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

AYÇİÇEĞİ BİTKİSİNDE ISI ŞOKU PROTEİNİ VE ISI ŞOKU FAKTÖRÜ GENLERİNİN ÖZELLİKLERİNİN İNCELENMESİ

YUSUF CEYLAN

DOKTORA TEZİ

DOÇ. DR. YASEMİN ÇELİK ALTUNOĞLU

TEMMUZ - 2022
KASTAMONU

TEZ ONAYI

Yusuf CEYLAN tarafından hazırlanan "**Ayçiçeği Bitkisinde Isı Şoku Proteini ve Isı Şoku Faktörü Genlerinin Özelliklerinin İncelenmesi**" adlı tez çalışmasının savunma sınavı **04.07.2022** tarihinde yapılmış olup aşağıda verilen jüri tarafından oy birliği / oy çokluğu ile Kastamonu Üniversitesi Fen Bilimleri Enstitüsü **Genetik ve Biyomühendislik Ana Bilim Dalı Doktora Tezi** olarak kabul edilmiştir.

Danışman	Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU Kastamonu Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Asım KADIOĞLU Karadeniz Teknik Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU Kastamonu Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Doç. Dr. Barış BANİ Kastamonu Üniversitesi	.....
Jüri Üyesi	Doç. Dr. Dursun KISA Bartın Üniversitesi	.....

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

Enstitü Müdürü Prof. Dr. İzzet ŞENER .....

TAAHHÜTNAME

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

Yusuf CEYLAN

İmza

ÖZET

DOKTORA TEZİ

AYÇİÇEĞİ BİTKİSİNDE ISI ŞOKU PROTEİNİ VE ISI ŞOKU FAKTÖRÜ GENLERİNİN ÖZELLİKLERİNİN İNCELENMESİ

YUSUF CEYLAN

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

Isı şoku proteinleri (Hsp) canlıların gelişimini ve canlılığını sürdürebilmesi için hayati öneme sahip protein ailesidir. Yüksek sıcaklık, tuzluluk, kuraklık gibi abiyotik stres koşulları karşısında bu proteinlerin ekspresyon seviyeleri artmaktadır. Bu çalışmada ayçiçeği bitkisindeki ısı şoku proteinleri (Hsp) ve ısı şoku faktötleri (HSF) gen aileleri biyoinformatik analizler ile belirlenmiş ve incelenmiştir. Ayrıca belirlenen bu genlerin, ayçiçeği çeşitlerinde yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşulları altında gen ifade analizleri yapılmıştır. Ayçiçeği genomunda *HSF* ailesine ait 88 gen, *sHsp* gen ailesine ait 72 gen, *Hsp40* ailesine ait 192 gen, *Hsp60* ailesine ait 52 gen, *Hsp70* ailesine ait 85 gen, *Hsp90* ailesine ait 49 gen ve *Hsp100* ailesine ait 148 gen tespit ve analiz edilmiştir. Proteinlere ait motif yapılarının aynı filogenetik ağaçta yer alan proteinler için benzer olduğu belirlenmiştir. Proteinlere ait üç boyutlu yapı tahminlemesinde HansHsp hariç, tamamında α-sarmal yapının baskın olduğu gözlenmiştir. Gen ontoloji analizinde *Hsp* genlerinin çoğunlukla bağlanma moleküler fonksiyonuna sahip olduğu; hücresel ve metabolik süreçlerde görev aldığı ve hücrenin sitozol ve organeller olmak üzere birçok bölgesinde yer aldığı saptanmıştır. Yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında 0.; 0,5.; 1. ve 2. saatlerde toplanan yaprak örneklerinin gen ifade seviyelerine gerçek zamanlı PZR ile bakılmıştır. Stres koşullarında genellikle ilk yarım ve birinci saatlerde gen ifadelerinde artış görülmüştür. *HanHSF-45* ve *HanHsp70-29* genleri ifadelerinin, hem yüksek sıcaklık hem de yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında çalışılan her iki ayçiçeği çeşidinde de artış gösterdiği ve bu streslere karşı potansiyel markör genler olabileceği düşünülmektedir. Çalışmamız, hayati bir öneme sahip olan ısı şoku faktörü ve ısı şoku proteinlerinin yapısının, organizasyonunun, evriminin ve gen ifade analizlerinin anlaşılması açısından önem arz etmektedir. Ayrıca gelecekte yaşanması muhtemel tarım ürünleri ile ilgili problemlere karşı yeni bakış açıları kazandıracaktır.

ANAHTAR KELİMELER: *Helianthus annuus* L., Hsp (Isı şoku proteini), HSF (Isı şoku faktörü), Genom çapında tarama, Biyoinformatik analiz, Gen ekspresyonu

Temmuz 2022, 469 Sayfa

ABSTRACT

PH.D THESIS

INVESTIGATION OF THE PROPERTIES OF HEAT SHOCK PROTEINS AND HEAT SHOCK FACTOR GENES IN SUNFLOWER

YUSUF CEYLAN

KASTAMONU UNIVERSITY INSTITUTE OF SCIENCE
DEPARTMENT OF GENETICS AND BIOENGINEERING
SUPERVISOR:ASSOC. PROFESSOR YASEMİN ÇELİK ALTUNOĞLU

Heat shock proteins (Hsp) are a family of proteins that are vital for the development and survival of all living organisms. Expression levels of these vital proteins, which are also expressed under normal terms, rise under abiotic stress conditions such as high temperature, salinity, and drought. In the current study, the *HSF* and *Hsp* gene families in the sunflower (*Helianthus annuus* L.) plant were defined and analyzed using bioinformatics methods. In addition, gene expression analyzes of these determined genes were done under high temperature, drought and heat-drought (combined) stress conditions in two sunflower cultivars. *HSF, sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90* and *Hsp100* gene families were analyzed in the sunflower genome, and 88, 72, 192, 52, 85, 49 and 148 genes were identified, respectively. It was determined that the motif structures of the protein domains were similar to the proteins in the same phylogenetic tree. It was found that the α-helical structure was dominant in all of the protein families, except for sHsp. According to the gene ontology analysis, it has been identified that the molecular function of *Hsp* genes is mostly binding activity, their biological functions are playing role in cellular and metabolic processes, and their cellular positions are mainly in cytosol, organelles, and many parts of the cell. Gene expression levels of sunflower leaf samples which were collected at 0.; 0.5.; 1. and 2. hours of high temperature, drought, and high heat-drought combined stress conditions were analyzed by Real-Time PCR. In stress conditions, an increase in gene expression levels was detected for almost all genes, generally in the first half and first hours. The expression of *HanHSF-45* and *HanHsp70-29* genes increased for two sunflower cultivars under both high temperature and high temperature-drought combined stress conditions and may be potential marker genes against these stresses. This study is crucial as regards understanding the structure, organization, evolution and gene expression analysis of heat shock factors and proteins. Also, this thesis will present new perspectives on food-related problems that are likely to be experienced in the future.

KEYWORDS: *Helianthus annuus* L., Hsp (Heat shock protein), HSF (Heat shock factor), Genome-wide identification, Bioinformatics analysis, Gene expression

July 2022, 469 Page

TEŞEKKÜR

Doktora tez çalışmalarım süresince, bilgi ve deneyimleri ile bana yol gösteren, önerileri ile beni yönlendiren, manevi olarak desteğini hiç esirgemeyen başta Danışmanım Doç. Dr. Yasemin ÇELİK ALTUNOĞLU'na, deneylerimin tüm aşamalarında bana yardımcı olan Prof. Dr. Mehmet Cengiz BALOĞLU'na sonsuz teşekkürlerimi ve şükranlarımı sunarım.

Tez çalışmalarım sırasında bana her zaman desteğini ve yardımlarını sunan Arş. Gör. Mustafa ÖÇAL'a, Arş. Gör. Dr. Ferhat ULU'ya, Erdoğan HORUZ'a ve laboratuvardaki diğer tüm arkadaşlarıma teşekkür ederim.

Eğitimim boyunca her zaman yanımda olup bana her türlü desteği veren canım ailem olan anneme, babama ve kardeşlerime teşekkürlerimi sunarım.

Hayatımı birleştirdiğim günden bu yana, her anı özelleştiren ve güzelleştiren, her zaman bilgisi, eleştirileri, yardımı ve sevgisiyle yanımda olan iş arkadaşım, tez arkadaşım, yol arkadaşım, hayat arkadaşım, sevgili eşim Kevser Betül CEYLAN'a en içten duygularımla sonsuz teşekkür ederim. Ve ailemize, hayatımıza enerji katan, en güzel ve en özel kıymetliler, evlatlarım, Bulut ve İpek Aden CEYLAN'a sevgilerimi sunarım.

Yusuf CEYLAN

Kastamonu, 2022

İÇİNDEKİLER

Sayfa

TEZ ONAYI ... **ii**
TAAHHÜTNAME ... **iii**
ÖZET ... **iv**
ABSTRACT ... **v**
TEŞEKKÜR ... **vi**
İÇİNDEKİLER ... **vii**
ŞEKİLLER DİZİNİ ... **xiv**
TABLOLAR DİZİNİ ... **xvii**
SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ ... **xviii**
1. GİRİŞ ... **1**
2. GENEL BİLGİLER ... **4**
2.1 Ayçiçeği (*Helianthus annuus* L.) ... 4
2.2 Ayçiçeğinin Yetişme Koşulları ... 5
2.3 Ayçiçeğinin Tarihçesi ... 6
2.4 Dünyada Ayçiçeği ve Ekonomisi ... 7
2.5 Türkiye'de Ayçiçeği ve Ekonomisi ... 8
2.6 Ayçiçeğinin Gelişim ve Verimini Etkileyen Stres Faktörleri ... 10
2.7 Bitkilerde Stres Kavramı ... 10
2.7.1 Kuraklık Stresi ... 12
2.7.2 Yüksek Sıcaklık Stresi ... 13
2.7.3 Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stresi ... 15
2.8 Bitkilerde Stres Koşullarında Gen İfadesinin Düzenlenmesi ... 15
2.9 Gen İfadesinin Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler ... 16
2.9.1 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) ... 17
2.9.2 Gerçek Zamanlı (Kantitatif) PZR (Real-Time PCR) ... 17
2.10 Isı Şoku Faktörleri (HSF) ve Proteinleri (Hsp) ... 19
2.10.1 Isı Şoku Faktörleri (HSF) ... 21
2.10.2 Küçük Isı Şoku Proteinleri (sHsp) ... 24
2.10.3 Isı Şoku Proteinleri 40 (Hsp40) ... 26
2.10.4 Isı Şoku Proteini 60 (Hsp60) ... 27
2.10.5 Isı Şoku Proteini (Hsp70) ... 29
2.10.6 Isı Şoku Proteini (Hsp90) ... 30
2.10.7 Isı Şoku Proteini 100 (Hsp100) ... 31
3. LİTERATÜR ÖZETİ ... **34**
4. MATERYAL ve YÖNTEM ... **41**
4.1 HSF ve Hsp Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri ... 41
4.1.1 Ayçiçeği Genomunda *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Belirlenmesi ... 41
4.1.2 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ... 42
4.1.3 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Gen Yapısının Tahmini ... 42
4.1.4 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Fonsksiyonel Dizi Hizalamaları ve Filogenetik Analizler ... 42
4.1.5 Evrimsel Süreç Boyunca Korunmuş Motiflerin Belirlenmesi ... 42
4.1.6 Gen Ontoloji Analizleri ... 43

4.1.7 HSF ve Hsp Proteinlerinin Üç Boyutlu (3D) Homoloji Modellemeleri43
4.1.8 Protein-protein Etkileşimleri 43
4.1.9 *HSF* ve *Hsp* Genlerini Hedefleyen miRNA'ların *in-silico* Belirlenmesi 43
4.1.10 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Ortolog İlişkilerinin Belirlenmesi 44
4.1.11 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 44
4.1.12 Tandem ve Segmental Duplikasyonlarının Hesaplanması 44
4.2 Transkriptom ve Gen İfadesi Analizleri 45
4.2.1 Çalışmalarda Kullanılan Sarf Malzemeler 45
4.2.2 Çalışmada Kullanılan Cihazlar 46
4.2.3 Transkripton Verileri Kullanılarak Ayçiçeği *HSF* ve *Hsp* Genlerinin İfade Profillerinin Çıkarılması 47
4.2.4 Ayçiçeği Bitkisinin Yetiştirilmesi 49
4.2.5 Stres Uygulamaları 50
4.3 Moleküler Genetik Analizleri 51
4.3.1 Ayçiçeği Örneklerinden RNA İzolasyonu ve DNaz Uygulaması 51
4.3.2 Komplementer DNA (cDNA) Sentezi 53
4.3.3 Primer Tasarımı 53
4.3.4 Primerlerin Bağlanma Sıcaklığının Belirlenmesi–Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR) 55
4.3.5 Agaroz Jel Elektroforezi 55
4.3.6 Ayçiçeği *HSF-Hsp* Genlerinin İfadelerinin Gerçek Zamanlı-PZR ile Belirlenmesi 56
4.3.7 Sonuçların İstatistiksel Analizleri 58
5. BULGULAR 59
5.1 Ayçiçeği Genomunda *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri . 59
5.2 Ayçiçeği Genomunda *HSF* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu 61
5.2.1*HSF* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu 61
5.2.2 HanHSF Ailesinin Filogenetik Analizleri 65
5.2.3 HanHSF Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi 65
5.2.4 *HanHSF* Genlerinin Ontoloji Analizleri 66
5.2.5 HanHSF Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri 67
5.2.6 HanHSF Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri 68
5.2.7 HanHSF Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi .. 69
5.2.8 *HanHSF* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 70
5.2.9 *HanHSF* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması 71
5.3 Ayçiçeği Genomunda *sHsp* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu 71
5.3.1*sHsp* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu 72
5.3.2 HansHsp Ailesinin Filogenetik Analizleri 75
5.3.3 HansHsp Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi 76
5.3.4 *HansHsp* Genlerinin Ontoloji Analizleri 76
5.3.5 HansHsp Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri 77
5.3.6 HansHsp Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri 79

5.3.7 HansHsp Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi.. 79
5.3.8 *HansHsp* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 80
5.3.9 *HansHsp* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması 81
5.4 Ayçiçeği Genomunda *Hsp40* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu 81
5.4.1 *Hsp40* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu 82
5.4.2 HanHsp40 Ailesinin Filogenetik Analizleri 85
5.4.3 HanHsp40 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi..... 86
5.4.4 *HanHsp40* Genlerinin Ontoloji Analizleri..... 86
5.4.5 HanHsp40 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri..... 87
5.4.6 HanHsp40 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri..... 88
5.4.7 HanHsp40 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi 89
5.4.8 *HanHsp40* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 90
5.4.9 *HanHsp40* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması.... 91
5.5 Ayçiçeği Genomunda *Hsp60* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu 91
5.5.1 *Hsp60* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi 92
5.5.2 HanHsp60 Ailesinin Filogenetik Analizleri 95
5.5.3 HanHsp60 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi..... 96
5.5.4 *HanHsp60* Genlerinin Ontoloji Analizleri..... 96
5.5.5 HanHsp60 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri..... 97
5.5.6 HanHsp60 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri..... 98
5.5.7 HanHsp60 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi 99
5.5.8 *HanHsp60* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 100
5.5.9 *HanHsp60* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması.. 101
5.6 Ayçiçeği Genomunda *Hsp70* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu 101
5.6.1 *Hsp70* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu 102
5.6.2 HanHsp70 Ailesinin Filogenetik Analizleri 105
5.6.3 HanHsp70 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi..... 106
5.6.4 *HanHsp70* Genlerinin Ontoloji Analizleri..... 106
5.6.5 HanHsp70 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri..... 107
5.6.6 HanHsp70 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri..... 108
5.6.7 HanHsp70 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi 109
5.6.8 *HanHsp70* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 110
5.6.9 *HanHsp70* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması.. 111
5.7 Ayçiçeği Genomunda *Hsp90* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu 111
5.7.1 *Hsp90* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu 112
5.7.2 HanHsp90 Ailesinin Filogenetik Analizleri 114

5.7.3 HanHsp90 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi..... 115
5.7.4 *HanHsp90* Genlerinin Ontoloji Analizleri..... 117
5.7.5 HanHsp90 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri..... 117
5.7.6 HanHsp90 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri..... 118
5.7.7 HanHsp90 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi 119
5.7.8 *HanHsp90* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 120
5.7.9 *HanHsp90* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması.. 121
5.8 Ayçiçeği Genomunda *Hsp100* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu 121
5.8.1 *Hsp100* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu 122
5.8.2 HanHsp100 Ailesinin Filogenetik Analizleri 125
5.8.3 HanHsp100 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi..... 126
5.8.4 *HanHsp100* Genlerinin Ontoloji Analizleri..... 126
5.8.5 HanHsp100 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri..... 127
5.8.6 HanHsp100 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri..... 128
5.8.7 HanHsp100 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi 129
5.8.8 *HanHsp100* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi 130
5.8.9 *HanHsp100* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması 131
5.9 Ayçiçeği *HSF* ve *Hsp* Genleri İçin Transkriptom Analizleri 131
5.10 Moleküler Genetik Analizleri..... 137
5.11 HanHSF Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 140
5.12 HansHsp Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 142
5.13 HanHsp40 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 144
5.14 HanHsp60 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 146
5.15 HanHsp70 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 147
5.16 HanHsp90 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 149
5.17 HanHsp100 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi..... 150
6. SONUÇ VE TARTIŞMA..... 152
6.1 *HSF* ve *Hsp* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri 152
6.1.1 *HSF* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri..... 152

6.1.2 *sHsp* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri 157
6.1.3 *Hsp40* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri..... 162
6.1.4 *Hsp60* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri..... 165
6.1.5 *Hsp70* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri..... 169
6.1.6 *Hsp90* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri..... 174
6.1.7 *Hsp100* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri..... 178
6.2 HanHSF ve HanHsp Ailelerine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi 182
7. SONUÇ VE ÖNERİLER 191
KAYNAKLAR 193
EKLER 222
EK 1 Ayçiçeği HSF Protein Katalogu 223
EK 2 Ayçiçeği HSF Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları..... 227
EK 3 Ayçiçeği HSF Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu 245
EK 4 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 254
EK 5 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 255
EK 6 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 256
EK 7 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 258
EK 8 Ayçiçeği HSF Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 259
EK 9 Ayçiçeği sHsp Protein Katalogu 260
EK 10 Ayçiçeği sHsp Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 264
EK 11 Ayçiçeği sHsp Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu 272
EK 12 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 274
EK 13 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 275
EK 14 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 276
EK 15 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 277
EK 16 Ayçiçeği *sHsp* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 279
EK 17 Ayçiçeği *sHsp* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları..... 280
EK 18 Ayçiçeği Hsp40 Protein Katalogu..... 281
EK 19 Ayçiçeği Hsp40 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 289
EK 20 Ayçiçeği Hsp40 Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu..... 309
EK 21 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 318
EK 22 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 319
EK 23 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 320

EK 24 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 321
EK 25 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 322
EK 26 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 323
EK 27 Ayçiçeği Hsp60 Protein Katalogu 325
EK 28 Ayçiçeği Hsp60 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 328
EK 29 Ayçiçeği Hsp60 Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu 336
EK 30 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 340
EK 31 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 342
EK 32 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 344
EK 33 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 347
EK 34 Ayçiçeği Hsp60 Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 349
EK 35 Ayçiçeği Hsp60 Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 350
EK 36 Ayçiçeği Hsp70 Protein Kataloğu 351
EK 37 Ayçiçeği Hsp70 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 355
EK 38 Ayçiçeği Hsp70 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu 371
EK 39 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 376
EK 40 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 379
EK 41 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 382
EK 42 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 385
EK 43 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 387
EK 44 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 388
EK 45 Ayçiçeği Hsp90 Protein Katalogu 390
EK 46 Ayçiçeği Hsp90 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 393
EK 47 Ayçiçeği Hsp90 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu 402
EK 48 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 406
EK 49 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 407
EK 50 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 408
EK 51 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 409
EK 52 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 410

EK 53 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 411
EK 54 Ayçiçeği Hsp100 Protein Katalogu 412
EK 55 Ayçiçeği Hsp100 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları 418
EK 56 Ayçiçeği Genomunda Yer Alan HSF ve Hsp Ailelerinin Filogenetik Analizi 443
EK 57 Ayçiçeği Genomunda Yer Alan HSF ve Hsp Protienlerinin Etkileşim Haritası 444
EK 58 Ayçiçeği Hsp100 Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu 445
EK 59 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 455
EK 60 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 457
EK 61 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 459
EK 62 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları 461
EK 63 Ayçiçeği Hsp100 Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 463
EK 64 Ayçiçeği Hsp100 Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları 464
EK 66 qPZR Çalışmalarında Kullanılan Genlere Ait Erime Eğrileri 466
ÖZGEÇMİŞ 467

ŞEKİLLER DİZİNİ

Sayfa

Şekil 2. 1 Ayçiçeği ve yüksek üretim yapılan bir ayçiçek tarlası 5
Şekil 2. 2 Ayçiçeği tarımının dünyada göstermiş olduğu yayılımı 8
Şekil 2. 3 Türkiye'de yapılan ayçiçeği üretim haritası 9
Şekil 2. 4 Dünya yer altı su kaynakları 12
Şekil 2. 5 Polimeraz zincir reaksiyonu ve reaksiyon basamakları 17
Şekil 2. 6 SYBR Green ile gerçek zamanlı PZR reaksiyonu ve reaksiyon sonucu oluşan döngü grafiği 18
Şekil 2. 7 İnsan genomunda kodlanan *HSF* genlerinin organizasyonu ve HSF proteinlerinin üç boyutlu yapıları 23
Şekil 2. 8 (a) sHsp proteininin organizasyonu, (b) N-ucu mavi, α-kristal yapı kırmızı ve C-ucu yeşil, (c) sHsp kristal yapısı 25
Şekil 2. 9 Hsp40/DnaJ proteinlerinin yapısal olarak sınıflandırılması 26
Şekil 2. 10 Hsp60 proteinin yapısı, GroEL X-ray kristal yapısı 28
Şekil 2. 11 Hsp70 proteinin diğer Hsp proteinleri ile oluşturduğu Hsp70 sistemi 29
Şekil 2. 12 Hsp90 proteinin N-,C- ve merkezi domainleri ve üç boyutlu yapısı 31
Şekil 2. 13 (a) Hsp100 proteinin organizasyon modeli, (b-d) Hsp100 proteininin farklı açılardan iki boyutlu yapısı (e) Hsp100 porteininin disagregaz faaliyeti 33
Şekil 5.1 *HanHsp-HanHSF* genlerinin kromozomlar üzerine dağılım grafiği……...59
Şekil 5.2 *HanHsp-HanHSF* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları 60
Şekil 5.3 *HanHSF* genlerinin kromozomlar üzerine dağılım grafiği 62
Şekil 5.4 *HanHSF* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları 62
Şekil 5.5 *HanHSF* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 64
Şekil 5.6 HanHSF ailesinin maksimum benzerlik methodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması 65
Şekil 5.7 HanHSF ailesine ait korunmuş dizi motifleri 66
Şekil 5.8 *HanHSF* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları 67
Şekil 5.9 HanHSF proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 68
Şekil 5.10 HanHSF proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası 69
Şekil 5.11 HanHSF transkriptlerini hedef alan miRNA'lar 70
Şekil 5.12 *HanHSF* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi 71
Şekil 5.13 *HansHsp* genlerinin kromozomal dağılım grafiği 72
Şekil 5.14 *HansHsp* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları 73
Şekil 5.15 *HansHsp* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 74
Şekil 5.16 HansHsp ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması 75
Şekil 5.17 HansHsp ailesine ait korunmuş dizi motifleri 76
Şekil 5.18 *HansHsp* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları 77
Şekil 5.19 HansHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 78
Şekil 5.20 HansHsp proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası 79
Şekil 5.21 *HansHsp* genlerini hedef alan miRNA'lar 80
Şekil 5.22 *HansHsp* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi 81
Şekil 5.23 *HanHsp40* genlerinin kromozomal dağılım grafiği 83
Şekil 5.24 *HanHsp40* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları 83

Şekil 5.25 *HanHsp40* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 84
Şekil 5.26 HanHsp40 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması 85
Şekil 5.27 HanHsp40 ailesine ait korunmuş dizi motifleri 86
Şekil 5.28 *HanHsp40* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları..... 87
Şekil 5.29 HanHsp40 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 88
Şekil 5.30 HanHsp40 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası 89
Şekil 5.31 *HanHsp40* genlerini hedef alan miRNA'lar..... 90
Şekil 5.32 *HanHsp40* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi 90
Şekil 5.33 *HanHsp60* genlerinin kromozomal dağılım grafiği..... 92
Şekil 5.34 *HanHsp60* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları..... 93
Şekil 5.35 *HanHsp60* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 94
Şekil 5.36 HanHsp60 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması 95
Şekil 5.37 HanHsp60 ailesine ait korunmuş dizi motifleri 96
Şekil 5.38 *HanHsp60* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları..... 97
Şekil 5.39 HanHsp60 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 98
Şekil 5.40 HanHsp60 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası 99
Şekil 5.41. *HanHsp60* genlerini hedef alan miRNA'lar..... 100
Şekil 5.42 *HanHsp60* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi 101
Şekil 5.43 *HanHsp70* genlerinin kromozomal dağılım grafiği..... 103
Şekil 5.44 *HanHsp70* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları..... 103
Şekil 5.45 *HanHsp70* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 104
Şekil 5.46 HanHsp70 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması 105
Şekil 5.47 HanHsp70 ailesine ait korunmuş dizi motifleri 106
Şekil 5.48 *HanHsp70* genlerine ait ontoloji analizi sonuçlar..... 107
Şekil 5.49 HanHsp70 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 108
Şekil 5.50 HanHsp70 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası 109
Şekil 5.51 *HanHsp70* genlerini hedef alan miRNA'lar..... 110
Şekil 5.52 *HanHsp70* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi 111
Şekil 5.53 *HanHsp90* genlerinin kromozomal dağılım grafiği..... 113
Şekil 5.54 *HanHsp90* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları..... 113
Şekil 5.55 *HanHsp90* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 114
Şekil 5.56 HanHsp90 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması 115
Şekil 5.57 HanHsp90 ailesine ait korunmuş dizi motifleri 116
Şekil 5.58 *HanHsp90* genlerine ait ontoloji analizi sonuçlar..... 117
Şekil 5.59 HanHsp90 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 118
Şekil 5.60 HanHsp90 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası 119
Şekil 5.61 *HanHsp90* genlerini hedef alan miRNA'lar..... 120
Şekil 5.62 *HanHsp90* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi 121
Şekil 5.63 *HanHsp100* genlerinin kromozomal dağılım grafiği..... 123
Şekil 5.64 *HanHsp100* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları..... 123
Şekil 5.65 *HanHsp100* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu 124
Şekil 5.66 HanHsp100 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması 125
Şekil 5.67 HanHsp100 ailesine ait korunmuş dizi motifleri 126
Şekil 5.68 *HanHsp100* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları..... 127

Şekil 5.69 HanHsp100 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları 128
Şekil 5.70 HanHsp100 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası 129
Şekil 5.71 *HanHsp100* genlerini hedef alan miRNA'lar 130
Şekil 5.72 *HanHsp100* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi 131
Şekil 5.73 *HanHSF* genlerine ait ısı haritaları 133
Şekil 5.74 *HansHsp* genlerine ait ısı haritaları 134
Şekil 5.75 *HanHsp40* genlerine ait ısı haritaları 134
Şekil 5.76 *HanHsp60* genlerine ait ısı haritaları 135
Şekil 5.77 *HanHsp70* genlerine ait ısı haritaları 136
Şekil 5.78 *HanHsp90* genlerine ait ısı haritaları 136
Şekil 5.79 *HanHsp100* genlerine ait ısı haritaları 137
Şekil 5.80 Ekimi yapılan ayçiçeği tohumları, gelişimleri ve stres uygulanmış görüntüleri 138
Şekil 5.81 DNaz muamelesi sonrası RNA örnekleri 139
Şekil 5.82 *HanHSF-45* ve *HanHSF-59* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi- yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri 141
Şekil 5.83 *HansHsp-18* ve *HansHsp-58* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri 143
Şekil 5.84 *HanHsp40-147* ve *HanHsp40-186* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri 145
Şekil 5.85 *HanHsp60-22* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri 146
Şekil 5.86 *HanHsp70-08* ve *HanHsp70-29* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri 148
Şekil 5.87 *HanHsp90-33* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri 149
Şekil 5.88 *HanHsp100-93* ve *HanHsp100-130* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri 151

TABLOLAR DİZİNİ

Sayfa

Tablo 2. 1 Ayçiçeği bitkisinin taksonomik olarak sınıflandırılması 4
Tablo 2. 2 Son beş yılda tüm dünyada yapılan ayçiçeği üretimi, tüketimi ve ekimi yapılan alan bilgileri 8
Tablo 2. 3 2016-2020 yılları arasında Türkiye'de ekilen ayçiçeği ve üretimi 9
Tablo 2. 4 Hsp proteinlerinin sınıflandırılması ve bazı özellikleri 20
Tablo 4.1 *H. annuus* transkriptom analizi için kullanılan okumalar ve açık veri okuma numaraları 49
Tablo 4.2 RNA örneklerine uygulanan DNaz reaksiyonu ve bileşenleri 53
Tablo 4.3 cDNA sentezi aşamaları ve reaksiyon bileşenleri 53
Tablo 4.4 Çalışmada kullanılan primerler ve özellikleri 54
Tablo 4.5 Polimeraz Zincir Reaksiyonu Bileşenleri 55
Tablo 4.6 PZR Koşulları 55
Tablo 4.7 Tris-asetik asit-EDTA (TAE) tamponunun bileşenleri (1X) 56
Tablo 4.8 qPZR reaksiyonu bileşenleri 57
Tablo 4.9 Ayçiçeği *HSF-Hsp* genlerinin ifade profillerinin incelendiği qPZR koşulları 57
Tablo 5.1 Ayçiçeği örneklerinden elde edilen bazı total RNA'ların saflık ve konsantrasyon değerleri 139

SİMGELER VE KISALTMALAR DİZİNİ

Simgeler

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

Kısaltmalar

aa	: Amino asit
AB	: Avrupa Birliği
ABA	: Absisik asit
ABD	: Amerika Birleşik Devletleri
ADP	: Adenozin difosfat
ATP	: Adenozin trifosfat
B	: Bor
Tm	: Bağlanma sıcaklığı
BiP	: Bağlayıcı protein
Ca	: Kalsiyum
cDNA	: Komplementer DNA
CFC_5	: Kloroflorokarbon gazı
CH_4	: Metan
Cl	: Klor
cm	: Santimetre
CO_2	: Karbondioksit
Cu	: Bakır
Da	: Dalton
da	: Dekar
dATP	: Deoksiadenozin trifosfat
dCTP	: Deoksisitidin trifosfat
DEPC	: Dietil pirokarbonat
dGTP	: Deoksiguanozin trifosfat
dk	: Dakika
DBD	: DNA bağlanma alanı
DNA	: Deoksiribonükleik asit
dTTP	: Deoksitimidin trifosfat
EDTA	: Etilen diamin tetra asetik asit
ER	: Endoplazmik retikulum

FAD	: Yağ asidi desaturaz
Fe	: Demir
GRF	: Büyüme düzenleyici faktör (Growth regulation factor)
H_2O	: Su
ha	: Hektar
HPD	: Histidin-prolin-aspartik domaini
HSE	: Isı şoku elementi
HSF	: Isı şoku faktörü (Heat shock factor)
Hsp	: Isı şoku proteini (Heat shock protein)
IPCC	: Hükümetlerarası İklim Değişikliği Paneli (Intergovernmental Panel on Climate Change)
iTOL	: Interactive tree of life
K	: Potasyum
Ka	: Homolog olmayan
kDA	: Kilo dalton
Ks	: Homolog
L	: Litre
LEA	:Geç embriyogenez proteinleri (Late embryogenesis abundant proteins)
mM	: Milimolar
M.Ö.	: Milattan önce
Mg	: Magnezyum
$MgCl_2$	: Magnezyum klorür
miRNA	: MikroRNA
MYB	: Miyeloblastomatoz
mm	: Milimetre
mM	: Milimolar
mmol	: Mili molarite
Mn	: Mangan
Mo	: Molibden
mRNA	: Mesajcı RNA
N	: Azot
N_2O	: Azot protoksik
NADPH	: Nikotinamid adenin dinükleotit fosfat
NCBI	: National Center For Biotechnology Information
NES	: Nükleer dış salım sinyali (Nuclear export signal)
NLS	: Nükleer lokalizasyon sinyali (Nuclear localization signal)
O_3	: Ozon
OD	: Oligomerizasyon domaini
P	: Fosfat
PRR	: Patern tanıma proteinleri
PDB	: Protein Data Bank
PEG	: Polietilen glikol
pH	: Potansiyel hidrojen
PPD	: Polipeptit bağlanma alanları
PZR	: Polimeraz zincir reaksiyonu
RLK	: Reseptör benzeri kinazlar
RLP	: Reseptör benzeri proteinler
ROS	: Reaktif oksijen türleri
RPKM	: Kilobaz milyon başına okuma (Reads Per Kilobase Million)

rpm	: Dakika başı döngü (Revolutions per minute)
S	: Kükürt
sdH_2O	: Steril distile su
sn	: Saniye
SRA	: Dizi okuma arşivi (Sequence Read Archive)
SDF2	: Stroma kaynaklı faktör 2
Taq	: *Thermus aquaticus*
TAE	: Tris asetik asit EDTA
UV	: Ultraviyole
VQ	: Valin-glutamin
Zn	: Çinko

1. GİRİŞ

İnsanların sağlıklı ve dengeli beslenmesinde bitkisel yağlar büyük bir öneme sahiptir. Yağlı tohumlu bitkilerden, soya fasulyesi, ayçiçeği, zeytin, mısır, kanola, pamuk tohumu, yerfıstığı, palmiye tohumu, aspir, fındık, keten tohumu, hint yağı, susam ve hindistan cevizi, yağı çıkarılarak gıda bileşeni olarak kullanılan bitkilerdir (Abiodun, 2017). Bu bitkilerin ya da tohumların yağı çıkarıldıktan sonra, küspesi hayvanların beslenmesi için de kullanılmaktadır. Artan dünya nüfusu ve bitkisel yağların biyodizel olarak kullanılması, bitkisel yağlara olan ihtiyacı arttırmaktadır (Anonim, 2018; Semerci, 2022; URL, 2022).

Dünyada yağlı tohumlu bitkilerin üretimi sıraya konulduğunda en çok üretimi yapılan bitkilerin soya fasulyesi, kanola, pamuk tohumu, yer fıstığı, ayçiçeği ve palm yağı olduğu görülmektedir (Abiodun, 2017; Anonim, 2018). Dünya üzerinde bitkisel yağların üretilmesi ve işlenmesindeki en büyük üreticilerin, soya fasulyesinde; Amerika Birleşik Devletleri (ABD), Brezilya, Çin ve Arjantin; palm yağında, Çin, Endonezya ve Malezya; kanola tohumunda Avrupa Birliği (AB) ve Kanada; ayçiçeği yağında ise Ukrayna, Rusya, AB, Arjantin ve Çin olduğu bilinmektedir (Anonim, 2018; Bozer, 2020; URL, 2022).

Ayçiçeğinden elde edilen yağın büyük bir kısmı besin maddesi olarak kullanılırken, insan tarafından tüketilemeyen ayçiçeğinden ise biyodizel üretiminde yararlanılmaktadır (Özgün, 2011). Yağı çıkarılan bitkinin posası, hayvan yemi, etil alkol üretimi ve boya malzemesi olarak da kullanılmaktadır (Afshar, 2019; Çevik, 2013). Yağ bitkisi olarak kullanımının yanında çerez olarak da ayçiçeğinin tarımı yapılmaktadır. İçerdiği yüksek yağ miktarının yanında A, D, E ve K vitaminlerini de ihtiva etmesi ve yüksek miktarda oleik asit içermesinden dolayı kızartma yağı olarak da kullanılması ayçiçek tarımına olan talebi arttırmaktadır (Gürkan, 2019; Özgün, 2011).

Ülkemizde yağlı tohumlar arasında en fazla tarımı yapılan ürün olan ayçiçeği, ülke bitkisel yağ ihtiyacının %50'sini karşılamaktadır. Trakya Bölgesi, ayçiçeği yağı

ihtiyacının %45,89 ile yaklaşık yarısını sağlamaktadır. Ülkemiz dünya ayçiçeği üretiminin ise %3,75'ini karşılamaktadır (Anonim, 2018; Bozer, 2020; URL, 2022).

Dünya nüfusunda meydana gelen ivmeli artış, doğal kaynakların azalmasına neden olmaktadır. Hızlı nüfus artışı, kentleşme ve sanayi alanlarının artması ile suya olan ihtiyaç giderek artmaktadır. Bu nedenle gelecek yıllarda suya ulaşmakta yaşanabilecek problemler, ekonomik yönden önemi olan tarım ürünlerinin yetiştirilmesinde bazı değişikliklere sebebiyet verecektir (Aydın, Ünaldı, Duman, Çiçek ve Türkoğlu, 2017; Kapluhan, 2013).

Kontrolsüz sanayi, taşıt sayısının artması gibi insan faaliyetlerinin sonucu olarak atmosfere salınımı artan CO_2, CH_4, N_2O, O_3, CFC_5 ve H_2O (su buharı) sera gazları küresel seviyede sıcaklıkların artması ile sonuçlanmaktadır. Sıcaklığın artması, su kaynaklarının azalmasına, iklim koşulları ve toprak kalitesinin değişmesine ve tarım ürünlerinin veriminin azalmasına neden olmaktadır (Bayrac ve Doğan, 2016).

Bitkiler kuraklık, sıcaklık, aşırı yağış ve aşırı tuzluluk gibi birçok abiyotik stres koşullarında bile yaşamlarını devam ettirebilecek fizyolojik ve metabolik değişiklikler ile zor koşullara adaptasyonlarını sağlayabilmektedirler (Korkmaz ve Durmaz, 2017; Qu, Ding, Jiang ve Zhu, 2013). Bitkilerin abiyotik stres koşullarına karşı göstermiş oldukları tepki ve değişimler ile ilgili birçok çalışma olmasına karşın, stres koşullarına karşı bitkilerin savunma mekanizmaları tam olarak anlaşılamamıştır (Örs ve Ekinci, 2015). Bitkiler karşılaştıkları olumsuz koşulların etkilerini azaltmak veya engellemek için koruyucu molekül/proteinlerin sentezi, reaktif oksijen türleri (ROS), iyon ve makro moleküllerin homeostazisinin sağlanması gibi moleküler mekanizmaları kullanmaktadırlar. Zor stres koşullarına karşı proteinlerin görevleri bitki savunma mekanizması için büyük önem arz etmektedir. Yüksek sıcaklık, kuraklık gibi değişen çevre koşullarına karşı proteinler, yeni fenotipin ortaya çıkmasını ve bitkinin adaptasyonunu sağlarlar (Korkmaz ve Durmaz, 2017; N. Z. Öztürk, 2015; Yildiz ve Terzioğlu, 2007). Isı şoku proteinleri (Heat shock proteins, Hsp) normal hücre koşullarında proteinlerin katlanmasını, birleşmesini, taşınmasını ve parçalanmasını kontrol ederken, stres koşullarında bitkinin yaşamsal faaliyetlerini devam ettirebilmesi amacı ile yanlış katlanan proteinlerin doğru katlanmasını sağlar, proteinlerin

kümeleşmesini engeller ve membranları stabilize eder (Qu vd., 2013; Rigg, Mccarty ve Aslan, 2018; Ul Haq vd., 2019).

2. GENEL BİLGİLER

2.1 Ayçiçeği (*Helianthus annuus* L.)

Ayçiçeği dünyada soya fasulyesi, kolza ve yer fıstığından sonra tarımı en çok yapılan yağlı tohumlu bitkilerdendir. Ayçiçeği bitkisinin Latince ismi *Helianthus annuus* L. olup Papatyagiller familyasının üyesidir. Türe ait taksonomik sınıflandırma Tablo 2.1'de verilmiştir.

Tablo 2. 1 Ayçiçeği bitkisinin taksonomik olarak sınıflandırılması

Alem	Plantae
Şube	Magnoliophyta
Sınıf	Magnoliopsida
Takım	Asterales
Aile	Asteraceae
Cins	*Helianthus*
Tür	*Helianthus annuus* L.

Helianthus kelimesi Yunanca, güneş anlamına gelen "helios" ve çiçek anlamına gelen "anthos" kelimelerinden meydana gelmektedir. *Helianthus* cinsinin temel olarak kromozom sayısı 17'dir ve diploidi, tetraploidi ve hekzaploidi durumlarına bağlı olarak kromozom sayıları değişmektedir (Surinder K. Gupta, Pratap, Gupta, Rajan ve Ganeshan, 2012; J. Hu, Seiler ve Kole, 2010). Ayçiçeği bitkisinin tek gövde ve iri başlı olması, bitkinin ayırt edilebilmesini kolaylaştırmaktadır. Kültüre edilen ayçiçeğinin boyları 150 ile 500 cm arasında değişiklik gösterirken, 50-100 cm genotiplerinde cüce, 100-150 cm genotiplerinde yarı cüce türleri de mevcuttur. Bazı yabani türlerinin 4-5 metreye kadar ulaştıkları da tespit edilmiştir (Debaeke vd., 2017; J. Hu vd., 2010; Nalçaiyi, 2018). Gövde kalınlığı bitkinin boyunun uzunluğuna göre 2-10 cm arasında değişiklik göstermektedir. Gövde dik ve bitki özü ile dolu olup, tüylü bir yapıya sahiptir. Kültüre edilen ayçiçeği az dallanır ya da dallanmaz iken yabani ya da süs bitkileri ise çok dallanma yapmaktadırlar (Çevik, 2013). Sarı, turuncu, kırmızı ve beyaz (Şekil 2.1) gibi farklı renklerde çiçeklere sahiptir (Uslu, 2020).



Şekil 2. 1 Ayçiçeği ve yüksek üretim yapılan bir ayçiçek tarlası (M. Öztürk, 2021)

Çiçekler kendine fertil olmadıkları için özellikle bal arısı ve diğer böceklere ihtiyaç duymaktadırlar (Nalçaiyi, 2018). Aken tipi çiçeklere sahip olan ayçiçeğinde çiçek başı 700 ile 8000 arasında değişen çiçeklerden meydana gelmektedir. Çiçek tablası genellikle 18-25 cm aralığında ve içbükeyden dış bükeye doğrudur. Bazı genotiplerde çiçek tablası 5-50 cm arasında değişmektedir. Ayçiçeği veriminin hesaplanmasında önemli bir parametre olan çiçek tablası çapı, çevresel faktörlerden önemli şekilde etkilenmektedir (J. Hu vd., 2010; Nalçaiyi, 2018). Kazık kök sistemine sahip olan ayçiçeğinin güçlü bir gövdesi vardır. Toprak üstü sisteme kıyasla ayçiçeğinin kök sisteminin gelişimi daha hızlı olmaktadır ve herhangi bir sınırlayıcı faktör ile karşılaşmadığı sürece üç metre derinlere kadar inebilmektedir. Ayçiçeği tohumları gri, beyaz, kurşuni ya da siyah renkte olmakla birlikte çizgili ya da alacalı renkli, selülozdan oluşan bir kabuk içerisinde bulunmaktadır (Nalçaiyi, 2018).

2.2 Ayçiçeğinin Yetişme Koşulları

Ayçiçeği ağır killi topraklardan kumlu topraklara kadar geniş bir yelpazede yetişme şartlarına sahip bir bitkidir. Toprak tipi yönünden seçici bir bitki değildir fakat toprağın iyi bir drenaja ve yüksek su tutma özelliğine sahip olması verimini arttırır. Derin ve yüksek su tutma kapasitesine sahip olan ayçiçeğinin gelişimi için iyi ve yeterli ışık alması gerekmektedir (Anonim, 2021; Özgün, 2011). N, P, K, Ca, Mg ve S olmak üzere makro elementlere, Fe, Mn, Zn, Cu, B, Cl ve Mo olmak üzere ise mikro elementlere ihtiyaç duymaktadır (Alberio, Izquierdo ve Aguirrezábal, 2015). pH aralığı 6.0 ile 7.2 arası olan topraklar ayçiçeği tarımı için uygundur. Tohum

çimlenmesi için 8-10°C sıcaklık gerekirken, bitkinin yetişmesi için 21-24°C sıcaklık gerekmektedir. Sıcağa ve soğuğa karşı direnci hem gelişme dönemine hem de kültüre edilen çeşitlere göre değişiklik göstermektedir. Kotiledon evresinde olan ayçiçeği fideleri -4°C sıcaklığı tolere edebilmektedirler. Ayçiçeği vejetatif dönemde serin, generatif dönemlerde ise güneşli havalara ihtiyaç duymaktadır (Alberio vd., 2015; Nalçaiyi, 2018; Özgün, 2011).

Ayçiçeği tarımı, yetiştirme döneminde 350-400 mm ya da yıllık 500-800 mm yağış alan bölgelerde sulamaya ihtiyaç olmadan yapılabilir (Başaran, 2016; Nalçaiyi, 2018). Uygun zamanlarda yeterli sulama yapılır ise bazı çeşitlerde %100'e yakın bir verim artışı görmek de mümkündür (Anonim, 2018, 2021). Kazık kök yapısına sahip olduğundan suya ulaşmada herhangi bir sorun yaşamayan ayçiçeğinin yeterince yağış almaması halinde ise verimi düşmektedir.

Işığa yönelme hareketlerine sahip bir bitki olmasından dolayı fotosentez için gerekli ışığı rahatlıkla alabilmektedirler. Bu özellikleri nedeniyle Anadolu'nun birçok bölgesinde "günebakan", "gündöndü" gibi isimlerle anılmaktadırlar (Başaran, 2016).

2.3 Ayçiçeğinin Tarihçesi

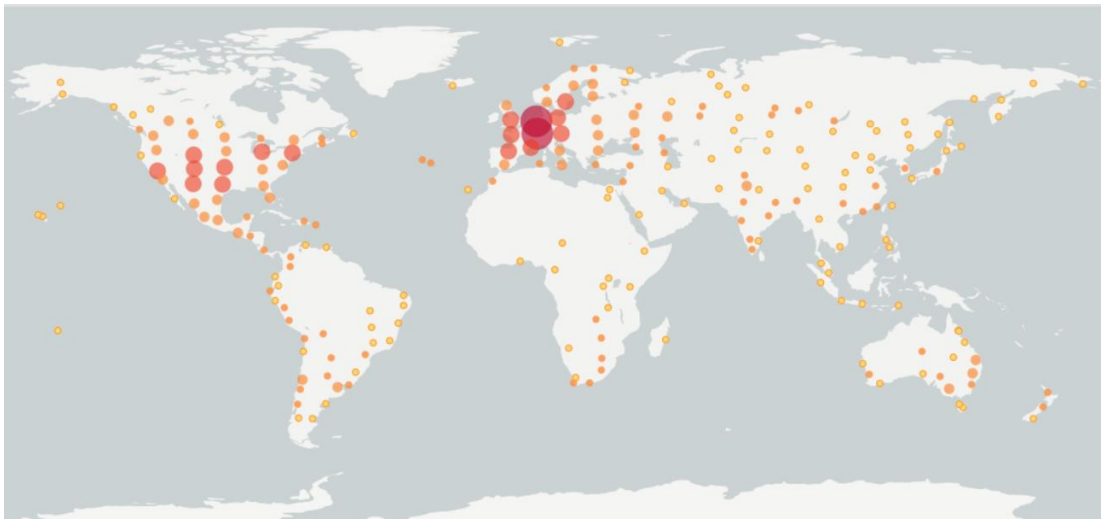
Ayçiçeğinin tarihi milattan önce (M.Ö.) 3000'li yıllara kadar dayanmakta olup, yapılan arkeolojik çalışmalarda Arizona ve New Mexico'da tarımının yapılmış olabileceği ortaya konulmuştur (Başaran, 2016; Heiser, 1955). Bu çalışmalarda Amerikan Kızılderililerin de ayçiçeğini kullanmış oldukları raporlanmıştır. Kızılderililer tarafından evcilleştirildiği düşünülen ayçiçeği Arkansas, Dakota, Ontario, Kanada ve Pensilvanya'da yayılım göstermiştir (Başaran, 2016). Tam olarak evcilleştirilen ayçiçeğine ait tohumlar Tennessee'de yapılan kazılar sonucu ortaya çıkarılmış ve o tohumların M.Ö. 2300'lü yıllara ait olduğu ortaya konulmuştur (Harter vd., 2004). Fakat o dönemlerde ayçiçeğinin yüksek yağ içeriği tam olarak bilinmediğinden, çiçeğin çeşitli kısımları gıda ve tıbbi amaçlar için kullanılmıştır. Coğrafi keşifler esnasında, 16. yüzyılda İspanyol kâşif Monardes tarafından Avrupa'ya getirilmiş fakat çiçeğinin güzel görünmesi nedeni ile süs bitkisi olarak kullanılmıştır. Ünlü botanikçi Rambert Dodoens, 1568 yılında Madrid Botanik

Bahçesi'nde yer alan bu bitkiyi raporlamıştır. 1700'lü yıllarda Rus Çarı I. Petro, bitkinin tohumlarını Rusya'ya götürmüştür. Rus Ortodoks Kilisesi'nin Paskalya kutlamalarında kullanılan yağların birçoğunu yasaklamasına karşın, ayçiçeği hakkında herhangi bir yasak koymaması, bu yağın halk tarafından bilinmesini daha da yaygın hale getirmiştir (Özgün, 2011). Ayçiçeği yağı Ruslar tarafından kullanılmasına rağmen yağı, ticari amaç ile üreten ilk ülke İngiltere olmuştur. Avrupa'da yaklaşık iki yüz yıldır var olan ayçiçeği çekirdeklerinden, yağ çıkarmak amacı ile 1716 yılında İngiltere'de patent başvurusu yapılmıştır (Nalçaiyi, 2018). 18. yüzyılın sonlarında Rusya'da yağlık ayçiçeği ıslah çalışmaları başlamıştır ve tek başlı, kısa, erken çiçek açan ve yağ yüzdesi yüksek olan ayçiçeği bitkileri yetiştirilmiştir. 19. yüzyılda Rus tohumları Amerika Birleşik Devletleri'nde ekilmeye başlanıp, 1930'lu yıllarda da Kanada ilk resmi ayçiçeği koruma planını ilan etmiştir (Özgün, 2011). Ülkemizde ise ayçiçeği tarımı II. Dünya Savaşı sonrası Balkan Bölgeleri'nden göç eden vatandaşlarımızın yanında getirdikleri tohumlar ile başlamış olup, Balkanlardan göç eden vatandaşlarımızın nüfus olarak yoğun oldukları Marmara Bölgesi'nde, özellikle de Trakya Bölgesi'nde yoğun olarak yapılmaktadır (Dönmez, 2018; Gürkan, 2019; Özgün, 2011).

