiştir ve 13 adet *Hsp90* kodlayan gen bulunmuştur. Bulunan bu genler şeker pancarının Latince isminin (*Beta vulgaris*) baş harfleri kullanılarak *BvHsp90* olarak isimlendirilmiştir (EK 24). Şeker pancarında belirlenen Hsp90 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 209 amino asit (BvHsp90-02 ve BvHsp90-11) ile 1357 amino asit (BvHsp90-04) arasında, moleküler ağırlığının ise 24,06 kDa (BvHsp90-11) ile 156,03 kDa (BvHsp70-15) arasında değiştiği belirlenmiştir. BvHsp90 proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,90 (BvHsp90-01) ile 9,55 (BvHsp90-02) arasında değiştiği belirlenmiştir. Bulunan 13 proteinden 6 tanesinin kararlı olduğu saptanmıştır (EK 24).

##### 4.1.5.2 *BvHsp90* genlerinin kromozomal dağılımı

*BvHsp90* genlerinin şeker pancarının 9 kromozomundan 7' sine (5 ve 8. kromozom hariç) değişik oranlarda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. En fazla sayıda *BvHsp90* geni içeren kromozomun 3 adet ile 4 ve 7. kromozom üzerinde olduğu, en az sayıda *BvHsp90* geni içeren ise 1 adet ile 1, 2 ve 6. kromozom olduğu bulunmuştur (Şekil 4.49).

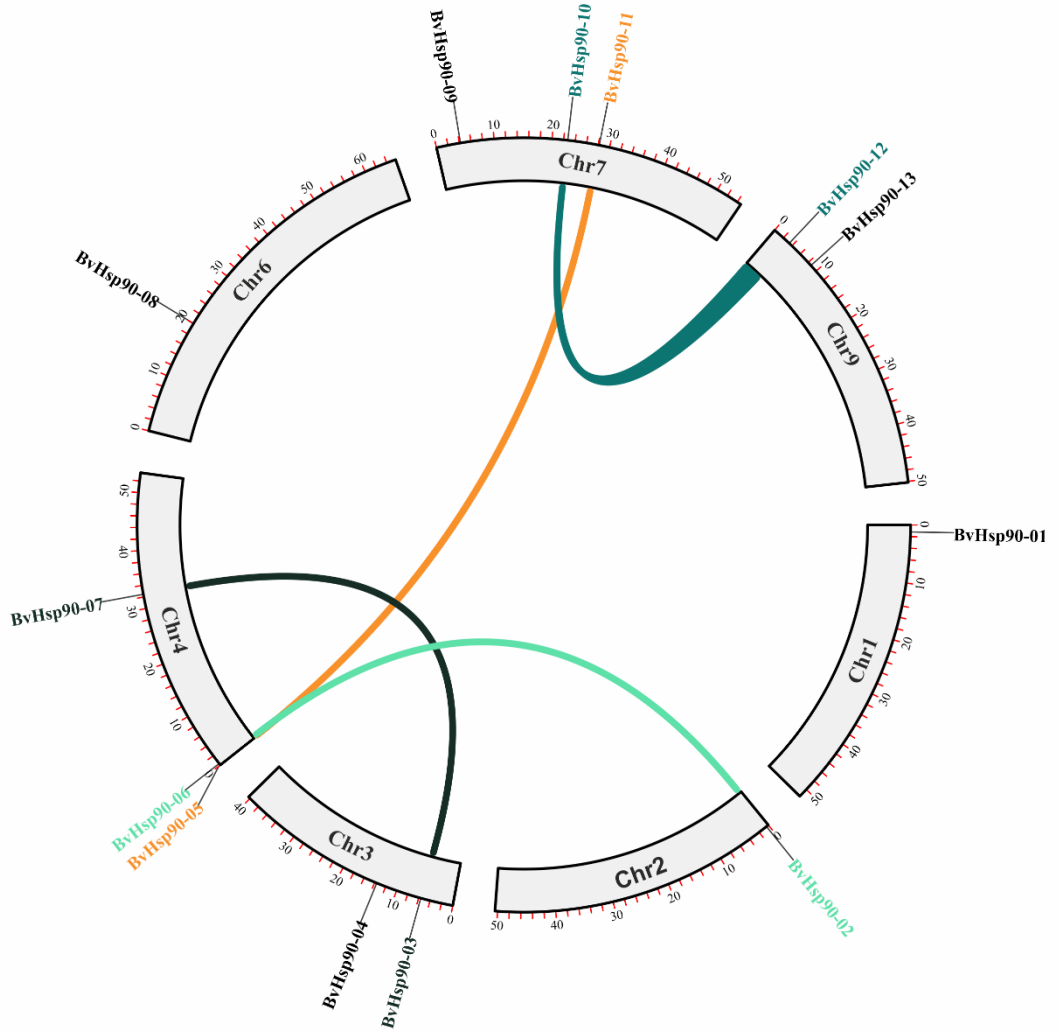


Şekil 4. 49 *BvHsp90* genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı

#### 4.1.5.3 *BvHsp90* genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları

Şeker pancarı *Hsp90* genlerinde tandem duplikasyon belirlenmemiştir. Şeker pancarı *Hsp90* genlerinde 4 çift segmental duplikasyon belirlenmiştir (Şekil 4.50).

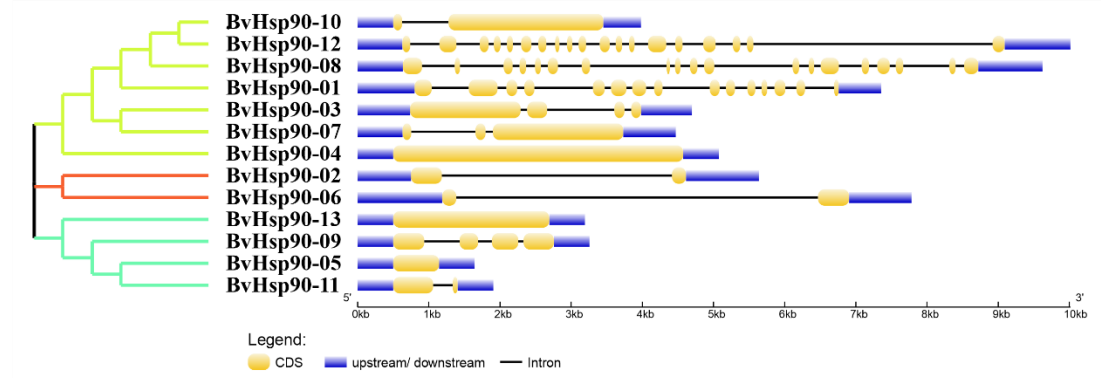
Kromozom 2, 3, 4, 7 ve 9'da segmental duplikasyonlar tespit edilmiştir. Segmental duplikasyonlar şekil 4.50'de kromozomlar arası çizgiler ile gösterilmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *Hsp90* genlerinin ortalama  $K_a$  oranının 0,10;  $K_s$  oranının 20,92;  $K_a/K_s$  oranının ise 0,22 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar segmental duplikasyonunun ortalama 160,92 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 26).



Şekil 4. 50 *BvHsp90* genlerinin segmental duplikasyonu

#### 4.1.5.4 *BvHsp90* genlerinin yapısı

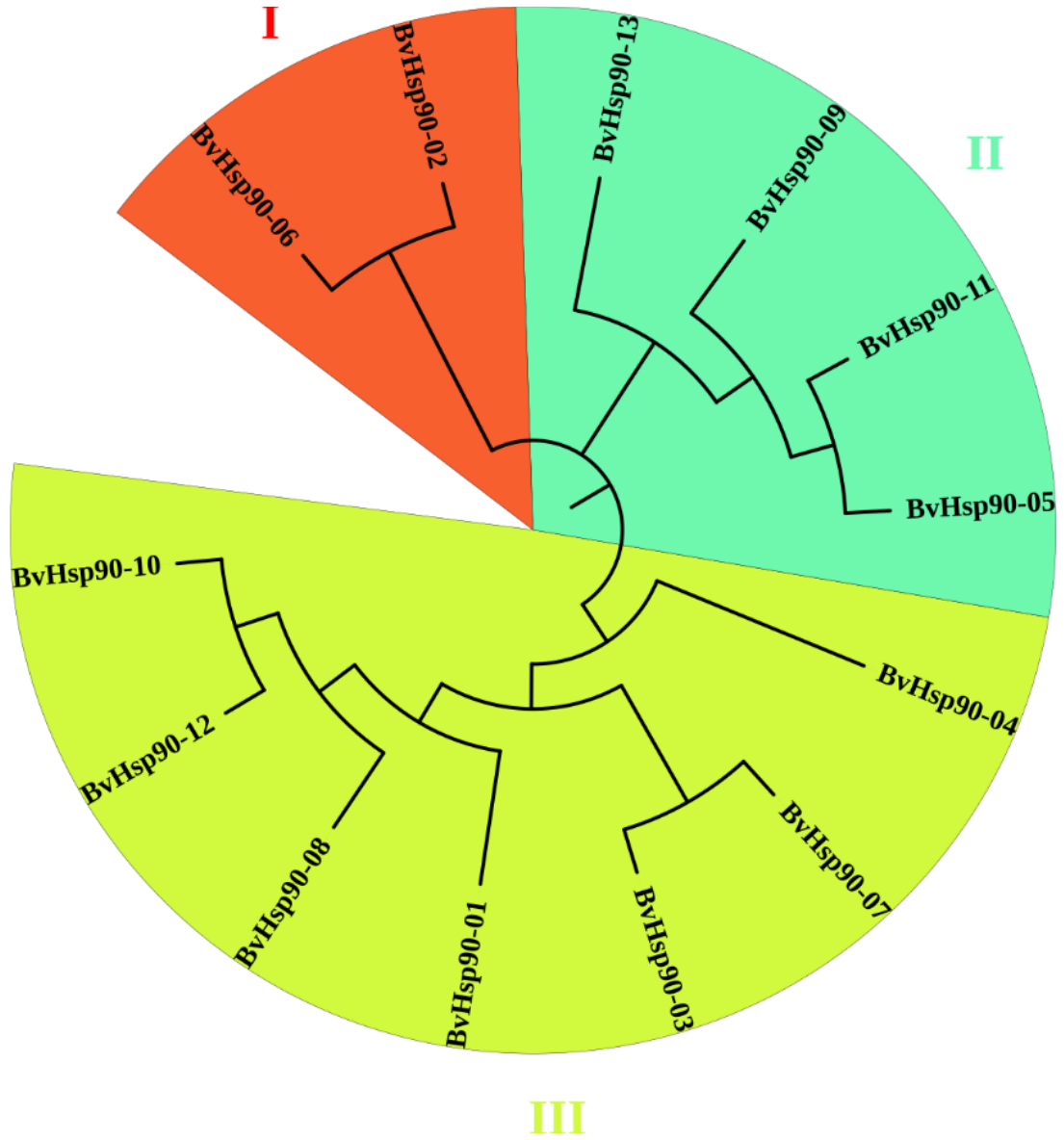
Şeker pancarı *BvHsp90* genlerinin ekzon-intron organizasyonlarına yani gen yapılarına bakılacak olursa, *BvHsp90-04*, *BvHsp90-05* ve *BvHsp90-13* genlerinin intron içermediği gözlenmiştir. *BvHsp90-08* ve *BvHsp90-12* genlerinin en çok intron bölgesi (18 adet) içeren *Hsp90* geni olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.51).



Şekil 4. 51 *BvHsp90* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

#### 4.1.5.5 *BvHsp90* proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri

Filogenetik ağaç analizine göre *Hsp90* proteinleri 3 farklı sınıfta (I, II ve III) kategorize edilmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *BvHsp90-02-BvHsp90-06* genlerine ait proteinlerin filogenetik ağaçta I. grupta, *BvHsp90-11-BvHsp90-05* genlerine ait proteinlerin II. grupta, *BvHsp90-03-BvHsp90-07* ve *BvHsp90-10- BvHsp90-12* genlerine ait proteinlerin III. grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.52).

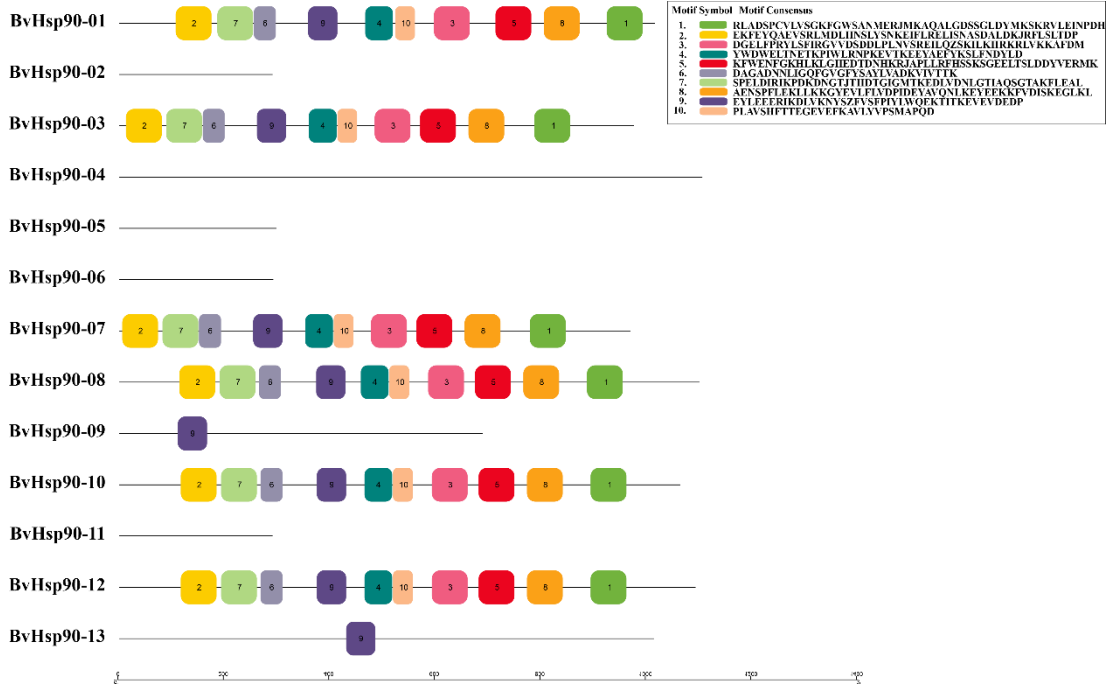


Şekil 4. 52 BvHsp90 proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması

#### 4.1.5.6 BvHsp90 proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi

Analiz edilen şeker pancarı Hsp90 proteini için 10 farklı korunmuş motif belirlenmiştir. Pfam veritabanı aracılığıyla motif taraması yapılmıştır. Motif 1, 3, 4, 5, 9, 8 ve 10'da Hsp90 domaini ve motif 7'de HATPase\_c domainini belirlenmiştir. Belirlen 10 adet motifi içeren BvHsp90-01, BvHsp90-03, BvHsp90-07, BvHsp90-08, BvHsp90-10 ve BvHsp90-12 proteinlerin filogenetik ağaçta III. grupta olduğu belirlenmiştir. Sadece motif 9 içeren BvHsp90-09 ve BvHsp90-13 proteinlerinin filogenetik ağaçta II. grupta olduğu belirlenmiştir. Sonuç olarak tanımlanan BvHsp90

proteinleri korunmuş motiflerinin yapısal olarak benzerlik gösterdiği görülmüştür (Şekil 4.53).



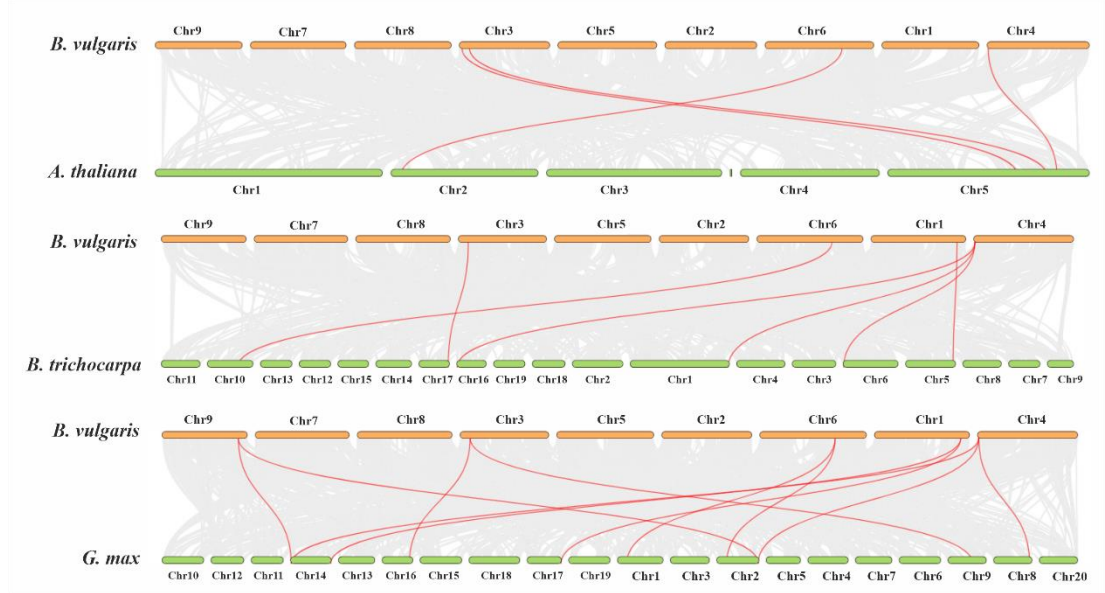
Şekil 4. 53 BvHsp90 proteinlerinin korunmuş motif içerikleri

#### 4.1.5.7 BvHsp90 genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları

Şeker pancarı ile *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasında sintenik ilişkiler belirlenmiştir. Gri çizgiler kromozomlar arasındaki tüm ortolog genleri ve kırmızı çizgiler *BvHsp90* genleri arasındaki ortolog genleri göstermektedir (Şekil 4.54). En fazla ortolog ilişkisi şeker pancarı ile *G. max* arasında olup, 5 gen olduğu belirlenmiştir ve daha sonra *Arabidopsis* ve *P. trichocarpa*'da 4 gende ortolog ilişki gözlenmiştir. İki çenekli şeker pancarı ile iki çenekli bitkilerde (*Arabidopsis*, kavak ve soya) ortolog gen sayısı birbirine yakın olduğu saptanmıştır. Tek çenekli çeltikte (*Oryza sativa*) ise ortolog gen belirlenmemiştir (EK 27).

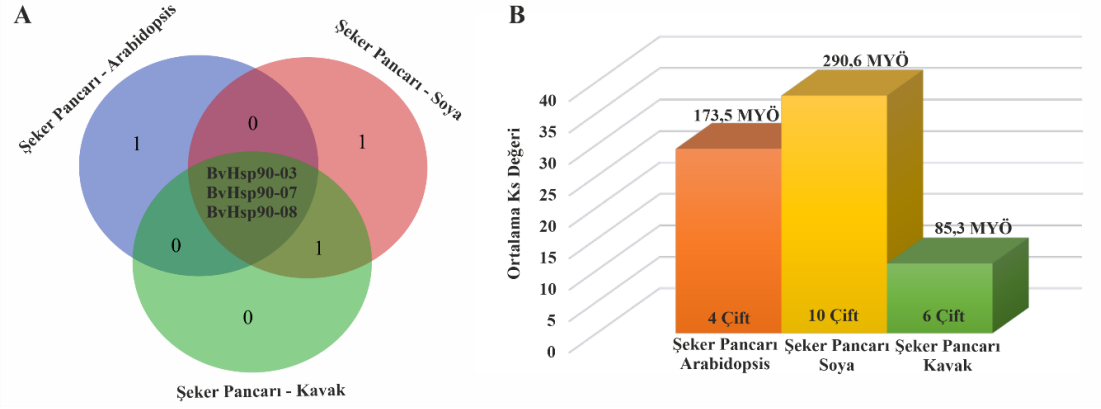
Şeker pancarı ile diğer türlerde *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07* ve *BvHsp90-08* genleri ortak ortolog olarak belirlenmiştir (Şekil 4.55 A) ve bu gen evrimsel süreçte yüksek

oranda korunmuş olabilir. Bu sonuçlar *Hsp90* genlerinin evrimini aydınlatmak için değerli olabilir.



Şekil 4. 54 *BvHsp90* genlerinin *Arabidopsis*, kavak ve soya arasındaki sinteni analizi

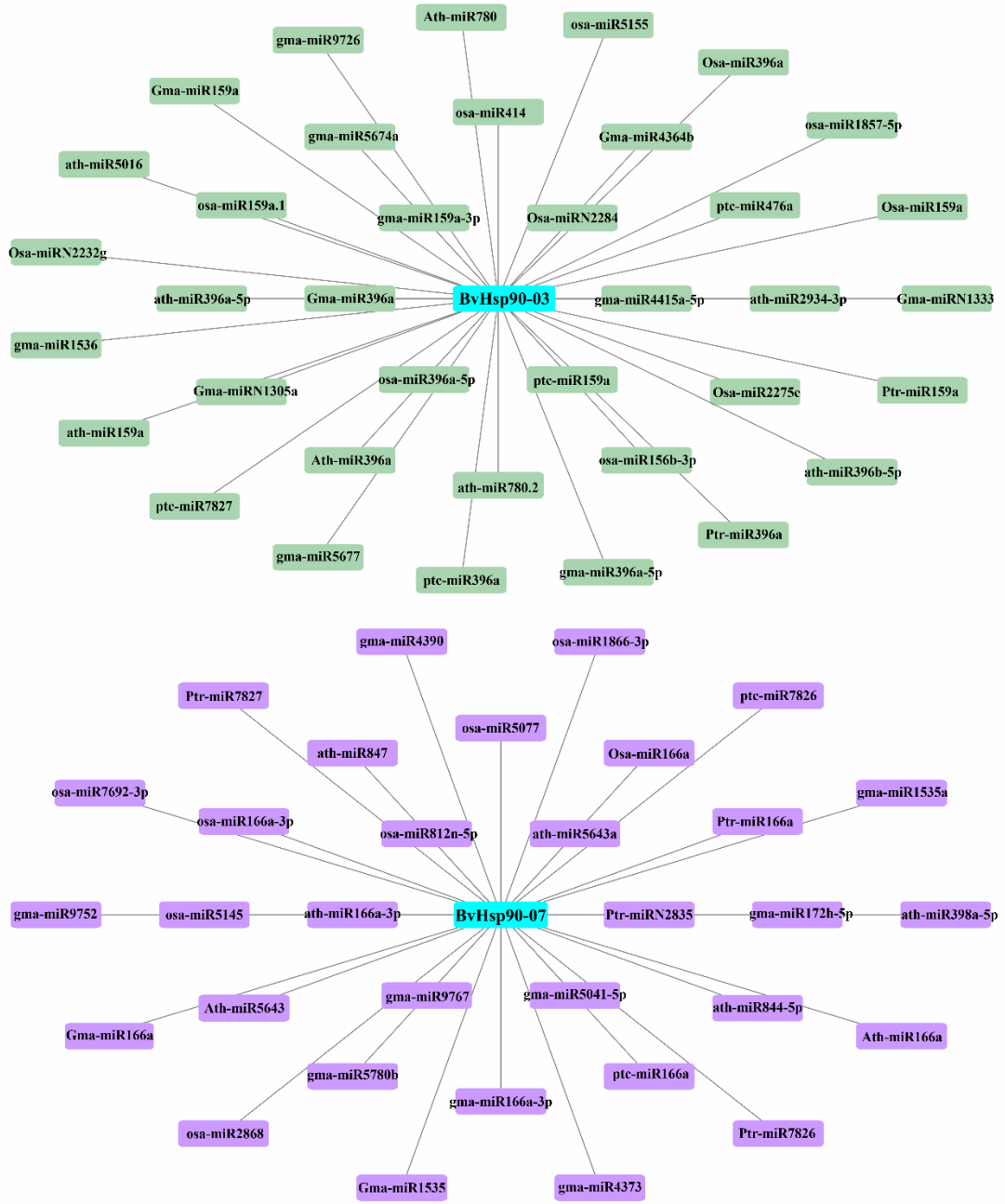
*Arabidopsis* (4 çift), soya (10 çift) ve kavak (6 çift) *Hsp90* genlerinin ortologları için  $K_a$ ,  $K_s$  ve  $K_a/K_s$  değerleri hesaplanmıştır (Şekil 4.55 B). Şeker pancarı *Hsp90* genlerinin ortologları bulunan *Arabidopsis* genomunda ortalama  $K_a/K_s$  değeri 0,03; soyada 0,004; çeltikte 0,02; kavakta 0,01 olarak bulunmuştur.  $K_s$  değeri kullanılarak yapılan hesaplamada, *BvHsp90* genlerinin *Arabidopsis* bitkisindeki ortolog genler ile en erken ayrılma zamanı 9,85; soya bitkisinde 97,79 ve kavakta 17,90 Myö olarak bulunmuştur. Sonuç olarak,  $K_a/K_s < 1$  olduğu belirlenmiştir ve şeker pancarı *Hsp90* genlerinin evriminin kuvvetli bir negatif seleksiyona uğradığını göstermektedir (EK 27).



Şekil 4. 55 **A** *BvHsp90* genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı **B** Ortoglarının birbirinden ayrılma oranları

#### 4.1.5.8 *BvHsp90* transkriptlerini alan hedef miRNA'ların tanımlanması

qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar belirlenmiştir. *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların belirlenmesi amacıyla yapılan analizde, *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max* ve *Populus trichocarpa* bitkilerinin 69 farklı miRNA'sının *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* gen transkriptlerini hedeflediği belirlenmiştir (Şekil 4. 56) (EK 28).

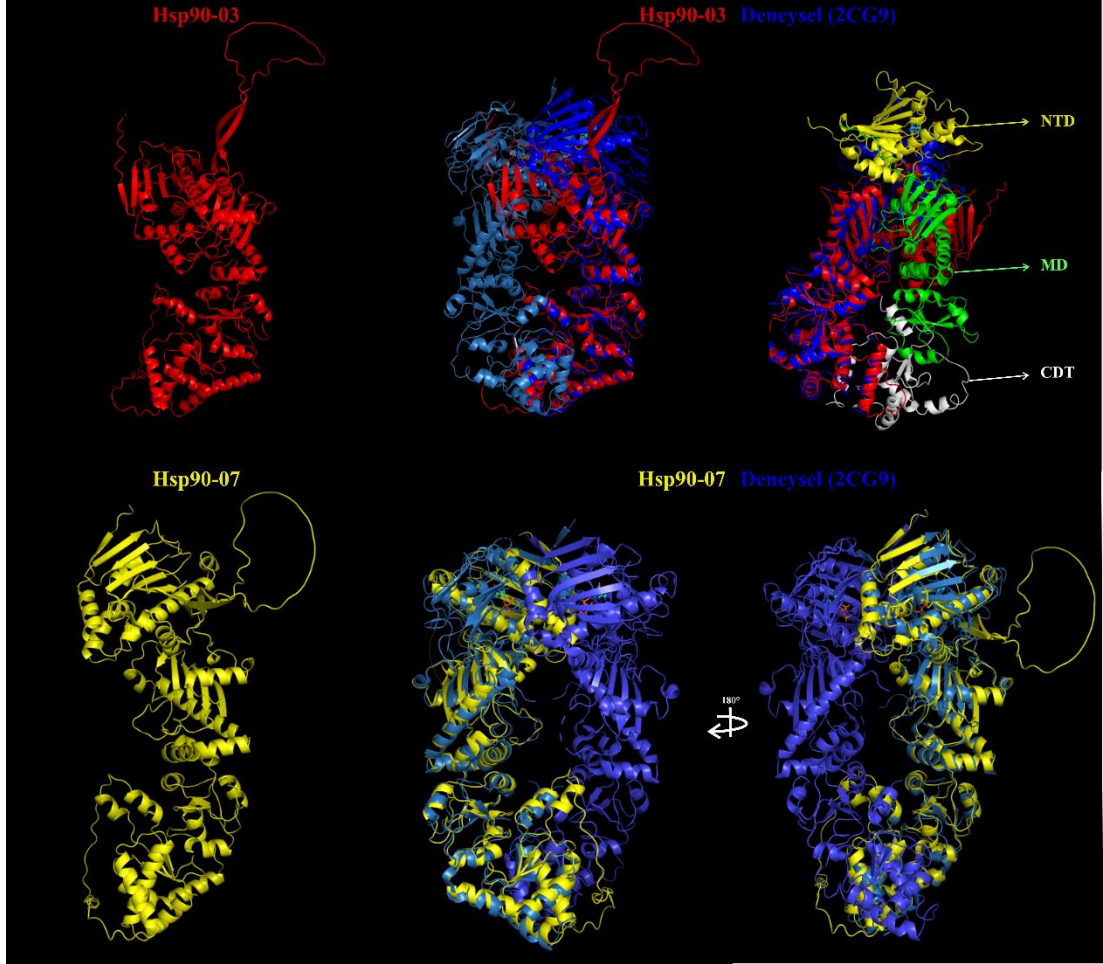


Şekil 4. 56 BvHsp90-03 ve BvHsp90-07 transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli

#### 4.1.5.9 BvHsp90 proteinlerinin homoloji modellemesi

qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen BvHsp90-03 ve BvHsp90-07 proteinlerinin homoloji modellemesi yapılmıştır. Hsp90, ATP'ye bağlanmaya aracılık eden amino-terminal domaini (NTD), ATP hidrolizi ve HSP90'ın bağlanması için önemli olan orta domaini (MD) ve HSP90 dimerizasyonundan sorumlu olan karboksil terminal domaini (CTD) olmak üzere üç domainden oluşmaktadır (Harris vd., 2004).

BvHsp90-03 ve BvHsp90-07 proteinleri deneysel olarak belirlenmiş olan Hsp90 (PDB ID:2CG9) proteini (Ali vd., 2006) ile NTD, MD ve CTD alanı yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir (Şekil 4.57).

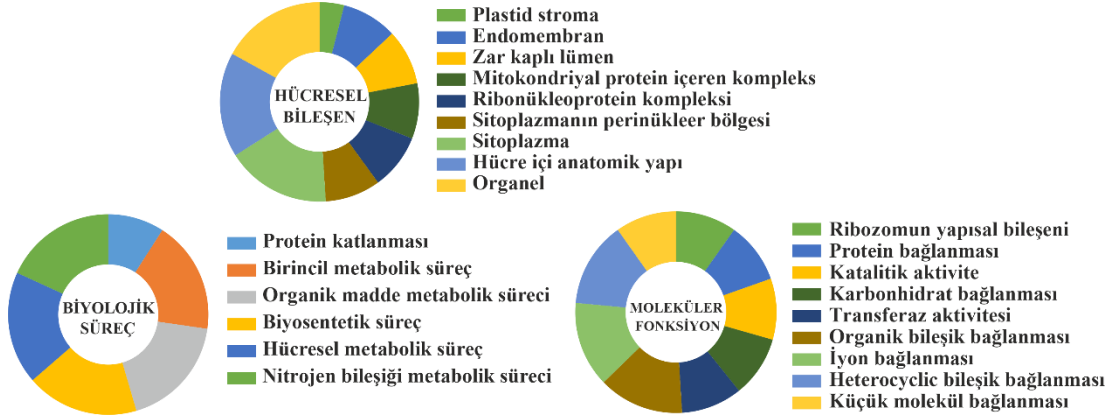


Şekil 4. 57 BvHsp90-03 ve BvHsp90-07 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu

#### 4.1.5.10 *BvHsp90* genlerinin ontoloji analizi

OmicsBox programı kullanılarak *Hsp90* genlerinin biyolojik işlevleri, hücresel yerleşimleri ve moleküler fonksiyonları belirlenmiştir. Hsp90 ailesinin genelinin hücresel metabolik süreçte, biyosentetik süreçte ve organik madde metabolik süreç gibi biyolojik süreçlerde rol aldıkları, sitoplazmada, hücre içi anatomik yapısında ve organel yapısında buldukları belirlenmiştir. Organik bileşik bağlanması, iyon bağlanması ve küçük molekül bağlanması fonksiyonuna sahip oldukları saptanmıştır (Şekil 4.58).

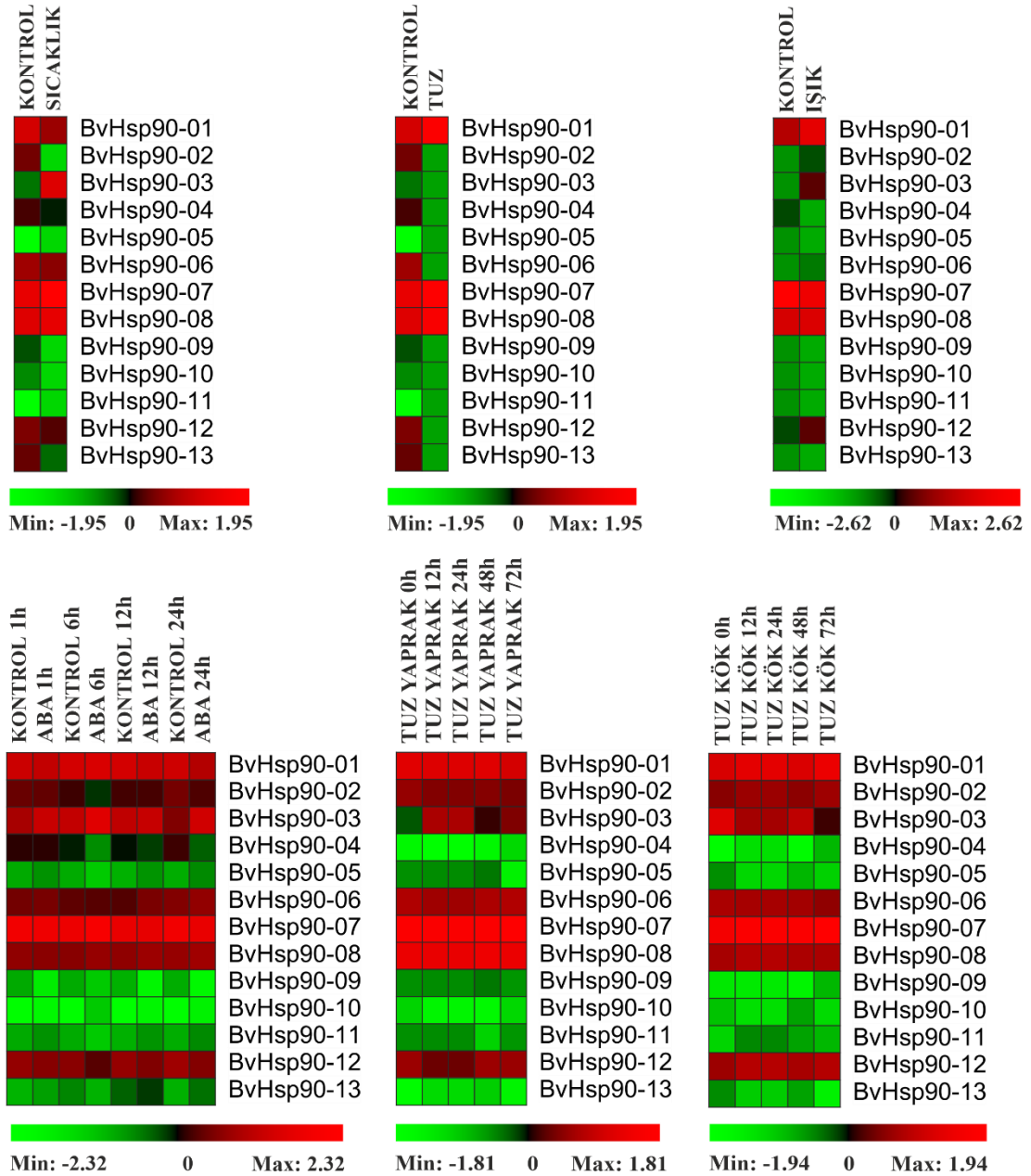
qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* genlerinin ontoloji analizi yapılmıştır. *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* genlerinin protein katlanması, katlanmamış protein bağlanması ATPaz aktivitesi, ATP bağlama fonksiyonları olduğu belirlenmiştir (EK 25).



Şekil 4. 58 *BvHsp90* genlerinin fonksiyonel analizleri

#### 4.1.5.11 *BvHsp90* genlerinin transkriptom analizi

NCBI veri tabanından sıcaklık, tuz, ışık ve ABA hormonu uygulamasına ait transkriptom dataları PRJNA516574 (Li vd., 2019), PRJNA254489 (Minoche vd., 2015) ve PRJNA594791 (Xing vd., 2020) erişim numaraları ile elde edilmiştir. CLC Genomics Workbench programı ile RNA-seq analizi yapılmıştır ve *BvHsp90* genlerin RPKM değerleri kullanılarak ısı haritası oluşturulmuştur. Sıcaklık ve tuz stresinde *BvHsp90-05,11*, ışık stresinde *BvHsp90-05,09,10,11,13*, ABA stresi ve yaprak dokusunda tuz stresi uygulanan *BvHsp90-09* ve *BvHsp90-11* genlerinin ifadesinde artış gözlenmemiştir. Diğer tüm genlerin farklı stres ve dokularda ifade edildiği belirlenmiştir. Elde edilen veriler sonucunda *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* genlerinde yüksek ifade seviyesi gözlenmiştir (Şekil 4.59).



Şekil 4. 59 *BvHsp90* genlerinin çeşitli stres altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları

#### 4.1.6 *BvHsp100* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri

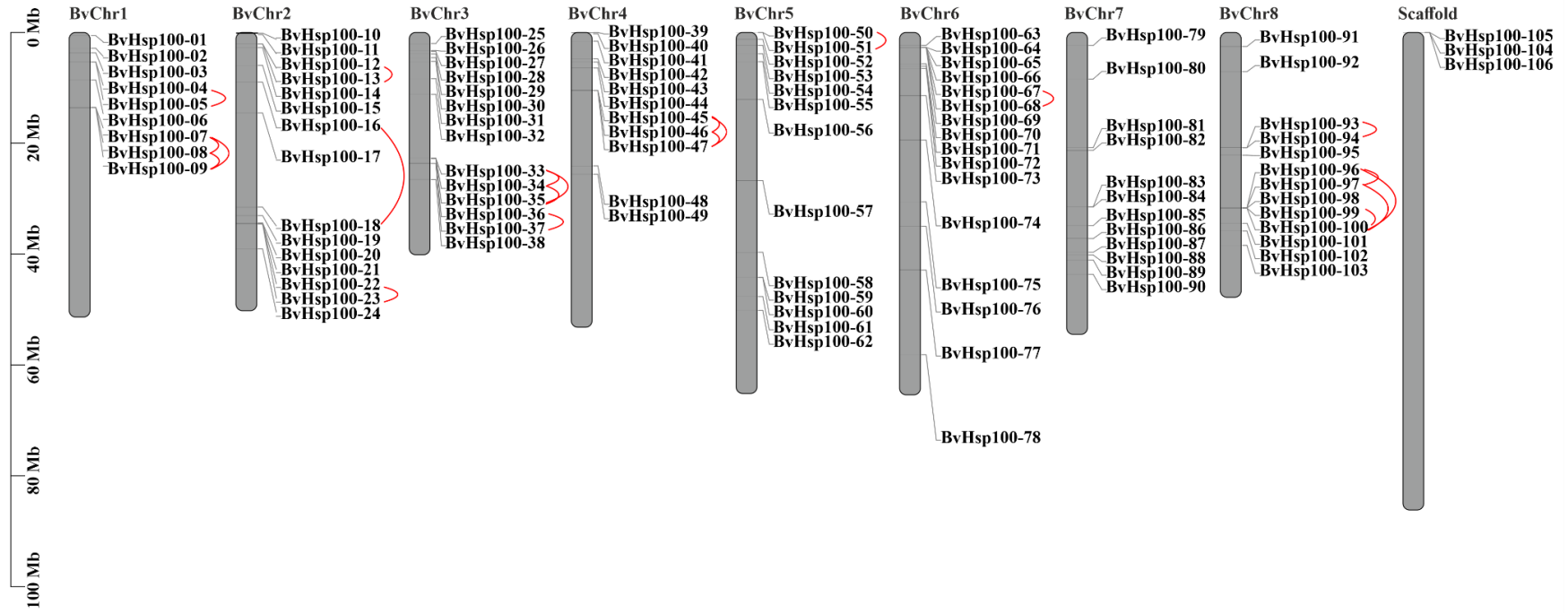
##### 4.1.6.1 *BvHsp100* genlerinin dizilerinin belirlenmesi ve isimlendirilmesi

Yapılan analizler sonucunda şeker pancarı genomunda ısı şoku proteini 100 (Hsp100) kodlayan genler belirlenmiştir ve 106 adet *Hsp100* kodlayan gen bulunmuştur. Bulunan bu genler şeker pancarının Latince isminin (*Beta vulgaris*) baş harfleri kullanılarak *BvHsp100* olarak isimlendirilmiştir (Ek 29).

Şeker pancarında belirlenen Hsp100 proteinleri için; peptid dizisi uzunluklarının 192 amino asit (BvHsp100-66) ile 5437 amino asit (BvHsp100-86) arasında, moleküler ağırlığının ise 21,75 kDa (BvHsp100-66) ile 617,35,82 kDa (BvHsp100-86) arasında değiştiği belirlenmiştir. BvHsp100 proteinleri için izoelektrik noktasının (pI) da 4,86 (BvHsp100-66) ile 9,62 (BvHsp100-33) arasında değiştiği belirlenmiştir. Bulunan 106 proteinden 40 tanesinin kararlı olduğu saptanmıştır (Ek 29).

#### **4.1.6.2 *BvHsp100* genlerinin kromozomal dağılımı**

*BvHsp100* genlerinin şeker pancarının 9 kromozomundan 8'ine (9. kromozom hariç) değişik oranlarda dağılım gösterdiği belirlenmiştir. En fazla sayıda *BvHsp100* geni içeren kromozomun 16 adet ile 6. kromozom üzerinde olduğu, en az sayıda *BvHsp100* geni içeren kromozom ise 9 adet ile 1. kromozom olduğu bulunmuştur. 3 adet gen (*BvHsp100-104*, *BvHsp100-105* ve *BvHsp100-106*) scaffold seviyesinde belirlenmiştir (Şekil 4.60).



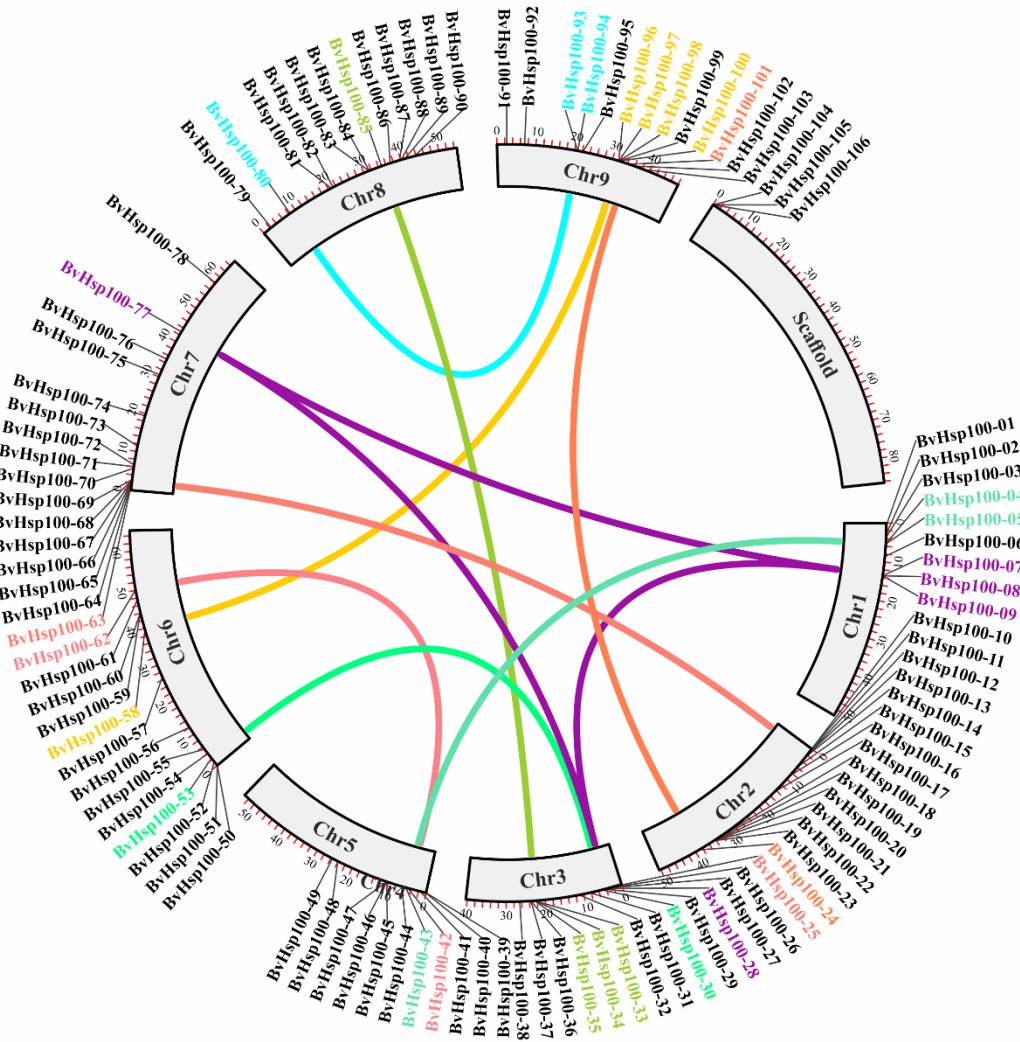
Şekil 4. 60 *BvHsp100* genlerinin şeker pancarı kromozomlarına dağılımı

#### 4.1.6.3 *BvHsp100* genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları

Gen duplikasyon olayları, proteinlerde yeni fonksiyonların evrimini sağlaması açısından önemli bir rol oynayacağı düşünülerek, (Ka) homolog olmayanlar ile homolog (Ks) oranları ve protein kodlanabilme oranları (Ka/Ks) tespit edilmiştir.

Şeker pancarı *Hsp100* genleri 21 çift tandem (Şekil 4.60) ve 21 çift segmental (Şekil 4.61) duplikasyon göstermiştir. Tandem duplikasyonlar şekil 4.60'de kırmızı çizgiler ile gösterilmiştir. Tandem duplikasyon gösteren *Hsp100* genleri ortalama Ka oranının 0,03; Ks oranının 4,26; Ka/Ks oranının 0,69 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar tandem duplukasyonunun ortalama 20, 29 milyon yıl önce olabileceğini göstermiştir (EK 31).

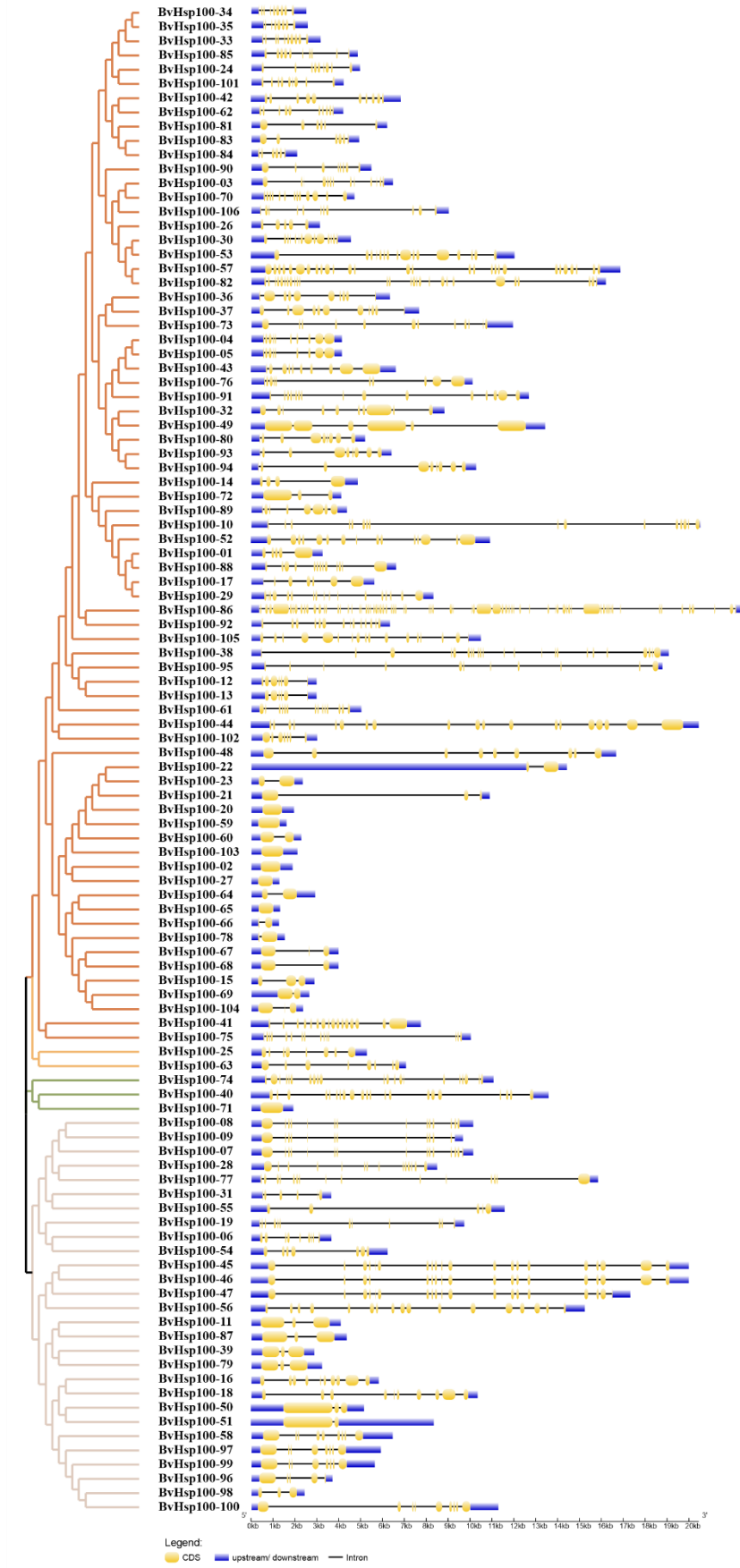
Segmental duplikasyonlar şekil 4.61'de kromozomlar arası çizgiler ile gösterilmiştir. Segmental duplikasyon gösteren *Hsp100* genlerin ortalama Ka oranının 0,17; Ks oranının 5,76; Ka/Ks oranının ise 0,13 olduğu belirlenmiştir ve bu oranlar kullanılarak yapılan hesaplamalar segmental duplukasyonunun 42,19 Myö olabileceğini göstermiştir (EK 32).



Şekil 4. 61 *BvHsp100* genlerinin segmental duplikasyonu

#### 4.1.6.4 *BvHsp100* genlerinin yapısı

Şeker pancarı *BvHsp100* genlerinin ekzon-intron organizasyonlarına yani gen yapılarına bakılacak olursa, *BvHsp100-02*, *BvHsp100-20*, *BvHsp100-27*, *BvHsp100-59*, *BvHsp100-65*, *BvHsp100-71* ve *BvHsp100-103* genlerinin intron içermediği gözlenmiştir. *BvHsp100-86* genlerinin en çok intron bölgesi (75 adet) içeren *Hsp100* geni olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.62).



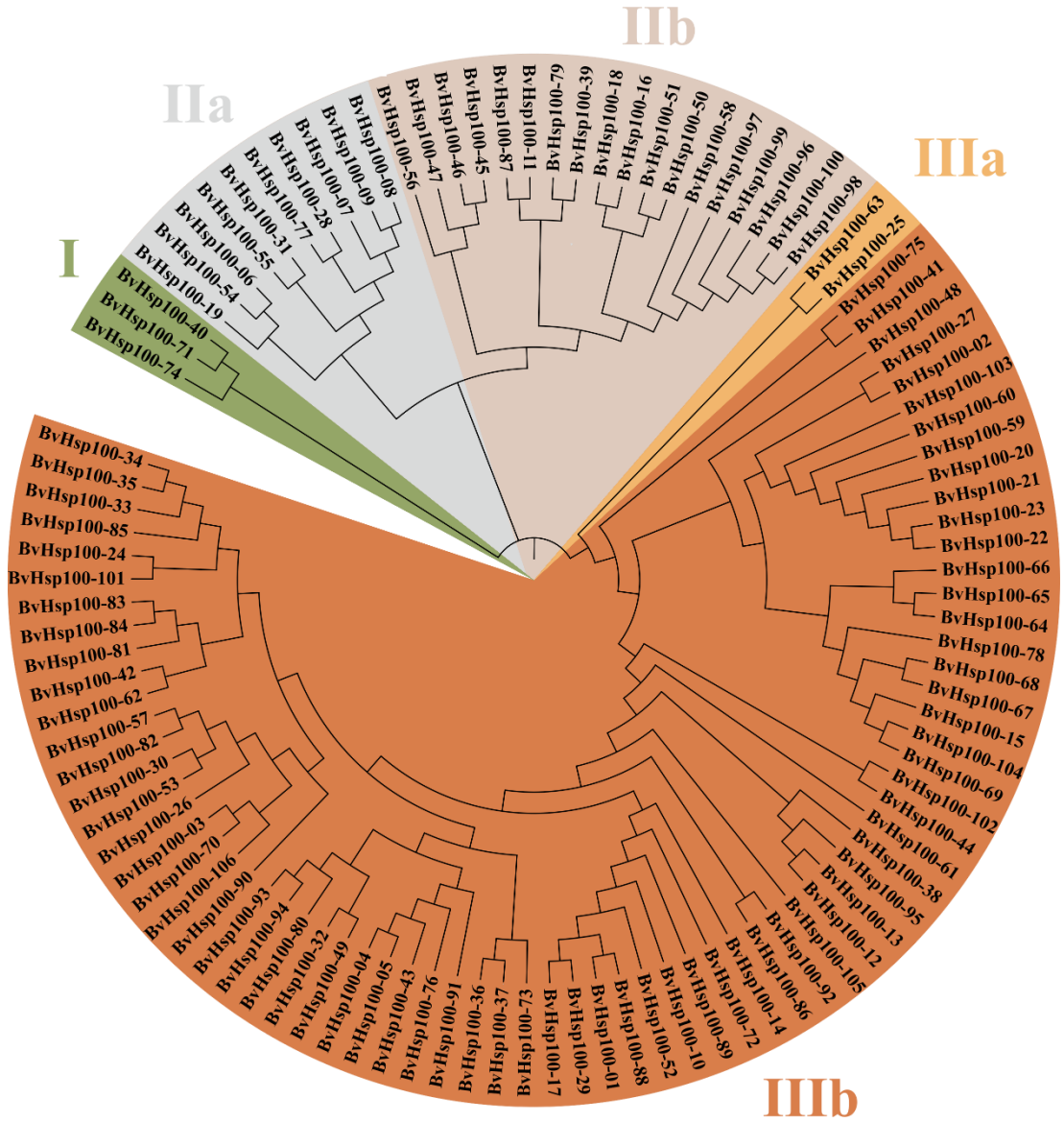
Şekil 4. 62 *BvHsp100* genlerinin ekzon-intron organizasyonları

#### 4.1.6.5 BvHsp100 proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri

Filogenetik ağaç analizine göre Hsp100 proteinleri 3 farklı sınıfta (I, IIa, IIb, IIIa ve IIIb) kategorize edilmiştir (Şekil 4.63).

Tandem duplikasyon gösteren *BvHsp100-07-08*, *BvHsp100-07-09* ve *BvHsp100-08-09* genlerine ait proteinlerin IIa grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvHsp100-16-18*, *BvHsp100-45-46*, *BvHsp100-45-47*, *BvHsp100-46-47*, *BvHsp100-96-97*, *BvHsp100-96-100*, *BvHsp100-97-100* ve *BvHsp100-99-100* genlerine ait proteinlerin IIb grubunda ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvHsp100-04-05*, *BvHsp100-12-13*, *BvHsp100-22-23*, *BvHsp100-33-34*, *BvHsp100-33-35*, *BvHsp100-34-35*, *BvHsp100-36-37*, *BvHsp100-67-68* ve *BvHsp100-93-94* genlerine ait proteinlerin IIIb grubunda ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.63).