2.4 Dünyada Ayçiçeği ve Ekonomisi

Ayçiçeği tarımı dünyada ve ülkemizde yağlık ve çerezlik olmak üzere iki çeşit olarak yapılmaktadır. Çerezlik olarak üretimi yapılan ayçiçeği, hem insan hem de kuş yemi olarak üretilmekte ve yağlık tohumlara nazaran daha iri ve kalın kabukludur. Yağlık olan ayçiçeği tohumları ise genellikle siyah, ince kabuklu, linoleik ve oleik asit bakımından zengindir (Çevik, 2013; Gürkan, 2019; Özgün, 2011).

İnsan diyetinde önemli bir yere sahip olan ayçiçeğinin dünya genelinde son beş yılda üretimi %19,5, tüketimi %15 ve ekim yapılan alanı ise %8,3 oranında artış göstermiştir (Tablo 2.2) (Anonim, 2021). Dünyada ayçiçeği üretimi geniş bir yelpazede olmasına karşın, Ukrayna, Rusya, AB, Arjantin ve Çin en büyük paya sahip ülkelerin başında gelmektedir (Şekil 2.2). Türkiye ise ayçiçeği üretimi dünya sıralamasında Çin'den sonra 6. sırada yer almaktadır (Anonim, 2021; Çevik, 2013).



Şekil 2. 2 Ayçiçeği tarımının dünyada göstermiş olduğu yayılımı (IndexBox Platform, 2022)

2022 Mart ayından yayınlanan rapora göre tüm dünya üzerinde sadece ayçiçeği tohumunun toplam ekonomisinin yaklaşık olarak 36 milyar ABD doları olduğu düşünülmektedir (IndexBox Platform, 2022).

Tablo 2. 2 Son beş yılda tüm dünyada yapılan ayçiçeği üretimi, tüketimi ve ekimi yapılan alan bilgileri (* tahmini) (URL, 2022)

	2017/18	**2018/19**	**2019/20**	**2020/21**	**2021/22***
Üretim (milyon ton)	48,01	50,66	53,94	49,14	57,38
Tüketim (milyon ton)	48,36	50,58	53,71	49,54	55,81
Ekim Yapılan Alan (milyon ha)	25,99	25,81	26,03	26,90	28,16

2.5 Türkiye'de Ayçiçeği ve Ekonomisi

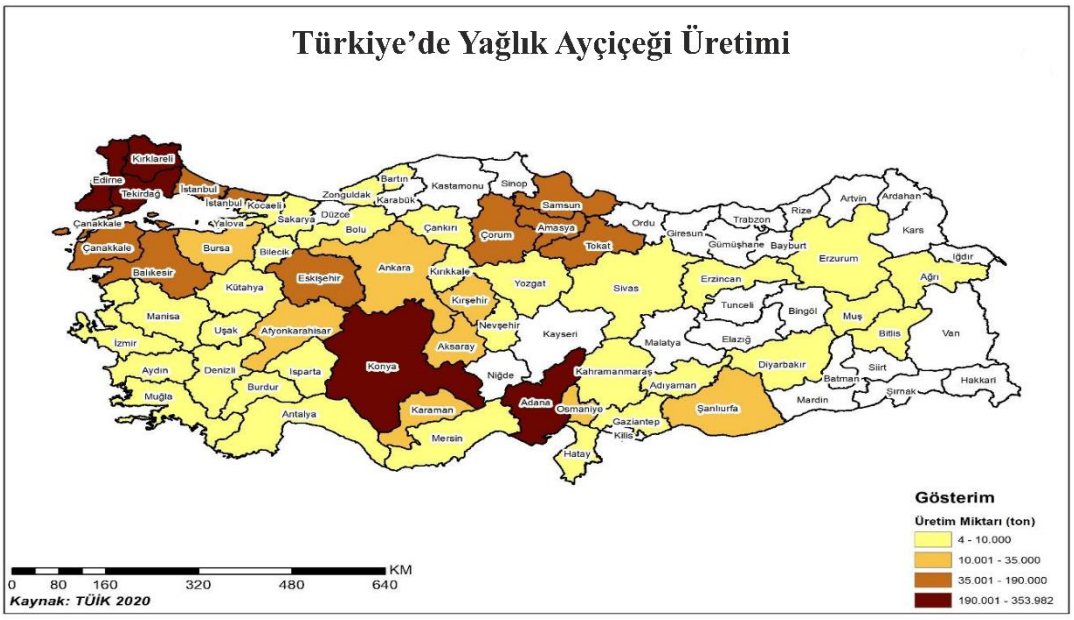
Dünyada üretilen ayçiçeği endüstrisinde olduğu gibi ülkemizde de ayçiçeği tarımı büyük oranda yağ endüstrisi için yapılmaktadır. Ayçiçeği yağı ülkemizde en fazla tüketilen bitkisel yağdır (Anonim, 2018; Kızılaslan, Kızılaslan ve Çift, 2022). Ayçiçeği nerede ise ülkemizin her bölgesinde yetiştirilebilse de üretim maliyetleri nedeni ile ithal pazarla rekabet edememesi, buğday gibi alternatif tarım ürünleri ile rekabeti ve ham yağ fiyatlarının dünya pazarında Türkiye fiyatlarına göre düşük

olması, ayçiçeği tarımının genişlemesine engel olmaktadır (Bozer, 2021; Dönmez, 2018). Türkiye'de ayçiçeği tarımı büyük oranda Trakya Bölgesi ve Konya Ovası'nda yapılmaktadır. Ayçiçeği üretiminin %17,6 Tekirdağ, %15,3 Konya, %13,6 Adana, %12,8 Edirne ve %10,8'lik oranı Kırklareli ilimizde yapılmaktadır (Başaran, 2016; Bozer, 2021). Tablo 2.3'te son beş yılda ton bazında üretimi yapılan ve dekar bazında ekim yapılan alanlara ait veriler sunulmuştur (Anonim, 2021).

Tablo 2. 3 2016-2020 yılları arasında Türkiye'de ekilen ayçiçeği ve üretimi (URL, 2022)

	2016	**2017**	**2018**	**2019**	**2020**
Ekim Yapılan Alan (da)	6.167.800	6.817.970	6.489.340	6.759.834	6.508.696
Üretim (ton)	1.500.000	1.800.000	1.800.000	1.950.000	1.900.000

Ayçiçeği tarımını genişletmek için devletin teşvik politikaları sayesinde Orta Karadeniz, Kıyı Ege, Çukurova ve İç Anadolu Bölgeleri'nde de ayçiçeği üretimi artmaktadır (Şekil 2.3). Fakat buna rağmen arz talep dengesinde, yapılan üretim iç pazar ihtiyacını karşılayamadığı için bitkisel yağ ihtiyacının %65'i ithalat yolu ile karşılanabilmektedir (Dönmez, 2018; Konyalı, 2017; Özgün, 2011).



Şekil 2. 3 Türkiye'de yapılan ayçiçeği üretim haritası (URL, 2022)

Yağ olarak kullanımı dışında çerezlik olarak kullanılan ayçiçeğinden daha birçok alanda yararlanılmaktadır. Sabun, deterjan, yağlı boya, vernik, kâğıt, plastik ve kozmetik sanayi ayçiçeğinin kullanıldığı diğer alanlardır (Nalçaiyi, 2018). Yağı çıkarılan tohumların ihtiva ettiği yüksek protein nedeni ile hayvan küspesi olarak da kullanılmaktadır (Başaran, 2016; Nalçaiyi, 2018). Kurak iklime sahip coğrafyalarda buğday, sulak iklime sahip coğrafyalarda ise pancar, baklagiller ve mısır ile ekim nöbeti yapılmaktadır (Nalçaiyi, 2018). Ülkemizde çok büyük bir pazar olmasa dahi biyodizel yakıt üretimi için de tarımı yapılmaktadır (Anonim, 2018; Nalçaiyi, 2018).

2.6 Ayçiçeğinin Gelişim ve Verimini Etkileyen Stres Faktörleri

Ayçiçeği killi topraklardan, kumlu topraklara tüm marjinal habitatlarda yetişebilmektedir. Tarlada yetişen diğer türelere nazaran, stres koşullarına dayanıklı olan ayçiçeği, bazı biyotik ve abiyotik stres koşullarından olumsuz etkilenmektedir (Fernández-Martínez, Pérez-Vich ve Velasco, 2009). Ayçiçeği hem düşük hem de yüksek sıcaklıklara karşı dayanıklı bir bitki olup ağır koşullara toleransı yüksek bir bitkidir. Olgunlaşma döneminde düşük sıcaklıklara karşı toleranslı olan bitki, 4-6 yapraklı evreye kadar uzun süreli sıfır altı sıcaklığa sahip ortamlarda kalmaktan olumsuz etkilenmektedir (Fernández-Martínez vd., 2009; Škorić, 2009). Yüksek sıcaklığa maruz bırakılan ayçiçeğinde ise yağ yüzdesi, çimlenme ve tane dolumu azalmaktadır (Castillo, Vásquez ve Calderini, 2017). Tuzlu koşullar da ayçiçeğinin gelişimini olumsuz etkilemektedir (Edelist vd., 2009). Sahip olduğu kazık kökün varlığı, düşük su miktarını tolere edebilen yapraklara ve gövdesindeki tüylere rağmen uzun süren kuraklıktan zarar görmektedir (Nalçaiyi, 2018; Škorić, 2009).

2.7 Bitkilerde Stres Kavramı

Bir bitkinin çevre şartlarında, bitkinin normal büyüme ve gelişimini olumsuz etkileyen, bitkinin fizyolojik yapısında ve metabolizmasında değişimlere sebep olan duruma stres denir (Jenks ve Hasegawa, 2014). Stres koşulları bitkinin tolerans sınırlarını aşarsa, büyümede eksikliklere, bitkide kalıcı hasara, verimde azalmaya ve hatta bitkinin ölümüne neden olabilir (Ramamurthy Mahalingam, 2015). Stres faktörleri abiyotik ve biyotik olmak üzere iki ana grup altında incelenmektedir.

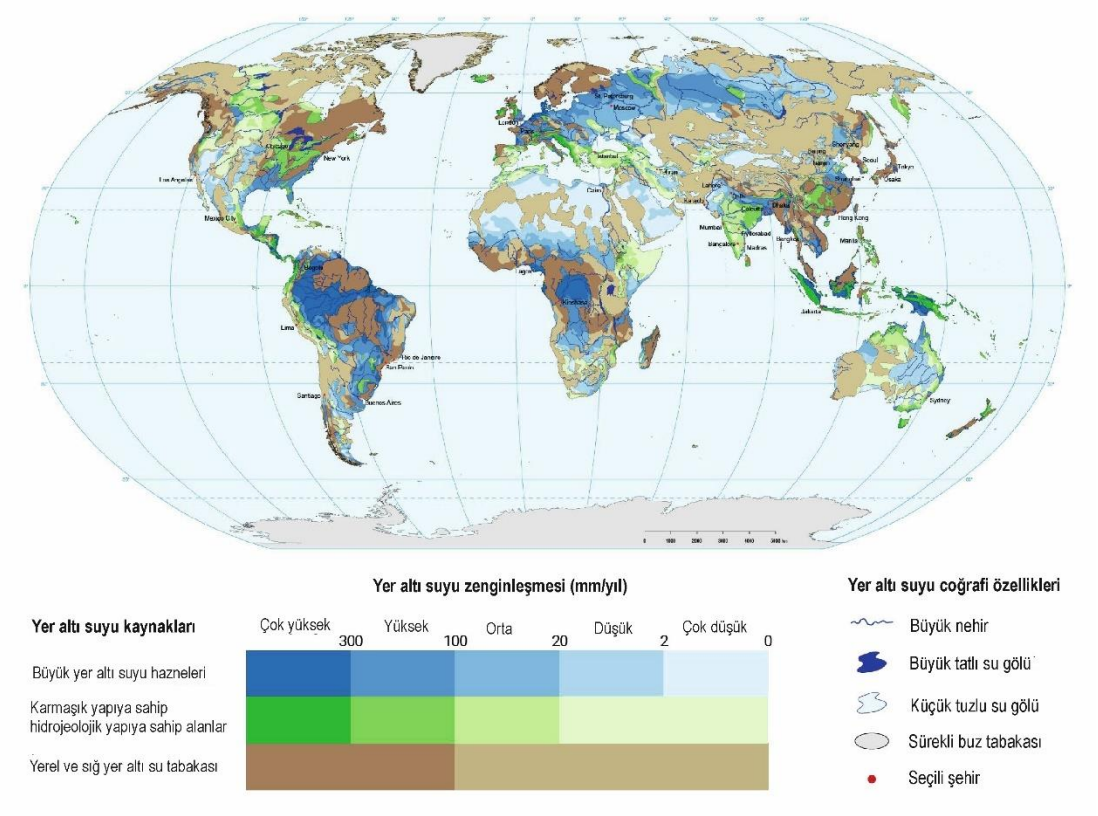
Abiyotik faktörler, bitki büyümesini etkileyen ışık, yüksek sıcaklık, su, tuz, pH gibi çevresel faktörlerdir. Biyotik faktörler ise bitki ile aynı çevreyi paylaşan ve bitkiler ile etkileşime giren canlı organizmalara denilmektedir (D. K. Gupta, Palma ve Corpas, 2015; Jenks ve Hasegawa, 2014; Kanayama ve Kochetov, 2015).

Bitkiler, stres faktörlerine karşı yaşam alanlarını değiştiremezler. Fakat evrimsel süreç içerisinde kendilerini olumsuz koşulların büyük bir kısmına adapte etmiş, özel ve kompleks mekanizmalar geliştirmişlerdir (Mittler, 2006). Bitkiler stres faktörleri ile etkileşime girdiğinde fizyolojik, biyokimyasal veya moleküler düzeyde adaptasyon sağlamaya çalışırlar (Mosa, Ismail ve Helmy, 2017). Bazı bitkiler, normal koşullarda yaşayan bitkilerin yaşamakta güçlük çekeceği ortamlara uyum sağlayıp, yaşadıkları ortam ile anılmaktadırlar. Örneğin, tuz oranı yüksek olduğu ortamlarda yaşayan bitkilere "halofit", kurak ortamlarda yaşayabilen bitkilere "kserofit", diğer bitkilerden daha yüksek sıcaklığa sahip habitatlarda yaşayabilen bitkilere de "termofit" denilmektedir (Boscaiu vd., 2008).

Araştırmacılar, bitkilerin abiyotik stres koşullarına karşı yanıtını gelişimsel, fizyolojik ve moleküler seviye olmak üzere üç temel başlık altında toplamışlardır. Bitki gelişimi ile ilgili verdiği tepkiler; çimlenmenin inhibisyonu, bitki büyümesinin azaltılması, erken yaşlanma ve üretkenlikte azalma; fizyolojik olarak verdiği tepkiler; su alımı, fotosentez ve azot asimilasyonunda azalma, solunumda ve terlemede değişiklik, metabolik toksisite, büyüme inhibitörlerinin birikmesi; moleküler seviyede verdiği tepkiler ise gen ifadesinin değiştirilmesi, makro moleküllerin dağılımı, zar sistemlerinin düzensizliği, enzim aktivitelerinin ve protein sentezinin azaltılması olarak belirlenmiştir (Mosa vd., 2017). Stres koşulları verdiği hasarın yanında bitkiye direnç mekanizması ve zor koşullar sonrası tekrar yaşam sürdürebilme gibi özellikleri de kazandırır. Bitki stres koşullarına karşı olan kararlılığını arttırır ve sürekli stres durumu normal bir durum haline gelir ise bitki artık adaptasyon aşamasına geçmiştir. Adapte olan bitki, stres koşullarına karşı uygun gen kombinasyonlarını tamamlamış olan bitkidir (Lichtenthaler, 1998; Ünel, 2018).

2.7.1 Kuraklık Stresi

Kuraklık, bitki büyümesini etkileyen küresel bir tehdit olup, Hükümetlerarası İklim Değişikliği Paneli (IPCC, The Intergovernmental Panel on Climate Change) tarafından sunulan rapor (Qwais, 2022) doğrultusunda küresel ısınma nedeni ile önümüzdeki yıllarda kuraklık sıklığının ve süresinin artacağı raporlanmıştır (Şekil 2.4).



Şekil 2. 4 Dünya yer altı su kaynakları (Qwais, 2022)

Kuraklık stresine karşı bitkilerde stomaların kapanması, gaz alış-verişinin azaltılması, turgur basıncın azalması, toplam su potansiyelinin azalması, bitkide solma, hücre büyümesinde azalma gibi fizyolojik değişimler meydana gelmektedir (R Mahalingam, 2015). Kuraklık stresi, bitki büyümesini, gelişimini ve bitkinin üretkenliğini olumsuz yönde etkileyen birçok biyokimyasal ve fizyolojik süreç içerisinde değişikliğe neden olan moleküler yolakları içermektedir (T. H. Kim, Böhmer, Hu, Nishimura ve Schroeder, 2010; Pandey, 2015). Küresel ısınmanın artık yakın bir tehdit olması bilim insanlarını kuraklığa dayanıklı ürünler yetiştirmeye ve kuraklığa karşı tolerans mekanizmasını anlamaya teşvik etmiştir (D. K. Gupta vd., 2015). Kuraklık

mekanizmasını anlamaya çalışmak amacıyla yapılan ilk çalışmalar fizyolojik parametrelerin incelenmesi olarak karşımıza çıkarken, daha sonraları ise özellikle Absisik asit (ABA) biyosentezi üzerine yapılan çalışmalar ile biyokimyasal çalışmaların yoğunluk kazandığı görülmektedir (Ahmad, 2009; Alscher, Erturk ve Heath, 2002; Badawi vd., 2004; Cechin, Rossi, Oliveira ve Fumis, 2006). ABA biyosentezi ile stomalar kapatılarak su kaybı en aza indirilir (T. H. Kim vd., 2010). Son yıllarda ise bitki savunma mekanizmasında rol oynayan genlerin belirlenip, ekspresyon seviyelerinin incelenmesi çalışmaları yapılmaktadır. Kuraklık durumunda stres ile ilgili genlerin ekspresyonu indüklenerek proteinlerin sentezi sağlanır. Kuraklık toleransında görev alan proteinler, strese cevap sürecinde gen ifadesinin düzenlenmesinde görev alan düzenleyici proteinler ve stres toleransında doğrudan görev alan işlevsel proteinlerdir. Gen ifadesinin düzenlenmesinde görev alan düzenleyici proteinler, transkripsiyon faktörleri, ABA biyosentezi ve algılanmasında görev alan proteinler, fosfatazlar ve protein kinazlar, stres toleransında doğrudan görev alan proteinler ise geç embriyogenezis proteinleri (LEA), ısı şoku proteinleri (HSP), şaperonlar, antifiriz proteinleri, mRNA bağlanma proteinleri, osmotin proteinleridir (Nalçaiyi, 2018).

2.7.2 Yüksek Sıcaklık Stresi

Sıcaklık, bitkilerin büyümesini ve gelişmesini etkileyen fiziksel parametrelerden birisidir (Zinn, Tunc-Ozdemir ve Harper, 2010). Bitkinin optimum sıcaklığında meydana gelen herhangi bir dalgalanma, bitkilerin büyümesinin ve üretkenliğinin değişmesine neden olmaktadır. Optimum sıcaklıkta meydana gelen küçük bir artışın bile bitkilerin çiçeklenme sürelerine ve toplam verimi üzerine ciddi etkileri vardır. Yüksek sıcaklık stresi, stresin etkinliği, yoğunluğu ve süresi gibi faktörler ile birlikte hücre zarının sıvılaşmasına, iyon akışının azalmasına, toksik ve reaktif oksijen türlerinin (ROS) birikmesine, proteinlerin ve hücre iskelet yapılarının kararsızlığına, enzimlerin yapılarının bozulmasına neden olarak metabolik dengesizliğe sebep olur (McClung ve Davis, 2010; Ruelland ve Zachowski, 2010; Suzuki, Koussevitzky, Mittler ve Miller, 2012; Thakur, Kumar, Malik, Berger ve Nayyar, 2010; Wahid, Gelani, Ashraf ve Foolad, 2007; W. Wang, Vinocur ve Altman, 2003).

Yüksek sıcaklık stresi koşulları, bitkiyi fizyolojik olarak da etkilemektedir. Optimum sıcaklık aralığının üzerindeki sıcaklıklar, fotosentez, hücre membran bütünlüğü ve enzim kararlılığı gibi fizyolojik işlevlerde değişikliğe neden olmaktadır. Yüksek sıcaklık stresine maruz kalan bitkilerde, fotosentez oranında azalmalar, kloroplastların yapısında değişimler ve fonksiyonunda ise azalmalar meydana gelmektedir. Bitkide solma gerçekleşmekte ve turgor halinde azalma meydana gelmektedir. Bitkinin gelişimi de yavaşlamakta, çiçeklenme-meyvelenmede gecikme meydana gelmekte ve verim de düşmektedir (R Mahalingam, 2015).

Hücresel düzeyde, kazanılmış ısı toleransı, gen aktivasyonu ve metabolom ve transkriptomda spesifik değişikliklere ihtiyaç duymaktadır. Bu değişimleri sağlayanlardan biri de bazı protein aileleridir (Kaplan vd., 2004). Isı şoku proteinleri (Hsp) bu protein ailelerinden olup, Hsp aileleri proteinlerin moleküler ağırlıklarına göre Hsp100, Hsp90, Hsp70, Hsp60, Hsp40 ve sHsp olmak üzere alt gruplara ayrılmaktadır. Bu aile üyeleri, bitkilerde birkaç saatlik akut ısı stresi içinde sentezlenir. Bu proteinler moleküler şaperonlar olarak işlev görür ve ısı stresi nedeniyle denatüre olmuş proteinlerin stabilize edilmesinde ve yeniden çözülmesinde rol oynar. Spesifik Hsp'ler çekirdek, kloroplast, mitokondri ve diğer hücresel bölümlerde bulunabilir. Hücrede geniş dağılım gösteren Hsp'lerin çok sayıda hayati sürecin korunmasında ve sürdürülmesinde rol oynadığını göstermektedir (Kotak vd., 2007).

Oksidatif stresin, bitkilerin ve diğer türlerin sıcaklık stresine olan tepkisinde önemli bir faktör olduğu da açıktır. Sıcaklık stresi sıklıkla tekli oksijen, süperoksit radikali, hidrojen peroksit ve hidroksil radikalleri dahil olmak üzere oldukça reaktif moleküllerin sentezini indükler (Wahid, Gelani, Ashraf ve Foolad, 2007). Membran bütünlüğünün kaybına yol açabilen membran lipidlerinin peroksidasyonu, reaktif oksijen türlerinin (ROS) bir sonucudur. Yüksek sıcaklıklara kısa süreli maruz kalma, bitki hücrelerinde NADPH oksidaz aktivitesinden türetilebilen bir hidrojen peroksit patlamasına da neden olur. Bu hidrojen peroksit patlamasının, sıcaklık stresi ile ilgili birkaç genin uyarılması için bir sinyal olduğu düşünülmektedir. Askorbat ve glutatyon dahil olmak üzere çeşitli antioksidan moleküller ROS'a karşı koruma sağlayabilir ve ROS'u kontrol etmek, yüksek sıcaklık stresinden kaynaklanan hasarı en aza indirmede çok önemli bir mekanizmadır (Larkindale ve Knight, 2002; Neill, 2002).

2.7.3 Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stresi

Abiyotik stres koşulları, küresel seviyede tarımsal mahsülün veriminde büyük kayıplara neden olmaktadır. Bireysel olarak, kuraklık, yüksek sıcaklık, tuz, düşük sıcaklık gibi abiyotik stres koşullarının bitkilere etkisi üzerine yüzlerce çalışma bulunmaktadır. Ancak, mahsul tarlada yetişirken farklı abiyotik stres koşullarının kombinasyonuna maruz kalmaktadır. Kuraklık koşullarındaki bir ürün aynı anda tuzluluk ve yüksek sıcaklık stresi ile de mücadele etmek durumundadır. Bitkilerin kuraklık ve yüksek sıcaklık kombinasyonuna karşı göstermiş olduğu moleküler ve metabolik tepkilerin ayrı ayrı uygulanan stres koşullarından farklı olduğu düşünülmektedir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombinasyonuna maruz kalan bitkilerde yüksek solunum, düşük fotosentez, kapalı stoma durumu ve yüksek yaprak sıcaklığı gibi fizyolojik değişimler gözlemlenirken, metabolik olarak ise nişastanın parçalanması, prolin seviyesinde değişim gibi durumlar gerçekleşmektedir (Mittler, 2006). Kavak bitkisinde yapılan çalışmalarda kombine stres uygulamaları sonucu elde edilen transkriptom analizinin, tek stres uygulanan çalışmalardan çok farklı olduğu ortaya konulmuştur. *Arabidopsis*'te yapılan transkriptom-metabolom analizi, kombine stresin Hsp kodlayan genleri, flavanoid biyosentezindeki enzimleri ve ribozom biyogenezinde yer alan proteinleri etkilediğini ortaya çıkarmıştır (Lawas vd., 2018). *Carissa spinarum* bitkisine uygulanan kombine stres altında Hsp'lerin hücrede artış gösterdiği, özellikle fotosentetik organizasyonu korumada görev aldıkları belirlenmiştir (M. Zhang vd., 2010).

2.8 Bitkilerde Stres Koşullarında Gen İfadesinin Düzenlenmesi

Bitkiler sesil organizmalar olması nedeni ile karşılaştıkları stres faktöründen kaçamazlar ve olumsuz koşullara direkt maruz kalırlar. Stres faktörlerinin sebep olduğu zarar, bitkinin türüne, tolere edebilme ve adaptasyon kabiliyetine bağlı olarak değişiklik göstermektedir. Bitkilerin yaşamları boyunca bir çok stres faktörü ile ilişkileri göz önüne alındığında, stres mekanizmasının açığa kavuşturulması çok önemlidir. Bitkiler stres faktörleri ile karşılaştıklarında stres sinyallerinin algılanması ile strese duyarlı olan genlerin promotör bölgelerinde yer alan transkripsiyon faktörleri (TF) ve cis-davranışlı elementleri kullanırlar. Bu faktörler strese duyarlı genlerin hem

moleküler seviyede anlaşılmasında hem de stres yolağının son noktasına kadar aydınlatılmasında önemlidirler (Brenner, 2001; Keith, 2008).

Bitkilerin zor koşullar altında hayatta kalmalarını sağlayan temel basamak, strese duyarlı olan genlerin ekspresyonu ile metabolizmanın düzenlenmesidir. Genomik çalışmalar, genlerin yapısını ve işlevini, evrimsel süreci ortaya çıkaran, kromozomal haritalanmasını gösteren ve genlerin düzenlenmesini sağlayan multidisipliner araştırmalardır. Genomik çalışmalar, DNA baz dizilerinin tespitini sağlayan ve haritalayan "yapısal genomik" çalışmalar; gen ya da proteinlerin fonksiyonlarını ve etkileşimlerini tanımlayan "fonksiyonel genomik" çalışmalar, farklı organizma genomlarında farklılık ve benzerlikleri araştıran "karşılaştırmalı genomik" çalışmalar olarak belirlenmiştir (Brenner, 2001; Brenner ve Levitt, 2008; Keith, 2008; Marsden, Lewis ve Orengo, 2007; Sim, Minary ve Levitt, 2012).

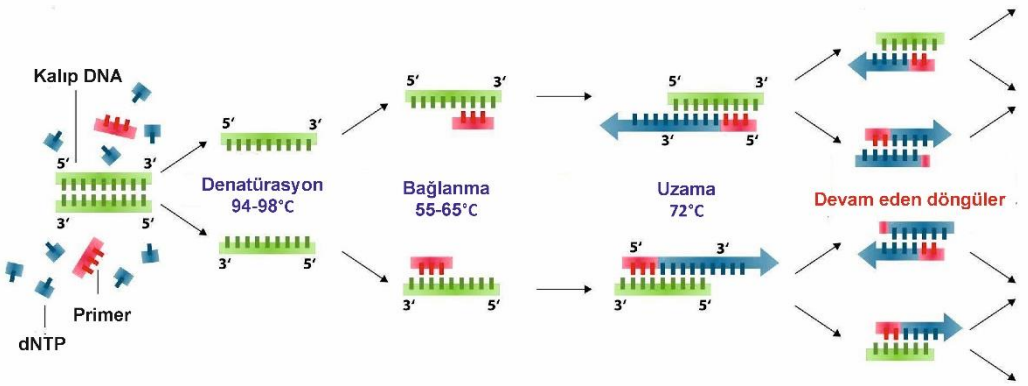
Biyoinformatik, biyolojik çalışmalardan elde edilen verileri, matematiksel, istatistiksel teknikler kullanarak analiz eden ve bu analiz sonuçlarını bilgisayar programları ile anlaşılır hale getiren, multidisipliner bir bilim dalıdır. Biyoinformatik çoğunlukla aday genlerin veya proteinlerin, tanımlanması, yapısal ve fonksiyonel özelliklerinin belirlenmesi, birbirleri ile olan etkileşimlerinin anlaşılması gibi amaçlar için kullanılır. Ayrıca gen ve proteinlerin ekspresyon ve regülasyon analizlerinde de çalışmaya yön verir ve sonuçların kolayca yorumlanmasını sağlayarak daha anlaşılır kılınmasına olanak verir (Ciemny vd., 2018; Sim vd., 2012).

2.9 Gen İfadesinin Belirlenmesinde Kullanılan Yöntemler

Fonksiyonel genom çalışmalarında ilgilenilen genin ifade analizinin belirlenmesi çalışmanın temel basamağıdır. Modern biyoloji çalışmalarında sıklıkla kullanılan gen ekspresyon analizleri, mRNA analiz yöntemleri, Northern Blot hibridizasyon yöntemi, ters transkripsiyon polimeraz zincir reaksiyonu (RT-PZR), mikroçip (microarray) analizi, gerçek zamanlı PZR (qPZR), yeni nesil sekanslama yöntemleridir. Gen ifadesi analiz yöntemlerinde RNA seviyesinin ölçülmesi amaçlanmıştır (Geiss vd., 2008; Ozsolak ve Milos, 2010; Z. Wang, Gerstein ve Snyder, 2009). Çalışmamızda gen ifadesi belirleme analizleri qPZR yöntemi ile yapılmıştır.

2.9.1 Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)

Polimeraz zincir reaksiyonu, çift zincirli yapının tek zincirli hale dönüşmesini sağlayan denatürasyon aşaması (denaturation), çoğaltılmak istenen bölgeye özgü primerlerin bağlanması (priming) ve kalıp DNA molekülüne bağlanan primerlerin DNA polimeraz ile uzatılması (elongation) aşamalarından meydana gelmektedir. Çift zincirli yapının tek zincirli hale gelmesini sağlayan denatürasyon aşamasında polimerazın çeşidine bağlı olarak 94–97°C arasındaki bir değerde reaksiyon 30 sn–5 dk arası bekletilir. Daha sonra reaksiyon sıcaklığı primerlerin tek zincirli hale gelen kalıp DNA'ya bağlanabilmesi için 55–65°C aralığında primer bağlanma sıcaklığına düşürülür. 72°C getirilen reaksiyon, kalıp DNA'ya bağlanan polimeraz ve oligonükleotidlerin yardımı ile kopya parçaların uzamasını sağlar. Reaksiyonun bu üç adımlı hali 30–40 kez tekrar edilerek kopya oluşumu maksimum seviyeye çıkarılır (Garibyan ve Avashia, 2013). Etkili ve sonuç veren bir PZR için bileşenlerin konsantrasyonları ve miktarları koordineli olmalıdır. Kullanılan primerlerin uzunluğu, primerlerin GC yüzdesi, erime sıcaklığının derecesi gibi parametrelerde PZR sonuçlarını etkilemektedir (Garcia, Cristancho, Vera ve Begambre, 2015).



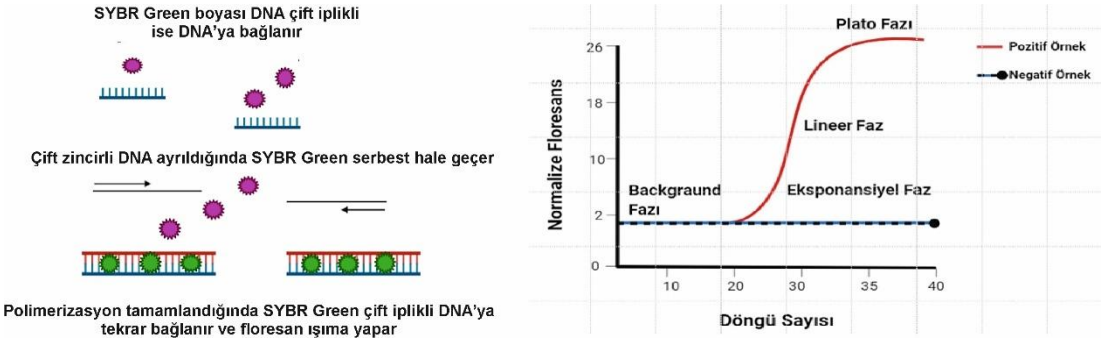
Şekil 2. 5 Polimeraz zincir reaksiyonu ve reaksiyon basamakları (van Pelt-Verkuil, van Belkum ve Hays, 2008)

2.9.2 Gerçek Zamanlı (Kantitatif) PZR (Real-Time PCR)

Bu teknikte floresan boya taşıyan problar kullanılarak reaksiyon döngü boyunca izlenebilmektedir. Gen ifadesini belirlemek amacı ile RNA öncelikle enzimatik yöntemler ile komplementer DNA'ya (cDNA) dönüştürülür. Bu aşamada ters

transkripsiyon enzimi kullanılır. cDNA amplifikasyonu yapılır ve gerçek zamanlı PZR ürününün tespiti ve miktarı belirlenir (Şekil 2.6). Bu teknikte kullanılan probların floresan sinyal gücünün reaksiyon boyunca izlenebilmesi, sinyal gücü ile ürün miktarının doğru orantılı olması, reaksiyon sonunda jel elektroforez ile kontrol edilmeye ihtiyaç duymaması, tekrarlanabilirliğinin ve duyarlılığının yüksek olması, gerçek zamanlı PZR yönteminin başlıca avantajlarındandır (Nolan, Hands ve Bustin, 2006; van Pelt-Verkuil vd., 2008; Wilhelm, Pingoud, Wilhelm ve Pingoud, 2003).

SYBR Green, gerçek zamanlı PZR reaksiyonunda kullanılan ve çift zincirli DNA'ya bağlandığında floresan ışıma veren bir boyadır. Bu boya tek zincirli DNA'ya bağlanamaz. Bu probların 5' ucu reporter boya ile, 3' ucu ile quencher boya ile işaretlenmiştir. Nükleik asitlerin amplifikasyonuylaartan floresan sinyali ile kısa sürede, kantitatif sonuç elde etmek mümkündür (Nolan vd., 2006).



Şekil 2. 6 SYBR Green ile gerçek zamanlı PZR reaksiyonu ve reaksiyon sonucu oluşan döngü grafiği (Wilhelm vd., 2003)

Reaksiyon eksponensiyel (yükselme) fazı, linear (yüksek farklılık) ve plato (sonlanma noktası) fazı şeklinde farklı basamaklardan meydana gelmektedir. Eksponensiyel fazda PZR ürününün gösterdiği artış miktarı başlangıçta kullanılan DNA miktarı ile doğru orantılı olacaktır. Reaksiyonda gen ifadesini tespit amacı ile kullanılan primerlerin yanında internal kontrol gen olarak kullanılan, hücrelerde temel işleve sahip, housekeeping genleri kullanılır. "Ct", eşik döngüsü (Threshold cyle), gerçek zamanlı PZR ürünleri çoğaltımı sırasında linear faza geçmek için olan döngü sayıdır. İnternal gen olarak kullanılan gene göre hedef gen ifadesi normalize edilir ve internal gen olarak kullanılan gen ifadesi ile karşılaştırmalı olarak $2^{-\Delta\Delta Ct}$ formülü ile hesaplanır (Nolan vd., 2006; van Pelt-Verkuil vd., 2008; Wilhelm vd., 2003).

2.10 Isı Şoku Faktörleri (HSF) ve Proteinleri (Hsp)

Isı şoku proteinleri (Hsp) prokaryot ve ökaryot hücrelerinde her yerde bulunan proteinlerdir (Boston, Viitanen ve Vierling, 1996). *Drosphila melanogaster* (meyve sineği) sineğinin tükürük bezlerinde keşfedilen bu proteinlerin, önce ısı şokuna tepki olarak var oldukları düşünülmüştür (Ashburner ve Bonner, 1979). Ancak yapılan ileri çalışmalarda düşük sıcaklık, UV ışık, yara iyileşmesi, dokunun yeniden şekillenmesi ve biyotik stresler de dahil olmak üzere birçok stres faktörü tarafından indüklendiği anlaşılmıştır (Boston vd., 1996). Bitkilerde *Hsp* genleri, arsenit, etanol, ağır metaller, su stresi, ışık, hormonlar, absisik asit, yaralanma, aşırı NaCl, düşük sıcaklık, yüksek sıcaklık ve anoksik koşullar gibi çok sayıda stres faktörüne yanıt olarak birikir (Süle, Vanrobaeys, Hajós, van Beeumen ve Devreese, 2004).

Hsp'ler moleküler ağırlıklarına göre sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 olmak üzere altı grupta incelenmektedirler (Tablo 2.4). Bu proteinler çoğunlukla sitozolde yer alırken, endoplazmik retikulum (ER), kloroplast, mitokondri ve çekirdek gibi hücrenin birçok bölgesinde bulunurlar. Farklı yerlerde bulunan proteinlerin protein homeostazında farklı ve dinamik rollere sahip oldukları gösterilmiştir (S. C. Gupta, Sharma, Mishra, Mishra ve Chowdhuri, 2010; Kotak vd., 2007; W. Wang, Vinocur, Shoseyov ve Altman, 2004).

Tablo 2. 4 Hsp proteinlerinin sınıflandırılması ve bazı özellikleri (Park ve Seo, 2015)

Sınıf	Moleküler ağırlık (kDa)	Fonksiyonu	Lokasyonu	Üyesi olduğu domain	Referans
sHsp	15-30	Yardımcı şaperon, kümelenmeyi engellemek	Sitozol, ER, mitokondri, kloroplast	IbpA, IbpB, Hsp20, Hsp27	(Kotak vd., 2007; Krzysztof Liberek, Lewandowska ve Ziętkiewicz, 2008)
Hsp40	35-54	Yardımcı şaperon	Sitozol, ER	Hsp40, ERdj, CbpA, DnaJ, Ydj1, Hsj1, Hdj2	(Ohta ve Takaiwa, 2014; Shen ve Hendershot, 2005)
Hsp60	58-60	Moleküler şaperon	Sitozol, mitokondri	Hsp60, GroEL/ES, Cpn60	(Bukau ve Horwich, 1998; Yer, 2017)
Hsp70	68-75	Yeniden katlanma, kümelenmeyi engellemek	Sitozol, ER, mitokondri, kloroplast	Hsp70, DnaK, Ssa1-4, Sssb1, BIP,	(Kampinga ve Craig, 2010; Kanzaki vd., 2003; Park vd., 2010)
Hsp90	82-90	Genetik tamponlama, reseptörlerin düzenlenmesi, protein translokasyonu	Sitozol, ER, mitokondri, kloroplast	Hsp90, Grp94/gp96, HtpG, TRAP1	(Bao vd., 2014; Hubert vd., 2003; Kadota ve Shirasu, 2012; Queitsch, Sangstert ve Lindquist, 2002)
Hsp100	100-104	Protein katlanması, ayrıştırma	Sitozol, mitokondri, kloroplast	Hsp100, Clp, Hsp104	(Bösl, Grimminger ve Walter, 2006; Hong ve Vierling, 2001)

Tüm organizmalarda, Hsp'lerin indüksiyonu hızlı ve yoğundur. Birçok şaperonun birbiri ile uyum içerisinde hareket ettiği şaperon ağı nedeni ile Hsp'lerin koruyucu etkilere sahip oldukları düşünülmektedir. Bu nedenle, farklı Hsp'ler hücresel korumada birbirleri ile iş birliği yapar ve proteinlerin stresten korunmasında tamamlayıcı ve bazen örtüşen roller oynarlar. Hsp'lerin çoğu nükleer genler tarafından kodlanır, ancak bunların lokalizasyonu sitozol, mitokondri, kloroplast ve endoplazmik retikulum dahil olmak üzere farklı hücre bölmelerinde olabilir. Hsp'leri kodlayan genlerin transkripsiyonu, sitoplazmada inaktif cisimler olarak yer alan ısı stresi transkripsiyon faktörleri (HSF'ler) adı verilen düzenleyici proteinler tarafından kontrol edilir (W. Hu, Hu ve Han, 2009). Bu nedenle bu faktörler, ısı şoku tepkileri için transkripsiyonel aktivatörler olarak kabul edilir. Genel olarak, bu *Hsp* genleri, ifade tarzlarına göre iki kategoriye ayrılır; yapısal olarak ifade edilenler ve stres altında kuvvetle indüklenenler (Vierling, 2003). Deneysel verilerle desteklendiğinden,

Hsp'lerin bitkileri strese karşı korumada ve hücresel homeostazın yeniden kurulmasında çok önemli bir rol oynaması muhtemeldir (W. Wang vd., 2003).

Hsp'ler prokaryotik ve ökaryotik hücrelerde stres ve optimal büyüme koşullarında hücresel homeostazinin sağlanmasına katkıda bulunan temel bileşenlerdir. Hsp'ler normal hücre büyüme ve gelişme aşamalarında, proteinlerin katlanmasından, proteinlerin bir araya gelmesinden, proteinlerin taşınmasından ve parçalanmasından sorumlu oldukları belirlenmiştir. Ayrıca yeni oluşan proteinlerin veya stres koşulları altında zarar görmüş ya da yanlış katlanmış olan proteinlerin üç boyutlu katlanması gibi kritik öneme sahip şaperon görevlerini yerine getirirler (W. Wang, Vinocur, Shoseyov ve Altman, 2004). Hayvanlardaki bazı Hsp'lerin lenfosit ve makrofajların aktivasyonu ve dendritik hücrelerin aktivasyonu ve olgunlaşması gibi bağışıklık sisteminde önemli rollere sahip oldukları belirtilmiştir (S. C. Gupta vd., 2010; Kotak vd., 2007; W. Wang vd., 2004).

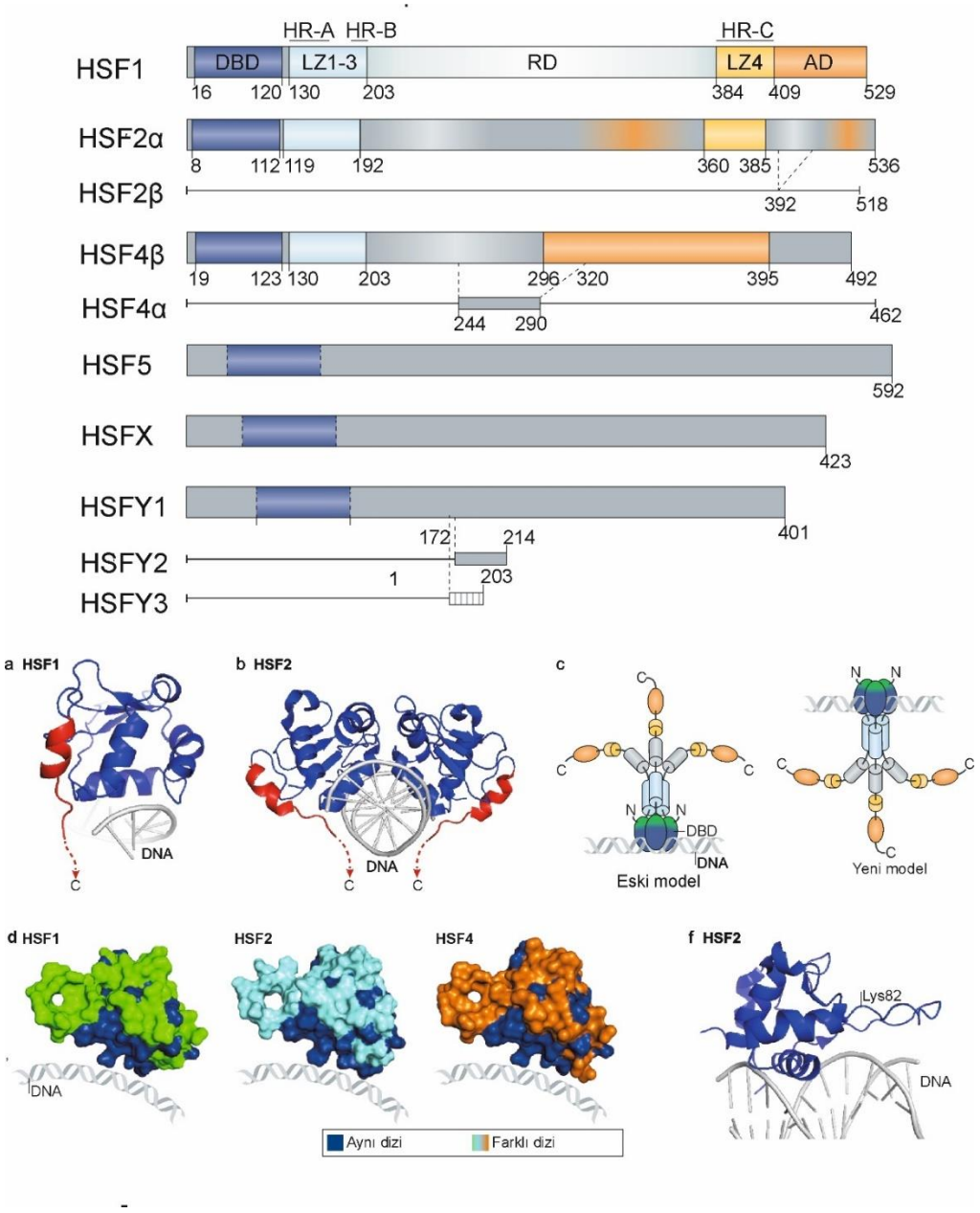
Reseptör benzeri kinazlar (RLK'ler) veya reseptör benzeri proteinler (RLP'ler) olarak karakterize edilen çoğu patern tanıma proteinleri (PRR), plazma zarında bulunmaktadır (Monaghan ve Zipfel, 2012). Plazma zarında yerleşik PRR'ler, kalite kontrolüne tabi oldukları ER'de sentezlenir (Park vd., 2010; Saijo, 2010) ER kalite kontrolü, ökaryotik hücrelerde membran ve salgı proteinlerinin doğru katlanması ve işlenmesinden sorumlu olan korunmuş bir süreçtir (Kleizen ve Braakman, 2004). Hsp70 lümen bağlayıcı protein (BiP), Hsp40 ERdj3B, stromal kaynaklı faktör 2 (SDF2), calreticulin3, UDP-glukoz glikoprotein glukosil transferaz ve ER tutma kusurlu 2B (ERD2B) dahil olmak üzere birçok ER proteini, PRR birikimi için ER kalite kontrolü sürecine katılmaktadır (J. X. Liu ve Howell, 2010; Nekrasov vd., 2009).