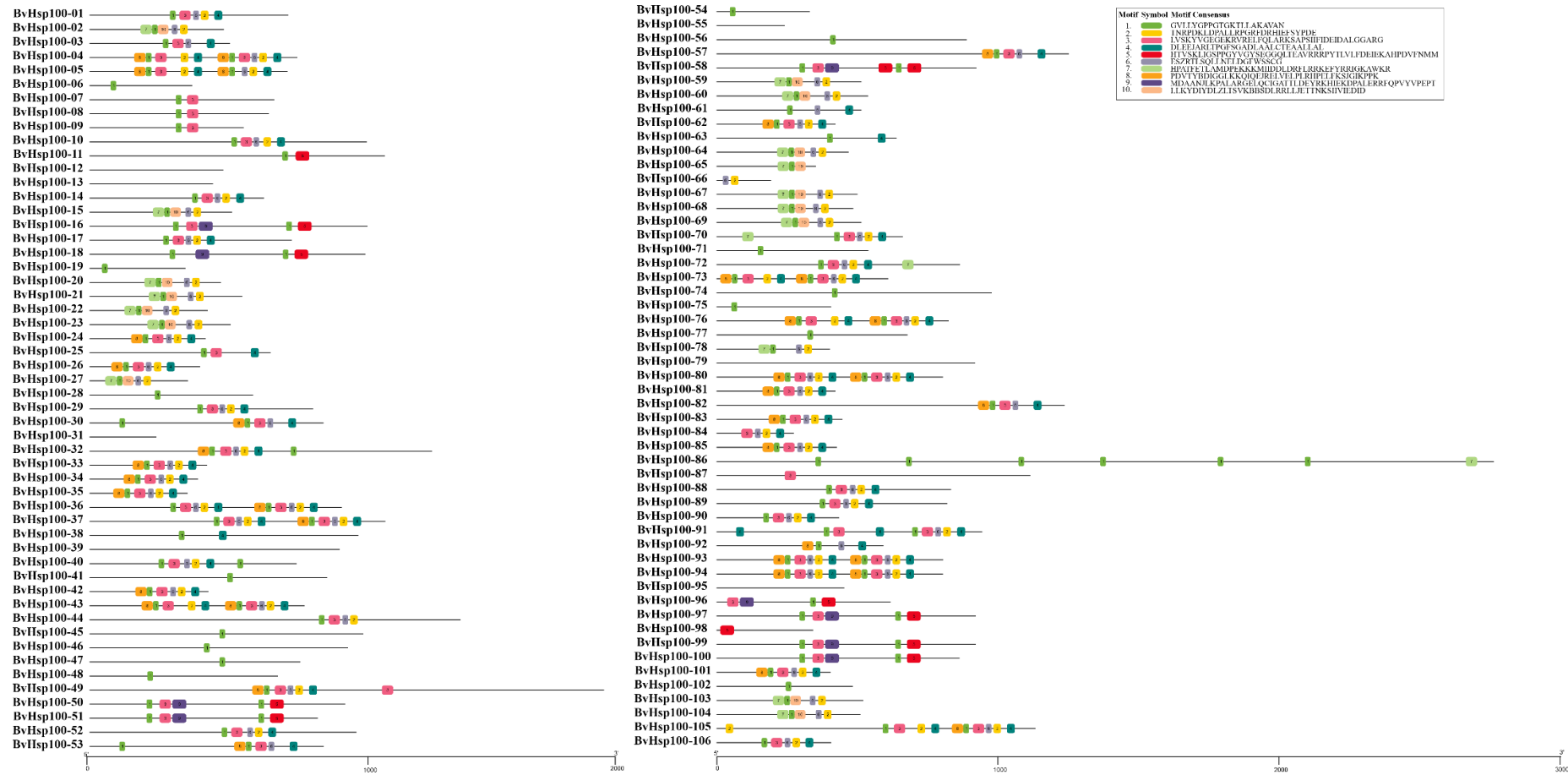
Segmental duplikasyon gösteren *BvHsp100-07-28*, *BvHsp100-08-28*, *BvHsp100-08-77*, *BvHsp100-09-28*, *BvHsp100-09-77* ve *BvHsp100-28-77* genlerine ait proteinlerin IIa grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvHsp100-58-97*, *BvHsp100-58-100*, *BvHsp100-58-98*, *BvHsp100-09-28*, *BvHsp100-09-77* ve *BvHsp100-28-77* IIb grubunda ve *BvHsp100-25-63* genlerine ait proteinlerin IIIa grubunda ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. *BvHsp100-04-43*, *BvHsp100-05-43*, *BvHsp100-24-101*, *BvHsp100-30-53*, *BvHsp100-33-85*, *BvHsp100-34-85*, *BvHsp100-35-85*, *BvHsp100-42-62*, *BvHsp100-80-93* ve *BvHsp100-80-94* genlerine ait proteinlerin IIIb grubunda ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.63). Sonuç olarak, tandem ve segmental duplikasyonlar gösteren genlerin filogenetik ağaçta genellikle aynı grupta ve aynı dalda yer aldığı gözlenmiştir (Şekil 4.63).



Şekil 4. 63 BvHsp100 proteinlerinin filogenetik sınıflandırılması

#### 4.1.6.6 BvHsp100 proteinlerinin korunmuş motiflerinin belirlenmesi

Analiz edilen şeker pancarı Hsp100 proteini için 10 farklı korunmuş motif belirlenmiştir. Pfam veritabanı aracılığıyla motif taraması yapılmıştır. Motif 1,2 ve 3'de AAA (ATPase family associated with various cellular activities) domaini ve motif 5'de AAA\_2 domain (Cdc48 subfamily) belirlenmiştir. Diğer motiflerde spesifik bir açıklama bulunamamıştır. BvHsp proteinlerinde genel olarak motif 1,2 ve 3 bulunmaktadır. Motif 5 içeren BvHsp100-11, 16, 18, 50, 51, 58, 96, 97, 98, 99, 100 proteinlerinin filogenetik ağaçta IIb grubunda olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.64).



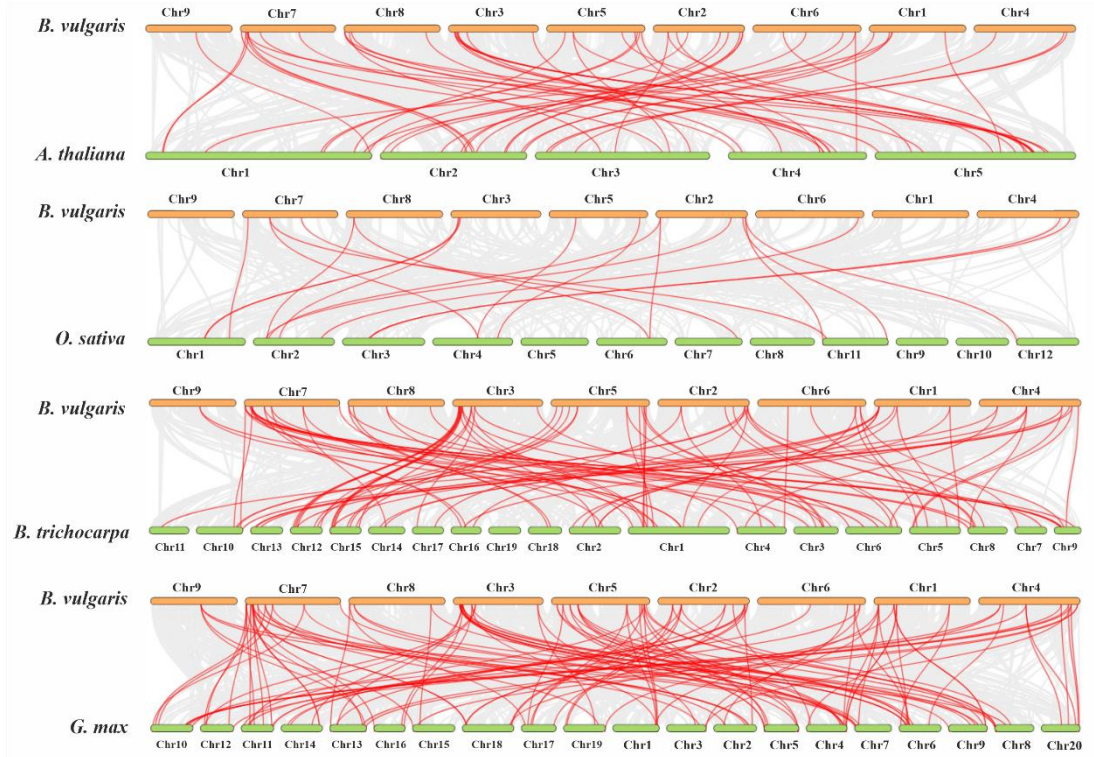
Şekil 4. 64 BvHsp100 proteinlerinin korunmuş motif içerikleri

#### 4.1.6.7 *BvHsp100* genlerinin farklı türlerdeki sinteni analizi ve birbirlerinden ayrılma oranları

Şeker pancarı ile *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasında sintenik ilişkiler belirlenmiştir. Gri çizgiler kromozomlar arasındaki tüm ortolog genleri ve kırmızı çizgiler *BvHsp100* genleri arasındaki ortolog genleri göstermektedir (Şekil 4.65).

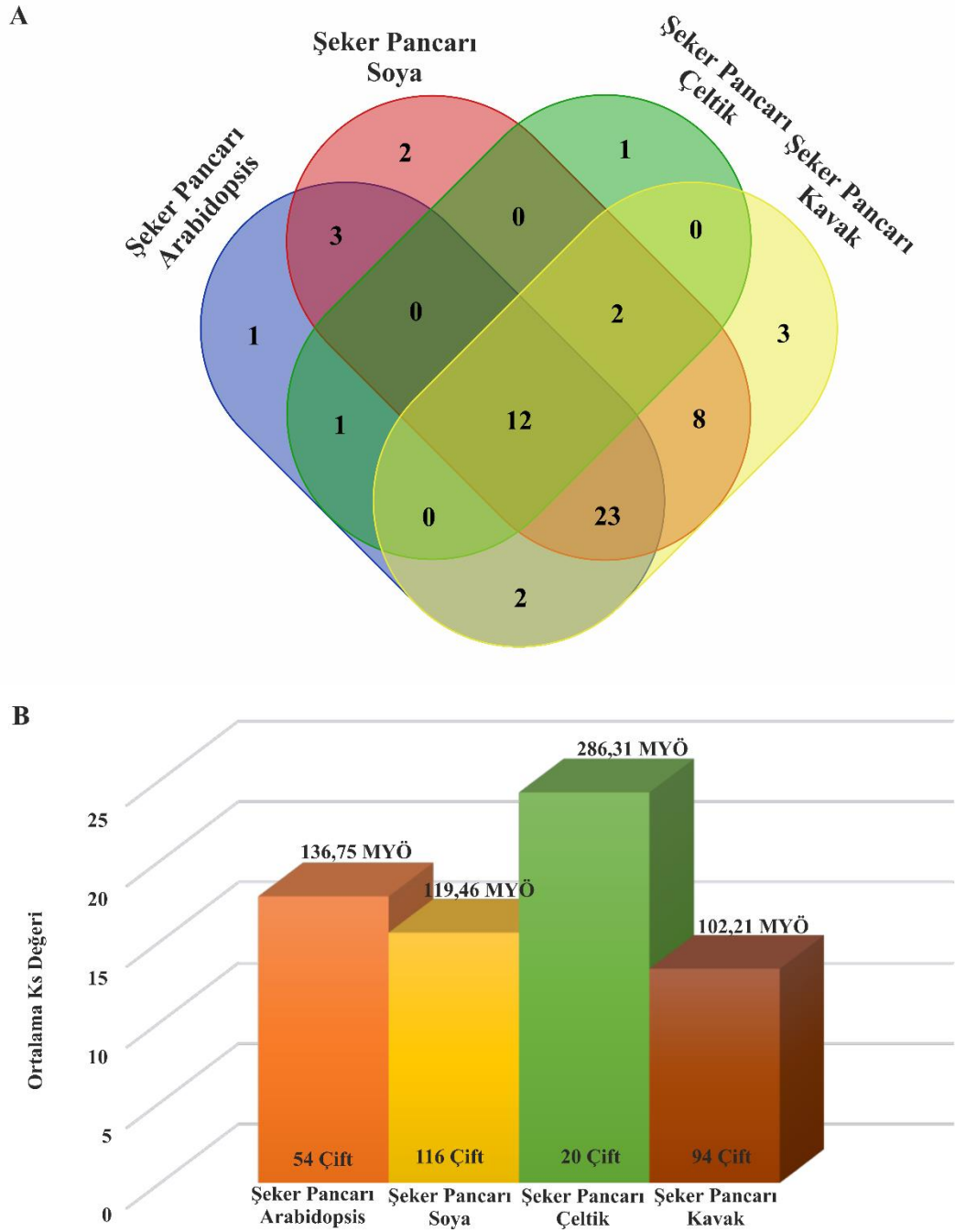
Gri çizgiler kromozomlar arasındaki tüm ortolog genleri ve kırmızı çizgiler *BvHsp100* genleri arasındaki ortolog genleri göstermektedir. En fazla ortolog ilişkisi şeker pancarı ile *G. max* ve *P. trichocarpa* arasında olup, 50 gende olduğu belirlenmiştir ve daha sonra sırasıyla *Arabidopsis* ile 42 ve *O. sativa* ile 16 gende ortolog ilişki gözlenmiştir. İki çenekli şeker pancarı ile iki çenekli bitkilerde (*Arabidopsis*, kavak ve soya) ortolog gen sayısının birbirine yakın olduğu belirlenmiştir. Tek çenekli çeltikte (*Oryza sativa*) en az ortolog gen (16 adet) belirlenmiştir (EK 33).

Şeker pancarı ile diğer türlerde *BvHsp100-11*, *BvHsp100-12*, *BvHsp100-16*, *BvHsp100-54*, *BvHsp100-25*, *BvHsp100-28*, *BvHsp100-29*, *BvHsp100-30*, *BvHsp100-42*, *BvHsp100-58*, *BvHsp100-82* ve *BvHsp100-89* genleri ortak ortolog olarak belirlenmiştir (Şekil 4.66 A) ve bu gen evrimsel süreçte yüksek oranda korunmuş olabilir. Bu sonuçlar *Hsp100* genlerinin evrimini aydınlatmak için değerli olabilir.



Şekil 4. 65 *BvHsp100* genlerinin *Arabidopsis*, kavak, soya ve çeltik arasındaki sinteni analizi

*Arabidopsis* (54 çift), soya (116 çift), çeltik (20 çift) ve kavak (94 çift) *Hsp100* genlerinin ortologları için  $K_a$ ,  $K_s$  ve  $K_a/K_s$  değerleri hesaplanmıştır (Şekil 4.66 B). Şeker pancarı *Hsp100* genlerinin ortologları bulunan *Arabidopsis* genomunda ortalama  $K_a/K_s$  değeri 0,06; soyada 0,04; çeltikte 0,03; kavakta 0,05 olarak bulunmuştur.  $K_s$  değeri kullanılarak yapılan hesaplamada, *BvHsp100* genlerinin *Arabidopsis* bitkisindeki ortolog genler ile en erken ayrılma zamanı 12,32; soya bitkisinde 8,40; çeltikte 12,18 ve kavakta 7,39 Myö olarak bulunmuştur. Sonuç olarak,  $K_a/K_s < 1$  olduğu belirlenmiştir ve şeker pancarı *Hsp100* genlerinin evriminin kuvvetli bir negatif seleksiyona uğradığını göstermektedir (EK 33).

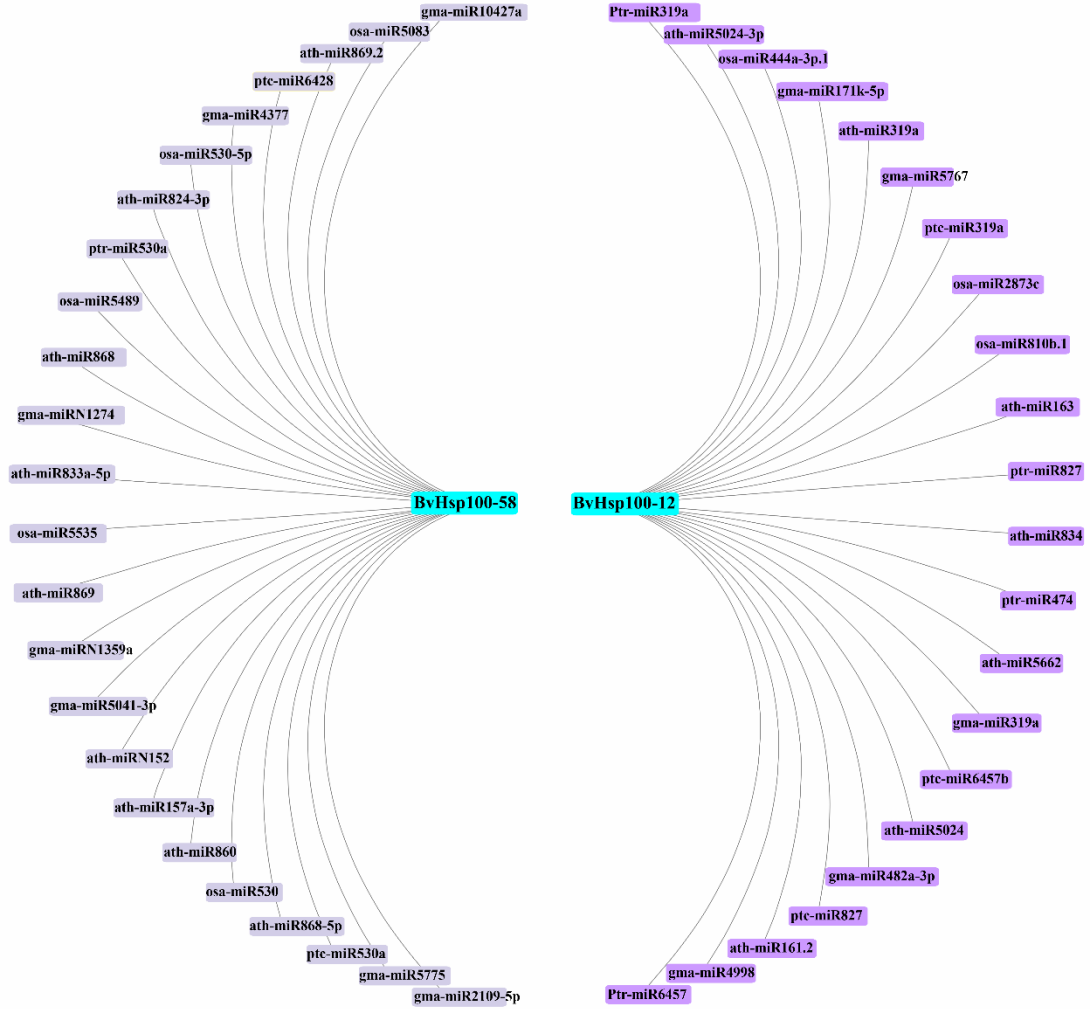


Şekil 4. 66 **A** *BvHsp100* genlerinin çeşitli türler ile ortoglarının venn diyagramı **B** Ortologlarının birbirinden ayrılma oranları

#### 4.1.6.8 *BvHsp100* transkriptlerini hedef alan miRNA'ların tanımlanması

Bu çalışmada, qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp100-012* ve *BvHsp100-58* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar belirlenmiştir. *BvHsp100-012* ve *BvHsp100-58* gen transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların belirlenmesi amacıyla yapılan analizde, *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max* ve *Populus trichocarpa*

bitkilerinin 46 farklı miRNA'sının *BvHsp100-12* ve *BvHsp100-58* gen transkriptlerini hedeflediği belirlenmiştir (Şekil 4. 67) (EK 34).

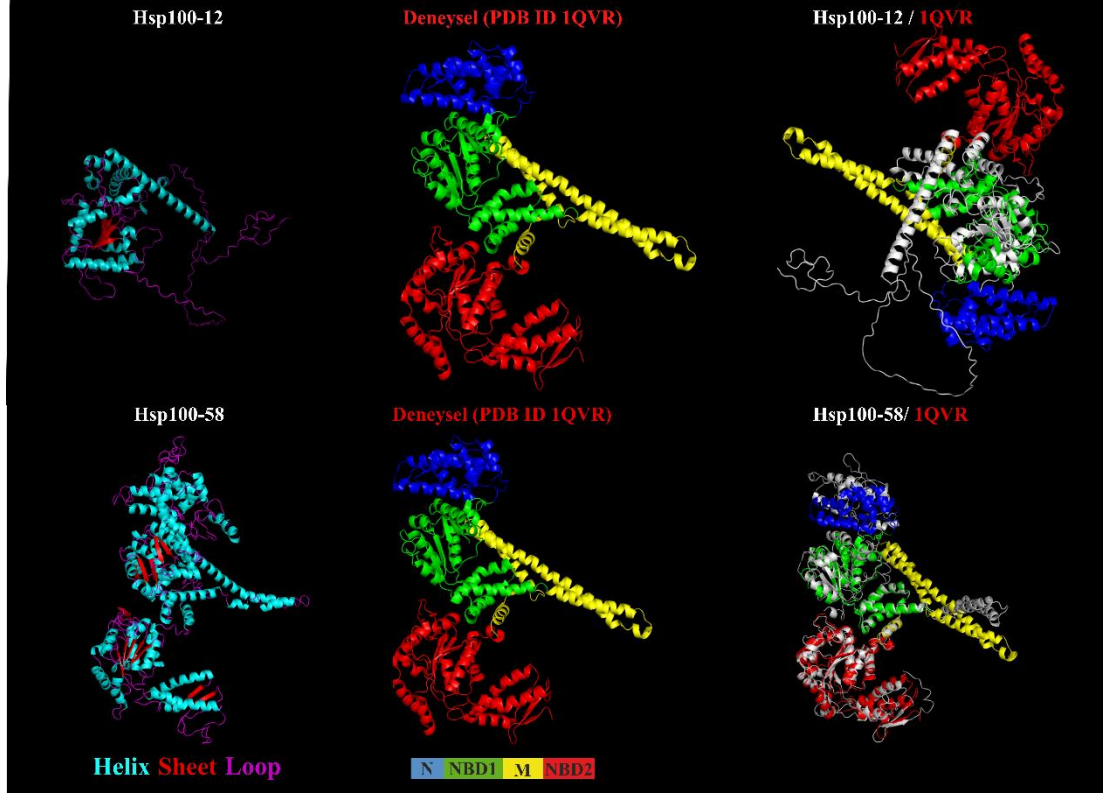


Şekil 4. 67 BvHsp100-12 ve BvHsp100-58 transkriptlerini hedefleyen miRNA görseli

#### 4.1.6.9 BvHsp100 proteinlerinin homoloji modellemesi

qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen BvHsp100-12 ve BvHsp100-58 proteinlerinin homoloji modellemesi yapılmıştır. Hsp100 ClpB sınıfı proteinler, nükleotid bağlanma domainini (NBD1), orta domain (M domain), ikinci nükleotid bağlama domainini (NBD2) ve amino ucu domaininden (N domaini) oluşmaktadır. ClpA, ClpB ve ClpC proteinlerinde yüksek oranda korunmuş homolog nükleotid bağlanma domaini (NBD) ortaktır ve N ve M domainleri değişik gösterebilmektir (Glynn vd., 2009; Saibil, 2013). Deneysel olarak belirlenmiş olan Hsp100 (PDB

ID:1QVR) proteini (S. Lee vd., 2003) ile Hsp100-12 proteinin sadece NBD1 ile benzerlik göstermektedir. Hsp100-58 proteini N, NBD1 ve NBD2 alanları yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir fakat orta domain (M domain) değişiklik göstermiştir (Şekil 4.68).



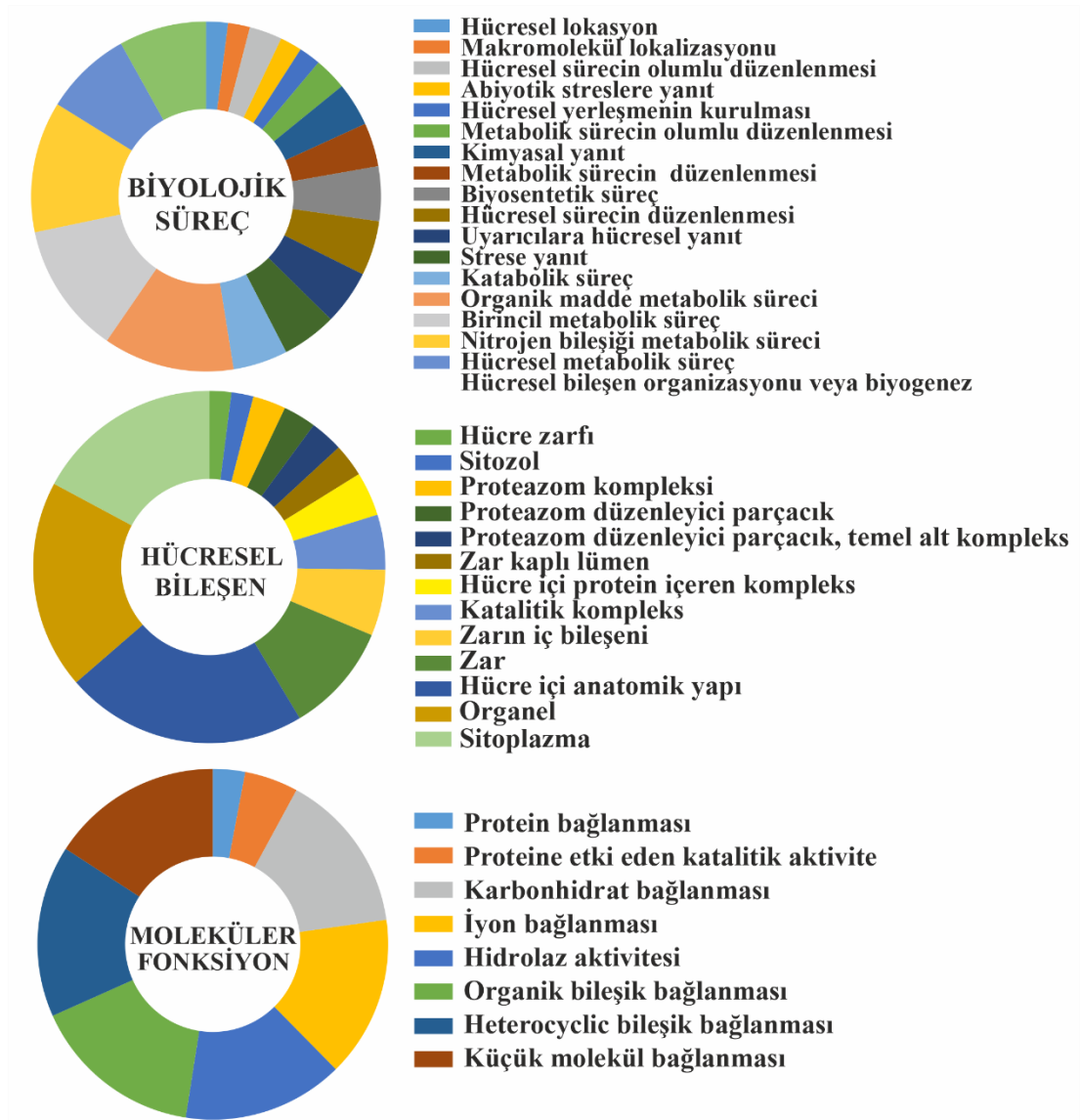
Şekil 4. 68 BvHsp100-12 ve BvHsp100-58 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapısal organizasyonu

#### 4.1.6.10 *BvHsp100* genlerinin ontoloji analizi

OmicsBox programı kullanılarak *Hsp100* genlerinin biyolojik işlevleri, hücresel yerleşimleri ve moleküler fonksiyonları belirlenmiştir. *Hsp100* ailesinin genelinin organik madde metabolik süreçte, birincil metabolik süreçte ve nitrojen bileşiği metabolik süreçte gibi biyolojik süreçlerde rol adıkları, hücre içi anatomik yapı, sitoplazma ve organelde buldukları ve organik bileşik bağlanması, heterocyclic bileşik bağlanması ve küçük molekül bağlanması fonksiyonuna sahip oldukları bulunmuştur (Şekil 4.69).

Genel olarak *Hsp100* genleri “AAA-ATPase, chaperone protein Clp, ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ve ATP-dependent zinc metalloprotease” olarak

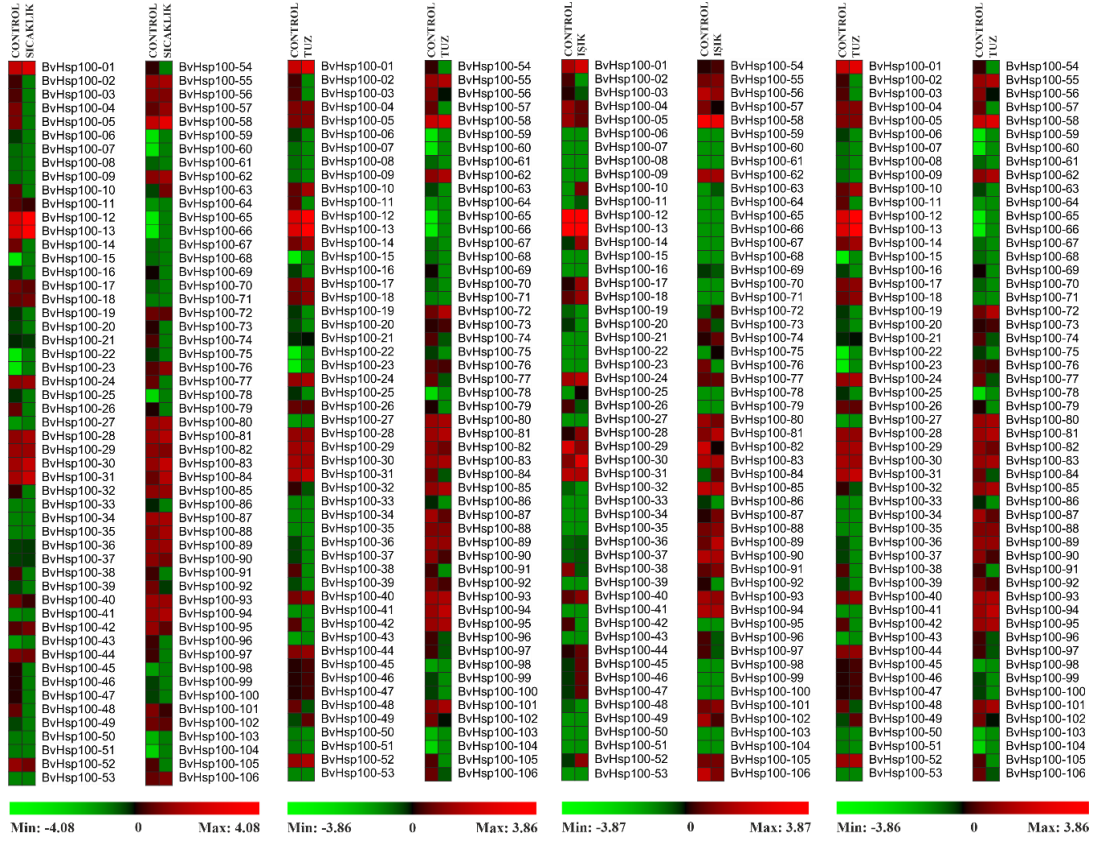
tanımlanmıştır. qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvHsp100-12* ve *BvHsp100-58* genlerinin ontoloji analizi yapılmıştır. *BvHsp100-12* geni “ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH, chloroplastic” ve *BvHsp100-58* geni “ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA homolog CD4B, chloroplastic” olarak tanımlanmıştır. Bunlara ek olarak, *BvHsp100-12* geni ATP bağlama ve ATPaz aktivitesi fonksiyonu olduğu belirlenmiştir. *BvHsp100-58* geninin ATP bağlama, katlanmamış proteine tepki, peptidaz aktivitesi, ATPaz aktivitesi, ısıya tepki ve protein bağlanması fonksiyonu olduğu ve plastitte bulunduğu belirlenmiştir (EK 30).



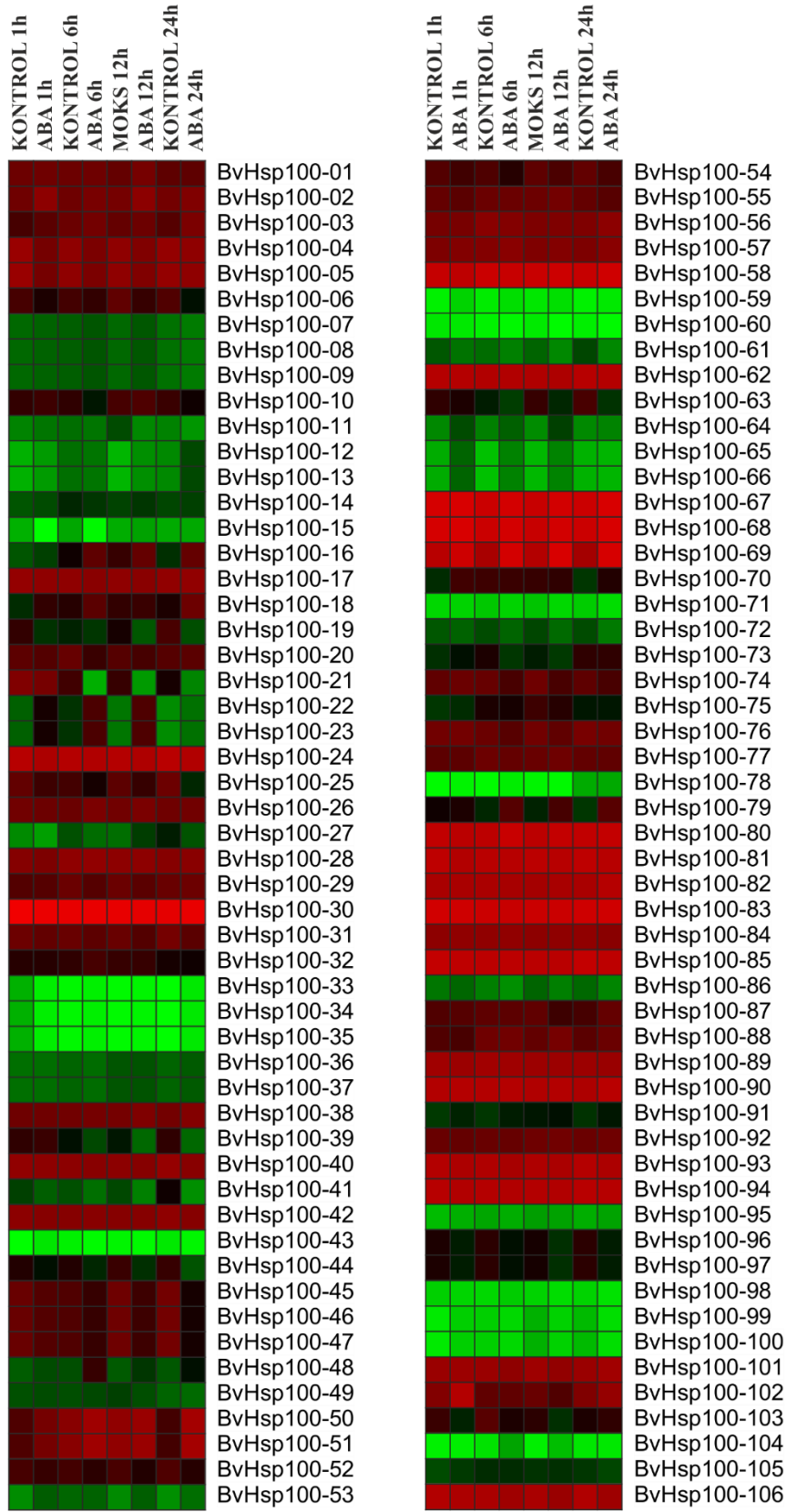
Şekil 4. 69 *BvHsp100* genlerinin fonksiyonel analizleri

#### 4.1.6.11 *BvHsp100* genlerinin transkriptom analizi

NCBI veri tabanından sıcaklık, tuz, ışık ve ABA hormonu uygulamasına ait transkriptom dataları PRJNA516574 (Li vd., 2019), PRJNA254489 (Minoche vd., 2015) ve PRJNA594791 (Xing vd., 2020) erişim numaraları ile elde edilmiştir. CLC Genomics Workbench programı ile RNA-seq analizi yapılmıştır ve *BvHsp100* genlerin RPKM değerleri kullanılarak ısı haritası oluşturulmuştur. Sıcaklık ve tuz stresinde *BvHsp100-15,22,23,65,66* genlerinin ifadesinde artış gözlenmemiştir. ABA stresi uygulanan kök dokusunda *BvHsp100-15* geninin 12 ve 24. saatlerde ve kontrol örneklerinde 0, 6, 12 ve 24. saatlerde ifadesinde artış gözlenmemiştir. Tuz stresi uygulanan yaprak dokusunda *BvHsp100-15,60,104* genlerinin 0. saatte, *BvHsp100-43* geninin 12 ve 24. saatte, *BvHsp100-59,66* genlerinin 12, 24, 48 ve 72. saatte, *BvHsp100-78* geninin 48. saatte ve *BvHsp100-65* geninin 72. saatte ifadesinde artış gözlenmemiştir. Tuz stresi uygulanan kök dokusunda *BvHsp100-15* genlerinin 48. ve 72. saatte, *BvHsp100-33,34,35,59,60* genlerinin 72. saatte ve *BvHsp100-14* geninin 12 ve 24. saatte ifadesinde artış gözlenmemiştir. Diğer tüm genlerin farklı stres ve dokularda ifade edildiği belirlenmiştir. Elde edilen veriler sonucunda *BvHsp100-12* ve *BvHsp100-58* genlerinde yüksek ifade seviyesi gözlenmiştir (Şekil 4.70, Şekil 4.71 ve Şekil 4.72).



Şekil 4. 70 *BvHsp40* genlerinin sıcaklık, tuz ve ışık stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları

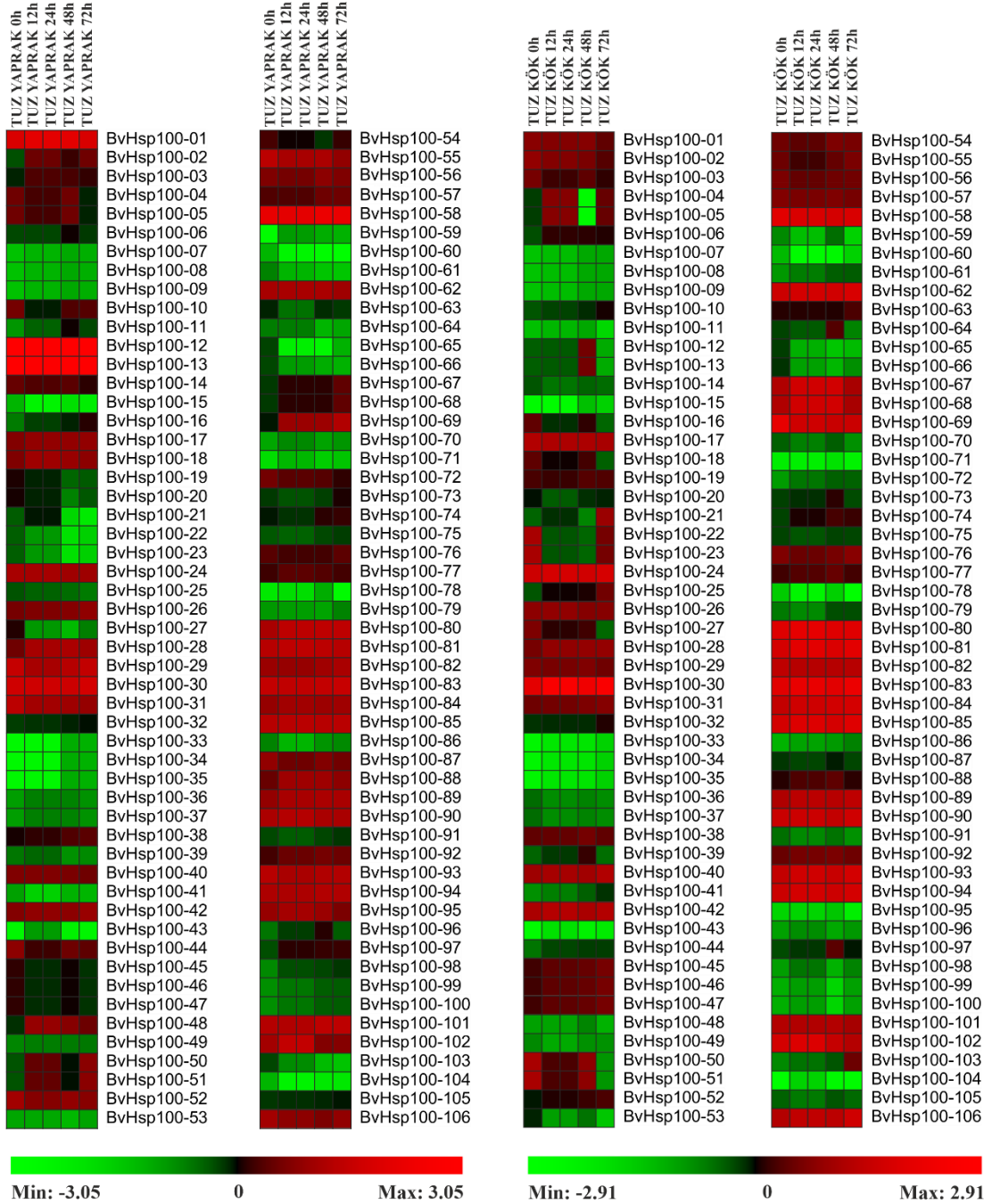


Min: -3.34

0

Max: 3.34

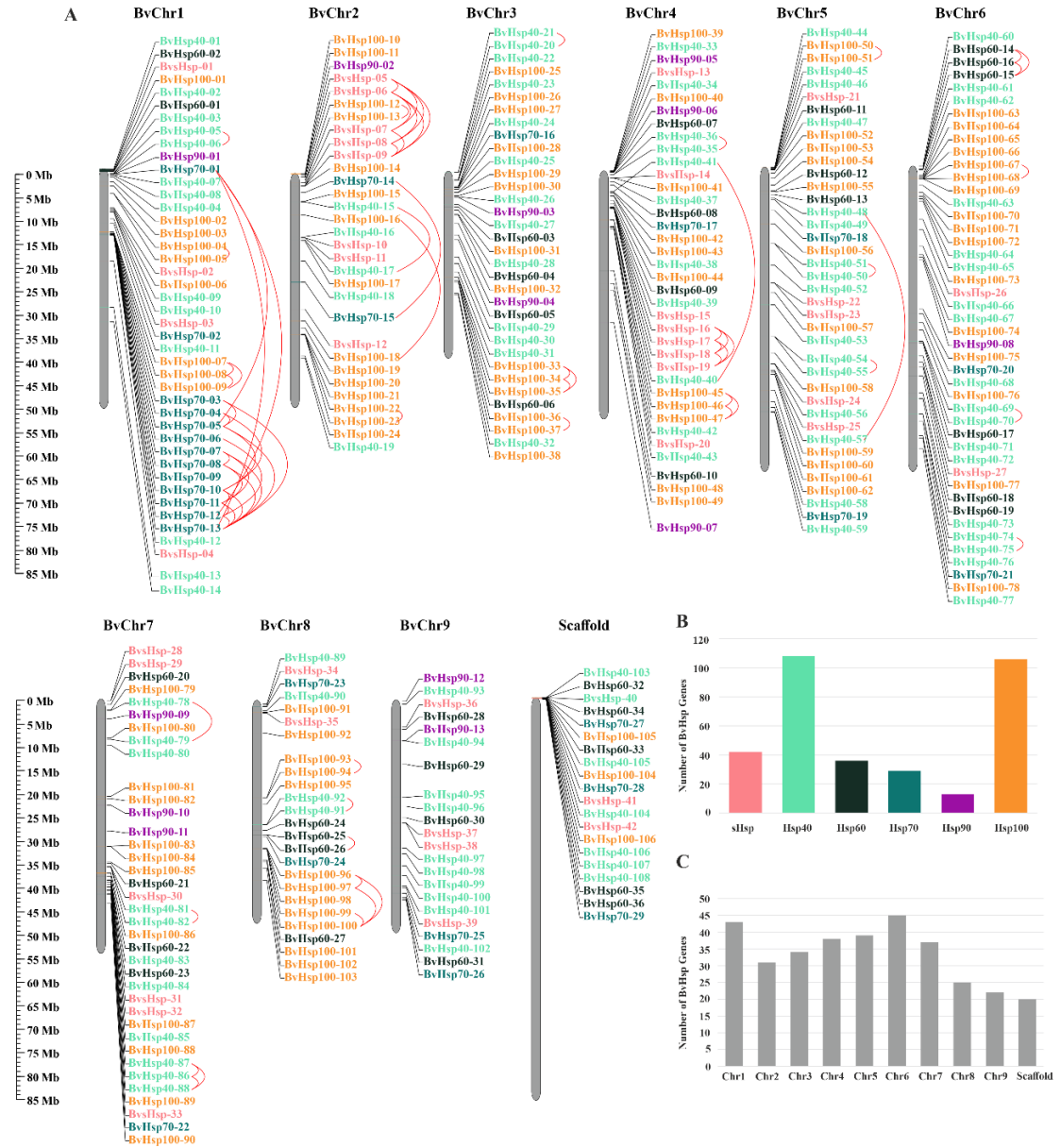
Şekil 4. 71 *BvHsp100* genlerinin ABA stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları



Şekil 4. 72 *BvHsp100* genlerinin yaprak ve kök dokusunda tuz stresi altında ekspresyonlarını gösteren ısı haritaları

#### 4.1.7 *BvHsp* Genlerinin Karşılaştırılması

En fazla *Hsp* geninin kromozom 6 üzerinde olduğu ve en büyük ailenin 108 gen ile *Hsp40* gen ailesi olduğu belirlenmiştir. En fazla tandem duplikasyon olayı, kromozom 1 üzerinde ve en fazla tandem duplikasyonun 21 çift ile *BvHsp70* ve *BvHsp100* genlerinde olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.73).



Şekil 4. 73 **A** *Hsp* genlerinin kromozom üzerindeki dağılımı **B** *Hsp* gruplarının dağılımı **C** *Hsp* genlerinin kromozomal dağılımı

En fazla segmental duplikasyonun 21 çift ile *BvHsp100* genlerinde olduğu belirlenmiştir. En az segmental duplikasyon olayının 4 çift ile *Hsp90* ve 5 çift ile *Hsp60* genlerinde olduğu belirlenmiştir (Şekil 4.74).

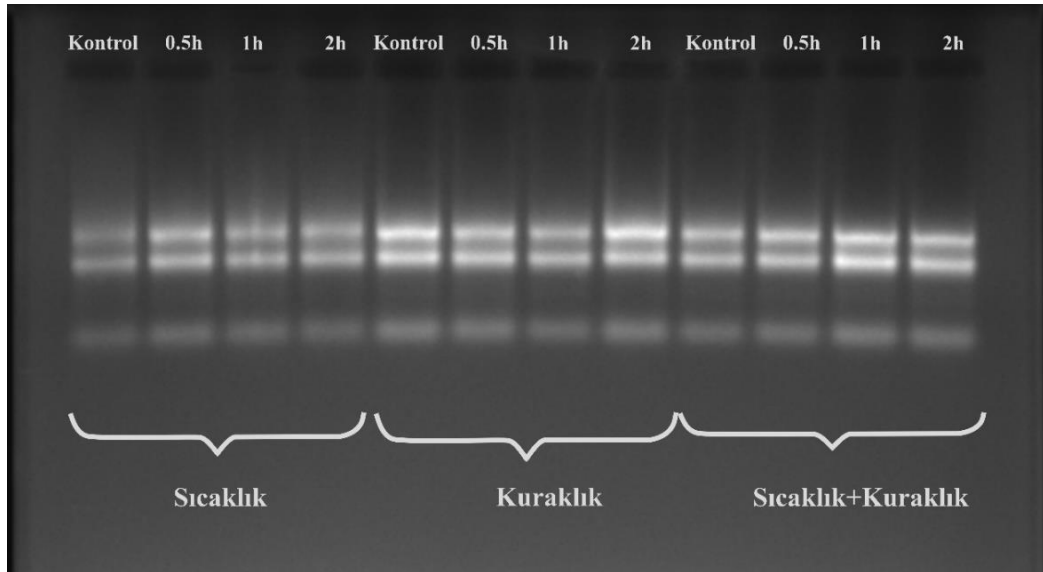




Şekil 4. 75 Ekilen şeker pancarı bitkisinin 4 haftalık ve stres uygulanmış görüntüleri

#### 4.2.2 RNA İzolasyonu

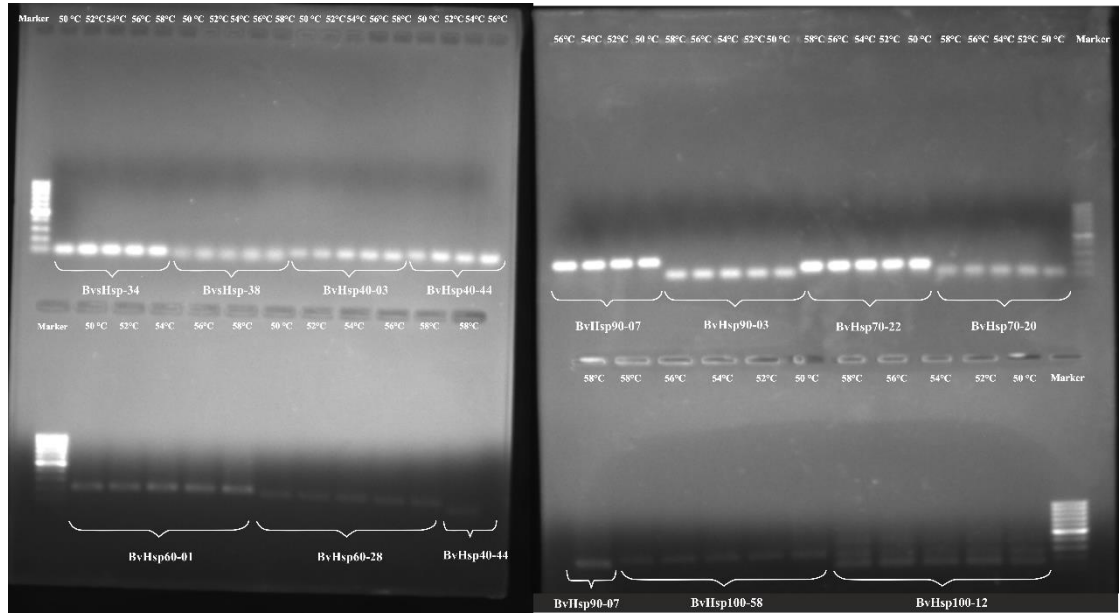
Kuraklığa hassas ve kuraklığa dayanıklı şeker pancarı ıslah materyalleri ile yabani tür pancar bitkisinden yaklaşık 100 mg yaprak örnekleri alınarak RNA izolasyonu yapılmıştır. RNA'nın kalite ve sağlamlığı agaroz jel elektroforezi ve MultiscanGO nano-spektrofotometre (Thermo) cihazları kullanılarak ölçülmüştür (Şekil 4.76).



Şekil 4. 76 Pancar bitkilerinden RNA izolasyonu

### 4.2.3 Hsp Genlerinin Bağlanma Sıcaklıklarının Belirlenmesi

Şeker pancarı ve yabancı pancar yaprak örneklerinden elde edilen 200 ng RNA örneği kullanılarak cDNA sentezi yapılmıştır. Primerlerin bağlanma sıcaklıkları (T<sub>m</sub>) gradiyent PZR yapılarak belirlenmiştir. Seçilen 12 adet *Hsp* geni (*BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-01*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07*, *BvHsp100-12* ve *BvHsp100-58*) için 58°C T<sub>m</sub> olarak belirlenmiştir (Şekil 4.77).



Şekil 4. 77 *BvHsp* genlerinin bağlanma sıcaklıkları

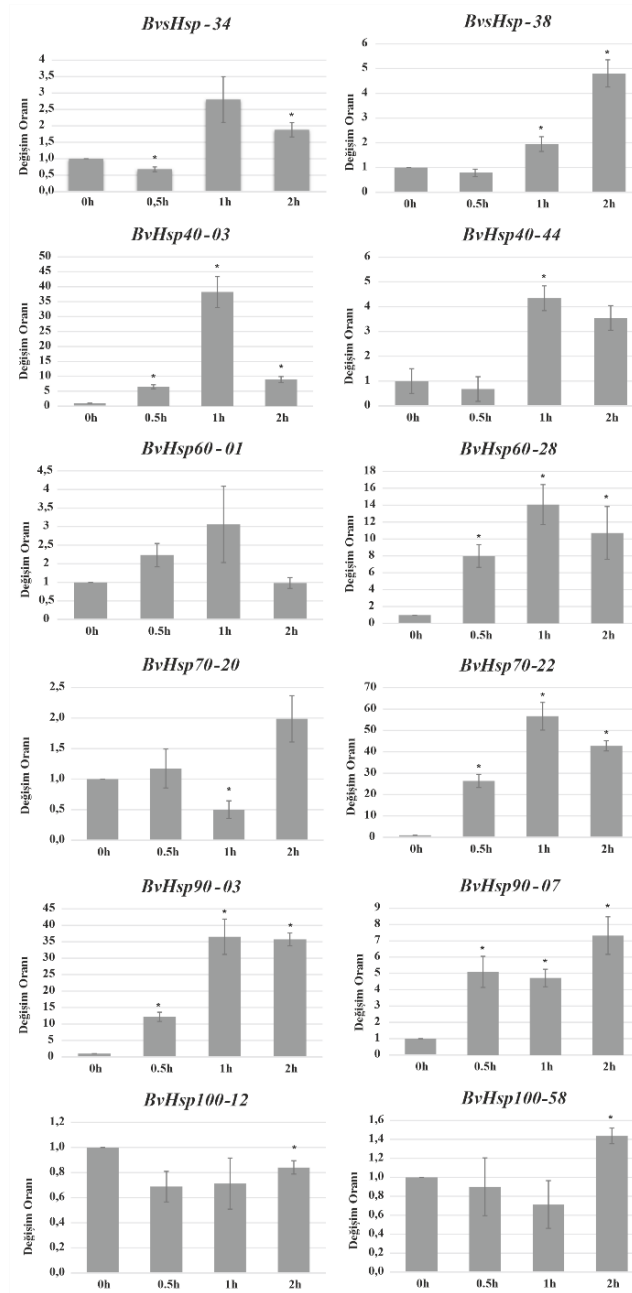
### 4.2.4 Şeker Pancarı ve Yabancı Pancar *Hsp* Genlerinin İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

#### 4.2.4.1 Şeker pancarı bitkisinin kuraklığa dayanıklı genotipinde *Hsp* genlerinin ifade seviyelerinin belirlenmesi

Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyeleri belirlenmiştir. Yaprak örnekleri 0; 0,5; 1 ve 2. saatlerde alınmıştır ve 0. saat kontrol olarak kullanılmıştır. Sıcaklık, tuz, ışık, yaprak ve kök tuz stresi transkriptom profilleri dikkate alınarak tüm stres şartları altında ifadesi artan *BvHsp* genlerinin (*BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-01*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07*,

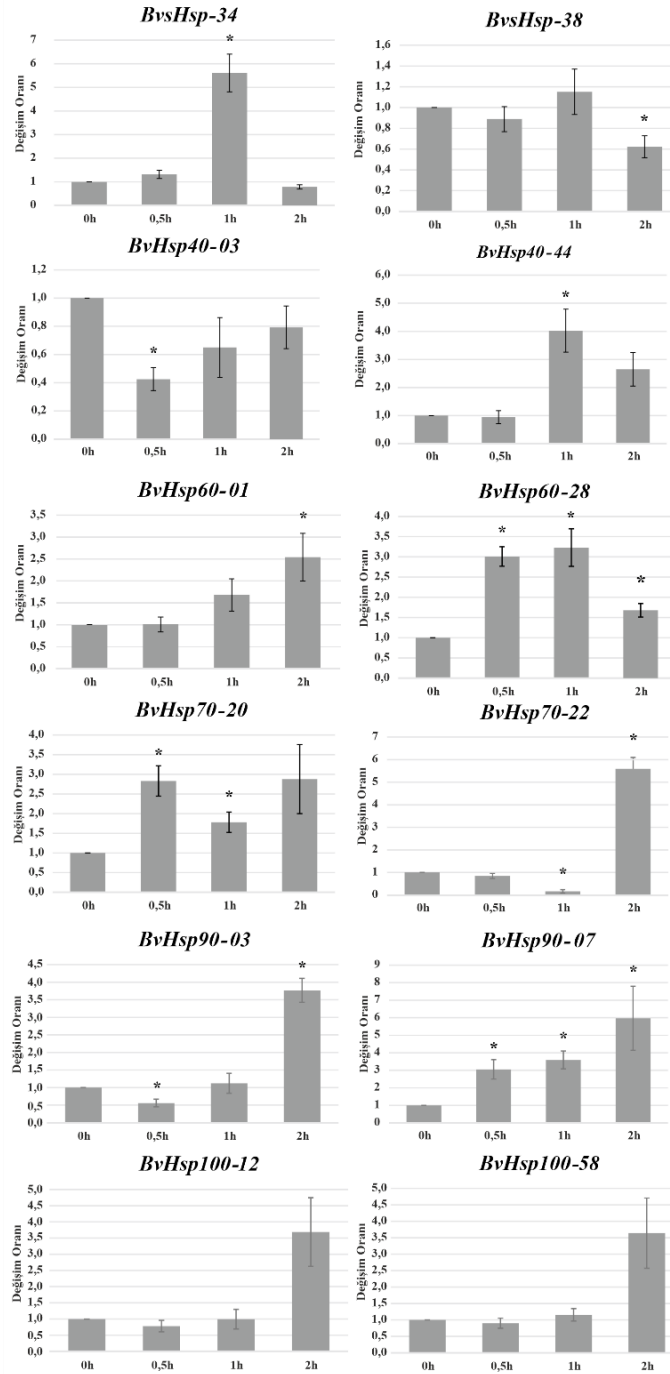
*BvHsp100-12*, *BvHsp100-58*) ifade seviyeleri, qRT-PZR ile belirlenmiştir. Ek olarak bu genlerin erime eğri analizleri yapılarak grafikleri de çizilmiştir (EK 35).

Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin sıcaklık stresi altında *BvsHsp-38* geni kontrole göre 1 ve 2. saatte, *BvHsp40-44* geni 1. saatte ve *BvHsp90-07* geni 0,5;1;2 saatlerde artış göstermiştir. *BvHsp60-28* geninde artış 1. saatte maksimuma ulaşmıştır. En belirgin artış ise *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinde gözlenmiştir (Şekil 4.78).



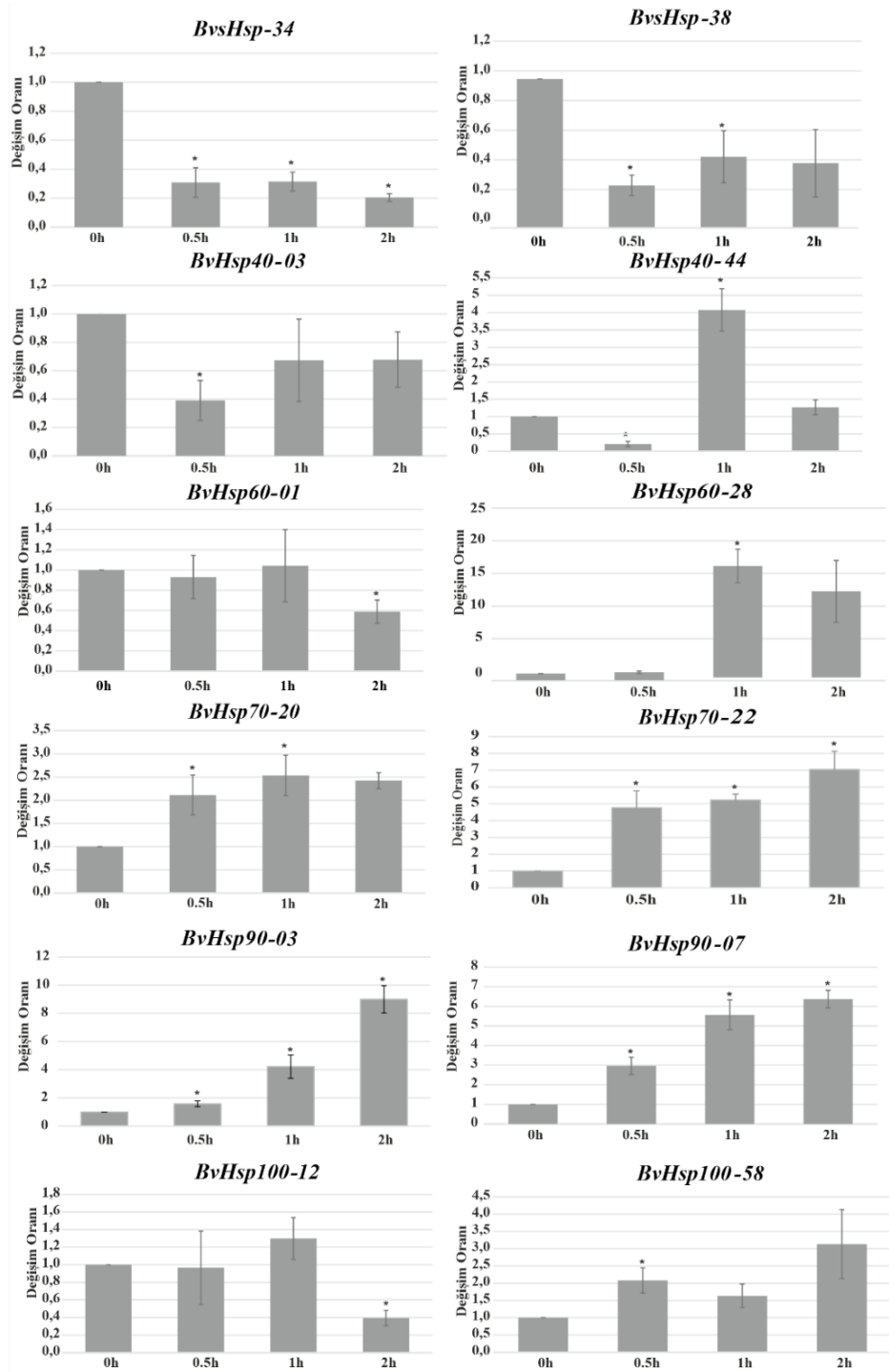
Şekil 4. 78 Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin sıcaklık stresi altında gen ifade seviyesi (“\*” p- değeri < 0,05 ifade etmektedir)

Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin kuraklık stresi altında *BvHsp60-01*, *BvHsp90-03* ve *BvHsp70-22* genleri kontrole göre 2. saatte, *BvHsp40-44* geni 1. saatte ve *BvHsp60-28* geni 0,5; 1; 2 saatlerde artış göstermiştir. *BvsHsp-34* ve *BvHsp40-44* genleri de artış göstermiş ve 1. saatte maksimuma ulaşmıştır. *BvHsp90-07* geninde ise en belirgin artış belirlenmiştir (Şekil 4.79).



Şekil 4. 79 Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi (“\*”) p- değeri < 0,05 ifade etmektedir)

Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında *BvHsp40-44* ve *BvHsp60-28* genleri kontrole göre 1. saatte, *BvHsp70-20* geni 0,5 ve 1. saatte artış göstermiştir. *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* genlerinde de belirgin bir artış gözlenmiştir (Şekil 4.80).



Şekil 4. 80 Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinin sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyesi (“\*”) p- değeri < 0,05 ifade etmektedir)

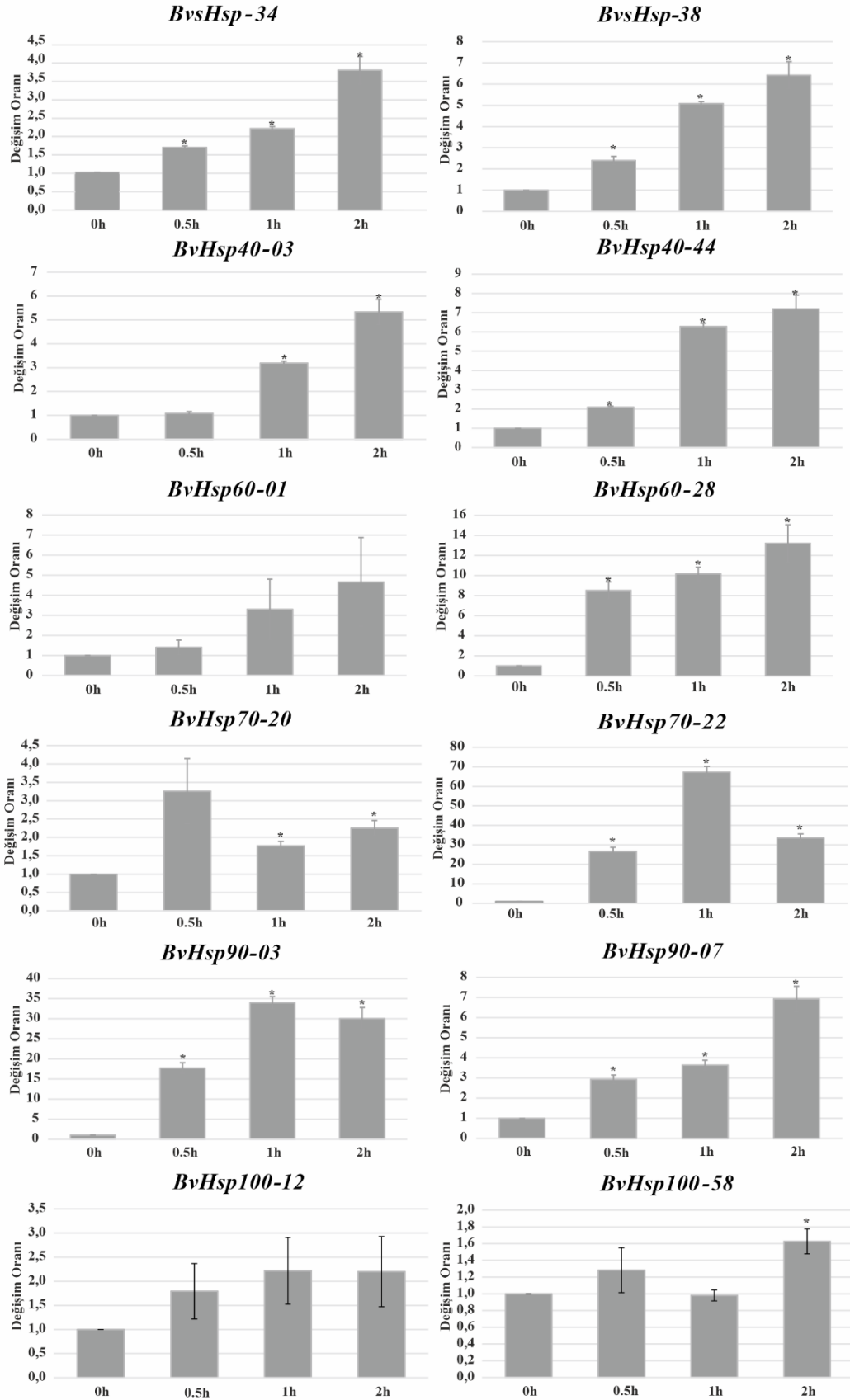
#### 4.2.4.2 Şeker pancarı bitkisinin kuraklığa hassas genotipinde *Hsp* genlerinin ifade seviyelerinin belirlenmesi

Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyeleri belirlenmiştir. Yaprak örnekleri 0; 0,5; 1 ve 2. saatlerde alınmıştır ve 0. saat kontrol olarak kullanılmıştır. Transkriptom profilleri dikkate alınarak seçilen *BvHsp* genlerinin (*BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-01*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07*, *BvHsp100-12*, *BvHsp100-58*) ifade seviyeleri qRT-PZR ile belirlenmiştir.

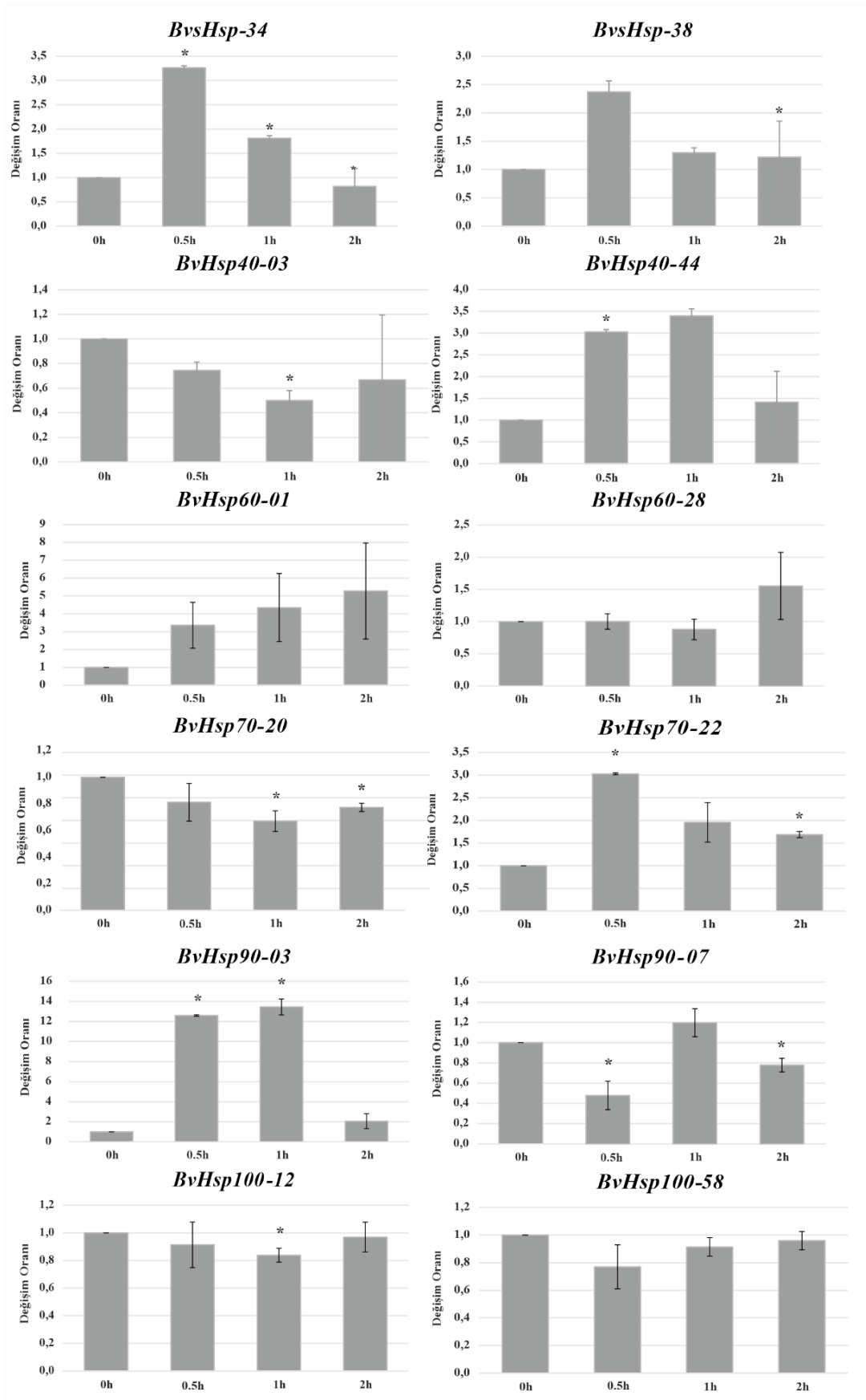
Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin sıcaklık stresi altında *BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-28* ve *BvHsp90-07* genlerinin ifadesinde artış belirlenmiştir. *BvHsp90-03* ve *BvHsp70-22* genlerinde belirgin bir artış göze çarpmaktadır (Şekil 4.81).

Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin kuraklık stresi altında *BvsHsp-34*, *BvHsp40-44* ve *BvHsp70-22* genlerinin 0,5. saatte ifadesinde artış gözlenmiştir. *BvHsp90-03* genlerinin 0,5 ve 1. saatte ifadesinde belirgin bir artış sergilenmiştir (Şekil 4.82).

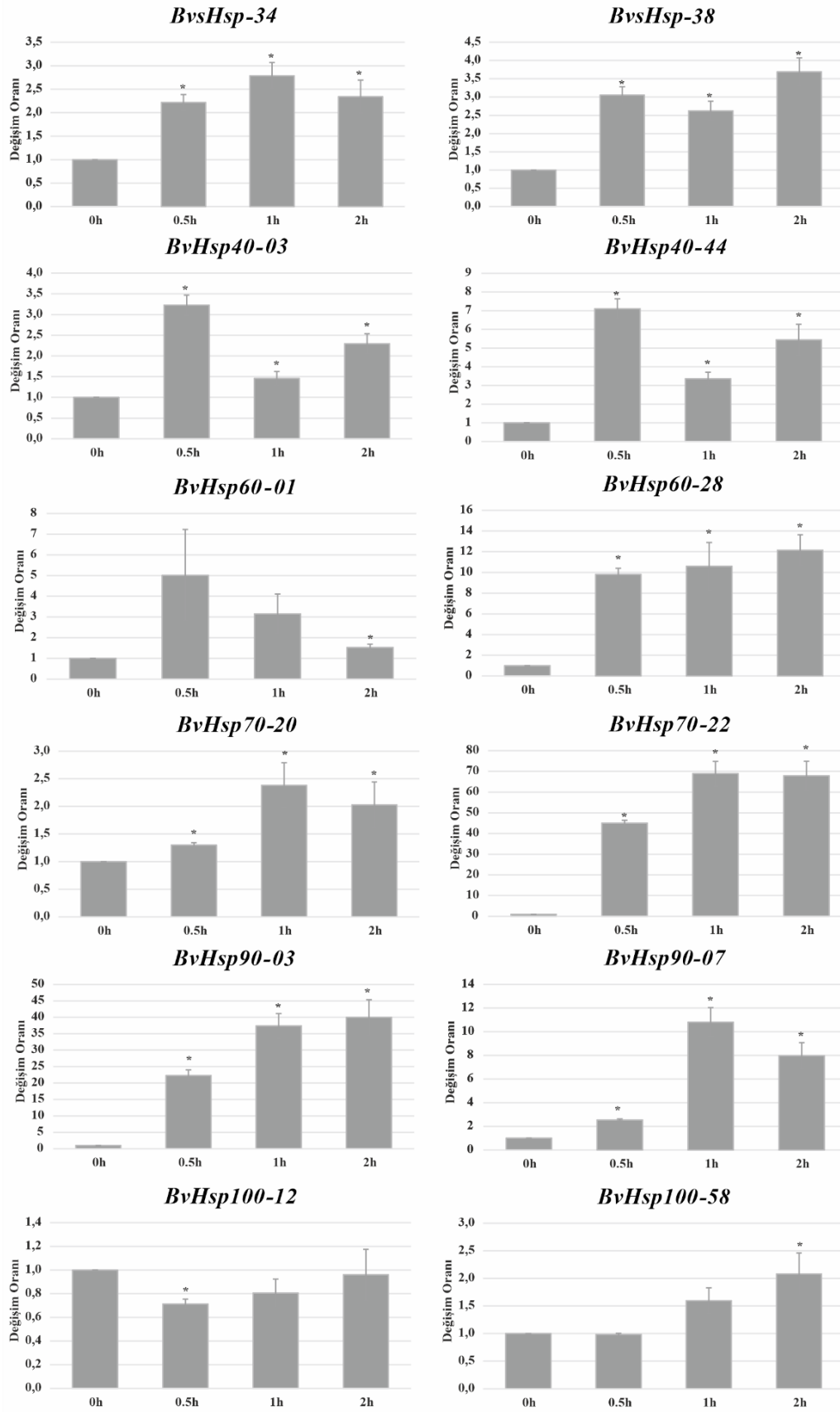
Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında *BvHsp40-44*, *BvHsp60-28* ve *BvHsp90-07* genlerinin ifadesinde artış belirlenmiştir. *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinin ifadesinde ise en belirgin artış görülmektedir (Şekil 4.83).



Şekil 4. 81 Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin sıcaklık stresi altında gen ifade seviyesi (“\*”) p- değeri < 0,05 ifade etmektedir



Şekil 4. 82 Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi (“\*”) p- değeri < 0,05 ifade etmektedir



Şekil 4. 83 Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinin sıcaklık-kuraklık kombine stres altında gen ifade seviyesi (“\*”) p- değeri < 0,05 ifade etmektedir)

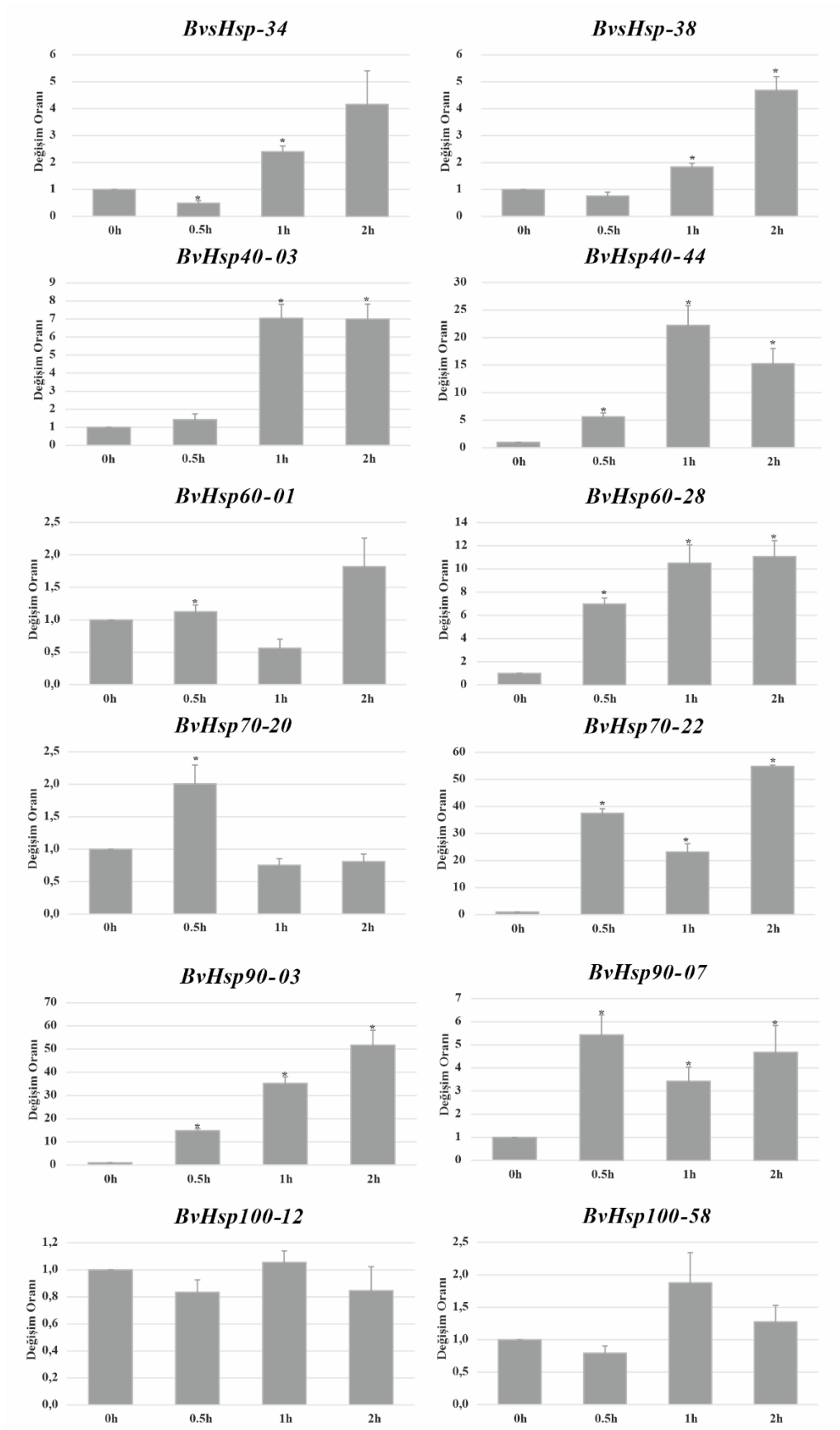
#### 4.2.4.3 Yabani pancar türünde *Hsp* genlerinin ifade seviyelerinin belirlenmesi

Yabani pancar türünün (*Beta maritima*) sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyeleri belirlenmiştir. Yaprak örnekleri 0, 0.5, 1 ve 2. saatlerde alınmıştır ve 0. saat kontrol olarak kullanılmıştır. Transkriptom profilleri dikkate alınarak seçilen *BvHsp* genlerinin (*BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-01*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07*, *BvHsp100-12*, *BvHsp100-58*) ifade seviyeleri qRT-PZR ile belirlenmiştir.

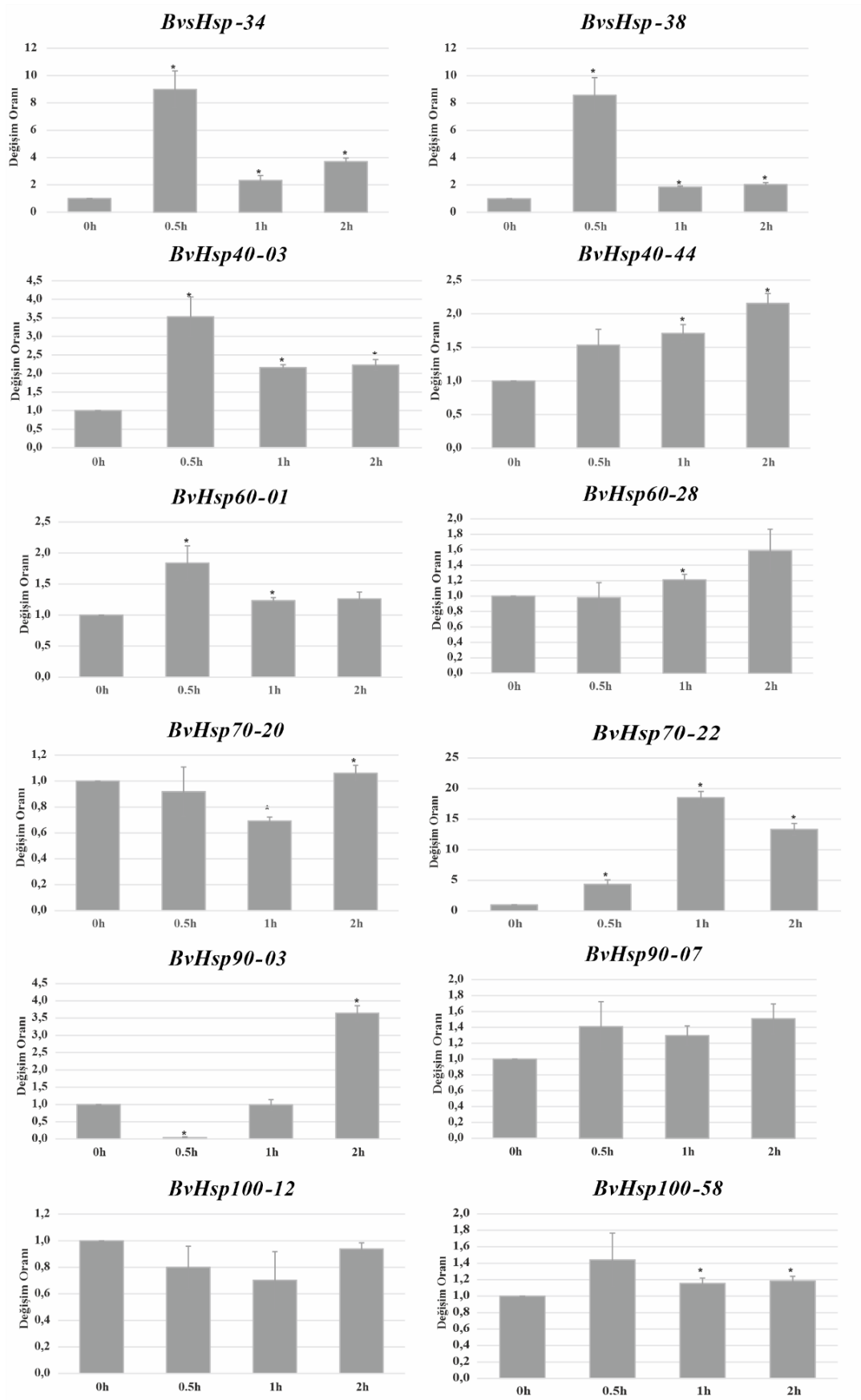
Yabani pancar türünün sıcaklık stresi altında *BvHsp-38*, *BvHsp40-03* genlerinin 1 ve 2. saatte ifadesinde artış gözlenmiştir. *BvHsp70-20* geninin 0,5. saatte ifadesinde artış belirlenmiştir. *BvHsp60-28*, *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinde en belirgin artış görülmektedir (Şekil 4.84).

Yabani pancar türünün kuraklık stresi altında *BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp60-01* genlerinin ifadesinde 0,5. saatte artış gözlenmiştir. *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinde belirgin artış sergilenmektedir (Şekil 4.85).

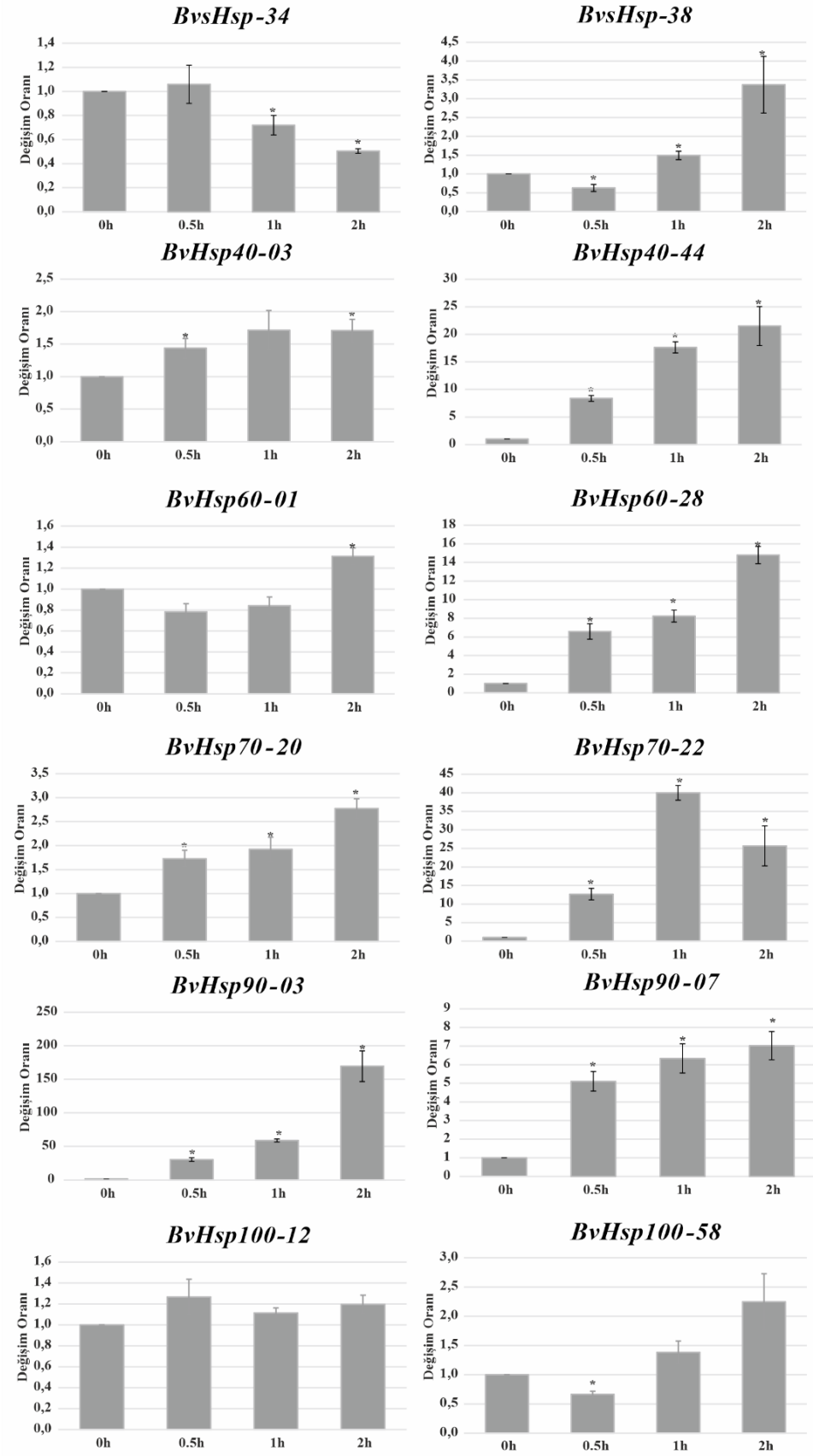
Yabani pancar türünün sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında *BvsHsp-38*, *BvHsp70-20* ve *BvHsp90-07* genlerinin ifadesinde artış belirlenmiştir. *BvHsp40-44*, *BvHsp60-28* ve *BvHsp70-22* geninin ifadesinde belirgin bir artış gözlenmiştir. *BvHsp90-03* geni en belirgin artışı sergilemiştir (Şekil 4.86).



Şekil 4. 84 Yabani pancar türünün sıcaklık stresi altında gen ifade seviyesi (“\*” p- değeri <0,05 ifade etmektedir)



Şekil 4. 85 Yabancı pancar türünün kuraklık stresi altında gen ifade seviyesi (“\*” p- değeri < 0,05 ifade etmektedir)



Şekil 4. 86 Yabani pancar türünün sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında gen ifade seviyesi (\*\*\*) p- değeri < 0,05 ifade etmektedir)

## 5. SONUÇ VE TARTIŞMA

Bu tez çalışmasında şeker pancarında kodlanan 42 adet *sHsp*, 108 adet *Hsp40*, 36 adet *Hsp60*, 29 adet *Hsp70*, 13 adet *Hsp90* ve 106 adet *Hsp100* geni belirlenmiştir. Şeker pancarı genomunda saptanan 334 *Hsp* geninin 20'si scaffold seviyesindedir.

Daha önce yapılan çalışmalarda, *Arabidopsis thaliana* bitkisinin genomunda 19 adet *sHsp* (Scharf vd., 2001), 89 adet *Hsp40* (Miernyk, 2001), 29 adet *Hsp60* (Hill ve Hemmingsen, 2001), 14 adet *Hsp70* (Lin vd., 2001; Sung vd., 2001), 7 adet *Hsp90* (Krishna ve Gloor, 2001), 8 adet *Hsp100* (Agarwal vd., 2001) geni belirlenmiştir.

*Oryza sativa* (çeltik) bitkisi ile yapılan çalışmada, 23 adet *sHsp* (Sarkar vd., 2009), 104 adet *Hsp40* (Sarkar vd., 2013), 3 adet *Hsp60* (Yongfei Wang vd., 2014), 29 adet *Hsp70* (W. Hu vd., 2009), 9 adet *Hsp90* (W. Hu vd., 2009) ve 10 adet *Hsp100* (W. Hu vd., 2009) protein ailesi belirlenmiştir. Bunlara ek olarak, Yongfei Wang vd. (2014)'nin yapmış olduğu çalışmada *Oryza sativa* bitkisinde 12 adet *sHsp*, 6 adet *Hsp70*, 3 adet *Hsp90* ve 3 adet *Hsp100* geni belirlenmiştir.

*Glycine max* (soya) bitkisi ile yapılan çalışmada, 51 adet *sHsp* (Lopes-Caitar vd., 2013), 61 adet *Hsp70* (Zhang vd., 2015), 12 adet *Hsp90* (J. Xu vd., 2013) geni belirlenmiştir.

Yer vd. (2018)'nin yapmış olduğu çalışmada, *Populus trichocarpa* (kavak) genomunda 60 adet *sHsp*, 145 adet *Hsp40*, 49 adet *Hsp60*, 34 adet *Hsp70*, 12 adet *Hsp90* ve 90 adet *Hsp100* geni belirlenmiştir.

*Hordeum vulgare* (arpa) bitkisi ile yapılan çalışmada, 17 adet *Hsp70*, 6 adet *Hsp90* ve 8 adet *Hsp100* geni belirlenmiştir (Chaudhary vd., 2019).

*Triticum aestivum* (ekmeklik buğday) bitkisi ile yapılan çalışmada, 169 adet *sHsp*, 273 adet *Hsp40*, 95 adet *Hsp60*, 114 adet *Hsp70*, 18 adet *Hsp90* ve 84 adet *Hsp100* geni belirlenmiştir (Kumar vd., 2020).

*Lactuca sativa* L. (Marul) bitkisi ile yapılan çalışmada, 32 adet *sHsp*, 22 adet *Hsp60*, 64 adet *Hsp70*, 7 adet *Hsp90* ve 7 adet *Hsp100* geni belirlenmiştir (Kim vd., 2021).

Tablo 5. 1 Farklı bitki türlerindeki *Hsp* genlerinin sayısı

Bitki	Genom Büyüklüğü	<i>sHsp</i>	<i>Hsp40</i>	<i>Hsp60</i>	<i>Hsp70</i>	<i>Hsp90</i>	<i>Hsp100</i>
Şeker Pancarı	714-758 Mb (2n=18)	42	108	36	29	13	106
<i>Arabidopsis</i>	135 Mb (2n=10)	19	89	29	14	7	8
Soya	1,1-1,15 Gb (2n=20)	51	-	-	61	12	-
Kavak	~500 Mb (2n=38)	60	145	49	34	12	90
Ekmeklik Buğday	~17 GB (6n=42)	169	273	95	114	18	84

Şeker pancarı *Hsp* gen sayıları *Arabidopsis*, soya, kavak ve ekmeklik buğday gibi diğer bitkilere göre farklılık göstermiştir (Tablo 5.1). Bunun nedeni bitkilerin genom büyüklüğü ve ploidi olabilir. En fazla genin 108 adet ile *Hsp40*'da ve en fazla *Hsp* geninin 45 adet ile kromozom 6 üzerinde olduğu belirlenmiştir. Genel olarak *BvHsp* genlerinin kromozomlara eşit bir şekilde dağılmadığı gözlenmiştir. Kavakta ve ekmeklik buğdayda yapılan çalışmada en fazla genin *Hsp40* ailesinde olduğu ve kromozomlara eşit bir şekilde dağılmadığı rapor edilmiştir (Kumar vd., 2020; Yer vd., 2018).

Tandem duplikasyon olayı genlerin çeşitlenmesinde ve sayısının artmasında oldukça önemlidir. Tandem duplikasyon gösteren genler aynı işlevi yerine getirebilir veya yeni işleve sahip bir gene evrimleşebilir. En fazla tandem duplikasyon olayı kromozom 1 üzerinde ve en fazla tandem duplikasyonun 21 çift ile *BvHsp70* ve *BvHsp100* genlerinde olduğu belirlenmiştir. Bu sonuç *BvHsp70* ve *BvHsp100* ailesinin genişlemesi için oldukça önemlidir. Kromozom 9 üzerinde ve *BvHsp90* genlerinde tandem duplikasyon olayı gözlenmemiştir. En az tandem duplikasyon 4 çift ile *BvHsp60* genlerinde belirlenmiştir. Bu sonuç *BvHsp90* ve *BvHsp60* genlerinin güçlü bir seleksiyona uğradığını göstermektedir. Kavakta *Hsp90* genlerinde 1 adet tandem duplikasyon (Yer vd., 2018) ve ekmeklik buğdayda *Hsp90* genlerinde tandem duplikasyon (Kumar vd., 2020) olayı belirlenmediği rapor edilmiştir. 21 çift tandem

duplikasyon gösteren *Hsp100* genlerinden 2 çiftinin ve 16 çift tandem duplikasyon gösteren *Hsp40* genlerinden 3 çiftinin  $Ka/Ks > 1$  olduğu yani pozitif seleksiyona uğramış olduğu düşünülebilir. Diğer 72 çift tandem duplikasyonun  $Ka/Ks < 1$  olduğu belirlenmiştir yani bu genler negatif seleksiyona uğramış olabilir. Sonuç olarak tandem duplikasyon gösteren genler bitki evriminde ve fonksiyonunun korunmasında önemli olabilir.

En fazla segmental duplikasyonun 21 çift ile *BvHsp100* genlerinde olduğu belirlenmiştir. Bu sonuç *BvHsp100* ailesinin genişlemesi için oldukça önemlidir. En az segmental duplikasyon olayının 4 çift ile *Hsp90* ve 5 çift ile *Hsp60* genlerinde olduğu belirlenmiştir. Bu sonuç *BvHsp90* ve *BvHsp60* genlerinin güçlü bir seleksiyona uğradığı fikrini vermektedir.

*BvHsp* proteinlerinin peptid dizisi uzunluklarının 90 amino asit (*BvHsp60-29*, *BvHsp60-30*, *BvHsp60-35*) ile 5437 amino asit (*BvHsp100-86*) arasında, moleküler ağırlıklarının ise 9,7 kDa (*BvHsp60-35*) ile 617,35,82 kDa (*BvHsp100-86*) arasında olduğu belirlenmiştir. Ekmeklik buğdayda yapılan çalışmada tüm *Hsp* ailesinin peptid dizisi uzunluklarının 109 ve 1801 amino asit arasında olduğu belirlenmiştir (Kumar vd., 2020). Kavakta yapılan çalışmada tüm *Hsp* ailesinin peptid dizisi uzunluklarının 53 ve 5410 amino asit arasında olduğu belirlenmiştir (Yer vd., 2018).

Bir genin yapısı, genin kodlama potansiyelini belirler ve benzer yapıya sahip genler muhtemelen ortak bir atadan evrimleşmiş olabilir. İntronlar gen ekspresyonunun düzenlenmesinde ve protein çeşitliliğini artırmada önemli hayati yapılardır (Greenberg ve Soreq, 2013; Jo ve Choi, 2015). *BvHsp* aileleri intron sayısı ve ekzon sayısı açısından farklılık göstermiştir. *sHsp* ailesinden 14 genin, *Hsp40* ailesinden 16 genin, *Hsp60* ailesinden 3 genin, *Hsp70* ailesinden 4 genin, *Hsp90* ailesinden 3 genin, *Hsp100* ailesinden 7 genin intron içermediği belirlenmiştir. Benzer sonuçlar kavakta yapılan çalışmada bulunmuş olup en fazla intron içermeyen ailenin 19 adet gen ile *Hsp40* olduğu belirlenmiştir. *Hsp90* ve *Hsp100* ailesinde intron içermeyen gen belirlenmemiştir (Yer vd., 2018). Aynı zamanda *BvHsp100-86* geninin 75 adet ile en fazla intron içeren gen olduğu belirlenmiştir. Kavakta yapılan çalışmada *Hsp40* ve *Hsp100* genlerinin fazla sayıda intron bölgesi içerdiği gözlenmiştir (Yer vd., 2018).

Ekmeklik buğdayda yapılan çalışmada, en fazla intronsuz genin sHsp ailesinde olduğu ve bunu Hsp40 ailesinin takip ettiği raporlanmıştır (Kumar vd., 2020). İntronsuz genler retrotranspozon mekanizmasını kullanarak revers transtriptaz enzimi ile RNA'dan DNA'ya sentezlenmiş genler olabilir (Yi Wang, 2017) ya da genomik delesyon mekanizması ile intron bölgelerinin kaybolması kaynaklı olabilir (Deshmukh vd., 2016).

BvsHsp, BvHsp40, BvHsp60, BvHsp90 ve BvHsp100 proteinlerinin evrimsel ilişkilerini anlamak için ayrıntılı filogenetik analiz yapılmıştır. BvsHsp proteinleri filogenetik ağaçta genellikle 3 alt gruba ayrılmıştır. Tüm *BvHsp* genlerinde tandem ve segmental duplikasyon gösteren çiftlerin aynı grupta ve aynı dalda olduğu belirlenmiştir. Filogenetik ağacın güvenilirliğini test etmek için BvHsp proteinlerinin motif analizi yapılmıştır. BvsHsp proteinlerinde Hsp20/alpha crystallin ve ARID domaini (ARID/BRIGHT DNA binding domain) bulunmuştur. BvHsp60 proteinlerinde TCP-1/cpn60 chaperonin, PAC3 (Proteasome assembly chaperone 3) ve RING-type zinc-finger korunmuş bölgeler belirlenmiştir. Motif taraması yapılan tüm BvHsp70 proteinlerinde Hsp70 domaini gözlenmiştir. Hsp90 proteinlerinde Hsp90 domaini ve HATPase\_c domaini belirlenmiştir. BvHsp100 proteinlerinde AAA (ATPase family associated with various cellular activities) ve AAA\_2 domaininin bulunduğu ortaya çıkarılmıştır. Cin darısı (Singh vd., 2016) ve ekmeklik buğdayda (Kumar vd., 2020) Hsp domanininden farklı domaninler de belirlenmiştir. Bazı BvHsp proteinlerinde Hsp olmayan domainlerin varlığı alternatif veya değiştirilmiş fonksiyonlar ile ilgili olabilir. Genel olarak Hsp grubunu tanımlayan motifler belirlenmiştir. Sonuç olarak aynı motif içeren BvHsp proteinlerinin korunmuş motiflerinin yapısal olarak benzerlik gösterdiği görülmüştür ve filogenetik ağaçta aynı sınıfta olduğu da belirlenmiştir.

Günümüzde sinteni terimi, türleşme olaylarında ortolog genler için genişletilmiş bir tanımdır ve fonksiyonun korunmasından ziyade dizinin korunmasına dayandırılmıştır (Ghiurcuta ve Moret, 2014; McCouch, 2001; Restrepo-Montoya vd., 2021). Bu analiz, evrimsel ilişkileri araştırmak ve işlevsel olarak ilişkili genleri belirlemek için yararlı bir yöntemdir. Bu nedenle şeker pancarı ile *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasındaki

sintetik ilişkiler belirlenmiştir. Buna ek olarak, genlerin evrimini anlamaya yardımcı olmak için yaygın kullanılan homolog olmayan (Ka), homolog (Ks) ve Ka/Ks değişim oranları hesaplanmıştır. Şeker pancarına ait tüm *Hsp* genleri göz önüne alındığında, en fazla ortolog sayısı 323 çift ile soyada belirlenmiştir ve daha sonra sırasıyla bu sayının kavakta 269, *Arabidopsis*'te 142 ve çeltikte 49 olduğu gözlenmiştir. İki çenekli şeker pancarı ile iki çenekli bitkilerde (*Arabidopsis*, kavak ve soya) ortolog gen sayısının tek çenekli bitki olan çeltik bitkisinden daha fazla olduğu saptanmıştır. Sadece şeker pancarı *Hsp90* genleri ile çeltik bitkisi arasında ortolog gen belirlenmemiştir. Diğer tüm Hsp alt grupları ile *Arabidopsis*, kavak, soya ve çeltik arasında ortolog gen belirlenmiştir. Köpek dişi ayrığı olarak da bilinen tek çenekli bermuda otunda (*Cynodon transvaalensis*) yapılan çalışmada *Hsp20* genlerinde çift çenekli bitkilere göre tek çenekli bitkiler arasında daha fazla ortolog gen belirlenmiştir (Cui vd., 2021). Salatalıkta yapılan çalışmada *Hsp* genlerinde tek çenekli bitkilere göre çift çenekli bitkiler arasında daha fazla ortolog gen belirlenmiştir (X. Chen vd., 2021). Mevcut çalışma kapsamında sHsp ailesinden *BvsHsp-10*, *BvsHsp-30* ve *BvsHsp-34*, Hsp40 ailesinden *BvHsp40-22*, *BvHsp40-35*, *BvHsp40-59*, *BvHsp40-61* ve *BvHsp40-81* Hsp60 ailesinden *BvHsp60-21*, Hsp70 ailesinden *BvHsp70-02* ve *BvHsp70-2* genlerinin tek çenekli ve çift çenekli bitkilerde ortoloğu olduğu belirlenmiştir. Bunlara ek olarak, Hsp90 ailesinden *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07* ve *BvHsp90-08*, Hsp100 ailesinden *BvHsp100-11*, *BvHsp100-12*, *BvHsp100-16*, *BvHsp100-54*, *BvHsp100-25*, *BvHsp100-28*, *BvHsp100-29*, *BvHsp100-30*, *BvHsp100-42*, *BvHsp100-58*, *BvHsp100-82* ve *BvHsp100-89* genlerinin tek çenekli ve çift çenekli bitkilerde ortoloğu olduğu saptanmıştır. Bu genler tek çenekli ve çift çenekli bitkiler farklılaşmadan önce ortaya çıkmış ve evrimsel süreçte yüksek oranda korunmuş olabilir.

*Arabidopsis*, soya, çeltik ve kavak bitkileri ile *BvHsp* genlerinin ortologları için Ka, Ks ve Ka/Ks değerleri hesaplanmıştır. Toplam 783 çift ortolog belirlenmiştir ve daha sonra yapılan hesaplamada tüm ortologlarda Ka/Ks<1 olduğu belirlenmiştir. Bu sonuç hayati öneme sahip *Hsp* genlerinin şeker pancarı bitkisinde kuvvetli bir negatif seleksiyona uğradığını göstermektedir.

miRNA'lar bitkilerde stres koşulları altında hedef mRNA'lara bağlanarak gen ifadesini düzenleyen veya engelleyen moleküldür (Bartel, 2004; Bushati ve Cohen, 2007). Bu çalışmada, qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-01*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07*, *BvHsp100-12* ve *BvHsp100-58* genlerine ait transkriptleri hedefleyen miRNA'lar belirlenmiştir. *BvsHsp-34* transkriptini hedefleyen miR4411'in soya bitkisinde kuraklık stresi altında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (Mantri vd., 2013). *BvHsp40-44* transkriptini hedefleyen miR160a-5p'nin aşırı ekspresyonunun, transgenik patates bitkisinde abiyotik stres koşullarına karşı daha yüksek toleransa sebep olduğunu göstermiştir (Şanlı ve Öztürk Gökçe, 2021). *BvHsp60-01* transkriptini hedefleyen miR396a-5p'nin tütünde aşırı ekspresyonunun, bitkinin tuza, kuraklığa ve soğuk streslerine karşı toleransını arttırdığı belirlenmiştir (L. Chen vd., 2015). *BvHsp70-20* transkriptini hedefleyen miR1507a'nın soya bitkisinde kuraklık, tuz ve alkali stresi altında ifadesinin arttığı tespit edilmiştir (H. Li vd., 2011). *BvHsp70-22* transkriptini hedefleyen miR4358'in soya bitkisinde kuraklık stresi altında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (Mantri vd., 2013). *BvHsp90-03* transkriptini hedefleyen miR159a'nın çeltik bitkisinde hastalıklara karşı dirençte olumlu bir rol oynadığı belirlenmiştir (J.-F. Chen vd., 2021). *BvHsp90-07* transkriptini hedefleyen miR166a'nın soğuk stresi altında ifadesinin arttığı gözlenmiştir (X. Zhou vd., 2008). *BvHsp100-12* transkriptini hedefleyen miR827'nin kuraklık toleransı sağladığı saptanmıştır (Ferdous vd., 2017). *BvHsp* genlerini hedefleyen miRNA'ların özellikle kuraklık stresi ile ilişkili oldukları gözlenmektedir. Kodlama yapmayan küçük RNA'lar (miRNA) biyotik ve abiyotik stres tepkilerinde yer alarak çeşitli hücrel ve metabolik süreçlerde düzenleyici olarak rol alırlar (L. Chen vd., 2015). Biyoinformatik araçlar kullanılarak belirlenen *BvHsp* transkriptlerini hedefleyen miRNA'lar, şeker pancarındaki çeşitli düzenleyici rollerinin anlaşılmasına katkıda bulunabilir.

Protein homoloji modellemesi qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenen *BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07*, *BvHsp100-12* ve *BvHsp100-58* genlerinin kodladığı proteinler için yapılmıştır. sHsp ailesinde Alfa-crystallin domaini imza niteliğindedir. Alfa-crystallin domaini (ACD) yaklaşık 80-100 amino asitlik korunmuş bir alana

sahiptir ve N- ve C-terminal bölgeleri ile çevrilidir (Santhanagopalan vd., 2015). BvsHsp-34 ve BvHsp-38 proteinlerinin ACD korunmuş alana sahip oldukları belirlenmiştir. Hsp40 (DNAJ) ailesi, ATPase aktivitesinin uyarılmasından sorumlu olduğu bilinen korunmuş bir J-domaininin varlığı ile karakterizedir (Kampinga vd., 2009). BvHsp40-03 ve BvHsp40-44 proteinlerinde J domaininin varlığı belirlenmiştir. Hsp60 ailesi için *E. coli* üzerinde yapılan yapısal ve fonksiyonel çalışmalar GroEL'in GroES'e bağlandıktan sonra üst üste gelmiş iki heptamerik halkadan oluşan tetradekamerik yapı oluşturduğunu göstermiştir. Her GroES monomeri 10 kDa büyüklüğünde ve her GroEL monomeri ~57 kDa büyüklüğündedir. GroEL'in, tepe (apical), orta (intermediate) ve ekvatorial (equatoria) alan olmak üzere üç alana ayrıldığı belirlenmiştir (Gupta vd., 2014). BvHsp60-28 proteininde tepe, orta ve ekvatorial alanın yüksek benzerlik ve homolojiye sahip olduğu gözlenmiştir. Hsp70 proteinlerinde, nükleotid bağlama domaini (NBD), substrat bağlama domaini (SBD $\beta$ ), helikal kapak domaini (SBD $\alpha$ ) belirlenmiştir (Rosenzweig vd., 2019). BvHsp70-20 ve BvHsp70-22 proteinlerinde NBD, SBD $\beta$  ve SBD $\alpha$  alanının yüksek benzerlik ve homoloji gösterdiği saptanmıştır. Hsp90 proteinleri, amino-terminal domaini (NTD), orta domaini (MD) karboksil terminal domaini (CTD) olmak üzere üç domainden oluşmaktadır (Harris vd., 2004). BvHsp90-03 ve BvHsp90-07 proteinlerinin NTD, MD ve CTD alanı yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir. Hsp100 proteinleri sınıf I ve sınıf II olmak üzere ikiye ayrılmaktadır. Sınıf I'de bulunan Hsp104/ClpB proteini, nükleotid bağlama domaini (NBD-1), orta domaini (M domain), ikinci nükleotid bağlama domaini (NBD-2) ve amino ucu domaininden (N domain) oluşmaktadır. ClpA, ClpB ve ClpC proteinlerinde yüksek oranda korunmuş homolog nükleotid bağlama domaini (NBD) ortaktır ve N ve M domainleri değişiklik gösterebilmektir (Glynn vd., 2009; Saibil, 2013). BvHsp100-12 proteini sadece NBD1 ile benzerlik göstermektedir. BvHsp100-58 proteini N, NBD1 ve NBD2 alanları ile yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir fakat orta domain (M domain) değişiklik göstermiştir. Protein yapıları tahmin edilen sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 ailesi üyeleri deneysel olarak belirlenmiş olan protein yapıları ile karşılaştırılmıştır ve protein yapıları karşılaştırılan proteinlerin PDB ID'leri sırasıyla 1GME, 6Z5N, 1AON, 2KHO, 2CG9 ve 1QVR'dir. Sonuç olarak proteinler yüksek benzerlik ve homoloji göstermiştir. İyi bir homoloji modellemesi, proteinin işlevini belirlemek için önemli bir rol oynayabilir.

OmicBox programı aracılığıyla gen ontoloji analizi yapılarak *Hsp* genlerinin moleküler fonksiyonları, hücresel lokalizasyonu ve biyolojik işlevleri belirlenmiştir. sHsp ailesinin genelinin hücre içi anatomik yapı ve sitoplazmada buldukları, protein katlanması gibi biyolojik işlevlere ve proteine bağlanma fonksiyonuna sahip oldukları belirlenmiştir. Hsp40 ailesinin genelinin protein katlanması biyolojik işlevleri, hücre içi anatomik yapı ve sitoplazmada buldukları ve katlanmamış proteine bağlanma fonksiyonuna sahip oldukları belirlenmiştir. Hsp60 ailesinin genelinin protein katlanması biyolojik işlevleri, hücre içi anatomik yapı ve sitoplazmada buldukları ve katlanmamış proteine bağlanma fonksiyonuna sahip oldukları gözlenmiştir. Hsp70 ailesinin genelinin protein katlanması biyolojik işlevleri, sitoplazmada buldukları ve yanlış katlanmamış proteine bağlanma fonksiyonuna sahip oldukları saptanmıştır. Hsp90 ailesinin genelinin hücresel metabolik süreçte rol aldıkları, sitoplazmada buldukları ve organik bileşik bağlanması fonksiyonuna sahip oldukları belirlenmiştir. Hsp100 ailesinin ise çoğunlukla organik madde metabolik sürecinde rol aldıkları, hücre içi anatomik yapıda buldukları ve organik bileşik bağlanması fonksiyonuna sahip oldukları bulunmuştur. Ekmeklik buğdayda yapılan çalışmada Hsp'lerin protein bağlanması, protein katlanması ve çeşitli hücresel süreçlerde buldukları belirlenmiştir (Kumar vd., 2020). Moleküler Hsp/şaperonların hem sitoplazmada hem de çekirdek, mitokondri, kloroplast ve ER gibi organellerde bulunduğu saptanmıştır (W. Wang vd., 2004). Bizim çalışmamız ile yapılan çalışmalar uyum göstermiş olup *BvHsp* genlerinin birçok biyolojik fonksiyon ile farklı hücresel süreçlerde, sitoplazmada ve organellerde buldukları gözlenmiştir.