2.10.1 Isı Şoku Faktörleri (HSF)

Isı şoku faktörü (HSF) ilk olarak mayada, ısı şoku proteini genlerinin (*Hsp*) promotörlerine bağlanan bir diziye özgü transkripsiyon faktörü olarak keşfedilmiştir. HSF'nin, daha sonra *Drosophila* HSF ve insan HSF1'de gösterilen bir aktivite olan yüksek afinitede nGAAn dizisinin, üç ters çevrilmiş tekrarına trimer olarak bağlandığı gösterilmiş, daha karmaşık organizmalarda, kuş ve memeli türlerinde ailenin en az 4

üyesi ve daha yüksek bitkilerde birden çok üyesi bulunmaktadır (Fujimoto vd., 2010; He vd., 2003; M. Kumar vd., 2009; Rabindran, Haroun, Clos, Wisniewski ve Wu, 1993). Bitki HSF'leri, çeşitli abiyotik streslere yanıt veren genlerin ekspresyonuna aracılık eden bir sinyal iletim zincirinin son bileşenleridir. Bitkilerdeki çok sayıdaki HSF'ler, farklı evrim noktalarındaki gen kopyaları ve tam genom kopyaları ve ardından geniş gen kaybı ile ilişkili olabilir (L. Nover vd., 2001). HSF'ler hücresel homeostazı sürdürmede görev alan büyük bir gen grubunun gen ekspresyonunu modüle ederek, yalnızca sıcaklık stresi tepkisinin değil, aynı zamanda diğer birçok çevresel stresin çekirdek bileşenlerini de düzenler. Stres koşullarında meydana gelen hasarlı proteinlerin katlanmasına ve yeni oluşan proteinlerin korunmasına yardımcı olan şaperonlar olarak işlev gören Hsp'lerin, transkripsiyonel aktivasyonunu ve birikimini kontrol eder (T. Kim vd., 2021).

Bitki HSF proteinleri iyi korunmuş bir yapıya sahiptir. N-ucu (amino ucu) DNA bağlanma alanı (DBD), hedef promotörlerdeki sıcaklık stresi elementlerine spesifik olarak bağlanan ve daha sonra stresle indüklenebilir genlerin transkripsiyonunu aktive eden merkezi, sarmal-dönüş-sarmal motifi ile karakterize edilir (Şekil 2.7) (Baniwal vd., 2004; Sakurai ve Enoki, 2010; Scharf, Berberich, Ebersberger ve Nover, 2012). Hidrofobik amino asit kalıntılarının (HR-A/B bölgesi) iki parçalı heptad modeline sahip oligomerizasyon alanı (OD), esnek bir bağlayıcı ile DBD'ye bağlanır (Baniwal vd., 2004). DBD ve HR-A/B bölgeleri arasındaki esnek bağlayıcı bölgenin uzunluğuna ve HR-A/B bölgelerine eklenen amino asit kalıntılarının sayısına bağlı olarak, bitki HSF'leri HSFA (9–39 aa), B (50–78 aa) ve C (14–49 aa) olmak üzere üç sınıfa ayrılır (Kotak vd., 2007; L. Nover vd., 2001). HSFB'lerin HR-A/B bölgeleri kompakttır ve tüm bitki olmayan HSF'lere benzer, ancak HSFA ve C sınıfı üyeleri, HR-A ve HR-B kısımları arasındaki asit kalıntıları sırasıyla 21 (HSFA'lar) ve 7 (HSFC'ler) amino eklenmesi nedeniyle genişletilmiş bir HR-A/B bölgesine sahiptir (L. Nover vd., 2001; Scharf, Berberich, Ebersberger ve Nover, 2012).



Şekil 2. 7 İnsan genomunda kodlanan *HSF* genlerinin organizasyonu ve HSF proteinlerinin üç boyutlu yapıları (A. A. A. Asea ve Kaur, 2018)

Bitki HSF'lerinin C-ucu (karboksil ucu) birçok durumda aktivatör işlevi için çok önemli olan kısa peptit motifleri (AHA motifleri) ile karakterize edilir (Döring vd., 2000). Aromatik, hidrofobik ve asidik amino asit kalıntılarından oluşan AHA motifleri, HSFA'ya özgü motiflerdir, ancak HSFB veya C sınıfında bulunmazlar (Döring vd., 2000; Kotak vd., 2007). Ek olarak, HSF'lerin nükleer lokalizasyon sinyali (NLS) ve nükleer eksport (dış salım) sinyali (NES), sırasıyla hedef proteinden meydana gelmiş bir nükleer import (dış alım) kompleksinin ve NES reseptörü exportin-α ile kompleks içinde reseptör aracılı dışa salımın yapımında görev

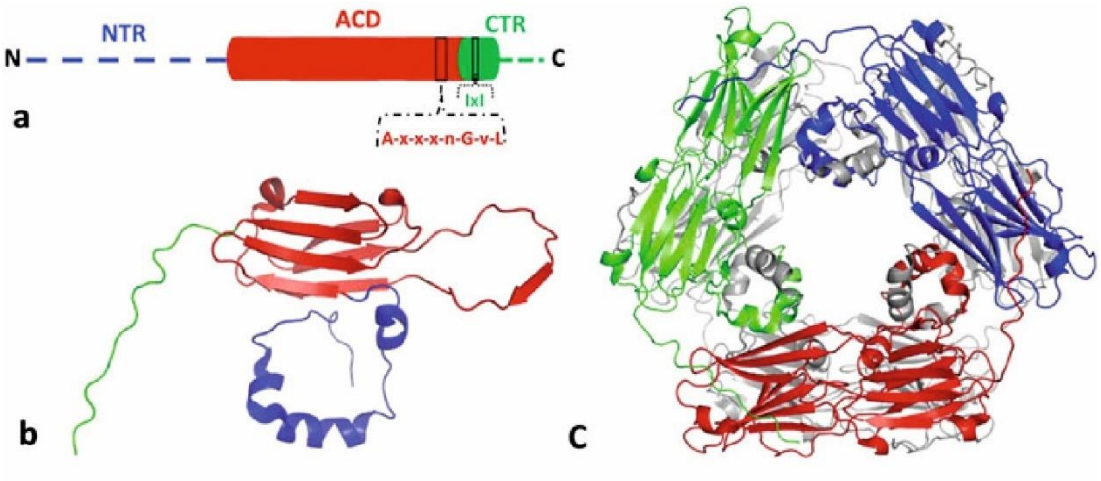
almaktadır (Baniwal vd., 2004; Görlich ve Kutay, 2003). Özellikle, HSFB sınıfının üyeleri (HSFB5 hariç) C-ucunda baskılayıcı alan olarak işlev gören karakteristik bir tetrapeptid (LFGV) içerirler (Fragkostefanakis, Röth, Schleiff ve Scharf, 2015).

2.10.2 Küçük Isı Şoku Proteinleri (sHsp)

Küçük ısı şoku proteinleri (sHsp'ler), moleküler ağırlıklarının başlangıçta 17 ila 28 kDa olduğu kabul edilen ve şimdi ~12 ila 42 kDa arasında genişletilen, en yaygın Hsp alt gruplarından biridir (Santhanagopalan vd., 2015). sHsp'ler, ilk olarak, Hsp70'ler ve Hsp40'lar dahil olmak üzere diğer Hsp'ler ile bir sıcaklık stresinden sonra yukarı regüle edilen proteinler olarak keşfedilmiş (Tissiéres, Mitchell ve Tracy, 1974), birkaç yıl sonra, soya fasulyesi (*Glycine max*) ve tütün (*Nicotiana tabacum*) doku kültürü hücreleri için yüksek bitkilerde sHsp sentezinin ilk gözlemleri rapor edilmiştir (Barnett, Altschuler, McDaniel ve Mascarenhas, 1979).

Tüm prokaryotlar olmasa da neredeyse tüm ökaryotik organizmalar, sHsp'yi kodlayan iki veya daha fazla gene sahiptir. Bitkilerdeki sHsp'lerin çoğu, sıcaklık stresi tarafından indüklenir ve bazıları gelişimsel olarak ifade edilir, bu da bitkilerin sıcaklık stresi tepkisinde sHsp'lerin önemli rollere sahip olduklarını göstermektedir (Waters, 2013). En çok indüklenen bitki sHsp'leri, toplam yaprak veya kök hücreleri sitoplazmasında bulunan sHsp'leridir (Hsieh, Chen, Jinn, Chen ve Lin, 1992). Bitki sHsp'leri, hayvan ve bakteri homologlarından bağımsız olarak evrimleşmiştir ve çekirdek, ER, peroksizomlar, mitokondri ve kloroplastlar dahil olmak üzere farklı hücre kompartımanlarında çok sayıda paralog sHsp'yi içermektedir (van Montfort, Slingsby ve Vierling, 2001).

Tüm sHsp'lerin ortak özelliği, fonksiyonel olarak önemli üç bölgenin, 90-100 amino asitlik korunmuş bir α-kristalin alanının (Waters, 2013), evrimsel olarak farklı bir N-terminal bölgesinin ve kısa bir esnek C-terminal bölgesinin varlığıdır (van Montfort vd., 2001). α-kristalin alanı, sHsp'lerin en temsili motifidir (Şekil 2.8). Yalnızca α-kristalin alanının sonundaki A-x-x-x-n-G-v-L motifi alanın en önemli göstergesidir (Martin Haslbeck ve Vierling, 2015).



Şekil 2. 8 (a) sHsp proteininin organizasyonu, (b) N-ucu mavi, α-kristal yapı kırmızı ve C-ucu yeşil, (c) sHsp kristal yapısı (A. Asea, Calderwood ve Kaur, 2016)

α-kristalin alanı, dimer oluşumunun temel yapı taşını bir araya getirmek için gereklidir, ancak α-kristalin alanı tek başına daha yüksek dereceli yapıların veya oligomerlerin oluşumu için yeterli değildir (Clark, 2016). Hem N-terminali hem de C-terminali çevreleyen bölgeler, oligomer oluşumunu kolaylaştırır. N-terminal kolları, ana substrat bağlama alanlarıdır ve N-terminal bölgeleri içindeki temaslar, yüksek dereceli oligomerler için önemlidir (Mani, Ramakrishna ve Suguna, 2015; Santhanagopalan vd., 2015).

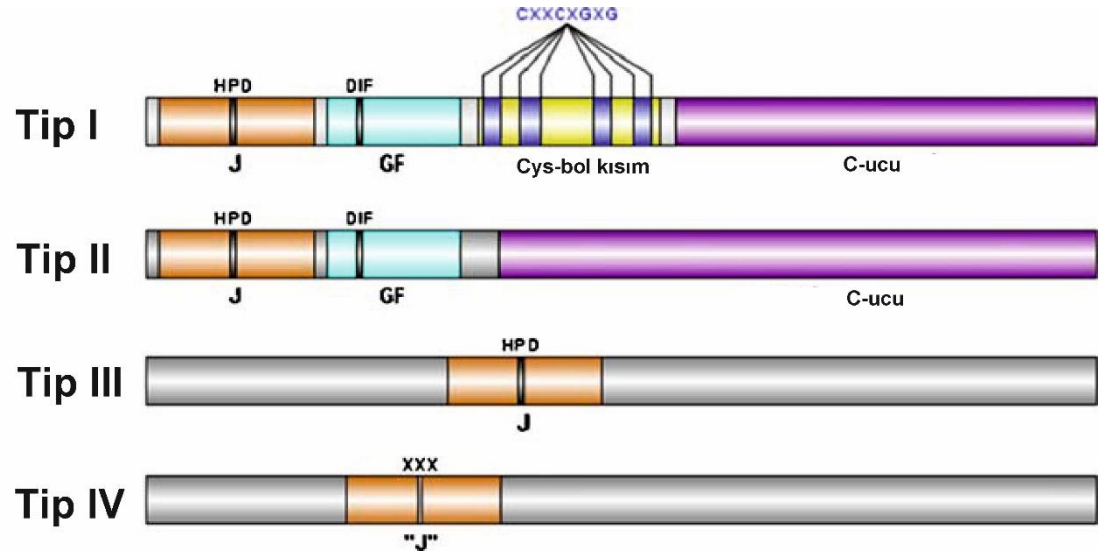
sHsp oligomerlerinin şaperonun aktif dimerik birimlerinin rezervuarı olarak hareket ettiği öne sürülmüştür (Hilton, Lioe, Stengel, Baldwin ve Benesch, 2012). Genel olarak, dört farklı düzenleyici uyaran vardır; (1) katlanmamış veya kısmen katlanmış substratların varlığı; (2) ortam sıcaklığındaki veya gerilimlerdeki değişiklikler; (3) fosforilasyon veya daha genel translasyon sonrası değişiklikler ve (4) sHsp'lerin birleşme/ayrışma dengesini etkileyen ve aktivasyonlarına yol açan hetero-oligomerlerin oluşumudur (Martin Haslbeck ve Vierling, 2015).

Genellikle oldukça kararlı sHps-substrat komplekslerinin oluşumuyla toplanmaya meyilli proteinleri stabilize ederler, ancak halihazırda toplanmış substratları kurtaramazlar. Bu nedenle, substrat proteinlerini aktif olarak yeniden katlayabilen Hsp70 gibi ATP'ye bağımlı kıvrımlara kıyasla sHsp'lere genellikle holdaz adı verilir (F. U. Hartl, Bracher ve Hayer-Hartl, 2011). Sonuçta, hücrenin protein homeostazı ağı içinde sHsp'ler, diğer ATP'ye bağımlı şaperon sistemleri protein homeostazını geri

yükleyene kadar onları geri dönüşü olmayan kümeleşmeden koruyan bir tampon sistemi olarak işlev görür (Martin Haslbeck ve Vierling, 2015). Bununla birlikte, substrat proteinlerinin bu sıkıca bağlanması ve kompleks oluşturmasının yanı sıra, birçok sHsp ek veya alternatif olarak substrat proteinlerini geçici olarak bağlayabilir. Substratlar daha sonra sHsp'den kendiliğinden salınır ve kendi başlarına veya ATP'ye bağımlı şaperonların yardımıyla yeniden katlanır (Lambert vd., 2013).

2.10.3 Isı Şoku Proteinleri 40 (Hsp40)

Hsp40, *Escherichia coli* DnaJ ile evrimsel süreç içerisinde yaklaşık 70 amino asitlik, yüksek oranda korunmuş J domainin varlığından dolayı J-proteinleri olarak adlandırılır ve moleküler yardımcı şaperonlar olarak işlev görür (Şekil 2.9). Bu J domaini, Hsp70 ATPaz aktivitesini indükler (Wall, Zylicz ve Georgopoulos, 1994) ve Hsp40'ın tüm üyelerinde bulunur.



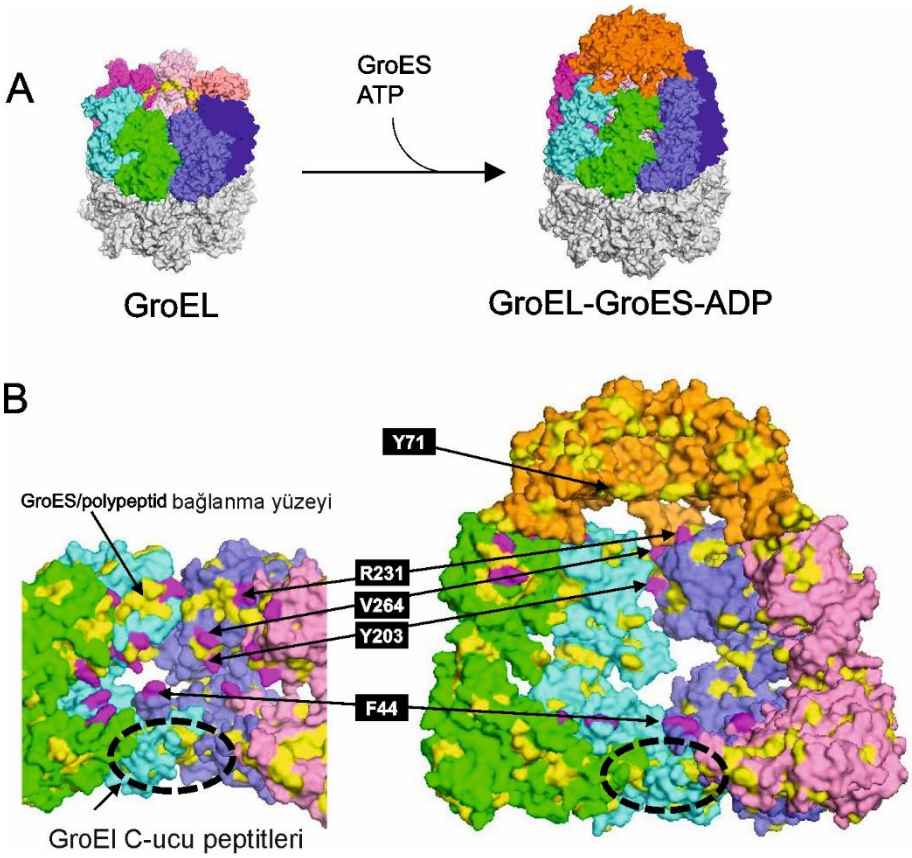
Şekil 2. 9 Hsp40/DnaJ proteinlerinin yapısal olarak sınıflandırılması (A. Asea vd., 2016)

Polipeptitler ile Hsp70 arasındaki kompleks oluşumu üç mekanizma ile kontrol edilir: Hsp40'ın özel polipeptit bağlama alanları (PPD'ler) Hsp70'e bağlanır ve Hsp70'e farklı polipeptitler iletilir (Cheetham ve Caplan, 1998), Hsp40 polipeptit-Hsp70 etkileşimini ATP'den ADP'ye hidrolizi yoluyla stabilize eder (K. Liberek, Marszalek, Ang, Georgopoulos ve Zylicz, 1991) ve hücresel bölme ile farklı bölgelerdeki benzersiz Hsp40 üyeleri, Hsp70-Hsp40 çiftleri arasında spesifik polipeptitlerin bağlanmasını belirler (Cyr ve Neupert, 1996). Hsp40 ve Hsp70 için substrat özgüllüğü ve bağlanma

afinitesi, farklı bölgelerde aynı protein ile ilişki kurdukları için farklılık gösterir (W. Han ve Christen, 2003). Hsp40, memeli sistemlerinde genellikle ERdj (veya ERj) olarak belirtilir. Memelilerde, çok farklı konsantrasyonlarda yedi ERdj (ERdj1 ila 7) tanımlanmıştır. ERdj'ler, bağlayıcı proteinlerin (BiP) alıcılar ile yakınlığını artırmanın yanı sıra alıcıların BiP'e dağıtımını düzenlemede ikili rol oynuyor gibi görünmektedir. ERdj3 önce yeni ortaya çıkan katlanmamış ve mutant salgı yolu proteinlerini bağlar ve daha sonra katlama ve montaj için BiP'yi üzerlerine alır. Yalnızca ER'de, yedi Hsp40 yardımcı şaperon, protein katlanmasını ve protein trafiğini düzenler (Melnyk, Rieger ve Zimmermann, 2015). ERdj3'e benzer şekilde HEDJ, BiP ile ATP'ye bağlı bir şekilde etkileşime girer ve aktivitesini uyarır. ERdj3 sadece hücreler içinde proteostaz sağlamakla kalmaz, aynı zamanda hücre dışı proteostazın düzenlenmesinde de rol oynar. Bitkilerde ERdj'lerin işlevi hakkında çok az bilgi vardır. Beş tip ERdj (P58, ERdj2, ERdj2A, ERdj3B ve ERdj7) tanımlanmıştır. ERdj3-Hsp40 ailesi glikoproteininin yeni bir üyesi, ER'de bulunur. BiP'nin ko-şaperonu olarak işlev gören stresle indüklenebilir bir ER DnaJ homologudur. Histidin, prolin ve aspartik asit kalıntıları (HPD motifi), ERdj3 işlevi için gereklidir (Ohta ve Takaiwa, 2014).

2.10.4 Isı Şoku Proteini 60 (Hsp60)

Moleküler şaperoninler, yeni sentezlenmiş proteinlerin katlanmasına yardımcı olan yüksek moleküler ağırlıklı silindirik komplekslerdir (Hemmingsen vd., 1988). Şaperonin terimi ilk olarak prokaryotlarda ve ökaryotların mitokondri ve plastidlerinde bulunan moleküler şaperonların bir sınıfı olan *E. coli* GroEL'e evrimsel olarak homolog olan proteinleri tanımlamak için önerilmiştir. Şaperoninlerin başlıca örnekleri, prokaryotik GroEL (Şekil 2.10) ve ökaryotik eşdeğeri Hsp60'tır (F.-U. Hartl, 1996).



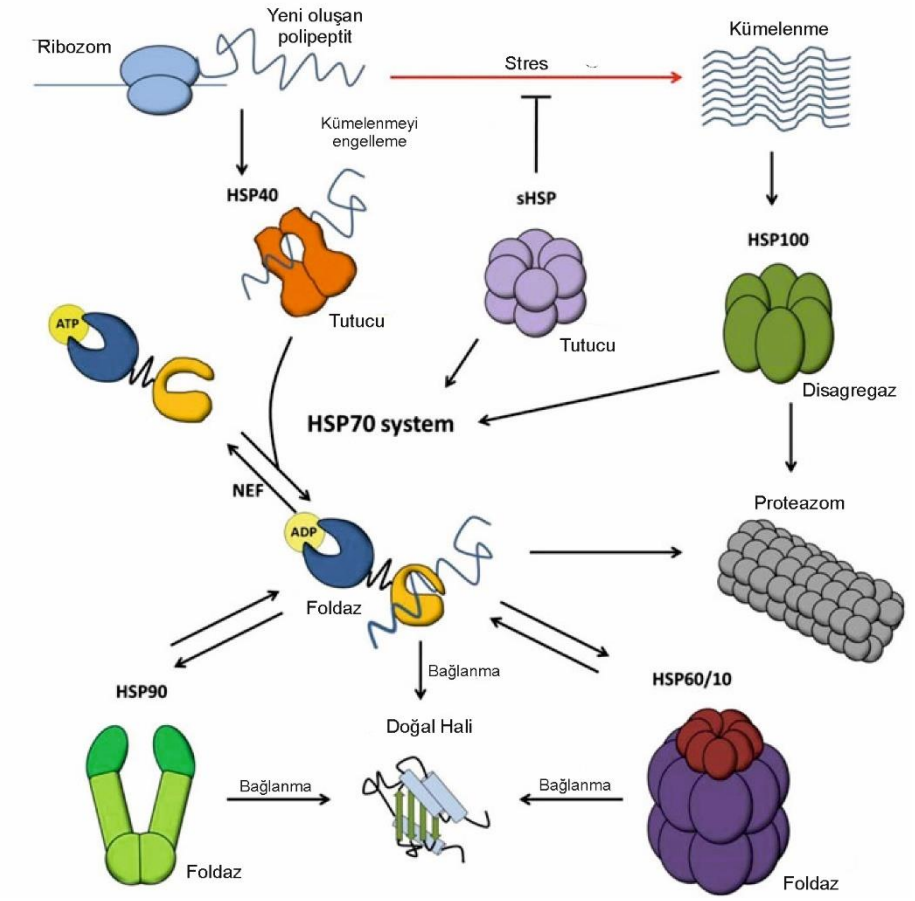
Şekil 2. 10 Hsp60 proteinin yapısı, GroEL X-ray kristal yapısı (A. A. A. Asea ve Kaur, 2018)

Hsp60 iki grupta sınıflandırılmaktadır. Tip I, büyük homo-oligomerik, tetradekamerik komplekslerde (kafes şeklinde iki heptamerik halka) bulunan, mitokondri ve kloroplastta bulunan Hsp60 ile tek bir heptamerik Hsp10 halkası tarafından oluşturulan bir kapaktan oluşmaktadır. Tip II sitoplazmiktir ve ~16 üyeli (halka başına sekiz veya dokuz üyesi olan) hetero-oligomerik kompleksler oluşturabilir, ancak koşaperon (co-şaperon) içermemektedirler. Tip I şaperonlar, ilk kez bu fotosentez proteininin katlanmasına yardımcı olarak tanımlandıkları için, ilk olarak Rubisco bağlayıcı protein olarak biliniyorlardı. Tip I ve II Hsp60 şaperonları arasındaki farkların yanı sıra, hepsinin alt birim organizasyonu benzerdir ve alt birim, silindirik üç boyutlu konformasyondaki halkalar içinde oluşan boşluktan dolayı yaygın olarak Anfinsen kafesi olarak adlandırılmaktadır (Boshoff, 2015; Hill ve Hemmingsen, 2001). Boşluğun merkezinde substrat bağlanması gerçekleşir, bu da yakın zamanda sentezlenmiş ve yanlış katlanmış polipeptidlerin verimli bir şekilde katlanmasını sağlamaktadır. Hsp60 sadece katlamayı kolaylaştırmakla kalmaz, aynı zamanda katlanmamış alt tabakaları bağlayarak topaklanmayı da önler. Hücresel

mekanizmalarda önemli rolü olan RNA şaperon aktivitesine sahip proteinler vardır (Semrad 2010). ATP tüketimi olmadan RNA'nın yanlış katlanmasını önlerler. Ek olarak, Hsp70 sisteminin yeni oluşan proteinleri katlamak için Hsp60 ailesi ile iş birliğinde önemli bir rolü vardır (Borges ve Ramos, 2005; F.-U. Hartl, 1996).

2.10.5 Isı Şoku Proteini (Hsp70)

Hsp70 (70 kDa), N-ucu bölgesinde (NBD) ATPase alanı (yaklaşık 44 kDa), merkezde substrat bağlama alanı (SBD) (yaklaşık 18 kDa) ve C-ucu bölgesinde (yaklaşık 10 kDa) kapak bölge olmak üzere üç bölgeden oluşmaktadır. N-ucu ATPase alanı, ATP'yi bağlar ve hidrolize eder; substrat alanı, pozitif yük ile yüklenmiş hidrofobik alana sahip farklı protein substratları ile etkileşime girer. C bölgesinin kapağı açılır ve substrat ile hidrojen ve iyonik bağlar oluşturarak substratın yerinde tutulmasına izin verir (Şekil 2.11) (W. Han ve Christen, 2003).



Şekil 2. 11 Hsp70 proteinin diğer Hsp proteinleri ile oluşturduğu Hsp70 sistemi (A. Asea vd., 2016)

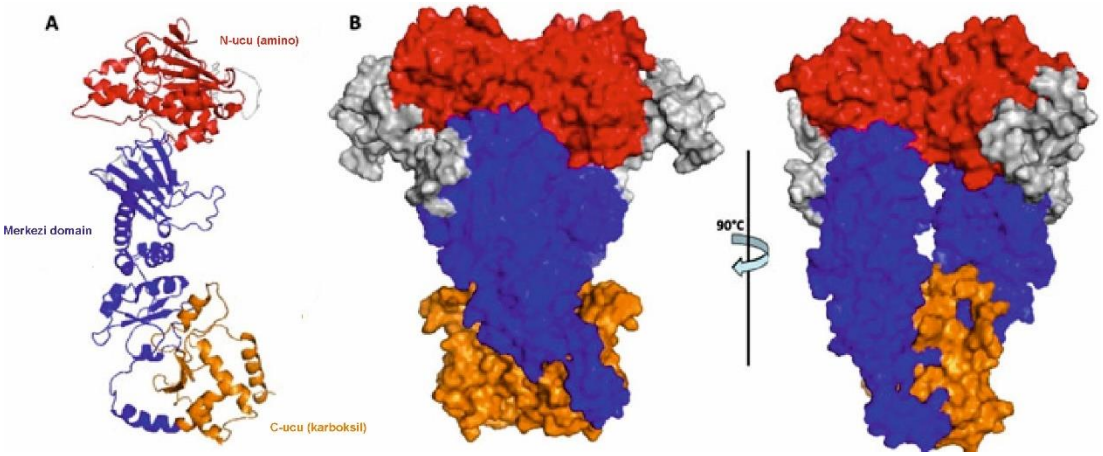
Memelilerde on bir farklı Hsp70 şaperon bulunur ve şu fonksiyonları sergiler: strese duyarlı sinyal yollarının düzenlenmesi, protein bozulması, protein ayrışması, protein katlanması ve proteinlerin zarlar boyunca yer değiştirmesi gibi protein dengesini sağlamaktadır (Kampinga ve Craig, 2010; Nillegoda ve Bukau, 2015). Hsp70 proteininin işleyişi için, J-domeini ve nükleotid değişim faktörü (NEF'ler) şeklinde iki yardımcı şaperon içerir. J alanının bağlanması, ATP'nin hidrolizini uyarır ve bu da substratın açıkta kalan hidrofobik bölgesini yakalar ve SBD'nin konformasyonunu bloke eder.

Hsp70 proteinleri, hücre altı bileşenlerde bulundukları yere göre belirli işlevleri yerine getirir. Bitkilerde Hsp70' çekirdek, sitozol, mitokondri, kloroplast ve ER'de rapor edilmiştir (Karlin ve Brocchieri, 1998). Nükleer Hsp70 DNA'yı hasarlardan korur, sitozolik Hsp70 protein agregasyonunu önler, *de novo* proteinlerin katlanmasına yardımcı olur (Cho ve Choi, 2009). ER ile ilgili Hsp70, genellikle lümen bağlayıcı Hsp70 veya BiP'ler öncüsü olarak bilinir ve katlanmamış protein tepkisi (UPR) ile ilişkilidir. Mitokondriyal Hsp70, protein translokasyonunda olduğu kadar mitokondriyal biyogenezde de işlev görür. Kloroplastik Hsp70, yüksek sıcaklık stresi sırasında foto-inhibisyona karşı koruma sağlar (Laufen vd., 1999).

2.10.6 Isı Şoku Proteini (Hsp90)

Hsp90 (90 kDa) proteinleri bakteri, maya, memeliler ve bitkiler dahil olmak üzere canlı organizmaların çoğunda yüksek oranda korunmuştur (Lutz Nover ve Miernyk, 2001). Hsp90 monomerinin üç alanı vardır: bir N-ucu ATP bağlama alanı; katlanacak proteini bağlar, ATP hidrolizi için esas olan bir merkezi hidrofobik ek bölge ve dimerizasyon için bir C-ucu sarmal motifidir (Şekil 2.12) (Prodromou, 2006). Bazı organizmaların Hsp90 proteinleri, ER ve mitokondride bulunabilir. Bitki Hsp90'ları sitozol, çekirdek, ER, mitokondri ve kloroplastlarda tespit edilmiştir. Hsp90 ekspresyonunun yalnızca yüksek sıcaklıkla değil, aynı zamanda fizyolojik olmayan pH, besin yoksunluğu, tuzluluk, yaralanma, UV radyasyonu, bakteriyel veya viral enfeksiyon ve diğer uyaranlarla da arttığı gözlemlenmiştir. Hsp90 proteinlerinin ana işlevleri, anahtar sinyal proteinlerinin yapımına, stabilizasyonuna, olgunlaşmasına ve

aktivasyonuna katılarak hücre canlılığını korumaktır (Conner, LaFayette, Nagao ve Key, 1990; Lutz Nover ve Miernyk, 2001).

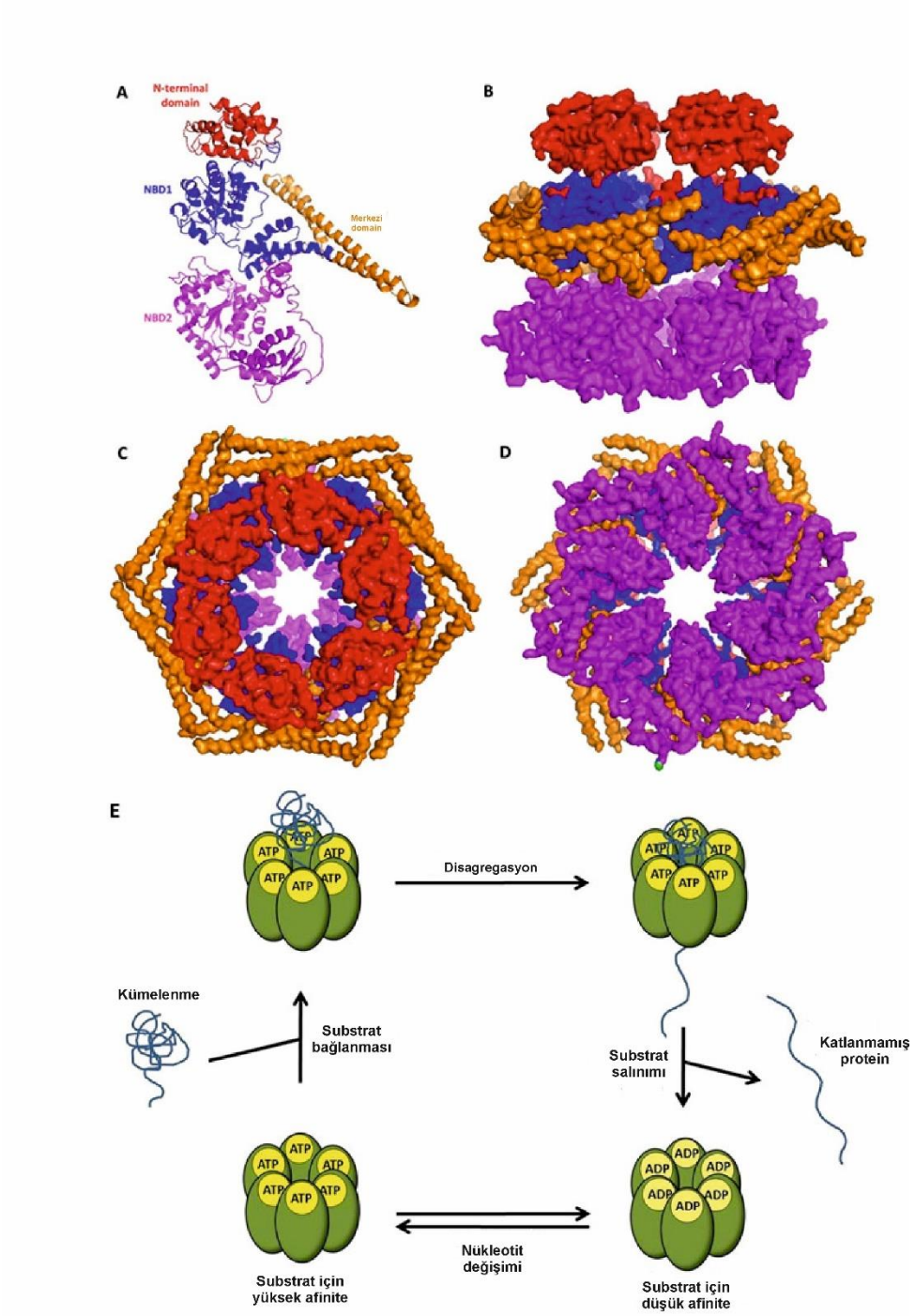


Şekil 2. 12 Hsp90 proteinin N-,C- ve merkezi domainleri ve üç boyutlu yapısı (A. A. A. Asea ve Kaur, 2018)

2.10.7 Isı Şoku Proteini 100 (Hsp100)

Hsp100/Clp, (100 kDa) geniş fonksiyonel özelliklere sahip büyük AAA ATPase süper ailesine ait hekzamerik protein ailesidir (M. Agarwal, Katiyar-Agarwal, Sahi, Gallie ve Grover, 2001; Keeler vd., 2000). Hsp100 ailesi iki ana sınıfa ve sekiz ayrı alt aileye ayrılmıştır. Birinci sınıfın (A-D) üyeleri iki nükleotid bağlama alanı (ATP bağlama alanları olarak da adlandırılır) içerirken, ikinci sınıftakiler (M, N, X, Y) yalnızca bir nükleotit bağlama alanına sahiptir (Schirmer, Glover, Singer ve Lindquist, 1996). Hsp100'lerin ısı stresine maruz kaldığında sitozol ve kloroplastlarda ekspresyonu olduğu ortaya çıkarılmıştır (Z Adam, vd., 2001). Protein agregasyonunu ve yanlış katlanmayı önlemeye yönelik düzenli şaperon işlevinin aksine, Hsp100/Clp ailesinin protein ayrışmasında ve/veya protein bozulmasında işlevsel bir rolü vardır (Şekil 2.13). Yanlış katlanma, denatürasyon veya agregasyondan kaynaklanan fonksiyonel olmayan ancak potansiyel olarak zararlı olan polipeptitlerin uzaklaştırılması, hücresel homeostazın korunması için önem arz etmektedir. Hsp100/Clp ailesi, kümelenmiş proteinin çözünmesini sağlar ve Hsp70 sisteminin yardımıyla yeniden katlanabilecek bir duruma getirip serbest halde bırakır (Zach Adam ve Clarke, 2002; Mittler, Finka ve Goloubinoff, 2012). Diğer birçok Hsp'ler/şaperon gibi, Hsp100/Clp aile şaperonları genellikle bitkilerde yapısal olarak ifade edilir, ancak ekspresyonları gelişimsel olarak

düzenlenir ve yüksek ve düşük sıcaklık, dehidrasyon ve yüksek tuz veya karanlık kaynaklı etiolasyon gibi farklı çevresel saldırılar tarafından uyarılırlar. Hsp100'lerin yüksek sıcaklık stresine maruz kaldığında sitozol ve kloroplastlarda ekspresyonu olduğu ortaya çıkar (Adam vd., 2001). Genetik kanıtlar, termo korumada bu protein ailesinin bir rolü olduğunu göstermektedir (Lee vd., 1994; Glover ve Lindquist 1998). Protein agregasyonunu ve yanlış katlanmayı önlemeye yönelik düzenli şaperon işlevinin aksine, Hsp100/Clp ailesinin protein ayrışmasında ve/veya protein bozulmasında işlevsel bir rolü vardır. Yanlış katlanma, denatürasyon veya agregasyondan kaynaklanan fonksiyonel olmayan ancak potansiyel olarak zararlı polipeptitlerin uzaklaştırılması, hücresel homeostazın korunması için önemlidir. Proteinleri kümeleşmeden kurtarmak için mekanizma aynı zamanda başka bir ATP'ye bağımlı şaperon sistemi olan Hsp70'in iş birliğini de içerir. Hsp100/Clp ailesi, kümelenmiş proteini çözündürür ve onu Hsp70 sisteminin yardımıyla yeniden katlanabilecek bir durumda serbest bırakır (Goloubinoff vd., 1999; Adam ve Clarke 2002)



Şekil 2. 13 (a) Hsp100 proteinin organizasyon modeli, (b-d) Hsp100 proteininin farklı açılardan iki boyutlu yapısı (e) Hsp100 porteininin disagregaz faaliyeti

3. LİTERATÜR ÖZETİ

Isı şoku proteinleri ilk keşfedildiklerinde, yüksek sıcaklık stresine karşı üretilen proteinler olarak düşünülse de (Ashburner ve Bonner, 1979) birçok organizmada farklı biyotik ve abiyotik stres uygulamalarında da bu protein domainin genlerinin ekspresyon seviyesinin artış gösterdiği görülmüştür (Süle vd., 2004). Birçok araştırmacı tarafından farklı organizmalarda Hsp proteinleri üzerine çalışmalar yapılmış, biyoinformatik analizler ile genom seviyesinde tür içerisindeki *Hsp* genlerinin ve proteinlerinin karakterizasyonu yapılmış ve stres uygulamaları ile organizmanın strese karşı korunma mekanizmasında hangi proteinlerin rol oynadığı belirlenmeye çalışılmıştır. Artan insan nüfusu ve beraberinde getirdiği olumsuz koşullardan olan kuraklık ve küresel seviyede artış gösteren sıcaklık stresi insanoğlunun önümüzdeki yıllarda beklediği en büyük problemlerden olmaya aday krizlerdir. Bu tür çalışmalar ile genom içerisinde bu stres koşullarına karşı dirençli genlerin tespiti sağlanarak literatüre katkı sağlanmaktadır.

Çalışma grubumuzun literatüre kazandırdığı bazı çalışmalarda da kavak, salatalık, karpuz ve hünnap bitkilerinde Hsp proteinleri tanımlanmış, karakterize edilmiş ve bazı abiyotik stres koşullarında gen ifadeleri incelenmiştir. Yer (2016), bir kavak ağacı *Populus trichocarpa* L. türünde dayanıklı ve hassas klonların, genom seviyesinde *Hsp* genlerinin karakterizasyonu ve bu genlerin kuraklık, tuz ve ağır metal stresleri altında ekspresyon seviyelerini belirlemişlerdir. Kuraklık stresi verilen gruplardan 10. gün sonunda, tuz stresi uygulamasında stres başlangıcı, 14. ve 28. günlerde, kadmiyum stresi verilen grupta ise 28. gün sonunda yaprak örnekleri alınmıştır. Sırası ile *sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90* ve *Hsp100* gen ailesi üyelerine ait 60, 145, 49, 34, 12 ve 90 adet gen tanımlanmıştır. Çalışmada biyoinformatik yöntemler kullanılarak korunmuş motif analizi, filogenetik ağaç, genlerin tanımlanması, ekzon-intron organizasyonu, proteinlerin tahmini üç boyutlu modellemeleri, Hsp transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların belirlenmesi, gen ontoloji analizleri, proteinlerin ortolog ilişkilerinin belirlenmesi ve homolog, homolog olmayan genlerin değişim oranlarının hesaplanması çalışmaları yapılmıştır. Hsp domainlerine ait biyoinformatik çalışmaların temelinde, belirlenen genlerin stres koşullarında göstermiş oldukları

ekspresyon seviyeleri, qPZR yöntemi ile incelenmiştir. Kuraklık stresi koşullarında *PtHsp70-16, PtHsp70-25, PtHsp70-26* ve *PtHsp70-33* genlerinin, tuzluluk stresinde, *PtsHsp-11, PtsHsp-21, PtsHsp-36, PtHsp40-113, PtHsp40-117, PtHsp60-31, PtHsp60-33, PtHsp60-38, PtHsp60-49, PtHsp70-09, PtHsp70-12, PtHsp70-25, PtHsp70-33, PtHsp90-09, PtHsp90-12, PtHsp100-22* ve *PtHsp100-71,* kadmiyum stresinde ise *PtsHsp-44, PtsHsp-54, PtHsp40-117, PtHsp60-06, PtHsp60-12, PtHsp70-21, PtHsp70-28, PtHsp90-02, PtHsp90-10, PtHsp100-22* ve *PtHsp100-71* genlerinin ifade seviyelerinin yüksek olduğu belirlenmiştir (Yer, 2017).

Salatalık, Türkiye'de hemen hemen tüm coğrafyalarda yetiştirilen, besin ve vitamin içeriği yönünden insan diyetinde önemli yere sahip olan bir bitkidir. Bitkinin genomunda yer alan altı Hsp protein ailesine sahip genler biyoinformatik yöntemler ile tanımlanmış olup, 100 µM absisik asit uygulaması (ABA), 200 mM konsantrasyonda NaCl stresi, %20 PEG 6000 ile kuraklık stresi, 50°C'de yüksek sıcaklık ve 10°C'de düşük sıcaklık stresi uygulanmıştır. Stres uygulamalarının sonucunda 1., 3., 6. ve 12. saatlerde kök ve yaprak dokularından örnekleme yapılmıştır. Gen ekspresyonu çalışmaları sonucunda *CssHsp-08, CsHsp40-70* ve *CsHsp70-06* genlerinin farklı stres koşullarında artış gösterdiği ve *CssHsp-08* geninin yüksek sıcaklık hariç tüm stres koşullarında artış göstererek, stres koşullarında önemli bir rol oynadığı tespit edilmiştir (Ünel, 2018).

Karpuz, ülkemizde birçok bölgede yetişmesine rağmen Diyarbakır ve Adana gibi mevsim normallerinin üzerinde bir sıcaklığa sahip şehirlerde yüksek üretim yapılan, hem yurt içi hem de yurt dışı ticareti yapılan ekonomik değeri yüksek olan bir meyvedir. Keleş (2018) karpuz genomunda yer alan tüm Hsp proteinlerine ait genlerin tespiti, karakterizasyonu ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres uygulamasında gen ifade analizlerinin değişimini çalışmıştır. Stres uygulaması sonrası, 0., 30. dakika, 1. saat ve 2. saat zaman dilimlerinde, karpuz bitkisine ait kök, sürgün, gövde ve yaprak dokularından alınan örneklerde gen ekspresyon analizi yapılmıştır. Altı adet gen tüm dokularda analiz edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık stres uygulamalarında, kök ve yaprak dokularına ait genlerin çoğunun ilk yarım saat hızlı bir artışı tespit edilirken daha sonra ifadenin azaldığı, sürgün ve gövde dokularında genlerin ilk 30 dakika artış gösterdiği, ilk saat sonunda ekspresyonunun azaldığı ve 2. saatte ise tekrar artışa

geçtiği belirlenmiştir. *ClaHsp100-67* geninin tüm dokularda stresin ilk yarım saatlik diliminde hızlı bir artış gösterdiği ve bu genin strese karşı erken yanıt geni olabileceği belirtilmiştir (Keleş, 2018).

Ceylan vd. (2021), hünnap bitkisinde Hsp protein ailesinin genomik ve fonksiyonel karakterizasyonu çalışmalarında sırası ile *sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90* ve *Hsp100* genlerinden 72, 174, 39, 21, 6 ve 162 gen tespit etmiştir (Ceylan, Ceylan, Altunoğlu ve Baloğlu, 2021).

Portakal bitkisinde yapılan genom çapında Hsp proteinlerinin belirlenmesi ve karakterize edilmesi çalışmasında *Hsp10*'dan 4, *Hsp20*'den 54, *Hsp40'*tan 5, *Hsp60'*tan 25, *Hsp70'*ten 25, *Hsp90'*dan 6 genin tespiti ve analizi yapılmıştır. *Hsp100* için ise herhangi bir tespit yapılamamıştır (Shafqat vd., 2020).

Çay bitkisi (*Camellia sinensis* L. Kuntze) genomunda yer alan sHsp, Hsp70 ve Hsp90 proteinlerinin karakterizasyonu ve kuraklık (%20 PEG 6000) ve yüksek sıcaklık (40°C) streslerine karşı gen ekspresyon seviyelerinin belirlenmesi çalışması için bitkinin kökü, gövdesi, yaprağı ve çiçekleri kullanılmıştır. *Hsp70* genleri arasından 12 genin yüksek sıcaklık stresi boyunca ekspresyon seviyelerinin arttığı, 5 genin stresin erken aşamalarında artış gösterdiği tespit edilirken, son aşamada ise ekspresyonlarının azaldığı belirlenmiştir. *sHsp* genlerinde ise 18 genin ekspresyonunun önemli bir şekilde artış gösterdiği ve hatta bazı genlerin 2. ve 24. saatlerde dahi çok yüksek seviyede tutulduğu belirtilmiştir. *Hsp90* genleri için ise 2. ve 24. saatte ekspresyonlarının zayıf olmasına karşın, diğer zaman dilimlerinde artan bir grafik çizdikleri belirtilmiştir (J. Chen vd., 2018).

Cin darısı, ağırlıklı olarak kurak ve yarı kurak bölgelerde gıda ve yem için yetiştirilen ve C_4 fotosentetik özelliğine sahip bitkisi olması nedeni ile de doğal olarak abiyotik stres koşullarına dayanıklı bir bitkidir. Gıda olarak üretilmesinin yanında biyoyakıt potansiyeline sahip olması da bitkinin tarımını teşvik etmektedir. 250 mM NaCl, %20 PEG 6000, 4°C ve 45°C koşullarında sırası ile tuz, kuraklık, yüksek ve düşük sıcaklık stresi ile muamele edilen bitkilerin gövde ve yapraklarından, 1., 6. ve 24. saatlerde örnekler alınmıştır. RNA-seq yöntemi ile tespit edilen 113 genden, özellikle *SiHsp60*

ailesinin tüm dokularda kuraklık stresine karşı diğer gruplara nazaran daha yüksek ifade edildiği belirlenmiştir. Yaprak dokusunda *SisHsp* genlerinin yüksek sıcaklık stresinin erken safhalarında daha fazla ifade edildiği gözlenmiştir. Tuz stresinde, hassas çeşit ile dayanıklı çeşit kıyaslandığında, *SiHsp* genlerinin ekspresyon profilinin hem gövde hem de yaprakta tek tip olarak indüklendiği görülmüştür. Düşük sıcaklık stresinde ise hemen hemen tüm *Hsp* genlerinin yüksek ekspresyon profili gösterdiği ve hassas çeşidin gövde dokusunda yüksek ekpresyon gösteren gen sayısının, yapraktaki gen sayısından fazla olduğu saptanmıştır (Singh vd., 2016).