Sıcaklık, tuz, ABA ve ışık stresine özgü transkriptom analizi yapılmıştır ve RPKM değerleri kullanılarak şeker pancarı *Hsp* genlerinin ısı haritaları oluşturulmuştur. Isı haritaları kullanılarak qRT-PZR ile gen ifade seviyelerinin incelenmesi için *BvsHsp-34*, *BvHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03*, *BvHsp90-07*, *BvHsp100-12* ve *BvHsp100-58* genleri seçilmiştir. Benzer yöntem kavak bitkisinde *Hsp* gen ailesi için yapılmıştır (Yer vd., 2018). Tütünde ve *Arabidopsis*'te yapılan çalışmalarda, bu bitkilerin sıcaklık ve kuraklık streslerinin kombinasyonuna tepkisinin, ayrı ayrı kuraklık veya sıcaklık stresine maruz kalan bitkilerden farklı olduğu belirlenmiştir (Rizhsky vd., 2002; Rizhsky vd., 2004). Şeker kamışı bitkisinde yapılan çalışmada moleküler şaperonların farklı dokularda (apikal

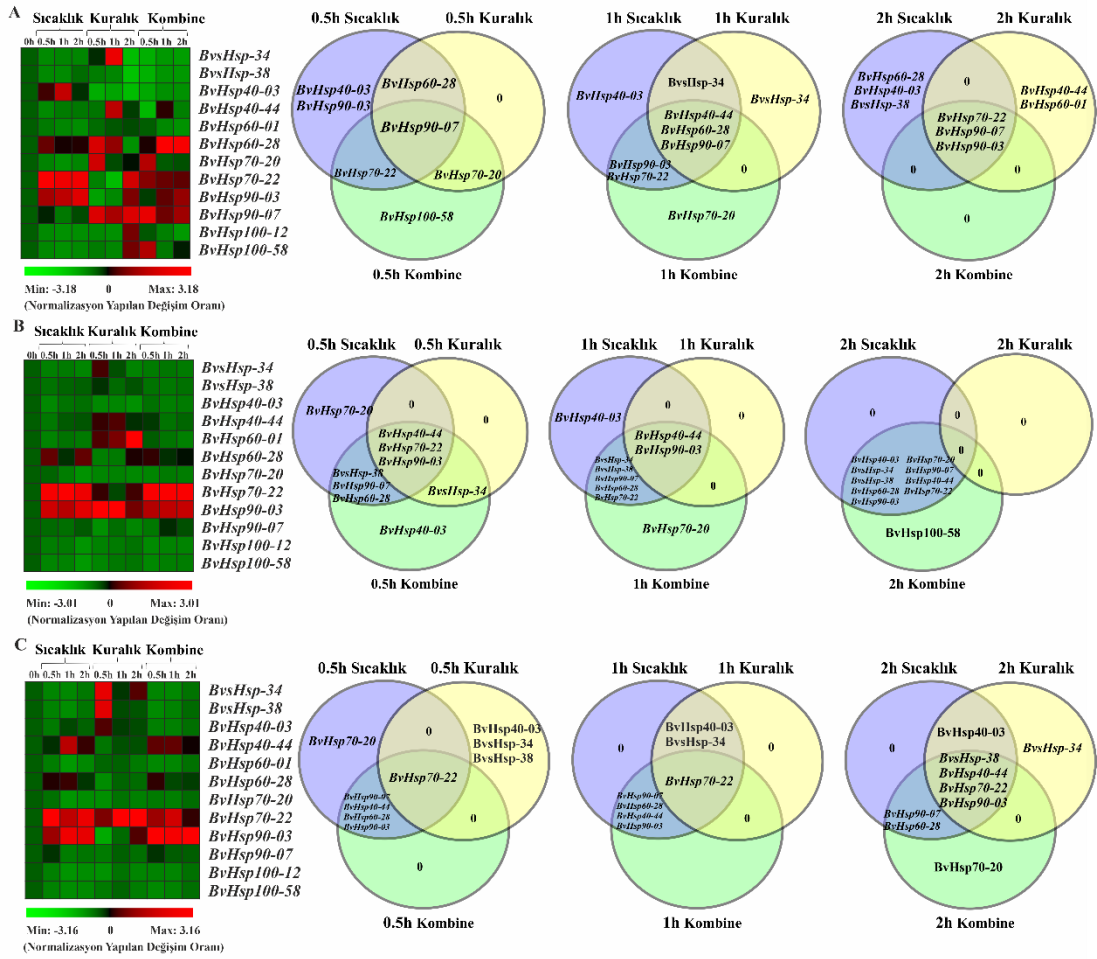
meristema, kallus, çiçek, yan tomurcuk, yaprak, kök, gövde ve tohum) ifadesi incelenmiş ve en yüksek ifadenin yaprak ve yan tomurcuk dokularında olduğu belirlenmiştir (Borges vd., 2007). Bu çalışmada, kuraklığa hassas (KH), kuraklığa dayanıklı (KD) ıslah materyalleri ve yabancı tür (*Beta maritima*) (YT) olmak üzere 3 farklı pancar genotipinin ekimi yapılarak 4 hafta büyütülmüştür. Daha sonra kuraklık, sıcaklık ve kombine stres verilen bitkilerin 0; 0,5; 1 ve 2. saatlerde yaprak örnekleri alınarak qRT-PZR ile gen ifade seviyeleri incelenmiştir.

Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinde 0,5 saatte *BvHsp90-07*, 1. saatte *BvHsp40-44*, *BvHsp60-28* ve *BvHsp90-07* ve 2. saatte *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* genlerinin sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında ifadesinde anlamlı bir artış gözlenmiştir.

Kuraklığa hassas şeker pancarı genotipinde 0,5 saatte *BvHsp40-44*, *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* ve 1. saatte *BvHsp40-44* ve *BvHsp90-03* genlerinin sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stres altında ifadesinde anlamlı bir artış göze çarpmıştır. *BvsHsp-34*, *BvsHsp-38*, *BvHsp40-03*, *BvHsp40-44*, *BvHsp60-28*, *BvHsp70-20*, *BvHsp70-22*, *BvHsp90-03* ve *BvHsp90-07* genlerinin 2. saatte sıcaklık ve kuraklık stresi altında ifadesinde anlamlı bir artış belirlenmiştir. Kuraklığa hassas türde 2. saatte sıcaklık-kuraklık kombine stresinde değişim oranı 2 kat ve üstü anlamlı bir değişim göze çarpmamıştır.

Yabancı pancar türünde ise 0,5 saatte *BvHsp70-22*, 1. saate *BvHsp70-22* ve 2. saatte *BvsHsp-38*, *BvHsp40-44*, *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinin sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında ifadesinin anlamlı bir şekilde arttığı belirlenmiştir.

Kuraklığa dayanıklı şeker pancarı genotipinde *BvHsp90-07* geni, kuraklığa hassas genotipinde *BvHsp40-44* ve *BvHsp90-03* genleri ve yabancı türde *BvHsp70-22* geninin ifadelerinin anlamlı bir şekilde arttığı gözlenmiştir ve bu genlerin yaprak dokularında sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine strese ilk cevap veren genler olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.1).



Şekil 5. 1 Seçilen *BvHsp* genlerinin ifadelerinin ısı haritası ve venn diyagramı **A** Kuraklığa dayamlı genotip. **B** Kuraklığa hassas genotip. **C** Yabani tür (Venn diyagramında değişim oranı >2 ve p-değeri < 0,05 alınmıştır)

Şeker pancarı ile *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), soya (*Glycine max*), çeltik (*Oryza sativa*) ve kavak (*Populus trichocarpa*) arasında ortologlar belirlenmiştir. *BvHsp70-22* geni ile *Arabidopsis*'te ortoloğu olan *AT5G02490.1* geninin bitki gelişmesi ve abiyotik strese tepkileri düzenlediği saptanmıştır (Leng vd., 2017). Farklı bir çalışmada *Arabidopsis*'te *AT5G02490.1* geninin sıcaklık stresi altında ifadesinin arttığı belirlenmiştir (M. Guo vd., 2022). *BvHsp90-03* geninin soya bitkisinde ortoloğu olan *Glyma.09G131500.1* geninin sıcaklık stresi altında ifadesinin arttığı gösterilmiştir (Huang vd., 2019; Song vd., 2017). *BvsHsp-34* geninin soya bitkisinde ortoloğu olan *LOC\_Os07g33350.1* geninin kuraklık uygulamasından sonra ifadesinin arttığı gözlenmiştir (Silveira vd., 2015). *BvHsp40-03* geninin kavak bitkisinde ortoloğu olan *Potri.005G113100.5* geninin 6 saatlik PEG uygulamasından sonra ifadesinin arttığı rapor edilmiştir. Bu proteinin J domeni aracılığıyla Hsp70'e bağlandığı ve protein

katlanmasını, yer deęiřtirmesini ve bozulmasını dzenledięi gsterilmiřtir (Mun vd., 2017). Buradan yola ıkararak alıřmamızda, qRT-PZR ile ifade profili incelenen genlerin ortolog alıřmalarıyla uyumlu sonuların elde edildięi sylenilebilir. Bu bulgular, řeker pancarında *BvHsp* genlerinin kuraklık stresine cevap mekanizmalarından biri olabileceęini desteklemektedir.

Transkriptom analizi ile qRT-PZR sonuları karřılařtırıldıęında; *BvHsp100-12* geni hari tm genler transkriptom verileriyle uyum gstermiř olup farklı stres ve saatlerde ifadelerinde anlamlı artıř belirlenmiřtir. Ayrıca, *BvsHsp-29*, *BvHsp40-97*, *BvHsp60-26*, *BvHsp70-15*, *BvHsp90-08* ve *BvHsp100-101* genleri sıcaklık, tuz, ıřık, ABA stresi uygulaması ve kk dokusunda tuz stresi uygulaması transkriptom verilerinde n plana ıkmıřtır. Bu genler bitki toleransında nemli olabilir. Yalancı gen (psdogen), iřlevsel bir gen ile sekans homolojisi gsteren protein kodlamayan iřlevsiz genlerdir (Khachane ve Harrison, 2009). Transkriptom verilerine gre sadece *BvHsp60-32* ve *BvHsp40-103* genlerinin ifadesinde artıř belirlenmemiřtir. Bu genler psdogen olabileceęi gibi belirli geliřim ařamasında ya da zel kořullar altında ifade ediliyor da olabilir.

Sonu olarak, kuraklıęa dayanıklı řeker pancarı genotipinde ve yabani pancar trnde *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinin sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresleri altında kuraklıęa hassas genotipe gre daha yksek gen ifadesine sahip olduęu belirlenmiřtir. Ayrıca *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genleri, kuraklıęa dayanıklı genotip ve yabani trde evrimsel olarak korunmuř olabilir.

## 6. ÖNERİLER

Çalışmamızda, 2014 yılında genom dizilimi belirlenen şeker pancarı genom bilgileri kullanılarak 334 (42 adet *sHsp*, 108 adet *Hsp40*, 36 adet *Hsp60*, 29 adet *Hsp70*, 13 adet *Hsp90* ve 106 adet *Hsp100*) adet *BvHsp* geni belirlenmiştir. *BvHsp* genleri kromozom üzerinde rastgele dağılım göstermiş ve en fazla *BvHsp* geninin kromozom 6 üzerinde olduğu belirlenmiştir. *BvHsp* genlerinde 77 çift tandem ve 58 çift segmental duplikasyon tespit edilmiştir. Şeker pancarında 47 adet *Hsp* geninin intron içermediği belirlenmiştir. Şeker pancarı Hsp ailesinin evrimini anlamak için *Arabidopsis*, soya, çeltik ve kavak arasında sinteni analizi yapılmıştır. Moleküler evrimsel analiz, *BvHsp* genlerinin evriminin negatif seleksiyona uğradığını göstermiştir. Çeşitli biyoinformatik yöntemler kullanarak gen ontolojileri, hedef miRNA'ları, filogenetik ilişkileri, korunmuş motifleri, tahmini üç boyutlu protein yapıları ve açık veri tabanlarından elde edilen sıcaklık, tuz, ışık streslerine ve ABA uygulamasına ait transkriptom verileri kullanılarak bu genlerin ifade profillerinin incelenmesi yapılmıştır. Transkriptom analizi sonucunda seçilen 12 adet *BvHsp* geninin kuraklık, sıcaklık ve sıcaklık-kuraklık kombine streslerine karşı 0; 0,5; 1 ve 2. saatlerde yaprak dokusunda gen ifade düzeyleri gerçek zamanlı PZR yöntemi ile incelenmiştir. Seçilen bu genler arasından *BvHsp70-22* ve *BvHsp90-03* genlerinin; kuraklık, sıcaklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresi altında kuraklığa hassas ve kuraklığa dayanıklı ıslah materyalleri ile yabancı pancar türünde gen ifadelerinin büyük ölçüde arttığı belirlenmiştir. Yabancı pancar türü ve kuraklığa dayanıklı genotipin, sıcaklık, kuraklık ve sıcaklık-kuraklık kombine stresleri altında kuraklığa hassas genotipe göre incelenen genler bakımından daha yüksek gen ifadesine sahip olduğu belirlenmiştir.

Bu çalışmada belirlenen genlerin, şeker pancarı bitkisinde kuraklık, sıcaklık ve sıcaklık-kuraklık kombine streslerine dayanıklı genlerin belirlenmesinde, dayanıklı türlerin geliştirilmesinde, mahsülde kuraklık torelaransının iyileştirilmesinde, yüksek verimi korumada ve ıslah çalışmalarında markör olarak kullanılacak potansiyele sahip olduğu düşünülmektedir.

## KAYNAKLAR

- Agarwal, M., Katiyar-Agarwal, S., Sahi, C., Gallie, D. R. ve Grover, A. (2001). Arabidopsis thaliana Hsp100 proteins: kith and kin. *Cell stress & chaperones*, 6(3), 219-224. doi: 10.1379/1466-1268(2001)006<0219:athpka>2.0.co;2
- Ali, M. M. U., Roe, S. M., Vaughan, C. K., Meyer, P., Panaretou, B., Piper, P. W., . . . Pearl, L. H. (2006). Crystal structure of an Hsp90–nucleotide–p23/Sba1 closed chaperone complex. *Nature*, 440(7087), 1013-1017. doi: 10.1038/nature04716
- Altunoğlu, Y. Ç., Keleş, M., Can, T. H. ve Baloğlu, M. C. (2019). Identification of watermelon heat shock protein members and tissue-specific gene expression analysis under combined drought and heat stresses. *Turkish Journal of Biology*, 43(6), 404-419.
- An, Y. J., Rowland, S. E., Na, J.-H., Spigolon, D., Hong, S. K., Yoon, Y. J., . . . Cha, S.-S. (2017). Structural and mechanistic characterization of an archaeal-like chaperonin from a thermophilic bacterium. *Nature Communications*, 8(1), 827. doi: 10.1038/s41467-017-00980-z
- Ansari, M. Y. ve Mande, S. C. (2018). A Glimpse Into the Structure and Function of Atypical Type I Chaperonins. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 5. doi: 10.3389/fmolb.2018.00031
- Arslan, B., İncili, Ç. Y., Ulu, F., Horuz, E., Bayarslan, A. U., Öçal, M., . . . Altunoglu, Y. C. (2021). Comparative genomic analysis of expansin superfamily gene members in zucchini and cucumber and their expression profiles under different abiotic stresses. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 27(12), 2739-2756. doi: 10.1007/s12298-021-01108-w
- Asea, A. A. ve Kaur, P. (2019). *Heat Shock Protein 60 in Human Diseases and Disorders*: Springer.
- Asea, A. A., Kaur, P. ve Calderwood, S. K. (2016). *Heat shock proteins and plants*: Springer.
- Attokaran, M. (2011). Natural Food Flavors and Colorants (pp. 79-81). Blackwell Publishing Ltd. and Institute of Food Technologists.
- Bailey, T. L. ve Elkan, C. (1994). Fitting a mixture model by expectation maximization to discover motifs in bipolymers.
- Baloğlu, M. C., Kavas, M., AYDIN, G., Öktem, H. A. ve Yücel, A. M. (2012). Antioxidative and physiological responses of two sunflower (*Helianthus annuus*) cultivars under PEG-mediated drought stress. *Turkish Journal of Botany*, 36(6), 707-714.
- Bartel, D. P. (2004). MicroRNAs: Genomics, Biogenesis, Mechanism, and Function. *Cell*, 116(2), 281-297. doi: [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(04\)00045-5](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(04)00045-5)

- Battisti, D. S. ve Naylor, R. L. (2009). Historical warnings of future food insecurity with unprecedented seasonal heat. *Science*, 323(5911), 240-244.
- Bertelsen, E. B., Chang, L., Gestwicki, J. E. ve Zuiderweg, E. R. P. (2009). Solution conformation of wild-type *E. coli* Hsp70 (DnaK) chaperone complexed with ADP and substrate. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(21), 8471-8476. doi: doi:10.1073/pnas.0903503106
- Bondino, H. G., Valle, E. M. ve ten Have, A. (2012). Evolution and functional diversification of the small heat shock protein/ $\alpha$ -crystallin family in higher plants. *Planta*, 235(6), 1299-1313. doi: 10.1007/s00425-011-1575-9
- Borges, J. C., Cagliari, T. C. ve Ramos, C. H. I. (2007). Expression and variability of molecular chaperones in the sugarcane expressome. *Journal of Plant Physiology*, 164(4), 505-513. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2006.03.013>
- Bross, P. (2015). Evolutionary Origins and Family Relations. In P. Bross (Ed.), *The Hsp60 Chaperonin* (pp. 17-22). Cham: Springer International Publishing.
- Bushati, N. ve Cohen, S. M. (2007). microRNA Functions. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, 23(1), 175-205. doi: 10.1146/annurev.cellbio.23.090506.123406
- Caraux, G. ve Pinloche, S. (2005). PermutMatrix: a graphical environment to arrange gene expression profiles in optimal linear order. *Bioinformatics*, 21(7), 1280-1281. doi: 10.1093/bioinformatics/bti141
- Celik Altunoglu, Y., Baloglu, P., Yer, E. N., Pekol, S. ve Baloglu, M. C. (2016). Identification and expression analysis of LEA gene family members in cucumber genome. *Plant Growth Regulation*, 80(2), 225-241. doi: 10.1007/s10725-016-0160-4
- Chatterjee, S. ve Burns, T. F. (2017). Targeting Heat Shock Proteins in Cancer: A Promising Therapeutic Approach. *International journal of molecular sciences*, 18(9), 1978.
- Chaudhary, R., Baranwal, V. K., Kumar, R., Sircar, D. ve Chauhan, H. (2019). Genome-wide identification and expression analysis of Hsp70, Hsp90, and Hsp100 heat shock protein genes in barley under stress conditions and reproductive development. *Functional & Integrative Genomics*, 19(6), 1007-1022. doi: 10.1007/s10142-019-00695-y
- Chen, C., Chen, H., Zhang, Y., Thomas, H. R., Frank, M. H., He, Y. ve Xia, R. (2020). TBtools: an integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data. *Molecular plant*, 13(8), 1194-1202.
- Chen, J.-F., Zhao, Z.-X., Li, Y., Li, T.-T., Zhu, Y., Yang, X.-M., . . . Wang, W.-M. (2021). Fine-Tuning Roles of Osa-miR159a in Rice Immunity Against *Magnaporthe oryzae* and Development. *Rice*, 14(1), 26. doi: 10.1186/s12284-021-00469-w

- Chen, L., Luan, Y. ve Zhai, J. (2015). Sp-miR396a-5p acts as a stress-responsive genes regulator by conferring tolerance to abiotic stresses and susceptibility to *Phytophthora nicotianae* infection in transgenic tobacco. *Plant Cell Reports*, 34(12), 2013-2025. doi: 10.1007/s00299-015-1847-0
- Chen, X., Wang, Z., Tang, R., Wang, L., Chen, C. ve Ren, Z. (2021). Genome-wide identification and expression analysis of Hsf and Hsp gene families in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Plant Growth Regulation*, 95(2), 223-239. doi: 10.1007/s10725-021-00739-z
- Chinnusamy, V., Schumaker, K. ve Zhu, J. K. (2004). Molecular genetic perspectives on cross-talk and specificity in abiotic stress signalling in plants. *Journal of experimental botany*, 55(395), 225-236. doi: 10.1093/jxb/erh005
- Cho, E. K. ve Choi, Y. J. (2009). A nuclear-localized HSP70 confers thermoprotective activity and drought-stress tolerance on plants. *Biotechnology letters*, 31(4), 597-606.
- Cui, F., Taier, G., Wang, X. ve Wang, K. (2021). Genome-Wide Analysis of the HSP20 Gene Family and Expression Patterns of HSP20 Genes in Response to Abiotic Stresses in *Cynodon transvaalensis*. *Frontiers in genetics*, 12, 732812-732812. doi: 10.3389/fgene.2021.732812
- Czarnecka, A. M., Campanella, C., Zummo, G. ve Cappello, F. (2006). Heat shock protein 10 and signal transduction: a "capsula eburnea" of carcinogenesis? *Cell stress & chaperones*, 11(4), 287-294. doi: 10.1379/csc-200.1
- Dai, X. ve Zhao, P. X. (2011). psRNATarget: a plant small RNA target analysis server. *Nucleic Acids Research*, 39(suppl\_2), W155-W159.
- Deshmukh, R. K., Sonah, H. ve Singh, N. K. (2016). Intron gain, a dominant evolutionary process supporting high levels of gene expression in rice. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, 25(2), 142-146. doi: 10.1007/s13562-015-0319-5
- Dohm, J. C., Minoche, A. E., Holtgräwe, D., Capella-Gutiérrez, S., Zakrzewski, F., Tafer, H., . . . Himmelbauer, H. (2014). The genome of the recently domesticated crop plant sugar beet (*Beta vulgaris*). *Nature*, 505(7484), 546-549. doi: 10.1038/nature12817
- Driedonks, N., Xu, J., Peters, J. L., Park, S. ve Rieu, I. (2015). Multi-level interactions between heat shock factors, heat shock proteins, and the redox system regulate acclimation to heat. *Frontiers in plant science*, 6, 999.
- Dutton, J. ve Huijbregts, T. (2006). Root Quality and Processing *Sugar Beet* (pp. 409-442).
- Eştürk, Ö. (2018). Türkiye’de şeker sektörünün önemi ve geleceği üzerine bir değerlendirme. *Anadolu İktisat ve İşletme Dergisi*, 2(1), 67-81.
- FAO. (2022). <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Erişim tarihi: 22/04/2022.

- Faust, O., Abayev-Avraham, M., Wentink, A. S., Maurer, M., Nillegoda, N. B., London, N., . . . Rosenzweig, R. (2020). HSP40 proteins use class-specific regulation to drive HSP70 functional diversity. *Nature*, *587*(7834), 489-494. doi: 10.1038/s41586-020-2906-4
- Felsenstein, J. (1981). Evolutionary trees from DNA sequences: a maximum likelihood approach. *Journal of molecular evolution*, *17*(6), 368-376.
- Ferdous, J., Whitford, R., Nguyen, M., Brien, C., Langridge, P. ve Tricker, P. J. (2017). Drought-inducible expression of Hv-miR827 enhances drought tolerance in transgenic barley. *Functional & Integrative Genomics*, *17*(2), 279-292. doi: 10.1007/s10142-016-0526-8
- Flaherty, K. M., DeLuca-Flaherty, C. ve McKay, D. B. (1990). Three-dimensional structure of the ATPase fragment of a 70K heat-shock cognate protein. *Nature*, *346*(6285), 623-628. doi: 10.1038/346623a0
- Fragkostefanakis, S., Roeth, S., Schleiff, E. ve SCHARF, K. D. (2015). Prospects of engineering thermotolerance in crops through modulation of heat stress transcription factor and heat shock protein networks. *Plant, cell & environment*, *38*(9), 1881-1895.
- Gasteiger, E., Hoogland, C., Gattiker, A., Wilkins, M. R., Appel, R. D. ve Bairoch, A. (2005). Protein identification and analysis tools on the ExPASy server. *The proteomics protocols handbook*, 571-607.
- Ghiurcuta, C. G. ve Moret, B. M. E. (2014). Evaluating synteny for improved comparative studies. *Bioinformatics*, *30*(12), i9-i18. doi: 10.1093/bioinformatics/btu259
- Gibson, U. E., Heid, C. A. ve Williams, P. M. (1996). A novel method for real time quantitative RT-PCR. *Genome research*, *6*(10), 995-1001.
- Ginzinger, D. G. (2002). Gene quantification using real-time quantitative PCR: An emerging technology hits the mainstream. *Experimental Hematology*, *30*(6), 503-512. doi: [https://doi.org/10.1016/S0301-472X\(02\)00806-8](https://doi.org/10.1016/S0301-472X(02)00806-8)
- Glover, J. R. ve Lindquist, S. (1998). Hsp104, Hsp70, and Hsp40: A Novel Chaperone System that Rescues Previously Aggregated Proteins. *Cell*, *94*(1), 73-82. doi: [https://doi.org/10.1016/S0092-8674\(00\)81223-4](https://doi.org/10.1016/S0092-8674(00)81223-4)
- Glynn, S. E., Martin, A., Nager, A. R., Baker, T. A. ve Sauer, R. T. (2009). Structures of Asymmetric ClpX Hexamers Reveal Nucleotide-Dependent Motions in a AAA+ Protein-Unfolding Machine. *Cell*, *139*(4), 744-756. doi: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.09.034>
- Goloubinoff, P., Mogk, A., Zvi, A. P. B., Tomoyasu, T. ve Bukau, B. (1999). Sequential mechanism of solubilization and refolding of stable protein aggregates by a bichaperone network. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *96*(24), 13732-13737. doi: doi:10.1073/pnas.96.24.13732

- Gorovits, R. ve Czosnek, H. (2017). The involvement of heat shock proteins in the establishment of Tomato yellow leaf curl virus infection. *Frontiers in plant science*, 8, 355.
- Green, C. D., Simons, J. F., Taillon, B. E. ve Lewin, D. A. (2001). Open systems: panoramic views of gene expression. *Journal of Immunological Methods*, 250(1), 67-79. doi: [https://doi.org/10.1016/S0022-1759\(01\)00306-4](https://doi.org/10.1016/S0022-1759(01)00306-4)
- Greenberg, D. S. ve Soreq, H. (2013). Alternative Splicing. In S. Maloy ve K. Hughes (Eds.), *Brenner's Encyclopedia of Genetics (Second Edition)* (pp. 97-98). San Diego: Academic Press.
- Guo, M., Liu, X., Wang, J., Jiang, Y., Yu, J. ve Gao, J. (2022). Transcriptome profiling revealed heat stress-responsive genes in Arabidopsis through integrated bioinformatics analysis. *Journal of Plant Interactions*, 17(1), 85-95.
- Guo, Z., Kuang, Z., Zhao, Y., Deng, Y., He, H., Wan, M., . . . Yang, X. (2021). PmiREN2.0: from data annotation to functional exploration of plant microRNAs. *Nucleic Acids Research*. doi: 10.1093/nar/gkab811
- Gupta, A. J., Haldar, S., Miličić, G., Hartl, F. U. ve Hayer-Hartl, M. (2014). Active Cage Mechanism of Chaperonin-Assisted Protein Folding Demonstrated at Single-Molecule Level. *Journal of Molecular Biology*, 426(15), 2739-2754. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2014.04.018>
- Harris, S. F., Shiau, A. K. ve Agard, D. A. (2004). The Crystal Structure of the Carboxy-Terminal Dimerization Domain of htpG, the Escherichia coli Hsp90, Reveals a Potential Substrate Binding Site. *Structure*, 12(6), 1087-1097. doi: <https://doi.org/10.1016/j.str.2004.03.020>
- He, W., Zhuang, H., Fu, Y., Guo, L., Guo, B., Guo, L., . . . Wei, Y. (2015). De novo transcriptome assembly of a Chinese Locoweed (*Oxytropis ochrocephala*) species provides insights into genes associated with drought, salinity, and cold tolerance. *Frontiers in plant science*, 6, 1086.
- Hedhly, A., Hormaza, J. I. ve Herrero, M. (2009). Global warming and sexual plant reproduction. *Trends in plant science*, 14(1), 30-36. doi: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2008.11.001>
- Hill, J. E. ve Hemmingsen, S. M. (2001). Arabidopsis thaliana type I and II chaperonins. *Cell stress & chaperones*, 6(3), 190-200. doi: 10.1379/1466-1268(2001)006<0190:attiai>2.0.co;2
- Hoagland, D. R. ve Arnon, D. I. (1950). The water-culture method for growing plants without soil. *Circular. California agricultural experiment station*, 347(2nd edit).
- Hu, B., Jin, J., Guo, A.-Y., Zhang, H., Luo, J. ve Gao, G. (2015). GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. *Bioinformatics*, 31(8), 1296-1297.
- Hu, W., Hu, G. ve Han, B. (2009). Genome-wide survey and expression profiling of heat shock proteins and heat shock factors revealed overlapped and stress

- specific response under abiotic stresses in rice. *Plant Science*, 176(4), 583-590. doi: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2009.01.016>
- Huang, Y., Xuan, H., Yang, C., Guo, N., Wang, H., Zhao, J. ve Xing, H. (2019). GmHsp90A2 is involved in soybean heat stress as a positive regulator. *Plant Science*, 285, 26-33. doi: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.04.016>
- Hurst, L. D. (2002). The Ka/Ks ratio: diagnosing the form of sequence evolution. *Trends in Genetics*, 18(9), 486-487. doi: [https://doi.org/10.1016/S0168-9525\(02\)02722-1](https://doi.org/10.1016/S0168-9525(02)02722-1)
- Jo, B.-S. ve Choi, S. S. (2015). Introns: The Functional Benefits of Introns in Genomes. *Genomics & informatics*, 13(4), 112-118. doi: 10.5808/GI.2015.13.4.112
- Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A., Green, T., Figurnov, M., Ronneberger, O., . . . Hassabis, D. (2021). Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature*, 596(7873), 583-589. doi: 10.1038/s41586-021-03819-2
- Kampinga, H. H. ve Craig, E. A. (2010). The HSP70 chaperone machinery: J proteins as drivers of functional specificity. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 11(8), 579-592. doi: 10.1038/nrm2941
- Kampinga, H. H., Hageman, J., Vos, M. J., Kubota, H., Tanguay, R. M., Bruford, E. A., . . . Hightower, L. E. (2009). Guidelines for the nomenclature of the human heat shock proteins. *Cell Stress and Chaperones*, 14(1), 105-111. doi: 10.1007/s12192-008-0068-7
- Kavas, M. (2018). Gen İfade Analizlerinde Biyoinformatik Yöntemler. In M. C. Baloğlu (Ed.), *Biyoinformatik Temelleri ve Uygulamaları* (pp. 265-290). Kastamonu Üniversitesi Basımevi.
- Khachane, A. N. ve Harrison, P. M. (2009). Strong association between pseudogenization mechanisms and gene sequence length. *Biology Direct*, 4(1), 38. doi: 10.1186/1745-6150-4-38
- Kim, T., Samraj, S., Jiménez, J., Gómez, C., Liu, T. ve Begcy, K. (2021). Genome-wide identification of heat shock factors and heat shock proteins in response to UV and high intensity light stress in lettuce. *BMC plant biology*, 21(1), 185. doi: 10.1186/s12870-021-02959-x
- Kirstein, J., Molière, N., Dougan, D. A. ve Turgay, K. (2009). Adapting the machine: adaptor proteins for Hsp100/Clp and AAA+ proteases. *Nature Reviews Microbiology*, 7(8), 589-599. doi: 10.1038/nrmicro2185
- Krishna, P. ve Gloor, G. (2001). The Hsp90 family of proteins in *Arabidopsis thaliana*. *Cell stress & chaperones*, 6(3), 238-246. doi: 10.1379/1466-1268(2001)006<0238:thfopi>2.0.co;2
- Kumar, A., Sharma, S., Chunduri, V., Kaur, A., Kaur, S., Malhotra, N., . . . Garg, M. (2020). Genome-wide Identification and Characterization of Heat Shock Protein

- Family Reveals Role in Development and Stress Conditions in *Triticum aestivum* L. *Scientific Reports*, 10(1), 7858. doi: 10.1038/s41598-020-64746-2
- Lahaye, X., Vidy, A., Fouquet, B. ve Blondel, D. (2012). Hsp70 protein positively regulates rabies virus infection. *Journal of virology*, 86(9), 4743-4751.
- Laufen, T., Mayer, M. P., Beisel, C., Klostermeier, D., Mogk, A., Reinstein, J. ve Bukau, B. (1999). Mechanism of regulation of hsp70 chaperones by DnaJ cochaperones. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 96(10), 5452-5457.
- Lavanaia, D., Dhingra, A., Siddiqui, M. H., Al-Wahaibi, M. H. ve Grover, A. (2015). Current status of the production of high temperature tolerant transgenic crops for cultivation in warmer climates. *Plant Physiology and Biochemistry*, 86, 100-108. doi: <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2014.11.019>
- Lee, G. J., Roseman, A. M., Saibil, H. R. ve Vierling, E. (1997). A small heat shock protein stably binds heat-denatured model substrates and can maintain a substrate in a folding-competent state. *The EMBO journal*, 16(3), 659-671.
- Lee, S., Sowa, M. E., Watanabe, Y.-h., Sigler, P. B., Chiu, W., Yoshida, M. ve Tsai, F. T. (2003). The structure of ClpB: a molecular chaperone that rescues proteins from an aggregated state. *Cell*, 115(2), 229-240.
- Leng, L., Liang, Q., Jiang, J., Zhang, C., Hao, Y., Wang, X. ve Su, W. (2017). A subclass of HSP70s regulate development and abiotic stress responses in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Plant Research*, 130(2), 349-363. doi: 10.1007/s10265-016-0900-6
- Li, H., Dong, Y., Yin, H., Wang, N., Yang, J., Liu, X., . . . Li, X. (2011). Characterization of the stress associated microRNAs in *Glycine max* by deep sequencing. *BMC plant biology*, 11(1), 170. doi: 10.1186/1471-2229-11-170
- Li, J., Cui, J., Cheng, D., Dai, C., Liu, T., Wang, C. ve Luo, C. (2019). Combined RNA-seq, small RNA and degradome sequencing approaches insights into salt-stress responses in *Beta vulgaris*.
- Li, J., Zhang, Z., Vang, S., Yu, J., Wong, G. K.-S. ve Wang, J. (2009). Correlation Between Ka/Ks and Ks is Related to Substitution Model and Evolutionary Lineage. *Journal of molecular evolution*, 68(4), 414-423. doi: 10.1007/s00239-009-9222-9
- Lin, B. L., Wang, J. S., Liu, H. C., Chen, R. W., Meyer, Y., Barakat, A. ve Delseny, M. (2001). Genomic analysis of the Hsp70 superfamily in *Arabidopsis thaliana*. *Cell stress & chaperones*, 6(3), 201-208. doi: 10.1379/1466-1268(2001)006<0201:gaoths>2.0.co;2
- Liu, S., Zhang, P., Cong, B., Liu, C., Lin, X., Shen, J. ve Huang, X. (2010). Molecular cloning and expression analysis of a cytosolic Hsp70 gene from Antarctic ice algae *Chlamydomonas* sp. ICE-L. *Extremophiles*, 14(3), 329-337.

- Livak, K. J. ve Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using real-time quantitative PCR and the  $2^{-\Delta\Delta CT}$  method. *methods*, 25(4), 402-408.
- Lopes-Caitar, V. S., de Carvalho, M. C. C. G., Darben, L. M., Kuwahara, M. K., Nepomuceno, A. L., Dias, W. P., . . . Marcelino-Guimarães, F. C. (2013). Genome-wide analysis of the Hsp 20 gene family in soybean: comprehensive sequence, genomic organization and expression profile analysis under abiotic and biotic stresses. *BMC genomics*, 14(1), 577. doi: 10.1186/1471-2164-14-577
- Lubben, T. H., Donaldson, G. K., Viitanen, P. V. ve Gatenby, A. A. (1989). Several proteins imported into chloroplasts form stable complexes with the GroEL-related chloroplast molecular chaperone. *The Plant Cell*, 1(12), 1223-1230.
- Lynch, M. ve Conery, J. S. (2000). The Evolutionary Fate and Consequences of Duplicate Genes. *Science*, 290(5494), 1151-1155. doi: doi:10.1126/science.290.5494.1151
- Mahajan, S. ve Tuteja, N. (2005). Cold, salinity and drought stresses: An overview. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 444(2), 139-158. doi: <https://doi.org/10.1016/j.abb.2005.10.018>
- Mantri, N., Basker, N., Ford, R., Pang, E. ve Pardeshi, V. (2013). The role of micro-ribonucleic acids in legumes with a focus on abiotic stress response. *The Plant Genome*, 6(3), plantgenome2013.2005.0013.
- McCouch, S. R. (2001). Genomics and synteny. *Plant physiology*, 125(1), 152-155.
- Miernyk, J. A. (2001). The J-domain proteins of *Arabidopsis thaliana*: an unexpectedly large and diverse family of chaperones. *Cell stress & chaperones*, 6(3), 209-218. doi: 10.1379/1466-1268(2001)006<0209:tjdpoa>2.0.co;2
- Minoche, A. E., Dohm, J. C., Schneider, J., Holtgräwe, D., Viehöver, P., Montfort, M., . . . Himmelbauer, H. (2015). Exploiting single-molecule transcript sequencing for eukaryotic gene prediction. *Genome Biology*, 16(1), 184. doi: 10.1186/s13059-015-0729-7
- Mishra, V. ve Cherkauer, K. A. (2010). Retrospective droughts in the crop growing season: Implications to corn and soybean yield in the Midwestern United States. *Agricultural and Forest Meteorology*, 150(7-8), 1030-1045.
- Mitchell, C. A. (1996). Recent advances in plant response to mechanical stress: theory and application. *HortScience*, 31(1), 31-35.
- Mittler, R., Finka, A. ve Goloubinoff, P. (2012). How do plants feel the heat? *Trends in Biochemical Sciences*, 37(3), 118-125.
- Mogk, A. ve Bukau, B. (2017). Role of sHsps in organizing cytosolic protein aggregation and disaggregation. *Cell Stress and Chaperones*, 22(4), 493-502. doi: 10.1007/s12192-017-0762-4

- Mun, B.-G., Hussain, A., Park, E.-J., Lee, S.-U., Sharma, A., Imran, Q. M., . . . Yun, B.-W. (2017). Profile and Time-Scale Dynamics of Differentially Expressed Genes in Transcriptome of *Populus davidiana* Under Drought Stress. *Plant Molecular Biology Reporter*, 35(6), 647-660. doi: 10.1007/s11105-017-1052-0
- Nadeau, J. H. ve Taylor, B. A. (1984). Lengths of chromosomal segments conserved since divergence of man and mouse. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 81(3), 814-818.
- NS, N., SP, A., Sinha, D., Veedin Rajan, V. B., Esthaki, V. K. ve D’Silva, P. (2012). HSPIR: a manually annotated heat shock protein information resource. *Bioinformatics*, 28(21), 2853-2855.
- Pearl, L. H. ve Prodromou, C. (2006). Structure and Mechanism of the Hsp90 Molecular Chaperone Machinery. *Annual Review of Biochemistry*, 75(1), 271-294. doi: 10.1146/annurev.biochem.75.103004.142738
- Peng, L., Fukao, Y., Myouga, F., Motohashi, R., Shinozaki, K. ve Shikanai, T. (2011). A chaperonin subunit with unique structures is essential for folding of a specific substrate. *PLoS biology*, 9(4), e1001040.
- Poulain, P., Gelly, J.-C. ve Flatters, D. (2010). Detection and Architecture of Small Heat Shock Protein Monomers. *PLOS ONE*, 5(4), e9990. doi: 10.1371/journal.pone.0009990
- Qiu, X. B., Shao, Y. M., Miao, S. ve Wang, L. (2006). The diversity of the DnaJ/Hsp40 family, the crucial partners for Hsp70 chaperones. *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS*, 63(22), 2560-2570. doi: 10.1007/s00018-006-6192-6
- Qu, A.-L., Ding, Y.-F., Jiang, Q. ve Zhu, C. (2013). Molecular mechanisms of the plant heat stress response. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 432(2), 203-207. doi: <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2013.01.104>
- Reddy, A. R., Chaitanya, K. V. ve Vivekanandan, M. (2004). Drought-induced responses of photosynthesis and antioxidant metabolism in higher plants. *Journal of Plant Physiology*, 161(11), 1189-1202. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2004.01.013>
- Restrepo-Montoya, D., McClean, P. E. ve Osorno, J. M. (2021). Orthology and synteny analysis of receptor-like kinases “RLK” and receptor-like proteins “RLP” in legumes. *BMC genomics*, 22(1), 113. doi: 10.1186/s12864-021-07384-w
- Ritossa, F. (1962). A new puffing pattern induced by temperature shock and DNP in *drosophila*. *Experientia*, 18(12), 571-573. doi: 10.1007/BF02172188
- Rizhsky, L., Liang, H. ve Mittler, R. (2002). The combined effect of drought stress and heat shock on gene expression in tobacco. *Plant physiology*, 130(3), 1143-1151.

- Rizhsky, L., Liang, H., Shuman, J., Shulaev, V., Davletova, S. ve Mittler, R. (2004). When Defense Pathways Collide. The Response of Arabidopsis to a Combination of Drought and Heat Stress *Plant physiology*, *134*(4), 1683-1696. doi: 10.1104/pp.103.033431
- Rosenzweig, R., Nillegoda, N. B., Mayer, M. P. ve Bukau, B. (2019). The Hsp70 chaperone network. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, *20*(11), 665-680. doi: 10.1038/s41580-019-0133-3
- Saibil, H. (2013). Chaperone machines for protein folding, unfolding and disaggregation. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, *14*(10), 630-642. doi: 10.1038/nrm3658
- Santhanagopalan, I., Basha, E., Ballard, K. N., Bopp, N. E. ve Vierling, E. (2015). Model chaperones: small heat shock proteins from plants *The big book on small heat shock proteins* (pp. 119-153): Springer.
- Sarkar, N. K., Kim, Y.-K. ve Grover, A. (2009). Rice sHsp genes: genomic organization and expression profiling under stress and development. *BMC genomics*, *10*(1), 1-18.
- Sarkar, N. K., Thapar, U., Kundnani, P., Panwar, P. ve Grover, A. (2013). Functional relevance of J-protein family of rice (*Oryza sativa*). *Cell Stress and Chaperones*, *18*(3), 321-331.
- Scharf, K. D., Siddique, M. ve Vierling, E. (2001). The expanding family of Arabidopsis thaliana small heat stress proteins and a new family of proteins containing alpha-crystallin domains (Acd proteins). *Cell stress & chaperones*, *6*(3), 225-237. doi: 10.1379/1466-1268(2001)006<0225:tefoat>2.0.co;2
- Schopf, F. H., Biebl, M. M. ve Buchner, J. (2017). The HSP90 chaperone machinery. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, *18*(6), 345-360. doi: 10.1038/nrm.2017.20
- Shao, H.-B., Guo, Q.-J., Chu, L.-Y., Zhao, X.-N., Su, Z.-L., Hu, Y.-C. ve Cheng, J.-F. (2007). Understanding molecular mechanism of higher plant plasticity under abiotic stress. *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces*, *54*(1), 37-45.
- Silveira, R., Abreu, F., Mamidi, S., McClean, P., Vianello, R., Lanna, A., . . . Brondani, C. (2015). Expression of drought tolerance genes in tropical upland rice cultivars (*Oryza sativa*). *Embrapa Milho e Sorgo-Artigo em periódico indexado (ALICE)*.
- Singh, R. K., Jaishankar, J., Muthamilarasan, M., Shweta, S., Dangi, A. ve Prasad, M. (2016). Genome-wide analysis of heat shock proteins in C4 model, foxtail millet identifies potential candidates for crop improvement under abiotic stress. *Scientific Reports*, *6*(1), 32641. doi: 10.1038/srep32641
- Song, K., Yim, W. C. ve Lee, B.-M. (2017). Expression of Heat Shock Proteins by heat stress in Soybean. *Plant Breeding and Biotechnology*, *5*(4), 344-353.

- Sung, D. Y., Vierling, E. ve Guy, C. L. (2001). Comprehensive Expression Profile Analysis of the Arabidopsis Hsp70 Gene Family. *Plant physiology*, 126(2), 789-800. doi: 10.1104/pp.126.2.789
- Sunulu, S. ve Sunulu, A. (2016). Şeker Pancarında Cercospora Yaprak Lekesi Hastalığı. *Pankobirlik*, 27(108), 34.
- Suyama, M., Torrents, D. ve Bork, P. (2006). PAL2NAL: robust conversion of protein sequence alignments into the corresponding codon alignments. *Nucleic Acids Research*, 34(suppl\_2), W609-W612. doi: 10.1093/nar/gkl315
- Suzuki, K., Nakanishi, H., Bower, J., Yoder, D. W., Osteryoung, K. W. ve Miyagishima, S.-y. (2009). Plastid chaperonin proteins Cpn60 $\alpha$  and Cpn60 $\beta$  are required for plastid division in Arabidopsis thaliana. *BMC plant biology*, 9(1), 1-12.
- Şanlı, B. A. ve Öztürk Gökçe, Z. N. (2021). Investigating effect of miR160 through overexpression in potato cultivars under single or combination of heat and drought stresses. *Plant Biotechnology Reports*, 15(3), 335-348. doi: 10.1007/s11816-021-00677-2
- Techtmann, S. M. ve Robb, F. T. (2010). Archaeal-like chaperonins in bacteria. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(47), 20269-20274. doi: doi:10.1073/pnas.1004783107
- TUİK. (2022). <https://biruni.tuik.gov.tr/medas/?kn=92&locale=tr>. Erişim tarihi:22/04/2022.
- Türkşeker. (2020). 2020 Sektör Raporu. [https://www.turkseker.gov.tr/data/dokumanlar/2020\\_Sektor\\_Raporu.pdf](https://www.turkseker.gov.tr/data/dokumanlar/2020_Sektor_Raporu.pdf). Erişim tarihi: 22/04/2022.
- Vardharajula, S., Zulfikar Ali, S., Grover, M., Reddy, G. ve Bandi, V. (2011). Drought-tolerant plant growth promoting Bacillus spp.: effect on growth, osmolytes, and antioxidant status of maize under drought stress. *Journal of Plant Interactions*, 6(1), 1-14.
- Wang, W., Vinocur, B., Shoseyov, O. ve Altman, A. (2004). Role of plant heat-shock proteins and molecular chaperones in the abiotic stress response. *Trends in plant science*, 9(5), 244-252. doi: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2004.03.006>
- Wang, Y. (2017). PlantRGDB: A Database of Plant Retrocopied Genes. *Plant and Cell Physiology*, 58(1), e2-e2. doi: 10.1093/pcp/pcw210
- Wang, Y., Lin, S., Song, Q., Li, K., Tao, H., Huang, J., . . . He, H. (2014). Genome-wide identification of heat shock proteins (Hsps) and Hsp interactors in rice: Hsp70s as a case study. *BMC genomics*, 15(1), 344. doi: 10.1186/1471-2164-15-344
- Wang, Z., Gerstein, M. ve Snyder, M. (2009). RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nature Reviews Genetics*, 10(1), 57-63. doi: 10.1038/nrg2484

- Waters, E. R. (2012). The evolution, function, structure, and expression of the plant sHSPs. *Journal of experimental botany*, 64(2), 391-403. doi: 10.1093/jxb/ers355
- Waters, E. R., Lee, G. J. ve Vierling, E. (1996). Evolution, structure and function of the small heat shock proteins in plants. *Journal of experimental botany*, 47(3), 325-338.
- Wu, G.-Q., Liang, N., Feng, R.-J. ve Zhang, J.-J. (2013). Evaluation of salinity tolerance in seedlings of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) cultivars using proline, soluble sugars and cation accumulation criteria. *Acta Physiologiae Plantarum*, 35(9), 2665-2674.
- Xing, W., Pi, Z., Liu, J., Li, X., Zou, Y., Wang, M., . . . Wu, Z. (2020). Comparative transcriptome analysis reveals an ABA-responsive regulation network associated with cell wall organization and oxidation reduction in sugar beet. *Plant Growth Regulation*, 91(1), 127-141. doi: 10.1007/s10725-020-00592-6
- Xu, J., Xue, C., Xue, D., Zhao, J., Gai, J., Guo, N. ve Xing, H. (2013). Overexpression of GmHsp90s, a heat shock protein 90 (Hsp90) gene family cloning from soybean, decrease damage of abiotic stresses in *Arabidopsis thaliana*. *PLOS ONE*, 8(7), e69810.
- Xu, Z., Horwich, A. L. ve Sigler, P. B. (1997). The crystal structure of the asymmetric GroEL–GroES–(ADP)<sub>7</sub> chaperonin complex. *Nature*, 388(6644), 741-750. doi: 10.1038/41944
- Yer, E. N., Baloglu, M. C. ve Ayan, S. (2018). Identification and expression profiling of all Hsp family member genes under salinity stress in different poplar clones. *Gene*, 678, 324-336. doi: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2018.08.049>
- Young, J. C., Moarefi, I. ve Hartl, F. U. (2001). Hsp90: a specialized but essential protein-folding tool. *The Journal of cell biology*, 154(2), 267-273. doi: 10.1083/jcb.200104079
- Zhang, L., Zhao, H.-K., Dong, Q.-L., Zhang, Y.-Y., Wang, Y.-M., Li, H.-Y., . . . Dong, Y.-S. (2015). Genome-wide analysis and expression profiling under heat and drought treatments of HSP70 gene family in soybean (*Glycine max* L.). *Frontiers in plant science*, 6, 773.
- Zhou, W., Zhou, T., Li, M. X., Zhao, C. L., Jia, N., Wang, X. X., . . . Zhou, R. G. (2012). The *Arabidopsis* J-protein AtDjB1 facilitates thermotolerance by protecting cells against heat-induced oxidative damage. *New Phytologist*, 194(2), 364-378.
- Zhou, X., Wang, G., Sutoh, K., Zhu, J.-K. ve Zhang, W. (2008). Identification of cold-inducible microRNAs in plants by transcriptome analysis. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*, 1779(11), 780-788. doi: <https://doi.org/10.1016/j.bbagrm.2008.04.005>

# **EKLER**

## EK 1 Şeker Pancarı sHsp Proteini Kataloğu

Protein Adı	NCBI Erişim No.	Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)	Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı ya da Kararsız
BvsHsp-01	XP_010691944.1	Chr 1	257,464	258,868	167	9,28	18703,27	49,71	Kararsız
BvsHsp-02	XP_010674892.1	Chr 1	8,315,941	8,316,992	201	5,70	22879,34	43,84	Kararsız
BvsHsp-03	XP_010675372.1	Chr 1	9,279,909	9,293,404	424	5,32	46908,13	53,25	Kararsız
BvsHsp-04	XP_010680761.1	Chr 1	19,788,786	19,791,364	252	4,76	28725,42	41,67	Kararsız
BvsHsp-05	XP_010689968.1	Chr 2	852,766	853,622	149	6,34	17246,6	57,93	Kararsız
BvsHsp-06	XP_010690464.1	Chr 2	1,417,534	1,418,495	158	5,59	18457,86	62,07	Kararsız
BvsHsp-07	XP_010691818.1	Chr 2	2,646,420	2,647,314	160	6,76	18236,48	34,58	Kararlı
BvsHsp-08	XP_010691880.1	Chr 2	2,693,538	2,694,491	152	5,04	17214,19	42,89	Kararsız
BvsHsp-09	XP_010691892.1	Chr 2	2,695,786	2,696,726	158	5,99	18351,72	64,54	Kararsız
BvsHsp-10	XP_010669350.1	Chr 2	13,802,800	13,803,563	161	5,96	18224,95	34,01	Kararlı
BvsHsp-11	XP_010669352.1	Chr 2	13,815,183	13,816,252	163	6,17	18288,93	33,47	Kararlı
BvsHsp-12	XP_010670122.1	Chr 2	29,055,369	29,059,576	140	7,03	15819,87	44,38	Kararsız
BvsHsp-13	XP_010694375.1	Chr 4	211,532	214,549	338	9,36	38050,34	48,81	Kararsız
BvsHsp-14	XP_010694270.1	Chr 4	1,551,324	1,554,122	193	5,10	22223,14	41,58	Kararsız
BvsHsp-15	XP_010674412.1	Chr 4	7,877,028	7,878,357	204	7,74	22552,75	30,64	Kararlı
BvsHsp-16	XP_010674413.1	Chr 4	7,881,199	7,882,566	187	7,85	20594,65	52,77	Kararsız
BvsHsp-17	XP_010674414.1	Chr 4	7,890,484	7,892,644	185	8,52	20194,39	47,12	Kararsız
BvsHsp-18	XP_010674415.1	Chr 4	7,899,552	7,900,760	185	7,89	20095,95	51,9	Kararsız
BvsHsp-19	XP_010674416.1	Chr 4	7,906,949	7,908,497	182	6,51	20092,33	52,86	Kararsız
BvsHsp-20	XP_010674779.1	Chr 4	12,045,232	12,049,921	382	7,01	43088,35	51,41	Kararsız
BvsHsp-21	XP_010695165.1	Chr 5	412,871	414,073	212	5,69	24053,25	51,03	Kararsız
BvsHsp-22	XP_010677816.1	Chr 5	24,763,670	24,764,943	215	8,95	23189,24	46,01	Kararsız
BvsHsp-23	XP_010677818.1	Chr 5	24,800,618	24,802,145	230	8,97	24775,18	48,97	Kararsız
BvsHsp-24	XP_010678474.1	Chr 5	41,971,115	41,972,039	174	4,92	19594,9	35	Kararlı
BvsHsp-25	XP_010678578.1	Chr 5	43,416,263	43,418,499	457	5,17	50850,84	46,98	Kararsız

**EK 1' in devamı;**

BvsHsp-26	XP_010680831.1	Chr 6	13,552,660	13,553,570	158	5,99	18237,63	62,87	Kararsız
BvsHsp-27	XP_010682100.1	Chr 6	41,971,700	41,972,664	190	7,90	21731,3	40,88	Kararsız
BvsHsp-28	XP_010696304.1	Chr 7	342,777	344,116	182	7,81	20016,08	61,04	Kararsız
BvsHsp-29	XP_010695975.1	Chr 7	350,857	365,164	336	8,69	37504,55	40,07	Kararsız
BvsHsp-30	XP_010685251.1	Chr 7	35,820,663	35,823,160	146	7,70	16340,85	25,25	Kararlı
BvsHsp-31	XP_010685493.1	Chr 7	39,141,166	39,142,821	226	8,24	26068,12	71,98	Kararsız
BvsHsp-32	XP_010685494.1	Chr 7	39,148,047	39,149,586	245	5,57	28373,31	60,17	Kararsız
BvsHsp-33	XP_010685785.1	Chr 7	41,586,863	41,587,753	159	6,35	18125,51	47,44	Kararsız
BvsHsp-34	XP_010665560.1	Chr 8	1,119,196	1,120,023	140	6,43	16407,58	32,82	Kararlı
BvsHsp-35	XP_010686449.1	Chr 8	2,729,044	2,731,092	190	6,84	21398,55	33,94	Kararlı
BvsHsp-36	XP_010689053.1	Chr 9	5,853,678	5,854,294	163	6,17	18324,96	32,59	Kararlı
BvsHsp-37	XP_010689955.1	Chr 9	26,367,942	26,370,528	210	7,83	23961,13	36,68	Kararlı
BvsHsp-38	XP_010689960.1	Chr 9	26,400,996	26,404,771	273	9,19	30348,62	59,22	Kararsız
BvsHsp-39	XP_010691141.1	Chr 9	40,116,651	40,120,002	261	6,98	29409,2	48,13	Kararsız
BvsHsp-40	XP_010668485.1	scaffold	515	862	116	5,07	13105,74	43,03	Kararsız
BvsHsp-41	XP_010667653.1	scaffold	13,36	15,938	154	5,83	17287,93	47,88	Kararsız
BvsHsp-42	XP_010666147.1	scaffold	218,551	221,66	237	6,62	26653,46	46,48	Kararsız

## EK 2 BvsHsp Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk	e-değeri	Benzerlik	Gen Ontoloji
BvsHsp-01	17.6 kDa class II heat shock protein-like	167	3,51E-87	73.95	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt; ;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-02	22.0 kDa class IV heat shock protein	201	1,08E-114	85.62	endoplazmik retikulum; protein katlanması; protein fosforilasyonu; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-03	AT-rich interactive domain-containing protein 5-like isoform X1	424	0.0	85.79	DNA bağlayıcı transkripsiyon aktivatör aktivitesi, nucleus
BvsHsp-04	titin homolog	252	1,66E-157	74.88	membran
BvsHsp-05	17.8 kDa class I heat shock protein-like	149	2,63E-75	87.92	sitoplazma; protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-06	17.8 kDa class I heat shock protein-like	158	1,58E-92	92.43	sitoplazma; protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-07	17.3 kDa class I heat shock protein-like	160	1,45E-91	86.43	sitoplazma; protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-08	18.1 kDa class I heat shock protein-like	152	1,62E-84	83.26	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-09	17.8 kDa class I heat shock protein-like	158	1,88E-93	92.04	sitoplazma; protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-10	17.9 kDa class II heat shock protein	161	2,39E-91	81.23	sitoplazma; protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-11	17.9 kDa class II heat shock protein	163	4,57E-85	83.89	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-12	15.7 kDa heat shock protein, peroxisomal	140	9,95E-93	82.44	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-13	inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2	338	0.0	53.74	membran; transferaz aktivitesi;metilasyon; metal iyon bağlama
BvsHsp-14	21.7 kDa class VI heat shock protein	193	1,51E-134	84.36	
BvsHsp-15	small heat shock protein, chloroplastic-like	204	8,34E-103	67.76	protein fosforilasyonu; transferaz aktivitesi; F:protein serine kinase activity; F:protein threonine kinase activity
BvsHsp-16	small heat shock protein, chloroplastic-like	187	1,78E-128	83.63	protein fosforilasyonu; F:protein serine kinase activity

**EK 2' nin devamı;**

BvsHsp-17	small heat shock protein, chloroplastic-like	185	5,28E-116	86.93	protein fosforilasyonu; F:protein serine kinase activity; F:protein threonine kinase activity
BvsHsp-18		185			
BvsHsp-19	small heat shock protein, chloroplastic-like	182	2,38E-104	79.73	F:protein serine/threonine kinase activity
BvsHsp-20	increased DNA methylation 2-like	382	0.0	70.15	nucleus
BvsHsp-21	Heat shock 22 kDa protein, mitochondrial	212	6,29E-113	80.59	kloroplast; stroma
BvsHsp-22	inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	215	4,13E-128	71.37	
BvsHsp-23	inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	230	3,20E-152	71.71	membran
BvsHsp-24	17.3 kDa class I heat shock protein-like	174	3,14E-80	63.61	nucleus; protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-25	inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	457	0.0	65.64	membran
BvsHsp-26	17.8 kDa class I heat shock protein-like	158	1,36E-93	91.92	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-27	22.7 kDa class IV heat shock protein-like	190	1,71E-120	79.39	sitoplazma
BvsHsp-27	22.7 kDa class IV heat shock protein-like	190	1,71E-120	79.39	sitoplazma
BvsHsp-28	small heat shock protein, chloroplastic-like	182	1,84E-112	84.8	protein fosforilasyonu
BvsHsp-29	AT-rich interactive domain-containing protein 3-like	336	0.0	88.56	DNA bağlayıcı transkripsiyon aktivatör aktivitesi,nucleus
BvsHsp-30		146			
BvsHsp-31	inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2-like	226	5,08E-112	84.08	
BvsHsp-32	inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2	245	4,74E-141	76.73	
BvsHsp-33	17.4 kDa class I heat shock protein-like	159	1,72E-82	91.59	sitoplazma; protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt ;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-34	15.4 kDa class V heat shock protein	140	1,81E-79	81.32	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması
BvsHsp-35	23.6 kDa heat shock protein, mitochondrial	190	8,37E-135	65.55	