Yüksek sıcaklık stresine karşı hassas ve duyarlı iki patlıcan (*Solanum melongema* L.) çeşidi üzerine yapılan yüksek sıcaklık stresi uygulamasının, 0. ve 6. saati sonunda örnekleme yapılmıştır. Patlıcan genomunda var olan, *HSF, Hsp20, Hsp60, Hsp70, Hsp90* ve *Hsp100* proteinleri ve bunları kodlayan ait genlerin biyoinformatik analizleri gerçekleştirilmiş, sırası ile 22, 27, 18, 19, 7 ve 8 gen bulunmuştur. Yüksek sıcaklık stresine duyarlı çeşitte, hassas çeşide göre ekspresyon seviyesinin çok daha fazla artış gösterdiği belirlenmiştir (Gong vd., 2021). *Solanum* cinsi üyelerinden bir diğer tür olan patates (*Solanum tuberosum* L.) bitkisinde genom seviyesinde HSF analizi yapılmıştır. HSF'ler biyotik ve abiyotik stres koşullarına cevap mekanizmasında sinyal iletim zincirinin çok önemli bir bileşenidirler. *Hsp* genlerinin promotör bölgelerine, HSF ve ısı şoku elementleri (HSE) beraber bağlanarak *Hsp* genlerinin transkripsiyonunu düzenlemektedirler. 35°C, 4°C ve %3'lük PEG 6000 ile sırası ile yüksek sıcaklık, düşük sıcaklık ve kuraklık stresi uygulamaları yapılmıştır. Stres uygulamasını takiben 0., 2., 6. ve 24. saatlerde örnekler hasat edilmiştir. *StHsf004, StHsf007* ve *StHsf012* genlerinin tüm stres uygulamalarında düzenli artış gösterdiği belirtilmiştir (R. Tang vd., 2016).

Marul (*Lactuca sativa* L.) bitkisi genomunda yer alan HSF ve Hsp proteinlerinin tespiti, karakterizasyonu, yüksek yoğunlukta ışık ve UV ışık stresi koşullarında gen ekspresyonunun incelendiği bir çalışmada 32 *HSF*, 32 *sHsp*, 22 *Hsp60*, 64 *Hsp70*, 7 *Hsp90* ve 8 *Hsp100* geni tespit edilmiştir. *HSF* genlerinin hem yüksek yoğunluklu ışık hem de UV stresi altında gen ekspresyonunun aşağı doğru regüle olduğu, *LsHsfC1* geninin ise UV stresinde ekspresyonunun arttığı belirlenmiştir. *Hsp60* genlerinin çoğunun ekspresyonu artış gösterirken, ilginç olarak, *Hsp90* ve *Hsp100* genleri

ekspresyonu her iki stres koşulu altında da değişmemiştir. *LcHsp70* genlerinin ekspresyonu ise yüksek artış sergilemiştir. Hsp70 proteinlerinin sitozolde bol miktarda bulunması ve yüksek yoğunluklu ışığın, elektron taşıma sistemine vermiş olduğu zararın iyileştirilmesi aşamasında görev almalarından dolayı ekspresyonunun artış gösterdiği düşünülmektedir (T. Kim vd., 2021).

Hem gıda olarak hem de birçok çalışmada model organizma olarak kullanılan mısır (*Zea mays* L.) bitkisi genomunda yer alan *HSF* genlerinin tanımlanması, karakterizasyonu ve yüksek sıcaklık stresine (0. ve 1. saat) karşı gen ekspresyonlarının belirlendiği çalışmada, 25 *ZmHsf* geninin tespiti yapılıp analiz edilmiştir. Yirmi iki *HSF* geninin ekpresyon aktivitesi gösterdiği tespit edilmiştir. On iki *HSF* geninin stres koşullarında iki kattan daha fazla olacak şekilde ekspresyon seviyesinin arttığı gözlemlenmiştir (Y. X. Lin vd., 2011). Bir diğer önemli bitki de soya fasulyedir. Soya hem gıda hem ilaç hem de biyoyakıt endüstrisinde yüksek değere sahip bir bitkidir. Soya fasulyesi ile yapılan çalışmada *HSF* genleri tanımlanmış ve karakterize edilmiştir. Ayrıca çalışmada, yüksek sıcaklık (45°C), düşük sıcaklık (4°C), kuraklık ve tuz (100 mmol/L) stresi uygulamaları yapılarak belirlenen *HSF* genlerinin ekspresyon seviyeleri analiz edilmiştir. *GmHsf12, GmHsf28, GmHsf34, GmHsf35* ve *GmHsf47* genlerinin yüksek sıcaklık stresi altında güçlü bir şekilde yukarı regülasyon gösterdiği belirlenmiştir. Bu genlerin ifadesinin ilk 3 saatte yüksek bir artış gösterdiği daha sonra ise *GmHsf12* ve *GmHsf35* genleri dışındakilerin 6. saatte ekspresyonlarının azaldığı görülmüştür. Düşük sıcaklık stresinde sadece *GmHsf35* geninin yüksek regülasyon gösterdiği, tuzluluk stresinde ise genlerin çoğunlukla 24. saatte yüksek regülasyon gösterdiği belirlenmiştir. Kuraklık stresinde ise sadece *GmHsf47* geninin 24. saatte gen ifade seviyesinin artış gösterdiği belirlenmiştir (Chung, Kim ve Lee, 2013).

Literatürde ayçiçeği ile yapılmış genom düzeyinde bazı çalışmalar mevcuttur. Bir yağlı tohum bitkisi olan ayçiçeğinin yağ asidi desaturaz (FAD) genlerinin tanımlanması, karakterizasyonu ve kuraklık stresi (%10 PEG 6000) altında belirlenen bazı genlerinin ekspresyon seviyeleri çalışılmıştır. Çalışmada kuraklığa dirençli Saray çeşidi ile hassas Turay çeşidi kullanılmıştır. Stres uygulaması sonucunda 0., 3., 12. ve 24. saatlerde kök ve yapraklardan örnek hasadı yapılmıştır (Celik Altunoglu vd.,

2018). Transkripsiyon faktörleri (TF), gen ekspresyonlarının temel düzenleyicileridirler. Büyüme düzenleyici faktör (Growth-regulating factor; GRF) ailesi, hücre proliferasyonunu ve genişlemesini düzenleme işlevlerine uygun olarak, genellikle büyüyen dokularda olgun bölgelere göre daha fazladır. Yapılan bir çalışmada ayçiçeği bitkisinde *GRF* genleri tespit edilmiş ve tuz (200 mM), kuraklık (%15 PEG), absisik asit (0,2 mM) ve giberellik asit (1 mM) uygulamaları yapılarak 0., 3., 6., 12. ve 24. saatlerde hasat işlemi yapılmıştır. Valin-glutamin (VQ) protein ailesi yüksek oranda korunmuş dipeptit gen dizisi nedeni ile *VQ* olarak da adlandırılmakta ve bitki büyümesi, gelişmesi sırasında ve biyotik ve abiyotik stres koşullarında düzenleyici rol oynamaktadır. Kuraklık (%15 PEG 6000) ve tuz (200 mM NaCl) stres koşulları altında yetiştirilen ayçiçeği bitkisine ait yirmi *VQ* geninin ekspresyon seviyeleri araştırılmıştır (Ma vd., 2021). Transkripsiyon faktörleri ailesinden olan miyeloblastomatoz (MYB) ailesinin, biyotik ve abiyotik stres faktörlerine karşı bitkinin oluşturacağı yanıtların düzenlenmesi, tohum gelişimi, gibi görevleri bulunmaktadır. Li ve ark. (2020), ayçiçeğinde bulunan *MYB* genlerinin tanımlanması ve karekterizasyonu analizlerinin yanında, kuraklık (%10 ve %20 PEG 6000) ve tuz (150 mM ve 300 mM NaCl) stres koşullarında, genlerin ekspresyon seviyelerini analiz etmişlerdir (J. Li vd., 2020). Kumar ve ark. (1999) tarafından yapılan çalışmada ayçiçeği fidelerine 35°C'de 4 saat, 40°C'de 4 saat ve 45°C'de 4 saat olmak üzere kademeli bir sıcaklık uygulaması yapılmıştır. SDS-PAGE analizi yapılarak kontrol grubu ve yüksek sıcaklık stresi uygulanan örneklerin protein profili incelendiğinde HSP 18.1, HSP 90 ve HSP 104 proteinlerinin kontrol grubu ile kıyaslandığında daha kalın bant profiline sahip oldukları tespit edilmiştir (G. Kumar vd., 1999). Ortalama sıcaklık farkı yaklaşık 8 derece olan iki farklı lokasyondan toplanan Asteraceae familyası türlerinden olan *Emilia sonchifolia* L. ve *Sphagneticola trilobata* L. bitkilerinin Hsp70 geni incelendiğinde 65. nükleotid bazının, normal sıcaklıkta yetişenlerde timin, yüksek sıcaklığa maruz kalanlarda ise sitozin olduğu belirlenmiştir. Çalışmada kullanılan örneklerin aynı peptit dizisine sahip proteini ürettikleri belirlenmiştir. 65. bazdaki farkın ise proteinin yapısını ve işlevini etkilemediği düşünülse de, mRNA etkinliğini veya transkripsiyonu etkilediği düşünülmektedir (Syadewi, Salamah, Maryanto ve Andayani, 2021).

Bitkiler doğal ortamlarında birçok biyotik ve abiyotik stres faktörleri ile mücadele etmek zorundadırlar ve sesil organizmalar olmaları nedeni ile stres faktörlerine karşı birçok protein ailesi bitki savunmasında görev almaktadır. HSF ve Hsp protein aileleri bitkiler için hayati öneme sahip olup, bitki savunmasında rol oynamaktadırlar. Bitkilerde özellikle stres koşullarında, ifadesi yüksek oranda değişen HSF ve Hsp proteinlerinin tanımlanması, bitkilerin stres savunma mekanizmalarının anlaşılmasına katkı sağlayacaktır. Ayçiçeği genomunda yer alan HSF ve Hsp proteinlerinin tanımlanması ve karakterizasyonuna ait literatürde herhangi bir çalışma bulunmamaktadır. Ayçiçeği hem dünyada hem de ülkemizde tarımı ve ekonomisi büyük bir önem sahip olan yağlı tohumlu bitkilerdendir. Çalışmamızda, ayçiçeğinde bulunan HSF ve Hsp proteinlerinin biyoinformatik yöntemler ile tanımlanması ve bu genlere ait transkriptom verilerinden seçilen genlerin ifade analizlerini inceleyerek, stres koşullarında bitki savunmasında rol oynayan genlerin tespit edilmesi amaçlanmıştır. Tez çalışmamız iki bölümden meydana gelmektedir. İlk bölümde ayçiçeği genomunda yer alan *HSF* ve *Hsp* genleri tanımlanmış, kromozomlar üzerinde dağılımları, genlerin organizasyonu, filogenetik ilişkileri, korunmuş motif bölgeleri, gen ontoloji analizleri, protein-protein ilişki haritaları, proteinlere ait tahmini üç boyutlu modellemeleri, genleri hedef alan miRNA gruplarının belirlenmesi, tandem ve segmental duplikasyonların hesaplanması ve birbirlerinden ayrılma oranlarının belirlenmesi, ve başka türler ile olan ortolog ilişkilerinin belirlenmesi amaçlanmıştır. Tezin ikinci bölümünde ise açık veri tabanlarından elde edilen veriler doğrultusunda belirlenen ayçiçeği *HSF* (*HanHSF*) ve *Hsp* (*HanHsp*) genlerine ait gen ifadesi ısı haritaları oluşturulmuş ve gen ifade seviyelerine bakılarak potansiyel dirençli gen adayları tespit edilmiştir. Çalışma ekibimizin daha önceki çalışmalarından elde edilen veriler doğrultusunda *Hsp* genlerinin ifadesinin, stres ile muamele edildikten sonra ilk saatlerde artış gösterdiği tespit edilmiştir. Ayrıca yaprak dokusu dışında örneklemelerde gen ifadesinin genellikle değişkenlik göstermediği gözlendiğinden çalışmamızda yaprak dokusu kullanılmış olup, stres uygulaması sonrası örneklemelerin, 30. dakika, 1. saat ve 2. saatlerde yapılmasına karar verilmiştir. Çalışmada Saray ve Turay çeşitlerine ait ayçiçeği bitkileri yetiştirilerek, yüksek sıcaklık, kuraklık, ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi uygulamaları altında belirlenen gen adaylarının ifade profilleri incelenmiştir.

4. MATERYAL ve YÖNTEM

4.1 HSF ve Hsp Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

4.1.1 Ayçiçeği Genomunda *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Belirlenmesi

Öncelikle ayçiçeği (*Helianthus annus* L.) bitkisinin genom bilgileri NCBI (National Center Biotechnology Information) sayfasından (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCF_002127325.2#/st) indirilerek CLC Workbench platformuna kaydedilmiştir. Daha sonra ayçiçeği genomunda yer alan olası *HSF* ve *Hsps* genlerini belirlemek amacı ile ısı şoku proteinlerine ait bir veri tabanı olan "Heat Shock Protein Database Information Resource" (HSPIR) (http://pdslab.biochem.iisc.ernet.in/hspir/) (R. R. Kumar vd., 2012) veri tabanı kullanılarak çalışma yapılana kadar olan sürede bitkilerde tespit edilmiş olan HSF, sHsp, Hsp40, Hsp60, Hsp70, Hsp90 ve Hsp100 protein ailelerinin peptid dizileri indirilmiş ve CLC Workbench platformuna yüklenmiştir. Bu diziler daha sonra CLC Workbench platformunda BLASTP sorgusu kullanılarak The Hidden Markov Model (HMM) istatistik modeli ile ayçiçeği genomunda yer alan tüm proteinler ile karşılaştırılmıştır. Oluşan istatistiksel eşleşmeler sonucu beklenti değeri 50 ve üzeri ($\geq e^{-50}$) ve benzerlik değeri ise 60 ve üzeri (≥ 60) koşullarını sağlayan eşleşmeler anlamlı eşleşmeler olarak kabul edilmiş ve kayıt altına alınmıştır. Bununla birlikte ayçiçeği genomunda tayin edilen olası HSF ve Hsp protein dizilerini teyit etmek amacı ile NCBI (National Center for Biotechnology Information) veri tabanı kullanılarak tekrar BLASTP sorgusu uygulanmıştır. Elde edilen karşılaştırma sonucu meydana gelen iki tablo birleştirilerek tekrar eden diziler çıkartılmış ve ayçiçeğine ait muhtemel ısı şoku proteinleri belirlenmiştir. Belirlenen HSF ve Hsp proteinlerinin başlangıç, bitiş kodonları ve genin bulunduğu kromozomu belirlemek amacı ile Genome Data Viewer (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/gdv/) çevrim içi aracı kullanılarak, sıralama yapılmış ve protein dizileri, cds dizileri ve genomik dizileri de bu sıraya uygun olarak düzenlenmiştir.

Belirlenen HSF ve Hsp proteinlerinin molekül ağırlığı, izoelektronik noktası, stabilitesi, amino asit uzunluğu gibi karakteristik özellikleri Expasy PROTPARAM

(https://web.expasy.org/protparam/) çevrim içi aracına yüklenen peptid sekansları ile belirlenmiştir.

4.1.2 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi

Ayçiçeği genomunda belirlenen HSF ve Hsp proteinlerini kodlayan genlerin bulunduğu kromozomu belirlemek amacı ile Genome Data Viewer (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/gdv/) çevrim içi aracı kullanılmıştır. Elde edilen tablo doğrultusunda genlerin kromozomal yerleşimlerinin görselleştirilmesi amacı ile MapChart yazılımı kullanılmıştır (Voorrips, 2002).

4.1.3 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Gen Yapısının Tahmini

Ayçiçeği genomunda tespit edilen *HSF* ve *Hsp* genlerinde kodlanan (ekzon) ve kodlanmayan (intron) bölgelerin tespiti amacı ile GSDS-Gene Structure Display Server 2.0 (http://gsds.gao-lab.org/) çevrim içi aracı kullanılmıştır (B. Hu vd., 2015).

4.1.4 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Fonsksiyonel Dizi Hizalamaları ve Filogenetik Analizler

Ayçiçeği bitkisinde bulunan HSF ve Hsp proteinlerine ait amino asit dizileri MEGAX (S. Kumar, Stecher, Li, Knyaz ve Tamura, 2018) programına yüklenmiş, ClustalW (Larkin vd., 2007) algoritması kullanılarak dizi hizalamaları yapılmıştır. Hizalaması yapılan tüm diziler seçilerek "Maksimum Benzerlik" (Maximum Likelihood) metodu kullanılmış, maksimum benzerlik değeri 1000 tekrarlı (bootstrap) analizleri ile filogenetik ağacı oluşturulmuştur. Çizilen ağaçların "newick" formatları kullanılarak iTOL (Intereactive Tree of Life) veri tabanında filogenetik ağaçların görselleştirmesi yapılmıştır (Letunic ve Bork, 2007).

4.1.5 Evrimsel Süreç Boyunca Korunmuş Motiflerin Belirlenmesi

HSF ve Hsp proteinlerine ait amino asit dizileri arasındaki korunmuş motiflerin belirlenmesinde Multiple Em for Motif Elicitation (MEME) (https://meme-

suite.org/meme/tools/meme) çevrim içi aracı kullanılmış olup, korunmuş motiflerin tanımlanmasında en fazla 10 adet motif seçilmiştir (Bailey vd., 2009).

4.1.6 Gen Ontoloji Analizleri

Ayçiçeği HSF ve Hsp proteinlerinin moleküler fonksiyonlarını, hücredeki yerleşimlerini ve hangi biyolojik süreçlerde rol aldıklarını belirlemek amacı ile OmicsBOX (Conesa ve Götz, 2008) programı kullanılmıştır.

4.1.7 HSF ve Hsp Proteinlerinin Üç Boyutlu (3D) Homoloji Modellemeleri

Ayçiçeği HSF ve Hsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu protein yapılarının modellenmesinde Protein Homology/analogY Recognation Engine V (http://www.sbg.bio.ic.ac.uk/phyre2/html/page.cgi?id=index) veri tabanı kullanılmıştır (Kelley, Mezulis, Yates, Wass ve Sternberg, 2015). HSF ve Hsp proteinlerine ait peptid dizileri PDB veri tabanında taranarak önceki çalışmalarda yapıları deneyler sonucu belirlenen proteinlerle normal mod ile modellendirilmiştir. Elde edilen peptid dizi karşılaştırmaları sonucunda hem güven (confidence) hem de benzerlik (identity) değerleri ≥%80 ve üzeri olan sonuçlar kabul edilmiştir.

4.1.8 Protein-protein Etkileşimleri

Ayçiçeği HSF ve Hsp proteinlerinin kendi aralarındaki ve diğer organizma proteinleri ile etkileşimlerini belirlemek amacı ile STRING (https://string-db.org/cgi/input?sessionId=bztca4fzCHJU&input_page_show_search=on) veri tabanı kullanılmıştır (Mering, 2003). HSF ve Hsp proteinlerine ait amino asit dizileri veri tabanına yüklenmiş ve veri tabanından *H. annuus* L. seçilmiştir. Elde edilen sonuçlar doğrultusunda proteinlerin birbiri ile tahmini ilişkileri belirlenmiştir.

4.1.9 *HSF* ve *Hsp* Genlerini Hedefleyen miRNA'ların *in-silico* Belirlenmesi

Ayçiçeği genomunda yer alan *HSF* ve *Hsp* genleri transkriptlerini hedefleyen miRNA'ların tespit edilmesinde miRBase v22.1 (Kozomara ve Griffiths-Jones, 2014) (https://www.mirbase.org/index.shtml) veri tabanı ile önceki çalışmalarda belirlenmiş

olan, bitki gen transkriptlerini hedef alan miRNA dizileri kullanılmıştır. psRNA Target Server (https://www.zhaolab.org/psRNATarget/) çevrim içi aracı (Dai, Zhuang ve Zhao, 2018) kullanılarak, elde edilen miRNA dizileri ve bu dizilerin hedeflediği ayçiçeği HSF ve Hsp proteinlerinin transkriptleri belirlenmiştir.

4.1.10 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Ortolog İlişkilerinin Belirlenmesi

Ayçiçeği bitkisine ait *HSF* ve *Hsp* genlerinin *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), çeltik (*Oryza sativa*), kavak (*Populus trichocarpa*) ve mısır (*Zea mays*) bitkileri ile ortolog ilişkilerinin ortaya çıkarılması amacı ile BLASTP algoritması kullanılmıştır. Benzerlik gösteren diziler e=0 beklenti değeri ve ≥%80 benzerlik ölçütlerine göre tespit edilmiştir.

4.1.11 *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

Arabidopsis (*Arabidopsis thaliana*), çeltik (*Oryza sativa*), kavak (*Populus trichocarpa*) ve mısır (*Zea mays*) model organizmaları ile ayçiçeği HSF ve Hsp peptid dizileri, Clustal Omega (https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/) çevrim içi aracı ile hizalanmıştır (Sievers vd., 2011). Elde edilen Clustal Omega sonuçları, hizalaması yapılan protein ile ilgili gene ait genomik ya da mRNA dizileri PAL2NAL (Suyama, Torrents ve Bork, 2006) çevrim içi aracına aktarılmıştır. Ayrılma oranları hesaplanan iki gene ait Ka (Homolog olmayan) ve Ks (Homolog) değerleri $T=Ks/2\lambda$ ($\lambda=6,5x10^{-9}$) formülü ile hesaplanmış ve gen çiftlerinin ayrılma süreleri milyon yıl önce (MYÖ) değeri olarak belirlenmiştir (Lynch ve Conery, 2000).

4.1.12 Tandem ve Segmental Duplikasyonlarının Hesaplanması

HSF ve *Hsp* genlerinin tandem ve segmental analizlerini yapmak amacı ile filogenetik ağacın aynı bölümünde yer alan genler, ortak paralog genler olarak tanımlanmıştır. Paralog genler duplike kromozomlarda yer alıyor ise segmental, iki gen aynı kromozom üzerinde yer alıyor ise tandem gen olarak tanımlanmaktadır (Ünel, 2018). *HSF* ve *Hsp* genlerine ait cds dizileri http://services.cbu.uib.no/tools/kaks veri

tabanına yüklenmiş olup elde edilen sonuçlar filogenetik ağaçlar ile kontrol edilerek, genler arası segmental ve tandem ilişki ortaya konulmuştur.

4.2 Transkriptom ve Gen İfadesi Analizleri

4.2.1 Çalışmalarda Kullanılan Sarf Malzemeler

Çalışmamızda kullanılan sarf malzemeler ve kitler aşağıda verilmiştir.

- Agaroz (Applichem, Almanya)
- DNA Yükleme Boyası (6X) (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- EDTA (Applichem, Almanya)
- Etanol (Kimetsan, Türkiye)
- Hoagland (Phyto Techology Laboratories, ABD)
- İzopropanol (Applichem, Almanya)
- Kloroform (Applichem, Almanya)
- Markör, GeneRuler 100 bp (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- Polietilen Glikol 6000 (Applichem, Almanya)
- PZR reaksiyon tüpü (Greiner bio-one, ABD)
- RedSafe™ (Intron Biotechology, Güney Kore)
- RiboEx Toplam RNA Reaktifi (GeneAll, Güney Kore)
- Sıvı azot

- Tris (Applichem, Almanya)
- DNase I (Thermo Fisher Scientific, ABD)
- iScript™ cDNA Sentez Kiti (Biorad, ABD)
- SsoAdvanced™ Universal SYBR® Green Supermix (Biorad, ABD)

4.2.2 Çalışmada Kullanılan Cihazlar

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

- pH metre (Jenco Quality Instruments, Çin)
- Real-time PZR (Rotor-Gene, Qiagen, Almanya)
- Spektrofotometre Nano Drop (Thermo Sci. Multiskan go, Finlandiya)
- Soğutmalı Santrifüj (Hetrich Micro 220/220R, Almanya)
- Steril kabin Class II (Tezsan, Türkiye))
- Bitki büyütme kabini (Protek Lab, Türkiye)
- Test kabini TK252 (Nüve, Türkiye)
- Thermal Cycler Isı bloğu (Thermo, ABD)
- Thermo-Shaker (Biosan Ts-100, Letonya)
- UV Table Manuel (Prizma, Fransa)
- Vorteks (Wisd Laboratory Instruments, Kore)

4.2.3 Transkripton Verileri Kullanılarak Ayçiçeği *HSF* ve *Hsp* Genlerinin İfade Profillerinin Çıkarılması

Ayçiçeği bitkisindeki *HSF* ve *Hsp* genlerinin ifade analizlerini inceleyebilmek için transkriptom verileri kullanılmıştır. Bu amaçla daha önce bitmiş projelere ait biyolojik dizilerin kaydedildiği SRA (Sequence Read Archive, https://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra) açık veri bankası arşivinden çalışmamıza uygun olan Illimuna HiSeq okumaları RNA-Seq analizinde kullanılmak üzere ".sra" uzantısında indirilmiştir. Yapılan taramalar sonucunda PRJNA483306, PRJNA398727 ve PRJNA632976 proje numaralarına ait SRA dataları (.sra ham dizi verisi) indirilmiş (Tablo 4.1) ve NCBI SRA Toolkit'in fastq-dump komutuyla "fastq" formatına dönüştürülmüştür. Okumaların her baz için dizi kalitesi, her baz için kalite

skoru, her baz nükleotid içeriği ve dizi duplikasyon düzeylerinin kalite kontrolü için FastQC programı ile analiz yapılmıştır. CLC Genomic Workbench v.11 programı yardımı ile okumalarda var olan adaptörler uzaklaştırılmış (trimming), normalizasyon (normalized) ve transformasyon (transform) işlemlerinin ardından deney düzeneği kurulmuştur. Permut Matrix programı yardımı ile log2 tabanında ifade edilen RPKM değerlerine sahip gen ifadeleri için ısı haritaları elde edilmiştir (Caraux ve Pinloche, 2005). Elde edilen ısı haritaları kullanılarak gerçek zamanlı-PZR reaksiyonu ile ekspresyonu çalışılacak olan genler seçilmiştir.

Tablo 4.1 *H. annuus* transkriptom analizi için kullanılan okumalar ve açık veri okuma numaraları

Proje Numarası	**SRA Numaraları**	**Açıklama**
PRJNA483306	SRR7691058	PEG6000 uygulamasından 3 saat sonra toplanan dört yapraklı fideler
	SRR7691048	PEG6000 uygulamasından 6 saat sonra toplanan dört yapraklı fideler
	SRR7691047	PEG6000 uygulamasından 12 saat sonra toplanan dört yapraklı fideler
	SRR7691049	PEG6000 uygulamasından 24 saat sonra toplanan dört yapraklı fideler
	SRR7691051	Tuz uygulaması yapıldıktan 3 saat sonra toplanan dört yapraklı fideler
	SRR7691050	Tuz uygulaması yapıldıktan 6 saat sonra toplanan dört yapraklı fideler
	SRR7691059	Tuz uygulaması yapıldıktan 12 saat sonra toplanan dört yapraklı fideler
	SRR7691055	Normal yetiştirme koşulu–çiçeklenme zamanı-olgun yapraklar
	SRR7691056	Normal yetiştirme koşulu–çiçeklenme zamanı-kök
PRJNA398727	SRR5944880	Dört yapraklı evre – Kontrol yaprak-1
	SRR5944881	Dört yapraklı evre – Kontrol yaprak-2
	SRR5944882	Dört yapraklı evre – Kontrol yaprak-3
	SRR5944883	Dört yapraklı evre – Kuraklık uygulanan yaprak-1
	SRR5944884	Dört yapraklı evre – Kuraklık uygulanan yaprak-2
	SRR5944885	Dört yapraklı evre – Kuraklık uygulanan yaprak-3
	SRR5944886	Dört yapraklı evre – Kontrol kök-1
	SRR5944889	Dört yapraklı evre – Kontrol kök-2
	SRR5944891	Dört yapraklı evre – Kontrol kök-3
	SRR5944892	Dört yapraklı evre – Kuraklık uygulanan kök-1
	SRR5944893	Dört yapraklı evre – Kuraklık uygulanan kök-2
	SRR5944894	Dört yapraklı evre – Kuraklık uygulanan kök-3
PRJNA632976	SRR11811190 SRR11811191 SRR11811193 SRR11811194 SRR11811196 SRR11811197 SRR11811198 SRR11811199 SRR11811200	2 aylık üreme büyümesi-çiçek
	SRR11811192 SRR11811195 SRR11811201	1 aylık vejetasyon üremesi-çiçek

4.2.4 Ayçiçeği Bitkisinin Yetiştirilmesi

Çalışmamızda iki farklı çeşit ayçiçeği tohumu kullanılmıştır. Kuraklığa dayanıklı olan "Saray" çeşidine ait tohumlar Trakya Tarımsal Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden temin edilirken, kuraklığa duyarlı olan "Turay" çeşidine ait tohumlar ise Ege Tarımsal

Araştırma Enstitüsü Müdürlüğü'nden temin edilmiştir. Ekim yapılmadan bir gün öncesinden tohumlar su içerisinde bırakılmış ve ekimden hemen önce ise birkaç defa distile su ile yıkanmıştır. Plastik kaplara doldurulan vermikülit, Hoagland (Hoagland D. R. ve Arnon D. I, 1950) solüsyonu ile iyice ıslatılarak doygun hale getirilmiştir. Her saksıya eşit sayıda olacak şekilde 8 adet tohum ekimi yapılmıştır. Bitkiler iklimlendirme kabini içerisinde 24 ± 2°C sıcaklıkta ve 16/8 ışık-karanlık periyodunda, %60 nem ve 400 µmol m^{-2} s^{-1} ışık şiddetinde yaklaşık olarak bir ay süre ile büyütülmüşlerdir. Bitkiler gün aşırı düzenli olarak ½ Hoagland solüsyonu ile sulanmıştır.

4.2.5 Stres Uygulamaları

Yaklaşık olarak bir ay kadar büyütülen bitkilere kuraklık stresi vermek amacı ile %20 oranında polietilen glikol-6000 (PEG-6000) içeren ½ Hoagland solüsyonu verilmiştir. Her gruptan üç adet saksı olmasına dikkat edilmiştir. Kontrol bitkilerine hiçbir stres uygulaması yapılmamış ve bu saksılar örnek toplanması amacı ile başlangıç noktası olarak seçilmiştir. Stres uygulaması yapıldıktan sonra 30. dakika, 1. saat ve 2. saatte örnekler toplanmıştır. Etiketlemesi yapılan yaprak örnekleri, folyo içerisine alınarak sıvı azot ile dondurulmuş ve analiz aşamasına kadar -86°C'de bekletilmiştir.

Yüksek sıcaklık stresi için 50°C'de uygulama yapılmıştır. Başlangıç noktasından itibaren 30. dakika, 1. ve 2. saatlerde örnekler toplanmış, etiketlemeleri yapılıp sıvı azotta bekletilerek analiz aşamasına kadar -86°C'de muhafaza edilmiştir.

Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres uygulaması amacı ile %20 oranında PEG-6000 içeren ½ Hoagland solüsyonu ile sulaması yapılan bitkiler, 50°C sıcaklığındaki bitki büyütme kabinine konularak yüksek sıcaklık ve kuraklık stresi birlikte verilmiştir. Başlangıç noktasında itibaren 30. dakika, 1. saat ve 2. saatte örnek toplanması gerçekleştirilmiş olup, etiketlemeleri yapılmıştır. Folyo içerisinde sıvı azotta bekletilen örnekler, analiz aşamasına kadar -86°C'de saklanmıştır.

4.3 Moleküler Genetik Analizleri

4.3.1 Ayçiçeği Örneklerinden RNA İzolasyonu ve DNaz Uygulaması

-86°C'de muhafaza edilen ayçiçeği bitkilerinden toplam RNA izolasyonu yapmak amacı ile RiboEx reaktifi kullanılmıştır. RNA izolasyonunu yapmak amacı ile aşağıdaki protokol basamakları izlenmiştir.

1. RNA izolasyonunda kullanılacak bütün porselen havan ve havan eli, ependorf tüpler, mikropipet uçları 121°C'de otoklavlanarak steril edilmiş, izolasyon esnasında kullanılacak olan, mikropipetler ve çalışma alanı, izolasyon sonrası RNA'yı gözlemlemek amacı ile kullanılan agaroz jel tankı ve ekipmanları çamaşır suyu ile yıkanarak, ortamda var olan RNaz enzimi uzaklaştırılmıştır.

2. Steril havanlar ve havan eli sıvı azot yardımıyla soğutulmuş ve soğutulan havanların içerisine -86°C'de muhafaza edilen bitki yapraklarından konularak tamamen toz haline gelene kadar ezilmiştir.

4. Toz haline getirilen yapraklar sıvı azot yardımı ile soğutulan 2 ml'lik tüplere ~100 mg olacak şekilde alınmıştır.

5. Daha sonra tüplerin üzerine 1:1 oranında RiboEx eklenerek vorteks yardımı ile homojenize edilmiş ve 20 dakika 1000 rpm'de ısıtmalı çalkalayıcı kullanılarak oda sıcaklığında inkübe edilmiştir.

6. İnkübasyon sonrasında örnekler, 15000 rpm'de 10 dk santrifüj edilmiştir. Santrifüj sonrasında tüplerde üç adet faz görülmüş olup, en üst faz (~900 µl) dikkatlice yeni ve steril ependorf tüpüne alınmıştır.

8. Örneklerin üzerine 200 µl kloroform eklendi ve alt üst edilerek homojenize edildikten sonra, 5-6 dakika oda sıcaklığında bekletilmiştir. Daha sonra örnekler 4°C'de 15000 rpm'de 20 dakika santrifüj edilmiştir.

10. Santrifüj sonrasında oluşan üst faz dikkatlice yeni bir tüpe aktarılmıştır ve üzerine 1:1 oranında soğuk izopropanol eklenmiştir. Ardından 20°C'de inkübe edilmiştir.

11. İnkübasyondan sonra örnekler 10 dakika oda sıcaklığında 15000 rpm'de santrifüj edilmiştir.

12. Santrifüj sonrasında tüplerin dibinde yer alan RNA pelleti 1 ml %70'lik etanol ile yıkanmış ve 15000 rpm'de 5 dakika santrifüj edilmiştir.

13. Etanolün tamamen uçması beklendikten sonra RNA örnekleri tamamen çözünene kadar dietil pirokarbonatlı (DEPC) su eklenmiş ve RNA'nın çözünmesi sağlanmıştır.

14. Çözünen örneklerin saflığı ve kalitesini kontrol etmek amacıyla spektrofotometre (MultiScanGo-Thermo) cihazı ile 260/280 nm dalga boyunda absorbans değerleri ölçülmüştür. Ayrıca RNA'ların varlığını görmek amacı ile %1'lik agaroz jel elektroforezi ile de kontrol edilmiştir. Saflığına ve konsantrasyonlarına bakılan RNA örnekleri -86°C'ye kaldırılmıştır.

RNA örneklerinde var olan DNA bulaşkanlarını uzaklaştırmak amacı ile "Thermo Scientific^{TM} DNase I, RNase-free" kiti kullanılmıştır. Reaksiyon içeriği ve reaksiyon koşulları ise Tablo 4.2'de verilmiştir. DNaz uygulaması yapılan örneklerin konsantrasyonları ve saflıkları spektrofotometre yardımı ile ölçülmüş olup, agaroz jel elektroforezi ile de RNA'ların kalitesi kontrol edilmiştir.

Tablo 4.2 RNA örneklerine uygulanan DNaz reaksiyonu ve bileşenleri

Reaksiyon Bileşeni	**Miktarı**
RNA	1 µg
10X DNaz tamponu ($MgCl_2$)	1 µl
DNaz I enzimi	1 µl
DEPC'li su	Toplam hacmi 10 µl'ye tamamlayacak miktar
Yukarıda belirtilen bileşenler 37°C'de 30 dakika boyunca inkübe edildi.	
EDTA (50 mM)	1 µl
65°C'de 10 dakika inkübasyon uygulandı.	

4.3.2 Komplementer DNA (cDNA) Sentezi

DNA bulaşkanlarından uzaklaştırılan olgun RNA örneklerinden cDNA sentezi yapmak amacı ile "BioRad iScript™ cDNA Sentezleme Kiti" kullanılmıştır. Tablo 4.3'de reaksiyonun bileşenleri ve koşulları belirtilmiştir.

Tablo 4.3 cDNA sentezi aşamaları ve reaksiyon bileşenleri

Reaksiyon Bileşeni	**Miktarı**
RNA	1 µg
5X iScript reaksiyon karışımı	4 µl
iScript ters transkriptaz enzimi	1 µl
sdH_2O (nükleaz içermeyen)	Toplam hacmi 20 µl'ye tamamlayacak miktar
25°C'de 5 dakika inkübasyon 46°C'de 20 dakika inkübasyon 95°C'de 1 dakika inkübasyon	Tüm reaksiyonlar thermal cycler cihazında gerçekleştirilmiştir.

4.3.3 Primer Tasarımı

Primer tasarımı için Tablo 4.1'de verilen transkriptom verilerinin çalışmamızda işlenmesi ile *HSF-Hsp* genlerine spesifik primerlerin tasarımında ve kontrolünde NCBI Primer BLAST (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/tools/primer-blast/) veri tabanı

kullanılmıştır. Yapmış olduğumuz çalışmada kullanılan primerler ve özellikleri Tablo 4.4'de verilmiş olup, internal kontrol olarak *GAPDH* ve *18S* (Baloğlu vd., 2014) genleri kullanılmıştır.

Tablo 4.4 Çalışmada kullanılan primerler ve özellikleri

Primer Adı	**Primer Yönü**	**Primer Dizisi (5' 3')**	**Primer Uzunluğu (bç)**	**GC Oranı (%)**	**Optimize Edilen Bağlanma Sıcaklığı**	**Amplikon uzunluğu (bç)**
HanHSF-45	İleri	CGGGAAGTGTCGAAATGTGC	20	55	58°C	154
HanHSF-45	Geri	TTTTGATCTTCAGGCGGGCT	20	50	58°C	
HanHSF-59	İleri	CTGCCAAAATCGGTGAACGG	20	55	58°C	178
HanHSF-59	Geri	CGGTCACGATCTGCTTCCTC	20	60	58°C	
HansHsp-18	İleri	GCCGTCCTGATTCTTCCGTT	20	55	58°C	181
HansHsp-18	Geri	CATCCTCGCCTTCCTGCTAA	20	55	58°C	
HansHsp-58	İleri	TTCCAGCTCAACCTCGTCAC	20	55	58°C	218
HansHsp-58	Geri	TGATGCGACTGATCTGCTCC	20	55	58°C	
HanHsp40-147	İleri	GCTCGGGTTTCTGCTGGTTA	20	55	58°C	241
HanHsp40-147	Geri	CATACGCCGCTCGTTTTTCA	20	50	58°C	
HanHsp40-186	İleri	CGCCATTCACATTCAACCCG	20	55	58°C	174
HanHsp40-186	Geri	CACCGCCAAAAGAGCTGAAG	20	55	58°C	
HanHsp60-22	İleri	CTAGAGTGCTCGTCACCGAC	20	60	58°C	131
HanHsp60-22	Geri	AGTAGCCAATGCTTCCCCAC	20	55	58°C	
HanHsp70-08	İleri	TCGACCCGGATACCCAAGAT	20	55	58°C	190
HanHsp70-08	Geri	CACCGAGAGACAAAGGCGTA	20	55	58°C	
HanHsp70-29	İleri	AGGCGGTTGTGAATCCAGAG	20	55	58°C	151
HanHsp70-29	Geri	CCAATAGCAGGGCAGTCCAA	20	55	58°C	
HanHsp90-33	İleri	CACCGAGACCTTTGCGTTTC	20	55	58°C	208
HanHsp90-33	Geri	GGTCTTGTCGGGAACGATGT	20	55	58°C	
HanHsp100-93	İleri	TCGAGTTCCTCAAGACCCCA	20	55	58°C	185
HanHsp100-93	Geri	CCCAACGCCCACAAACATTT	20	50	58°C	
HanHsp100-130	İleri	CTCGCTGGTCGTTTGAGGAT	20	55	58°C	247
HanHsp100-130	Geri	GGTTTCTCAGCATCCGCCT	19	58	58°C	
GAPDH	İleri	GCTTTGAACGACCACTTCGC	20	55	58°C	120
GAPDH	Geri	ACGCCGAGAGCAACTTGAAC	20	55	58°C	
18 S	İleri	GTGACGGGTGACGGAGAATT	20	55	58°C	257
18 S	Geri	GACACTAATGCGCCCGGTAT	20	55	58°C	

4.3.4 Primerlerin Bağlanma Sıcaklığının Belirlenmesi–Polimeraz Zincir Reaksiyonu (PZR)

Tüm primerler üretici firma tarafından gönderilen yönerge doğrultusunda sulandırılmış ve çalışmaya uygun konsantrasyonda porsiyonlanmıştır. Primerlerin ayçiçeği *HSF*, *Hsp* genlerine bağlanma sıcaklıklarını (Tm) belirlemek amacı ile PZR uygulanmıştır. Bu amaç ile tüm gen ve primerlere sıcaklık gradienti uygulaması (52-60°C), PZR Techne markalı thermal cycler cihazında gerçekleştirilmiştir. PZR bileşenleri Tablo 4.5'de, koşulları ise Tablo 4.6'da verilmiştir.

Tablo 4.5 Polimeraz Zincir Reaksiyonu Bileşenleri

PZR Bileşenleri	**Miktar**
10X reaksiyon tamponu	2 µl
dNTP (2 mM)	2 µl
$MgCl_2$ (25 mM)	2 µl
İleri Primer (10 µM)	1 µl
Geri Primer (10 µM)	1 µl
Taq DNA Polimeraz	0,5 µl
Kalıp cDNA	200 ng
Nükleaz içermeyen sdH_2O	Son hacim 20 µl olacak miktarda eklenir.

Tablo 4.6 PZR Koşulları

Kapak Sıcaklığı	Başlangıç Denatürasyonu	Denatürasyon	Primer Bağlanma	DNA Sentezi	Son Uzama
105°C	95°C **5 dk**	95°C **1 dk**	Her primer çitfi için optimize sıcaklık – **30 sn**	72°C **1 dk**	72°C **7 dk**
		35 döngü			

4.3.5 Agaroz Jel Elektroforezi

Agaroz jel elektroforezi, RNA izolasyonu, DNaz uygulaması ve PZR sonrasında elde edilen ürünlerin kontrolü amacı ile kullanılmıştır. %1 konsantrasyona sahip agaroz jel hazırlamak için jel kasetinin hacmi doğrultusunda agaroz ve Tris-asetik asit-EDTA (TAE) tamponu ile çözelti hazırlanmıştır. TAE 1X konsantrasyonunda hazırlanmış

olup, bileşenleri Tablo 4.7'de verilmiştir. %1'lik TAE içerisinde çözünmesi istenen agaroz, mikrodalga fırın içerisinde yaklaşık 2 dakika boyunca ısıtılmıştır. Tamamen şeffaf hale gelen karışım, biraz soğutulduktan sonra içerisine RedSafe boyasından eklenmiştir. Boyanın karışması için şişe yavaşça çalkalanmış, çözeltide baloncuk oluşmamasına dikkat edilmiştir. Kaset tarağı yerleştirildikten sonra ise jel tanka dökülüp soğuması beklenmiştir. Jel donduktan sonra taraklar dikkatlice çıkarılmış, jel tankı, belirtilen seviyeye kadar %1'lik TAE ile doldurulmuştur. Yükleme aşamasında 6X DNA jel yükleme boyası (Loading dye) kullanılmıştır. Örnek jele yüklenirken boya, örnek ve gerekir ise sdH_2O bileşimi sonucunda, son hacimde boya konsantrasyonunun 1X olmasına dikkat edilmiştir. PZR ürünlerinin baz çiftlerinin kontrolünü sağlamak amacı ile GeneRuler 100 bp DNA markörü ilk kuyucuğa yüklenmiştir.

Tablo 4.7 Tris-asetik asit-EDTA (TAE) tamponunun bileşenleri (1X)

Bileşenler	**Miktar**
Asetik asit	11,4 ml
EDTA	20 ml (0,5 M) pH 8.0
TRİS	48,5 g
sdH_2O	Toplam hacim 1000 ml'ye tamamlanmıştır.

4.3.6 Ayçiçeği *HSF-Hsp* Genlerinin İfadelerinin Gerçek Zamanlı-PZR ile Belirlenmesi

Kontrol ve stres uygulaması yapılan ayçiçeği bitkilerinden sentezlenen cDNA örneklerinin, PZR gradient uygulaması ile primer bağlanma sıcaklıkları belirlenmiştir. qPZR reaksiyonunu gerçekleştirmek için Qiagen Rotor Gene 6000 cihazı kullanılmıştır. Reaksiyon için iTaq™ Universal SYBR® Green Supermix kiti kullanılmış (Tablo 4.8) ve kite ait protokol takip edilmiştir (Tablo 4.9).

Tablo 4.8 qPZR reaksiyonu bileşenleri

Bileşenler	Miktar	Son konsantrasyon
cDNA	1 µl	50 ng
SYBR Green Mix	5 µl	1 X
İleri primer	0,5 µl	500 nM
Geri primer	0,5 µl	500 nM
Nükleaz içermeyen sdH_2O	3 µl	---

qPZR yöntemi ile ayçiçeği *HSF-Hsp* genlerinin ifade analizini incelemek için üç tekerrürlü çalışma yapılmıştır. 530 nm dalga boyunda Sybr Green okumalar yapıp, 65°C'den, 95°C'ye kadar her bir 0,5°C artışta okumalar yaparak, doğru gen bölgesinin çoğaltılıp çoğaltılmadığı kontrol edilmiştir.

Tablo 4.9 Ayçiçeği *HSF-Hsp* genlerinin ifade profillerinin incelendiği qPZR koşulları

PZR Basamakları	Sıcaklık	Mod	Süre	Döngü Sayısı
İlk denatürasyon	95°C		5 dk	1
Denatürasyon	95°C		10 sn	45
Birleşme	60°C		20 sn	
Uzama	72°C	Tek	10 sn	
Erime I	95°C		5 sn	1
Erime II	65°C	Devamlı	60 sn	
Erime III	97°C		-	
Soğutma	4°C		10 sn	1

Her örneğe ait pikler elde edilmiş olup, piklerden yola çıkarak Ct (Cycle Threshold) değerleri elde edilmiştir. *GAPDH* ve *18S rRNA* genleri internal kontrol gen olarak ifade analizlerinde kullanılmış olup ΔCT ve ΔΔCT değerleri aşağıdaki formüller ile hesaplanmıştır.

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

$$\Delta\Delta CT = \Delta CT_{\text{uygulama yapılan örnek}} - \Delta CT_{\text{kontrol}}$$

Her bir örneğin gen ifade seviyeleri ise $2^{-\Delta\Delta CT}$ formülü ile hesaplanmıştır (Baloglu, Eldem, Hajyzadeh ve Unver, 2014; Livak ve Schmittgen, 2001).

4.3.7 Sonuçların İstatistiksel Analizleri

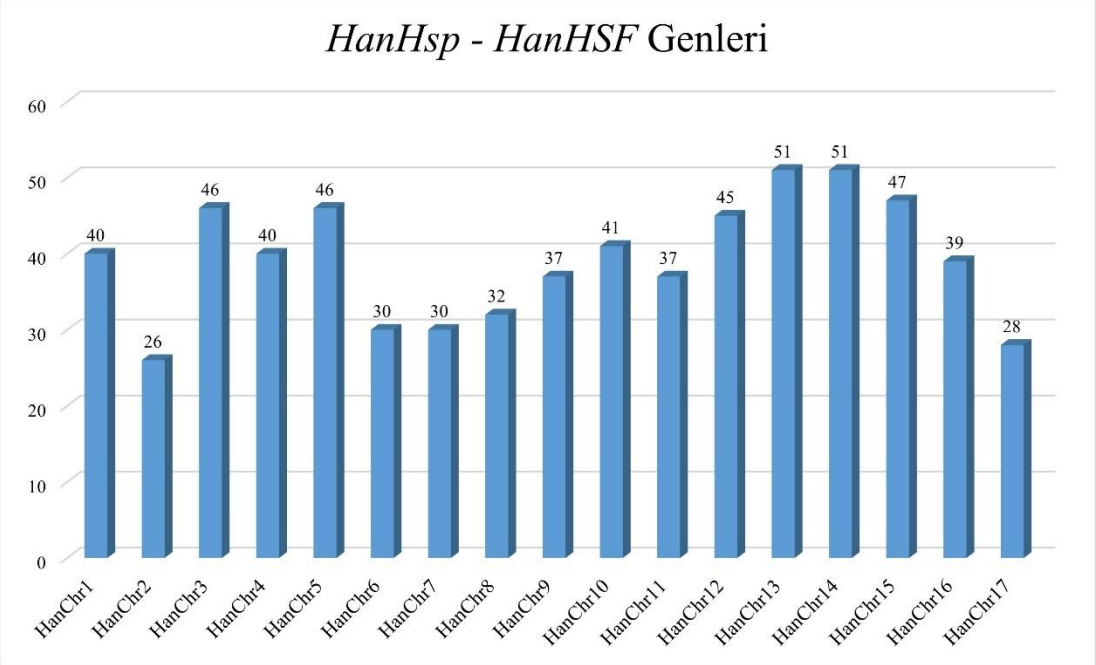
Kontrol ve uygulama örneklerinde genlere ait sonuçların hesaplanması ve karşılaştırılmasında Microsoft Excel programı kullanılmıştır. Uygulama yapılan örnekler ile kontrol örnekleri p değeri <0,05, "*" olarak ifade edilmiştir. Elde edilen tüm sonuçların analizinde Tek Yönlü-ANOVA testi kullanılmış, p değerinin <0,05 olduğu sonuçlar anlamlı olarak kabul edilmiştir.