**EK 2' nin devamı;**

BvsHsp-36	17.9 kDa class II heat shock protein	163	1,21E-88	84.1	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-37	small heat shock protein, chloroplastic isoform X1	210	2,08E-138	68.53	
BvsHsp-38	putative small heat shock protein	273	0.0	70.26	
BvsHsp-39	26.5 kDa heat shock protein, mitochondrial	261	0.0	68.67	protein katlanması; ısıya yanıt; tuz stresine yanıt; ;katlanmamış protein bağlanması; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvsHsp-40	heat-shock protein Hsp20	116	2,04E-72	93.58	
BvsHsp-41	small heat shock protein, chloroplastic-like	154	6,72E-107	68.77	transferaz aktivitesi
BvsHsp-42	small heat shock protein, chloroplastic-like	237	1,00E-143	76.34	

**EK 3 *BvsHsp* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Gen	Kromozom	Duplikasyon	Edeđeri	Homoloji(%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvsHsp-05	2	BvsHsp-06	1e-88	87.97	564,768	0,123	0,030	0,245	0,945
BvsHsp-05	2	BvsHsp-09	3e-83	84.71	1,843,020	0,234	0,060	0,257	1,802
BvsHsp-05	2	BvsHsp-08	1e-72	66.45	1,840,772	53,309	0,204	0,004	410,072
BvsHsp-05	2	BvsHsp-07	8e-62	66.25	1,793,654	3,085	0,212	0,069	23,729
BvsHsp-06	2	BvsHsp-09	4e-96	90.51	1,278,252	0,202	0,051	0,251	1,553
BvsHsp-06	2	BvsHsp-08	9e-75	66.25	1,276,004	3,753	0,184	0,049	28,870
BvsHsp-06	2	BvsHsp-07	4e-65	68.12	1,228,886	57,452	0,222	0,004	441,938
BvsHsp-07	2	BvsHsp-09	2e-66	69.33	49,366	56,667	0,214	0,004	435,899
BvsHsp-08	2	BvsHsp-09	1e-67	69.18	2,248	4,231	0,200	0,047	32,549
BvsHsp-16	4	BvsHsp-17	9e-107	77.96	9,285	0,468	0,135	0,289	3,602
BvsHsp-16	4	BvsHsp-18	2e-102	75.27	18,353	0,558	0,158	0,283	4,294
BvsHsp-16	4	BvsHsp-19	1e-85	65.22	25,750	0,796	0,231	0,291	6,125
BvsHsp-17	4	BvsHsp-18	3e-123	89.73	9,068	0,340	0,059	0,174	2,612
BvsHsp-17	4	BvsHsp-19	3e-88	68.28	16,465	0,888	0,235	0,265	6,833
BvsHsp-18	4	BvsHsp-19	8e-86	65.59	7,397	0,939	0,248	0,264	7,222
<b>Ortalama</b>						<b>12,203</b>	<b>0,163</b>	<b>0,166</b>	<b>93,870</b>

**EK 4 *BvsHsp* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Gen1	Kromozom	Gen2	Kro	Edeđeri	Homoloji(%)	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvsHsp-03	Chr 1	BvsHsp-29	Chr 7	9e-128	65.45	8,902	0,323	0,036	68,475
BvsHsp-05	Chr 2	BvsHsp-26	Chr 6	3e-86	84.81	0,583	0,048	0,081	4,487
BvsHsp-06	Chr 2	BvsHsp-26	Chr 6	1e-95	89.24	0,472	0,052	0,110	3,631
BvsHsp-06	Chr 2	BvsHsp-33	Chr 7	3e-77	71.52	26,010	0,203	0,008	200,075
BvsHsp-09	Chr 2	BvsHsp-26	Chr 6	2e-93	87.97	0,506	0,062	0,122	3,889
BvsHsp-09	Chr 2	BvsHsp-33	Chr 7	4e-77	70.25	28,197	0,202	0,007	216,902
BvsHsp-11	Chr 2	BvsHsp-36	Chr 9	2e-116	96.93	0,043	0,014	0,323	0,331
BvsHsp-16	Chr 4	BvsHsp-28	Chr 7	6e-91	70.81	0,978	0,199	0,204	7,520
BvsHsp-17	Chr 4	BvsHsp-28	Chr 7	6e-102	76.63	0,925	0,144	0,156	7,115
BvsHsp-18	Chr 4	BvsHsp-28	Chr 7	6e-96	72.83	0,822	0,165	0,201	6,324
BvsHsp-19	Chr 4	BvsHsp-28	Chr 7	1e-80	65.38	1,161	0,296	0,255	8,928
BvsHsp-26	Chr 6	BvsHsp-33	Chr 7	5e-75	69.62	10,538	0,205	0,019	81,062
<b>Ortalama</b>						<b>6,595</b>	<b>0,159</b>	<b>0,127</b>	<b>50,728</b>

**EK 5 BvsHsp Genlerinin Arabidopsis, Çeltik, Kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri  
ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Şeker Pancarı	Kromozom	Arabidopsis Genleri	Kro	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvsHsp-04	1	AT1G76770.1	1	4,5702	0,4846	0,1060	35,1552
BvsHsp-05	2	AT2G29500.1	2	18,1528	0,1848	0,0102	139,6366
BvsHsp-09	2	AT2G29500.1	2	18,1528	0,1848	0,0102	139,6366
BvsHsp-10	2	AT5G12020.1	5	2,1547	0,2580	0,1197	16,5749
BvsHsp-12	2	AT5G37670.1	5	2,4083	0,2720	0,1129	18,5252
BvsHsp-13	4	AT3G10680.1	3	5,9621	0,8781	0,1473	45,8623
BvsHsp-13	4	AT5G04890.1	5	14,4223	0,8672	0,0601	110,9408
BvsHsp-14	4	AT5G54660.1	5	42,9159	0,4604	0,0107	330,1223
BvsHsp-20	4	AT1G54840.1	1	7,4544	0,5560	0,0746	57,3415
BvsHsp-24	5	AT5G61400.1	5	1,9831	1,0904	0,5498	15,2546
BvsHsp-30	7	AT1G54050.1	1	1,7664	0,3898	0,2207	13,5877
BvsHsp-32	7	AT2G27140.1	2	21,5118	0,5265	0,0245	165,4756
BvsHsp-32	7	AT5G20970.1	5	1,8154	0,6034	0,3324	13,9645
BvsHsp-34	8	AT4G21870.1	4	1,4107	0,3483	0,2469	10,8516
BvsHsp-39	9	AT1G52560.1	1	2,4535	0,4849	0,1976	18,8731
BvsHsp-42	scaffold	AT4G27670.1	4	11,6545	0,3442	0,0295	89,6500
<b>Ortalama</b>				<b>9,924</b>	<b>0,496</b>	<b>0,141</b>	<b>76,341</b>

Şeker Pancarı	Kromozom	Soya Fasulyesi Genleri	Kro	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvsHsp-30	7	LOC_Os02g54140.1	2	54,2498	0,4981	0,0092	417,3062
BvsHsp-34	8	LOC_Os07g33350.1	7	46,4574	0,7295	0,0157	357,3646
BvsHsp-10	2	LOC_Os02g12610.1	2	57,8226	0,4078	0,0071	444,7892
BvsHsp-09	2	LOC_Os03g15960.1	3	23,6884	0,1895	0,0080	182,2185
BvsHsp-07	2	LOC_Os03g16030.1	3	15,2790	0,2318	0,0152	117,5308
<b>Ortalama</b>				<b>39,499</b>	<b>0,411</b>	<b>0,011</b>	<b>303,842</b>

Şeker Pancarı	Kromozom	Kavak Genleri	Kro	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvsHsp-04	1	Potri.002G067700.1	2	2,799	0,639	0,228	21,532
BvsHsp-04	1	Potri.005G192700.1	5	3,890	0,575	0,148	29,925
BvsHsp-06	2	Potri.001G238700.1	1	3,171	0,126	0,040	24,391
BvsHsp-06	2	Potri.008G062300.1	8	11,287	0,183	0,016	86,820
BvsHsp-06	2	Potri.010G195700.1	10	6,751	0,165	0,024	51,931
BvsHsp-07	2	Potri.008G062350.1	8	6,769	0,201	0,030	52,072

**EK 5'in devamı;**

BvsHsp-10	2	Potri.006G223900.1	6	2,649	0,235	0,089	20,378
BvsHsp-12	2	Potri.017G130700.2	17	18,665	0,197	0,011	143,575
BvsHsp-13	4	Potri.008G013800.1	8	2,035	0,591	0,290	15,657
BvsHsp-13	4	Potri.010G245500.1	10	18,044	0,634	0,035	138,799
BvsHsp-14	4	Potri.001G416200.1	1	17,452	0,296	0,017	134,246
BvsHsp-14	4	Potri.011G131800.1	11	26,579	0,283	0,011	204,453
BvsHsp-20	4	Potri.013G024600.2	13	15,839	0,404	0,026	121,838
BvsHsp-21	5	Potri.003G109200.1	3	22,267	0,312	0,014	171,282
BvsHsp-21	5	Potri.003G076000.1	3	20,079	0,377	0,019	154,452
BvsHsp-22	5	Potri.013G054700.2	13	37,394	0,513	0,014	287,647
BvsHsp-22	5	Potri.019G037700.1	19	2,133	0,588	0,276	16,408
BvsHsp-25	5	Potri.012G070100.1	12	3,430	0,945	0,275	26,384
BvsHsp-25	5	Potri.015G064800.1	15	51,595	0,778	0,015	396,885
BvsHsp-30	7	Potri.001G164200.1	1	25,755	0,276	0,011	198,115
BvsHsp-30	7	Potri.003G071100.1	3	19,463	0,369	0,019	149,713
BvsHsp-32	7	Potri.009G153000.1	9	16,927	0,594	0,035	130,204
BvsHsp-33	7	Potri.001G238700.1	1	3,171	0,126	0,040	24,391
BvsHsp-34	8	Potri.011G001600.1	11	18,102	0,288	0,016	139,249
BvsHsp-39	9	Potri.001G192600.1	1	19,475	0,374	0,019	149,810
BvsHsp-42	scaffold	Potri.012G022400.1	12	16,595	0,341	0,021	127,655
BvsHsp-42	scaffold	Potri.015G005801.1	15	23,935	0,370	0,015	184,117
<b>Ortalama</b>				<b>15,417</b>	<b>0,399</b>	<b>0,065</b>	<b>118,590</b>

<b>Şeker Pancarı</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Soya Genleri</b>	<b>Kro</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvsHsp-04	1	Glyma.02G081300.1	2	4,8570	0,5335	0,1098	37,3615
BvsHsp-04	1	Glyma.10G224400.1	10	8,3500	0,5424	0,0650	64,2308
BvsHsp-04	1	Glyma.20G167400.1	20	21,2360	0,4384	0,0206	163,3538
BvsHsp-09	2	Glyma.02G252800.1	2	3,4909	0,2073	0,0594	26,8531
BvsHsp-10	2	Glyma.04G054400.1	4	8,6657	0,2634	0,0304	66,6592
BvsHsp-10	2	Glyma.14G099900.1	14	11,3874	0,2743	0,0241	87,5954
BvsHsp-10	2	Glyma.14G099900.1	14	11,3874	0,2743	0,0241	87,5954
BvsHsp-10	2	Glyma.17G224900.1	17	24,4060	0,2878	0,0118	187,7385
BvsHsp-12	2	Glyma.02G244300.1	2	27,1370	0,1934	0,0071	208,7462
BvsHsp-12	2	Glyma.14G214800.1	14	2,2860	0,2066	0,0904	17,5846
BvsHsp-13	4	Glyma.06G316200.1	6	17,0090	0,6322	0,0372	130,8385
BvsHsp-14	4	Glyma.12G215300.1	12	1,5260	0,3281	0,2150	11,7385
BvsHsp-14	4	Glyma.13G286300.1	13	15,9210	0,3220	0,0202	122,4692
BvsHsp-20	4	Glyma.10G155800.1	10	22,5000	0,4438	0,0197	173,0769
BvsHsp-20	4	Glyma.20G232500.1	20	1,9400	0,4169	0,2149	14,9231
BvsHsp-22	5	Glyma.19G114200.1	19	6,2580	0,6966	0,1113	48,1385
BvsHsp-24	5	Glyma.06G196100.1	6	2,9583	1,2032	0,4067	22,7562
BvsHsp-25	5	Glyma.04G174100.1	4	6,2620	0,9110	0,1455	48,1692

**EK 5'in devamı;**

BvsHsp-25	5	Glyma.05G029500.1	5	51,6568	0,7306	0,0141	397,3600
BvsHsp-25	5	Glyma.06G190600.1	6	4,9010	0,8346	0,1703	37,7000
BvsHsp-25	5	Glyma.17G097400.1	17	39,7621	0,6979	0,0176	305,8623
BvsHsp-30	7	Glyma.07G043600.1	7	19,1120	0,3676	0,0192	147,0154
BvsHsp-32	7	Glyma.02G272500.1	2	1,8260	0,5697	0,3120	14,0462
BvsHsp-32	7	Glyma.14G045200.1	14	17,3900	0,6201	0,0357	133,7692
BvsHsp-34	8	Glyma.13G205800.1	13	3,1800	0,2236	0,0703	24,4615
BvsHsp-34	8	Glyma.15G106700.1	15	36,2380	0,2317	0,0064	278,7538
BvsHsp-39	9	Glyma.08G212000.1	8	7,9341	0,4165	0,0525	61,0315
BvsHsp-42	scaffold	Glyma.04G229800.1	4	4,7730	0,3312	0,0694	36,7154
BvsHsp-42	scaffold	Glyma.06G134900.1	6	10,1177	0,3557	0,0352	77,8285
<b>Ortalama</b>				<b>13,60</b>	<b>0,47</b>	<b>0,08</b>	<b>104,63</b>

**EK 6 BvsHsp Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu**

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
Ath-miR867	BvsHsp-34	5.0	-1.0	UUGAACAUUGGUUUUUAUAGGAA	UCCCUGA-AAACCAUGUCCA
ath-miR5016	BvsHsp-34	5.0	-1.0	UUCUUGUGGA-UUCCUUGGAAA	CCUCCGAGGAGGUUCACAAGGA
<i>Glycine max</i>					
gma-miR4411	BvsHsp-34	5.0	-1.0	UUAUUGUAAACUAAUUUGUCGGU	GAGGAUGGUGUGGUUACAGUAA
gma-miR6299	BvsHsp-38	5.0	-1.0	AUUUAAAAUUAUUGAUUUGUCA	GUGGAGAUCAAUGAUUUAGAG
Gma-miR10447a	BvsHsp-38	5.0	-1.0	UGUUUCCAUGUUGUUGAGUGAC	UCAAUCAAUGGUAUUGGAACA
Gma-miR10447b	BvsHsp-38	5.0	-1.0	UGUUUCCAUGUUGUUGAGUGAC	UCAAUCAAUGGUAUUGGAACA
Gma-miR10447c	BvsHsp-38	5.0	-1.0	UGUUUCCAUGUUGUUGAGUGAC	UCAAUCAAUGGUAUUGGAACA
Gma-miR4411	BvsHsp-34	5.0	-1.0	UUAUUGUAAACUAAUUUGUCGGU	GAGGAUGGUGUGGUUACAGUAA
Gma-miRN1339	BvsHsp-38	5.0	-1.0	CUCUGUUUGGAGAUCUUGGAUA	AGGCCGAAACCUCAAACAGGA
<i>Oryza sativa</i>					
Osa-miRN2297	BvsHsp-34	5.0	-1.0	AAGACCGGUAGAGUAGACUUG	CAUGUCUACUCUGCUGAUUU
osa-miR2091-3p	BvsHsp-34	5.0	-1.0	CAUACAUUGCCUCCUAGGCUUG	UGUGCCUAGGAGGGGAUUUGUC

## EK 7 Şeker Pancarı Hsp40 Proteini Kataloğu

Protein Adı	NCBI Erişim No.	Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)	Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı ya da Kararsız
BvHsp40-01	XP_010692860.1	Chr 1	34,189	37,398	382	6,15	43497,62	41,34	Kararsız
BvHsp40-02	XP_010692603.1	Chr 1	608,988	612,307	271	9,45	32188,53	56,85	Kararsız
BvHsp40-03	XP_010691874.1	Chr 1	1,012,673	1,013,620	184	9,54	19987,32	40,96	Kararsız
BvHsp40-04	XP_010692097.1	Chr 1	1,853,256	1,858,007	420	6,3	47052,85	43,52	Kararsız
BvHsp40-05	XP_010677962.1	Chr 1	1,045,401	1,054,138	596	8,42	67122,62	62,44	Kararsız
BvHsp40-06	XP_019104949.1	Chr 1	1,173,644	1,177,894	344	9,16	38883,95	44,51	Kararsız
BvHsp40-07	XP_010679887.1	Chr 1	1,355,115	1,356,742	255	4,98	29016,66	42,38	Kararsız
BvHsp40-08	XP_010681734.1	Chr 1	1,500,038	1,504,547	137	7,02	15767,68	62,07	Kararsız
BvHsp40-09	XP_010675177.1	Chr 1	8,929,346	8,931,384	441	8,68	47087,37	39,19	Kararlı
BvHsp40-10	XP_010675351.1	Chr 1	9,239,309	9,242,588	134	4,67	16177,11	41,84	Kararsız
BvHsp40-11	XP_019104387.1	Chr 1	11,700,713	11,706,292	661	8,34	74836,75	53,58	Kararsız
BvHsp40-12	XP_010677552.1	Chr 1	14,202,334	14,212,148	496	5,01	54515,23	34,92	Kararlı
BvHsp40-13	XP_010684702.1	Chr 1	29,588,372	29,637,069	402	5,68	44774,57	40,34	Kararsız
BvHsp40-14	XP_010687525.1	Chr 1	32,725,238	32,744,280	241	9,62	28636,72	48,13	Kararsız
BvHsp40-15	XP_019108035.1	Chr 2	6,150,651	6,152,738	207	5,98	22578,23	29,57	Kararlı
BvHsp40-16	XP_010669327.1	Chr 2	13,525,761	13,531,653	243	4,86	26833,17	51,09	Kararsız
BvHsp40-17	XP_010669375.1	Chr 2	14,238,177	14,241,804	216	5,41	23821,46	43,68	Kararsız
BvHsp40-18	XP_010669671.1	Chr 2	18,764,775	18,769,357	110	10,19	11891,81	34,72	Kararlı
BvHsp40-19	XP_010670765.1	Chr 2	39,534,970	39,539,366	330	8,23	36910,42	37,97	Kararlı
BvHsp40-20	XP_010670931.1	Chr 3	270,481	276,605	269	9,64	31838,07	65,22	Kararsız
BvHsp40-21	XP_019103910.1	Chr 3	270,481	276,605	290	9,63	34026,62	64,04	Kararsız
BvHsp40-22	XP_010671081.1	Chr 3	1,729,536	1,733,365	127	4,98	14655,2	25,53	Kararlı
BvHsp40-23	XP_010671122.2	Chr 3	2,026,394	2,040,111	457	9,17	50029,76	31,03	Kararlı
BvHsp40-24	XP_010671401.1	Chr 3	3,520,789	3,521,476	184	4,51	21232,91	51,99	Kararsız
BvHsp40-25	XP_010671500.1	Chr 3	4,499,054	4,507,723	786	9,29	87287,34	41,65	Kararsız

**EK 7' nin devamı;**

BvHsp40-26	XP_010671598.1	Chr 3	5,491,155	5,503,011	685	5,62	76649,13	49,16	Kararsız
BvHsp40-27	XP_019104102.1	Chr 3	7,154,876	7,164,942	714	9,13	79825,89	41,96	Kararsız
BvHsp40-28	XP_010672045.1	Chr 3	9,269,769	9,275,475	309	8,25	34984,19	60,46	Kararsız
BvHsp40-29	XP_010672646.1	Chr 3	18,324,128	18,331,958	259	9,14	30270,02	51,96	Kararsız
BvHsp40-30	XP_010672749.1	Chr 3	19,716,122	19,719,511	292	8,49	33653,78	43,97	Kararsız
BvHsp40-31	XP_010672916.1	Chr 3	21,563,399	21,575,221	1134	8,17	123704,25	44,53	Kararsız
BvHsp40-32	XP_010673395.1	Chr 3	26,132,793	26,135,565	197	9,51	22589,29	56,07	Kararsız
BvHsp40-33	XP_010694477.1	Chr 4	6,823	11,671	419	6,16	46603,58	43,28	Kararsız
BvHsp40-34	XP_010694640.1	Chr 4	229,047	231,939	814	5,9	91253,15	36,75	Kararlı
BvHsp40-35	XP_010694849.1	Chr 4	777,822	792,298	563	8,71	64023,41	55,16	Kararsız
BvHsp40-36	XP_019108171.1	Chr 4	777,822	792,298	428	8,5	48880,26	58,92	Kararsız
BvHsp40-37	XP_010673706.1	Chr 4	2,347,307	2,358,138	1358	5,8	148274,5	45,82	Kararsız
BvHsp40-38	XP_010674147.1	Chr 4	5,423,221	5,427,050	167	5,26	18520,44	64,36	Kararsız
BvHsp40-39	XP_010674406.1	Chr 4	7,715,042	7,730,417	939	5,79	102456,66	55,47	Kararsız
BvHsp40-40	XP_010674430.1	Chr 4	8,049,285	8,058,476	725	8,53	80916,32	46,07	Kararsız
BvHsp40-41	XP_019104501.1	Chr 4	8,049,285	8,058,47	630	8,43	70277,28	42,44	Kararsız
BvHsp40-42	XP_010674751.1	Chr 4	11,834,602	11,837,262	667	6,08	74209,61	40,81	Kararsız
BvHsp40-43	XP_010674830.1	Chr 4	12,447,825	12,450,044	470	7,92	51659,97	35,8	Kararlı
BvHsp40-44	XP_010695463.1	Chr 5	2,113	3,42	155	5,54	17863,96	43,79	Kararsız
BvHsp40-45	XP_010695209.2	Chr 5	267,308	272,069	714	4,99	81966,27	54,77	Kararsız
BvHsp40-46	XP_010695155.1	Chr 5	353,120	363,952	539	9,06	59615,09	37,07	Kararlı
BvHsp40-47	XP_010695370.1	Chr 5	570,782	575,092	753	9,19	83821,84	39,12	Kararlı
BvHsp40-48	XP_010676745.1	Chr 5	6,667,782	6,673,421	347	9,25	37891,87	42,75	Kararsız
BvHsp40-49	XP_010676784.2	Chr 5	7,005,712	7,013,010	598	9,69	66369,49	35,71	Kararlı
BvHsp40-50	XP_010677389.1	Chr 5	16,336,424	16,343,783	461	9,03	53132,76	51,98	Kararsız
BvHsp40-51	XP_019105094.1	Chr 5	16,336,424	16,343,783	374	8,47	43207,47	43,84	Kararsız
BvHsp40-52	XP_010677578.1	Chr 5	20,956,107	20,973,371	264	6,76	30743,8	65,82	Kararsız
BvHsp40-53	XP_010678005.1	Chr 5	29,406,101	29,431,656	539	9,1	59848,03	53,97	Kararsız

**EK 7' nin devamı;**

BvHsp40-54	XP_010678209.1	Chr 5	36,198,046	36,212,632	186	9,47	21271,64	44,61	Kararsız
BvHsp40-55	XP_010678210.1	Chr 5	36,198,046	36,212,632	149	9,95	17199,05	38,41	Kararlı
BvHsp40-56	XP_010678482.1	Chr 5	42,034,359	42,062,445	714	5,43	80829,61	50,02	Kararsız
BvHsp40-57	XP_010678594.1	Chr 5	43,679,393	43,688,294	345	9,2	38050,85	39,07	Kararlı
BvHsp40-58	XP_010679350.1	Chr 5	51,305,773	51,315,836	348	6,17	39141,5	35,62	Kararlı
BvHsp40-59	XP_010679507.1	Chr 5	52,332,955	52,337,261	132	10,19	14707,92	45,18	Kararsız
BvHsp40-60	XP_010695808.1	Chr 6	29,378	42,371	412	6,31	45386,93	38,54	Kararlı
BvHsp40-61	XP_019105584.1	Chr 6	843,774	849,995	534	6,41	61182,79	48,06	Kararsız
BvHsp40-62	XP_010679689.1	Chr 6	1,978,152	1,982,402	112	9,99	12387,39	29,1	Kararlı
BvHsp40-63	XP_010679930.1	Chr 6	4,152,003	4,153,112	155	9,12	17079,23	69,06	Kararsız
BvHsp40-64	XP_010680284.1	Chr 6	7,011,894	7,020,194	265	9,74	30368,78	37,72	Kararlı
BvHsp40-65	XP_010680332.1	Chr 6	7,488,382	7,489,983	394	5	43880,56	46,87	Kararsız
BvHsp40-66	XP_010681077.1	Chr 6	17,121,786	17,126,646	117	9,67	12846,71	45,69	Kararsız
BvHsp40-67	XP_010681131.1	Chr 6	18,875,968	18,886,322	559	5,41	63299,36	54,77	Kararsız
BvHsp40-68	XP_010681803.1	Chr 6	33,396,148	33,407,484	1748	5	194691,55	50,03	Kararsız
BvHsp40-69	XP_010681957.1	Chr 6	37,424,987	37,433,705	147	4,71	16695,76	68,36	Kararsız
BvHsp40-70	XP_019105875.1	Chr 6	37,424,987	37,433,705	119	6,73	13547,45	46,99	Kararsız
BvHsp40-71	XP_010682046.1	Chr 6	40,457,363	40,485,350	280	5,84	31309,33	50,36	Kararsız
BvHsp40-72	XP_010682099.1	Chr 6	41,956,624	41,962,176	295	8,66	33500,32	52,82	Kararsız
BvHsp40-73	XP_010682400.1	Chr 6	49,652,373	49,660,224	412	8,7	46619,86	49,42	Kararsız
BvHsp40-74	XP_010682627.1	Chr 6	52,977,468	52,986,266	1181	5,49	132838,87	44,22	Kararsız
BvHsp40-75	XP_010682626.1	Chr 6	52,977,468	52,986,266	1308	5,3	146406,38	47,2	Kararsız
BvHsp40-76	XP_010682744.1	Chr 6	54,571,381	54,574,422	756	9,1	84363,81	47,64	Kararsız
BvHsp40-77	XP_010683291.1	Chr 6	60,313,250	60,319,005	349	9,06	39070,38	42,2	Kararsız
BvHsp40-78	XP_010683613.1	Chr 7	2,437,447	2,443,463	216	5,37	23551,08	34,59	Kararlı
BvHsp40-79	XP_019106340.1	Chr 7	8,635,671	8,640,978	208	5,65	22637,08	40,21	Kararsız
BvHsp40-80	XP_010684112.1	Chr 7	9,857,564	9,866,061	495	6,19	54992,41	41,8	Kararsız
BvHsp40-81	XP_010685252.1	Chr 7	35,882,477	35,887,386	256	5,38	29109,08	56,42	Kararsız

**EK 7' nin devamı;**

BvHsp40-82	XP_010685255.1	Chr 7	35,882,477	35,887,386	218	4,99	24859,4	57,98	Kararsız
BvHsp40-83	XP_010685447.1	Chr 7	38,639,011	38,646,557	244	9,32	29041,15	52,54	Kararsız
BvHsp40-84	XP_010685460.1	Chr 7	38,739,055	38,743,416	417	5,86	46517,66	40,07	Kararsız
BvHsp40-85	XP_019106529.1	Chr 7	40,075,475	40,084,532	244	9,69	27117,14	27,72	Kararlı
BvHsp40-86	XP_010685706.1	Chr 7	40,848,397	40,852,224	297	6,09	33932,85	54,72	Kararsız
BvHsp40-87	XP_010685707.1	Chr 7	40,848,397	40,852,224	286	6,23	32656,37	57,26	Kararsız
BvHsp40-88	XP_019106552.1	Chr 7	40,848,397	40,852,224	172	4,32	19364,86	54,23	Kararsız
BvHsp40-89	XP_010665695.1	Chr 8	843,016	848,347	299	9,33	34926,02	47,04	Kararsız
BvHsp40-90	XP_010686405.1	Chr 8	2,190,289	2,201,194	442	9,24	47448,96	41,29	Kararsız
BvHsp40-91	XP_010687473.1	Chr 8	26,551,454	26,585,438	2602	5,71	284295,64	45,12	Kararsız
BvHsp40-92	XP_010687474.1	Chr 8	26,551,454	26,585,438	2194	5,47	239927,93	46,07	Kararsız
BvHsp40-93	XP_010688676.1	Chr 9	956,375	960,057	469	9,16	51866,11	42,31	Kararsız
BvHsp40-94	XP_010689253.1	Chr 9	8,817,710	8,821,463	684	8,71	76117	41,05	Kararsız
BvHsp40-95	XP_010689743.1	Chr 9	20,855,787	20,860,862	339	6,35	38696,78	63,87	Kararsız
BvHsp40-96	XP_010689787.1	Chr 9	22,798,545	22,802,172	354	8,94	38455,52	47,77	Kararsız
BvHsp40-97	XP_010690268.1	Chr 9	31,724,434	31,727,415	240	5,55	26415,37	35,99	Kararlı
BvHsp40-98	XP_010690323.1	Chr 9	32,894,517	32,899,986	295	7,76	33395,1	55,44	Kararsız
BvHsp40-99	XP_010690521.1	Chr 9	35,475,450	35,485,260	435	8,84	47602,2	41,03	Kararsız
BvHsp40-100	XP_010690838.1	Chr 9	37,530,491	37,539,556	342	5,99	38699,09	35,08	Kararlı
BvHsp40-101	XP_010691100.1	Chr 9	39,770,328	39,781,450	502	8,75	53911,95	31,71	Kararlı
BvHsp40-102	XP_010691405.1	Chr 9	42,168,224	42,170,773	704	5,6	76476,64	50,18	Kararsız
BvHsp40-103	XP_010668556.1	scaffold	22	601	111	5,4	12830,15	55,43	Kararsız
BvHsp40-104	XP_010668083.1	scaffold	3,260	18,965	479	8,7	53536,89	33,84	Kararlı
BvHsp40-105	XP_010667930.1	scaffold	4,874	10,617	126	9,94	13682,75	39,25	Kararlı
BvHsp40-106	XP_010667707.1	scaffold	78,076	83,452	983	6,43	111338,38	41,26	Kararsız
BvHsp40-107	XP_010667386.1	scaffold	91,792	100,991	228	6,12	25142,03	39,8	Kararlı
BvHsp40-108	XP_010667493.1	scaffold	137,729	143,004	347	8,34	39972,9	55,38	Kararsız

## EK 8 BvHsp40 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk	e-değeri	Benzerlik	Gen Ontoloji
Protein Adı	Açıklama	Uzunluk	e-değeri	Benzerlik	Gen Ontoloji
BvHsp40-01	chaperone protein dnaJ 10	382	0.0	88.93	
BvHsp40-02	chaperone protein dnaJ 11, chloroplastic-like	271	1,39E-160	83.34	DNA bağlanması
BvHsp40-03	chaperone protein dnaJ 11, chloroplastic-like	184	3,517E-83	66.11	DNA bağlanması
BvHsp40-04	dnaJ protein homolog 2-like	420	0.0	88.43	ATP bağlanması; Sitozol; protein katlanması; ısıya tepki; ısı şoku proteini bağlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-05	transcriptional regulator ATRX homolog	596	0.0	83.76	
BvHsp40-06	DNA ligase 1	344	0.0	86.54	
BvHsp40-07	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit T, chloroplastic	255	0.0	86.13	membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-08	chaperone protein dnaJ 8, chloroplastic	137	2,279E-82	77.62	
BvHsp40-09	Protein HLJ1	441	0.0	71.23	
BvHsp40-10	chaperone protein DnaJ-like	134	2,721E-79	89.88	nükleus; sitoplazma
BvHsp40-11	dnaJ homolog subfamily C member 2	661	0.0	83.96	nükleus
BvHsp40-12	auxilin-related protein 1	496	0.0	71.26	sitoplazma; klatrin bağlama; vezikül; C:hücre içi membran ile çevrili organel; klatrin bağımlı endositoz
BvHsp40-13	chaperone protein dnaJ 10-like	402	0.0	88.4	
BvHsp40-14	DnaJ domain containing protein	241	2,43E-147	84.81	savunma tepkisi; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-15	cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOG1-like	207	1,75E-144	87.95	nükleus; Sitozol; sitokinin biyosentetik süreci;hidrolaz aktivitesi, N-glikozil bileşiklerinin hidrolize edilmesi

**EK 8' in devamı;**

BvHsp40-16	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit U, chloroplastic	243	7,63E-121	83.48	kloroplast membran; NAD(P)H dehidrojenaz kompleksi; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-17	cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOG8	216	9,78E-144	93.01	nükleus; Sitozol; sitokinin biyosentetik süreci;hidrolaz aktivitesi, N-glikozil bileşiklerinin hidrolize edilmesi
BvHsp40-18	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14-1	110	6,869E-59	93.95	PAM kompleksi, ; F:ATPase aktivatör aktivitesi; membranın ayrılmaz bileşeni;mitokondriyal matrikse protein aktarımı; ATPase aktivitesinin pozitif düzenlenmesi
BvHsp40-19	dnaJ homolog subfamily B member 4	330	0.0	84.3	Sitozol; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp40-20	chaperone protein dnaJ 49	269	0.0	65.37	
BvHsp40-21	chaperone protein dnaJ 49	290	0.0	61.5	
BvHsp40-22	dnAJ-like protein slr0093	127	2,051E-86	87.43	nükleus; sitoplazma
BvHsp40-23	chaperone protein dnaJ GFA2, mitochondrial	457	0.0	81.95	ATP bağlanması; sitoplazma; ısıya tepki; ısı şoku proteini bağlanması; protein yeniden katlanması;katlanmamış protein bağlanması;
BvHsp40-24	DPH4 homolog	184	1,3E-126	75.48	Sitozol; metal iyonu bağlanması
BvHsp40-25	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein, putative isoform 1	786	0.0	64.96	DNA bağlanması;endoplazmik retikulum; P:protein transport; membran; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-26	dnaJ protein ERDJ2A-like	685	0.0	93.09	RNA bağlanması; protein transmembran taşıyıcı aktivitesi; membranın ayrılmaz bileşeni;protein transmembrane transport
BvHsp40-27	dnaJ homolog	714	0.0	82.64	membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-28	J domain-containing protein DDB_G0295729	309	0.0	78.14	sitoplazma; membran; protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp40-29	heat shock protein binding protein, putative	259	1,42E-154	73.93	
BvHsp40-30	chaperone protein dnaJ 6	292	1,76E-171	86.49	

**EK 8' in devamı;**

BvHsp40-31	dentin sialophosphoprotein-like isoform X1	1134	0.0	71.43	
BvHsp40-32	chaperone protein dnaJ 20, chloroplastic-like	197	3,3E-105	82.36	nükleus; kloroplast; şaperon aracılı protein katlanması
BvHsp40-33	dnaJ protein homolog	419	0.0	94.5	ATP bağlanması; Sitozol; protein katlanması; ısıya tepki; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-34	pentatricopeptide repeat-containing protein At1g11290, chloroplastic	814	0.0	88.87	Demir iyonu bağlama
BvHsp40-35	heat shock protein binding protein, putative	563	0.0	86.67	membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-36	dnaJ homolog subfamily B member 1-like isoform X2	428	0.0	87.95	membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-37	DnaJ homolog subfamily C member 7	1358	0.0	66.03	kloroplast
BvHsp40-38	dnaJ homolog subfamily B member 6	167	8,62E-101	85.91	
BvHsp40-39	auxilin-related protein 2-like isoform X1	939	0.0	87.47	sitoplazma; klatrin bağlama; vezikül; C:hücre içi membran ile çevrili organel; klatrin bağımlı endositoz
BvHsp40-40	tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme MnmG	725	0.0	91.75	mitokondri; tRNA metilasyonu
BvHsp40-41	tRNA uridine 5-carboxymethylaminomethyl modification enzyme MnmG	630	0.0	91.54	mitokondri; tRNA metilasyonu
BvHsp40-42	pentatricopeptide repeat-containing protein At3g05340	667	0.0	81.67	RNA bağlanması; P:RNA modification; C:hücre içi membran ile çevrili organel
BvHsp40-43	pentatricopeptide repeat-containing protein At3g18970-like isoform X1	470	0.0	75.62	

**EK 8' in devamı;**

BvHsp40-44	chaperone protein dnaJ 8, chloroplastic	155	1,492E-78	76.25	C:hücre içi membran ile çevrili organel
BvHsp40-45	DNAJ protein JJJ1 homolog	714	0.0	70.71	metal iyonu bağlanması
BvHsp40-46	chaperone protein dnaJ 13	539	0.0	89.06	C:plastid; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-47	chaperone DnaJ-domain superfamily protein	753	0.0	69.33	
BvHsp40-48	dnaJ homolog subfamily B member 1-like	347	0.0	86.51	Sitozol; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp40-49	dnaJ protein ERDJ3A	598	0.0	84.03	
BvHsp40-50	Hypothetical predicted protein	461	0.0	85.42	
BvHsp40-51	Hypothetical predicted protein	374	0.0	85.44	
BvHsp40-52	iron-sulfur cluster co-chaperone protein HscB, mitochondrial-like	264	0.0	76.56	F:ATPase aktivatör aktivitesi; sitoplazma; ATPase aktivitesinin pozitif düzenlenmesi; şaperon bağlama; protein kompleksi oligomerizasyonu
BvHsp40-53	chaperone protein DnaJ	539	0.0	77.45	ATP bağlanması; ısıya tepki; kloroplast membran; ısı şoku proteini bağlanması; protein yeniden katlanması:katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-54	---NA---	186			
BvHsp40-55	chaperone protein dnaJ 72 isoform X3	149	5,134E-76	76.8	membran; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-56	dnaJ homolog subfamily C member 16-like	714	0.0	78.06	membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-57	dnaJ homolog subfamily B member 1	345	0.0	81.69	Sitozol; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp40-58	dnaJ protein ERDJ3B	348	0.0	91.77	protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-59	dnaJ homolog subfamily B member 2 isoform X2	132	6,426E-66	76.22	membranın ayrılmaz bileşeni

**EK 8' in devamı;**

BvHsp40-60	chaperone protein dnaJ 15	412	0.0	93.48	
BvHsp40-61	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein, putative isoform 1	534	0.0	77.15	
BvHsp40-62	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14-1	112	5,463E-60	87.88	ATPase aktivator aktivitesi; membranin ayrılmaz bileşeni;mitokondriyal matrikse protein aktarımı; ATPase aktivitesinin pozitif düzenlenmesi
BvHsp40-63	chaperone protein dnaJ 11, chloroplastic	155	8,258E-77	73.96	
BvHsp40-64	Chaperone protein like	265	1,45E-164	68.56	
BvHsp40-65	chaperone DnaJ-domain superfamily protein	394	0.0	59.14	
BvHsp40-66	mitochondrial import inner membrane translocase subunit PAM16 like 2	117	2,629E-74	91.48	mitokondriyal matrikse protein aktarımı
BvHsp40-67	protein IWS1 homolog A	559	0.0	72.65	
BvHsp40-68	auxilin-like protein 1	1748	0.0	79.08	sitoplazma;hidrolaz aktivitesi; klatrin bağlama; vezikül; C:hücre içi membran ile çevrili organel; klatrin bağımlı endositoz
BvHsp40-69	chaperone protein DnaJ	147	4,25E-100	79.79	
BvHsp40-70	dnaJ homolog subfamily B member 8 isoform X2	119	1,031E-77	83.22	
BvHsp40-71	chaperone protein dnaJ C76, chloroplastic	280	1,99E-175	86.22	kloroplast
BvHsp40-72	dnaJ homolog subfamily C member 17	295	2,12E-173	77.3	RNA bağlanması
BvHsp40-73	chaperone protein dnaJ 16	412	0.0	90.17	
BvHsp40-74	auxilin-like protein 1	1181	0.0	84.09	sitoplazma; klatrin bağlama; vezikül; C:hücre içi membran ile çevrili organel; klatrin bağımlı endositoz
BvHsp40-75	auxilin-like protein 1	1308	0.0	82.92	sitoplazma; klatrin bağlama; vezikül; C:hücre içi membran ile çevrili organel; klatrin bağımlı endositoz

**EK 8' in devamı;**

BvHsp40-76	Chaperone protein dnaJ 49	756	0.0	75.6	hücre içi anatomik yapı
BvHsp40-77	dnaJ homolog subfamily B member 1-like	349	0.0	72.85	Sitozol; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp40-78	cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOG7	216	1,03E-136	94.99	nükleus; Sitozol; sitokinin biyosentetik süreci;hidrolaz aktivitesi, N-glikozil bileşiklerinin hidrolize edilmesi
BvHsp40-79	cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOG3	208	5,51E-146	95.79	nükleus; Sitozol; sitokinin biyosentetik süreci;hidrolaz aktivitesi, N-glikozil bileşiklerinin hidrolize edilmesi
BvHsp40-80	dnaJ protein P58IPK homolog	495	0.0	91.19	plazma zarı; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-81	dnaJ homolog subfamily B member 8 isoform X1	256	9,18E-175	79.04	
BvHsp40-82	dnaJ homolog subfamily B member 7-like isoform X2	218	4,54E-157	81.69	
BvHsp40-83	J domain-containing protein spf31	244	1,02E-138	94.55	
BvHsp40-84	dnaJ protein homolog	417	0.0	94.43	ATP bağlanması; Sitozol; protein katlanması; ısıya tepki; membran; ısı şoku proteini bağlanması; metal iyonu bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-85	GDP-mannose transporter GONST2-like isoform X1	244	2,99E-148	93.51	Golgi aygıtı; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-86	dnaJ homolog subfamily B member 8 isoform X1	297	0.0	80.72	sitoplazma; protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp40-87	dnaJ homolog subfamily B member 9 isoform X2	286	0.0	79.69	sitoplazma; protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp40-88	dnaJ homolog subfamily B member 8 isoform X1	172	3,55E-116	83.86	sitoplazma; protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp40-89	chaperone protein dnaJ 50-like	299	0.0	90.26	C:endoplasmic reticulum membrane; protein katlanması; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-90	chaperone protein dnaJ A6, chloroplastic-like	442	0.0	90.91	ATP bağlanması; ısıya tepki; kloroplast membran; ısı şoku proteini bağlanması; protein yeniden katlanması;katlanmamış protein bağlanması

**EK 8' in devamı;**

BvHsp40-91	dnaJ homolog subfamily C GRV2 isoform X1	2602	0.0	90.85	endozom membranı
BvHsp40-92	dnaJ homolog subfamily C GRV2 isoform X2	2194	0.0	91.16	endozom membranı
BvHsp40-93	---NA---	469			
BvHsp40-94	J protein JJJ2-like	684	0.0	78.98	
BvHsp40-95	chaperone protein dnaJ C76, chloroplastic-like	339	0.0	85.17	demir iyonu bağlama; elektron transfer aktivitesi; kloroplast; membranın ayrılmaz bileşeni
BvHsp40-96	dnaJ homolog subfamily B member 4-like	354	0.0	95.31	Sitozol; F:katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp40-97	cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOG5-like	240	3,16E-152	91.07	nükleus; Sitozol; sitokinin biyosentetik süreci;hidrolaz aktivitesi, N-glikozil bileşiklerinin hidrolize edilmesi
BvHsp40-98	dnaJ homolog subfamily C member 17	295	7,97E-161	77.95	RNA bağlanması
BvHsp40-99	chaperone protein dnaJ A7A, chloroplastic-like	435	0.0	78.66	ATP bağlanması; ısıya tepki; kloroplast membran; ısı şoku proteini bağlanması; protein yeniden katlanması; katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-100	chaperone protein dnaJ 10-like	342	0.0	90.28	
BvHsp40-101	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104904529	502	0.0	89.86	ATP bağlanması; ısıya tepki; kloroplast membran; kloroplast envelope; ısı şoku proteini bağlanması; protein yeniden katlanması:katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-102	chaperone DnaJ-domain superfamily protein	704	0.0	61.81	
BvHsp40-103	dnaJ-like protein	111	4,452E-72	64.74	protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-104	chaperone protein dnaJ 1, mitochondrial isoform X1	479	0.0	83.9	ATP bağlanması; sitoplazma; ısıya tepki; ısı şoku proteini bağlanması; protein yeniden katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp40-105	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM14-1	126	1,516E-83	91.93	PAM kompleksi, ; F:ATPase aktivatör aktivitesi; membranın ayrılmaz bileşeni;mitokondriyal matrikse protein aktarımı; ATPase aktivitesinin pozitif düzenlenmesi

**EK 8' in devamı;**

BvHsp40-106	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104884721	983	0.0	68.24	kalsiyum iyonu bağlama
BvHsp40-107	cytokinin riboside 5'- monophosphate phosphoribohydrolase LOG1-like	228	1,29E-152	93.45	nükleus; Sitozol; sitokinin biyosentetik süreci;hidrolaz aktivitesi, N-glikozil bileşiklerinin hidrolize edilmesi
BvHsp40-108	chaperone protein dnaJ 49	347	0.0	86.74	ER membranı; membranın ayrılmaz bileşeni; Hsp70 protein bağlama;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması;

**EK 9 BvHsp40 Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Kromozom	Gen	Duplikasyon	Edeđeri	Homoloji(%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
Chr 1	BvHsp40-05	BvHsp40-06	0.0	91,6	128,243	0,179	0,043	0,239	1,378
Chr 2	BvHsp40-15	BvHsp40-17	1,00E-97	67,9	8,087,526	5,756	0,260	0,045	44,273
Chr 3	BvHsp40-20	BvHsp40-21	0.0	92,7	0	0,0000	0,0000	0,000	0,000
Chr 4	BvHsp40-35	BvHsp40-36	0.0	100	0	0,0000	0,0000	0,000	0,000
Chr 4	BvHsp40-40	BvHsp40-41	0.0	99,5	0	0,000	0,001	6,000	0,001
Chr 5	BvHsp40-48	BvHsp40-57	7,00E-131	56,4	37,011,611	4,700	0,314	0,067	36,152
Chr 5	BvHsp40-50	BvHsp40-51	0.0	100,0	0	0,00	0,00	0,000	0,000
Chr 5	BvHsp40-54	BvHsp40-55	2,00E-103	100,0	0	0,054	0,030	0,555	0,418
Chr 6	BvHsp40-69	BvHsp40-70	7,00E-77	99,1	0	0,075	0,080	1,071	0,574
Chr 6	BvHsp40-74	BvHsp40-75	0.0	100	0	0,012	0,011	0,932	0,091
Chr 7	BvHsp40-78	BvHsp40-79	1e-114	78,4	6,198,224	54,628	0,158	0,003	420,212
Chr 7	BvHsp40-81	BvHsp40-82	1,00E-146	99,0	0	0,118	0,074	0,626	0,905
Chr 7	BvHsp40-86	BvHsp40-87	0.0	96,3	0	0,0000	0,0000	0,000	0,000
Chr 7	BvHsp40-86	BvHsp40-88	3,00E-121	100	0	0,000	0,022	111,500	0,002
Chr 7	BvHsp40-87	BvHsp40-88	3,00E-108	91,2	0	0,000	0,0239	119,500	0,002
Chr 8	BvHsp40-91	BvHsp40-92	0.0	100	0	0,000	0,000	0,000	0,000
<b>Ortalama</b>						<b>5,040</b>	<b>0,083</b>	<b>15,034</b>	<b>31,500</b>

**EK 10 *BvHsp40* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Gen 1	Kromozom	Gen 2	Kromozom	Edeđeri	Homoloji(%)	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp40-48	Chr 5	BvHsp40-96	Chr 9	1e-171	71.51	12,879	0,208	0,016	99,072
BvHsp40-78	Chr 7	BvHsp40-107	scaffold	4e-112	77.95	14,589	0,199	0,014	112,222
BvHsp40-78	Chr 7	BvHsp40-97	Chr 9	4e-103	72.16	15,366	0,244	0,016	118,198
BvHsp40-79	Chr 7	BvHsp40-107	scaffold	1E-113	76.26	2,119	0,188	0,089	16,298
BvHsp40-79	Chr 7	BvHsp40-97	Chr 9	6e-109	74.51	3,116	0,190	0,061	23,965
BvHsp40-84	Chr 7	BvHsp40-33	4	0.0	84.73	2,582	0,081	0,031	19,865
BvHsp40-84	Chr 7	BvHsp40-04	1	0.0	71.26	20,960	0,185	0,009	161,229
BvHsp40-97	Chr 9	BvHsp40-107	scaffold	3e-104	71.36	2,5609	0,2574	0,101	19,699
<b>Ortalama</b>						<b>9,271</b>	<b>0,194</b>	<b>0,042</b>	<b>71,319</b>

**EK 11 BvHsp40 Genlerinin Arabidopsis, Çeltik, Kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Şeker Pancarı	Kromozom	Arabidopsis Genleri	Kromozom	Ka	Ks	Ka/Ks	Myö
BvHsp40-01	1	AT1G72070.1	1	1,1090	3,4219	0,324	26,322
BvHsp40-03	1	AT1G21660.1	1	1,2674	3,6041	0,352	27,724
BvHsp40-12	1	AT1G21080.3	1	1,1681	12,0694	0,097	92,842
BvHsp40-13	1	AT1G77020.1	1	0,3781	4,4691	0,085	34,378
BvHsp40-13	1	AT1G76700.1	1	0,2209	2,1273	0,104	16,364
BvHsp40-14	1	AT2G17880.1	2	0,1400	13,8578	0,010	1,077
BvHsp40-17	1	AT4G07990.1	4	1,0536	2,1154	0,498	16,272
BvHsp40-19	2	AT5G11950.1	5	1,2824	55,6420	0,023	428,015
BvHsp40-22	3	AT4G13830.2	4	1,3676	56,9653	0,024	438,195
BvHsp40-25	3	AT5G16650.1	5	0,8694	60,7074	0,014	466,980
BvHsp40-27	3	AT5G53150.1	5	1,2097	64,0085	0,019	492,373
BvHsp40-29	2	AT5G25530.1	5	0,8007	5,9840	0,134	46,031
BvHsp40-29	3	AT2G41520.1	2	1,0337	62,7977	0,016	483,059
BvHsp40-31	3	AT2G42080.1	2	1,2471	54,8181	0,023	421,678
BvHsp40-32	3	AT3G58020.1	3	1,2994	54,5908	0,024	419,929
BvHsp40-35	3	AT5G49580.1	5	0,5905	21,6575	0,027	166,596
BvHsp40-37	4	AT3G05340.1	3	0,838	3,249	0,258	24,995
BvHsp40-42	4	AT1G79030.1	1	1,1706	56,0474	0,021	431,134
BvHsp40-45	4	AT5G12430.1	5	1,1131	2,3874	0,466	18,365
BvHsp40-48	5	AT3G47940.1	3	0,3488	57,6941	0,006	443,801
BvHsp40-50	5	AT1G18700.4	1	1,2558	54,0372	0,023	415,671
BvHsp40-52	5	AT5G01390.1	5	1,0841	53,3589	0,020	410,453
BvHsp40-56	5	AT1G74250.1	1	1,1638	56,9531	0,020	438,101
BvHsp40-57	5	AT2G35540.1	2	0,847	2,697	0,314	20,746
BvHsp40-59	9	AT2G42750.1	2	2,487	11,311	0,220	19,131
BvHsp40-59	9	AT4G39150.1	4	0,862	6,004	0,144	46,185
BvHsp40-60	6	AT1G10350.1	1	0,9649	53,3132	0,018	410,102
BvHsp40-61	6	AT1G68370.1	1	1,1579	15,8745	0,073	122,112
BvHsp40-67	6	AT1G71000.1	1	0,8621	3,2145	0,268	24,727
BvHsp40-69	5	AT5G06410.1	5	1,1603	61,3832	0,019	472,178
BvHsp40-77	6	AT1G69060.1	1	1,2559	55,6150	0,023	427,808
BvHsp40-77	6	AT1G59725.1	1	0,354	5,201	0,068	40,007
BvHsp40-78	7	AT1G72416.3	1	1,352	47,854	0,028	368,109
BvHsp40-78	7	AT5G03160.1	5	1,1903	53,4929	0,022	411,484
BvHsp40-79	7	AT2G35990.1	2	0,219	24,848	0,009	191,138
BvHsp40-80	7	AT5G03030.1	5	1,2713	4,9823	0,255	38,325
BvHsp40-81	7	AT2G37210.2	2	1,3111	2,2372	0,586	17,209
BvHsp40-83	7	AT5G22060.1	5	1,166	6,8647	0,170	52,805

**EK 11' in devamı;**

BvHsp40-84	7	AT3G09700.1	3	10,085	23,391	0,431	179,931
BvHsp40-85	6	AT4G37480.1	4	1,221	5,434	0,225	41,796
BvHsp40-86	7	AT5G22080.1	5	1,265	35,030	0,036	269,463
BvHsp40-93	9	AT4G35190.1	4	1,142	22,8289	0,050	175,607
BvHsp40-94	9	AT2G20560.1	2	1,129	9,444	0,120	72,647
BvHsp40-94	9	AT5G35753.1	5	0,392	2,105	0,186	16,192
BvHsp40-95	9	AT2G21510.1	2	0,804	2,582	0,311	19,862
BvHsp40-97	9	AT4G28480.1	4	1,013	54,228	0,019	417,140
BvHsp40-100	7	AT5G06300.1	5	1,169	16,777	0,070	129,056
BvHsp40-100	9	AT2G05230.1	2	0,917	25,245	0,036	194,192
BvHsp40-102	9	AT5G23240.1	5	0,999	26,878	0,037	206,754
BvHsp40-105	7	AT3G14200.1	3	1,158	44,604	0,026	343,111
BvHsp40-105	7	AT5G59610.1	5	10,284	14,239	0,722	109,531
<b>Ortalama</b>				<b>1,891</b>	<b>19,006</b>	<b>0,139</b>	<b>207,798</b>

<b>Şeker Pancarı Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Çeltik Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp40-04	1	LOC_Os02g43930.1	2	4,882	0,150	0,031	37,551
BvHsp40-10	1	LOC_Os02g52270.1	2	7,581	0,263	0,035	58,318
BvHsp40-14	1	LOC_Os03g51830.1	3	3,232	0,375	0,116	24,865
BvHsp40-22	3	LOC_Os02g46640.1	2	11,538	0,259	0,022	88,755
BvHsp40-30	3	LOC_Os02g10220.1	2	11,998	0,260	0,022	92,294
BvHsp40-33	4	LOC_Os03g44620.2	3	5,586	0,095	0,017	42,965
BvHsp40-35	4	LOC_Os12g41820.1	12	3,376	0,362	0,107	25,967
BvHsp40-49	5	LOC_Os03g18200.1	3	7,817	0,429	0,055	60,130
BvHsp40-59	5	LOC_Os01g13760.1	1	9,035	0,922	0,102	69,497
BvHsp40-61	6	LOC_Os03g55360.1	3	19,922	0,398	0,020	153,246
BvHsp40-76	6	LOC_Os01g69930.1	1	10,101	0,563	0,056	77,700
BvHsp40-81	7	LOC_Os02g54130.1	2	54,390	0,561	0,010	418,386
BvHsp40-81	7	LOC_Os08g35160.2	8	54,234	0,553	0,010	417,186
BvHsp40-84	7	LOC_Os12g42440.1	12	55,469	0,516	0,009	426,688
BvHsp40-84	7	LOC_Os03g57340.1	3	4,972	0,088	0,018	38,247
BvHsp40-84	7	LOC_Os03g44620.2	3	5,586	0,095	0,017	42,965
BvHsp40-86	7	LOC_Os03g60790.1	3	6,295	0,452	0,072	48,422
BvHsp40-97	9	LOC_Os09g37540.1	9	47,575	0,249	0,005	365,964
<b>Ortalama</b>				<b>17,977</b>	<b>0,366</b>	<b>0,040</b>	<b>138,286</b>