5. BULGULAR

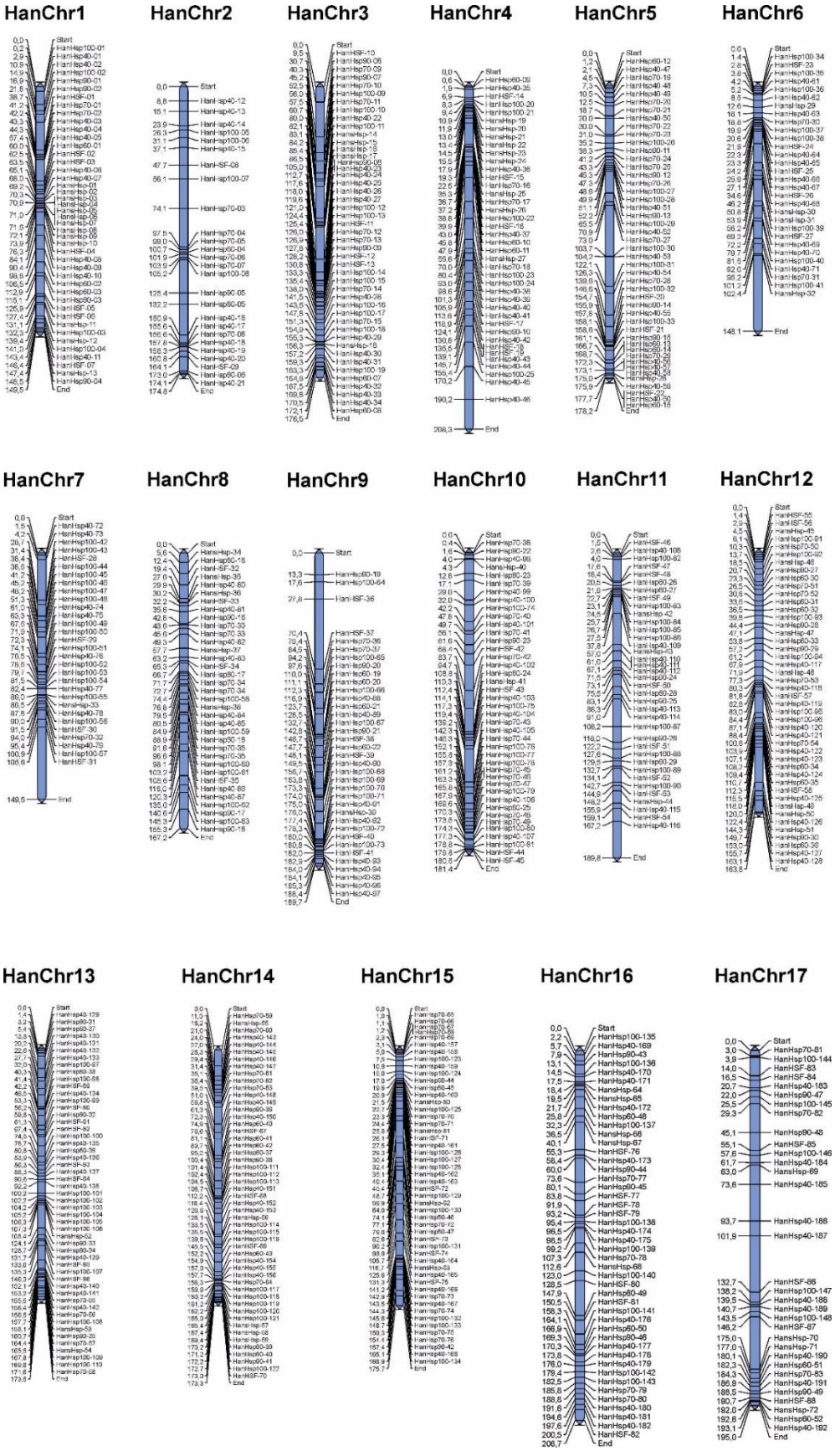
5.1 Ayçiçeği Genomunda *HSF* ve *Hsp* Genlerinin Biyoinformatik Analizleri

Ayçiçeği genomunda yapılan biyoinformatik analizler sonucunda 88 adet *HSF* geni tespit edilmişken toplam 598 adet *Hsp* geni tespit edilmiştir. Tespit edilen genler kromozomal yerleşimlerine göre sıralanırken, cins isminin baş harfi (*Helianthus*) ile tür isminin ilk iki harfi (*annuus*) isimlendirmede ön ek olarak kullanılmış olup, HSF ailesi HanHSF, Hsp ailesi ise HanHsp olacak şekilde isimlendirilmiştir (EK 1, 9, 19, 28, 37, 46, 55).

Hsp ve *HSF* genlerinin tüm kromozomlara dağılım gösterdiği görülmüştür. 13. ve 14. kromozomlarda 51 adet gen tespit edilirken, 15. kromozomda 47 gen, 3. ve 5. kromozomlarda 46 gen, 12. kromozomda 45 gen, 10. kromozomda 41 gen, 1. ve 4. kromozomlarda 40 gen, 16. kromozomda 39 gen, 9. ve 11. kromozomlarda 37 gen, 8. kromozomda 32 gen, 6. ve 7. kromozomlarda 30 gen, 17. kromozomda 28 gen ve 2. kromozomda 26 gen belirlenmiştir (Şekil 5.1, Şekil 5.2).



Şekil 5.1 *HanHsp-HanHSF* genlerinin kromozomlar üzerine dağılım grafiği



Şekil 5.2 *HanHsp-HanHSF* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları

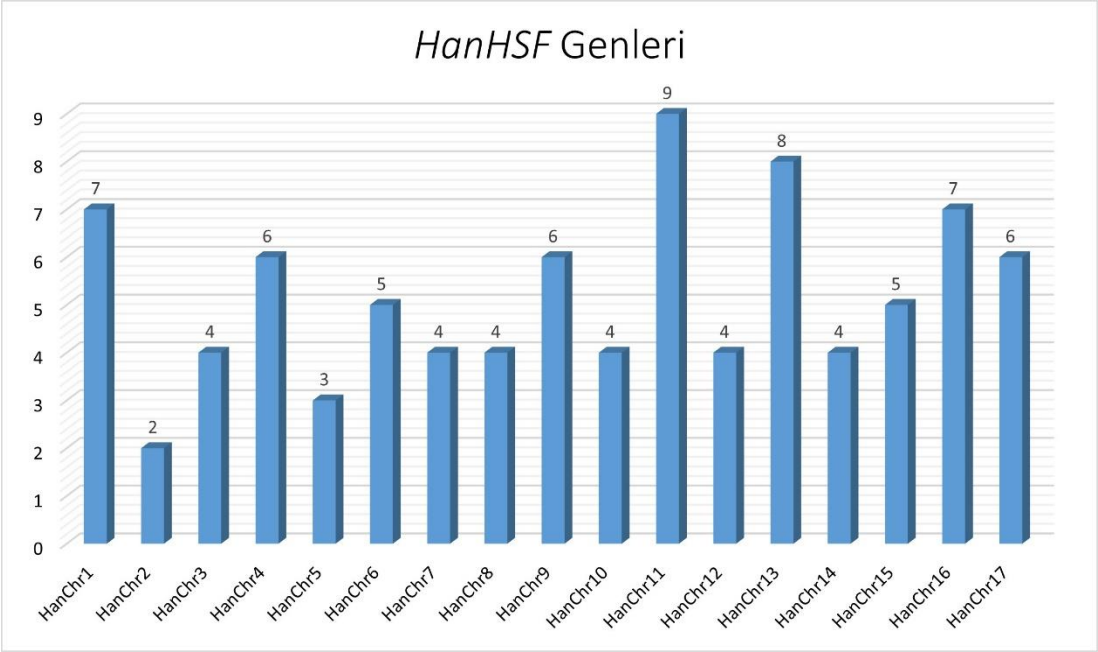
5.2 Ayçiçeği Genomunda *HSF* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

Ayçiçeği genomunda 88 adet *HSF* geni tespit edilmiştir. Bu genler *HanHSF*-01 geninden *HanHSF-88* genine kadar isimlendirilmiştir. Tüm genler kromozomal yerleşimlerine göre sınıflandırılırken, gene ait NCBI ulaşım numaraları, genin başlangıç ve bitiş pozisyonu, proteinlerin amino asit uzunluğu, izoelektronik etki değerleri, proteinlerin dalton (Da) cinsinden moleküler ağırlıkları, kararsızlık indeksi ve kararlı-kararsız durumları belirtilmiştir (EK 1).

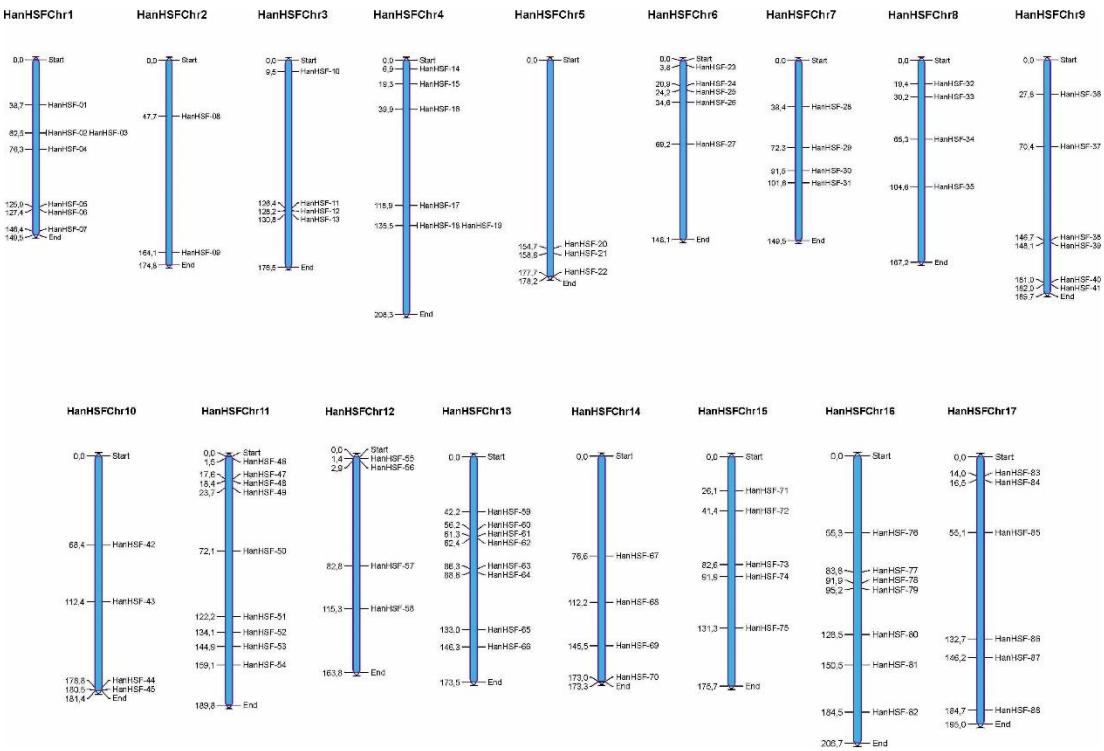
HSF proteinlerinin uzunluklarının 115 aa (HanHSF-12) ile 965 aa (Han-HSF-53) arasında değişiklik gösterdiği, moleküler ağırlığının ise 12687,49 Da ile 108905,91 Da arasında değiştiği tespit edilmiştir. 47 HSF proteinin asidik karakter gösterdiği görülürken HanHSF-02 ile HanHSF-59 proteinlerinin en asidik (pI:4,67), HanHSF-15 proteinin ise en bazik (10,01) protein olduğu saptanmıştır. Proteinlerin kararsızlık indeksi sonuçlarına göre 22 proteinin kararlı, diğerlerinin ise kararsız olduğu tespit edilmiştir (EK 1).

5.2.1 *HSF* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu

HSF genleri, ayçiçeğinin 17 kromozomunun tamamına dağılım göstermiştir. En fazla *HSF* geni 11. kromozom üzerinde dağılım gösterirken (9 gen), en az gen dağılımı 2 gen ile 2. kromozom üzerinde olmuştur. Diğer kromozomlar için ise 1. kromozomda 7 gen, 3., 7., 8., 10., 12. ve 14. kromozomda 4 gen, 4. 9. ve 17. kromozomda 6 gen, 5. kromozomda 3 gen, 6. ve 15. kromozomda 5 gen, 16. kromozomda 7 gen ve 13. kromozomda ise 8 gen tespit edilmiştir (Şekil 5.3, Şekil 5.4).

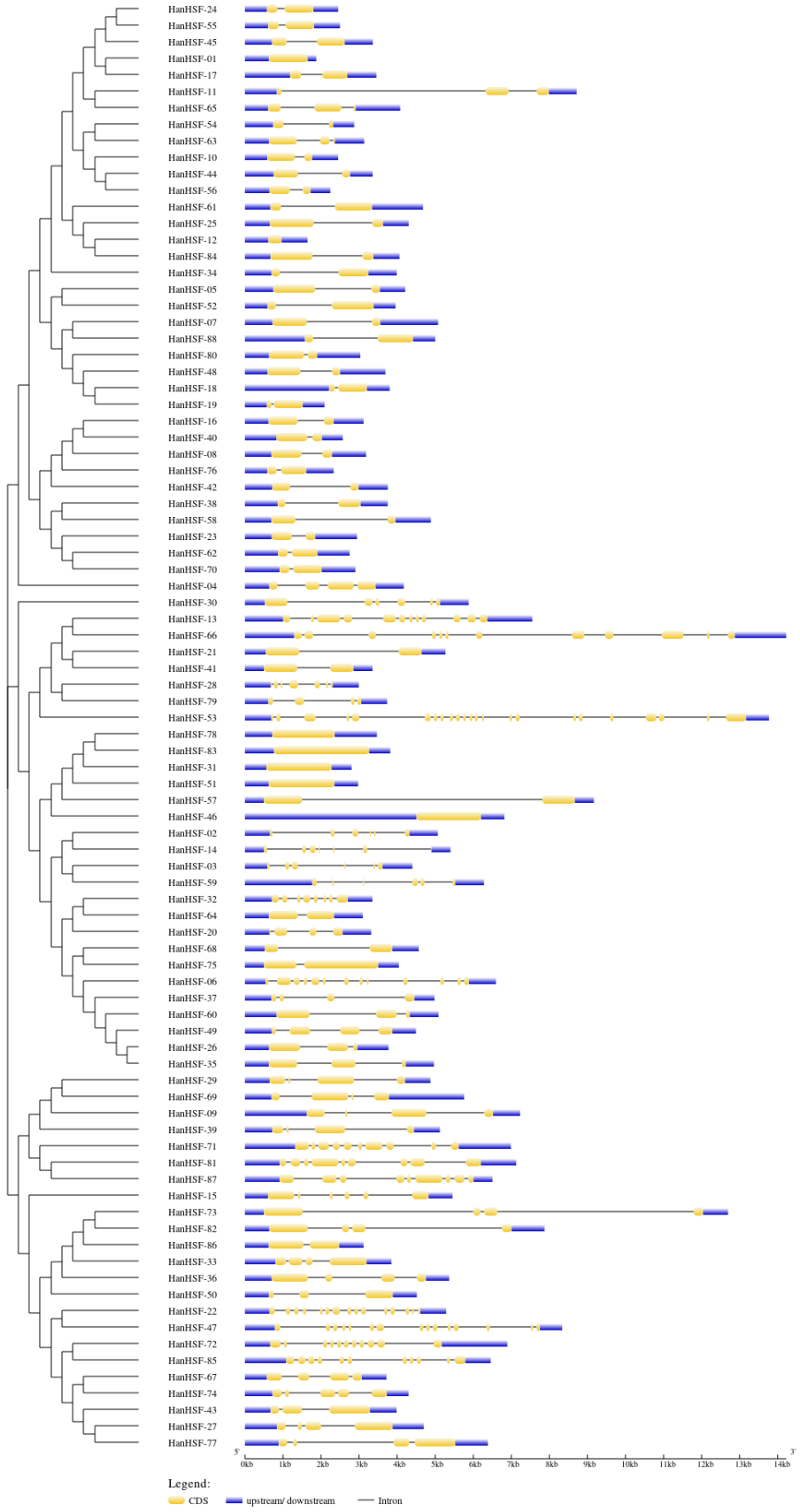


Şekil 5.3 *HanHSF* genlerinin kromozomlar üzerine dağılım grafiği



Şekil 5.4 *HanHSF* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları

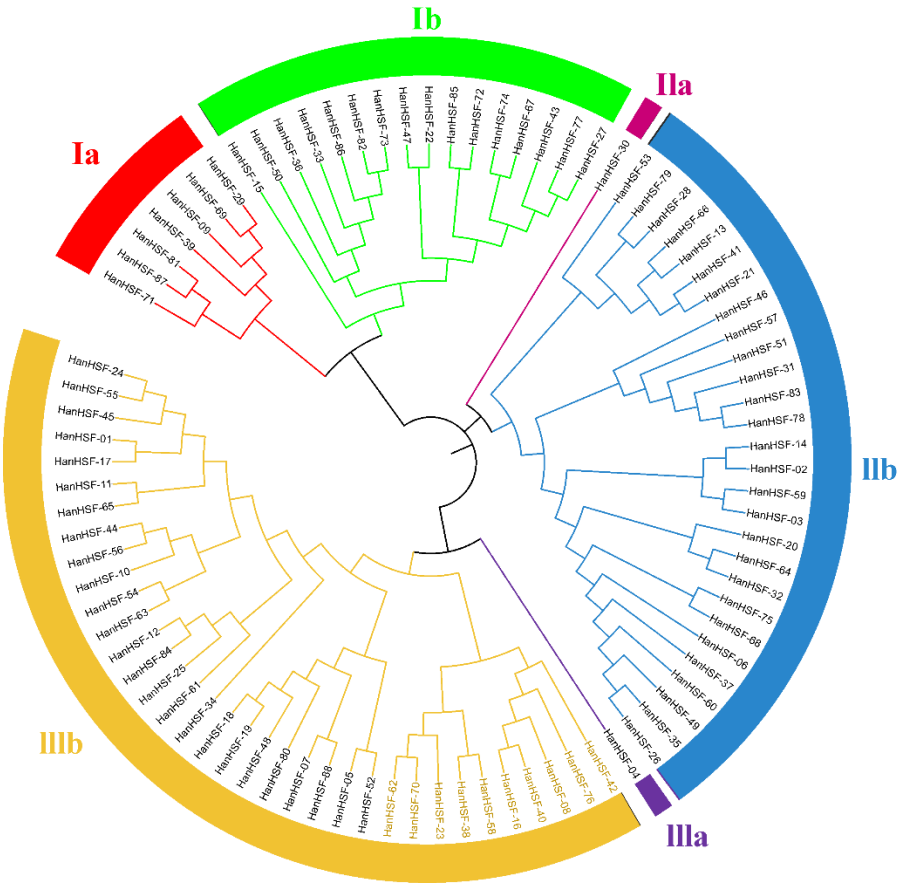
HanHSF genlerinin intron ve ekzon bölgelerinin organizasyonu incelendiğinde *HanHSF-12, HanHSF-31, HanHSF-46, HanHSF-51, HanHSF-78* ve *HanHSF-83* genlerinin intron içermediği gözlemlenmiştir. Bunların dışında tüm genlerde ekzon ve intron bölgeleri gözlemlenirken *HanHSF-53* geninin en çok intron bölgesi (22 adet) içeren gen olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.5).



Şekil 5.5 *HanHSF* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.2.2 HanHSF Ailesinin Filogenetik Analizleri

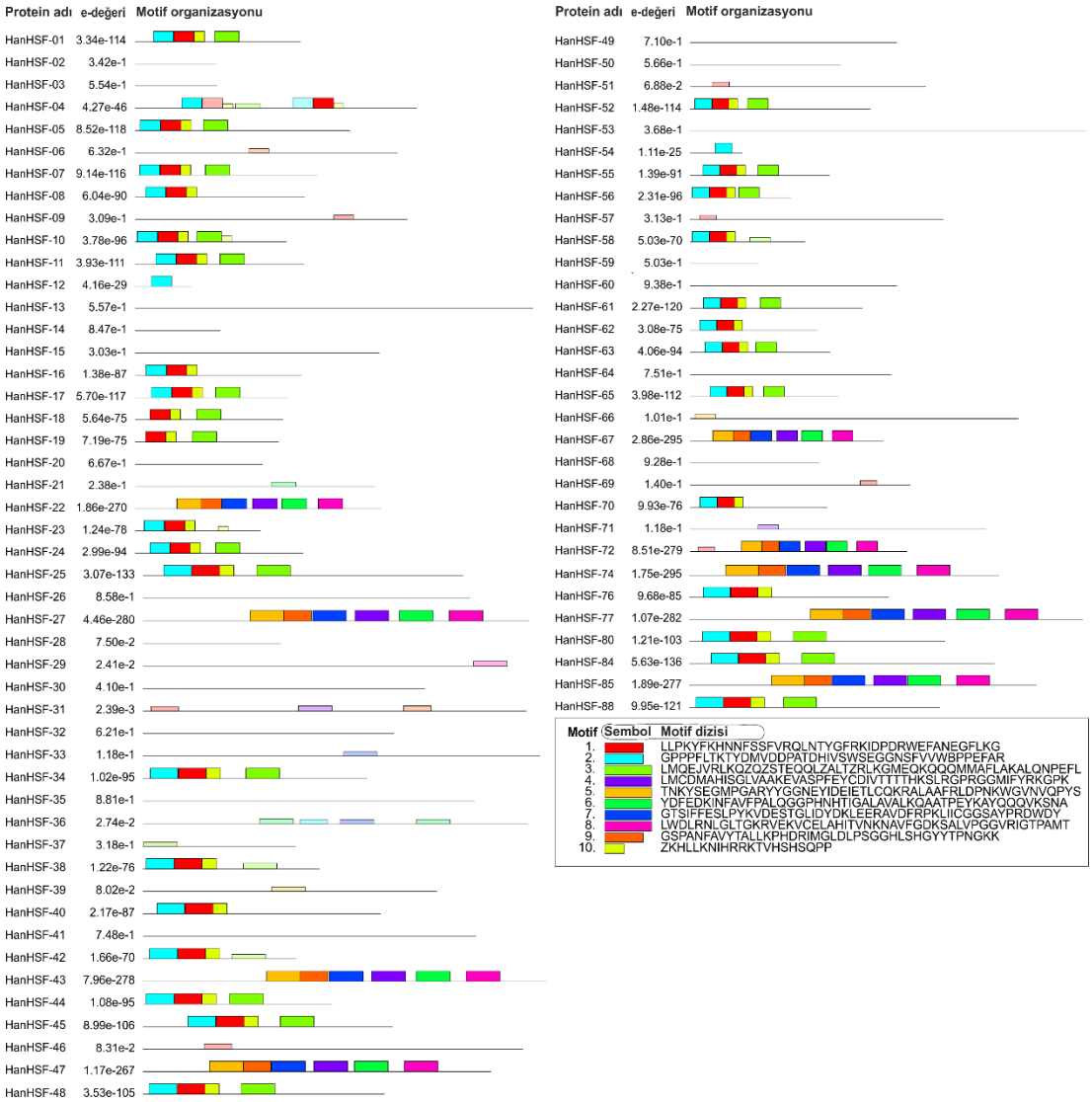
HanHSF proteinlerinin korunmuş bölgelerini evrimsel süreç içerisinde aydınlatmak amacı ile meydana getirilen filogenetik ağaçta proteinlerin üç ana gruba (Grup I, III ve III) ayrıldığı, her grubun ise kendi içerisinde iki gruba dağıldığı gözlemlenmiştir (Şekil 5.6). Proteinlerin %50'sinin III. grupta yer aldığı gözlemlenirken IIa grubunda sadece HanHSF-30 proteininin, IIIa grubunda ise sadece HanHSF-04 proteininin yer aldığı belirlenmiştir.



Şekil 5.6 HanHSF ailesinin maksimum benzerlik methodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması

5.2.3 HanHSF Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi

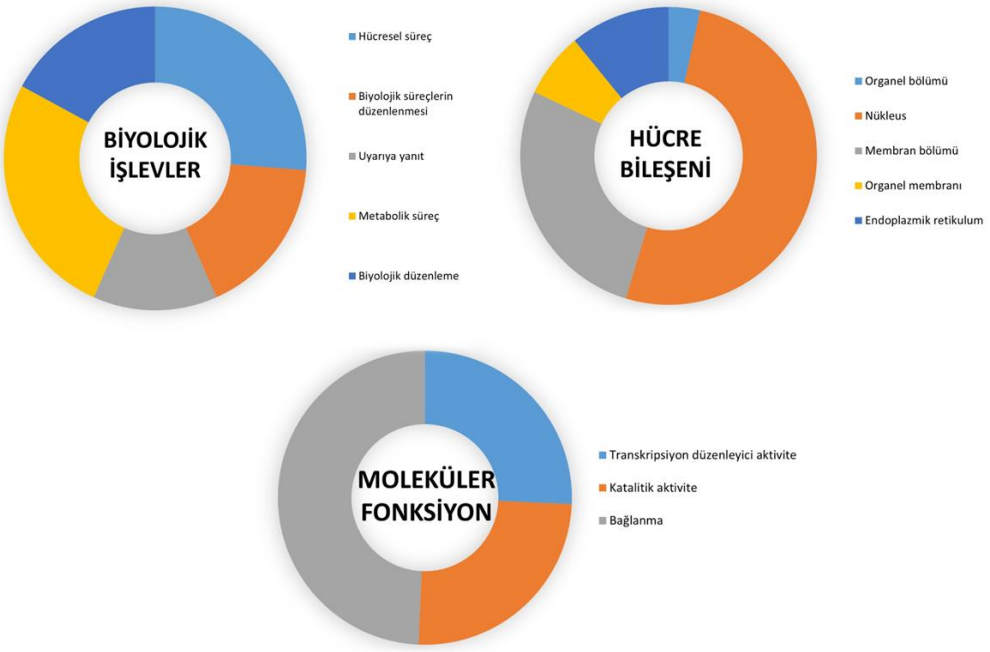
Proteinlerin yapılarında var olan korunmuş motiflerin belirlenmesi amacı ile amino asit dizileri MEME veri tabanına yüklenmiş ve 10 farklı korunmuş motif tanımlanmıştır. Bazı proteinlerde motif yapısı gözlemlenmezken, 1, 2, 3 ve 10 numaralı motiflerin proteinlerin çoğunda var olduğu gözlemlenmiştir (Şekil 5.7).



Şekil 5.7 HanHSF ailesine ait korunmuş dizi motifleri

5.2.4 *HanHSF* Genlerinin Ontoloji Analizleri

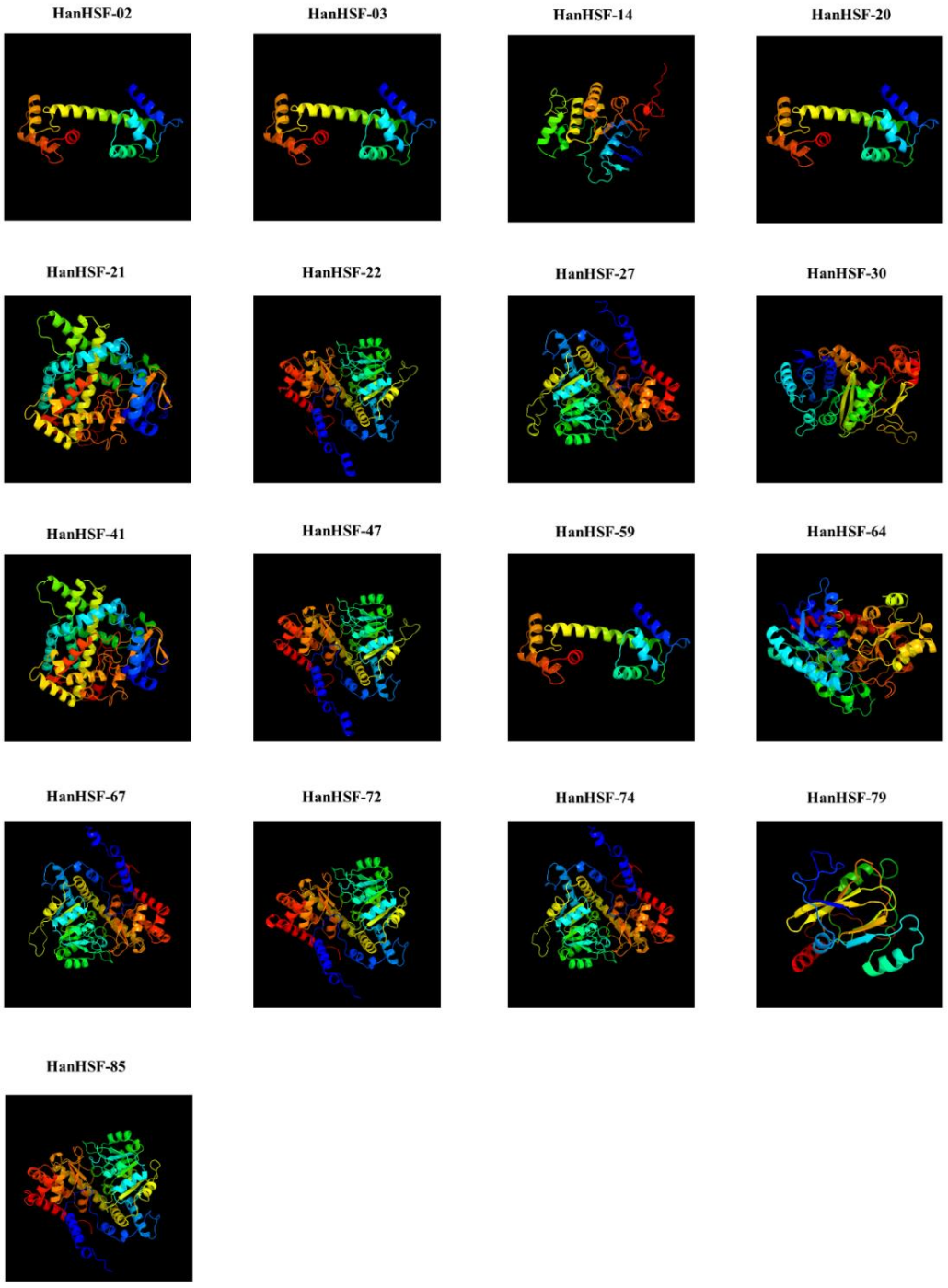
HanHSF genlerinin ontoloji analizleri incelendiğinde *HSF* genlerinin moleküler fonksiyonu, hücresel bileşeni ve biyolojik işlevi belirlenmiştir. Yapılan analiz sonucunda *HanHSF* genlerinin üç farklı moleküler fonksiyonunun bağlanma, katalitik aktivite ve transkripsiyon düzenleyici aktivite olduğu görülmüştür. Hücresel bileşeni incelendiğinde ise büyük bir kısmının nukleusda yer aldığı görülmüştür. Bu genlerin hücresel ve metabolik işleyişlerde, biyolojik işleyişlerin düzenlenmesinde, uyarıya yanıt verme ve biyolojik düzenlemeler gibi biyolojik işlevlerde rol aldığı saptanmıştır (Şekil 5.8).



Şekil 5.8 *HanHSF* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları

5.2.5 HanHSF Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

HanHSF proteinlerinin üç boyutlu yapılarının tahminlenmesi aşamasında Phyre2 sistemine yüklenen amino asit dizilerinden, sonuçları ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik parametreleri olanlar değerlendirmeye alınmıştır. 17 adet HanHSF proteininin üç boyutlu modellemesi yapılmış olup, her ne kadar bazı protein modellerinde β-kırmalı tabakalar görülse de α-sarmal yapının daha baskın olduğu göze çarpmaktadır (Şekil 5.9).

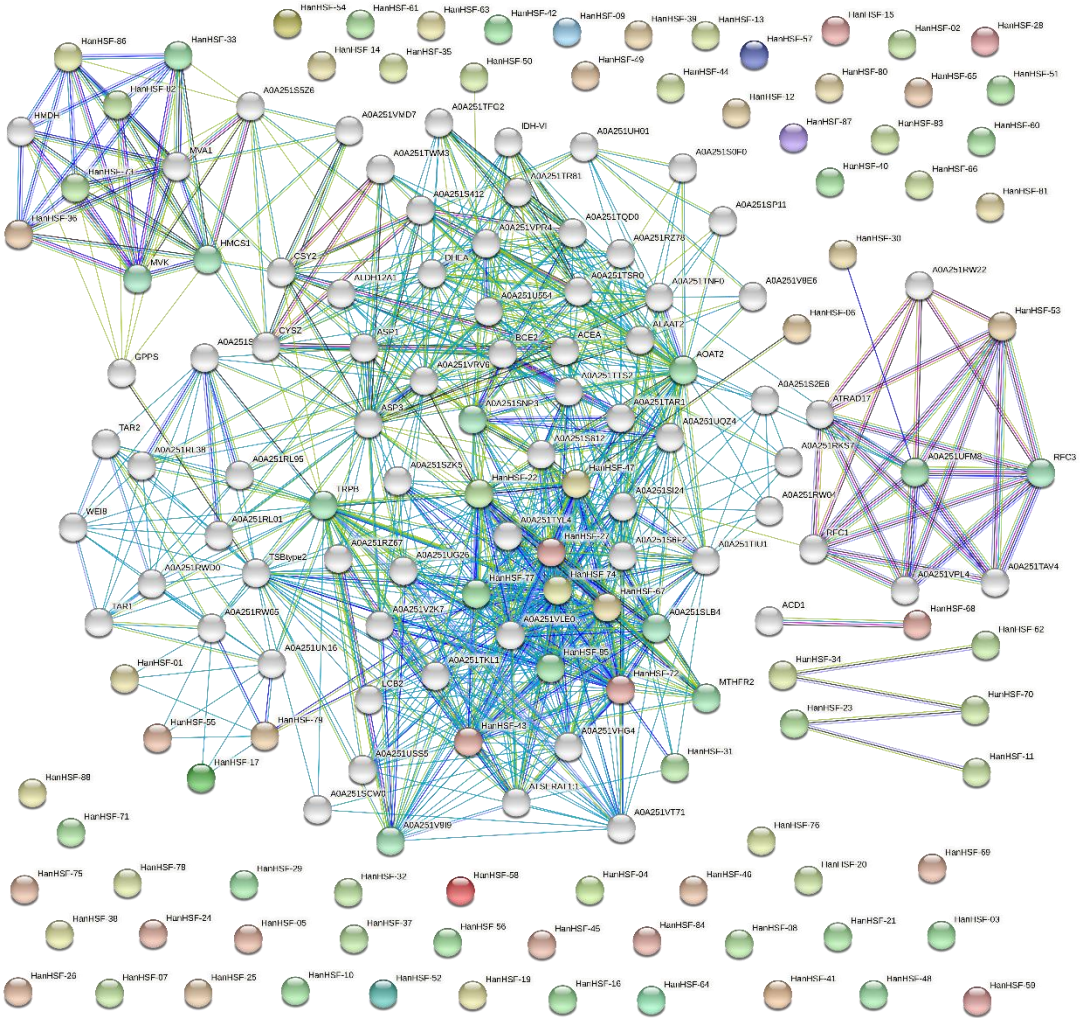


Şekil 5.9 HanHSF proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.2.6 HanHSF Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri

STRING veri tabanı kullanılarak HanHSF proteinleri için elde edilen protein-protein etkileşim haritasında diğer proteinler ile en fazla etkileşim halinde olan proteinin

HanHSF-47 (41 etkileşim) proteini olduğu saptanmıştır (Şekil 5.10). HanHSF-22 (39), HanHSF-72 ve HanHSF-85 (32) yüksek derecede etkileşim gösteren diğer ayçiçeği proteinleridir. Birçok protein ile etkileşimi belirlenen HanHSF proteinlerinin en fazla etkileşimde bulundukları proteinler; alanin-2-oxoglutarat aminotransferaz 2 (AOAT2), aspartat aminotransferaz (ASP3), triptofan sentaz (TRPB) ve triptofan sentaz beta tip 2 (TSBtype2) olarak saptanmıştır.

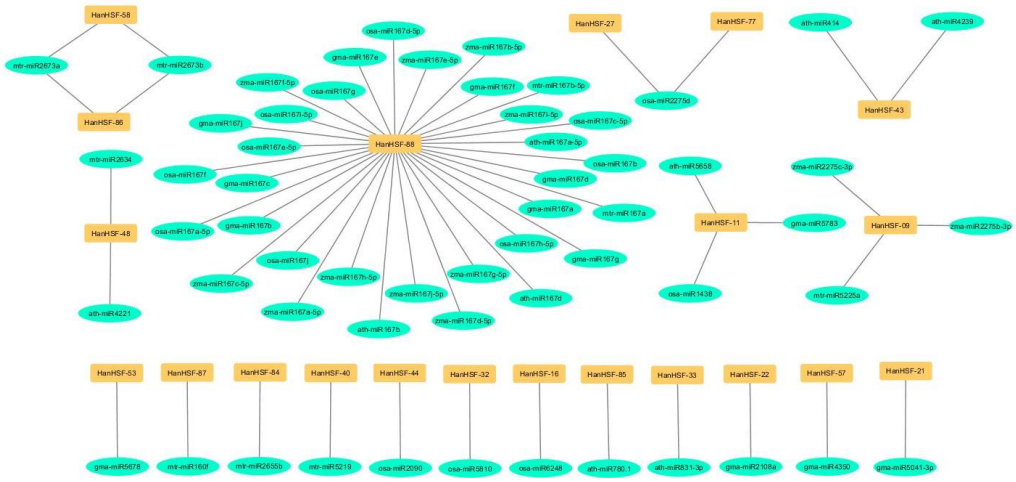


Şekil 5.10 HanHSF proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası

5.2.7 HanHSF Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

HanHSF gen transkriptlerini hedef alan miRNA gruplarının tespit edilmesi amacı ile psRNATarget veri tabanı kullanılarak 43 farklı bitki ile yapılan analiz sonucunda 42 farklı HanHSF transkriptinin hedef alındığı tespit edilmiştir. *HanHSF-88* geni ise

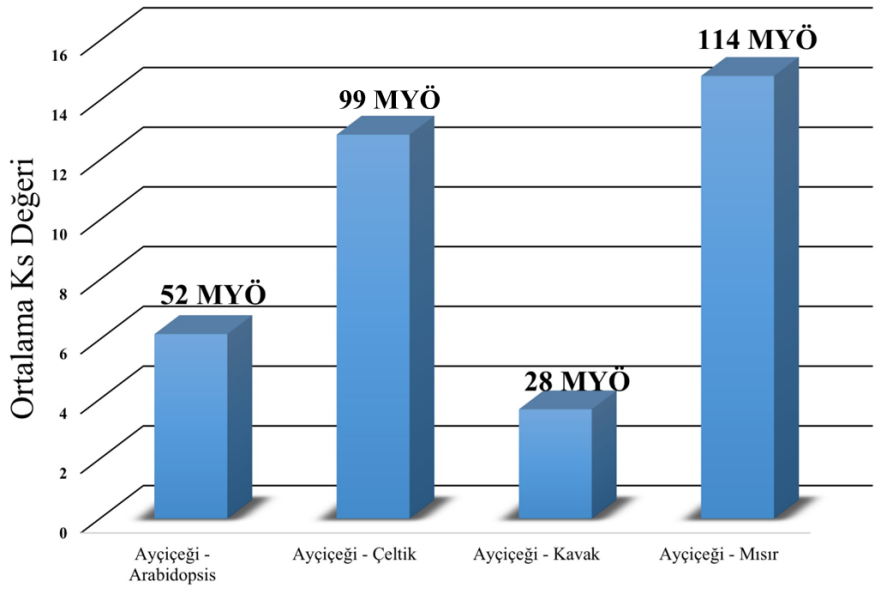
miRNA’lar tarafından en fazla hedef alınan gen olarak belirlenmiştir (EK 3) (Şekil 5.11).



Şekil 5.11 HanHSF transkriptlerini hedef alan miRNA'lar

5.2.8 *HanHSF* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

Ayçiçeği genomunda elde edilen *HSF* gen ailesine ait diziler *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana*), çeltik (*Oryza sativa*), kavak (*Populus trichocarpa*) ve mısır (*Zea mays*) dizileri ile karşılaştırılarak, ortolog gen analizi yapılmıştır (Şekil 5.12). Yapılan analiz sonucunda ortolog gen çiftleri ve bulundukları kromozomlar, homolog olan ve olmayan değişim oranları ve türlerin evrimsel süreç içerisinde muhtemel ayrılma süreleri milyon yıl (MYÖ) cinsinden belirlenmiştir (EK 4, 5, 6, 7). Elde edilen sonuçlar doğrultusunda *HanHSF* genleri ile en fazla kavak (25 gen) ile ortolog ilişki görülmüştür. Ardından sırası ile *Arabidopsis* ile 13 gen, çeltik ile 7 gen ve mısır ile 6 gen çifti gözlenmiştir. Ortolog genlerin ayrılma süreleri mısır ile 114 MYÖ, çeltik ile 99 MYÖ, *Arabidopsis* ile 52 MYÖ ve kavak ile 28 MYÖ olarak bulunmuştur.



Şekil 5.12 *HanHSF* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi

5.2.9 *HanHSF* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

HanHSF genlerinin tandem ve segmental duplikasyonları belirlenmiş ve birbirinden ayrılma zamanları tahmini olarak hesaplanmıştır. *HanHSF* genlerinin tamamının segmental duplikasyon gösterdikleri ortaya çıkmış olup, EK 8'da gösterilmiştir. Segmental duplike olan genlerin birbirlerinden ayrılma ortalamaları 28 MYÖ olarak tespit edilmiştir. En son ayrılmanın *HanHSF-14-HanHSF-02* genleri arasında 8,1 MYÖ iken, ilk ayrımın ise *HanHSF-22-HanHSF-27* genleri arasında olduğu görülmüştür.

5.3 Ayçiçeği Genomunda *sHsp* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

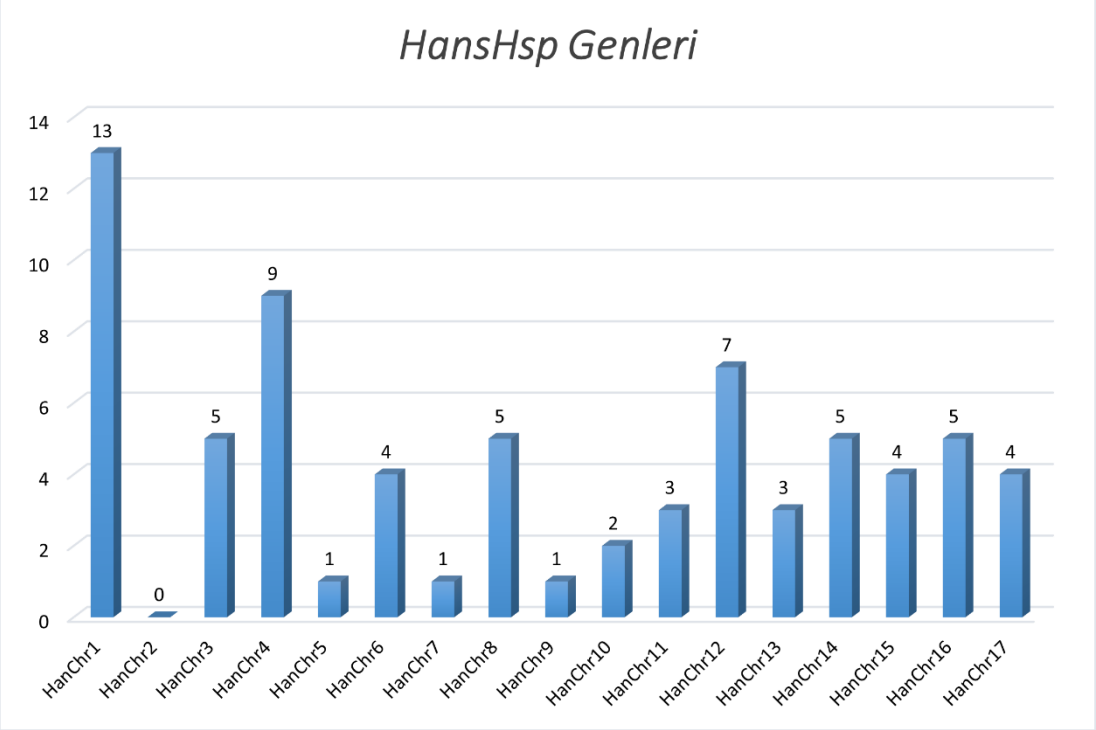
Ayçiçeği genomunda 72 adet *sHsp* geni tanımlanmış olup, *HansHsp-01* geninden *HansHsp-72* genine kadar isimlendirme yapılmıştır (EK 9).

HansHsp proteinlerinin peptid uzunlukları 100 aa (HansHsp-66) ile 511 aa (HansHsp-47) arasında değişiklik göstermektedir. HansHsp-66 proteini moleküler ağırlığı bakımından en küçük protein (11312,64 Da) iken, HansHsp-47 proteini en ağır protein (57649,57 Da) olarak belirlenmiştir. Proteinlerin asidik ve bazik özellikleri

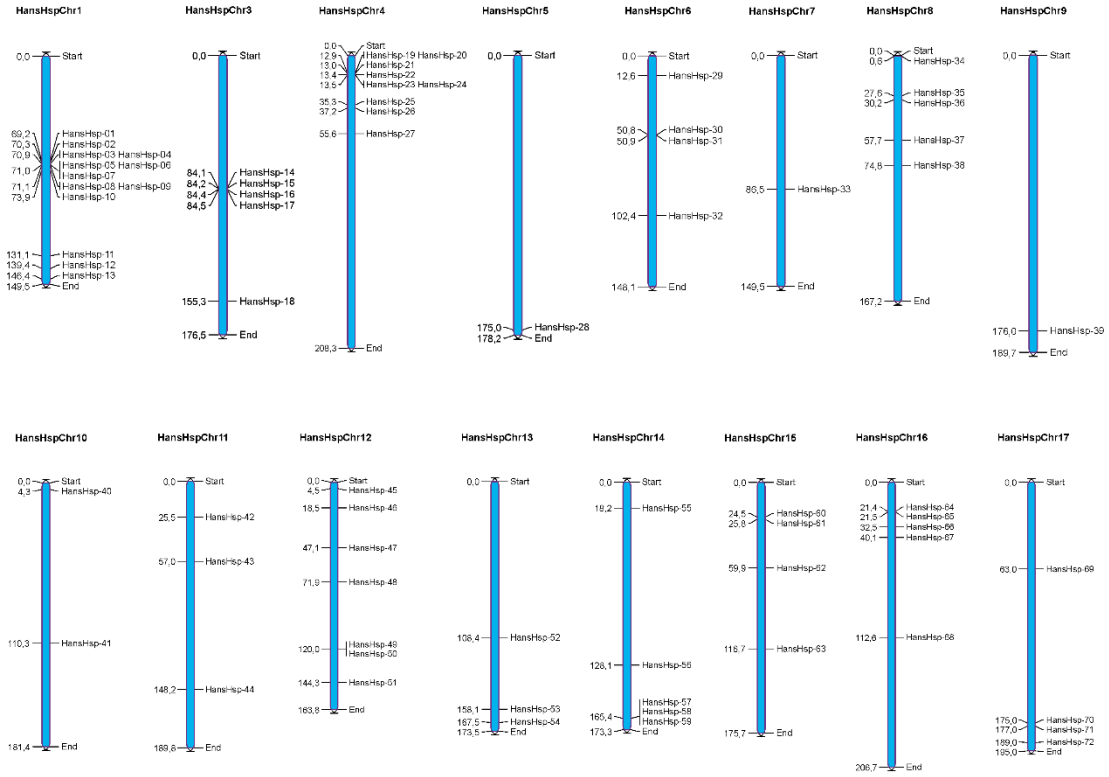
incelendiğinde, proteinlerin büyük bir çoğunluğunun bazik karakterde olduğu görülürken, en bazik proteinin HansHsp-67 (9,96), en asidik proteinin ise HansHsp-47 (4,60) olduğu görülmüştür. Protein kararsızlık indeksi sonuçlarına göre HansHsp proteinlerinin büyük bir çoğunluğunun (52 protein) kararsız özellik gösterdiği saptanmıştır.

5.3.1 *sHsp* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu

sHsp genlerinin ayçiçeği kromozomlarına dağılımı ele alındığında 2. kromozom hariç tüm kromozomlara dağılım gösterdiği belirlenmiştir. 13 *sHsp* geni ile 1. kromozom üzerinde en fazla gen dağılımı görülürken, 5. kromozomda (*HansHsp-28*), 7. kromozomda (*HansHsp-33*) ve 9. kromozomda (*HansHsp-39*) sadece bir adet gen tespit edilmiştir (Şekil 5.13, Şekil 5.14).

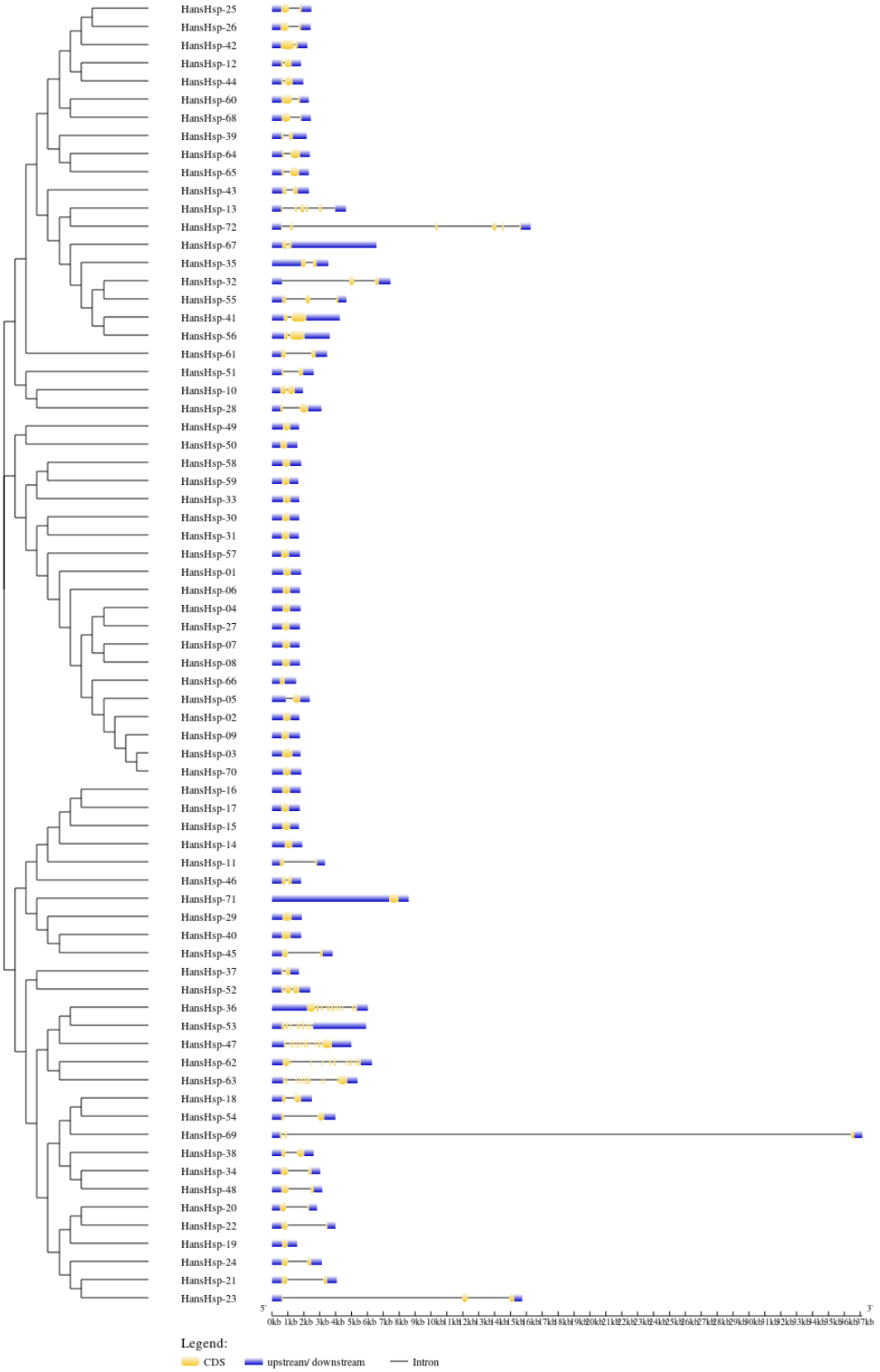


Şekil 5.13 *HansHsp* genlerinin kromozomal dağılım grafiği



Şekil 5.14 *HansHsp* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları

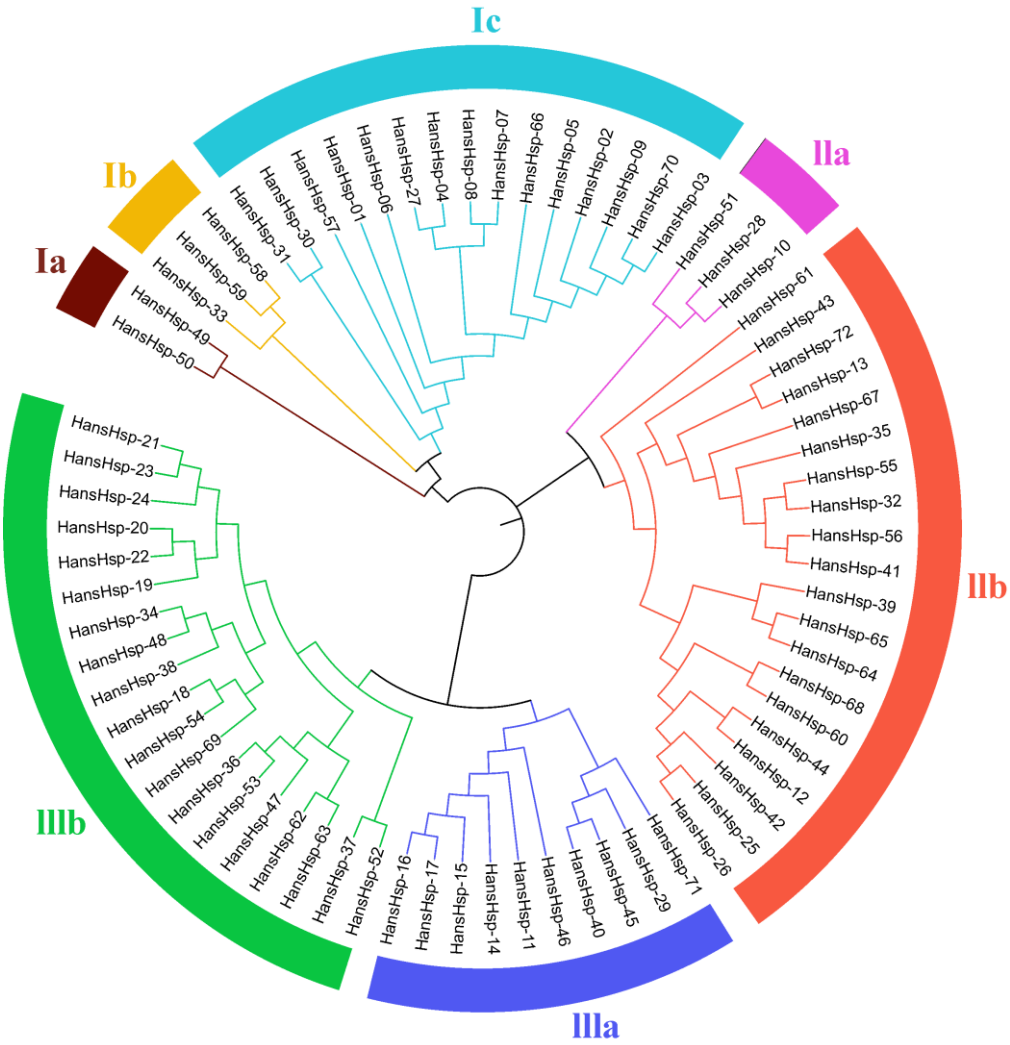
HansHsp genlerine ait intron ve ekzon organizasyonuna bakıldığında, 27 adet genin (*HansHsp-01*, *02*, *03*, *04*, *06*, *07*, *08*, *09*, *14*, *15*, *16*, *17*, *19*, *27*, *29*, *30*, *31*, *33*, *40*, *49*, *50*, *57*, *58*, *59*, *66*, *70*, *71*) intron içermedikleri görülmüştür. *HansHsp-36*, *HansHsp-47* ve *HansHsp-53* genlerinin 12 adet intron bölgesi içerdiği gözlemlenmiştir (Şekil 5.15).



Şekil 5.15 *HansHsp* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.3.2 HansHsp Ailesinin Filogenetik Analizleri

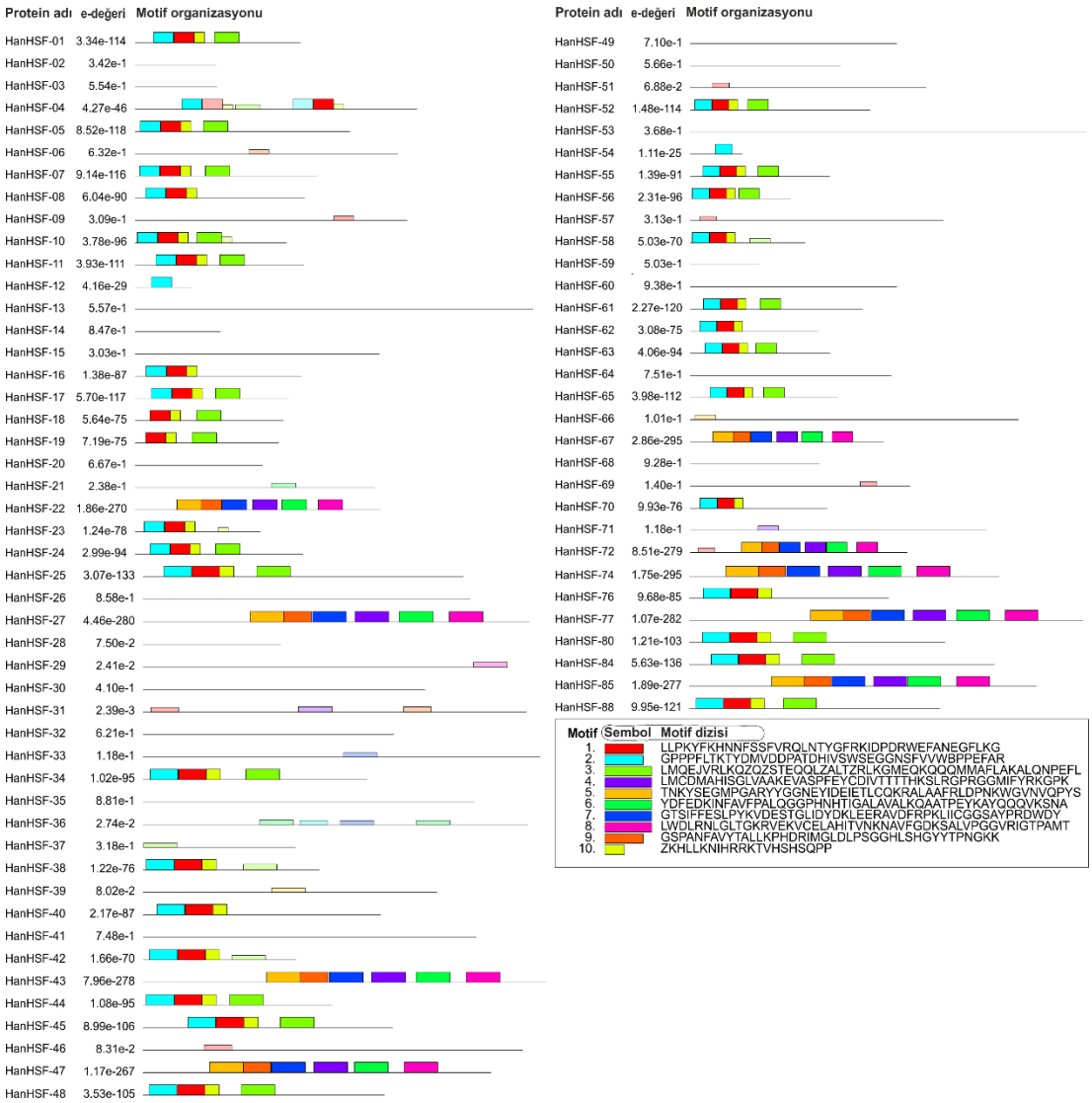
HansHsp proteinlerine ait evrimsel süreç içerisinde korunmuş bölgeleri belirlemek amacı ile meydana gelen filogenetik ağaçta proteinlerin üç ana gruba (Grup I, III ve III) ayrıldığı görülmüştür (Şekil 5.16). Grup II ve III iki alt gruba ayrıldığı görülürken, Grup I'in üç alt gruba ayrıldığı görülmüştür. 29 protein ile en çok üyenin Grup 3'de yer aldığı görülmüştür.



Şekil 5.16 HansHsp ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması

5.3.3 HansHsp Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi

HansHsp proteinlerine ait korunmuş motifleri belirlemek amacı ile 10 farklı motif tanımlanmış, yapılan analiz sonucunda 1., 2 ve 7. motifleri diğer motiflere nazaran HansHsp proteinlerinde daha yaygın olarak görülmüştür (Şekil 5.17).

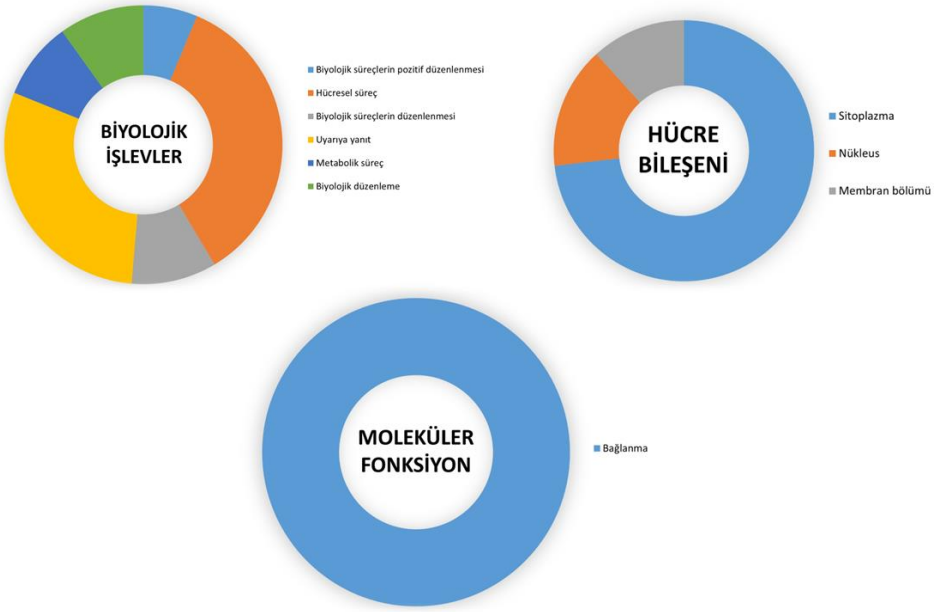


Şekil 5.17 HansHsp ailesine ait korunmuş dizi motifleri

5.3.4 *HansHsp* Genlerinin Ontoloji Analizleri

HansHsp genlerinin fonksiyonel işlevlerini belirlemek amacıyla yapılan ontoloji analizi incelendiğinde (Şekil 5.18) genlerin moleküler fonksiyonunun bağlanma olduğu belirlenmiştir. Hücresel bileşeni incelendiğinde ise proteinlerin büyük

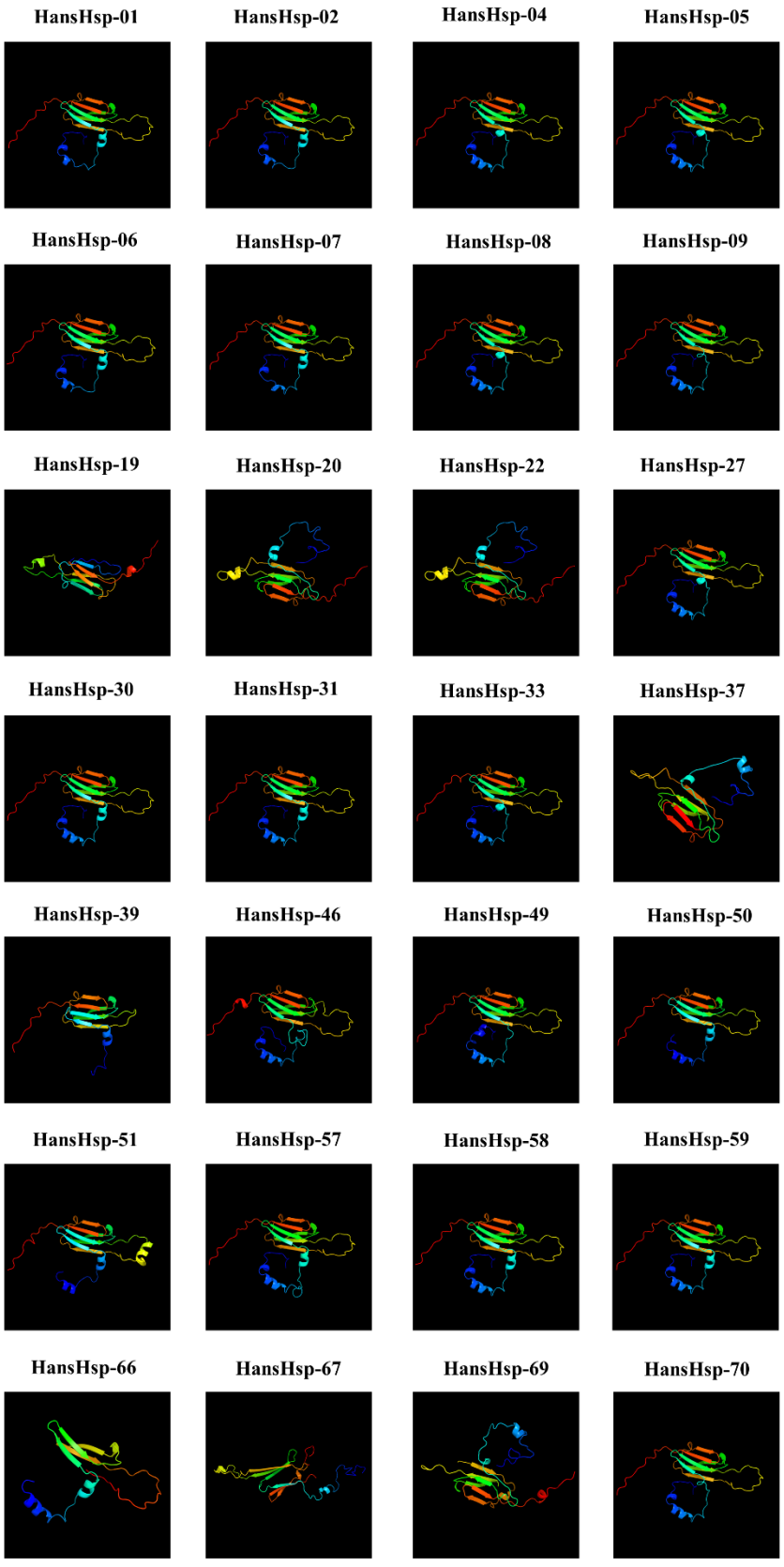
çoğunluğunun sitoplazma içinde bulunduğu gözlemlenmiştir. HansHsp proteinlerinin biyolojik işlevlerine bakıldığında büyük bir çoğunluğunun hücresel süreçlerde görev aldığı, metabolik işleyişlerde, uyarıya yanıt verme ve biyolojik işleyişlerin düzenlenmesinde rol aldığı belirlenmiştir.



Şekil 5.18 *HansHsp* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları

5.3.5 HansHsp Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

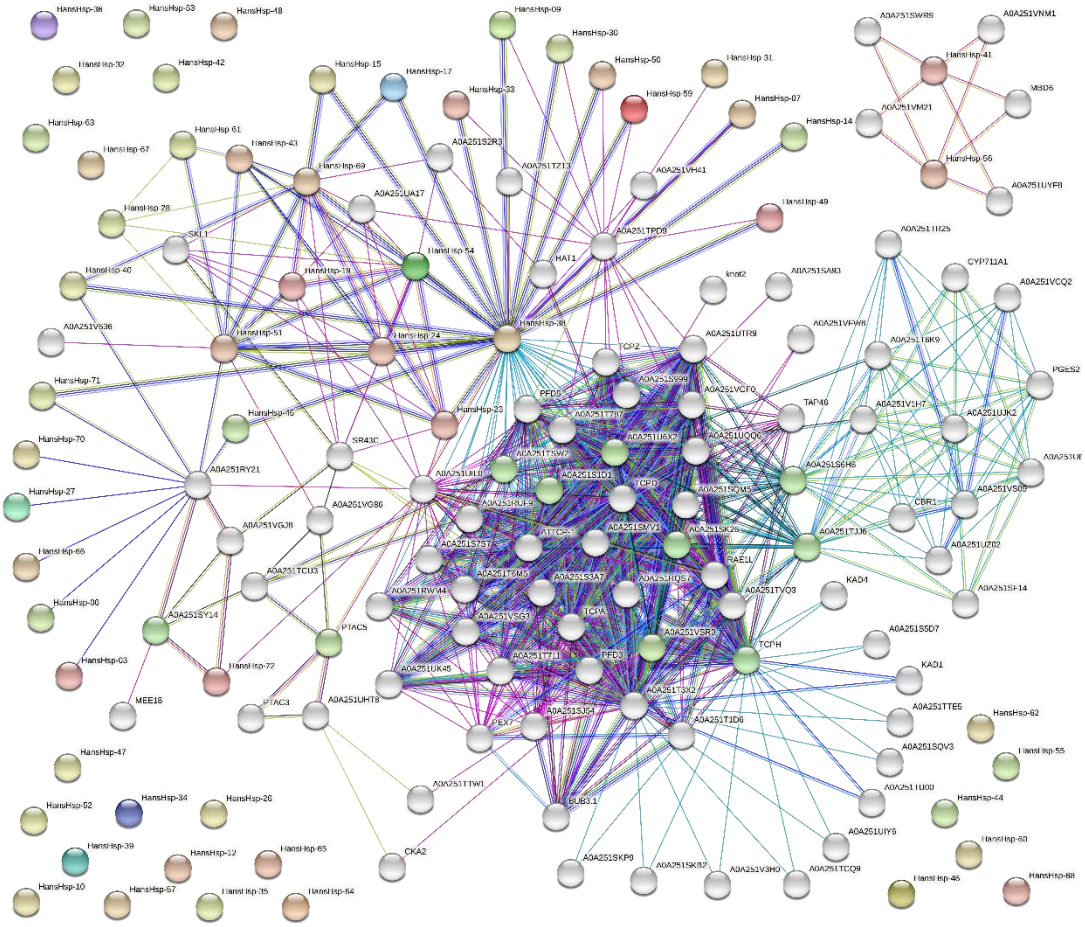
Phyre2 veri tabanına yüklenen HansHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapılarının belirlenmesinde ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik parametreleri baz alınmıştır. 28 adet HansHsp proteinin tahmini üç boyutlu yapısı bu parametlere göre belirlenmiştir. Elde edilen sonuçlar doğrultusunda ise β-kırmalı tabaka yapısının proteinlerde baskın olduğu saptanmıştır (Şekil 5.19).



Şekil 5.19 HansHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.3.6 HansHsp Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri

HansHsp proteinleri için elde edilen protein-protein etkileşim haritası sonuçlarına göre tüm proteinler içerisinde en fazla etkileşim gösteren protein HansHsp-38 (52 etkileşim) proteini olmuştur (Şekil 5.20). HansHsp proteinleri içerisinde HansHsp-69 (14), HansHsp-51 (12) ve HansHsp-54 (11) diğer yüksek derecede etkileşim gösteren ayçiçeği proteinleridir. HansHsp proteinlerinin en fazla etkileşimde bulundukları proteinler ise T-kompleksi protein 1 alt birimi olan ve aktin ve tubilinin katlanmasında önemli role sahip olan A0A251T3X2 (49) ve TCPH (49) proteinleri olmuştur.

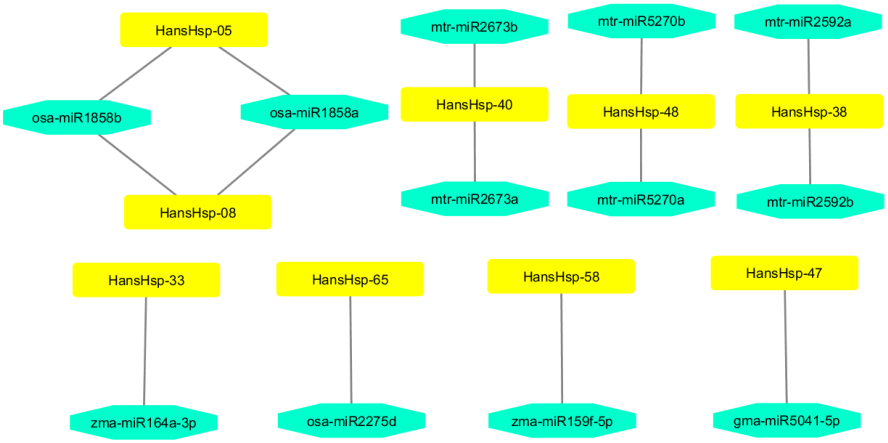


Şekil 5.20 HansHsp proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası

5.3.7 HansHsp Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

43 farklı bitkiye ait veriler kullanılarak psRNATarget veri tabanında yapılan analizler sonucunda, *HansHsp-05*, *HansHsp-08*, *HansHsp-38*, *HansHsp-40* ve *HansHsp-48*

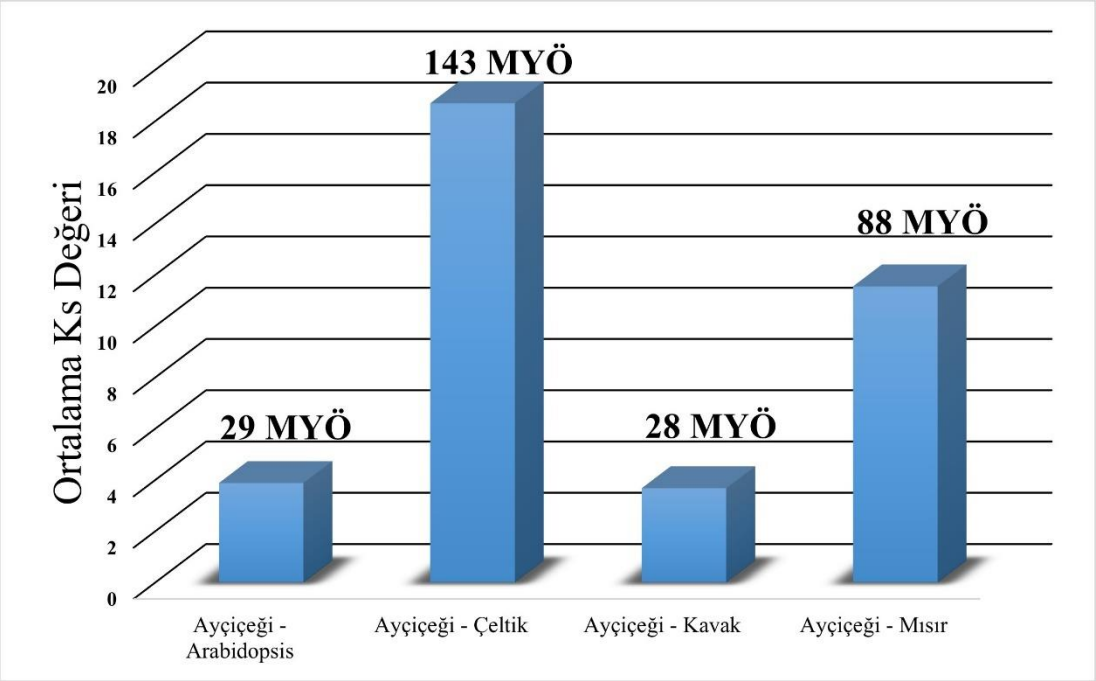
gen transkriptlerinin en fazla hedef alındığı tespit edilirken, 17 adet *HansHsp* geninin miRNA'lar tarafından hedef alındığı belirlenmiştir (EK 12) (Şekil 5.21).



Şekil 5.21 *HansHsp* genlerini hedef alan miRNA'lar

5.3.8 *HansHsp* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

HansHsp gen ailesinin ortolog ilişkileri incelendiğinde (Şekil 5.22) en yüksek sayıda ortolog ilişkisi 32 gen çifti ile mısır ile olmuştur. Daha sonra sırası ile kavak ile 14 gen, *Arabidopsis* ile 12 gen, çeltik ile, 6 ortolog gen çifti ilişkisi görülmüştür. Ka/Ks oranı, kavakta (0,12), *Arabidopsis*'te (0,11), çeltikte (0,07) ve mısırda ise (0,05) olarak hesaplanmıştır. En az Ka/Ks oranına mısır sahipken (0,05), çeltiğin oranı 0,07 olarak saptanmıştır. Türler arası muhtemel ayrılma zamanları analiz edildiğinde ilk ayrılmanın 143 MYÖ çeltik ile gerçekleştiği görülmüştür. En geç ayrılmanın ise 28 MYÖ kavak ile olduğu görülürken, benzerlik oranında olduğu gibi kavak ile çok yakın değere sahip olan *Arabidopsis*'te muhtemel ayrılma 29 MYÖ olarak saptanmıştır. Ayçiçeği ile mısır ayrımının ise 88 MYÖ olduğu görülmüştür (EK 12, 13, 14, 15).



Şekil 5.22 *HansHsp* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi

5.3.9 *HansHsp* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

HansHsp genlerinin evrimsel süreç içerisinde meydana gelen duplikasyonlarının bulunması amacı ile yapılan tandem-segmental duplikasyon analizi sonucunda 10 çift tandem, 21 çift segmental duplikasyona uğrayan gen olduğu belirlenmiştir. Tandem ve segmental duplike çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde ortalama birbirlerinde ayrılma süreleri sırası ile 4,44 MYÖ ve 25,11 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en son ayrım 1,28 MYÖ ile *HansHsp-21-HansHsp-24* genleri arasında, farklı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın ayrım ise 1,29 MYÖ ile *HansHsp-53-HansHsp-36* genleri arasında meydana gelmiştir (EK 16, 17).

5.4 Ayçiçeği Genomunda *Hsp40* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

Ayçiçeği genomunda 192 adet gen ile temsil edilen *HanHsp40* ailesi en fazla gene sahip olan gruptur. *HanHsp40* genleri kromozomal yerleşimlerine göre sınıflandırılırken, gene ait NCBI ulaşım numaraları, genin başlangıç ve bitiş pozisyonu, proteinlerin amino asit uzunluğu, izoelektronik etki değerleri, proteinlerin

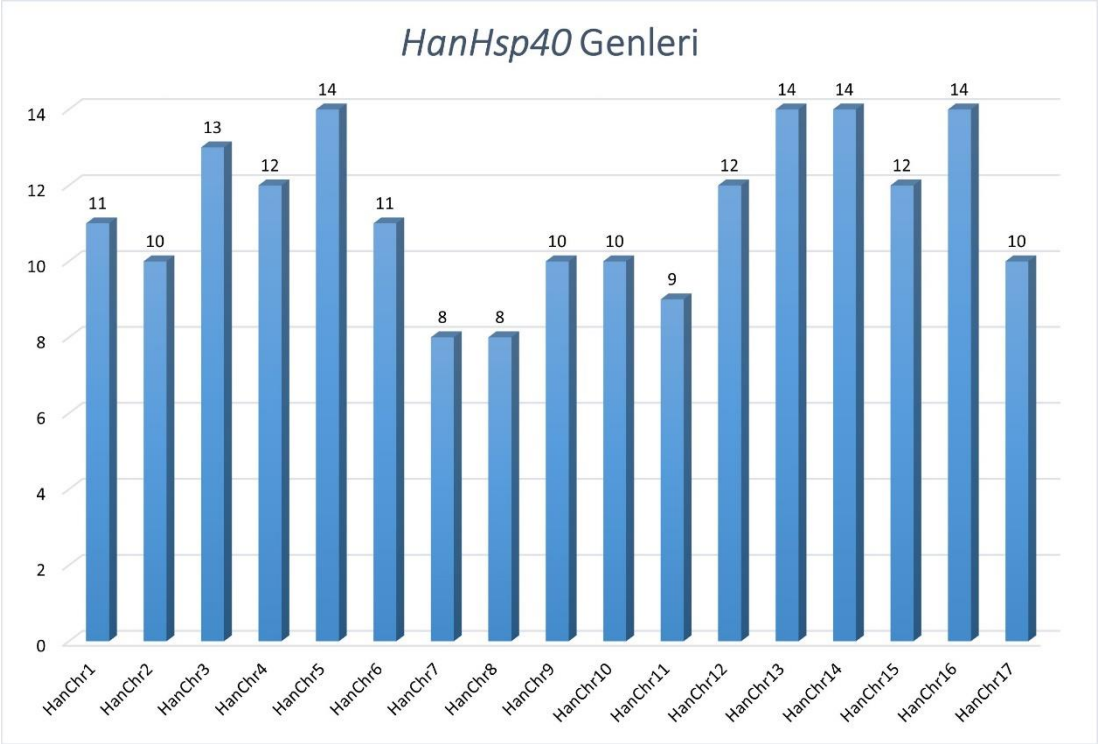
dalton (Da) cinsinden moleküler ağırlıkları, kararsızlık indeksi ve kararlı-kararsız durumları belirtilmiştir (EK 18).

HanHsp-40 proteinlerinin uzunlukları 110 aa (HanHsp40-96) ile 2542 aa (HanHsp40-107) arasında değişiklik gösterirken, moleküler ağırlığın 12111,03 Da (HanHsp40-16) ile 111453,79 Da (HanHsp40-138) arasında değiştiği saptanmıştır. 192 HanHsp-40 proteininden 118 proteinin bazik karaktere sahip olduğu tespit edilirken, HanHsp40-77 proteinin en bazik (10,72), HanHsp40-15 proteinin ise en asidik (4,50) protein olduğu tespit edilmiştir. HanHsp40 proteinlerin kararsızlık indeksi sonuçlarına göre 138 proteinin kararsız, diğerlerinin ise kararlı olduğu belirlenmiştir (EK 18).

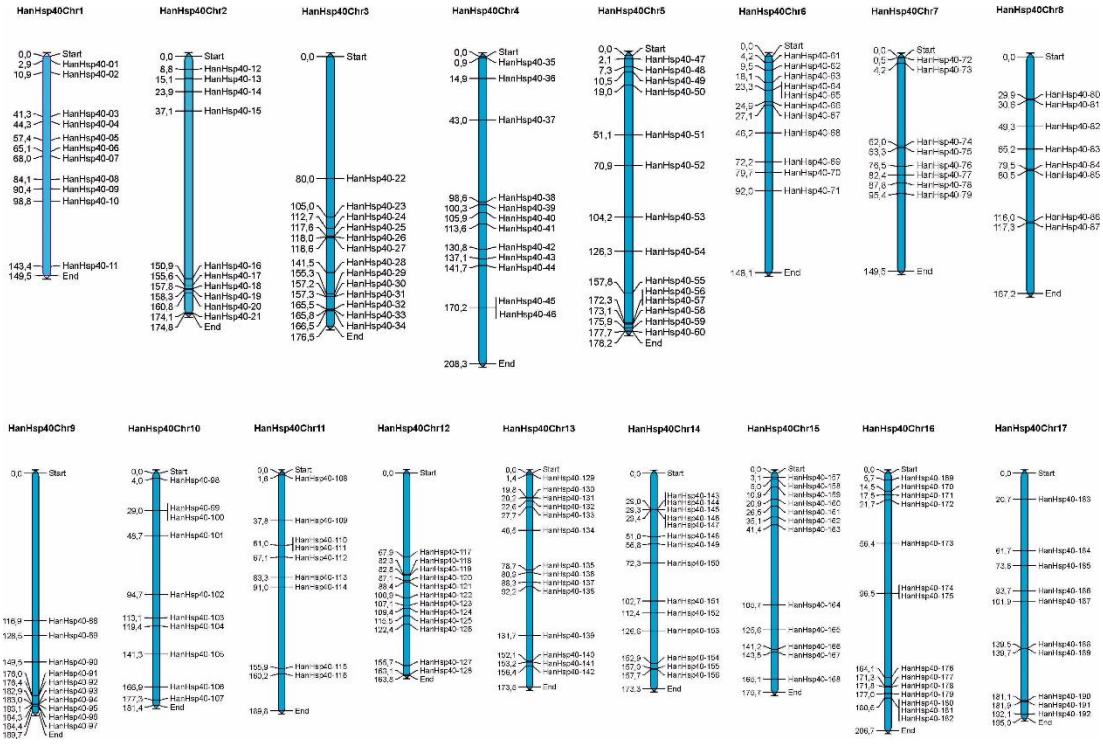
5.4.1 *Hsp40* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu

HanHsp40 genlerinin ayçiçeği kromozomlarının tamamına dağılım gösterdiği tespit edilmiştir. En fazla gen 14 gen ile 5., 13., 14. ve 16. kromozomlarda tespit edilmiştir. Diğer kromozomlar için ise 3. kromozomda 13 gen, 4., 12. ve 15. kromozomlarda 12 gen, 1. ve 6. kromozomlarda 11 gen, 2., 9., 10. ve 17. kromozomlarda 10 gen, 11. kromozomda ise 9 gen tespit edilmiştir. 7. ve 8. kromozomlarda ise 8 adet ile en az gen sayısı belirlenmiştir (Şekil 5.23, Şekil 5.24).

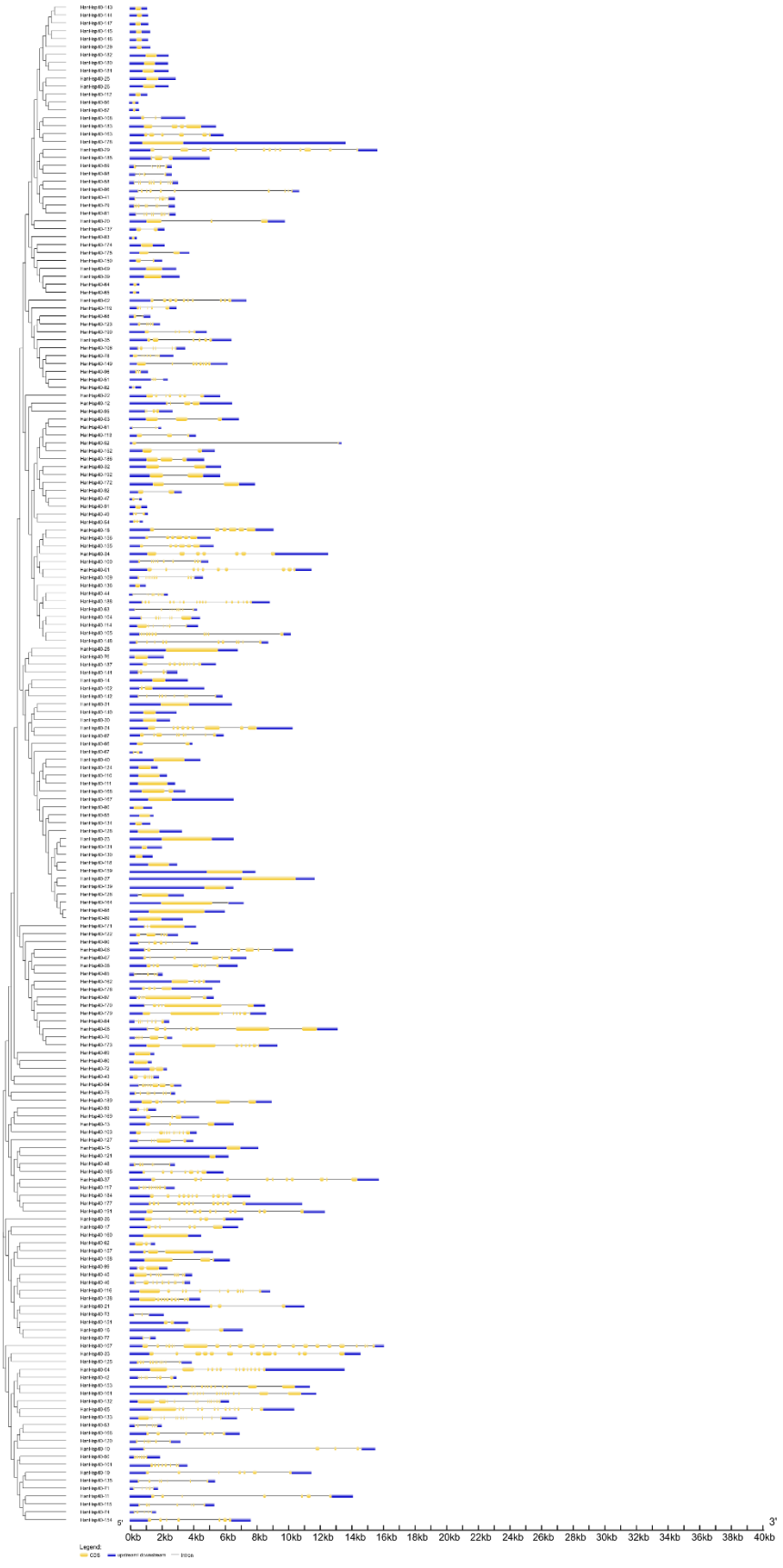
HanHsp40 genlerine ait ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde 52 adet genin intron bölgesi içermediği belirlenmiştir (Şekil 5.25).



Şekil 5.23 *HanHsp40* genlerinin kromozomal dağılım grafiği



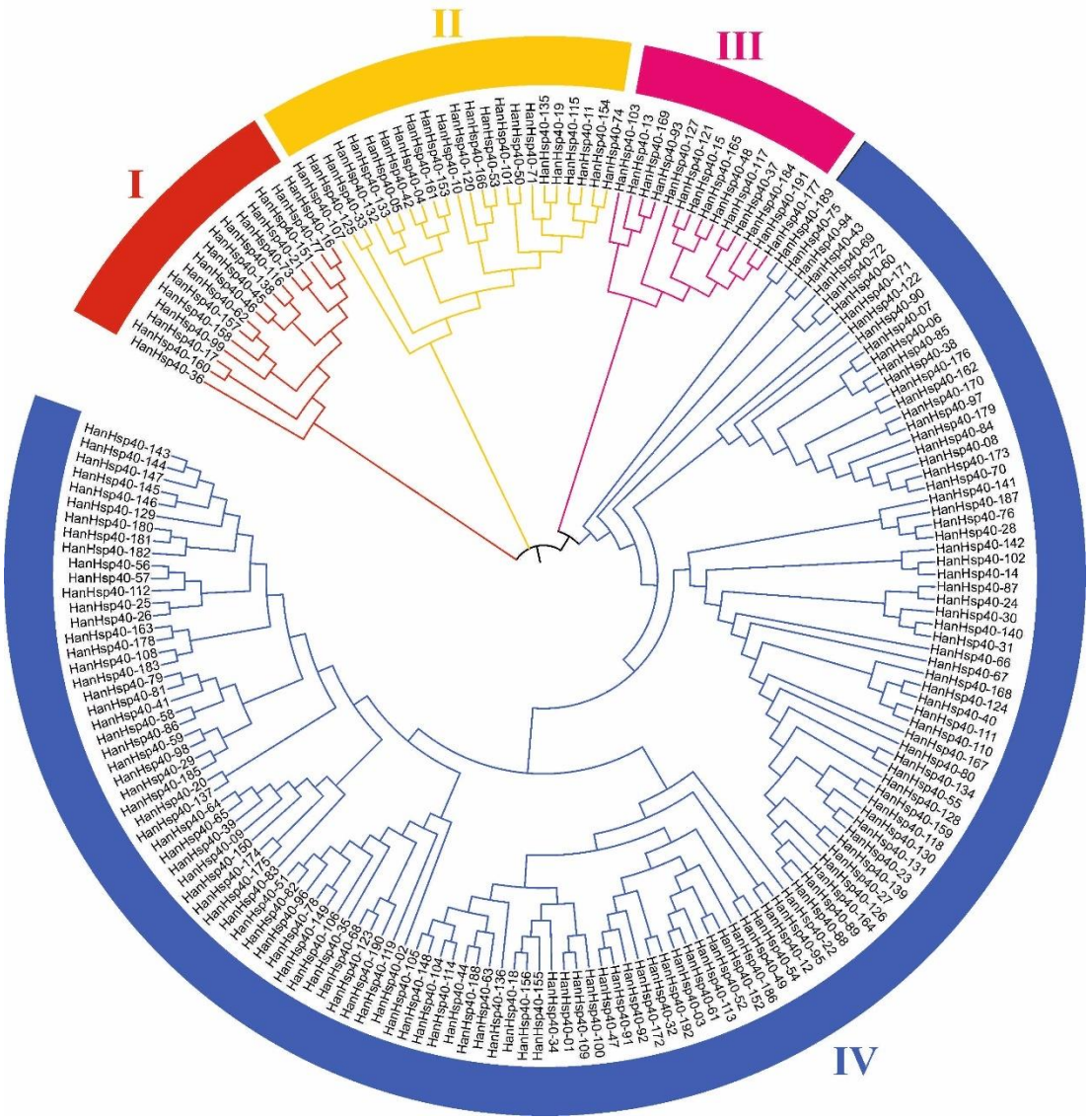
Şekil 5.24 *HanHsp40* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları



Şekil 5.25 *HanHsp40* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.4.2 HanHsp40 Ailesinin Filogenetik Analizleri

HanHsp40 proteinlerinin filogenetik analizleri sonucunda dört grup (Grup I, II, III ve IV) oluşmuştur. 139 protein (%72,4) ile Grup IV en kalabalık domain olurken, Grup III 14 üye ile en küçük grup olarak belirlenmiştir. Grup I ve Grup II ise sırasıyla 16 ve 23 proteine sahip diğer sınıflar olarak saptanmıştır (Şekil 5.26).



Şekil 5.26 HanHsp40 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması

5.4.3 HanHsp40 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi

MEME veri tabanı kullanılarak evrimsel süreç içerisinde HanHsp40 proteinlerine ait korunmuş motiflerin analizi sonucunda hemen hemen tüm Hsp40 proteinlerinin en az bir adet de olsa motif içerdiği belirlenmiştir. Tanımlanan 10 farklı motifin tamamı Hsp40 proteinlerinde gözlemlenirken, özellikle 1. ve 2. motifin Hsp40 proteinlerinin büyük bir çoğunluğunda görüldüğü belirlenmiştir (Şekil 5.27).