**EK 11' in devamı;**

<b>Şeker Pancarı Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Kavak Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp40-02	1	Potri.002G090600.2	2	3,129	0,265	0,085	24,066
BvHsp40-03	1	Potri.002G020700.1	2	20,392	0,481	0,024	156,861
BvHsp40-03	1	Potri.004G172300.1	4	46,386	0,536	0,012	356,812
BvHsp40-03	1	Potri.005G113100.5	5	47,041	0,476	0,010	361,854
BvHsp40-03	1	Potri.005G240700.1	5	18,166	0,470	0,026	139,735
BvHsp40-04	1	Potri.014G055300.2	14	4,028	0,287	0,071	30,985
BvHsp40-05	1	Potri.019G083700.1	19	16,948	0,247	0,015	130,367
BvHsp40-09	1	Potri.002G105500.5	2	18,096	0,637	0,035	139,201
BvHsp40-09	1	Potri.005G156100.7	5	3,370	0,345	0,102	25,925
BvHsp40-10	1	Potri.002G103900.1	2	3,205	0,134	0,042	24,652
BvHsp40-12	1	Potri.002G079200.1	2	2,647	0,516	0,195	20,362
BvHsp40-12	1	Potri.005G181700.2	5	2,224	0,518	0,233	17,110
BvHsp40-13	1	Potri.002G000300.1	2	15,381	0,153	0,010	118,319
BvHsp40-13	1	Potri.005G260400.1	5	15,313	0,154	0,010	117,794
BvHsp40-15	2	Potri.001G265300.1	1	20,164	0,196	0,010	155,111
BvHsp40-15	2	Potri.009G060300.1	9	2,018	0,188	0,093	15,524
BvHsp40-16	2	Potri.006G221900.1	6	2,002	0,377	0,188	15,402
BvHsp40-17	2	Potri.006G226100.4	6	1,039	0,119	0,115	7,995
BvHsp40-18	2	Potri.006G131200.1	6	36,202	0,117	0,003	278,476
BvHsp40-18	2	Potri.008G043500.1	8	5,190	0,088	0,017	39,922
BvHsp40-19	2	Potri.006G246700.1	6	4,152	0,202	0,049	31,941
BvHsp40-19	2	Potri.018G034600.1	18	3,674	0,190	0,052	28,264
BvHsp40-20	3	Potri.012G098800.1	12	55,324	1,133	0,020	425,572
BvHsp40-20	3	Potri.015G097500.3	15	5,619	0,834	0,148	43,221
BvHsp40-22	3	Potri.013G078200.1	13	0,885	0,163	0,184	6,811
BvHsp40-22	3	Potri.019G041400.2	19	0,919	0,191	0,207	7,068
BvHsp40-25	3	Potri.012G001100.1	12	2,298	0,394	0,172	17,678
BvHsp40-25	3	Potri.015G020200.2	15	22,916	0,413	0,018	176,276
BvHsp40-26	3	Potri.017G148800.1	17	14,196	0,128	0,009	109,199
BvHsp40-27	3	Potri.008G101800.2	8	17,343	0,222	0,013	133,410
BvHsp40-27	3	Potri.010G148900.2	10	14,291	0,289	0,020	109,930
BvHsp40-28	3	Potri.013G058100.1	13	28,311	0,357	0,013	217,776
BvHsp40-28	3	Potri.019G035100.1	19	2,070	0,382	0,185	15,926
BvHsp40-29	3	Potri.016G045401.1	16	13,746	0,580	0,042	105,740
BvHsp40-30	3	Potri.006G056400.1	6	13,580	0,208	0,015	104,459
BvHsp40-30	3	Potri.016G051800.1	16	1,461	0,207	0,142	11,242
BvHsp40-31	3	Potri.006G047700.2	6	15,819	0,466	0,029	121,682
BvHsp40-31	3	Potri.016G043900.1	16	1,720	0,488	0,284	13,230
BvHsp40-32	3	Potri.001G319100.1	1	1,673	0,422	0,252	12,868

**EK 11' in devamı;**

BvHsp40-32	3	Potri.017G058400.1	17	23,108	0,381	0,016	177,753
BvHsp40-33	4	Potri.008G018800.2	8	25,464	0,073	0,003	195,874
BvHsp40-33	4	Potri.010G243100.2	10	2,308	0,069	0,030	17,757
BvHsp40-34	4	Potri.003G191000.1	3	13,962	0,200	0,014	107,399
BvHsp40-35	4	Potri.001G438300.2	1	12,809	0,160	0,013	98,532
BvHsp40-35	4	Potri.011G142000.4	11	11,704	0,180	0,015	90,033
BvHsp40-37	4	Potri.001G255000.3	1	13,209	0,432	0,033	101,605
BvHsp40-37	4	Potri.009G050200.1	9	14,093	0,423	0,030	108,408
BvHsp40-38	4	Potri.005G020300.1	5	5,208	0,212	0,041	40,064
BvHsp40-38	4	Potri.013G010800.2	13	23,102	0,211	0,009	177,705
BvHsp40-40	4	Potri.005G066300.6	5	1,357	0,123	0,090	10,441
BvHsp40-42	4	Potri.013G021100.1	13	10,860	0,244	0,022	83,538
BvHsp40-46	5	Potri.003G076600.6	3	14,691	0,183	0,012	113,010
BvHsp40-49	5	Potri.016G120000.1	16	1,631	0,239	0,146	12,543
BvHsp40-50	5	Potri.001G135700.1	1	50,801	1,053	0,021	390,779
BvHsp40-50	5	Potri.003G097800.7	3	2,872	0,413	0,144	22,092
BvHsp40-52	5	Potri.006G200900.1	6	11,634	0,367	0,032	89,489
BvHsp40-57	5	Potri.015G066100.1	15	17,639	0,228	0,013	135,687
BvHsp40-59	5	Potri.007G136700.1	7	17,425	0,773	0,044	134,039
BvHsp40-59	5	Potri.011G057601.1	11	13,663	0,711	0,052	105,103
BvHsp40-59	5	Potri.017G016000.1	17	2,883	0,975	0,338	22,176
BvHsp40-60	6	Potri.008G123200.1	8	18,266	0,101	0,006	140,511
BvHsp40-60	6	Potri.010G122300.6	10	1,538	0,100	0,065	11,834
BvHsp40-61	6	Potri.007G052400.18	7	14,439	0,329	0,023	111,068
BvHsp40-64	6	Potri.001G308900.1	1	17,867	0,399	0,022	137,440
BvHsp40-64	6	Potri.019G010000.2	19	26,649	0,358	0,013	204,994
BvHsp40-65	6	Potri.002G105500.5	2	18,096	0,637	0,035	139,201
BvHsp40-67	6	Potri.008G109100.6	8	23,491	0,484	0,021	180,702
BvHsp40-67	6	Potri.010G139100.5	10	4,725	0,562	0,119	36,344
BvHsp40-69	6	Potri.010G113400.3	10	1,451	0,342	0,236	11,164
BvHsp40-76	6	Potri.001G057200.4	1	19,150	0,287	0,015	147,304
BvHsp40-76	6	Potri.003G171200.1	3	16,757	0,274	0,016	128,897
BvHsp40-76	6	Potri.012G098800.1	12	55,324	1,133	0,020	425,572
BvHsp40-77	6	Potri.008G194000.1	8	5,353	0,300	0,056	41,175
BvHsp40-77	6	Potri.010G035000.1	10	4,815	0,298	0,062	37,037
BvHsp40-77	6	Potri.015G066100.1	15	17,639	0,228	0,013	135,687
BvHsp40-78	7	Potri.006G204800.1	6	17,157	0,117	0,007	131,976
BvHsp40-78	7	Potri.016G072000.1	16	1,571	0,117	0,074	12,081
BvHsp40-79	7	Potri.006G127400.1	6	0,885	0,083	0,094	6,807
BvHsp40-79	7	Potri.009G010800.1	9	16,341	0,079	0,005	125,699
BvHsp40-79	7	Potri.016G090500.1	16	0,959	0,093	0,097	7,378

**EK 11' in devamı;**

BvHsp40-81	7	Potri.001G164700.2	1	7,453	0,373	0,050	57,330
BvHsp40-81	7	Potri.003G070600.1	3	13,229	0,359	0,027	101,762
BvHsp40-83	7	Potri.001G215800.1	1	2,149	0,084	0,039	16,531
BvHsp40-83	7	Potri.009G016700.1	9	22,114	0,099	0,004	170,109
BvHsp40-85	7	Potri.009G044000.1	9	15,907	0,202	0,013	122,360
BvHsp40-89	8	Potri.004G022600.1	4	1,794	0,152	0,085	13,799
BvHsp40-94	9	Potri.002G221000.3	2	1,388	0,255	0,184	10,677
BvHsp40-94	9	Potri.014G165600.6	14	1,496	0,261	0,174	11,508
BvHsp40-95	9	Potri.014G143400.1	14	1,751	0,239	0,136	13,472
BvHsp40-97	9	Potri.002G012500.2	2	11,985	0,132	0,011	92,195
BvHsp40-97	9	Potri.004G181800.1	4	1,129	0,107	0,095	8,683
BvHsp40-97	9	Potri.005G248900.1	5	17,296	0,140	0,008	133,049
BvHsp40-97	9	Potri.009G141500.1	9	10,195	0,121	0,012	78,423
BvHsp40-98	9	Potri.009G138100.2	9	18,024	0,387	0,021	138,648
BvHsp40-99	9	Potri.005G073900.5	5	32,841	0,293	0,009	252,626
BvHsp40-100	9	Potri.004G158300.2	4	1,347	0,226	0,168	10,362
BvHsp40-100	9	Potri.009G119800.1	9	12,732	0,227	0,018	97,935
BvHsp40-101	9	Potri.003G031800.6	3	1,307	0,204	0,156	10,052
BvHsp40-102	9	Potri.007G114800.3	7	23,491	0,488	0,021	180,701
BvHsp40-102	9	Potri.017G044600.10	17	3,858	0,508	0,132	29,680
BvHsp40-104	scaffold	Potri.005G160200.2	5	15,940	0,303	0,019	122,618
BvHsp40-105	scaffold	Potri.006G131200.1	6	36,202	0,117	0,003	278,476
BvHsp40-107	scaffold	Potri.002G024000.2	2	2,559	0,122	0,048	19,687
BvHsp40-107	scaffold	Potri.005G237600.1	5	1,939	0,121	0,063	14,916
BvHsp40-108	scaffold	Potri.010G013200.4	10	23,587	0,219	0,009	181,442
<b>Ortalama</b>				<b>12,929</b>	<b>0,317</b>	<b>0,064</b>	<b>99,454</b>

<b>Şeker Pancarı</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Soya Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp40-01	1	Glyma.13G036700.1	13	21,8981	0,1935	0,0088	168,4469
BvHsp40-01	1	Glyma.14G118300.1	14	2,7762	0,1841	0,0663	21,3554
BvHsp40-02	1	Glyma.06G107400.1	6	2,7509	0,2103	0,0764	21,1608
BvHsp40-03	1	Glyma.11G077400.1	11	45,6153	0,5025	0,0110	350,8869
BvHsp40-05	1	Glyma.10G216200.1	10	3,2460	0,2774	0,0855	24,9692
BvHsp40-06	1	Glyma.20G175700.1	20	2,5978	0,2063	0,0794	19,9831
BvHsp40-09	1	Glyma.02G213900.1	2	227,4493	0,3820	0,0017	1749,6097
BvHsp40-09	1	Glyma.14G181600.1	14	265,6678	0,4096	0,0015	2043,5984
BvHsp40-10	1	Glyma.02G212500.1	2	21,2247	0,1435	0,0068	163,2671
BvHsp40-10	1	Glyma.14G180400.1	14	18,9043	0,1801	0,0095	145,4175
BvHsp40-12	1	Glyma.04G246200.1	4	28,0199	0,4921	0,0176	215,5374

**EK 11' in devamı;**

BvHsp40-12	1	Glyma.06G116500.1	6	1,7261	0,5263	0,3049	13,2774
BvHsp40-14	1	Glyma.04G048400.3	4	1,3530	0,2147	0,1587	10,4077
BvHsp40-14	1	Glyma.06G049600.4	6	1,2804	0,2204	0,1721	9,8492
BvHsp40-14	1	Glyma.14G090500.2	14	2,5651	0,2775	0,1082	19,7315
BvHsp40-15	2	Glyma.09G229100.1	9	1,6042	0,1886	0,1176	12,3399
BvHsp40-15	2	Glyma.10G089000.1	10	13,1235	0,2041	0,0155	100,9497
BvHsp40-16	2	Glyma.04G055400.1	4	3,1305	0,3404	0,1087	24,0808
BvHsp40-16	2	Glyma.06G055600.1	6	3,1264	0,3686	0,1179	24,0492
BvHsp40-17	2	Glyma.04G052600.2	4	1,6912	0,1279	0,0756	13,0092
BvHsp40-17	2	Glyma.06G053000.1	6	13,6422	0,1065	0,0078	104,9402
BvHsp40-17	2	Glyma.17G227200.1	17	12,2167	0,1346	0,0110	93,9746
BvHsp40-19	2	Glyma.06G073300.1	6	5,4113	0,2063	0,0381	41,6254
BvHsp40-20	3	Glyma.06G169500.1	6	26,5296	0,8098	0,0305	204,0742
BvHsp40-22	3	Glyma.11G109700.1	11	15,7334	0,2212	0,0141	121,0264
BvHsp40-22	3	Glyma.12G015600.1	12	14,6210	0,2655	0,0182	112,4692
BvHsp40-25	3	Glyma.04G237600.1	4	2,2582	0,3692	0,1635	17,3704
BvHsp40-25	3	Glyma.06G126400.2	6	3,1199	0,4390	0,1407	23,9992
BvHsp40-25	3	Glyma.13G042000.2	13	4,0344	0,4600	0,1140	31,0338
BvHsp40-25	3	Glyma.14G161200.15	14	21,0630	0,4278	0,0203	162,0231
BvHsp40-27	3	Glyma.09G032800.1	9	16,0477	0,3423	0,0213	123,4436
BvHsp40-27	3	Glyma.15G137800.1	15	15,1411	0,3296	0,0218	116,4702
BvHsp40-28	3	Glyma.16G041000.1	16	18,9232	0,3849	0,0203	145,5632
BvHsp40-29	3	Glyma.02G172700.1	2	1,9672	0,3665	0,1863	15,1322
BvHsp40-29	3	Glyma.19G148000.1	19	15,0947	0,3680	0,0244	116,1130
BvHsp40-30	3	Glyma.02G179900.1	2	17,2125	0,1888	0,0110	132,4042
BvHsp40-30	3	Glyma.10G094400.1	10	1,6867	0,2003	0,1188	12,9748
BvHsp40-30	3	Glyma.19G143100.1	19	13,3717	0,1440	0,0108	102,8596
BvHsp40-31	3	Glyma.03G133500.2	3	16,2940	0,4664	0,0286	125,3385
BvHsp40-31	3	Glyma.19G135300.2	19	15,7870	0,5083	0,0322	121,4385
BvHsp40-32	3	Glyma.05G152800.1	5	5,5849	0,3973	0,0711	42,9608
BvHsp40-32	3	Glyma.08G109700.1	8	4,1209	0,3833	0,0930	31,6992
BvHsp40-34	4	Glyma.06G311600.1	6	18,7739	0,2347	0,0125	144,4144
BvHsp40-35	4	Glyma.15G253300.1	15	14,0989	0,1809	0,0128	108,4528
BvHsp40-37	4	Glyma.01G227100.2	1	17,8344	0,3798	0,0213	137,1877
BvHsp40-37	4	Glyma.11G095300.1	11	18,6360	0,4416	0,0237	143,3536
BvHsp40-37	4	Glyma.12G021400.1	12	1,8358	0,4434	0,2415	14,1214
BvHsp40-38	4	Glyma.03G232700.1	3	2,5844	0,2672	0,1034	19,8800
BvHsp40-40	4	Glyma.05G193600.1	5	17,7343	0,1327	0,0075	136,4175
BvHsp40-40	4	Glyma.08G001700.1	8	16,7104	0,1251	0,0075	128,5412
BvHsp40-45	5	Glyma.05G021300.2	5	17,8090	0,3620	0,0203	136,9923
BvHsp40-45	5	Glyma.17G078100.2	17	19,2090	0,3587	0,0187	147,7616

**EK 11' in devamı;**

BvHsp40-48	5	Glyma.01G121300.1	1	2,8910	0,1192	0,0412	22,2385
BvHsp40-48	5	Glyma.03G057500.1	3	4,2288	0,1078	0,0255	32,5290
BvHsp40-48	5	Glyma.07G150700.1	7	3,7834	0,1064	0,0281	29,1034
BvHsp40-48	5	Glyma.18G201600.1	18	26,6651	0,1077	0,0040	205,1162
BvHsp40-49	5	Glyma.18G204000.1	18	16,8956	0,2855	0,0169	129,9660
BvHsp40-50	5	Glyma.01G011400.1	1	4,2734	1,1563	0,2706	32,8723
BvHsp40-50	5	Glyma.09G209600.1	9	22,6181	0,7638	0,0338	173,9852
BvHsp40-52	5	Glyma.10G083800.1	10	55,2075	0,3825	0,0069	424,6731
BvHsp40-56	5	Glyma.06G195700.1	6	1,4161	0,4004	0,2827	10,8933
BvHsp40-57	5	Glyma.04G175100.2	4	2,4902	0,1730	0,0695	19,1552
BvHsp40-57	5	Glyma.06G189700.1	6	10,3724	0,1652	0,0159	79,7877
BvHsp40-59	5	Glyma.06G289000.1	6	7,0337	0,8761	0,1246	54,1054
BvHsp40-59	5	Glyma.12G117900.2	12	5,9546	0,9565	0,1606	45,8046
BvHsp40-60	6	Glyma.10G272200.1	10	15,8172	0,1041	0,0066	121,6706
BvHsp40-60	6	Glyma.20G117900.1	20	1,7590	0,1092	0,0621	13,5306
BvHsp40-61	6	Glyma.11G050600.1	11	14,9155	0,3355	0,0225	114,7349
BvHsp40-65	6	Glyma.18G146200.1	18	4,6556	0,7414	0,1592	35,8123
BvHsp40-67	6	Glyma.01G064400.1	1	23,1224	0,5179	0,0224	177,8647
BvHsp40-67	6	Glyma.02G122200.1	2	25,5389	0,5621	0,0220	196,4532
BvHsp40-73	6	Glyma.01G036500.1	1	16,9628	0,1531	0,0090	130,4829
BvHsp40-77	6	Glyma.04G175100.2	4	2,4902	0,1730	0,0695	19,1552
BvHsp40-78	7	Glyma.02G198300.1	2	11,8964	0,1122	0,0094	91,5109
BvHsp40-78	7	Glyma.03G200800.1	3	12,3732	0,1151	0,0093	95,1783
BvHsp40-78	7	Glyma.10G078500.1	10	12,1262	0,1133	0,0093	93,2787
BvHsp40-78	7	Glyma.19G198400.2	19	13,1118	0,1207	0,0092	100,8600
BvHsp40-79	7	Glyma.03G181300.2	3	12,4055	0,0839	0,0068	95,4273
BvHsp40-79	7	Glyma.19G182100.1	19	13,3653	0,0804	0,0060	102,8101
BvHsp40-80	7	Glyma.19G180600.1	19	15,5921	0,1710	0,0110	119,9390
BvHsp40-81	7	Glyma.07G043100.5	7	6,1341	0,3928	0,0640	47,1854
BvHsp40-81	7	Glyma.16G011500.2	16	4,5935	0,3755	0,0817	35,3346
BvHsp40-83	7	Glyma.12G189400.1	12	10,9153	0,0925	0,0085	83,9636
BvHsp40-83	7	Glyma.13G312400.1	13	11,7032	0,0935	0,0080	90,0248
BvHsp40-84	7	Glyma.U012100.2	11	2,9254	0,0693	0,0237	22,5031
BvHsp40-84	7	Glyma.12G095700.1	12	2,9892	0,0731	0,0244	22,9939
BvHsp40-84	7	Glyma.13G311600.1	13	19,8520	0,0824	0,0042	152,7081
BvHsp40-85	7	Glyma.18G066200.2	18	1,6135	0,2132	0,1321	12,4115
BvHsp40-86	7	Glyma.13G338600.1	13	4,7944	0,3957	0,0825	36,8800
BvHsp40-86	7	Glyma.15G035700.1	15	17,9202	0,2941	0,0164	137,8479
BvHsp40-89	8	Glyma.10G252200.1	10	13,8736	0,1478	0,0107	106,7198
BvHsp40-89	8	Glyma.20G141300.1	20	13,3226	0,1527	0,0115	102,4818
BvHsp40-93	9	Glyma.09G283400.1	9	1,4923	0,3837	0,2571	11,4789

**EK 11' in devamı;**

BvHsp40-93	9	Glyma.20G002400.2	20	2,6884	0,4527	0,1684	20,6800
BvHsp40-94	9	Glyma.02G305000.1	2	19,9646	0,2664	0,0133	153,5736
BvHsp40-94	9	Glyma.14G008900.1	14	1,9821	0,2662	0,1343	15,2470
BvHsp40-95	9	Glyma.06G275400.1	6	21,7011	0,1958	0,0090	166,9317
BvHsp40-95	9	Glyma.12G212100.1	12	15,3969	0,2096	0,0136	118,4376
BvHsp40-95	9	Glyma.12G130000.1	12	3,2258	0,2092	0,0649	24,8138
BvHsp40-95	9	Glyma.13G289600.1	13	1,7531	0,2179	0,1243	13,4850
BvHsp40-98	9	Glyma.10G283300.2	10	20,1654	0,3698	0,0183	155,1185
BvHsp40-98	9	Glyma.20G106400.4	20	31,1783	0,3847	0,0123	239,8331
BvHsp40-101	9	Glyma.08G213400.1	8	15,7794	0,2484	0,0157	121,3801
BvHsp40-101	9	Glyma.15G006900.1	15	19,6154	0,2041	0,0104	150,8875
BvHsp40-102	9	Glyma.08G068300.1	8	9,2950	0,4958	0,0533	71,5000
BvHsp40-102	9	Glyma.13G257100.1	13	5,9773	0,4243	0,0710	45,9791
BvHsp40-102	9	Glyma.15G057800.1	15	2,5841	0,4294	0,1662	19,8777
BvHsp40-104	scaffold	Glyma.02G211200.1	2	15,3980	0,2939	0,0191	118,4459
BvHsp40-104	scaffold	Glyma.14G178800.3	14	2,5065	0,3235	0,1291	19,2808
BvHsp40-105	scaffold	Glyma.10G049900.2	10	5,3880	0,1373	0,0255	41,4462
BvHsp40-105	scaffold	Glyma.13G137400.1	13	2,9830	0,1167	0,0391	22,9465
BvHsp40-106	scaffold	Glyma.07G252300.1	7	19,4609	0,4450	0,0229	149,6992
BvHsp40-106	scaffold	Glyma.17G022200.3	17	2,8731	0,5034	0,1752	22,1008
BvHsp40-107	scaffold	Glyma.04G025100.2	4	1,9808	0,1001	0,0505	15,2369
BvHsp40-107	scaffold	Glyma.06G025200.1	6	2,9830	0,1133	0,0380	22,9465
BvHsp40-107	scaffold	Glyma.14G218100.1	14	19,4609	0,1295	0,0067	149,6992
BvHsp40-107	scaffold	Glyma.17G257200.1	17	2,0637	0,1094	0,0530	15,8742
BvHsp40-108	scaffold	Glyma.09G044000.8	9	9,1520	0,2837	0,0310	70,4000
BvHsp40-108	scaffold	Glyma.15G149100.1	15	6,5191	0,2701	0,0414	50,1469
<b>Ortalama</b>				<b>15,20</b>	<b>0,30</b>	<b>0,06</b>	<b>116,94</b>

**EK 12 BvHsp40 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu**

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
ath-miR160a-5p	BvHsp40-44	5.0	19.799	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA	CGGCA-GCAGUGACUCAGGCA
ath-miR1886.2	BvHsp40-44	5.0	19.186	UGAGAUGA--AAUCUUUGAUUGG	GGAAUCAGAGAUUACUCCUCUCA
ath-miR404	BvHsp40-03	5.0	20.419	AUUAACGCUGGCGGUUGCGGCAGC	GUCUACGCCACCGCCACCGCGAAU
ath-miR5653	BvHsp40-44	5.0	20.116	UGGGUUGAGUUGAGUUGAGUUGGC	GAUUACUCCUCUCAUAUUAUCCA
ath-miR773a	BvHsp40-44	5.0	9.717	UUUGCUUCCAGCUUUUGUCUC	AAUAUAAGAGGAGAAAGCAA
ath-miR831-5p	BvHsp40-44	5.0	11.694	AGAAGCGUACAAGGAGAUGAGG	AGUCUUCACCGUG-ACGCUUCU
ath-miR846-5p	BvHsp40-44	5.0	12.876	CAUUCAAGGACUUCUAUUCAG	AGGAAUGGAAGACUCAGAAUG
ath-miR862-3p	BvHsp40-03	5.0	24.757	AUAUGCUGGAUCUACUUGAAG	AUUCGAGUCCAUGAAGCGUAU
<i>Glycine max</i>					
gma-miR160a-5p	BvHsp40-44	5.0	19.799	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA	CGGCA-GCAGUGACUCAGGCA
gma-miR4408	BvHsp40-03	5.0	18.177	UAACAACAUU-GGAUGAGGGUUGGA	AGAGUUCUUCACCCUGAUGUUGUUG
gma-miR482a-3p	BvHsp40-44	5.0	21.482	UCUUCCEAAUCCGCCCAUCCUA	GAAGAGUGGAUGGG-UUGGGAAGG
<i>Oryza sativa</i>					
osa-miR5820	BvHsp40-03	4.5	19.061	UGGCAGAGAUUGAUCGAGGAA	CAACUCCGUCAAUCUCCGCCG
osa-miR160a-5p	BvHsp40-44	5.0	19.799	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA	CGGCA-GCAGUGACUCAGGCA
osa-miR1859	BvHsp40-44	5.0	21.173	UUUCCUAUGACGUCCAUCCAA	GAAGAGUGGAUGGGUUGGGAAG
osa-miR1863b.2	BvHsp40-44	5.0	17.707	AGAGACUUGGCUGAUGCAUUACU	AUAAUUGCA-CAGUCAAGUUUCA
osa-miR2921	BvHsp40-03	5.0	21.965	AAGAACUUAUAUAACUUUAAGC	UAUAGAAAUAUGGCUAGAGUUCU

**EK 12' nin devamı;**

osa-miR395o	BvHsp40-03	5.0	2.502	AUGAAGUGUUUGGAGGAACUC	UGGCUUCUGCAACCACUACAU
osa-miR395x	BvHsp40-03	5.0	2.502	GUGAAGUGUUUGGAGUAGCUC	UGGCUUCUGCAACCACUACAU
osa-miR5081	BvHsp40-44	5.0	18.032	UAAUUUGUAGCAAUUGAUAGU	ACAGUCAAGUUUCACCAGAUUA
osa-miR5150-3p	BvHsp40-03	5.0	21.823	AGAAGCUGCAGCUGUCAGAAGCUC	CGACUUCUGUCGGC-GUAGCUUCA
osa-miR5537	BvHsp40-44	5.0	14.006	AAUGUUUGUAUGGAUCGUUUGU	UAUUAUGAUCCAGAUGAACAAU
osa-miR810b.2	BvHsp40-03	5.0	13.763	AAGUGAUUUAAUUAUGCCGUU	UCCGGCGUC-UUACGUCACUU
<i>Populus trichocarpa</i>					
ptc-miR160a	BvHsp40-44	5.0	19.799	UGCCUGGCUCCCUGUAUGCCA	CGGCA-GCAGUGACUCAGGCA
ptc-miR171c	BvHsp40-03	5.0	23.033	AGAUUGAGCCGCGCCAAUAUC	UCUGUCGGCGUAGCUUCAUCU
ptc-miR478d	BvHsp40-44	5.0	13.127	UGACAUGUCUUCUAUUUUUAGUAA	GUGCAAGAAAUGGAAG-CAUAUUA
ptc-miR478p	BvHsp40-44	5.0	13.127	UAACGUGUCUUCUAUUUUUAGGGA	GUGCAAGAAAUGGAAG-CAUAUUA

### EK 13 Şeker Pancarı BvHsp60 Proteini Katalođu

Protein Adı	NCBI Eriřim No.	Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiř Pozisyonu (bp)	Protein Uzunluđu (aa)	pI	Moleküler Ađırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı ya da Kararsız
BvHsp60-01	XP_010673144.1	Chr 1	636,368	647,299	1721	4,99	192497,43	47,22	Kararsız
BvHsp60-02	XP_010691984.1	Chr 1	736,359	739,31	134	6,59	14771,95	31,55	Kararlı
BvHsp60-03	XP_010671843.1	Chr 3	7,648,085	7,654,283	606	6,02	64446,92	28,88	Kararlı
BvHsp60-04	XP_010672058.1	Chr 3	9,451,884	9,462,134	548	5,28	59222,66	35,57	Kararlı
BvHsp60-05	XP_010672451.1	Chr 3	14,637,565	14,646,434	527	5,71	57414,2	34,37	Kararlı
BvHsp60-06	XP_010673053.1	Chr 3	23,419,726	23,423,353	97	8,00	10548,26	31,44	Kararlı
BvHsp60-07	XP_010694378.1	Chr 4	339,748	342,803	255	7,70	26824,60	27,40	Kararlı
BvHsp60-08	XP_010673788.1	Chr 4	3,112,632	3,115,860	97	6,82	10518,17	36,27	Kararlı
BvHsp60-09	XP_010674331.1	Chr 4	6,985,817	6,996,589	556	5,64	60464,84	37,61	Kararlı
BvHsp60-10	XP_010675274.1	Chr 4	21,332,398	21,344,926	563	6,13	60630,27	36,69	Kararlı
BvHsp60-11	XP_010695656.1	Chr 5	449,294	451,361	534	6,78	57762,12	35,60	Kararlı
BvHsp60-12	XP_010676624.1	Chr 5	5,076,756	5,086,006	548	5,27	59110,57	35,75	Kararlı
BvHsp60-13	XP_010677002.2	Chr 5	5,856,297	5,859,016	112	5,15	12098,03	19,93	Kararlı
BvHsp60-14	XP_010695948.1	Chr 6	573,485	587,075	588	8,48	62625,04	29,63	Kararlı
BvHsp60-15	XP_010695946.1	Chr 6	573,485	587,075	604	6,10	64474,02	31,28	Kararlı
BvHsp60-16	XP_019102622.1	Chr 6	573,485	587,075	471	5,50	50090,63	28,98	Kararlı
BvHsp60-17	XP_010681968.1	Chr 6	37,780,852	37,794,817	1735	6,25	194130,09	50,66	Kararsız
BvHsp60-18	XP_010682202.1	Chr 6	44,807,322	44,820,722	541	5,91	58681,97	31,6	Kararlı
BvHsp60-19	XP_010682361.1	Chr 6	48,431,298	48,439,098	535	5,39	59194,3	41,61	Kararsız
BvHsp60-20	XP_010696183.1	Chr 7	1,187,416	1,194,442	584	8,00	63539,53	32,81	Kararlı

**EK 13' ün devamı;**

BvHsp60-21	XP_010685217.1	Chr 7	35,080,020	35,092,321	1811	5,44	201652,99	44,65	Kararsız
BvHsp60-22	XP_010685392.1	Chr 7	37,855,710	37,865,006	570	5,94	61200,36	29,10	Kararlı
BvHsp60-23	XP_010685449.1	Chr 7	38,667,227	38,676,012	535	5,98	59277,32	32,77	Kararlı
BvHsp60-24	XP_010687539.1	Chr 8	27,775,111	27,779,188	254	8,47	26895,96	28,38	Kararlı
BvHsp60-25	XP_010687592.1	Chr 8	28,757,060	28,769,574	1802	5,49	200250,56	47,78	Kararsız
BvHsp60-26	XP_010687594.1	Chr 8	28,757,060	28,769,574	1782	5,51	198033,16	48,10	Kararsız
BvHsp60-27	XP_010688051.1	Chr 8	34,090,238	34,092,652	735	6,01	82101,29	47,32	Kararsız
BvHsp60-28	XP_010689095.1	Chr 9	6,306,358	6,311,537	586	5,17	62131,10	30,18	Kararsız
BvHsp60-29	XP_010689439.1	Chr 9	13,805,938	13,806,476	90	4,91	9794,25	30,11	Kararlı
BvHsp60-30	XP_010689880.1	Chr 9	25,213,326	25,213,901	90	4,70	9795,19	27,43	Kararlı
BvHsp60-31	XP_010691436.1	Chr 9	42,476,705	42,482,637	610	5,85	65206,72	28,55	Kararlı
BvHsp60-32	XP_010668896.1	scaffold	152	638	144	7,69	15630,27	26,45	Kararlı
BvHsp60-33	XP_010666924.1	scaffold	74,442	86,84	480	5,54	52292,34	26,48	Kararlı
BvHsp60-34	XP_010667485.1	scaffold	118,637	124,9	723	7,72	81109,74	38,40	Kararlı
BvHsp60-35	XP_010666384.1	scaffold	195,300	196,508	90	4,91	9780,22	26,49	Kararlı
BvHsp60-36	XP_010666478.1	scaffold	211,902	217,039	572	5,84	61029,28	27,53	Kararlı

### EK 14 *BvHsp60* Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk	e-değeri	Benzerlik	Gen Ontoloji
BvHsp60-01	putative 1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1D	1721	0.0	69.41	ATP bağlama; endozom membranı;
BvHsp60-02	10 kDa chaperonin 1, chloroplastic	134	3,91E-89	90.31	Mitokondriyal matriks; metal iyon bağlama;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp60-03	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic	606	0.0	95.98	ATP bağlama; kloroplast stroma; sitozolik ribozom; protein yeniden katlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp60-04	T-complex protein 1 subunit theta	548	0.0	95.16	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması; protein katlama şaperonu; P:positive regulation of transport;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-05	T-complex protein 1 subunit beta	527	0.0	96.26	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-06	10 kDa chaperonin, mitochondrial-like	97	4,24E-57	94.9	Mitokondriyal matriks; metal iyon bağlama;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp60-07	20 kDa chaperonin, chloroplastic	255	1,25E-174	83.2	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; kloroplast; metal iyonu bağlama;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama; P:positive regulation of superoxide dismutase activity
BvHsp60-08	10 kDa chaperonin, mitochondrial-like	97	1,68E-59	90.05	Mitokondriyal matriks; metal iyon bağlama;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama
BvHsp60-09	T-complex protein 1 subunit gamma	556	0.0	96.8	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-10	T-complex protein 1 subunit eta	563	0.0	97.8	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-11	T-complex protein 1 subunit delta	534	0.0	95.95	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması

**EK 14'ün devamı;**

BvHsp60-12	T-complex protein 1 subunit theta	548	0.0	94.83	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-13	20 kDa chaperonin, chloroplastic-like	112	2,95E-69	92.52	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; kloroplast; metal iyonu bağlama;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama; P:positive regulation of superoxide dismutase activity
BvHsp60-14	chaperonin 60 subunit alpha 2, chloroplastic-like	588	0.0	92.76	ATP bağlama; kloroplast; protein yeniden katlanması
BvHsp60-15	chaperonin 60 subunit alpha 2, chloroplastic-like	604	0.0	92.85	ATP bağlama; kloroplast; protein yeniden katlanması
BvHsp60-16	chaperonin 60 subunit alpha 2, chloroplastic isoform X1	471	0.0	93.96	ATP bağlama; kloroplast; protein yeniden katlanması
BvHsp60-17	putative 1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1C	1735	0.0	77.59	fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; ATP bağlama; endozom membranı; fosfatidilinositol fosforilasyonu
BvHsp60-18	---NA---	541			
BvHsp60-19	T-complex protein 1 subunit epsilon	535	0.0	97.8	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-20	chaperonin 60 subunit beta 4, chloroplastic-like isoform X2	584	0.0	92.24	ATP bağlama; kloroplast stroma; protein yeniden katlanması
BvHsp60-21	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1B	1811	0.0	78.79	fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; ATP bağlama; endozom membranı; fosfatidilinositol fosforilasyonu; metal iyon bağlama
BvHsp60-22	chaperonin CPN60-like 2, mitochondrial	570	0.0	91.17	ATP bağlama; mitokondri; vakum membranı; sitozol; protein yeniden katlanması; kadmiyum iyonuna yanıt
BvHsp60-23	T-complex protein 1 subunit zeta 1	535	0.0	98.14	ATP bağlama;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-24	20 kDa chaperonin, chloroplastic	254	0.0	91.43	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; soğuğa tepki; kloroplast; stroma; kloroplast; kadmiyum iyonuna yanıt;poplast;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; şaperon bağlama; P:protein heterotetramerization

**EK 14'ün devamı;**

BvHsp60-25	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1A-like	1802	0.0	78.88	fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; ATP bağlama; endozom membranı; fosfatidilinositol fosforilasyonu; metal iyon bağlama
BvHsp60-26	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase FAB1A-like	1782	0.0	78.37	fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; ATP bağlama; endozom membranı; fosfatidilinositol fosforilasyonu; metal iyon bağlama
BvHsp60-27	pentatricopeptide repeat-containing protein At1g08070, chloroplastic	735	0.0	85.95	protein bağlama; çinko iyonu bağlama
BvHsp60-28	ruBisCO large subunit-binding protein subunit alpha	586	0.0	95.04	ATP bağlama; protein yeniden katlanması
BvHsp60-29	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic	90	1,54E-39	97.24	ATP bağlama; kloroplast stroma; sitozolik ribozom; protein yeniden katlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp60-30	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic	90	1,52E-48	97.07	protein bağlama; ATP bağlama; plazma zarı; kloroplast stroma; sitozolik ribozom; protein yeniden katlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp60-31	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic-like	610	0.0	91.2	ATP bağlama; kloroplast stroma; sitozolik ribozom; protein yeniden katlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp60-32	T-complex protein 1 subunit zeta	144	8,16E-95	82.73	ATP bağlama; mitokondri;şaperonin içeren T kompleksi; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp60-33	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic	480	0.0	97.75	ATP bağlama; kloroplast stroma; sitozolik ribozom; protein yeniden katlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp60-34	pentatricopeptide repeat-containing protein At2g03380, mitochondrial	723	0.0	83.75	RNA bağlanması;RNA modifikasyonu; hücre içi zarla çevrili organel
BvHsp60-35	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic	90	1,61E-39	97.24	ATP bağlama; kloroplast stroma; sitozolik ribozom; protein yeniden katlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması
BvHsp60-36	chaperonin CPN60-2, mitochondrial	572	0.0	95.06	ATP bağlama; mitokondri; sitozol; protein yeniden katlanması

**EK 15 BvHsp60 Genlerinin Tandem ve Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

<b>Tandem Duplikasyon</b>									
<b>Kromozom</b>	<b>Gen</b>	<b>Duplikasyon</b>	<b>Edeđeri</b>	<b>Homoloji(%)</b>	<b>Mesafe</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
Chr 6	BvHsp60-14	BvHsp60-15	0.0	100.00%	0,000	0,034	0,024	0,725	0,258
Chr 6	BvHsp60-14	BvHsp60-16	0.0	100.00%	0,000	0,0000	0,0000	NaN	0,000
Chr 6	BvHsp60-15	BvHsp60-16	0.0	100.00%	0,000	0,0000	0,0000	NaN	0,000
Chr 8	BvHsp60-25	BvHsp60-26	0.0	98.89%	0,000	0,0000	0,000	NaN	0,000
<b>Ortalama</b>						<b>0,0335</b>	<b>0,0123</b>	<b>0,7254</b>	<b>0,0644</b>

<b>Segmental Duplikasyon</b>									
<b>Gen 1</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Gen 2</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Edeđeri</b>	<b>Homoloji(%)</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp60-03	Chr 3	BvHsp60-31	Chr 9	0.0	76.61%	8,150	0,154	0,019	62,692
BvHsp60-03	Chr 3	BvHsp60-33	scaffold	0.0	98.88%	0,422	0,302	0,714	3,249
BvHsp60-04	Chr 3	BvHsp60-12	Chr 5	0.0	96.17%	0,170	0,019	0,109	1,311
BvHsp60-22	Chr 7	BvHsp60-36	Chr 8	0.0	67.75%	53,515	1,268	0,024	411,650
BvHsp60-31	Chr 9	BvHsp60-33	scaffold	5e-153	80.97%	54,013	0,358	0,007	415,483
<b>Ortalama</b>						<b>23,254</b>	<b>0,420</b>	<b>0,174</b>	<b>178,877</b>

**EK 16 BvHsp60 Genlerinin Arabidopsis, Çeltiki kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Şeker Pancarı	Kromozom	Arabidopsis Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp60-01	1	AT1G34260.1	1	2,736	0,422	0,154	21,047
BvHsp60-02	1	AT2G44650.1	2	1,201	0,187	0,156	9,239
BvHsp60-02	1	AT3G60210.1	3	2,090	0,141	0,068	16,080
BvHsp60-04	3	AT3G03960.1	3	20,716	0,124	0,006	159,354
BvHsp60-11	5	AT3G18190.1	3	16,486	0,098	0,006	126,814
BvHsp60-17	6	AT1G71010.1	1	2,573	0,338	0,131	19,790
BvHsp60-21	7	AT3G14270.1	3	2,536	0,303	0,120	19,509
BvHsp60-25	8	AT4G33240.1	4	2,123	0,333	0,157	16,334
BvHsp60-36	scaffold	AT2G33210.1	2	24,024	0,134	0,006	184,802
BvHsp60-36	scaffold	AT3G23990.1	3	13,575	0,106	0,008	104,424
<b>Ortalama</b>				<b>8,806</b>	<b>0,219</b>	<b>0,081</b>	<b>67,739</b>

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Çeltik Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp60-02	1	LOC_Os10g41710.1	Chr10	2,708	0,309	0,114	20,832
BvHsp60-06	3	LOC_Os07g44740.1	Chr7	8,566	0,201	0,023	65,892
BvHsp60-21	7	LOC_Os08g34950.1	Chr8	32,618	0,338	0,010	250,908
<b>Ortalama</b>				<b>14,631</b>	<b>0,283</b>	<b>0,049</b>	<b>112,544</b>

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Kavak Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp60-01	1	Potri.013G116400.2	13	16,747	0,393	0,023	128,824
BvHsp60-01	1	Potri.019G087000.4	19	17,556	0,385	0,022	135,046
BvHsp60-04	3	Potri.013G058500.1	13	13,952	0,092	0,007	107,326
BvHsp60-04	3	Potri.019G034200.1	19	14,120	0,091	0,006	108,619
BvHsp60-08	4	Potri.001G274300.1	1	17,062	0,179	0,010	131,246
BvHsp60-08	4	Potri.009G068900.1	9	17,792	0,184	0,010	136,861
BvHsp60-09	4	Potri.004G133800.1	4	22,520	0,067	0,003	173,231
BvHsp60-11	5	Potri.012G051300.1	12	1,464	0,092	0,063	11,259
BvHsp60-11	5	Potri.015G042600.1	15	13,807	0,096	0,007	106,207
BvHsp60-17	6	Potri.008G128800.3	8	14,668	0,273	0,019	112,829
BvHsp60-17	6	Potri.010G113700.3	10	14,474	0,271	0,019	111,337
BvHsp60-21	7	Potri.001G163200.4	1	17,763	0,265	0,015	136,641
BvHsp60-21	7	Potri.003G072300.1	3	17,796	0,263	0,015	136,893
BvHsp60-22	7	Potri.003G039475.1	3	1,508	0,156	0,104	11,597
BvHsp60-24	8	Potri.006G138600.5	6	10,816	0,195	0,018	83,198
BvHsp60-24	8	Potri.018G063200.1	18	10,638	0,177	0,017	81,833

**EK 16'nın devamı;**

BvHsp60-25	8	Potri.001G163200.4	1	17,763	0,265	0,015	136,641
BvHsp60-25	8	Potri.003G072300.1	3	17,796	0,263	0,015	136,893
BvHsp60-36	scaffold	Potri.001G054400.1	1	13,973	0,106	0,008	107,487
BvHsp60-36	scaffold	Potri.003G173900.1	3	15,797	0,106	0,007	121,513
<b>Ortalama</b>				<b>14,401</b>	<b>0,196</b>	<b>0,020</b>	<b>110,774</b>

<b>Şeker Pancarı</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Soya Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp60-01	1	Glyma.10G218400.4	10	2,125	0,428	0,201	16,348
BvHsp60-01	1	Glyma.20G173200.1	20	2,154	0,436	0,202	16,567
BvHsp60-02	1	Glyma.03G103600.2	3	9,001	0,215	0,024	69,239
BvHsp60-02	1	Glyma.07G120400.1	7	6,356	0,223	0,035	48,895
BvHsp60-04	3	Glyma.02G071900.1	2	1,715	0,084	0,049	13,192
BvHsp60-06	3	Glyma.03G125800.1	3	3,638	0,120	0,033	27,984
BvHsp60-06	3	Glyma.19G128300.1	19	3,652	0,121	0,033	28,090
BvHsp60-09	4	Glyma.09G158200.3	9	3,281	0,071	0,022	25,237
BvHsp60-09	4	Glyma.16G208700.1	16	3,031	0,070	0,023	23,313
BvHsp60-09	4	Glyma.20G215100.1	20	1,726	0,086	0,050	13,277
BvHsp60-11	5	Glyma.05G242700.1	5	30,335	0,098	0,003	233,346
BvHsp60-11	5	Glyma.08G050100.1	8	9,706	0,082	0,008	74,662
BvHsp60-21	7	Glyma.07G045600.1	7	20,791	0,279	0,013	159,931
BvHsp60-21	7	Glyma.16G013500.1	16	2,425	0,290	0,120	18,650
BvHsp60-22	7	Glyma.07G009600.1	7	16,602	0,153	0,009	127,708
BvHsp60-22	7	Glyma.08G192700.2	8	15,980	0,154	0,010	122,920
BvHsp60-24	8	Glyma.13G112500.2	13	10,554	0,179	0,017	81,182
BvHsp60-24	8	Glyma.15G180900.1	15	12,722	0,163	0,013	97,862
BvHsp60-25	8	Glyma.07G045600.1	7	20,791	0,279	0,013	159,931
BvHsp60-25	8	Glyma.13G114800.4	13	1,627	0,298	0,183	12,519
BvHsp60-25	8	Glyma.16G013500.1	16	2,425	0,290	0,120	18,650
BvHsp60-25	8	Glyma.17G045200.2	17	2,252	0,292	0,130	17,321
BvHsp60-27	8	Glyma.05G008800.1	5	21,064	0,251	0,012	162,031
BvHsp60-27	8	Glyma.17G117000.1	17	2,425	0,268	0,110	18,654
BvHsp60-36	scaffold	Glyma.10G127800.1	10	1,683	0,104	0,062	12,946
BvHsp60-36	scaffold	Glyma.20G079300.1	20	18,338	0,109	0,006	141,062
<b>Ortalama</b>			<b>8,708</b>	<b>0,198</b>	<b>0,058</b>	<b>66,981</b>	

**EK 17 BvHsp60 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu**

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
Ath-miR2111a	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAAUCUGCAUCCUGAGGUUUA	AAAGCUUGAGGAUGCUGAUGA
Ath-miR396a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
Ath-miR5638	BvHsp60-28	5.0	-1.0	ACAGUGGUCAUCUGGUGGGCU	AACUGACCAGAAGAUUACUGC
Ath-miR845b	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UCGCUCUGAUACCAAAUUGAUG	AGGCGGUUUGUUGUAGAGCCA
Ath-miR862	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AUAUGCUGGAUCUACUUGAAG	AUUGAAGAAGAUCAGUGUGU
ath-miR156f-3p	BvHsp60-28	5.0	-1.0	GCUCACUCUCUAUCCGUCACC	AGUGAUGGCAAGAGAGUGGGA
ath-miR2111a-5p	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAAUCUGCAUCCUGAGGUUUA	AAAGCUUGAGGAUGCUGAUGA
ath-miR396a-5p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
ath-miR403-5p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGUUUUGUGCUUGAAUCUAAUU	AAGUGGAUUCAGGAAAAGAGCA
ath-miR4221	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUUUCUCUGUUGAAUUCUUGC	UGAAGAGAUCaucagagCAAAG
ath-miR5638b	BvHsp60-28	5.0	-1.0	ACAGUGGUCAUCUGGUGGGCU	AACUGACCAGAAGAUUACUGC
ath-miR5642a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UCUCGCGCUUGUACGGCUUU	GAAGUCCGAGAAGCGCGAGG
ath-miR5647	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UCAAGUUUGAUGAC-GAUUCCA	AAAAAUCCGUUGUCGAAUUGA
ath-miR822-3p	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UGUGCAAUUGCUUUCUACAGG	UGUGCAGAAGGCACUUGUAUC
ath-miR837-5p	BvHsp60-28	5.0	-1.0	AUCAGUUUCUUGUUCGUUUCA	GCAAGAGAGUGGGAGAUUGGU
ath-miR862-3p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AUAUGCUGGAUCUACUUGAAG	AUUGAAGAAGAUCAGUGUGU
ath-miR863-3p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUGAGAGCAACAAGACAUAUU	AUCAUCCUUGUUGUCCCAA
<i>Glycine max</i>					
Gma-miR10190	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UCCUGAUGACUAUUAUGAGCU	AGCUGAAGAUAGUUGUCACGA
Gma-miR10195	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAUGAUUUUGUGGAUCAAGGA	GUGUUUUAUCCAUCGAGUCAUC
Gma-miR10197	BvHsp60-28	5.0	-1.0	AUUUUAGAACGACUUUUCCU	AAGAAAGAGUUGUUUGAGACU

**EK 17'nin devamı;**

Gma-miR10424f	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UUUUCUAAUUUAUCAGGGACU	UGUCUUGGAUGAAUUCGGAAG
Gma-miR1513a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGAGAGAAAGCCAUGACUUAC	CGGAGUCAUGGAUUUUCUCU
Gma-miR1514a	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UUCAUUUUUAAAAUAGGCAUUG	CGUUGUCGAAUUUGAAAUGCA
Gma-miR166l	BvHsp60-28	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGCUCGAGG	AGUCGGUCCAGAUGGUGUUUU
Gma-miR2111b	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAAUCUGCAUCCUGAGGUUU	AAGCUUGAGGAUGCUGAUGA
Gma-miR2111c	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAAUCUGCAUCCUGAGGUUU	AAGCUUGAGGAUGCUGAUGA
Gma-miR2111e	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAAUCUGCAUCCUGAGGUUU	AAGCUUGAGGAUGCUGAUGA
Gma-miR2111f	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAAUCUGCAUCCUGAGGUUU	AAGCUUGAGGAUGCUGAUGA
Gma-miR396a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
Gma-miR4348a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AAACUUGUAAGAUGGUGACAU	GCCUUGUCAUUUGGCAAGUUU
Gma-miR4380	BvHsp60-01	5.0	-1.0	CGUAUGGUCAUACGGAUUGUUGAU	GCCAUGGAUCCGUCUGGCUAUGUG
Gma-miR4401b	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UCAAGACGUUGCUAAGGUAA	UUGUAUCACCAGCGUCUUUGA
Gma-miR5042	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGGGGCUUGAUCCAAGAUAGG	ACUUUUUUGGAUUGGGAUCCA
Gma-miR5225	BvHsp60-01	5.0	-1.0	CCUGUCGUAGGAGAGAUGACGC	GGAGAAUCUUUCUUUCGGCAGG
Gma-miR9724b	BvHsp60-01	5.0	-1.0	CUAUCUUGGCACUAUCUCUAAAC	GUAGCAGAUACUACUAAGAUAAG
Gma-miR9764a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGGAUACACUCUUACUUUCUC	CGGAAGAUAGAAGCGUAUCCA
Gma-miRN1259	BvHsp60-01	5.0	-1.0	GGAGAAGAAAUUGCGAAGCUG	UAGCUUUUCAAGUUUUCUUC
Gma-miRN1264	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGUGGAAUCUUCUAAUGGAGUC	CAUUCUGCUGAAGGGUUCACA
Gma-miRN1279	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AGAGAUGACGAUCAGUGGAGGC	UCUUUCACAGAAUCUCAUCUCU
Gma-miRN1318	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGAAGGGGUCAUAGUCGGUCAU	AAGACCGAAUUUGAUUCAUUCA
Gma-miRN1346	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUGGAUAAUGAUUGUCACGUG	UGCUGCAAGAUAUUGUCUCA
Gma-miRN1347	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGAGGGCUGAGGCAUUAAGGGG	UGCCUCUGAGCCUUGGCCUUUG
Gma-miRN1361a	BvHsp60-28	5.0	-1.0	AUGGAGAUGAAUUGUGAAGCU	AUCUCCACAAUUUGUUACCAA

**EK 17'nin devamı;**

Gma-miRN1372	BvHsp60-28	5.0	-1.0	AUAGUGUCUCUGCCUCUGGCCU	GUCCAGAGGGAGAAAUGUUGU
gma-miR1513a-5p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGAGAGAAAGCCAUGACUUAC	CGGAGUCAUGGAUUAUUCUCU
gma-miR1514a-5p	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UUCAUUUUUAAAAUAGGCAUU	GUUGUCGAAUUUGAAAUGCA
gma-miR1536	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AAGCAGAGACAAAUGUGUUUA	AGAGCAAGUCUGUCUUUGCUA
gma-miR166a-5p	BvHsp60-28	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGCUCGAGG	AGUCGGUCCAGAUGGUGUUUU
gma-miR396a-5p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
gma-miR4370	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AGUAGACUCGUCCGAUUUUGCGUA	GAUUAUGAAUACGAUGAGUCUGCU
gma-miR5042-3p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGGGGCUUGAUCCAAGAUAGG	ACUUUUUUGGAUUGGGAUCCA
gma-miR5377	BvHsp60-01	5.0	-1.0	CUGAAGGAUCGAUGUAGAAUGCU	GGUGUUCU-CAUAGAUCUUUCA
gma-miR5767	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGGAGGACCUUUGAAGGUGCA	GAACUCCCAAAGGUCGUCCA
gma-miR9764	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGGAUACACUCUACUUUCUC	CGGAAGAUAGAAGCGUAUCCA
<b><i>Oryza sativa</i></b>					
Osa-miR11337e	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UACAUCGUUAGAUUCGUCUCG	GAGGAAGAGCCUAAUGAUGUU
Osa-miR1871	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AUGGCUCUGAUUCAUGUUGGUUU	GUUUCUAAAUAUAUCGGAGUCAU
Osa-miR1875	BvHsp60-01	5.0	-1.0	ACAAUGGAGUGAAGUGCAACAGAA	AGACAUUGCGAGUCACUCUAUUUU
Osa-miR395d	BvHsp60-01	5.0	-1.0	GUGAAGUGUUUGGGGGAACUC	UUGUCCCAAGAAUGUUUCAC
Osa-miR396a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
Osa-miR444b	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UGCAGUUGUUGUCUCAAGCUU	GAGCUUCAGGCUAGAAUUGCA
Osa-miR5152a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	GUAGGGAUAGGCAUGAUCUCU	CAAGAGCAAGUCUGUCUUUGC
Osa-miR5161	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UCUGGAUCAGAGGGAGUAUA	AAUGCUGCCUCUGUUGCAGG
Osa-miR528	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UGGAAGGGGCAUGCAGAGGAG	GUGCAUUGCAUGCUCGUUUCA
Osa-miR5492	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AGAAGGAGAAUAGAUUGGUU	UGCAGUCUCUAUCCUCUUUU
Osa-miR5503	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUCGGAUCUUUCUAGAGGCAUU	GUUAAAGUUAGAAAGAUCUGAA

**EK 17'nin devamı;**

Osa-miR5801q	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UCGUUUCCGAUCGUUGUAUC	UAUACCAUUAUUGGAAAAGA
Osa-miR5833	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UCCUCCUCGGGCUCAUCGGGC	GUCCGAGAAGCGCGAGGAAGA
Osa-miR5837	BvHsp60-01	5.0	-1.0	GGUGAUGUGGAGCGUUCGGCA	AGUAGGAUCCUCUACAUCGCC
Osa-miR812f	BvHsp60-01	5.0	-1.0	ACGGAUGAUUAAAGUUGGACACGG	AUGAUUCUGAUUUUAUUCAUUCUU
Osa-miRN2219	BvHsp60-01	5.0	-1.0	AUCGGAGGCCAUGGUGCAGCC	CUCUGAGCCUUGGCCUUUGAA
Osa-miRN2260a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UUAAGGACCGUAGAAUUGCUC	UCAUGAUUCUUCGGUCCUGAA
Osa-miRN2269	BvHsp60-01	5.0	-1.0	GCACCAGUGGUCUAG--UGGUC	GACCGUCCCAGAUCACUGGUGU
Osa-miRN2303a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UAGUGGAGUUGUGGAGCUGCC	CUCAUCUCUCCAGCUUACUG
<i>Populus trichocarpa</i>					
Ptr-miR396a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
Ptr-miR7817b	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UCUUCUGUCCUGAACGGUAA	GAGUCGCUCAGGGGCAAAGG
Ptr-miRN2838	BvHsp60-28	5.0	-1.0	CUUAGAAGUAGAGACAGGAUU	GAUUCUGUUUAUGAUUCUGAG
ptc-miR172b-5p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	GGAGCAUCAUCAAGAUUCACA	CAGGAAUUUUGAUGUCCUCU
ptc-miR2111a	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAAUCUGCAUCCUGAGGUUUG	AAAGCUUGAGGAUGCUGAUGA
ptc-miR396a	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
ptc-miR396e-5p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUU	UAUUUUGAGAAGUUUGUGGAG
ptc-miR396g-3p	BvHsp60-01	5.0	-1.0	CUCAAGAAAGCCGUGGGAAAA	AUUUCCAAUGGUUUUCAAGAG
ptc-miR476a	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UAGUAAUCCUUCUUGCAAAG	CUUUGAAAAGAGGAAUUGAUA
ptc-miR478e	BvHsp60-28	5.0	-1.0	UGACGAGUCUUCUAAUUUUUAGGGA	GGCAAGAGAGUGGGAGAUUGGUUA
ptc-miR7835	BvHsp60-01	5.0	-1.0	GAUGGGAUUUUUCGGGAAGUG	UUCUUCUGGAAACUCCUUU