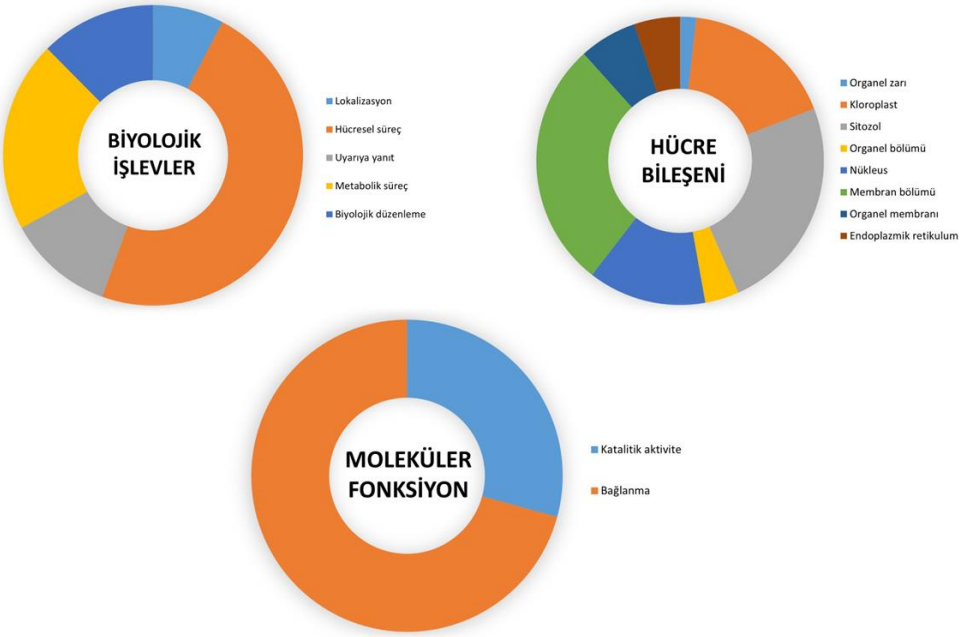


Şekil 5.27 HanHsp40 ailesine ait korunmuş dizi motifleri

5.4.4 *HanHsp40* Genlerinin Ontoloji Analizleri

HanHsp40 genlerine ait gen ontoloji analizleri sonucunda *Hsp40* genlerinin moleküler fonksiyonu incelendiğinde büyük bir çoğunluğunun bağlanma fonksiyonu gösterirken,

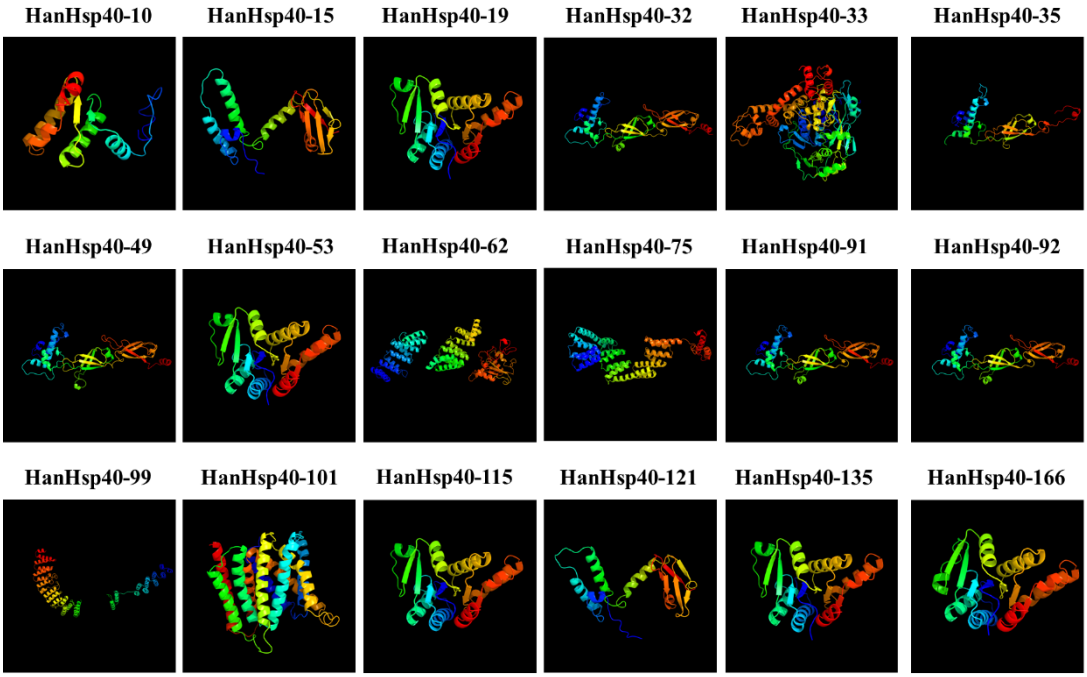
geri kalan genlerin ise katalitik aktivite gösterdiği belirlenmiştir. Analiz sonucunda *Hsp40* proteinlerinin büyük bir çoğunluğunun hücre membranında, sitozolde ve kloroplastta yer aldığı belirlenmiştir. *Hsp40* genlerinin biyolojik işleyişlerde ise genellikle hücresel işleyişlerde görev aldığı görülürken, metabolik işleyişlerde, biyolojik işleyişlerin düzenlenmesinde ve uyarıya yanıt verme görevlerinde de bulunduğu saptanmıştır (Şekil 5.28) (EK 19).



Şekil 5.28 *HanHsp40* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları

5.4.5 HanHsp40 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

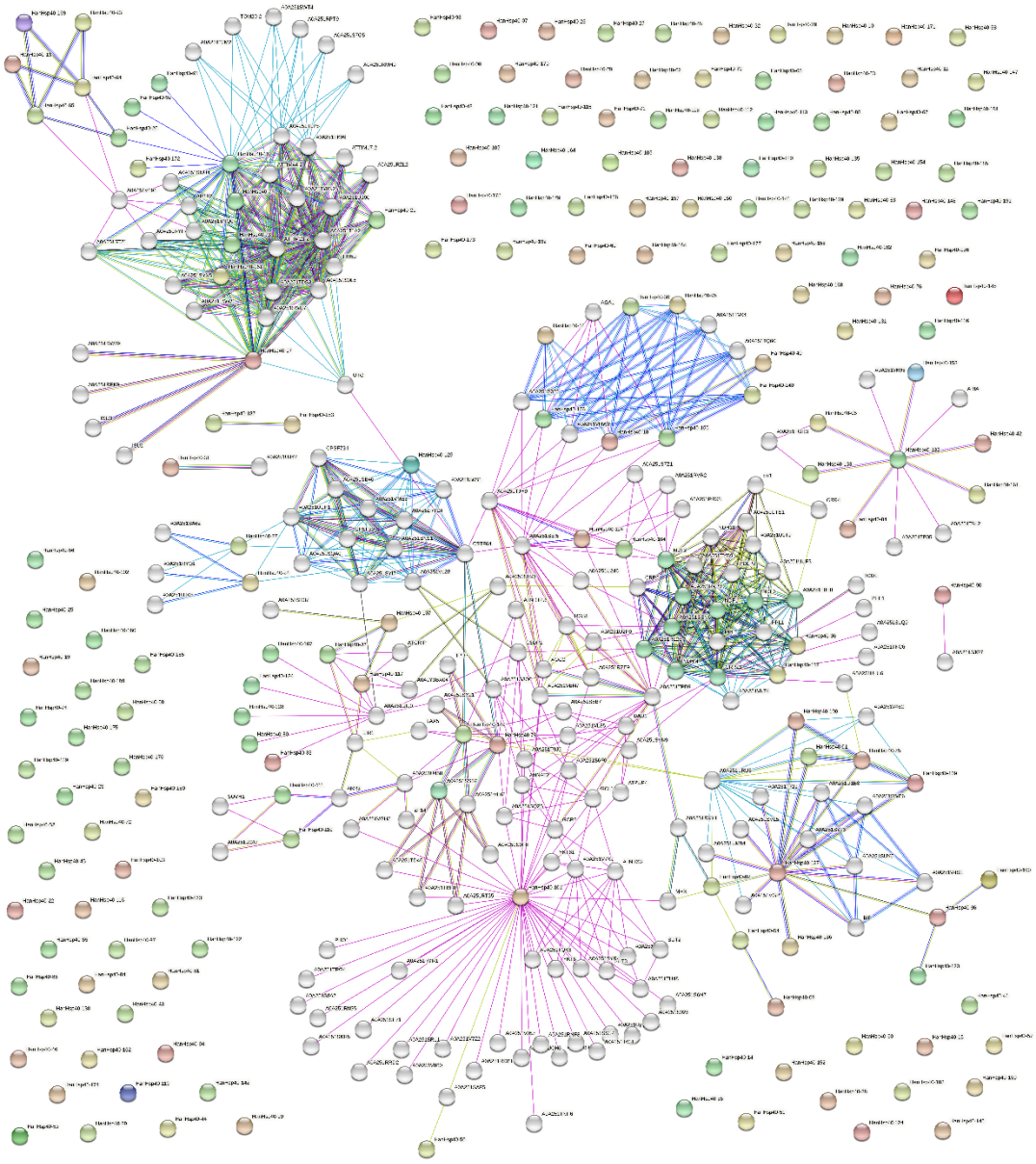
HanHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapılarının belirlenmesinde Phyre2 sistemine yüklenen amino asit sekanslarından, sonuçları ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik parametreleri olanlar değerlendirmeye alınmıştır. Hsp40 proteinlerinin üç boyutlu modellemesi yapılmış olup α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür (Şekil 5.29).



Şekil 5.29 HanHsp40 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.4.6 HanHsp40 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri

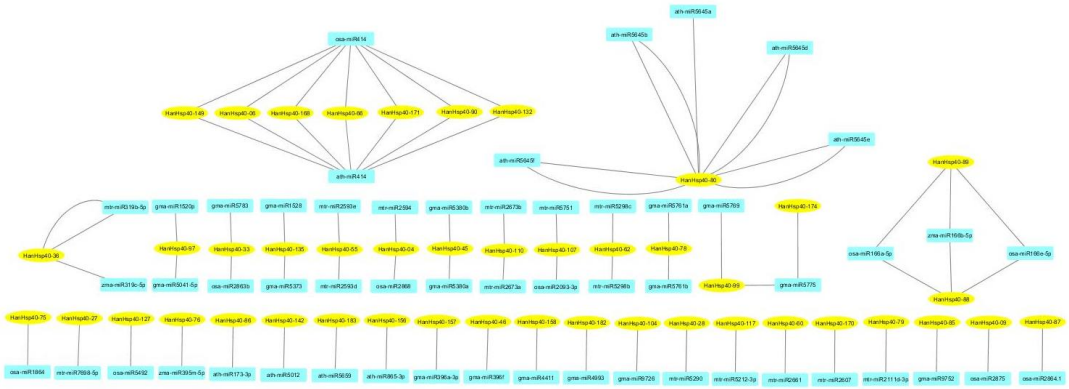
HanHsp40 proteinlerine ait elde edilen protein-protein etkileşim haritası sonuçlarına göre HanHsp40-101 (51 etkileşim) proteininin tüm proteinler içerisinde en fazla etkileşim gösteren protein olduğu belirlenmiştir (Şekil 5.30). Yine tüm proteinleri içerisinde en fazla ikinci etkileşim gösteren protein ise HanHsp40-16 (33) proteini olmuştur. Farklı proteinler ile etkileşime giren Hsp40 proteinlerinin 28 etkileşim ile en fazla karbon taşıma proteini (CRR23) ile etkileşim kurduğu gözlemlenmiştir. Ayrıca Hsp40 proteinlerinin amino asitlerin biyosentezinde ve detoksifikasyonunda rol alan haloasit dehidrogenaz (HAD) protein ailesi (A0A251S9L6 ve TIM50) ve translokaz iç membran alt birimleri (A0A251SWU7 ve ATTIM23-2) ile etkileşim kurduğu belirlenmiştir.



Şekil 5.30 HanHsp40 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritası

5.4.7 HanHsp40 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

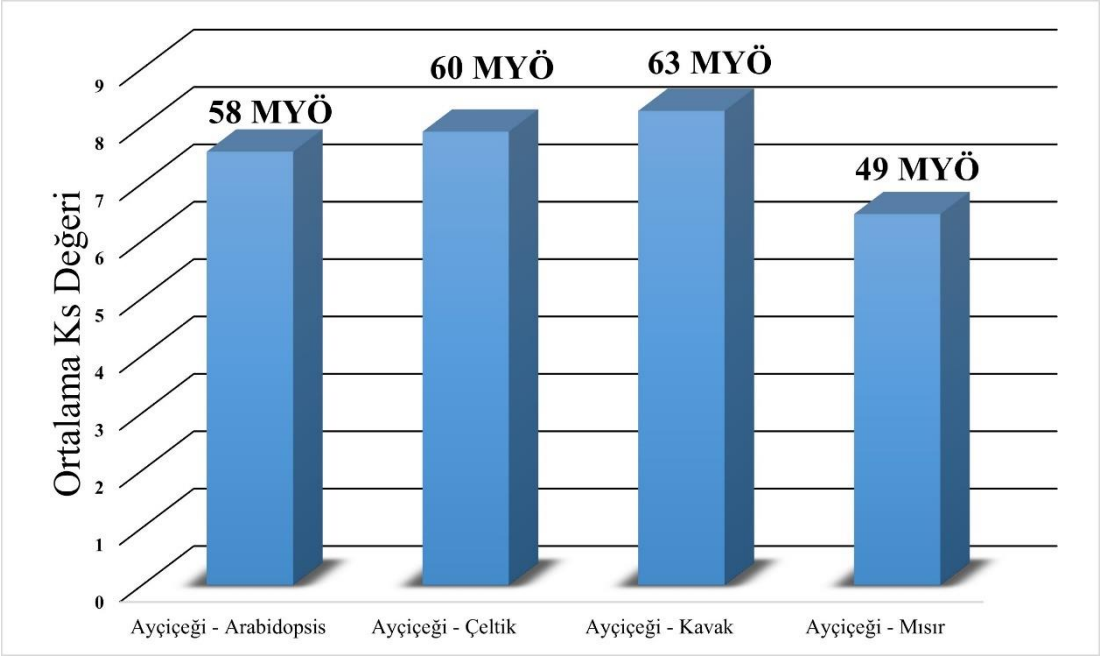
HanHsp40 gen transkriptlerini hedef alan miRNA gruplarının tespit analizi sonucunda en fazla *HanHsp40*-80 geni transkriptlerinin miRNA'lar tarafından hedef alındığı tespit edilmiştir (Şekil 5.31). *Hsp40* genleri transkriptlerini hedef alan miRNA'lar incelendiğinde ise miR414 (ath-miR414, osa-miR414, ppt-miR414) miRNA'larının yedi farklı *HanHsp40* genini hedef aldığı belirlenmiştir (EK 20).



Şekil 5.31 *HanHsp40* genlerini hedef alan miRNA'lar

5.4.8 *HanHsp40* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

192 adet *HanHsp40* geninin diğer organizmalarda yer alan ortologlarının analizi sonucunda kavak ile 29 çift, *Arabidopsis* ile 19 çift, mısır ile 18 çift ve çeltik ile 10 çift ortolog gen saptanmıştır (EK 21 22, 23, 24). Ka/Ks oranları incelendiğinde ise *Arabidopsis* ile kavağın (0,05), çeltik ile mısırın (0,03) aynı değerlere sahip olduğu görülmüştür. Genlerin ortalama ayrılma zamanları ise kavak ile 63 MYÖ, çeltik ile 60 MYÖ, *Arabidopsis* ile 58 MYÖ ve mısır ile 49 MYÖ olarak belirlenmiştir (Şekil 5.32).



Şekil 5.32 *HanHsp40* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi

5.4.9 *HanHsp40* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

HanHsp40 genlerinin evrimsel süreç içerisinde meydana gelen duplikasyonlarının bulunması amacı ile yapılan tandem-segmental duplikasyon analizi sonucunda 31 çiftin tandem, 46 çiftin segmental duplike gen olduğu belirlenmiştir (EK 25, 26). Tandem ve segmental duplike gen çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde ortalama birbirlerinden ayrılma süreleri sırası ile 23,28 MYÖ ve 30,07 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en son ayrım 1,80 MYÖ ile *HanHsp40-175-HanHsp40-174* genleri arasında, farklı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın ayrım ise 1,96 MYÖ ile *HanHsp40-96-HanHsp40-82* genleri arasında meydana gelmiştir.

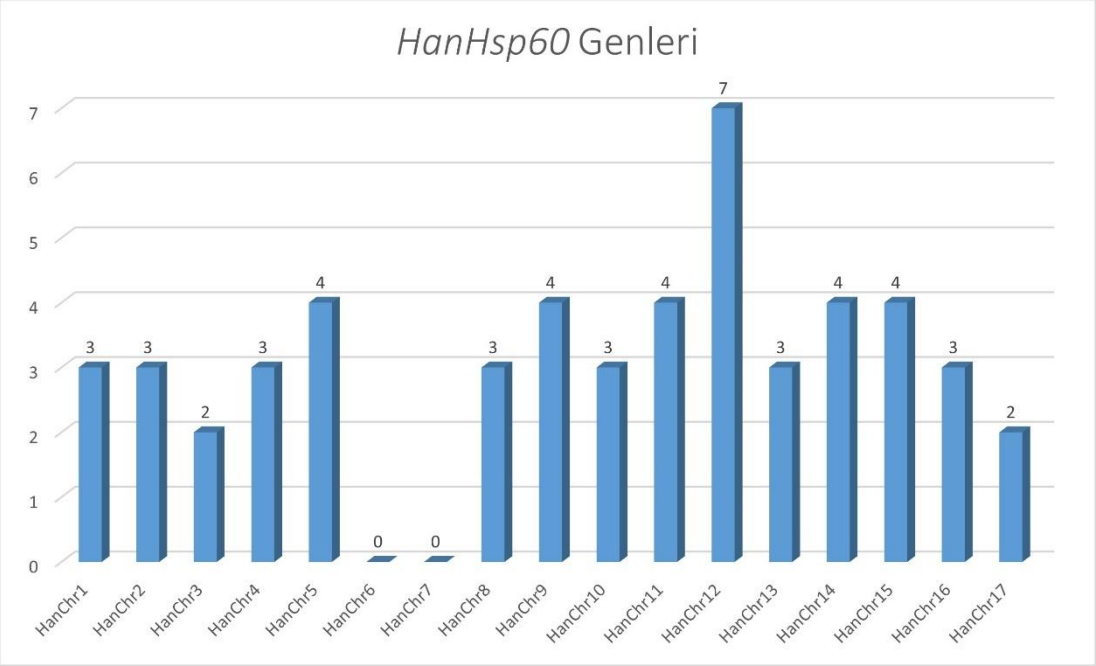
5.5 Ayçiçeği Genomunda *Hsp60* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

Ayçiçeği genomunda 52 adet *Hsp60* geni tespit edilmiş ve bu genler *HanHsp60*-01 geninden *HanHsp60-52* genine kadar isimlendirilmiştir. Gen sıralaması genlerin kromozomal yerleşimlerine göre yapılmış olup, gene ait NCBI ulaşım numaraları, genin başlangıç ve bitiş pozisyonu, proteinlerin amino asit uzunluğu, izoelektronik etki değerleri, proteinlerin dalton (Da) cinsinden moleküler ağırlıkları, kararsızlık indeksi ve kararlı-kararsız durumları belirtilmiştir (EK 27).

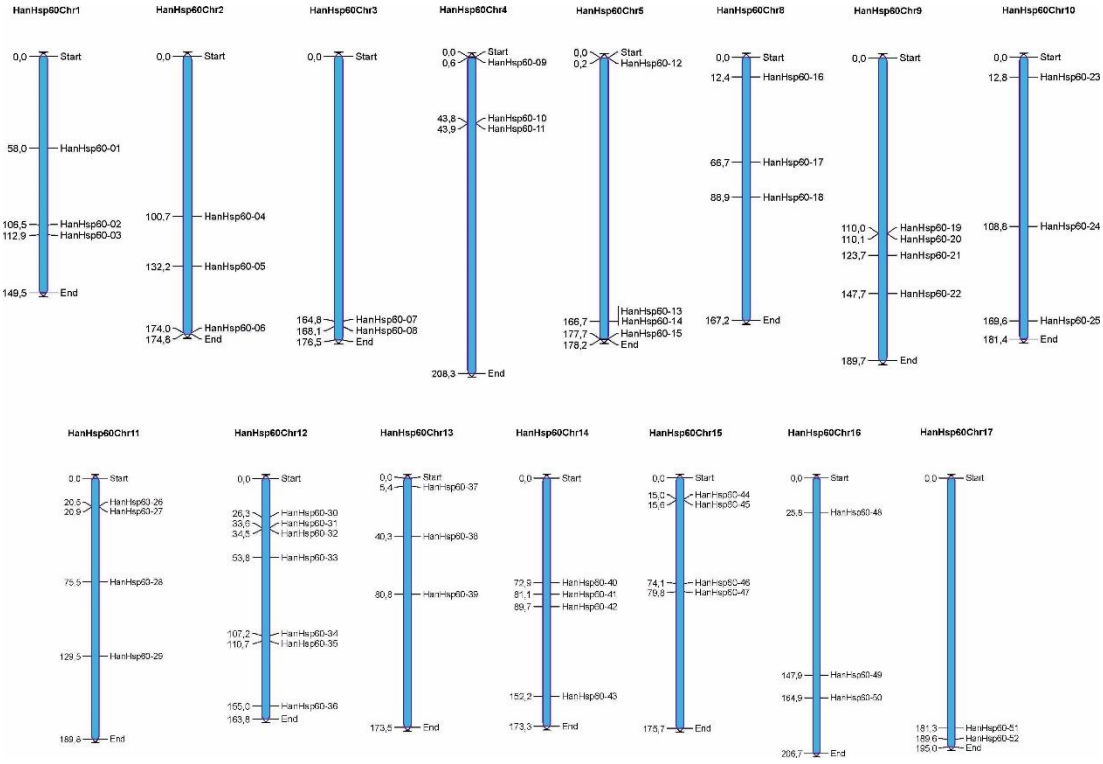
HanHsp-60 proteinlerinin uzunlukları, 97 aa (HanHsp60-16 ve HanHsp31) ile 1649 aa (HanHsp60-09) arasında değişkenlik gösterdiği saptanmıştır. Proteinler moleküler ağırlıklarına göre sıralandıklarında ise 10406,04 Da (HanHsp60-16) ile 183600,25 Da (HanHsp60-09) arasında değişiklik gösterdikleri belirlenmiştir. Sadece HanHsp40-01, 12, 17, 24, 28, 32, 33, 37, 38, 48 ve 49 proteinlerinin bazik karakter gösterdiği tespit edilirken, 41 proteinin asidik karakter gösterdiği belirlenmiştir. En asidik protein HanHsp60-11 (4,30) olarak belirlenirken HanHsp60-48 proteinin (9.44) en bazik protein olduğu belirlenmiştir. HanHsp60 proteinlerin kararsızlık indeksi sonuçlarına göre 14 proteinin kararsız, 38 proteinin ise kararlı olduğu tespit edilmiştir (EK 27).

5.5.1 *Hsp60* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi

HanHsp60 genlerinin 6. ve 7. kromozomlar hariç tüm kromozomlara dağılım gösterdikleri belirlenmiştir. En fazla *Hsp60* geninin 7 gen ile 12. kromozom üzerinde bulunduğu saptanmıştır. Bunun dışında 5., 9., 11., 14. ve 15. kromozomlarda 4 gen, 1., 2., 4., 8., 10., 13. ve 16. kromozomlarda 3 gen, 3. ve 17. kromozomlarda ise 2 gen bulunduğu gözlemlenmiştir (Şekil 5.33, Şekil 5.34).

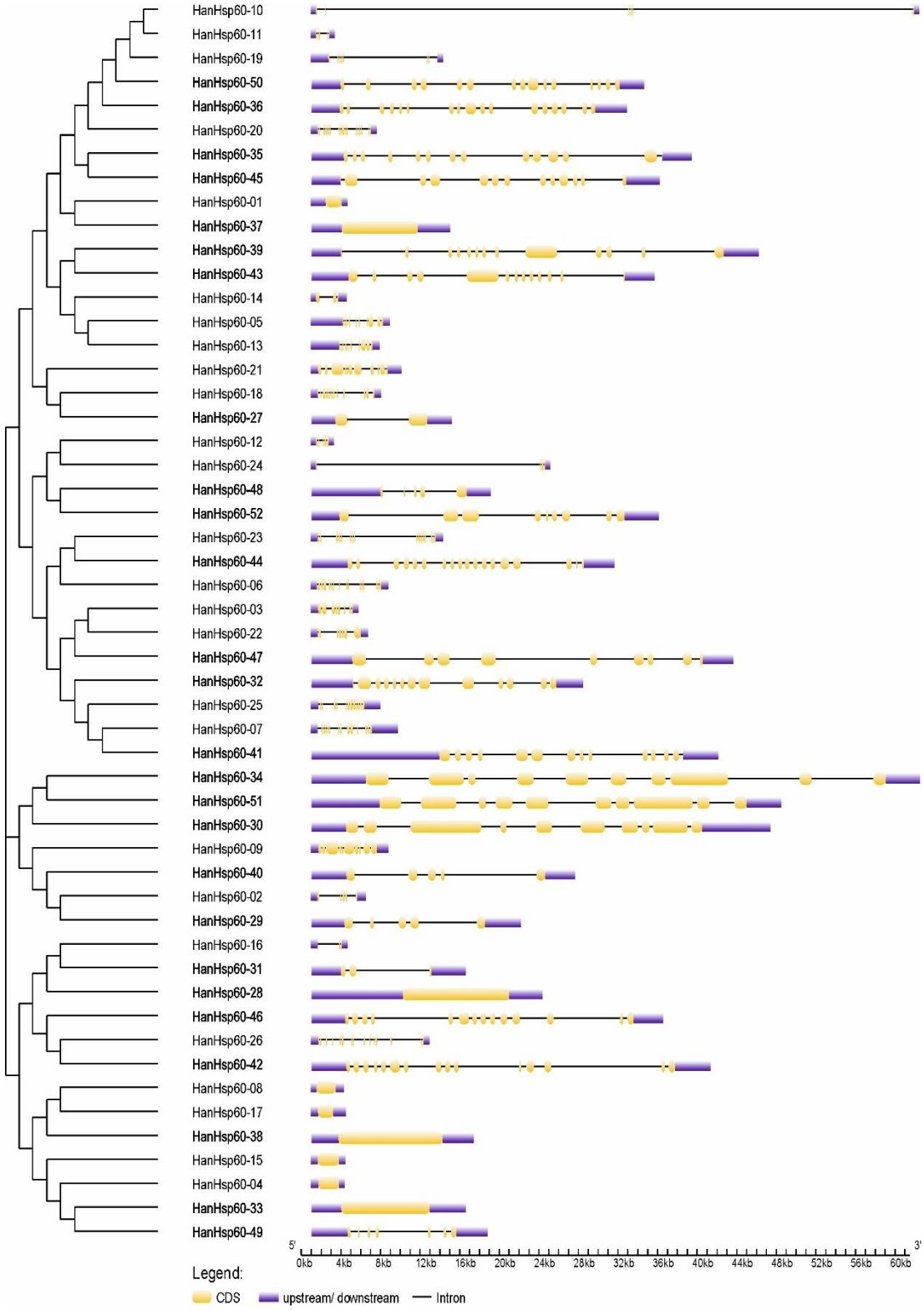


Şekil 5.33 *HanHsp60* genlerinin kromozomal dağılım grafiği



Şekil 5.34 *HanHsp60* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları

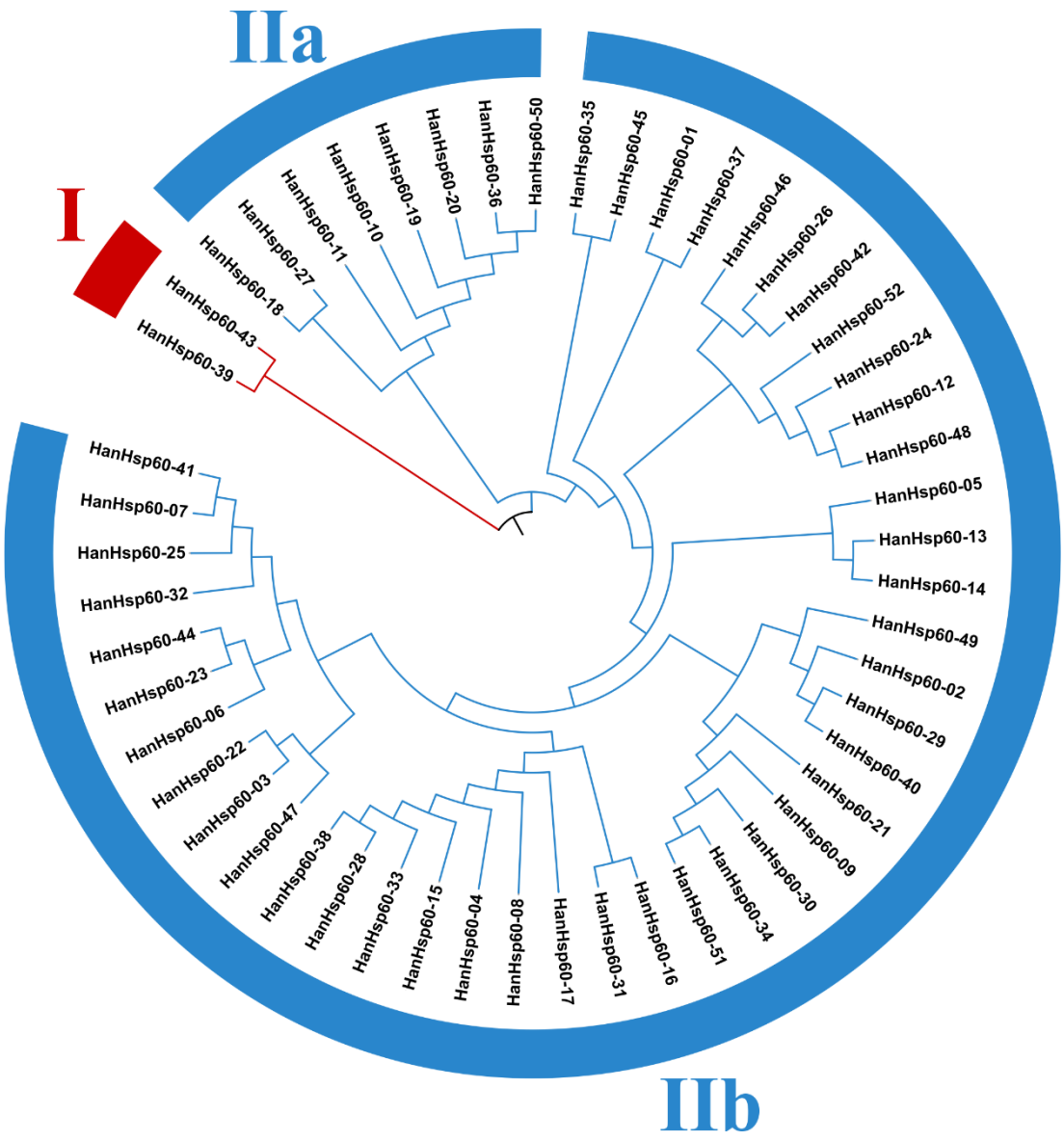
HanHsp60 genlerinin ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde *HanHsp60*-01, *04*, *08*, *15*, *17*, *28*, *33*, *37* ve *38* genlerinin intron içermedikleri görülmüştür. *HanHsp60*-06 geninin 15 bölge ile en fazla intron bölgesi içeren *Hsp60* geni olduğu görülmüştür (Şekil 5.35).



Şekil 5.35 *HanHsp60* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.5.2 HanHsp60 Ailesinin Filogenetik Analizleri

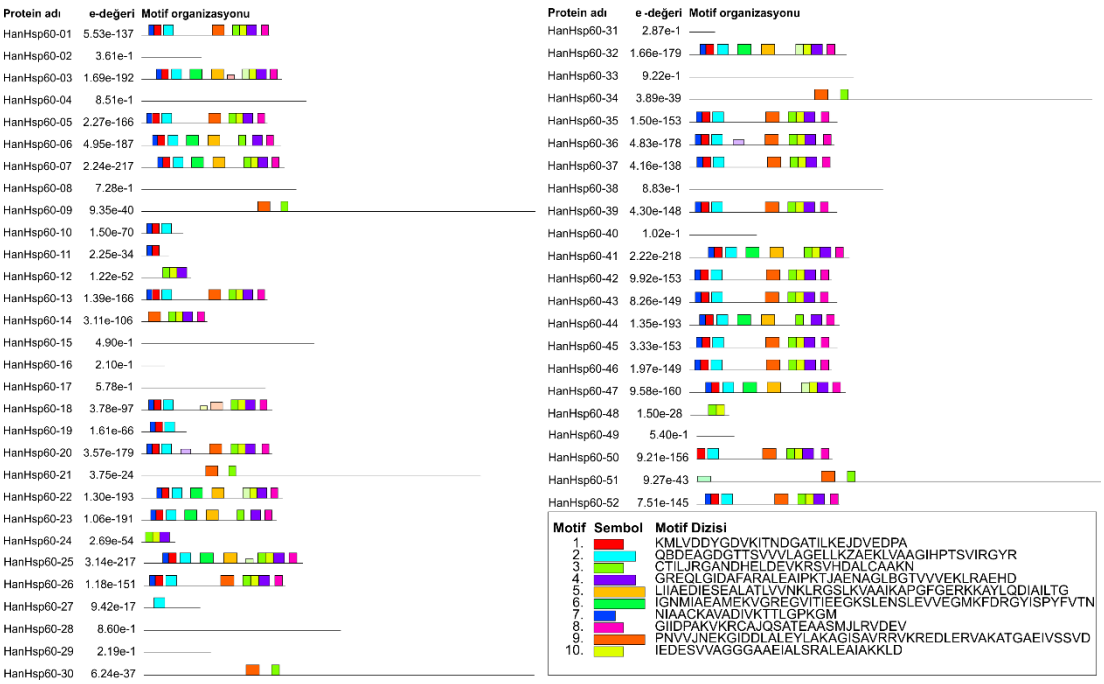
HanHsp60 ailesine ait filogenetik analizler incelendiğinde *Hsp60* proteinlerinin iki temel gruba ayrıldığı (Grup I, II) belirlenmiştir. Grup I *HanHsp60-43* ve *HanHsp60-39* ile temsil edilirken, Grup II, iki alt gruba ayrılmıştır. Grup IIb 42 proteine sahip olup en kalabalık filogenetik grup olmuştur (Şekil 5.36).



Şekil 5.36 HanHsp60 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması

5.5.3 HanHsp60 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi

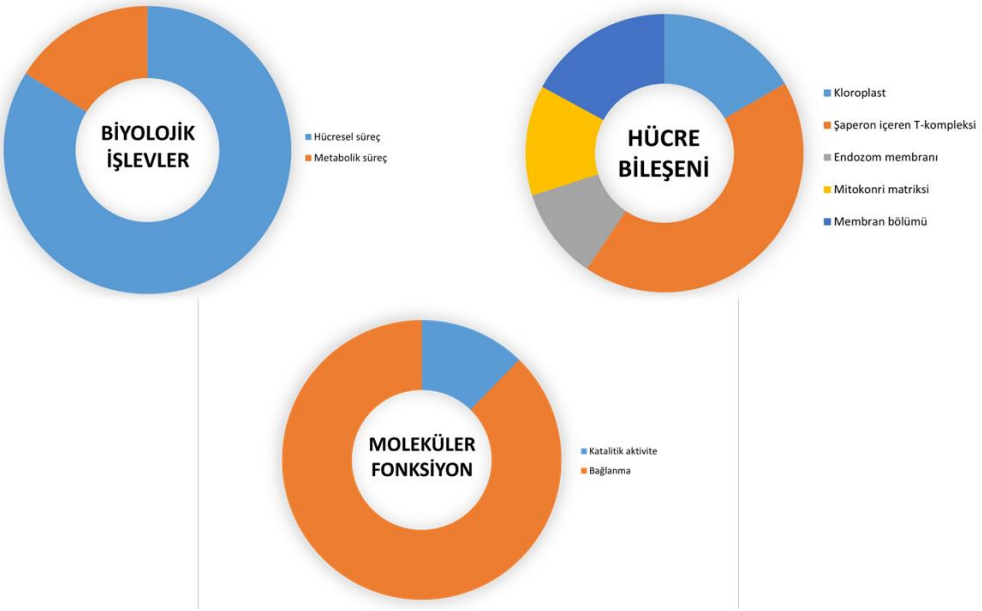
Evrimsel süreç içerisinde HanHsp60 proteinlerine ait korunmuş motiflerin analizinde (Şekil 5.37) HanHsp60-02, 14, 08, 15, 16, 17, 28, 29, 31, 33, 38, 40, 49 proteinlerinin motif içermediği saptanmıştır. Motiflerin dağılımı incelendiğinde ise tanımlanan on motifinde Hsp60 proteinlerinde dağılım gösterdiği görülürken, 1., 2. ve 7. motiflerin diğer motiflere nazaran daha yaygın olarak proteinlerde yer aldığı görülmüştür.



Şekil 5.37 HanHsp60 ailesine ait korunmuş dizi motifleri

5.5.4 *HanHsp60* Genlerinin Ontoloji Analizleri

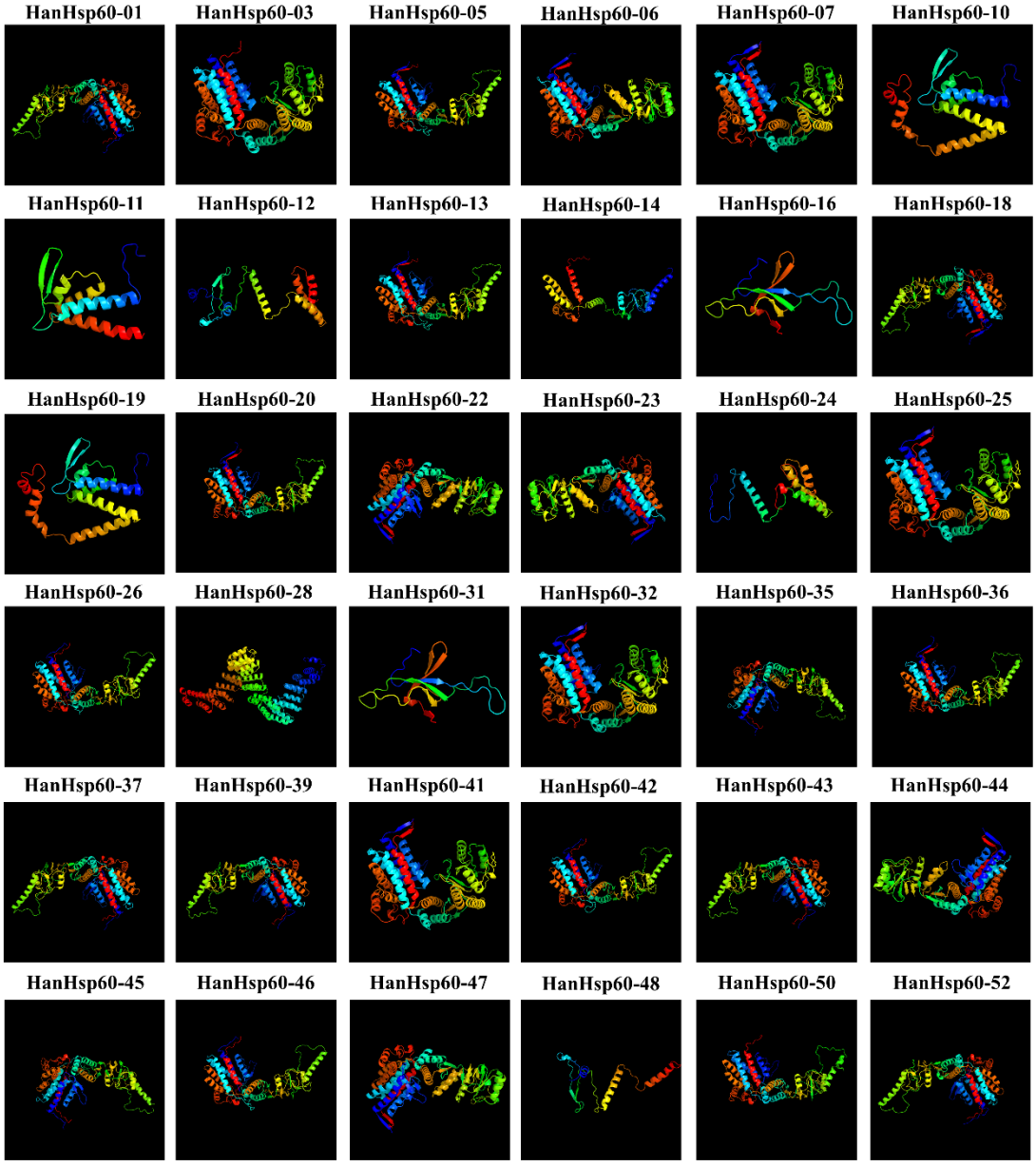
HanHsp60 genlerine ait gen ontoloji analizi incelendiğinde (Şekil 5.38), genlerin moleküler fonksiyonunun genellikle bağlanma ve geri kalanının ise katalitik aktivite olduğu görülmüştür. *HanHsp60* genlerinin hücre içerisinde çoğunlukla şaperon içeren T-kompleksinde yer aldığı, bunun yanında hücre membranında, kloroplastta, mitokondri matriksinde ve endozom membranında yer aldığı görülmüştür. HanHsp60 proteinlerinin biyolojik işlevleri incelendiğinde ise büyük bir çoğunluğunun hücresel süreçlerde görev aldığı görülürken, bir kısmının ise metabolik işleyişlerde rol aldığı belirlenmiştir (EK 28).



Şekil 5.38 *HanHsp60* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları

5.5.5 HanHsp60 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

HanHsp60 proteinlerine ait amino asit sekansları Phyre2 sistemine yüklenerek ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik sonuçlarını veren proteinler değerlendirmeye alınmıştır. Sonuç olarak 36 adet HanHsp60 proteinin üç boyutlu modellemesi yapılmış olup, α-sarmal yapının daha baskın olduğu görülmüştür (Şekil 5.39).

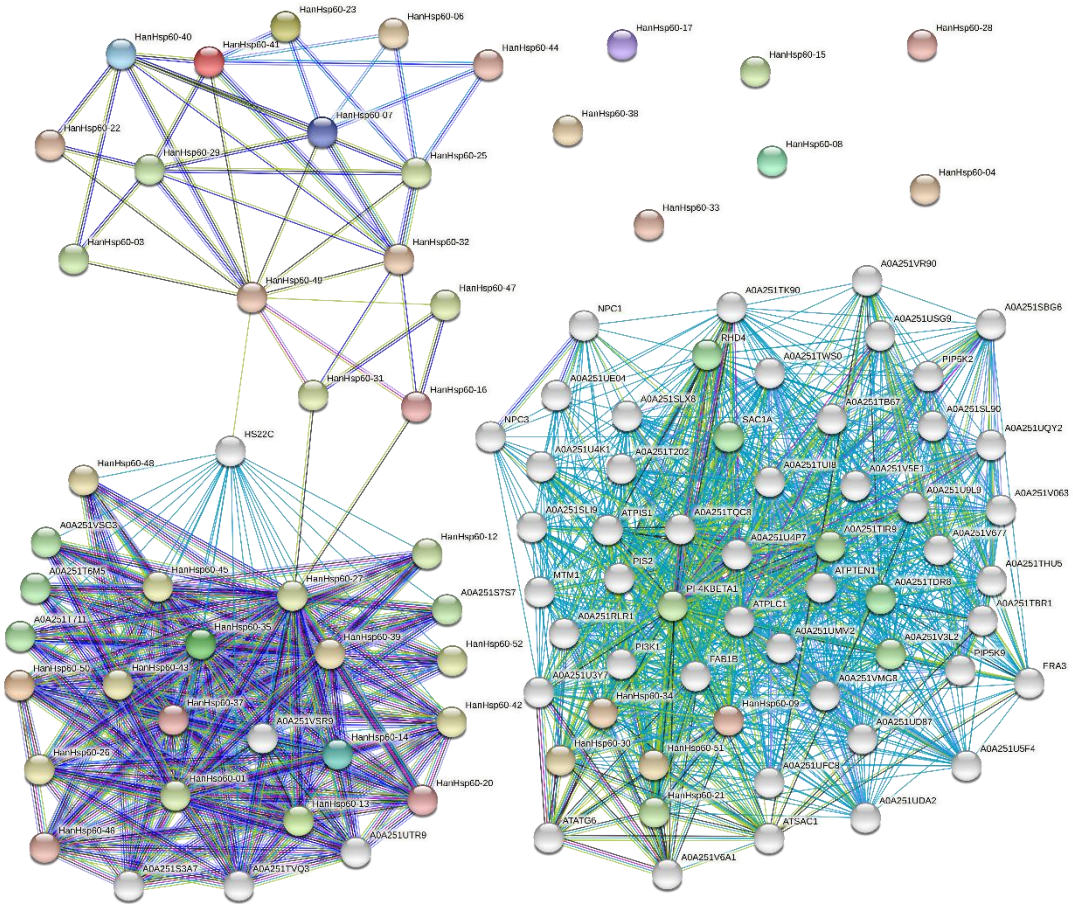


Şekil 5.39 HanHsp60 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.5.6 HanHsp60 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri

HanHsp60 protein ailesine ait protein-protein etkileşimleri haritası incelendiğinde HanHsp60-09 proteininin (38 etkileşim) en fazla etkileşim gösteren protein olduğu görülmüştür (Şekil 5.40). HanHsp60 proteinlerinin diğer proteinler ile etkileşimleri incelendiğinde saçak kök oluşumu ile ilişkili olan ve fosfatidinositol kinaz ve fosfatidinositid fosfataz ailesi proteinleri (PI-4KBETA1, A0A251TIR9,

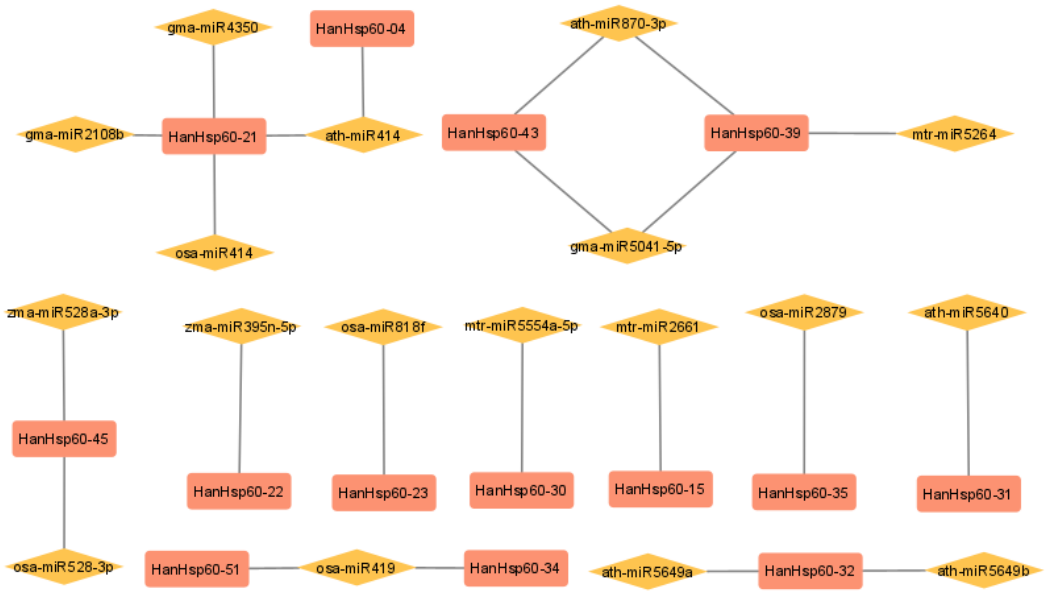
A0A251TQC8, A0A251U4P7, RHD4 ve SAC1A) ile etkileşimlerinin yüksek olduğu gözlemlenmiştir.



Şekil 5.40 HanHsp60 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası

5.5.7 HanHsp60 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

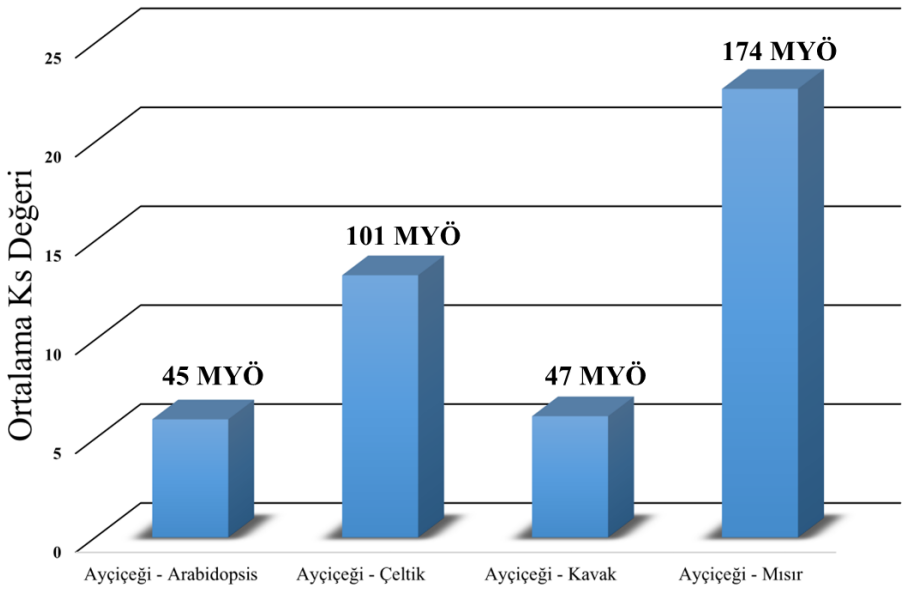
43 farklı bitkiye ait veriler kullanılarak psRNATarget veri tabanında yapılan analizler sonucunda, en fazla *HanHsp60-45* genine ait tanskriptlerin hedef alındığı tespit edilirken, 31 adet *HanHsp60* geni transkriptlerinin miRNA'lar tarafından hedef alındığı tespit edilmiştir (Şekil 5.41). aly-miR3437-3p miRNA'sının beş *Hsp60* genini (*HanHsp60-10, 19, 20, 36, 50*) hedef aldığı belirlenmiştir (EK 29).



Şekil 5.41. *HanHsp60* genlerini hedef alan miRNA'lar

5.5.8 *HanHsp60* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

HanHsp60 genlerinin ortolog ilişkileri araştırıldığında en fazla ortolog gen ilişkisinin 49 çift ile kavakta, en az ortolog genin ise 36 çift ile *Arabidopsis*'te olduğu belirlenirken, mısır ile 46 çift, çeltik ile 38 çift ortolog ilişki olduğu görülmüştür (EK 30, 31, 32, 33). Ka/Ks oranları sonuçlarına göre kavakta 0,45, çeltikte 0,05, *Arabidopsis* ve mısırda 0,01 değerleri bulunmuştur. Muhtemel ayrılma oranları incelendiğinde ilk ayrılmanın 174 MYÖ ile mısırda olduğu görülürken, sırasıyla 101 MYÖ ile çeltik, 47 MYÖ ile kavak ve 45 MYÖ ile *Arabidopsis* ile gerçekleştiği tahmin edilmiştir (Şekil 5.42).