### EK 18 Şeker Pancarı Hsp70 Proteini Kataloğu

Protein Adı	NCBI Erişim No.	Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)	Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı ya da Kararsız
BvHsp70-01	XP_010678398.1	Chr 1	1,201,825	1,204,670	655	5,32	71757,73	33,84	stable
BvHsp70-02	XP_010675873.1	Chr 1	10,706,402	10,712,069	528	9,36	60379,77	45,85	unstable
BvHsp70-03	XP_010677337.1	Chr 1	13,779,875	13,810,252	622	5,52	69720,27	31,77	stable
BvHsp70-04	XP_010678704.1	Chr 1	13,918,021	13,922,798	641	6,22	71834,86	33,57	stable
BvHsp70-05	XP_010677374.1	Chr 1	13,940,054	13,945,923	641	5,60	71178,97	32,92	stable
BvHsp70-06	XP_010678744.1	Chr 1	14,011,525	14,016,551	638	5,46	70961,17	35,22	stable
BvHsp70-07	XP_010678753.1	Chr 1	14,042,738	14,044,988	624	5,63	69664,09	27,77	stable
BvHsp70-08	XP_010678788.1	Chr 1	14,060,551	14,063,268	627	6,51	69957,06	32,78	stable
BvHsp70-09	XP_010677488.1	Chr 1	14,065,762	14,069,105	632	5,20	69817,41	40,51	unstable
BvHsp70-10	XP_010677501.1	Chr 1	14,100,415	14,103,130	557	9,33	62437,09	30,86	stable
BvHsp70-11	XP_010677511.1	Chr 1	14,122,880	14,126,307	624	6,10	69298,01	30,87	stable
BvHsp70-12	XP_010677532.1	Chr 1	14,179,373	14,183,144	642	5,62	71198,36	34,73	stable
BvHsp70-13	XP_010677542.1	Chr 1	14,196,202	14,199,123	605	8,19	66487	29,41	stable
BvHsp70-14	XP_010666692.1	Chr 2	4,122,613	4,123,035	140	4,78	15055,23	42,3	unstable
BvHsp70-15	XP_010669896.1	Chr 2	23,216,610	23,290,606	1526	5,66	168825,82	35,78	stable
BvHsp70-16	XP_010671405.1	Chr 3	3,542,503	3,546,429	665	4,98	73344,03	29,91	stable
BvHsp70-17	XP_010674036.1	Chr 4	4,563,104	4,567,531	664	5,15	73774,78	32,99	stable
BvHsp70-18	XP_010677047.1	Chr 5	9,271,466	9,279,314	576	9,31	66031,87	43,36	unstable
BvHsp70-19	XP_010679465.1	Chr 5	52,233,678	52,242,614	894	5,17	99201,28	41,53	unstable
BvHsp70-20	XP_010681763.1	Chr 6	31,515,253	31,519,427	713	5,16	75749,28	30,56	stable
BvHsp70-21	XP_010683054.1	Chr 6	57,572,456	57,578,554	677	5,57	72460,05	39,11	stable
BvHsp70-22	XP_010685795.1	Chr 7	41,705,299	41,708,680	648	5,17	71295,66	34,47	stable
BvHsp70-23	XP_010665569.1	Chr 8	1,364,806	1,380,786	767	5,32	85770,84	44,75	unstable
BvHsp70-24	XP_010687621.1	Chr 8	29,223,616	29,228,046	663	5,18	72763,14	33,07	stable

**EK 18'in devamı;**

BvHsp70-25	XP_010691292.1	Chr 9	41,345,435	41,352,560	850	5,20	93495,04	40,82	unstable
BvHsp70-26	XP_010691463.1	Chr 9	42,776,338	42,780,255	678	5,53	72587,2	39,42	stable
BvHsp70-27	XP_010668448.1	scaffold	1,904	2,716	271	7,15	30507,87	35,59	stable
BvHsp70-28	XP_010668127.1	scaffold	10,691	14,341	631	5,11	69829,37	40,77	unstable
BvHsp70-29	XP_010666933.1	scaffold	353,433	357,381	571	5,22	62056,25	36,99	stable

### EK 19 BvHsp70 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk	e-değeri	Benzerlik	Gen Ontoloji
BvHsp70-01	heat shock 70 kDa protein	655	0.0	95.68	ATP bağlama;endoplazmik retikulum lumen; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-02	O-fucosyltransferase 7 isoform X1	528	0.0	89.2	sitoplazma; transferaz aktivitesi
BvHsp70-03	heat shock cognate 70 kDa protein-like	622	0.0	81.37	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-04	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	641	0.0	81.4	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-05	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	641	0.0	82.86	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-06	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	638	0.0	81.02	ATP bağlama;endoplazmik retikulum lumen; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-07	probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c	624	0.0	79.07	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-08	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	627	0.0	82.39	ATP bağlama;endoplazmik retikulum lumen; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-09	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	632	0.0	83.82	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması

**EK 19'un devamı;**

BvHsp70-10	---NA---	557			
BvHsp70-11	heat shock cognate 70 kDa protein 2	624	0.0	82.28	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-12	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	642	0.0	79.99	ATP bağlama;endoplazmik retikulum; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-13	heat shock cognate 70 kDa protein-like	605	0.0	84.2	ATP bağlama;endoplazmik retikulum lumen; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-14	Hsp70 family protein	140	1,47E-90	96.55	ATP bağlama;endoplazmik retikulum lumen; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-15	heat shock cognate 70 kDa protein 2	1526	0.0	98.61	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-16	luminal-binding protein 5	665	0.0	96.57	ATP bağlama; C:nucleus;endoplazmik retikulum lumen; ; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-17	luminal-binding protein 5-like	664	0.0	94.81	ATP bağlama;endoplazmik retikulum lumen; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu;katlanmamış protein bağlanması;Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-18	O-fucosyltransferase 29	576	0.0	87.93	C:endosome; transferaz aktivitesi

**EK 19'un devamı;**

BvHsp70-19	heat shock 70 kDa protein 17	894	0.0	85.78	ATP bağlama
BvHsp70-20	stromal 70 kDa heat shock-related protein	713	0.0	93.88	ATP bağlama; protein katlanması; kloroplast; katlanmamış protein bağlanması
BvHsp70-21	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial-like	677	0.0	91.02	ATP bağlama; hücre duvarı; mitokondri; vakum membranı; ısıya yanıt; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu; katlanmamış protein bağlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-22	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	648	0.0	97.94	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu; katlanmamış protein bağlanması; Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-23	heat shock 70 kDa protein 16	767	0.0	79.64	ATP bağlama; nucleus; sitozol
BvHsp70-24	heat shock 70 kDa protein	663	0.0	93.62	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu; katlanmamış protein bağlanması; Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-25	heat shock 70 kDa protein 15-like	850	0.0	90.18	ATP bağlama; nucleus; endoplazmik retikulum; sitozol
BvHsp70-26	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial	678	0.0	93.5	ATP bağlama; mitokondri; vakum membranı; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu; katlanmamış protein bağlanması; Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-27	Hsp70 family protein	271	0.0	77.39	nükleotid bağlanması
BvHsp70-28	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like	631	0.0	84.11	ATP bağlama; sitoplazma; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu; katlanmamış protein bağlanması; Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması
BvHsp70-29	heat shock 70 kDa protein 8	571	0.0	92.0	ATP bağlama; sitoplazma; ısıya yanıt; ATPaz aktivitesi; ısı şoku protein bağlama; protein yeniden katlanması; protein katlama şaperonu; katlanmamış protein bağlanması; Şaperon kofaktör bağımlı protein yeniden katlanması; yanlış katlanmış protein bağlanması

**EK 20 BvHsp70 Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Kromozom	Gen	Duplikasyon	Edeđeri	Homoloji(%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
1	BvHsp70-01	BvHsp70-05	0.0	66.29	12,738,229	11,682	0,261	0,022	89,861
1	BvHsp70-01	BvHsp70-12	0.0	65.11	12,977,548	18,463	0,269	0,015	142,023
1	BvHsp70-01	BvHsp70-13	0.0	65.78	12,994,377	24,918	0,270	0,011	191,676
1	BvHsp70-03	BvHsp70-05	0.0	65.21	160,179	1,714	0,266	0,155	13,188
1	BvHsp70-03	BvHsp70-13	0.0	65.28	416,327	3,107	0,284	0,091	23,898
1	BvHsp70-04	BvHsp70-05	0.0	71.18	22,033	0,973	0,188	0,193	7,485
1	BvHsp70-04	BvHsp70-10	0.0	65.89	82,394	2,050	0,233	0,114	15,766
1	BvHsp70-05	BvHsp70-13	0.0	66.02	256,148	2,052	0,296	0,144	15,786
1	BvHsp70-05	BvHsp70-10	0.0	66.18	160,361	1,418	0,245	0,173	10,905
1	BvHsp70-06	BvHsp70-12	0.0	70.63	167,848	1,280	0,201	0,157	9,845
1	BvHsp70-07	BvHsp70-08	0.0	69.61	17,813	1,114	0,206	0,185	8,568
1	BvHsp70-07	BvHsp70-11	0.0	69.74	80,142	1,128	0,202	0,179	8,677
1	BvHsp70-07	BvHsp70-13	0.0	73.05	153,464	0,997	0,206	0,207	7,670
1	BvHsp70-08	BvHsp70-11	0.0	71.27	62,329	0,722	0,181	0,251	5,551
1	BvHsp70-08	BvHsp70-13	0.0	74.04	135,651	0,719	0,194	0,270	5,531
1	BvHsp70-10	BvHsp70-13	0.0	65.28	95,787	2,388	0,251	0,105	18,371
1	BvHsp70-10	BvHsp70-11	0.0	65.23	22,465	2,432	0,254	0,104	18,711
1	BvHsp70-11	BvHsp70-13	0.0	86.64	73,322	0,143	0,094	0,657	1,102
1	BvHsp70-11	BvHsp70-12	0.0	61.14	56,493	3,3838	0,2825	0,083	26,029
1	BvHsp70-12	BvHsp70-13	0.0	65.15	16,829	2,849	0,285	0,100	21,918
2	BvHsp70-14	BvHsp70-15	2e-73	97.54	19,093,997	0,264	0,096	0,364	2,027
<b>Ortalama</b>						<b>4,021</b>	<b>0,224</b>	<b>0,170</b>	<b>30,695</b>

**EK 21 *BvHsp70* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Gen 1	Kromozom	Gen 2	Kromozom	Edeđeri	Homoloji(%)	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp70-01	Chr 1	BvHsp70-22	Chr 7	0.0	82.52	19,628	0,109	0,006	150,984
BvHsp70-01	Chr 1	BvHsp70-24	Chr 8	0.0	83.69	9,922	0,105	0,011	76,319
BvHsp70-01	Chr 1	BvHsp70-15	Chr 2	0.0	84.93	15,195	0,133	0,009	116,886
BvHsp70-15	Chr 2	BvHsp70-22	Chr 7	0.0	93.57	3,302	0,058	0,018	25,400
BvHsp70-15	Chr 2	BvHsp70-24	Chr 8	0.0	86.11	35,152	0,123	0,004	270,398
BvHsp70-16	Chr 3	BvHsp70-17	Chr 4	0.0	79.75	7,632	0,144	0,019	58,709
BvHsp70-21	Chr 6	BvHsp70-26	Chr 9	0.0	80.63	8,060	0,127	0,016	62,002
BvHsp70-22	Chr 7	BvHsp70-24	Chr 8	0.0	83.72	53,559	0,107	0,002	411,991
<b>Ortalama</b>						<b>19,056</b>	<b>0,113</b>	<b>0,010</b>	<b>146,586</b>

**EK 22 BvHsp70 Genlerinin Arabidopsis, çeltik, kavak ve soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Arabidopsis Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp70-22	7	AT5G02490.1	5	19,843	0,072	0,004	152,637
BvHsp70-23	8	AT1G11660.1	1	2,443	0,313	0,128	18,795
BvHsp70-18	5	AT4G16650.1	4	25,551	0,236	0,009	196,549
BvHsp70-21	6	AT4G37910.1	4	28,898	0,167	0,006	222,295
BvHsp70-20	6	AT5G49910.1	5	16,166	0,101	0,006	124,354
BvHsp70-02	1	AT1G22460.1	1	34,518	0,231	0,007	265,525
BvHsp70-17	4	AT1G09080.1	1	4,585	0,141	0,031	35,269
<b>Ortalama</b>				<b>18,858</b>	<b>0,180</b>	<b>0,027</b>	<b>145,061</b>

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Çeltik Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp70-25	9	LOC_Os01g08560.2	1	27,588	0,188	0,007	212,213
BvHsp70-25	9	LOC_Os05g08840.1	5	27,588	0,188	0,007	212,213
BvHsp70-22	7	LOC_Os01g62290.1	1	34,581	0,043	0,001	266,008
BvHsp70-22	7	LOC_Os03g16920.1	3	39,296	0,053	0,001	302,278
BvHsp70-02	1	LOC_Os06g11600.2	6	3,301	0,296	0,090	25,395
<b>Ortalama</b>				<b>26,471</b>	<b>0,154</b>	<b>0,021</b>	<b>203,621</b>

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Kavak Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp70-25	Chr 9	Potri.001G180100.3	Chr01	1,603	0,156	0,098	12,328
BvHsp70-26	Chr 9	Potri.001G285500.2	Chr01	17,253	0,096	0,006	132,717
BvHsp70-25	Chr 9	Potri.003G055800.1	Chr03	17,601	0,150	0,009	135,390
BvHsp70-26	Chr 9	Potri.009G079700.1	Chr09	15,847	0,112	0,007	121,902
BvHsp70-22	Chr 7	Potri.008G054000.1	Chr08	14,388	0,043	0,003	110,673
BvHsp70-22	Chr 7	Potri.010G206600.1	Chr10	17,936	0,049	0,003	137,972
BvHsp70-23	Chr 8	Potri.004G016700.5	Chr04	17,148	0,304	0,018	131,906
BvHsp70-16	Chr 3	Potri.001G087500.1	Chr01	1,265	0,054	0,043	9,729
BvHsp70-16	Chr 3	Potri.003G143600.1	Chr03	11,291	0,056	0,005	86,855
BvHsp70-29	scaffold	Potri.008G152000.1	Chr08	1,998	0,149	0,074	15,369
BvHsp70-29	scaffold	Potri.010G088600.1	Chr10	18,511	0,159	0,009	142,389
BvHsp70-16	Chr 3	Potri.012G017600.1	Chr12	11,301	0,066	0,006	86,933
BvHsp70-18	Chr 5	Potri.001G157400.1	Chr01	15,824	0,181	0,011	121,723
BvHsp70-18	Chr 5	Potri.003G077500.1	Chr03	14,947	0,211	0,014	114,980

**EK 22'nin devamı;**

BvHsp70-02	Chr 1	Potri.002G100400.1	Chr02	1,884	0,213	0,113	14,488
BvHsp70-02	Chr 1	Potri.005G161800.1	Chr05	1,711	0,195	0,114	13,161
BvHsp70-17	Chr 4	Potri.013G018000.1	Chr13	14,615	0,096	0,007	112,426
<b>Ortalama</b>				<b>11,478</b>	<b>0,135</b>	<b>0,032</b>	<b>88,291</b>

<b>Şeker Pancarı Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Soya Genleri</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp70-02	1	Glyma.02G209100.1	2	16,931	0,195	0,012	130,238
BvHsp70-02	1	Glyma.04G099300.1	4	15,665	0,245	0,016	120,500
BvHsp70-02	1	Glyma.06G101200.2	6	1,476	0,249	0,169	11,355
BvHsp70-02	1	Glyma.14G177300.1	14	17,807	0,204	0,011	136,977
BvHsp70-15	2	Glyma.18G289100.1	18	11,526	0,040	0,003	88,662
BvHsp70-18	5	Glyma.01G208700.2	1	14,618	0,226	0,015	112,446
BvHsp70-18	5	Glyma.05G060200.2	5	19,508	0,232	0,012	150,059
BvHsp70-18	5	Glyma.11G033500.1	11	15,952	0,225	0,014	122,708
BvHsp70-18	5	Glyma.17G142600.1	17	18,977	0,220	0,012	145,977
BvHsp70-20	6	Glyma.16G002500.1	16	4,011	0,057	0,014	30,853
BvHsp70-22	7	Glyma.03G171100.2	3	7,031	0,041	0,006	54,081
BvHsp70-22	7	Glyma.11G140500.1	11	24,875	0,041	0,002	191,346
BvHsp70-22	7	Glyma.12G064000.1	12	23,696	0,042	0,002	182,277
BvHsp70-22	7	Glyma.18G289100.1	18	11,526	0,040	0,003	88,662
BvHsp70-23	8	Glyma.08G315300.1	8	22,858	0,329	0,014	175,831
BvHsp70-25	9	Glyma.07G006300.1	7	18,772	0,186	0,010	144,400
BvHsp70-25	9	Glyma.08G206900.1	8	19,734	0,182	0,009	151,800
BvHsp70-25	9	Glyma.15G014400.1	15	18,150	0,161	0,009	139,615
BvHsp70-26	9	Glyma.07G184300.1	7	19,071	0,105	0,005	146,700
BvHsp70-26	9	Glyma.08G065100.1	8	19,686	0,105	0,005	151,431
BvHsp70-26	9	Glyma.13G254900.1	13	17,622	0,097	0,005	135,554
BvHsp70-26	9	Glyma.15G059900.1	15	18,686	0,096	0,005	143,738
BvHsp70-29	scaffold	Glyma.01G238600.1	1	2,016	0,164	0,081	15,508
<b>Ortalama</b>				<b>15,661</b>	<b>0,151</b>	<b>0,019</b>	<b>120,466</b>

**EK 23 BvHsp70 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu**

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
ath-miR163	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UUGAAGAGGACUUGGAACUUCGAU	GCAAUUGCUC CAGGAUUUCUCAA
ath-miR2937	BvHsp70-22	5.0	-1.0	AUAAGAGCUGUUGAAGGAGUC	GGUUUCUUCUAUGGUUCUAC
ath-miR5630a	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GCUAAGAGCGGUUCUGAUGGA	GCGAUCGGAUCGAUCUUGGG
ath-miR5664	BvHsp70-22	5.0	-1.0	AUAGUCAUUUUUAUCGGUCUG	AAGAUUGAGGAGGUUGACUAA
ath-miR773a	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UUUGCUUCCAGCUUUUGUCUC	UAAAGAAAAGGUGGAAGCUAA
ath-miR8181	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGGGGGUGGGGGGGUGACAG	AUGUUACUCCUCUGUCUCUU
ath-miR857	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UUUUGUAUGUUGAAGGUGUAU	CUAUGCUUACAAUAUGCGGAA
ath-miR868-5p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UCAUGUCGUAUAGUAGUCAC	AAGAUUACUAAUACAA-AUGA
Ath-miR163	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UUGAAGAGGACUUGGAACUUCGAU	GCAAUUGCUC CAGGAUUUCUCAA
Ath-miR773	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UUUGCUUCCAGCUUUUGUCUCC	UUAAGAAAAGGUGGAAGCUAA
Ath-miR8181	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGGGGGUGGGGGGGUGACAG	AUGUUACUCCUCUGUCUCUU
Ath-miR868	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UCAUGUCGUAUAGUAGUCAC	AAGAUUACUAAUACAA-AUGA
Ath-miRN150	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UUUGAUCUUCUCCAUGAUAG	AGAUUUAUGCAAUGAUCAAG
<i>Glycine max</i>					
Gma-miR10413a	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UUUUGGUAGAGAACGAAACCCU	CAGAUUCCGUUGUCUACCAGAC
Gma-miR1507a	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UCUCAUUC CAUACAUCGUCUGA	UUGAGCGGUGAAGGGAAUGAGA
Gma-miR166l	BvHsp70-20	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGCUCGAGG	UUUCCGUCUAGAUGGUAUUC
Gma-miR396j	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UCCACAGUUUUCUUGAACUG	UUUGACAAGAGAAUUGUGGAU
Gma-miR4358	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CAGUGCAUGACUAUAUCGCCAG	GGGACGACAUACUCAUGUGUUG
Gma-miR5034	BvHsp70-22	5.0	-1.0	AGGUACCCUUCAGAUAGUCUC	CUGACUAUUGAGGAGGGUAUCU

**EK 23'ün devamı;**

Gma-miRN1294e	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CUGUUUUGGUAUAUCGUUAGAC	UAGCAAAAUGUACCAAGGUAG
Gma-miRN1305a	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UUUAUCAGUAGCAUCAUCAUC	AUUGGUGAUGCUGCUAAGAAU
Gma-miRN1309	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CUUACCUUUGUGAUUUAUGU	UUACAAAUGACAAAGGAAGG
Gma-miRN1322	BvHsp70-20	5.0	-1.0	AGUUCCUCUGAAUGCUUCAUA	GGAGAAGCAAUUGAAGGAACU
Gma-miRN1335	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UCCUGGAAGUAUAGCAGUCUAA	UGAGAUUAAUGUGCUUCAAGGA
Gma-miRN1367	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CUAUGAGCUCGAAUUUCCCGU	UUGGCAAGUUUGAGCUGACAG
gma-miR1507a	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UCUCAUCCAUAACAUCGUCUGA	UUGAGCGGUGAAGGGAAUGAGA
gma-miR166a-5p	BvHsp70-20	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGCUCGAGG	UUUCCGUCUAGAUGGUUUAUCC
gma-miR169i-5p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGAGCCGGGAUGGCUUGCCGGCA	CGGUGGUCA-CUGUCCCGGCUUA
gma-miR172g	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GCAGCACCAUCAAGAUUCAC	UUCGAUCUUGGUGGUGGUAC
gma-miR4358	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CAGUGCAUGACUAUAUCGCCAG	GGGACGACAUACUCAUGUGUUG
gma-miR482c-5p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	AUUUGUGGGAAUGG-GCUGAUUGG	AGAAACACCACCAUUCCCACAAAG
gma-miR5034	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GGUACCCUUCAGAUAGUCUCA	GCUGACUAUUGAGGAGGGUAUC
gma-miR9743	BvHsp70-20	5.0	-1.0	AGAGAGUGCUUUGAAGAAAUGCC	GAUGGUGUGUUUGAAGUACUUUCC
gma-miR1507a	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UCUCAUCCAUAACAUCGUCUGA	UUGAGCGGUGAAGGGAAUGAGA
gma-miR166a-5p	BvHsp70-20	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGCUCGAGG	UUUCCGUCUAGAUGGUUUAUCC
gma-miR169i-5p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGAGCCGGGAUGGCUUGCCGGCA	CGGUGGUCA-CUGUCCCGGCUUA
gma-miR172g	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GCAGCACCAUCAAGAUUCAC	UUCGAUCUUGGUGGUGGUAC
gma-miR4358	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CAGUGCAUGACUAUAUCGCCAG	GGGACGACAUACUCAUGUGUUG
gma-miR482c-5p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	AUUUGUGGGAAUGG-GCUGAUUGG	AGAAACACCACCAUUCCCACAAAG
gma-miR5034	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GGUACCCUUCAGAUAGUCUCA	GCUGACUAUUGAGGAGGGUAUC
gma-miR9743	BvHsp70-20	5.0	-1.0	AGAGAGUGCUUUGAAGAAAUGCC	GAUGGUGUGUUUGAAGUACUUUCC

**EK 23'ün devamı;**

<i>Oryza sativa</i>					
osa-miR162b	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UCGAUAAGCCUCUGCAUCCAG	CUCAGUGAAGAGGUUUAUUGG
osa-miR166d-5p	BvHsp70-20	5.0	-1.0	GGAAUGUUGUCUGGCUCGAGG	UUUCCGUCUAGAUGGUUUAUCC
osa-miR166k-5p	BvHsp70-20	5.0	-1.0	GGUUUGUUGUCUGGCUCGAGG	GUUUGUGAGAGAUAAACAAUC
osa-miR172d-5p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GCAGCACCAUCAAGAUUCAC	UUCGAUCUUGGUGGUGGUAC
osa-miR1865-5p	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UGCUAGUGAUGGUGAUUCUUCGAC	AAGAUGGAAUUGUCAUCAUUAACU
osa-miR2092-3p	BvHsp70-20	5.0	-1.0	ACCAGCAUCCAUUGGCAGAGG	UUGAUGCCAAUGGAAUUCUGUC
osa-miR444b.1	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGUUGUCUCAAGCUUGCUGCC	GGAAUCGAUCUUGGGACGACA
osa-miR444c.1	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGUUGUCUCAAGCUUGCUGCC	GGAAUCGAUCUUGGGACGACA
osa-miR5158	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGAGCCACUGGGAUGAGGAUGAAU	GAUGGUCCUGCUCCUGGUGGUGCA
osa-miR5500	BvHsp70-22	5.0	-1.0	AUCACUGAUGAAAUCUUGCUGGC	GCUCCAGGAUUUCUCAAUGGU
osa-miR812n-5p	BvHsp70-20	5.0	-1.0	AAGUGCAGCCAUGAGUUUCCGUGC	UAAAGGACGC-CAUGGCUGCUCUU
Osa-miR2865	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CUCAGCAGUCGACUGUACCGUG	CGAGGUUAAGGCGACUGCUGGU
Osa-miR444c	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UGUUGUCUCAAGCUUGCUGCC	GGAAUCGAUCUUGGGACGACA
Osa-miR5152b	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UAGGGAUAGGCAUGGUCUCUU	UUAUGACUGUGCUUAUCCCAA
Osa-miR5801l	BvHsp70-22	5.0	-1.0	AAUCAUUUCUGAUCGUUGGAU	GUCCAGCGAUCGGAAUCGAUC
Osa-miRN2232g	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CAAUUCGUUUCUGAUCGUUGG	CCAGCGAUCGGAAUCGAUCUU
Osa-miRN2232h	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CAAUUCGUUUCUGAUCGUUGG	CCAGCGAUCGGAAUCGAUCUU
Osa-miRN2232j	BvHsp70-22	5.0	-1.0	CAAUUCGUUUCUGAUCGUUGG	CCAGCGAUCGGAAUCGAUCUU
Osa-miRN2274	BvHsp70-20	5.0	-1.0	CACCAGGGAUUUCAUCGACUC	GGGUCU-UGAAACCCUUGGUG
Osa-miRN2308	BvHsp70-20	5.0	-1.0	UCAGCAAGGGGUAGUGAUGGA	UUCAUCACUGCCACU-GCUGA
<i>Populus trichocarpa</i>					
ptc-miR160e-3p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GCAUGAGGGGAGUCGAGCAGG	UGAGAUCGAUUCUCUUUAUGA

**EK 23'ün devamı;**

ptc-miR172h-5p	BvHsp70-22	5.0	-1.0	GGAGCACCAUCAAGAUUCACA	UUUCGAUCUUGGUGGUGGUAC
ptc-miR6454	BvHsp70-20	5.0	-1.0	CUUGUAACCUGAGUAGAGGCA	GAUCUCUGCUCAGGUGUUGAG
ptc-miR7832	BvHsp70-22	5.0	-1.0	UAGUUCCCAACCUACACCACA	CAUUGAGGAGGUUGAGAACUG

### EK 24 Şeker Pancarı Hsp90 Proteini Katalođu

Protein Adı	NCBI Eriřim No.	Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiř Pozisyonu (bp)	Protein Uzunluđu (aa)	pI	Moleküler Ađırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı ya da Kararsız
BvHsp90-01	XP_010691883.1	Chr 1	1,197,785	1,204,138	810	4,9	92765,4	36,23	stable
BvHsp90-02	XP_010689627.1	Chr 2	411,555	416,193	209	9,55	24093,53	55,52	unstable
BvHsp90-03	XP_010671625.1	Chr 3	5,636,635	5,640,332	703	5	80701,71	39,26	stable
BvHsp90-04	XP_019103872.1	Chr 3	13,640,340	13,644,413	1357	9,52	156039,22	36,15	stable
BvHsp90-05	XP_019108167.1	Chr 4	136,224	136,868	214	7,61	24966,04	49,83	unstable
BvHsp90-06	XP_010694642.1	Chr 4	317,313	324,094	210	9,4	24204,61	55,29	unstable
BvHsp90-07	XP_010675973.1	Chr 4	32,467,598	32,471,067	698	4,97	80056,98	37,72	stable
BvHsp90-08	XP_010681164.1	Chr 6	20,049,619	20,058,242	792	4,99	90045,65	43,26	unstable
BvHsp90-09	XP_010683841.1	Chr 7	4,200,268	4,202,524	496	8,42	56055,69	51,81	unstable
BvHsp90-10	XP_010684690.1	Chr 7	22,716,066	22,719,045	766	5,45	87379,79	36,7	stable
BvHsp90-11	XP_019106175.1	Chr 7	28,182,097	28,183,002	209	5,45	24062,51	43,71	unstable
BvHsp90-12	XP_010665948.1	Chr 9	336,600	345,612	787	5,28	89289,78	38,17	stable
BvHsp90-13	XP_010689251.1	Chr 9	8,700,324	8,702,516	730	7,02	82601,33	52,09	unstable

## EK 25 BvHsp90 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk	e-değeri	Benzerlik	Gen Ontoloji
BvHsp90-01	endoplasmin homolog	810	0.0	93.99	ATP bağlama;endoplazmik retikulum; protein katlanması;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp90-02	54S ribosomal protein L24, mitochondrial-like	209	1,30E-138	91.75	ribozomun yapısal bileşeni; C:mitochondrial large ribosomal subunit; P:translation
BvHsp90-03	---NA---	703			
BvHsp90-04	ABC transporter G family member 39-like	1357	0.0	60.77	nükleik asit bağlanması; F:RNA-DNA hybrid ribonuclease activity; P:RNA phosphodiester bond hydrolysis, endonucleolytic
BvHsp90-05	transposable element gene	214	6,05E-134	89.76	nükleik asit bağlanması; DNA polimeraz aktivitesi; RNA'ya bağlı DNA biyosentetik süreci; çinko iyonu bağlama; DNA entegrasyonu
BvHsp90-06	54S ribosomal protein L24, mitochondrial-like	210	2,23E-136	92.21	ribozomun yapısal bileşeni
BvHsp90-07	---NA---	698			
BvHsp90-08	---NA---	792			
BvHsp90-09	---NA---	496			
BvHsp90-10	---NA---	766			
BvHsp90-11	reverse transcriptase	209	3,87E-141	92.28	DNA polimeraz aktivitesi; RNA'ya bağlı DNA biyosentetik süreci
BvHsp90-12	heat shock protein 90-6, mitochondrial-like isoform X1	787	0.0	90.88	ATP bağlama; nucleus;endoplazmik retikulum; protein katlanması; kloroplast stroma; metal iyon bağlama;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp90-13	---NA---	730			

**EK 26 *BvHsp90* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

<b>Gen 1</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Gen 2</b>	<b>Kromozom</b>	<b>Edeđeri</b>	<b>Homoloji(%)</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp90-02	Chr 2	BvHsp90-06	Chr 4	2e-143	90.00	0,329	0,043	0,131	2,532
BvHsp90-03	Chr 3	BvHsp90-07	Chr 4	0.0	88.84	42,715	0,067	0,002	328,577
BvHsp90-10	Chr 7	BvHsp90-12	Chr 9	0.0	98.20	0,061	0,046	0,757	0,466
BvHsp90-11	Chr 7	BvHsp90-05	Chr 4	3e-104	75.27	40,576	0,256	0,006	312,122
<b>Ortalama</b>						<b>20,920</b>	<b>0,103</b>	<b>0,224</b>	<b>160,924</b>

**EK 27 BvHsp90 Genlerinin Arabidopsis, kavak, soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Arabidopsis Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp90-03	3	AT5G52640.1	5	30,322	0,0527	0,002	233,246
BvHsp90-05	4	AT5G43390.1	5	55,457	1,297	0,023	426,595
BvHsp90-07	4	AT5G56000.1	5	1,281	0,066	0,052	9,854
BvHsp90-08	6	AT2G04030.1	2	3,203	0,122	0,038	24,638
<b>Ortalama</b>				<b>22,566</b>	<b>0,495</b>	<b>0,029</b>	<b>173,583</b>

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Kavak Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp90-01	1	Potri.005G241100.1	5	2,583	0,089	0,034	19,868
BvHsp90-03	3	Potri.017G146600.2	17	2,327	0,041	0,018	17,902
BvHsp90-07	4	Potri.001G466000.2	1	12,363	0,055	0,004	95,101
BvHsp90-07	4	Potri.006G002800.1	6	13,830	0,060	0,004	106,386
BvHsp90-07	4	Potri.016G003400.1	16	18,393	0,062	0,003	141,482
BvHsp90-08	6	Potri.010G136800.1	10	17,110	0,113	0,007	131,616
<b>Ortalama</b>				<b>11,101</b>	<b>0,070</b>	<b>0,012</b>	<b>85,393</b>

Şeker Pancarı Genleri	Kromozom	Soya Genleri	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp90-10	7	Glyma.02G305600.1	2	24,644	0,166	0,007	189,569
BvHsp90-10	7	Glyma.14G007700.1	14	25,009	0,160	0,006	192,377
BvHsp90-03	3	Glyma.09G131500.1	9	16,015	0,039	0,002	123,192
BvHsp90-08	6	Glyma.01G068000.1	1	19,388	0,116	0,006	149,138
BvHsp90-08	6	Glyma.02G124500.1	2	18,231	0,112	0,006	140,238
BvHsp90-01	1	Glyma.14G219700.1	14	19,816	0,091	0,005	152,433
BvHsp90-01	1	Glyma.17G258700.1	17	210,016	0,092	0,000	1615,508
BvHsp90-07	4	Glyma.02G302500.1	2	15,510	0,049	0,003	119,308
BvHsp90-07	4	Glyma.08G332900.1	8	12,713	0,048	0,004	97,792
BvHsp90-07	4	Glyma.14G011600.1	14	16,461	0,049	0,003	126,623
<b>Ortalama</b>				<b>37,780</b>	<b>0,092</b>	<b>0,004</b>	<b>290,618</b>

**EK 28 BvHsp90 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu**

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
Ath-miR159a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	GAGGGCUCCUUCGAUCUGUU
Ath-miR166a	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUC CCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
Ath-miR396a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
Ath-miR5643	BvHsp90-07	5.0	-1.0	AGGCUUUUAAGAUCUGGUUGC	AAAACAAGAUCUUGAAGGUGA
Ath-miR780	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCUUCGUGAAUAUCUGGCAU	AAAGUUGGGUAUCCAUGAAGAU
Ath-miR847	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCACUCCUCUUCUUCUUGAUG	GGAUGAGAAGAAGAAGAGCGA
ath-miR159a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	GAGGGCUCCUUCGAUCUGUU
ath-miR166a-3p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUC CCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
ath-miR2934-3p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	CAUCCAAGGUGUUUGUAGAAA	ACUCUUCAGAUGCGUUGGAUA
ath-miR396a-5p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
ath-miR396b-5p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
ath-miR398a-5p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	AAGGAGUGGCAUGUGAACACA	GAUGUUGACAUGCCAGCCCUC
ath-miR5016	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCUUGUGGAUCCUUGGAAA	GCACCAAGGAAUUCAUGGAAG
ath-miR5643a	BvHsp90-07	5.0	-1.0	AGGCUUUUAAGAUCUGGUUGC	AAAACAAGAUCUUGAAGGUGA
ath-miR780.2	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCUUCGUGAAUAUCUGGCAU	AAGUUGGGUAUCCAUGAAGAU
ath-miR844-5p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UGGUAAGAUUGC UUAUAAGCU	AUUUUACAAG-AGUCUUACCA
ath-miR847	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCACUCCUCUUCUUCUUGAUG	GGAUGAGAAGAAGAAGAGCGA

**EK 28'in devamı;**

<i>Glycine max</i>					
Gma-miR1535	BvHsp90-07	5.0	-1.0	CUUGUUUGUGGUGAUGUCUAG	GAAGAGAUCACCAAAGAGGAG
Gma-miR159a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	GAGGGCUCCUUUCGAUCUGUU
Gma-miR166a	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
Gma-miR396a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
Gma-miR4364b	BvHsp90-03	5.0	-1.0	AAAUAACAACAGCGGAAGAACCUU	AAGGAUCUUGUGAUGUUGCUGUUU
Gma-miRN1305a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUAUCAGUAGCAUC-AUCAUC	CAUGGUUGAUGCCAUGAUGAA
Gma-miRN1333	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UGGCCUUGAACCUGAGGCGUU	GGCAGCUUGAGUUCAAGGCUA
gma-miR1535a	BvHsp90-07	5.0	-1.0	CUUGUUUGUGGUGAUGUCU	AGAGAUCACCAAAGAGGAG
gma-miR1536	BvHsp90-03	5.0	-1.0	AAGCAGAGACAAAUGUGUUUA	GCAAAAACUUGUUUCUGCUA
gma-miR159a-3p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	GAGGGCUCCUUUCGAUCUGUU
gma-miR166a-3p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
gma-miR172h-5p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	GCAGCAGCAUCAAGAUUCACA	CAUUGAUGAUGAUGCUGCUGG
gma-miR396a-5p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
gma-miR4373	BvHsp90-07	5.0	-1.0	AAGUUGACGUACGUACGGAUUGAC	AUGAUCUCCUGAGUACCUCAGCUU
gma-miR4390	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGUACUCGUCGGGUACGGGUAU	UUGUUUGGUCACCGGUGAGUAUGG
gma-miR4415a-5p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	AAGUUGUGAUGAGAAUCA AUG	AGUUGAUUCUCCUUGCUGUUU
gma-miR5041-5p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UUUCAUCUUCAACUUGCUCAA	UAGAGGAUGUUGAUGAGGAAA
gma-miR5674a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UAAUUGUGUUGUACAUUAUCA	UGAUGAUGAGCAAUACAUUUG
gma-miR5677	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGUCUUUAAUCAAGCUGA	AGAGCUUGACUAAUGACUGGG
gma-miR5780b	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCUGAGUCCAUGAUUAUUAUAAA	UCAAGGGUAUUGUGGAUUCUGA
gma-miR9726	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UAUAGGCAUUAUUUUUUUCUUC	AUUGAAGAGGAUGAUGCUGGUG

**EK 28'in devamı;**

gma-miR5674a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UAAUUGUGUUGUACAUAUCA	UGAUGAUGAGCAAUACAUUUG
gma-miR5677	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGUCUUUAAUCAAGCUGA	AGAGCUUGACUAAUGACUGGG
gma-miR5780b	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCUGAGUCCAUGAUUAUUAUAAA	UCAAGGGUAUUGUGGAUUCUGA
gma-miR9726	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UAUAGGCAUUAUUUUUUUCUUC	AUUGAAGAGGAUGAUGCUGGUG
gma-miR9752	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UGCUUCUUCUUUUCUUGUUU	AGAGAAAGAAGAGAAGAAGAA
gma-miR9767	BvHsp90-07	5.0	-1.0	AUGGAAUGGUACUUAUGAAAAGA	UGAACUUAUCAGUACUCUCCGA
<b><i>Oryza sativa</i></b>					
Osa-miR159a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	CUUGGAUUGAAGGGAGCUCU	AGGGCUCCUUUCGAUCUGUU
Osa-miR166a	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCUCCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
Osa-miR2275e	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCAGUUUCCUCCAACAUCUUA	AAGCAAGAUGGAGGAAGUUGAU
Osa-miR396a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
Osa-miRN2232g	BvHsp90-03	5.0	-1.0	CAAUUCGUUUCUGAUCGUUGG	AAGGUGAUCAGGAAGAAUUUG
Osa-miRN2284	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UGGGAUUAGCUAGAAUGACUU	AGCUCAUUCAGAGUAUCUCA
osa-miR156b-3p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	GCUCACUCUCUAUCUGUCAGC	UUUGACGGUA-AGAGUAAGC
osa-miR159a.1	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUG	GAGGGCUCCUUUCGAUCUGUU
osa-miR166a-3p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCUCCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
osa-miR1857-5p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UGGUUUUUUGGAGCAUGAGG	UCUCUCCUCAAGAAGAUCA
osa-miR1866-3p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UGAAAUUCUGUAAAUCUUG	GCUGCAUUUACAAGAGUCUUA
osa-miR2868	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UUGGUUUUGUGUAGUAGAAA	CUUCUCUUGCACGAGACUGC
osa-miR396a-5p	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
osa-miR414	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGAUGAUGCUGGUGAAGAUGC
osa-miR5077	BvHsp90-07	5.0	-1.0	GUUCGCGUCGGGUACCA	UGCUGGAGCUGAUGUGAGC
osa-miR5145	BvHsp90-07	5.0	-1.0	ACCUGUUUGGAUUCUUGAGGGCUA	GUCGCCUCAAGGAUCUAAUCAAGA

**EK 28'in devamı;**

osa-miR5155	BvHsp90-03	5.0	-1.0	ACUUUAAUACCAUUGGAAGAUUGC	UAACCCUGACAAUGGUAUUAUGGA
osa-miR7692-3p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UGACUUGGCAUGCUUACGUGGCAC	AGCUGAUGUGAGCAUGAUUGGUCA
osa-miR812n-5p	BvHsp90-07	5.0	-1.0	AAGUGCAGCCAUGAGUUUCCGUGC	CAGUUGGAGUUCAAGGCUGUCCUU
<i>Populus trichocarpa</i>					
Ptr-miR159a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCU	AGGGCUCCUUUCGAUCUGUU
Ptr-miR166a	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
Ptr-miR396a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
Ptr-miR7826	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UUACCAAGUUUCA-AUUCUCA	ACAGAAUGUUGAAGCUUGGUCU
Ptr-miR7827	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UAGGACCAAGUUUUUGGAAA	UCUGUGAAGGAUUUGGUUCUU
Ptr-miRN2835	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UGCAGUCAAGUAAUCAUCAAG	GCUGGUGGUUCCUUCACUGUG
ptc-miR159a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUUGGAUUGAAGGGAGCUCUA	GAGGGCUCCUUUCGAUCUGUU
ptc-miR166a	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UCGGACCAGGCUUCAUUCCCC	GAAUGUUGAAGCUUGGUCUGA
ptc-miR396a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UUCCACAGCUUUCUUGAACUG	GAAAGCAAGAAGGCAGUGGAA
ptc-miR476a	BvHsp90-03	5.0	-1.0	UAGUAAUCCUUCUUUGCAAAG	ACUUAAGAAGAAGGGUUAUGA
ptc-miR7826	BvHsp90-07	5.0	-1.0	UUACCAAGUUUCA-AUUCUCA	ACAGAAUGUUGAAGCUUGGUCU
ptc-miR7827	BvHsp90-03	5.0	-1.0	GCUAGGACCAAGUUUUUGGA	GGCAAAAACUUGUUUCUGCU

## EK 29 Şeker Pancarı Hsp100 Proteini Kataloğu

Protein Adı	NCBI Erişim No.	Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bp)	Bitiş Pozisyonu (bp)	Protein Uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı ya da Kararsız
BvHsp100-01	XP_010692838.1	Chr 1	596,299	600,492	705	5,65	75618,09	38,7	stable
BvHsp100-02	XP_010693170.1	Chr 1	2,864,603	2,866,613	476	9,33	54320,48	39,17	stable
BvHsp100-03	XP_010692308.1	Chr 1	3,693,883	3,703,206	497	9,35	55591,11	43,7	unstable
BvHsp100-04	XP_010670688.1	Chr 1	5,335,639	5,341,247	737	8,52	82133,86	41,84	unstable
BvHsp100-05	XP_010670703.1	Chr 1	5,335,639	5,341,247	702	8,67	78102,2	40,53	unstable
BvHsp100-06	XP_010675030.1	Chr 1	8,599,390	8,604,237	363	7,06	40331,33	37,86	stable
BvHsp100-07	XP_010677227.1	Chr 1	13,552,707	13,567,893	655	8,42	70847,25	35,97	stable
BvHsp100-08	XP_010677229.1	Chr 1	13,552,707	13,567,893	636	8,22	68717,81	35,86	stable
BvHsp100-09	XP_010677235.1	Chr 1	13,552,707	13,567,893	546	8,65	59270	39,32	stable
BvHsp100-10	XP_010693321.1	Chr 2	235,286	278,97	985	6,36	112416,35	39,16	stable
BvHsp100-11	XP_010689607.1	Chr 2	382,944	388,469	1049	8,54	116591,34	46,92	unstable
BvHsp100-12	XP_010691068.1	Chr 2	2,069,069	2,072,827	474	6,19	51620,66	34,37	stable
BvHsp100-13	XP_010691076.1	Chr 2	2,069,069	2,072,827	437	7,62	47695,43	31,95	stable
BvHsp100-14	XP_010691937.1	Chr 2	2,735,049	2,741,819	619	9,38	68544,1	39,46	stable
BvHsp100-15	XP_010666926.1	Chr 2	5,946,053	5,949,656	505	7,27	58137,23	50,35	unstable
BvHsp100-16	XP_010665999.1	Chr 2	8,966,851	8,975,147	987	6,26	110318,82	40,32	unstable
BvHsp100-17	XP_010669392.1	Chr 2	14,532,816	14,540,795	718	8,63	77688,39	47,34	unstable
BvHsp100-18	XP_010670181.1	Chr 2	31,516,600	31,532,109	979	6,36	109987,47	39,37	stable
BvHsp100-19	XP_010670219.1	Chr 2	33,033,609	33,048,148	340	5,58	37850,28	41,6	unstable
BvHsp100-20	XP_010670348.1	Chr 2	34,383,492	34,385,608	466	8,56	53344,03	37,58	stable
BvHsp100-21	XP_019103539.1	Chr2	34,472,442	34,488,838	541	7,55	63462,49	42,03	unstable

**EK 29'un devamı;**

BvHsp100-22	XP_019103541.1	Chr2	34,535,043	34,557,302	418	5,29	48198,01	48,69	unstable
BvHsp100-23	XP_010670349.2	Chr 2	34,535,043	34,557,302	500	5,30	58218,23	48,19	unstable
BvHsp100-24	XP_010670712.1	Chr 2	39,051,351	39,058,278	411	8,96	46130,69	33,93	stable
BvHsp100-25	XP_010671120.1	Chr 3	2,008,017	2,015,444	642	9,15	70468,75	41,54	unstable
BvHsp100-26	XP_010671370.1	Chr 3	3,268,147	3,272,155	391	5,91	43648,35	44,01	unstable
BvHsp100-27	XP_010671395.2	Chr 3	3,440,407	3,441,453	348	9,31	39733,74	51,55	unstable
BvHsp100-28	XP_010671440.1	Chr 3	3,884,484	3,897,042	580	6,82	62031,29	38,16	stable
BvHsp100-29	XP_010671509.1	Chr 3	4,565,482	4,577,763	793	6,03	87550,16	46,63	unstable
BvHsp100-30	XP_010671575.1	Chr 3	5,236,468	5,242,731	830	5,90	92289,12	39,53	stable
BvHsp100-31	XP_010671969.1	Chr 3	8,353,983	8,358,812	236	9,18	26181,11	33,4	stable
BvHsp100-32	XP_010672157.1	Chr 3	11,179,243	11,192,336	1216	5,79	134898,32	52,8	unstable
BvHsp100-33	XP_019103947.1	Chr 3	22,716,921	22,720,972	416	9,62	46617,47	34,9	stable
BvHsp100-34	XP_019103948.1	Chr 3	22,716,921	22,720,972	384	9,52	43054,31	40,46	unstable
BvHsp100-35	XP_019103949.1	Chr 3	22,716,921	22,720,972	347	9,54	38918,57	38,36	stable
BvHsp100-36	XP_019103804.1	Chr 3	23,646,364	23,657,603	896	5,94	98022,7	41,57	unstable
BvHsp100-37	XP_010673074.1	Chr 3	23,646,364	23,657,603	1050	5,96	114190,62	44,87	unstable
BvHsp100-38	XP_010673440.1	Chr 3	26,529,581	26,559,044	954	6,56	107737,4	50,92	unstable
BvHsp100-39	XP_010695088.1	Chr 4	43,726	47,32	888	6,21	99061,41	51,2	unstable
BvHsp100-40	XP_010694992.1	Chr 4	238,175	250,764	734	5,66	80718,61	29,2	stable
BvHsp100-41	XP_010673627.1	Chr 4	1,593,346	1,600,099	843	8,46	96055,98	53,04	unstable
BvHsp100-42	XP_010674056.1	Chr 4	4,756,496	4,762,336	421	4,90	47148,74	38,78	stable
BvHsp100-43	XP_010674134.1	Chr 4	5,358,355	5,363,965	763	7,85	85253,33	40,78	unstable
BvHsp100-44	XP_010674259.1	Chr 4	6,416,239	6,435,684	1318	8,48	151482,76	37,69	stable

**EK 29'un devamı;**

BvHsp100-45	XP_010674661.1	Chr 4	10,472,215	10,491,210	972	5,33	107488,04	42,23	unstable
BvHsp100-46	XP_010674662.1	Chr 4	10,472,215	10,491,210	917	5,36	101075,87	43,47	unstable
BvHsp100-47	XP_019104524.1	Chr 4	10,472,215	10,491,210	748	5,51	83547,86	44,99	unstable
BvHsp100-48	XP_010675396.1	Chr 4	24,081,706	24,097,380	668	5,78	73863,76	47,11	unstable
BvHsp100-49	XP_010675465.1	Chr 4	25,580,058	25,592,490	1828	6,03	201105,11	50,88	unstable
BvHsp100-50	XP_010695194.1	Chr 5	9,297	16,642	908	5,84	100736,11	37,63	stable
BvHsp100-51	XP_010695195.1	Chr 5	9,297	16,642	810	6,08	89863,72	37,05	stable
BvHsp100-52	XP_010676266.1	Chr 5	1,230,701	1,240,615	948	6,38	106679,53	37,24	stable
BvHsp100-53	XP_010676390.1	Chr 5	2,344,316	2,355,348	831	6,82	92316,45	44,13	unstable
BvHsp100-54	XP_010676529.1	Chr 5	3,868,873	3,874,108	330	7,59	36607,23	39,32	stable
BvHsp100-55	XP_010676640.1	Chr 5	5,275,903	5,286,481	240	8,74	25810,68	40,21	unstable
BvHsp100-56	XP_010677210.1	Chr 5	12,091,184	12,105,426	888	6,78	98230,05	38,66	stable
BvHsp100-57	XP_010677895.1	Chr 5	26,730,816	26,746,690	1251	5,74	136677,41	43,13	unstable
BvHsp100-58	XP_010678345.1	Chr 5	39,664,608	39,673,815	923	5,99	102441,38	40,77	unstable
BvHsp100-59	XP_010678907.1	Chr 5	44,187,044	44,188,585	513	8,97	58542,76	38,64	stable
BvHsp100-60	XP_010678629.1	Chr 5	44,228,723	44,231,330	537	7,57	61671,58	34,65	stable
BvHsp100-61	XP_010678876.1	Chr 5	47,647,449	47,654,392	513	5,85	57664,45	55,06	unstable
BvHsp100-62	XP_010679177.1	Chr 5	50,140,158	50,145,800	421	4,97	47129,82	38,53	stable
BvHsp100-63	XP_010679738.1	Chr 6	2,333,056	2,343,230	638	7,68	71547,49	51,95	unstable
BvHsp100-64	XP_010679776.1	Chr 6	2,697,441	2,701,050	468	6,97	53967,16	39,43	stable
BvHsp100-65	XP_019105388.1	Chr 6	2,709,753	2,710,831	351	5,68	40011,91	48,86	unstable
BvHsp100-66	XP_019105389.1	Chr 6	2,710,985	2,711,988	192	4,89	21752,49	34,3	stable
BvHsp100-67	XP_010679777.1	Chr 6	2,725,288	2,730,585	499	5,85	57446,81	52,4	unstable

**EK 29'un devamı;**

BvHsp100-68	XP_010679778.1	Chr 6	2,725,288	2,730,585	484	5,76	55615,59	52,51	unstable
BvHsp100-69	XP_010679779.1	Chr 6	2,741,658	2,744,842	513	6,36	58913,01	54,31	unstable
BvHsp100-70	XP_010680119.1	Chr 6	5,669,027	5,676,439	660	8,68	73480,24	45,55	unstable
BvHsp100-71	XP_010680182.1	Chr 6	6,088,606	6,090,632	538	6,81	58638,24	46,67	unstable
BvHsp100-72	XP_010680235.1	Chr 6	6,510,387	6,515,879	864	5,67	97425,39	39,64	stable
BvHsp100-73	XP_010680673.1	Chr 6	11,410,313	11,428,218	608	7,21	66451,35	37,87	stable
BvHsp100-74	XP_010681144.1	Chr 6	19,420,590	19,437,090	976	9,22	106089,63	38,16	stable
BvHsp100-75	XP_010681710.1	Chr 6	30,578,078	30,592,938	405	7,46	46211,9	41,29	unstable
BvHsp100-76	XP_010681887.1	Chr 6	34,966,265	34,981,248	823	6,91	91602,24	49,33	unstable
BvHsp100-77	XP_010682114.1	Chr 6	42,870,713	42,894,766	677	5,92	74163,23	44,5	unstable
BvHsp100-78	XP_010683381.1	Chr 6	58,155,192	58,156,603	401	6,20	45829,21	50,08	unstable
BvHsp100-79	XP_010683609.1	Chr 7	2,356,989	2,361,104	917	6,24	101719,44	59,27	unstable
BvHsp100-80	XP_010684066.1	Chr 7	8,397,391	8,404,615	803	5,11	89365,41	42,26	unstable
BvHsp100-81	XP_010684522.1	Chr 7	20,779,629	20,788,442	421	5,27	47109,72	42,25	unstable
BvHsp100-82	XP_010684533.1	Chr 7	21,270,848	21,295,471	1236	6,11	135281,6	43,43	unstable
BvHsp100-83	XP_010684990.1	Chr 7	31,445,889	31,452,674	445	5,90	49558,01	43,7	unstable
BvHsp100-84	XP_010685070.1	Chr 7	31,495,375	31,501,827	273	8,41	30735,33	44,44	unstable
BvHsp100-85	XP_010685198.1	Chr 7	34,856,007	34,862,698	426	6,14	47732,08	32,25	stable
BvHsp100-86	XP_010685342.1	Chr 7	37,175,346	37,226,948	5437	5,29	617354,23	43,13	unstable
BvHsp100-87	XP_010685538.1	Chr 7	39,660,138	39,666,021	1114	6,98	123236,92	41,15	unstable
BvHsp100-88	XP_010685603.1	Chr 7	40,158,340	40,167,788	832	8,61	90521,84	42,69	unstable
BvHsp100-89	XP_010685724.1	Chr 7	41,060,722	41,066,625	819	6,40	90748,15	36,45	stable
BvHsp100-90	XP_010686038.1	Chr 7	43,654,625	43,662,302	434	8,18	48457,92	42,66	unstable

**EK 29'un devamı;**

BvHsp100-91	XP_010686428.1	Chr 8	2,531,466	2,550,518	943	6,02	103831,09	46,42	unstable
BvHsp100-92	XP_010686771.1	Chr 8	7,090,799	7,099,825	592	6,72	65677,52	52,48	unstable
BvHsp100-93	XP_010687252.1	Chr 8	20,786,138	20,795,265	804	5,08	89374,27	41,88	unstable
BvHsp100-94	XP_010687253.1	Chr 8	20,806,746	20,821,993	803	5,08	89342,27	42,03	unstable
BvHsp100-95	XP_010687287.1	Chr 8	22,150,586	22,179,621	452	6,94	50932,84	38,9	stable
BvHsp100-96	XP_010687842.1	Chr 8	31,620,959	31,626,042	617	5,06	69674,43	43,92	unstable
BvHsp100-97	XP_010687841.1	Chr 8	31,638,628	31,646,986	920	6,12	102378,54	41,53	unstable
BvHsp100-98	XP_010688533.1	Chr 8	31,687,765	31,693,562	341	5,52	38680,29	50,54	unstable
BvHsp100-99	XP_019106941.1	Chr 8	31,693,995	31,710,901	920	6,12	102449,56	42,13	unstable
BvHsp100-100	XP_019106942.1	Chr 8	31,693,995	31,710,901	862	7,71	95883,21	39,68	stable
BvHsp100-101	XP_010688096.1	Chr 8	34,422,821	34,428,478	404	9,01	45737,15	40,4	unstable
BvHsp100-102	XP_010688204.1	Chr 8	35,836,390	35,840,144	482	6,58	53847,17	36,64	stable
BvHsp100-103	XP_010688491.1	Chr 8	38,435,251	38,437,575	520	6,21	58988,54	38,11	stable
BvHsp100-104	XP_010668035.1	scaffold	11,301	14,045	509	7,49	58342,64	43,12	unstable
BvHsp100-105	XP_010667830.1	scaffold	20,906	37,38	1132	6,04	124111,32	48,97	unstable
BvHsp100-106	XP_010666723.1	scaffold	354,91	368,18	405	5,95	45580,71	48,18	unstable

### EK 30 BvHsp100 Proteinlerinin OmicsBox Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Uzunluk	e-değeri	Benzerlik	Gen Ontoloji
BvHsp100-01	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH, chloroplastic	705	0.0	94.23	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; membran ayrılmaz bileşeni
BvHsp100-02	AAA-ATPase At2g46620	476	0.0	79.13	ATP bağlama; membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-03	spastin isoform X1	497	0.0	86.42	ATP bağlama; nucleus; membran
BvHsp100-04	cell division control protein 48 homolog C	737	0.0	77.38	ATP bağlama; nucleus; ATPaz aktivitesi; ribozom biyogenezi; telomeraz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi
BvHsp100-05	cell division control protein 48 homolog C	702	0.0	73.6	ATP bağlama; nucleus; ATPaz aktivitesi; ribozom biyogenezi; telomeraz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi
BvHsp100-06	replication factor C subunit 3	363	0.0	93.63	ATP bağlama; nucleus; DNA replikasyonu; DNA onarımı
BvHsp100-07	CLP protease regulatory subunit CLPX3, mitochondrial	655	0.0	80.37	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç
BvHsp100-08	CLP protease regulatory subunit CLPX3, mitochondrial	636	0.0	81.14	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; protein katlanması; peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç; katlanmamış protein bağlanması
BvHsp100-09	CLP protease regulatory subunit CLPX3, mitochondrial	546	0.0	79.62	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; ; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç
BvHsp100-10	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 12, chloroplastic	985	0.0	88.12	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; kloroplast protein taşıyan ATPaz aktivitesi; mitokondriyal protein işleme
BvHsp100-11	protein SMAX1-LIKE 8	1049	0.0	64.43	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-12	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH, chloroplastic	474	0.0	92.85	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-13	ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic isoform X2	437	0.0	93.21	ATP bağlama; kloroplast stroma; ; ATPaz aktivitesi;
BvHsp100-14	probable inactive ATP-dependent zinc metalloprotease FTSHI 3, chloroplastic	619	0.0	81.84	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; çinko iyonu bağlama; kloroplast envelope; membran ayrılmaz bileşeni
BvHsp100-15	AAA-ATPase At5g17760-like isoform X1	505	0.0	69.19	nükleotid bağlanması; ATP bağlama; plastid; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-16	chaperone protein ClpB4, mitochondrial	987	0.0	95.72	ATP bağlama; mitokondri; katlanmamış proteine tepki; plastid; ATPaz aktivitesi; ısıya tepki; protein yeniden katlanması

**EK 30'un devamı;**

BvHsp100-17	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 4, mitochondrial	718	0.0	93.12	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; membran ayrılmaz bileşeni
BvHsp100-18	chaperone protein ClpB3, chloroplastic	979	0.0	93.93	ATP bağlama;katlanmamış proteine tepki; plastid; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki; protein yeniden katlanması
BvHsp100-19	replication factor C subunit 2	340	0.0	95.4	ATP bağlama; nucleus; DNA replikasyonuDNA onarımı; plastid
BvHsp100-20	AAA-ATPase ASD, mitochondrial-like	466	0.0	88.46	ATP bağlama;membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-21	AAA-ATPase At3g28580-like	541	0.0	79.53	ATP bağlama;membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-22	AAA-ATPase ASD, mitochondrial-like	418	0.0	77.95	nükleotid bağlanması; membran
BvHsp100-23	AAA-ATPase ASD, mitochondrial-like	500	0.0	75.61	nükleotid bağlanması; membran
BvHsp100-24	26S proteasome regulatory subunit 8 homolog A-like	411	0.0	95.69	proteazom kompleksi; ATP bağlama; nucleus; sitozol; plazma zarı;peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç
BvHsp100-25	ATPase family AAA domain-containing protein 3-like	642	0.0	88.01	ATP bağlama; mitokondri;mitokondri organizasyonu; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-26	ATPase family AAA domain-containing protein 1-like	391	0.0	93.17	ATP bağlama;membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-27	AAA-ATPase At2g46620-like	348	0.0	81.73	ATP bağlama;membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-28	CLP protease regulatory subunit CLPX1, mitochondrial-like	580	0.0	84.31	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; protein katlanması;peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç;katlanmamış protein bağlanması
BvHsp100-29	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 11, chloroplastic/mitochondrial-like	793	0.0	92.12	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; ısıya yanıt; kloroplast envelope;membran ayrılmaz bileşeni
BvHsp100-30	nuclear valosin-containing protein-like	830	0.0	87.35	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-31	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit CLPT1, chloroplastic	236	1,13E-158	84.97	kloroplast stroma; kloroplast envelope
BvHsp100-32	ATPase family AAA domain-containing protein At1g05910	1216	0.0	85.54	DNA bağlama; kromatin bağlama; ATP bağlama; nucleus; ATPaz aktivitesi; histon bağlama; metal iyon bağlama; endonükleaz aktivitesi
BvHsp100-33	26S protease regulatory subunit 7A	416	0.0	88.88	ATP bağlama; nucleus; sitoplazma;peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-34	26S proteasome regulatory subunit 7A	384	0.0	90.18	ATP bağlama; nucleus; sitoplazma;peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi;

**EK 30'un devamı;**

BvHsp100-35	26S proteasome regulatory subunit 7	347	0.0	91.36	ATP bağlama; nucleus; sitoplazma;peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi;
BvHsp100-36	calmodulin-interacting protein 111 isoform X1	896	0.0	79.29	nükleotid bağlanması; kloroplast; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-37	---NA---	1050			
BvHsp100-38	chromosome transmission fidelity protein 18 homolog	954	0.0	78.36	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-39	protein SMAX1-LIKE 3-like	888	0.0	73.91	
BvHsp100-40	vesicle-fusing ATPase	734	0.0	93.33	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi;metal iyon bağlama
BvHsp100-41	origin of replication complex subunit 1B-like	843	0.0	85.79	kromatin bağlama;DNA replikasyonu orijin bağlama; ATP bağlama; ATPaz aktivitesi; metal iyon bağlama
BvHsp100-42	26S protease regulatory subunit 6A homolog	421	0.0	98.73	ATP bağlama; sitoplazma;peptidaz aktivitesi; membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç;
BvHsp100-43	cell division control protein 48 homolog C	763	0.0	76.89	ATP bağlama; nucleus; ATPaz aktivitesi; ribozom biyogenezi; telomeraz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi
BvHsp100-44	probable inactive ATP-dependent zinc metalloprotease FTSHI 5, chloroplastic	1318	0.0	83.49	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; membran ayrılmaz bileşeni; kloroplast protein taşıyan ATPaz aktivitesi
BvHsp100-45	lon protease homolog 1, mitochondrial-like	972	0.0	88.44	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; Mitokondriyal matriks
BvHsp100-46	lon protease homolog 1, mitochondrial-like	917	0.0	83.68	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; Mitokondriyal matriks
BvHsp100-47	lon protease homolog 1, mitochondrial-like	748	0.0	90.98	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; Mitokondriyal matriks
BvHsp100-48	AAA+ ATPase domain	668	0.0	81.18	ATP bağlama; kloroplast; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-49	Tat-binding like	1828	0.0	68.42	kromatin bağlama; nucleus; ATPaz aktivitesi; histon bağlama;iyon bağlama
BvHsp100-50	chaperone protein ClpB1	908	0.0	94.93	ATP bağlama;katlanmamış proteine tepki; plastid; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki
BvHsp100-51	---NA---	810			
BvHsp100-52	probable inactive ATP-dependent zinc metalloprotease FTSHI 1, chloroplastic	948	0.0	84.52	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; kloroplast protein taşıyan ATPaz aktivitesi

**EK 30'un devamı;**

BvHsp100-53	peroxisomal biogenesis factor 6 isoform X1	831	0.0	88.2	ATP bağlama;membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-54	replication factor C subunit 2	330	0.0	96.84	ATP bağlama; nucleus; DNA replikasyonuDNA onarımı
BvHsp100-55	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit CLPT2, chloroplastic	240	1,44E-135	84.75	ATP bağlama;peptidaz aktivitesi; kloroplast stroma; kloroplast envelope;
BvHsp100-56	lon protease homolog 2, peroxisomal	888	0.0	94.54	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; F:serine-type endopeptidase activity; ATP bağlama
BvHsp100-57	AAA domain-containing protein/FHA domain-containing protein	1251	0.0	81.26	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-58	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA homolog CD4B, chloroplastic	923	0.0	96.22	ATP bağlama; katlanmamış proteine tepki; peptidaz aktivitesi; plastid; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki
BvHsp100-59	AAA-ATPase At3g28580-like	513	0.0	69.57	nükleotid bağlanması; ATP bağlama; membran;membran ayrılmaz bileşeni;hidrolaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-60	AAA-ATPase ASD, mitochondrial-like	537	0.0	78.63	nükleotid bağlanması; membran
BvHsp100-61	pachytene checkpoint protein 2 homolog	513	0.0	86.89	ATP bağlama; nucleus; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-62	26S protease regulatory subunit 6A homolog	421	0.0	98.99	ATP bağlama; sitoplazma;peptidaz aktivitesi; membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç
BvHsp100-63	ATPase family AAA domain-containing protein 3	638	0.0	88.75	ATP bağlama; mitokondri;mitokondri organizasyonu; çinko iyonu bağlama; plastid; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-64	AAA-ATPase At3g50940-like	468	0.0	74.48	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-65	protein HYPER-SENSITIVITY-RELATED 4-like	351	0.0	76.41	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-66	AAA-ATPase At3g50940-like	192	2,77E-93	89.66	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-67	AAA-ATPase At5g17760	499	0.0	79.65	nükleotid bağlanması
BvHsp100-68	AAA-ATPase At5g17760	484	0.0	81.51	nükleotid bağlanması
BvHsp100-69	AAA-ATPase At3g50940-like	513	0.0	74.85	ATP bağlama;membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-70	fidgetin-like protein 1	660	0.0	85.14	ATP bağlama; nucleus
BvHsp100-71	ATPase WRNIP1	538	0.0	76.78	DNA bağlama; ATP bağlama; nucleus; DNA replikasyonu

**EK 30'un devamı;**

BvHsp100-72	probable inactive ATP-dependent zinc metalloprotease FTSHI 4, chloroplastic	864	0.0	90.12	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; membran ayrılmaz bileşeni
BvHsp100-73	cell division control protein 48 homolog B	608	0.0	88.48	ATP bağlama; membran ayrılmaz bileşeni; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-74	replication factor C subunit 1	976	0.0	82.92	ATP bağlama; nucleus; DNA replikasyonu; DNA onarımı; membran
BvHsp100-75	origin of replication complex subunit 4 isoform X2	405	0.0	87.7	DNA replikasyonu orijin bağlama
BvHsp100-76	cell division control protein 48 homolog C	823	0.0	76.36	ATP bağlama; nucleus; ATPaz aktivitesi; ribozom biyogenezi; telomeraz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi
BvHsp100-77	CLP protease regulatory subunit CLPX2, mitochondrial-like	677	0.0	78.1	ATP bağlama; Mitokondriyal matriks; protein katlanması; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç; katlanmamış protein bağlanması
BvHsp100-78	---NA---	401			
BvHsp100-79	protein SMAX1-LIKE 3	917	0.0	73.86	
BvHsp100-80	cell division cycle protein 48 homolog	803	0.0	97.55	ATP bağlama; nucleus; sitozol; ATPaz aktivitesi; P:ubiquitin-dependent ERAD pathway; P:retrograde protein transport, ER to cytosol; F:polyubiquitin modification-dependent protein binding; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPase complex; P:mitotic spindle disassembly; P:cell division; P:ER-associated misfolded protein catabolic process; P:autophagosome maturation
BvHsp100-81	26S proteasome regulatory subunit 6B homolog	421	0.0	99.51	ATP bağlama; C:cell wall; nucleus; peptidaz aktivitesi; C:plasmodesma; sitozolik proteasome complex; F:proteasome-activating ATPase activity;; P:positive regulation of proteasomal protein catabolic process
BvHsp100-82	PREDICTED: uncharacterized protein LOC104899096 isoform X1	1236	0.0	84.57	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-83	26S proteasome regulatory subunit 4 homolog A	445	0.0	96.96	ATP bağlama; sitoplazma; F:TBP-class protein binding; F:proteasome-activating ATPase activity; P:positive regulation of proteasomal protein catabolic process
BvHsp100-84	26S proteasome regulatory subunit 4 homolog A	273	9,98E-165	98.71	ATP bağlama; sitoplazma; F:TBP-class protein binding; F:proteasome-activating ATPase activity; P:positive regulation of proteasomal protein catabolic process
BvHsp100-85	26S proteasome regulatory subunit 7	426	0.0	99.17	ATP bağlama; nucleus; peptidaz aktivitesi; plastid; ATPaz aktivitesi;

**EK 30'un devamı;**

BvHsp100-86	---NA---	5437			
BvHsp100-87	protein SMAX1-LIKE 6	1114	0.0	65.28	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-88	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 7, chloroplastic-like	832	0.0	93.15	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; ATP bağlama; mitokondri; ; çinko iyonu bağlama;membran ayrılmaz bileşeni
BvHsp100-89	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 10, mitochondrial-like	819	0.0	90.74	ATP'ye bağımlı peptidaz aktivitesi; F:monooxygenase activity; demir iyonu bağlama; ATP bağlama;; çinko iyonu bağlama;membran ayrılmaz bileşeni; F:oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen; F:heme binding;mitokondriyal protein işleme; P:oxidation-reduction process
BvHsp100-90	protein SUPPRESSOR OF K(+) TRANSPORT GROWTH DEFECT 1	434	0.0	96.12	ATP bağlama; nucleus; P:vacuole organization; kloroplast; membran; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-91	peroxisome biogenesis protein 6	943	0.0	85.31	ATP bağlama; C:peroxisomal membrane; sitozol; P:protein import into peroxisome matrix; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-92	katanin p60 ATPase-containing subunit A1	592	0.0	80.38	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi; P:ubiquitin-dependent ERAD pathway; sitozolic proteasome complex;; P:cell division
BvHsp100-93	cell division cycle protein 48 homolog	804	0.0	98.05	ATP bağlama; nucleus; sitozol; ATPaz aktivitesi; P:ubiquitin-dependent ERAD pathway; P:retrograde protein transport, ER to cytosol; F:polyubiquitin modification-dependent protein binding; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPase complex; P:mitotic spindle disassembly; P:cell division; P:ER-associated misfolded protein catabolic process; P:autophagosome maturation
BvHsp100-94	cell division cycle protein 48 homolog	803	0.0	98.02	ATP bağlama; nucleus; sitozol; ATPaz aktivitesi; P:ubiquitin-dependent ERAD pathway; P:retrograde protein transport, ER to cytosol; F:polyubiquitin modification-dependent protein binding; C:VCP-NPL4-UFD1 AAA ATPase complex; P:mitotic spindle disassembly; P:cell division; P:ER-associated misfolded protein catabolic process; P:autophagosome maturation
BvHsp100-95	ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic isoform X1	452	0.0	94.98	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi

**EK 30'un devamı;**

BvHsp100-96	chaperone protein ClpC, chloroplastic	617	0.0	95.42	ATP bağlama; sitoplazma; ;katlanmamış proteine tepki; peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki
BvHsp100-97	chaperone protein ClpC, chloroplastic	920	0.0	91.39	ATP bağlama; sitoplazma;katlanmamış proteine tepki; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki
BvHsp100-98	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA homolog, chloroplastic-like	341	0.0	96.79	ATP bağlama;katlanmamış proteine tepki; plastid; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki
BvHsp100-99	chaperone protein ClpC, chloroplastic	920	0.0	91.39	ATP bağlama; sitoplazma;katlanmamış proteine tepki; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki
BvHsp100-100	chaperone protein ClpC, chloroplastic	862	0.0	90.99	ATP bağlama; sitoplazma;katlanmamış proteine tepki; ATPaz aktivitesi;ısıya tepki
BvHsp100-101	26S proteasome regulatory subunit 8 homolog A	404	0.0	97.01	proteazom kompleksi; ATP bağlama; sitoplazma;peptidaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi; protein katabolik süreç
BvHsp100-102	ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic	482	0.0	93.3	proteazom kompleksi; ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-103	AAA-ATPase At5g57480-like	520	0.0	84.35	ATP bağlama; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-104	AAA-ATPase At2g18193-like	509	0.0	69.89	nükleotid bağlanması; ATP bağlama; membran;membran ayrılmaz bileşeni;hidrolaz aktivitesi; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-105	peroxisome biogenesis protein 1	1132	0.0	81.29	ATP bağlama; C:peroxisomal membrane; sitozol; P:fatty acid beta-oxidation; P:protein import into peroxisome matrix; ATPaz aktivitesi
BvHsp100-106	katanin p60 ATPase-containing subunit A-like 2 isoform X1	405	0.0	88.24	ATP bağlama; nucleus; ;

**EK 31 *BvHsp100* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Kromozom	Gen	Duplikasyon	Edeđeri	Homoloji(%)	Mesafe	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
1	BvHsp100-04	BvHsp100-05	0.0	95.25	0,0	0,000	0,000	NaN	0,000
1	BvHsp100-07	BvHsp100-08	0.0	100.00	0,0	0,003	0,001	0,560	0,019
1	BvHsp100-07	BvHsp100-09	0.0	99.63	0,0	0,006	0,003	0,443	0,047
1	BvHsp100-08	BvHsp100-09	0.0	99.63	0,0	0,005	0,002	0,462	0,040
2	BvHsp100-12	BvHsp100-13	0.0	100.00	0,0	0,0005	0,000	NaN	0,004
2	BvHsp100-16	BvHsp100-18	0.0	74.16	22,549,749	54,980	0,221	0,004	422,922
2	BvHsp100-22	BvHsp100-23	0.0	100.00	0,0	0,0000	0,0000	NaN	0,000
3	BvHsp100-33	BvHsp100-34	0.0	99.46	0,0	0,029	0,029	0,973	0,226
3	BvHsp100-33	BvHsp100-35	0.0	100.00	0,0	0,000	0,000	NaN	0,000
3	BvHsp100-34	BvHsp100-35	0.0	100.00	0,0	0,000	0,000	NaN	0,000
3	BvHsp100-36	BvHsp100-37	0.0	100.00	0,0	0,021	0,016	0,758	0,159
4	BvHsp100-45	BvHsp100-46	0.0	94.14	0,0	0,000	0,000	NaN	0,000
4	BvHsp100-45	BvHsp100-47	0.0	100.00	0,0	0,003	0,004	1,571	0,022
4	BvHsp100-46	BvHsp100-47	0.0	92.34	0,0	0,003	0,005	1,516	0,024
5	BvHsp100-50	BvHsp100-51	0.0	99.88	0,0	0,000	0,001	NaN	0,000
6	BvHsp100-67	BvHsp100-68	0.0	96.99	0,0	0,000	0,000	NaN	0,000
8	BvHsp100-93	BvHsp100-94	0.0	99.25	20,6080	0,154	0,003	0,017	1,188
8	BvHsp100-96	BvHsp100-97	0.0	98.03	17,6690	0,042	0,020	0,480	0,319
8	BvHsp100-96	BvHsp100-100	0.0	97.54	73,0360	0,071	0,054	0,763	0,545
8	BvHsp100-97	BvHsp100-100	0.0	98.33	55,3670	0,035	0,028	0,803	0,265
8	BvHsp100-99	BvHsp100-100	0.0	99.44	0,0	0,039	0,022	0,565	0,301
<b>Ortalama</b>						<b>2,915</b>	<b>0,020</b>	<b>0,686</b>	<b>20,290</b>

**EK 32 *BvHsp100* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Gen 1	Kromozom	Gen 2	Kromozom	Edeđeri	Homoloji(%)	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp100-04	Chr 1	BvHsp100-43	Chr 4	0.0	90.43%	0,048	0,036	0,746	0,369
BvHsp100-05	Chr 1	BvHsp100-43	Chr 4	0.0	86.24%	0,051	0,038	0,739	0,392
BvHsp100-07	Chr 1	BvHsp100-28	Chr 3	0.0	73.05%	6,924	0,341	0,049	53,259
BvHsp100-08	Chr 1	BvHsp100-28	Chr 3	0.0	73.05%	6,744	0,330	0,049	51,877
BvHsp100-08	Chr 1	BvHsp100-77	Chr 6	0.0	74.57%	4,618	0,304	0,066	35,526
BvHsp100-09	Chr 1	BvHsp100-28	Chr 3	6e-171	75.80%	7,983	0,324	0,041	61,408
BvHsp100-09	Chr 1	BvHsp100-77	Chr 6	4e-173	77.06%	3,914	0,306	0,078	30,109
BvHsp100-24	Chr 2	BvHsp100-101	Chr 8	0.0	90.02%	2,954	0,054	0,018	22,720
BvHsp100-25	Chr 2	BvHsp100-63	Chr 6	0.0	66.13%	11,275	0,279	0,025	86,730
BvHsp100-28	Chr 3	BvHsp100-77	Chr 6	0.0	72.71%	6,354	0,350	0,055	48,877
BvHsp100-30	Chr 3	BvHsp100-53	Chr 5	0.0	66.23%	2,667	0,231	0,087	20,515
BvHsp100-33	Chr 3	BvHsp100-85	Chr 7	0.0	70.42%	0,986	0,179	0,182	7,584
BvHsp100-34	Chr 3	BvHsp100-85	Chr 7	0.0	73.60%	52,677	0,179	0,003	405,211
BvHsp100-35	Chr 3	BvHsp100-85	Chr 7	0.0	75.86%	0,939	0,138	0,147	7,219
BvHsp100-42	Chr 4	BvHsp100-62	Chr 5	0.0	98.81%	0,129	0,005	0,040	0,994
BvHsp100-58	Chr 5	BvHsp100-97	Chr 8	0.0	77.45%	1,402	0,143	0,102	10,787
BvHsp100-58	Chr 5	BvHsp100-100	Chr 8	0.0	76.07%	1,477	0,165	0,112	11,362
BvHsp100-58	Chr 5	BvHsp100-96	Chr 8	0.0	83.25%	1,374	0,122	0,088	10,566
BvHsp100-58	Chr 5	BvHsp100-98	Chr 8	4e-144	85.83%	1,698	0,106	0,062	13,062
BvHsp100-80	Chr 7	BvHsp100-93	Chr 8	0.0	96.52%	0,491	0,017	0,034	3,777
BvHsp100-80	Chr 7	BvHsp100-94	Chr 8	0.0	96.52%	0,485	0,016	0,034	3,728
<b>Ortalama</b>						<b>5,485</b>	<b>0,174</b>	<b>0,131</b>	<b>42,194</b>

**EK 33 BvHsp100 Genlerinin Arabidopsis, Çeltik, Kavak ve Soya ile Ortolog İlişkileri ve Birbirlerinden Ayrılma Oranları**

Şeker Pancarı Genleri	Kro	Arabidopsis Genleri	Kro	Ks	Ka	Ka/Ks	Myö
BvHsp100-01	1	AT5G42270.1	5	2,027	0,114	0,056	15,589
BvHsp100-02	1	AT2G46620.1	2	51,141	0,333	0,007	393,392
BvHsp100-03	1	AT2G45500.1	2	2,504	0,240	0,096	19,258
BvHsp100-06	1	AT1G77470.1	1	4,452	0,143	0,032	34,244
BvHsp100-06	1	AT1G21690.3	1	15,146	0,723	0,048	116,505
BvHsp100-10	2	AT1G79560.1	1	23,620	0,196	0,008	181,692
BvHsp100-11	2	AT2G40130.2	2	2,997	0,602	0,201	23,057
BvHsp100-11	2	AT2G29970.1	2	2,360	0,458	0,194	18,153
BvHsp100-12	2	AT2G39730.1	2	11,118	0,173	0,016	85,525
BvHsp100-16	2	AT2G25140.1	2	4,437	0,130	0,029	34,127
BvHsp100-17	2	AT2G26140.1	2	28,579	0,155	0,005	219,842
BvHsp100-18	2	AT5G15450.1	5	4,258	0,107	0,025	32,752
BvHsp100-22	2	AT3G28510.1	3	7,546	0,374	0,050	58,047
BvHsp100-22	2	AT5G40010.1	5	2,452	0,384	0,157	18,863
BvHsp100-25	3	AT2G18330.1	2	11,325	0,280	0,025	87,116
BvHsp100-25	3	AT4G36580.1	4	2,870	0,310	0,108	22,076
BvHsp100-26	3	AT4G27680.1	4	302,206	0,162	0,001	2324,663
BvHsp100-26	3	AT5G53540.1	5	25,688	0,194	0,008	197,598
BvHsp100-28	3	AT5G53350.1	5	20,555	0,195	0,009	158,115
BvHsp100-29	3	AT5G53170.1	5	23,129	0,171	0,007	177,919
BvHsp100-30	3	AT4G28000.1	4	22,033	0,199	0,009	169,487
BvHsp100-30	3	AT5G52882.1	5	24,326	0,202	0,008	187,121
BvHsp100-31	3	AT4G25370.1	4	3,052	0,349	0,114	23,477
BvHsp100-36	3	AT3G56690.1	3	1,813	0,331	0,182	13,946
BvHsp100-42	4	AT3G05530.1	3	2,343	0,041	0,017	18,021
BvHsp100-44	4	AT3G04340.1	3	19,232	0,294	0,015	147,941
BvHsp100-49	4	AT3G15120.1	3	16,503	0,427	0,026	126,943
BvHsp100-50	5	AT1G74310.1	1	3,871	0,091	0,023	29,777
BvHsp100-52	5	AT4G23940.1	4	1,961	0,214	0,109	15,087
BvHsp100-53	5	AT1G64110.2	1	10,996	0,174	0,016	84,582
BvHsp100-54	5	AT1G63160.1	1	21,554	0,071	0,003	165,797
BvHsp100-55	5	AT4G12060.1	4	1,843	0,304	0,165	14,180
BvHsp100-56	5	AT5G47040.1	5	23,660	0,116	0,005	181,998
BvHsp100-58	5	AT3G48870.1	3	18,513	0,106	0,006	142,411
BvHsp100-58	5	AT5G50920.1	5	34,691	0,081	0,002	266,855
BvHsp100-73	6	AT2G03670.1	2	1,602	0,210	0,131	12,323
BvHsp100-75	6	AT2G01120.2	2	2,610	0,235	0,090	20,075
BvHsp100-77	6	AT5G49840.1	5	1,654	0,287	0,174	12,723

**EK 33'ün devamı;**

BvHsp100-80	7	AT5G03340.1	5	35,277	0,052	0,001	271,360
BvHsp100-82	7	AT4G02480.1	4	2,178	0,291	0,134	16,750
BvHsp100-87	7	AT1G07200.2	1	3,028	0,462	0,153	23,296
BvHsp100-87	7	AT2G29970.1	2	2,360	0,458	0,194	18,153
BvHsp100-88	7	AT3G47060.1	3	1,455	0,182	0,125	11,193
BvHsp100-88	7	AT5G58870.1	5	20,870	0,186	0,009	160,539
BvHsp100-89	7	AT1G07510.1	1	2,552	0,148	0,058	19,632
BvHsp100-89	7	AT2G29080.1	2	24,156	0,161	0,007	185,818
BvHsp100-90	7	AT2G27600.1	2	17,915	0,061	0,003	137,809
BvHsp100-92	8	AT4G04180.1	4	1,761	0,301	0,171	13,545
BvHsp100-101	8	AT5G19990.1	5	24,597	0,058	0,002	189,209
BvHsp100-102	8	AT3G24530.1	3	2,701	0,155	0,057	20,775
BvHsp100-103	8	AT4G25835.1	4	2,437	0,272	0,112	18,749
BvHsp100-103	8	AT4G30250.1	4	2,799	0,334	0,119	21,532
BvHsp100-103	8	AT5G57480.1	5	2,310	0,252	0,109	17,766
BvHsp100-106	scaffold	AT1G80350.1	1	52,947	0,622	0,012	407,284
<b>Ortalama</b>				<b>17,778</b>	<b>0,244</b>	<b>0,064</b>	<b>136,753</b>

<b>Şeker Pancarı Genleri</b>	<b>Kro</b>	<b>Çeltik Genleri</b>	<b>Kro</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp100-11	2	LOC_Os11g01330.1	11	36,868	0,689	0,019	283,596
BvHsp100-11	2	LOC_Os12g01360.1	12	47,173	0,686	0,015	362,868
BvHsp100-12	2	LOC_Os11g47970.1	11	1,584	0,176	0,111	12,182
BvHsp100-16	2	LOC_Os02g08490.1	2	5,059	0,157	0,031	38,913
BvHsp100-24	2	LOC_Os02g11050.1	2	29,359	0,051	0,002	225,838
BvHsp100-24	2	LOC_Os06g39870.1	6	29,359	0,051	0,002	225,838
BvHsp100-25	3	LOC_Os02g47760.1	2	3,248	0,315	0,097	24,987
BvHsp100-28	3	LOC_Os02g19150.1	2	48,659	0,249	0,005	374,303
BvHsp100-29	3	LOC_Os01g43150.1	1	5,490	0,182	0,033	42,230
BvHsp100-30	3	LOC_Os01g43480.1	1	50,870	0,359	0,007	391,304
BvHsp100-42	4	LOC_Os03g18690.1	3	50,222	0,531	0,011	386,320
BvHsp100-45	4	LOC_Os03g19350.1	3	3,672	0,206	0,056	28,244
BvHsp100-54	5	LOC_Os04g48060.1	4	2,292	0,099	0,043	17,630
BvHsp100-58	5	LOC_Os04g32560.1	4	26,167	0,091	0,003	201,281
BvHsp100-79	7	LOC_Os11g05820.1	11	14,654	0,594	0,041	112,724
BvHsp100-79	7	LOC_Os04g33980.1	4	7,970	0,520	0,065	61,305
BvHsp100-82	7	LOC_Os07g47530.1	7	34,901	0,356	0,010	268,472
BvHsp100-89	7	LOC_Os01g62500.1	1	28,147	0,190	0,007	216,515
BvHsp100-101	8	LOC_Os02g11050.1	2	29,359	0,051	0,002	225,838
BvHsp100-101	8	LOC_Os06g39870.1	6	29,359	0,051	0,002	225,838
<b>Ortalama</b>				<b>24,220</b>	<b>0,280</b>	<b>0,028</b>	<b>186,311</b>

**EK 33'ün devamı;**

<b>Şeker Pancarı Genleri</b>	<b>Kro</b>	<b>Kavak Genleri</b>	<b>Kro</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp100-01	1	Potri.002G012000.1	2	3,757	0,074	0,020	28,897
BvHsp100-01	1	Potri.005G249200.1	5	3,283	0,099	0,030	25,255
BvHsp100-02	1	Potri.002G175600.1	2	2,336	0,354	0,152	17,968
BvHsp100-02	1	Potri.002G175600.1	2	2,336	0,354	0,152	17,968
BvHsp100-02	1	Potri.012G020800.1	12	5,580	0,344	0,062	42,926
BvHsp100-02	1	Potri.014G102300.1	14	2,763	0,329	0,119	21,251
BvHsp100-02	1	Potri.015G007800.1	15	32,451	0,354	0,011	249,620
BvHsp100-03	1	Potri.014G071900.1	14	18,462	0,171	0,009	142,018
BvHsp100-06	1	Potri.002G081200.3	2	1,836	0,094	0,051	14,124
BvHsp100-06	1	Potri.005G180001.1	5	4,485	0,478	0,107	34,501
BvHsp100-11	2	Potri.001G252500.1	1	17,224	0,426	0,025	132,490
BvHsp100-11	2	Potri.008G069100.1	8	2,583	0,488	0,189	19,871
BvHsp100-11	2	Potri.009G046700.1	9	17,540	0,436	0,025	134,925
BvHsp100-11	2	Potri.010G188200.1	10	2,794	0,492	0,176	21,492
BvHsp100-12	2	Potri.008G058500.1	8	11,348	0,139	0,012	87,295
BvHsp100-12	2	Potri.010G200500.1	10	10,848	0,145	0,013	83,447
BvHsp100-12	2	Potri.016G101100.2	16	13,186	0,156	0,012	101,428
BvHsp100-16	2	Potri.006G262700.1	6	21,761	0,128	0,006	167,393
BvHsp100-17	2	Potri.006G227700.3	6	19,498	0,127	0,006	149,981
BvHsp100-18	2	Potri.004G124800.1	4	16,625	0,104	0,006	127,882
BvHsp100-18	2	Potri.017G090600.1	17	1,484	0,092	0,062	11,414
BvHsp100-25	3	Potri.005G122300.2	5	5,209	0,453	0,087	40,065
BvHsp100-25	3	Potri.007G023900.1	7	5,984	0,272	0,045	46,032
BvHsp100-26	3	Potri.012G025351.1	12	17,839	0,209	0,012	137,220
BvHsp100-26	3	Potri.015G007700.1	15	22,778	0,122	0,005	175,214
BvHsp100-27	3	Potri.002G175600.1	2	2,336	0,354	0,152	17,968
BvHsp100-28	3	Potri.012G015600.3	12	10,525	0,171	0,016	80,965
BvHsp100-28	3	Potri.015G012900.4	15	11,760	0,158	0,013	90,465
BvHsp100-29	3	Potri.012G000700.3	12	1,582	0,153	0,097	12,172
BvHsp100-29	3	Potri.015G020700.1	15	13,019	0,144	0,011	100,143
BvHsp100-30	3	Potri.001G097600.3	1	3,849	0,195	0,051	29,605
BvHsp100-30	3	Potri.003G133700.3	3	3,029	0,219	0,072	23,298
BvHsp100-30	3	Potri.012G035400.2	12	1,954	0,166	0,085	15,031
BvHsp100-30	3	Potri.015G026900.1	15	18,488	0,166	0,009	142,215
BvHsp100-31	3	Potri.001G115500.1	1	19,930	0,396	0,020	153,304
BvHsp100-31	3	Potri.012G129800.3	12	24,891	0,296	0,012	191,469
BvHsp100-31	3	Potri.015G131700.2	15	25,758	0,249	0,010	198,137
BvHsp100-32	3	Potri.007G127900.2	7	15,621	0,176	0,011	120,159
BvHsp100-32	3	Potri.017G030900.2	17	14,263	0,183	0,013	109,714

**EK 33'ün devamı;**

BvHsp100-36	3	Potri.006G035000.1	6	14,650	0,319	0,022	112,694
BvHsp100-39	4	Potri.006G204500.1	6	16,619	0,291	0,018	127,837
BvHsp100-39	4	Potri.008G017600.1	8	1,873	0,309	0,165	14,404
BvHsp100-39	4	Potri.010G241600.2	10	2,659	0,309	0,116	20,457
BvHsp100-39	4	Potri.016G071800.1	16	15,605	0,299	0,019	120,040
BvHsp100-40	4	Potri.004G043900.1	4	15,325	0,139	0,009	117,887
BvHsp100-40	4	Potri.011G052800.3	11	15,646	0,145	0,009	120,351
BvHsp100-41	4	Potri.009G054300.1	9	14,880	0,184	0,012	114,463
BvHsp100-42	4	Potri.005G025100.1	5	22,627	0,036	0,002	174,054
BvHsp100-42	4	Potri.013G016800.1	13	35,543	0,037	0,001	273,411
BvHsp100-44	4	Potri.013G048700.1	13	12,065	0,262	0,022	92,806
BvHsp100-45	4	Potri.005G017600.1	5	1,448	0,148	0,103	11,137
BvHsp100-45	4	Potri.013G008900.1	13	18,705	0,147	0,008	143,888
BvHsp100-50	5	Potri.015G056900.2	15	3,255	0,091	0,028	25,037
BvHsp100-52	5	Potri.001G089800.2	1	1,150	0,184	0,160	8,846
BvHsp100-53	5	Potri.001G097600.3	1	3,849	0,195	0,051	29,605
BvHsp100-53	5	Potri.003G133700.3	3	3,029	0,219	0,072	23,298
BvHsp100-54	5	Potri.003G123200.1	3	15,450	0,068	0,004	118,849
BvHsp100-55	5	Potri.001G115500.1	1	19,930	0,396	0,020	153,304
BvHsp100-56	5	Potri.001G148400.4	1	11,482	0,096	0,008	88,325
BvHsp100-56	5	Potri.003G086000.1	3	12,935	0,087	0,007	99,504
BvHsp100-58	5	Potri.012G105900.3	12	13,722	0,081	0,006	105,557
BvHsp100-58	5	Potri.015G105100.5	15	1,425	0,080	0,056	10,964
BvHsp100-60	5	Potri.015G067400.1	15	34,439	0,289	0,008	264,915
BvHsp100-61	5	Potri.012G086400.1	12	13,609	0,152	0,011	104,685
BvHsp100-70	6	Potri.001G331200.1	1	13,361	0,200	0,015	102,781
BvHsp100-72	6	Potri.005G059700.8	5	15,309	0,147	0,010	117,760
BvHsp100-75	6	Potri.008G126300.4	8	2,710	0,198	0,073	20,844
BvHsp100-77	6	Potri.004G229400.2	4	11,645	0,211	0,018	89,580
BvHsp100-79	7	Potri.006G204500.1	6	16,619	0,291	0,018	127,837
BvHsp100-79	7	Potri.016G071800.1	16	15,605	0,299	0,019	120,040
BvHsp100-80	7	Potri.006G125500.1	6	1,961	0,040	0,021	15,085
BvHsp100-80	7	Potri.016G091600.1	16	1,973	0,039	0,020	15,174
BvHsp100-82	7	Potri.002G205900.1	2	17,675	0,236	0,013	135,960
BvHsp100-82	7	Potri.014G131000.2	14	18,326	0,246	0,013	140,969
BvHsp100-85	7	Potri.001G161700.1	1	1,449	0,033	0,023	11,150
BvHsp100-87	7	Potri.001G252500.1	1	17,224	0,426	0,025	132,490
BvHsp100-87	7	Potri.008G069100.1	8	2,583	0,488	0,189	19,871
BvHsp100-87	7	Potri.009G046700.1	9	17,540	0,436	0,025	134,925
BvHsp100-87	7	Potri.010G188200.1	10	2,794	0,492	0,176	21,492
BvHsp100-88	7	Potri.001G249100.1	1	14,342	0,162	0,011	110,326

**EK 33'ün devamı;**

BvHsp100-88	7	Potri.009G043100.5	9	13,711	0,147	0,011	105,471
BvHsp100-89	7	Potri.009G033600.1	9	14,776	0,136	0,009	113,658
BvHsp100-90	7	Potri.004G184500.1	4	12,150	0,069	0,006	93,461
BvHsp100-90	7	Potri.008G022216.1	8	28,963	0,119	0,004	222,793
BvHsp100-90	7	Potri.009G144300.1	9	1,083	0,063	0,058	8,327
BvHsp100-90	7	Potri.010G237100.6	10	2,673	0,118	0,044	20,562
BvHsp100-92	8	Potri.004G004000.1	4	15,785	0,259	0,016	121,424
BvHsp100-95	8	Potri.001G037300.1	1	2,134	0,145	0,068	16,415
BvHsp100-95	8	Potri.003G187601.1	3	0,961	0,428	0,445	7,393
BvHsp100-102	8	Potri.018G081000.1	18	2,823	0,134	0,047	21,719
BvHsp100-103	8	Potri.006G169000.1	6	5,417	0,254	0,047	41,667
BvHsp100-103	8	Potri.018G093600.2	18	5,953	0,253	0,042	45,795
BvHsp100-106	scaffold	Potri.001G176900.1	1	56,131	0,593	0,011	431,778
BvHsp100-106	scaffold	Potri.003G057800.1	3	54,850	0,614	0,011	421,926
<b>Ortalama</b>				<b>13,289</b>	<b>0,251</b>	<b>0,053</b>	<b>102,220</b>

<b>Şeker Pancarı Genleri</b>	<b>Kro</b>	<b>Soya Genleri</b>	<b>Kro</b>	<b>Ks</b>	<b>Ka</b>	<b>Ka/Ks</b>	<b>Myö</b>
BvHsp100-02	1	Glyma.03G259300.1	3	10,698	0,311	0,029	82,294
BvHsp100-02	1	Glyma.04G232200.1	4	52,870	0,373	0,007	406,691
BvHsp100-02	1	Glyma.06G132700.1	6	52,387	0,372	0,007	402,973
BvHsp100-02	1	Glyma.07G052700.1	7	9,940	0,363	0,037	76,463
BvHsp100-02	1	Glyma.19G258100.1	19	11,887	0,300	0,025	91,438
BvHsp100-03	1	Glyma.09G267500.3	9	2,392	0,191	0,080	18,396
BvHsp100-03	1	Glyma.09G267500.3	9	2,392	0,191	0,080	18,396
BvHsp100-03	1	Glyma.18G222400.1	18	19,595	0,216	0,011	150,731
BvHsp100-06	1	Glyma.04G248900.1	4	1,725	0,130	0,076	13,269
BvHsp100-06	1	Glyma.06G114100.1	6	16,730	0,119	0,007	128,692
BvHsp100-11	2	Glyma.11G230700.1	11	4,002	0,529	0,132	30,787
BvHsp100-11	2	Glyma.18G026600.1	18	28,984	0,471	0,016	222,954
BvHsp100-12	2	Glyma.02G249600.1	2	10,669	0,148	0,014	82,069
BvHsp100-12	2	Glyma.11G221000.2	11	1,610	0,141	0,088	12,387
BvHsp100-12	2	Glyma.14G067000.1	14	10,938	0,145	0,013	84,138
BvHsp100-12	2	Glyma.18G036400.2	18	1,569	0,144	0,092	12,071
BvHsp100-16	2	Glyma.04G062200.1	4	2,211	0,110	0,050	17,008
BvHsp100-17	2	Glyma.14G095700.1	14	12,615	0,138	0,011	97,038
BvHsp100-17	2	Glyma.17G228100.1	17	15,170	0,165	0,011	116,692
BvHsp100-18	2	Glyma.08G242100.1	8	22,419	0,083	0,004	172,454
BvHsp100-18	2	Glyma.13G058600.1	13	21,937	0,092	0,004	168,746
BvHsp100-18	2	Glyma.18G264400.1	18	25,977	0,083	0,003	199,823
BvHsp100-18	2	Glyma.19G027900.2	19	2,358	0,092	0,039	18,136

**EK 33'ün devamı;**

BvHsp100-22	2	Glyma.09G241600.1	9	4,771	0,342	0,072	36,698
BvHsp100-22	2	Glyma.18G254200.1	18	27,606	0,309	0,011	212,354
BvHsp100-22	2	Glyma.19G018600.1	19	4,771	0,342	0,072	36,702
BvHsp100-25	3	Glyma.01G174000.1	1	5,871	0,270	0,046	45,158
BvHsp100-25	3	Glyma.11G069000.1	11	7,077	0,276	0,039	54,438
BvHsp100-26	3	Glyma.04G232100.1	4	3,193	0,130	0,041	24,563
BvHsp100-26	3	Glyma.06G132800.4	6	3,539	0,134	0,038	27,222
BvHsp100-27	3	Glyma.04G232200.1	4	52,870	0,373	0,007	406,691
BvHsp100-28	3	Glyma.04G235600.1	4	16,048	0,189	0,012	123,446
BvHsp100-28	3	Glyma.06G129100.1	6	16,533	0,175	0,011	127,177
BvHsp100-29	3	Glyma.06G126000.1	6	12,274	0,162	0,013	94,415
BvHsp100-29	3	Glyma.13G041700.1	13	14,256	0,131	0,009	109,662
BvHsp100-29	3	Glyma.14G124900.2	14	1,943	0,157	0,081	14,943
BvHsp100-30	3	Glyma.05G212900.1	5	2,194	0,210	0,096	16,877
BvHsp100-30	3	Glyma.08G019400.2	8	2,169	0,206	0,095	16,681
BvHsp100-30	3	Glyma.09G127000.1	9	16,791	0,195	0,012	129,162
BvHsp100-31	3	Glyma.01G212900.1	1	2,188	0,320	0,146	16,831
BvHsp100-31	3	Glyma.09G153200.2	9	3,459	0,359	0,104	26,611
BvHsp100-32	3	Glyma.11G128300.2	11	2,415	0,189	0,078	18,576
BvHsp100-32	3	Glyma.12G052800.2	12	2,459	0,191	0,078	18,912
BvHsp100-36	3	Glyma.03G123500.6	3	2,545	0,330	0,129	19,573
BvHsp100-39	4	Glyma.10G196300.1	10	3,643	0,375	0,103	28,022
BvHsp100-39	4	Glyma.20G193900.1	20	3,323	0,336	0,101	25,562
BvHsp100-39	4	Glyma.20G073000.1	20	3,078	0,367	0,119	23,677
BvHsp100-41	4	Glyma.13G340100.1	13	17,748	0,230	0,013	136,523
BvHsp100-41	4	Glyma.15G034300.1	15	16,767	0,232	0,014	128,977
BvHsp100-42	4	Glyma.03G235200.1	3	1,455	0,056	0,038	11,192
BvHsp100-42	4	Glyma.10G151900.1	10	1,439	0,033	0,023	11,069
BvHsp100-42	4	Glyma.20G236500.1	20	13,699	0,033	0,002	105,377
BvHsp100-44	4	Glyma.10G164800.1	10	15,256	0,282	0,019	117,354
BvHsp100-45	4	Glyma.10G147200.1	10	22,492	0,144	0,006	173,015
BvHsp100-45	4	Glyma.20G097700.1	20	2,173	0,150	0,069	16,715
BvHsp100-48	4	Glyma.06G232100.1	6	204,940	0,283	0,001	1576,462
BvHsp100-49	4	Glyma.12G227000.1	12	16,519	0,382	0,023	127,069
BvHsp100-49	4	Glyma.13G273300.1	13	17,514	0,394	0,023	134,723
BvHsp100-50	5	Glyma.05G022200.1	5	3,088	0,088	0,029	23,752
BvHsp100-50	5	Glyma.06G202200.1	6	3,628	0,089	0,025	27,905
BvHsp100-52	5	Glyma.08G023900.2	8	1,765	0,211	0,119	13,580
BvHsp100-53	5	Glyma.01G223100.1	1	18,477	0,207	0,011	142,131
BvHsp100-53	5	Glyma.05G212900.1	5	2,194	0,210	0,096	16,877
BvHsp100-53	5	Glyma.08G019400.2	8	2,169	0,206	0,095	16,681

**EK 33'ün devamı;**

BvHsp100-53	5	Glyma.11G020300.1	11	17,788	0,199	0,011	136,831
BvHsp100-54	5	Glyma.05G048900.1	5	1,645	0,057	0,034	12,654
BvHsp100-54	5	Glyma.17G130800.1	17	13,630	0,059	0,004	104,846
BvHsp100-55	5	Glyma.01G212900.1	1	2,188	0,320	0,146	16,831
BvHsp100-56	5	Glyma.01G203100.1	1	1,514	0,102	0,067	11,646
BvHsp100-56	5	Glyma.05G068600.1	5	1,537	0,113	0,073	11,823
BvHsp100-56	5	Glyma.17G151100.1	17	16,760	0,114	0,007	128,923
BvHsp100-58	5	Glyma.04G200400.1	4	1,818	0,070	0,039	13,985
BvHsp100-58	5	Glyma.05G201100.1	5	19,256	0,075	0,004	148,123
BvHsp100-58	5	Glyma.06G165200.1	6	17,977	0,069	0,004	138,285
BvHsp100-58	5	Glyma.08G008400.1	8	22,234	0,083	0,004	171,031
BvHsp100-60	5	Glyma.05G031400.1	5	17,011	0,288	0,017	130,850
BvHsp100-60	5	Glyma.17G095500.1	17	26,255	0,286	0,011	201,962
BvHsp100-61	5	Glyma.04G188400.1	4	19,548	0,162	0,008	150,369
BvHsp100-61	5	Glyma.06G177400.1	6	17,408	0,166	0,010	133,908
BvHsp100-72	6	Glyma.04G213800.1	4	21,022	0,164	0,008	161,708
BvHsp100-72	6	Glyma.06G152500.1	6	21,281	0,157	0,007	163,700
BvHsp100-73	6	Glyma.02G118800.1	2	1,897	0,180	0,095	14,588
BvHsp100-75	6	Glyma.10G268100.1	10	2,761	0,247	0,090	21,238
BvHsp100-79	7	Glyma.02G198000.1	2	26,955	0,278	0,010	207,349
BvHsp100-79	7	Glyma.10G079000.1	10	2,578	0,300	0,116	19,828
BvHsp100-80	7	Glyma.03G182800.1	3	19,578	0,043	0,002	150,601
BvHsp100-80	7	Glyma.10G057100.1	10	21,811	0,044	0,002	167,780
BvHsp100-80	7	Glyma.19G183400.1	19	18,129	0,039	0,002	139,456
BvHsp100-82	7	Glyma.02G155000.1	2	18,052	0,251	0,014	138,865
BvHsp100-82	7	Glyma.10G019300.1	10	16,322	0,251	0,015	125,552
BvHsp100-85	7	Glyma.07G046700.2	7	1,675	0,006	0,004	12,882
BvHsp100-86	7	Glyma.07G035600.1	7	18,190	0,400	0,022	139,924
BvHsp100-87	7	Glyma.02G226900.1	2	24,544	0,437	0,018	188,804
BvHsp100-87	7	Glyma.11G174500.1	11	13,988	0,532	0,038	107,600
BvHsp100-87	7	Glyma.11G230700.1	11	4,002	0,529	0,132	30,787
BvHsp100-87	7	Glyma.14G193900.1	14	24,007	0,451	0,019	184,672
BvHsp100-87	7	Glyma.18G062300.1	18	2,235	0,459	0,205	17,195
BvHsp100-88	7	Glyma.02G225300.1	2	13,742	0,153	0,011	105,704
BvHsp100-88	7	Glyma.14G192100.1	14	12,506	0,158	0,013	96,200
BvHsp100-88	7	Glyma.18G065600.1	18	19,038	0,154	0,008	146,446
BvHsp100-89	7	Glyma.11G137700.1	11	18,326	0,154	0,008	140,968
BvHsp100-89	7	Glyma.12G061200.1	12	17,379	0,130	0,007	133,686
BvHsp100-90	7	Glyma.11G184700.1	11	2,379	0,053	0,022	18,299
BvHsp100-90	7	Glyma.12G087700.1	12	2,606	0,050	0,019	20,049
BvHsp100-90	7	Glyma.12G183700.1	12	22,546	0,053	0,002	173,431

**EK 33'ün devamı;**

BvHsp100-90	7	Glyma.13G317300.1	13	2,192	0,048	0,022	16,861
BvHsp100-92	8	Glyma.09G007800.1	9	1,093	0,353	0,323	8,409
BvHsp100-92	8	Glyma.15G112100.1	15	14,793	0,296	0,020	113,795
BvHsp100-102	8	Glyma.07G085800.1	7	28,596	0,139	0,005	219,969
BvHsp100-102	8	Glyma.09G191100.1	9	23,646	0,129	0,005	181,889
BvHsp100-103	8	Glyma.13G096200.1	13	4,348	0,255	0,059	33,442
BvHsp100-103	8	Glyma.17G063900.1	17	24,926	0,259	0,010	191,736
BvHsp100-106	scaffold	Glyma.07G034000.1	7	55,081	0,626	0,011	423,697
BvHsp100-106	scaffold	Glyma.08G208100.1	8	54,782	0,616	0,011	421,396
BvHsp100-106	scaffold	Glyma.13G361600.1	13	54,794	0,497	0,009	421,492
BvHsp100-106	scaffold	Glyma.15G012200.1	15	55,794	0,620	0,011	429,184
<b>Ortalama</b>				<b>15,531</b>	<b>0,223</b>	<b>0,041</b>	<b>119,468</b>

**EK 34 BvHsp100 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu**

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
<i>Arabidopsis thaliana</i>					
ath-miR157a-3p	BvHsp100-58	5.0	-1.0	GCUCUCUAGCCUUCUGUCAUC	CCUGA-AGAAG-CUAGAGAGC
ath-miR161.2	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UCA AUGCAUUGAAAGUGACUA	UUGACUUUUUCGGUGCCUUGA
ath-miR163	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUGAAGAGGACUUGGAACUUCGAU	GUGCCUCCUCCAAGGCUUCUCAA
ath-miR319a	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUGGACUGAAGGGAGCUCCCU	GCGGAGCUUUCUUCGGACAAG
ath-miR5024-3p	BvHsp100-12	5.0	-1.0	CCGUAUCUUGGCCUUGUCAUU	AUUGCCAAGGGUAAGAUGUGC
ath-miR5662	BvHsp100-12	5.0	-1.0	AGAGGUGACCAUUGGAGAUG	CAUCUCCGAUGAUCAACUUG
ath-miR824-3p	BvHsp100-58	5.0	-1.0	CCUUCUCAUCGAUGGUCUAGA	CCUAGACUAU-GACGAGAAGG
ath-miR833a-5p	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UGUUUGUUGUACUCGGUCUAGU	CCUUGAC-GAGUACAGAAAACA
ath-miR834	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UGGUAGCAGUAGCGGUGGUAA	CCAUCAUCGUUACUGGUAAACG
ath-miR860	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UCAAUAGAUUGGACUAUGUAU	CGAGAUAAUUCUGUUUAUUGA
ath-miR868-5p	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UCAUGUCGUAAUAGUAGUCAC	ACGCUUCUUAUUAUGACAUCA
ath-miR869.2	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UCUGGUGUUGAGAUAGUUGAC	UGCAAACAUCUAAAACCAGC
Ath-miR5024	BvHsp100-12	5.0	-1.0	CCGUAUCUUGGCCUUGUCAUU	GUUGAUCAGGCAAAGGUACCG
Ath-miR868	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UCAUGUCGUAAUAGUAGUCAC	ACGCUUCUUAUUAUGACAUCA
Ath-miR869	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UCUGGUGUUGAGAUAGUUGAC	UGCAAACAUCUAAAACCAGC
Ath-miRN152	BvHsp100-58	5.0	-1.0	CAGUUUGUCUUUCCAACAAC	GCUCUUGCAAGGGGUGAAUUG
<i>Glycine max</i>					
gma-miR171k-5p	BvHsp100-12	5.0	-1.0	CGAUGUUGGUGAGGUUCAUC	ACUUGAACUUGCCUAACAUCA
gma-miR2109-5p	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UGCGAGUGUCUUCGCCUCUG	UGGCUGAGAAGAUGCCUUGCA
gma-miR4377	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UACGUCAUCGCUGAAUGGAAGACG	AUAAUUCUGUUUAUUGAUGAAGUA
gma-miR482a-3p	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UCUUCCCA AUUCCGCCAUUCCUA	UAGGAAUAGACGCCAUUGGGAAGA
gma-miR4998	BvHsp100-12	5.0	-1.0	AGUUUCGUGACUACAACUUCUG	GUGAACUUGUGUUCGCGAAAAU
gma-miR5041-3p	BvHsp100-58	5.0	-1.0	GUUGAGCAAGUUGAAGAUGAA	UUCGAUUGCAACAUGCUCAGC

**EK 34'ün devamı;**

gma-miR5767	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UGGAGGACCUUUGAAGGUGCA	GCCUCCUCCAAGGCUUCUUCA
gma-miR5775	BvHsp100-58	5.0	-1.0	AUAAGCUCUUUGAGAGCUUC	ACAGAUCUUGAAAGGGCUUCG
Gma-miR10427a	BvHsp100-58	5.0	-1.0	AAGAGAAUUGGGCUAGAGCUGC	GUGGCUGCAGCACAAACUCUCUU
Gma-miR319a	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUGGACUGAAGGGAGCUCCCU	GCGGAGCUUUCUUCGGACAAG
Gma-miRN1274	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UUUUUAUACACUGUUGAUGGCU	AAGGGUAAACAGGGUGUAAAGA
Gma-miRN1359a	BvHsp100-58	5.0	-1.0	AUAUCUGUGGAAUUGGUCCGAA	AAAUGGCCAAUUCCAAAGGUCU
<i>Oryza sativa</i>					
osa-miR2873c	BvHsp100-12	5.0	-1.0	CAAUGAAGUUGAGUUUGGAC	UGCCAACCUCAGCUUUCUUGG
osa-miR444a-3p.1	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUGCUGCCUCAAGCUUGCUGC	AAAGGUACCGUGAGGCAGCAG
osa-miR5083	BvHsp100-58	5.0	-1.0	AGACUACAAUUAUCUGAUCA	AGAUGAGAUGAUUGUGUUUA
osa-miR530-5p	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UGCAUUUGCACCUGCACCUA	AGGGUGAAGGUGUAGCUGCU
osa-miR5489	BvHsp100-58	5.0	-1.0	CAGGUGUUCUCGAUGGCUUCC	CUAGGCCAUUGAGAAGAGCUA
osa-miR5535	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UCUGCGUGAUUGAAGUCUGCAU	GGCCAGUCUUCAAGCACCUGGA
osa-miR810b.1	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UGAACACCGAUUUGCGUCAUC	GAGGAC-CGUUUGGUGUUUG
Osa-miR530	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UGCAUUUGCACCUGCACCUAC	GAGGGUGAAGGUGUAGCUGCU
<i>Populus trichocarpa</i>					
Ptr-miR319a	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUGGACUGAAGGGAGCUCCC	CGGAGCUUUCUUCGGACAAG
Ptr-miR474	BvHsp100-12	5.0	-1.0	AAAAGUUGUUGGGUUUGGCUG	UGGCCAA-UCCAUUGACUUUU
Ptr-miR530a	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UGCAUUUGCACCUGCACCUUA	GAGGGUGAAGGUGUAGCUGCU
Ptr-miR6457	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUAGUUUGGCAGCCUCUUCUC	CAGGAGAGCCUGCAAAGUUGA
Ptr-miR827	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUAGAUGACCAUCAACGAAAA	CAUUCGU-GAUGGUCGUAUGG
ptc-miR319a	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUGGACUGAAGGGAGCUCCC	CGGAGCUUUCUUCGGACAAG
ptc-miR530a	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UGCAUUUGCACCUGCACCUU	AGGGUGAAGGUGUAGCUGCU
ptc-miR6428	BvHsp100-58	5.0	-1.0	UCUGGCAACUCAUAGACUCAU	AAAAGGCUGGUGAGUUGCGUGA
ptc-miR6457b	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUAGUUUGGCAGCCUCUUCUC	CAGGAGAGCCUGCAAAGUUGA
ptc-miR827	BvHsp100-12	5.0	-1.0	UUAGAUGACCAUCAACGAAAA	CAUUCGU-GAUGGUCGUAUGG

## EK 35 *BvHsp* Genlerinin Erime Eğri Grafikleri