Şekil 5.42 *HanHsp60* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi

5.5.9 *HanHsp60* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

HanHsp60 genlerinin evrimsel süreç içerisinde meydana gelen duplikasyonlarının bulunması amacı ile yapılan tandem-segmental analizi sonucunda sadece 1 çiftin tandem, 19 çift segmental duplike gen olduğu belirlenmiştir (EK 34, 35). Tandem olarak belirlenen *HanHsp60-34-HanHsp60-30* gen çiftinin evrimsel süreç içerisinde birbirlerinden ayrılma süresi 24,46 MYÖ olarak belirlenmiştir. Segmental duplike çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde ortalama birbirlerinde ayrılma süresi ise 28,82 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Farklı kromozomlar üzerinde duplike olmuş genler arasında en son ayrım ise 0,29 MYÖ ile *HanHsp60-36-HanHsp60-20* gen çifti arasında meydana gelmiştir.

5.6 Ayçiçeği Genomunda *Hsp70* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

Ayçiçeği genomunda 85 adet gen ile temsil edilen HanHsp70 ailesi en fazla gene sahip olan gruptur. *HanHsp70* genleri kromozomal yerleşimlerine göre sınıflandırılırken, gene ait NCBI ulaşım numaraları, genin başlangıç ve bitiş pozisyonu, proteinlerin amino asit uzunluğu, izoelektronik etki değerleri, proteinlerin dalton (Da) cinsinden

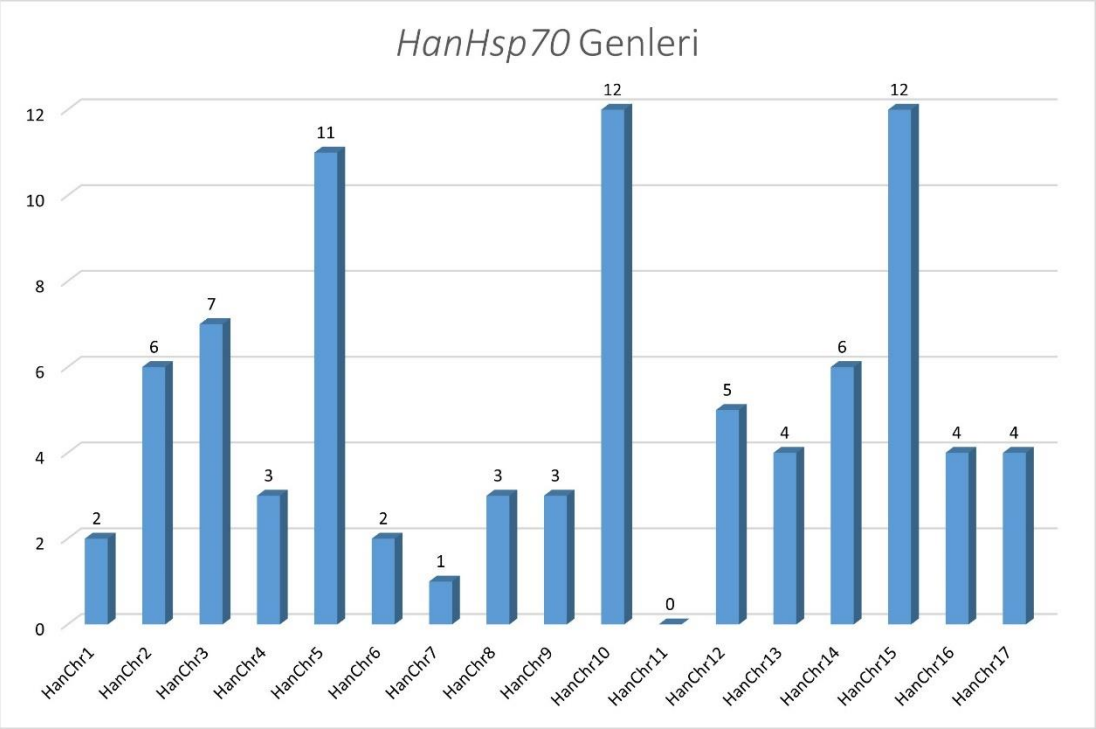
moleküler ağırlıkları, kararsızlık indeksi ve kararlı-kararsız durumları belirtilmiştir (EK 36).

HanHsp-70 proteinlerinin uzunlukları 78 aa (HanHsp70-38) ile 1018 aa (HanHsp70-67) arasında değişiklik gösterirken, moleküler ağırlığın 13639,34 Da (HanHsp70-52) ile 112387,75 Da (HanHsp70-67) arasında değiştiği saptanmıştır. 85 HanHsp-70 proteininden 27 proteinin bazik karaktere sahip olduğu tespit edilirken, HanHsp70-04 proteinin en bazik (9,67), HanHsp70-52 proteinin ise en asidik (4,41) protein olduğu tespit edilmiştir. HanHsp70 proteinlerin kararsızlık indeksi sonuçlarına göre 18 proteinin kararsız, diğerlerinin ise kararlı olduğu tespit edilmiştir (EK 36).

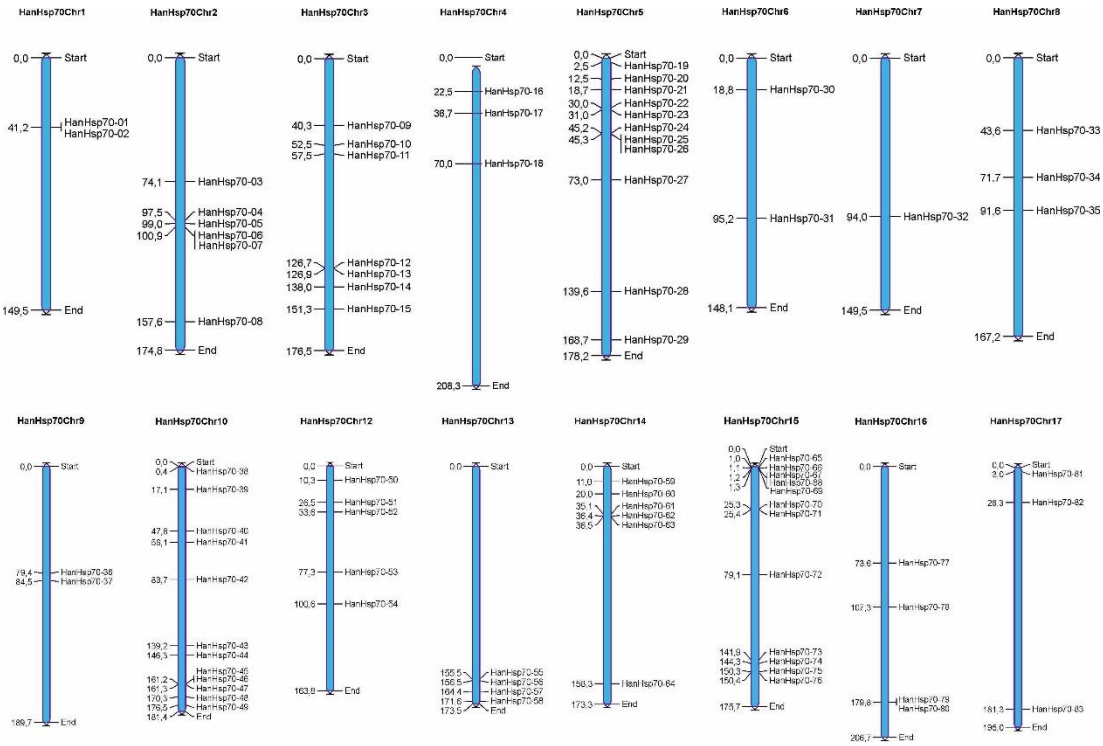
5.6.1 *Hsp70* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu

HanHsp70 genlerinin ayçiçeği kromozomlarına, 11. kromozom hariç, dağıldığı tespit edilmiştir. 10. ve 15. kromozomlar 12 gen ile en fazla *HanHsp70* geni içeren kromozomlar olmuştur. 5. kromozomda 11 adet gen, 3. kromozomda 7 adet gen, 2. ve 14. kromozomlarda 6 adet gen, 12. kromozomda 5 adet gen, 13., 16. ve 17. kromozomlarda 4 adet gen, 4., 8. ve 9. kromozomlarda 3 adet gen, 1. ve 6. kromozomlarda 2 adet gen ve 7. kromozomda ise 1 adet gen tespit edilmiştir (Şekil 5.43, Şekil 5.44).

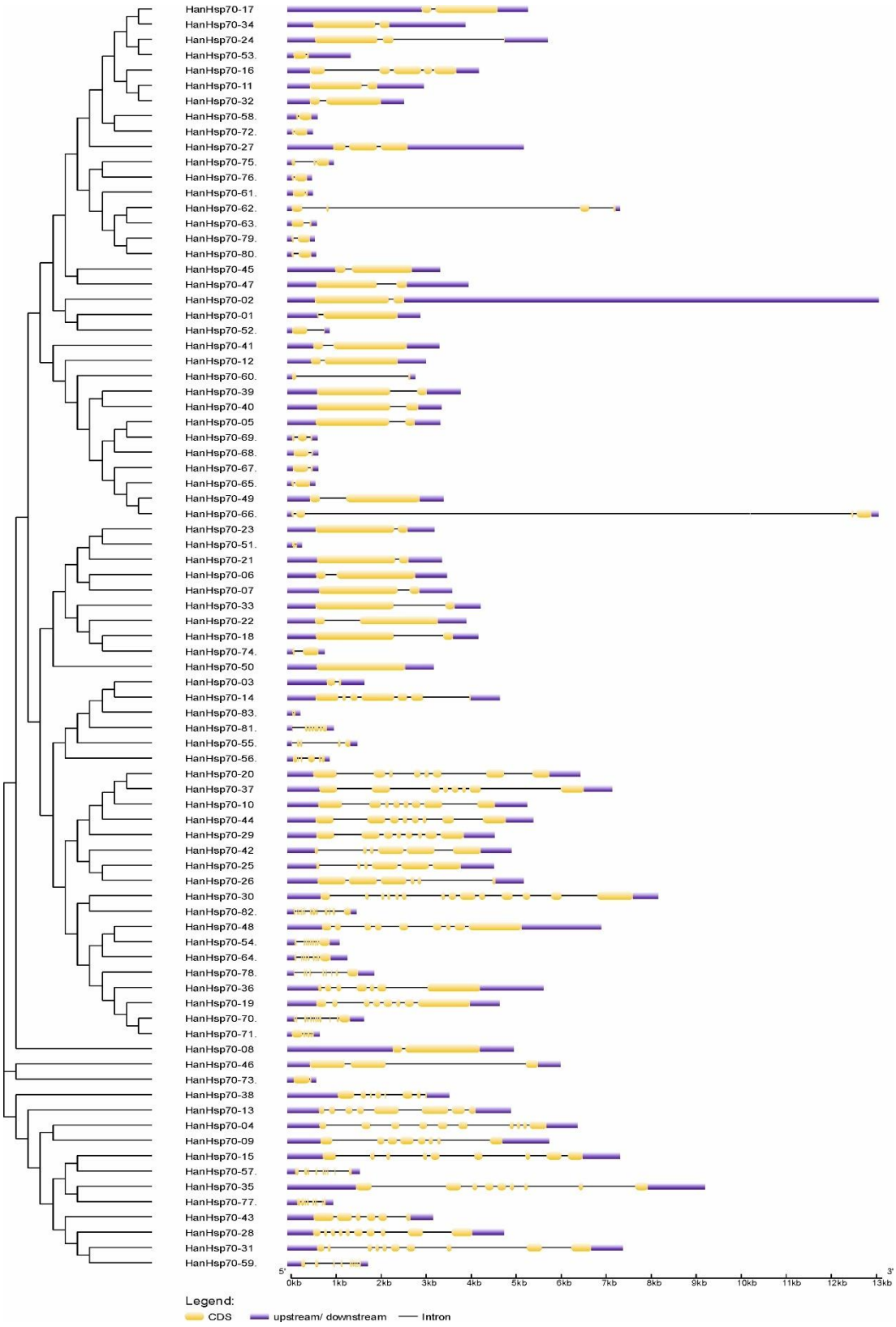
HanHsp70 genlerine ait ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde sadece *HanHsp70-50* geninin intron içermediği fakat *HanHsp70* genlerinin büyük bir çoğunluğunun sadece bir adet intron içerdikleri belirlenmiştir (Şekil 5.45).



Şekil 5.43 *HanHsp70* genlerinin kromozomal dağılım grafiği



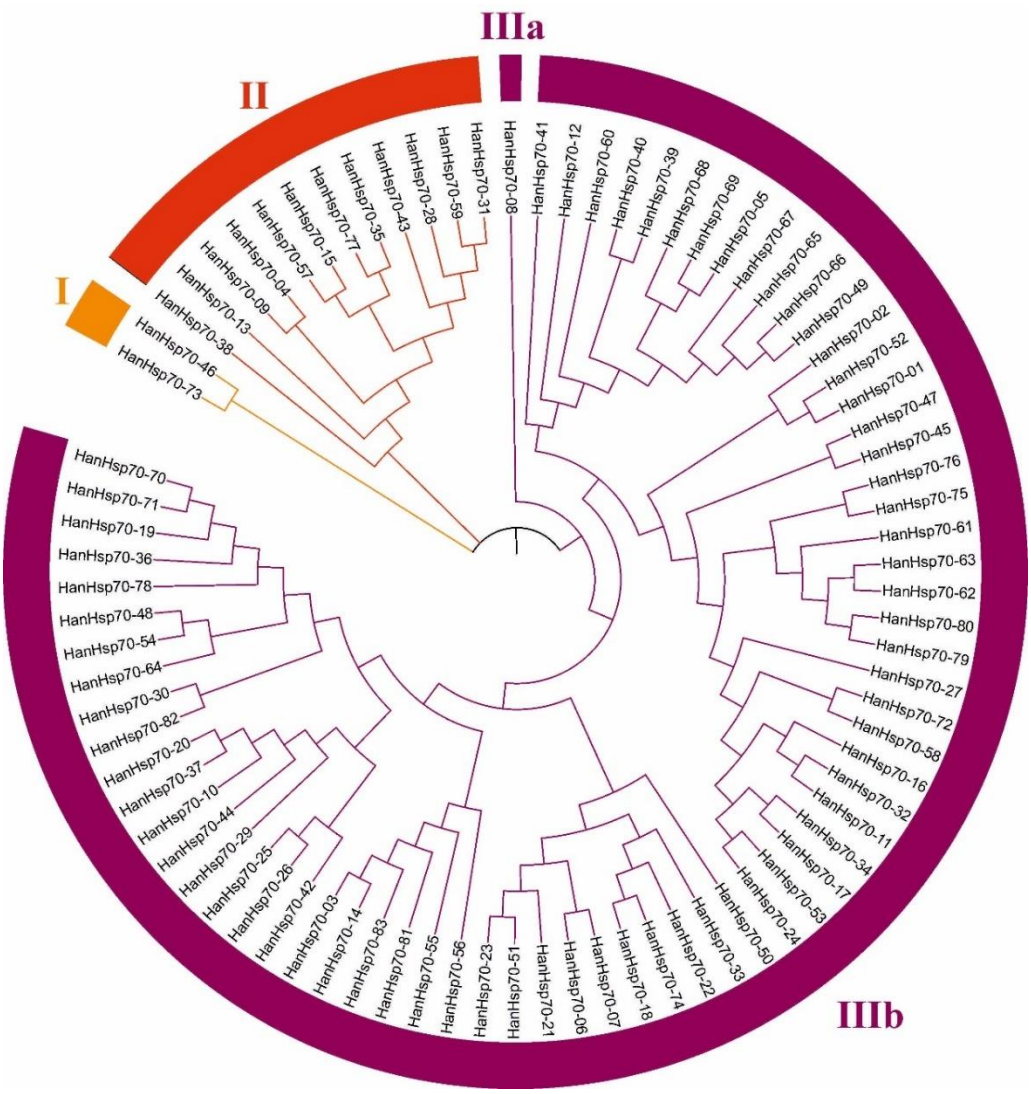
Şekil 5.44 *HanHsp70* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları



Şekil 5.45 *HanHsp70* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.6.2 HanHsp70 Ailesinin Filogenetik Analizleri

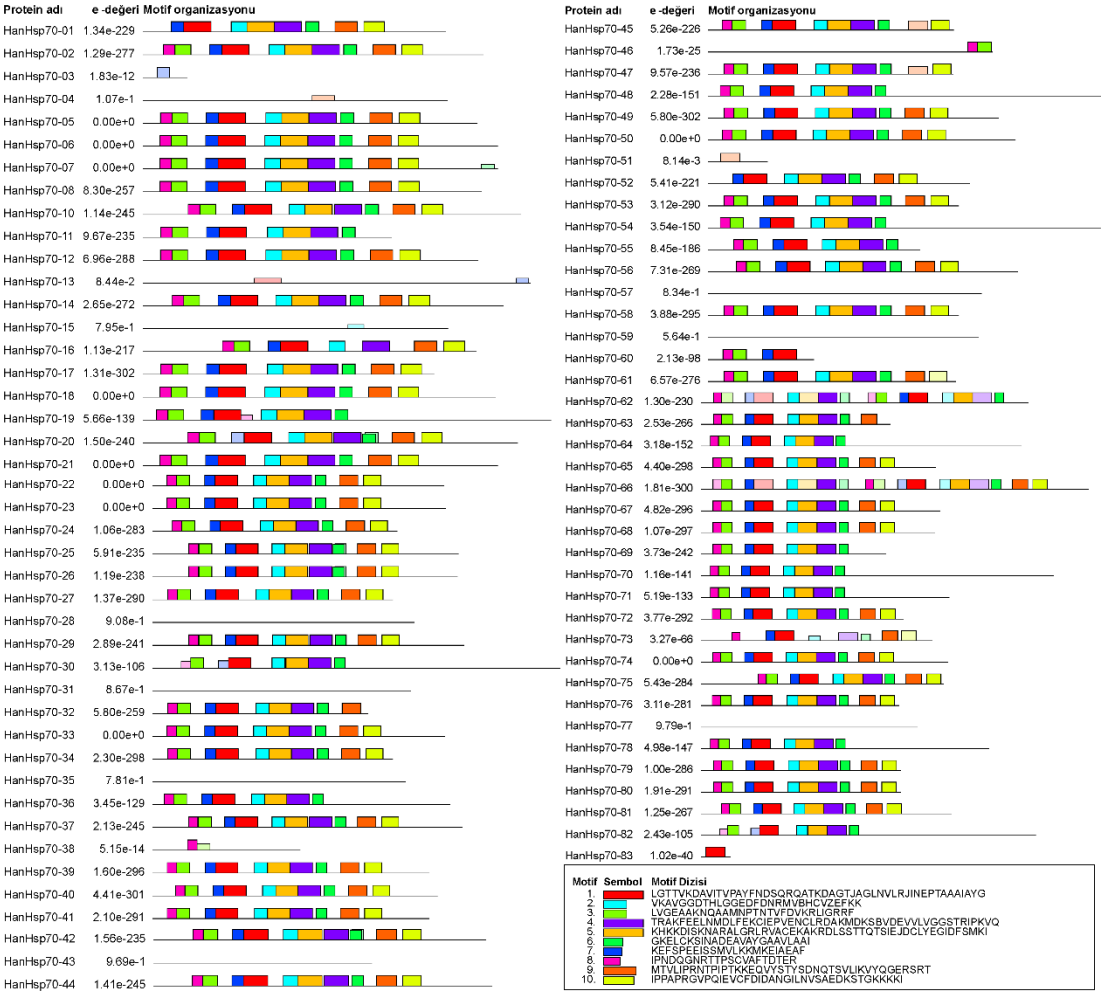
Maksimum benzerlik metodu ile elde edilen HanHsp70 ailesine ait filogenetik analiz sonucunda üç grup (Grup I, II, III) oluşmuştur (Şekil 5.46). Grup I sadece HanHsp70-46 ve HanHsp70-73 proteinlerinden meydana gelerek en az proteine sahip grup olmuştur. Grup II ise 12 protein ile temsil edilirken, Grup III'ün 71 adet proteine sahip olduğu tespit edilmiştir. Grup III iki alt gruba ayrılırken, IIIa alt birimi sadece HanHsp70-08 proteininden oluşmaktadır.



Şekil 5.46 HanHsp70 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması

5.6.3 HanHsp70 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi

HanHsp70 proteinlerine ait evrimsel süreç içerisinde korunmuş motiflerin analizi sonucunda tanımlanan 10 farklı motifin tamamının HanHsp70 proteinlerinde tanımlandığı tespit edilmiştir (Şekil 5.47). HanHsp70-28, 31, 35, 43, 57, 59, 77 proteinlerinin hiçbir motifi içermediği görülürken, HanHsp70 proteinlerinin benzer motif düzenine sahip olduğu görülmüştür.

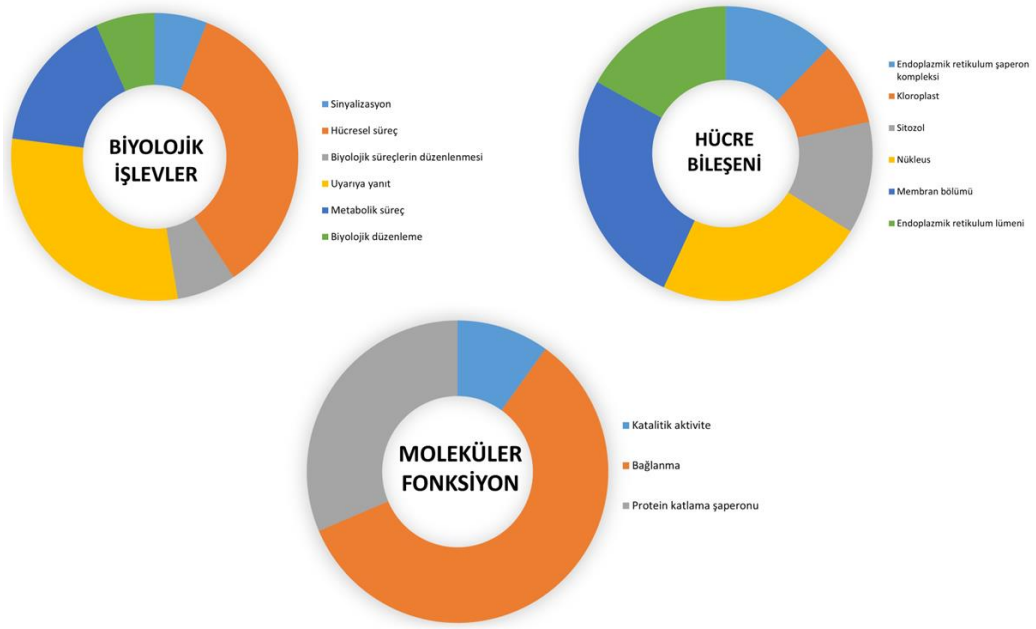


Şekil 5.47 HanHsp70 ailesine ait korunmuş dizi motifleri

5.6.4 *HanHsp70* Genlerinin Ontoloji Analizleri

HanHsp70 genlerinin ontoloji analizleri incelendiğinde *Hsp70* genlerinin sırasıyla bağlanma, protein katlama şaperonu ve katalitik aktivite gibi moleküler fonksiyonlara sahip olduğu belirlenmiştir. Gen ontoloji analizleri sonucunda *HanHsp70* genlerinin

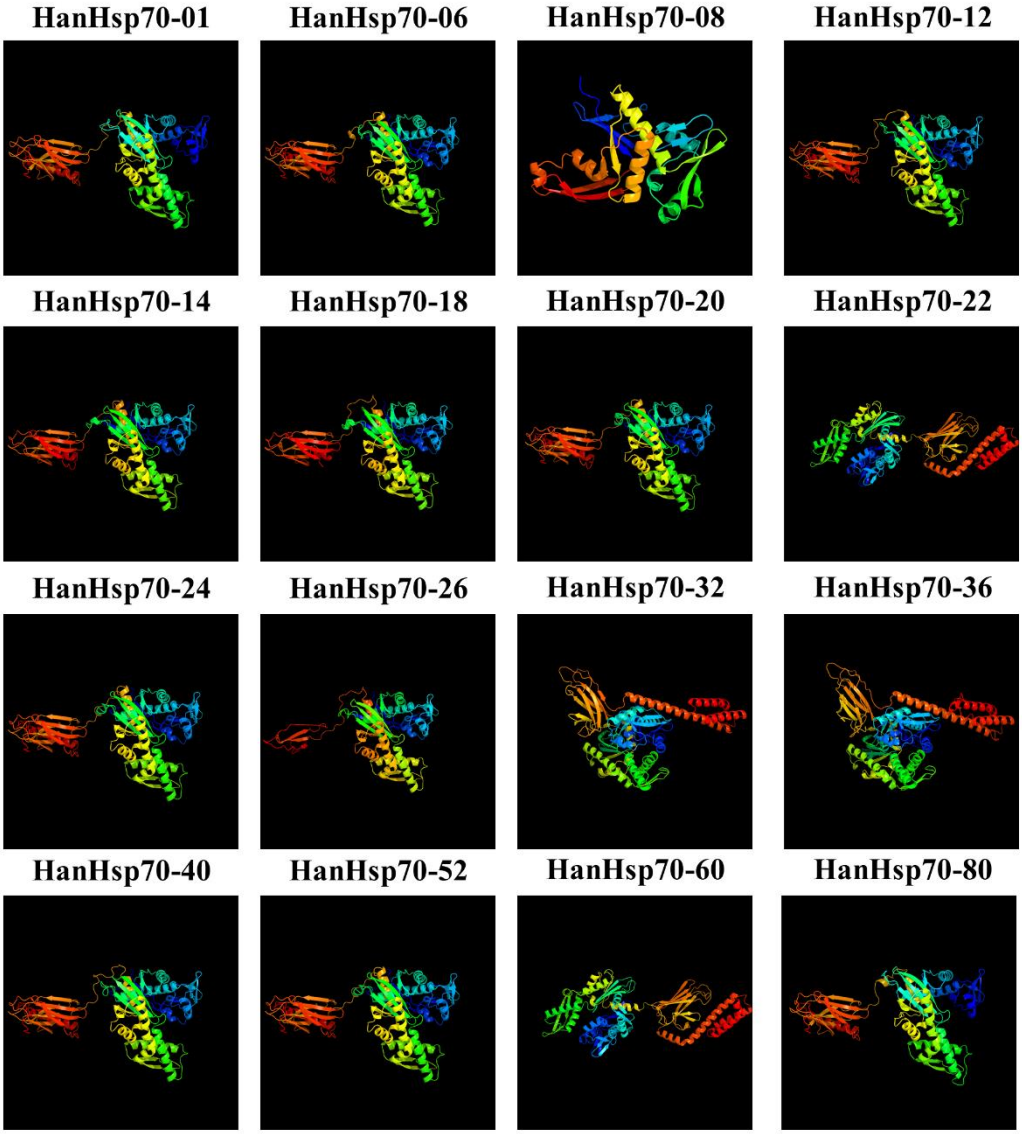
hücre membranında, nükleusda, endoplazmik retikulum lümeninde, endoplazmik retikulum şaperon kompleksinde, sitozolde ve kloroplastta yer aldığı görülmüştür. *HanHsp70* genlerinin hücresel işleyişlerde ve uyarılara yanıt verme gibi biyolojik işleyişlerde görev aldıkları da belirlenmiştir (Şekil 5.48) (EK 37).



Şekil 5.48 *HanHsp70* genlerine ait ontoloji analizi sonuçlar

5.6.5 HanHsp70 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

HanHsp70 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapılarını belirlemek amacı ile Phyre2 sistemine yüklenen amino asit sekanslarından, ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik özelliği gösteren proteinler değerlendirmeye alınmıştır. Elde edilen sonuçlar doğrultusunda HanHsp70 proteinleri için α-sarmal yapının daha baskın olduğu görülmüştür (Şekil 5.49).

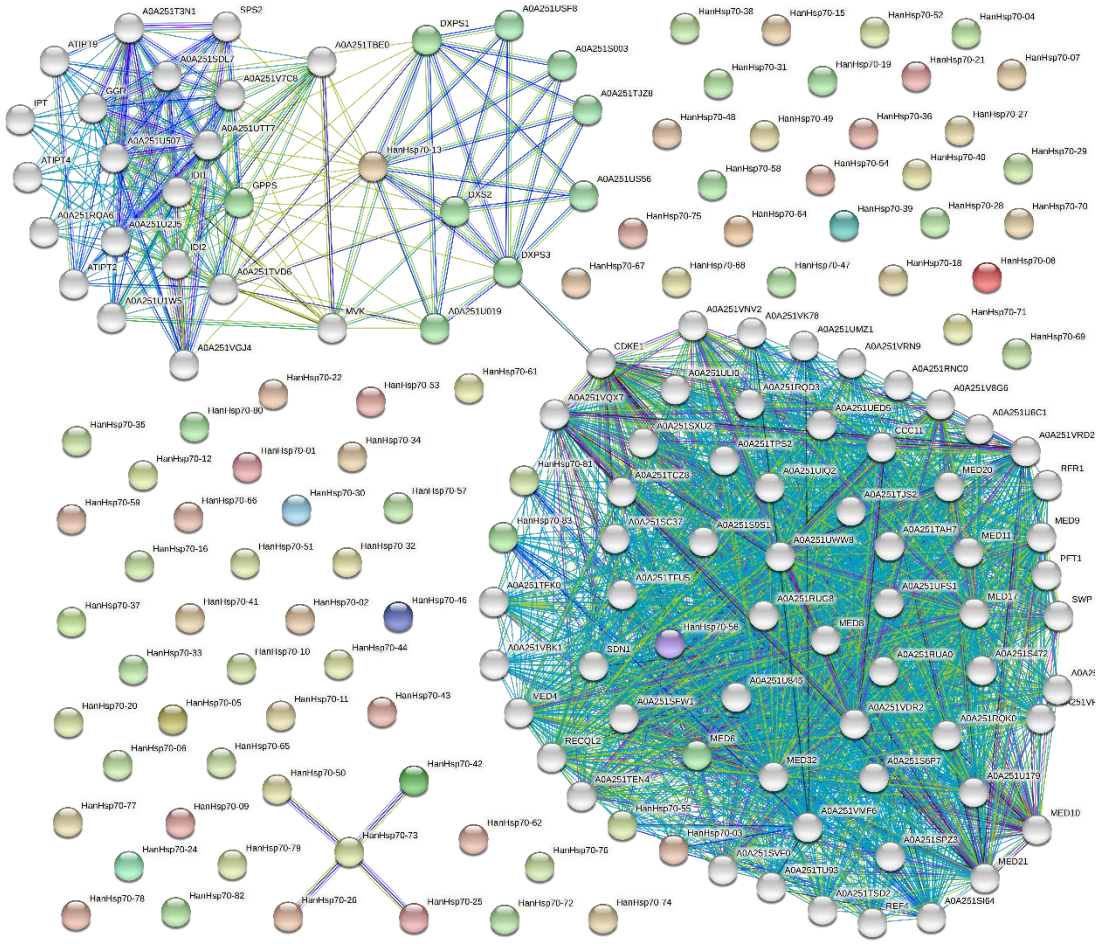


Şekil 5.49 HanHsp70 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.6.6 HanHsp70 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri

STRING veri tabanı kullanılarak elde edilen protein-protein etkileşim haritasından elde edilen sonuçlara göre (Şekil 5.50) HanHsp70 proteinlerinden sadece 11 proteinin (HanHsp70-03, 13, 25, 26,42, 50, 55, 56, 73, 81, 83) etkileşim gösterdiği, HanHsp70-56 proteinin en fazla (25) etkileşim gösteren protein olduğu saptanmıştır. Protein kinaz ailesine ait sikline-bağımlı kinaz E1 (CDKE1) (66), RNA polimeraz II transkripsiyonun alt birimlerine aracı olan MED4, MED6, MED8, MED9, MED10, MED17, MED20, MED21, MED32 proteinleri (65), helikaz ailesine ait ATP'ye

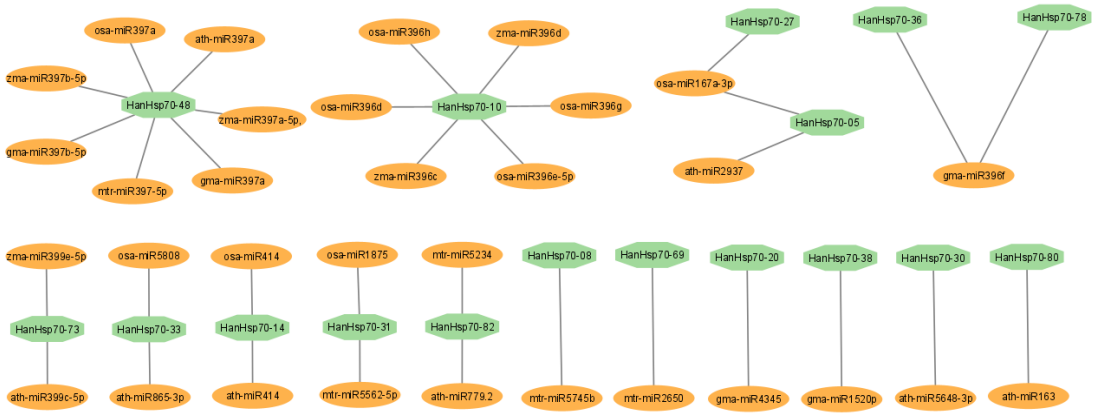
bağımlı DNA helikaz RECQL2 (65) ve küçük RNA parçalayıcı nükleaz 1 (SDN1) (65) ile etkileşim halinde olduğu belirlenmiştir.



Şekil 5.50 HanHsp70 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası

5.6.7 HanHsp70 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

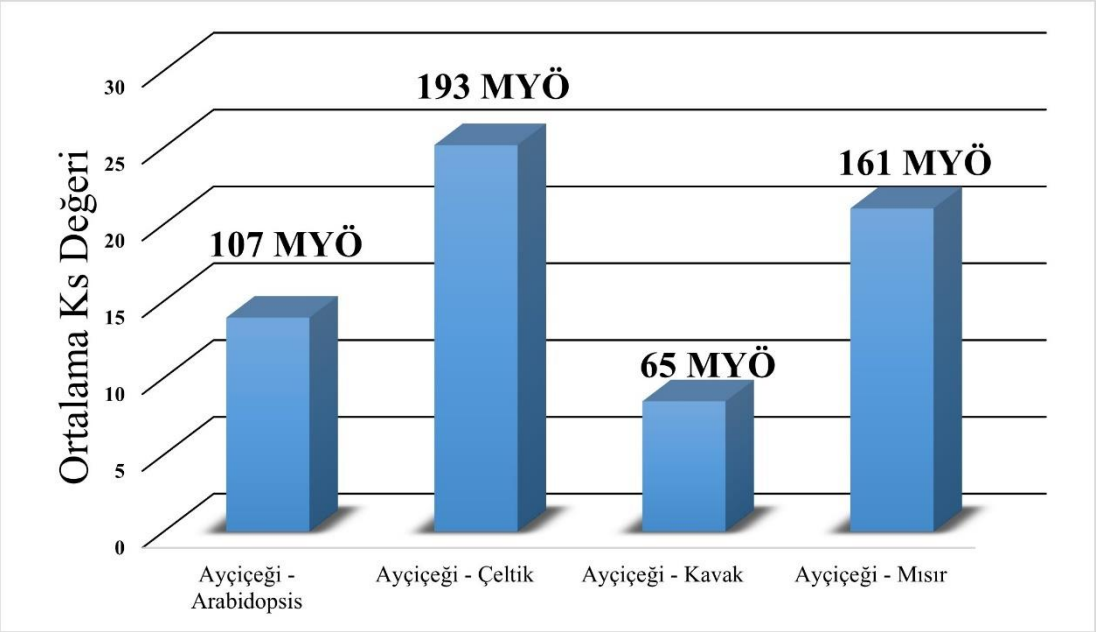
HanHsp70 genleri transkriptlerini hedef alan miRNA gruplarının tespit analizi sonucunda *HanHsp70-48* geninin miRNA'lar (21 miRNA) tarafından en fazla hedeflenen gen olduğu tespit edilmiştir (Şekil 5.51). *Hsp70* genlerini hedef alan miRNA'lar incelendiğinde ise miR397'nin birçok *HanHsp70* genini hedef aldığı belirlenmiştir (EK 38).



Şekil 5.51 *HanHsp70* genlerini hedef alan miRNA'lar

5.6.8 *HanHsp70* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

HanHsp70 gen ailesinin ortolog ilişkilerinde (Şekil 5.52) en yüksek sayıda ortolog gen ilişkisi 58 gen çifti ile *Arabidopsis* ile olmuştur. Daha sonra sırası ile kavak ve çeltik ile 53 çift, mısır ile 37 gen çifti ortolog ilişkisi görülmüştür (EK 39, 40, 41, 42). Ka/Ks oranı ise sırası ile kavak ile 0,018, *Arabidopsis* ile 0,012, mısır ile 0,007 ve çeltik ile 0,005 olduğu görülmüştür. Türler arası muhtemel ayrılma zamanları analiz edildiğinde ilk ayrılmanın 193 MYÖ çeltik ile gerçekleştiği görülmüştür. En geç ayrılmanın ise 65 MYÖ ile kavak ile olduğu görülürken, mısır ile 161 MYÖ, *Arabidopsis* ile 107 MYÖ olduğu görülmüştür.



Şekil 5.52 *HanHsp70* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi

5.6.9 *HanHsp70* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

Evrimsel süreç içerisinde *HanHsp70* genlerinde meydana gelen duplikasyonların analiz edilmesi için yapılan tandem-segmental hesaplamaları sonucunda 8 gen çiftinin tandem, 24 çift segmental duplike gen olduğu belirlenmiştir (EK 43, 44). Tandem ve segmental duplike çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde ortalama birbirlerinden ayrılma süreleri sırası ile 7,62 MYÖ ve 23,49 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en son ayrım 2,90 MYÖ ile *HanHsp70-80-HanHsp70-79* genleri arasında, farklı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın ayrım ise 8,57 MYÖ ile *HanHsp70-34-HanHsp70-17* genleri arasında meydana gelmiştir.

5.7 Ayçiçeği Genomunda *Hsp90* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

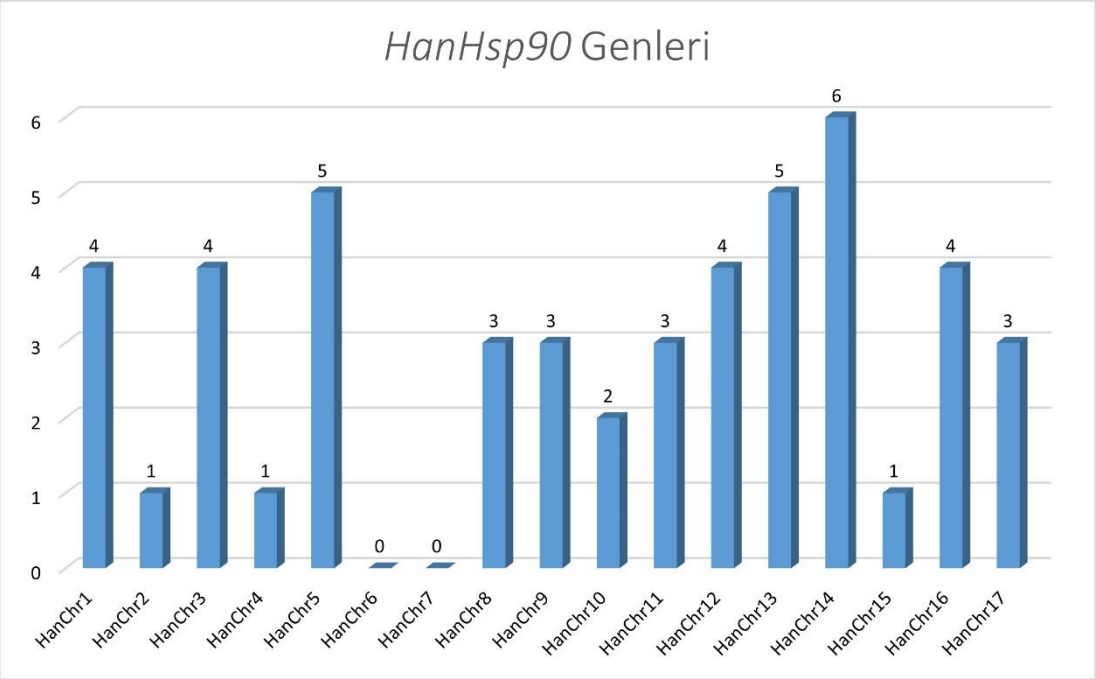
Ayçiçeği genomunda en az sayıda tanımlanan *Hsp* geni olan HanHsp90 ailesinden, 49 adet gen tanımlanmış olup, *HanHsp90-01* geninden, *HanHsp90-49* genine kadar isimlendirme yapılmıştır (EK 45).

Hsp90 proteinlerinin peptid uzunlukları 193 aa (HanHsp90-11) ile 1393 aa (HanHsp90-16) arasında değişiklik göstermektedir. HanHsp90-11 proteinin moleküler ağırlığı bakımından en küçük protein (22014,01 Da) iken, HanHsp90-16 proteini en ağır protein (160451,02 Da) olarak belirlenmiştir. Proteinlerin asidik ve bazik özellikleri incelendiğinde proteinlerin büyük bir çoğunluğunun (33 protein) asidik karakterde olduğu görülürken, en bazik proteinin HanHsp90-30 (9,77), en asidik proteinin ise HanHsp90-31 (4,83) olduğu görülmüştür. Protein kararsızlık indeksi sonuçlarına göre HanHsp90 proteinlerinin büyük bir çoğunluğunun (34 protein) kararsız özellik gösterdiği saptanmıştır (EK 45).

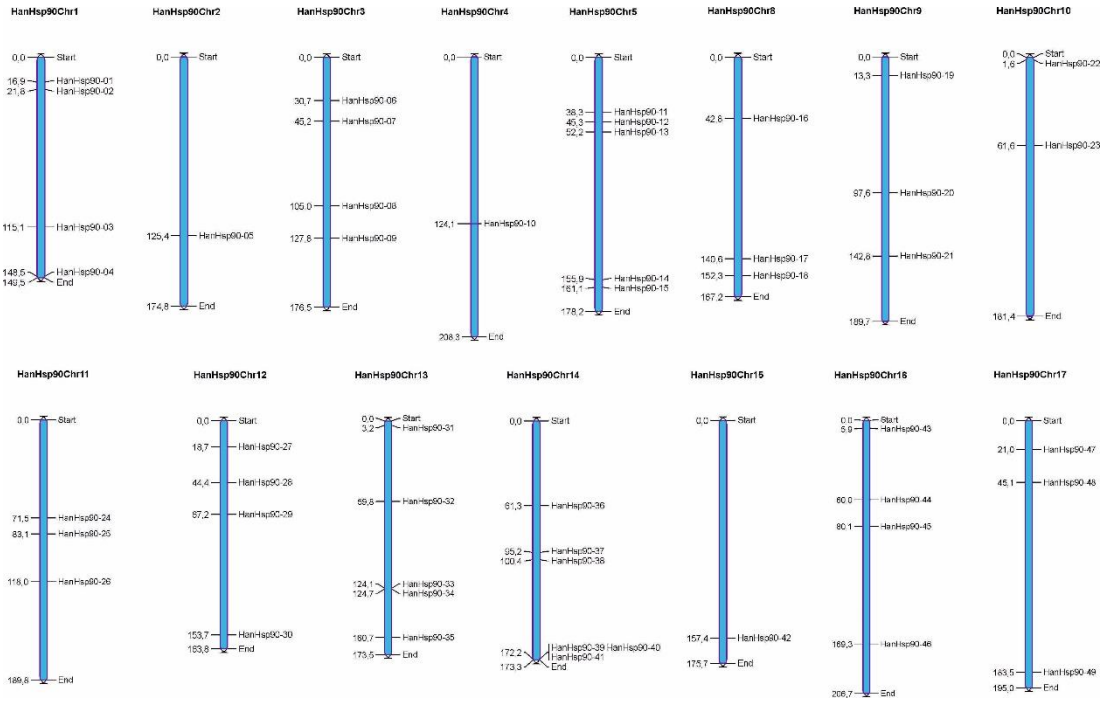
5.7.1 *Hsp90* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu

Hsp90 genlerinin ayçiçeği kromozomlarına dağılımına bakıldığında 6. ve 7. kromozomlar hariç diğer kromozomlara dağılım gösterdiği belirlenmiştir. 6 *Hsp90* geni ile 14. kromozom üzerine en fazla gen dağılımı görülürken, 5. ve 13. kromozomlarda 5 gen, 1., 3., 12. ve 16. kromozomlarda 4 gen, 8., 9., 11. ve 17. kromozomlarda 3 gen, 10. kromozomda 2 gen, 2., 4. ve 15. kromozomlarda ise 1 gen tespit edilmiştir (Şekil 5.53, Şekil 5.54).

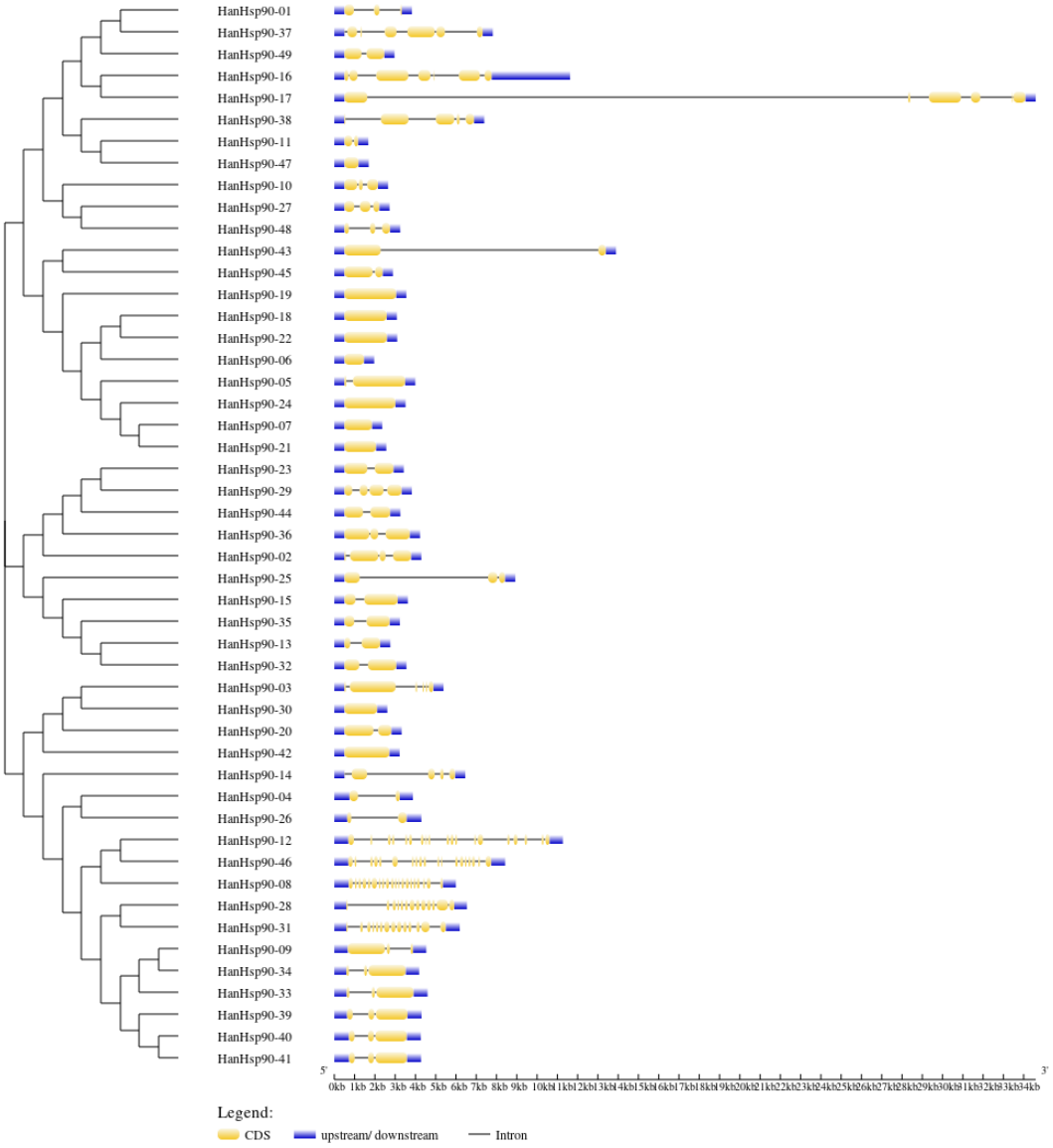
HanHsp90 genlerine ait intron ve ekzon organizasyonuna bakıldığında 9 adet genin (*HanHsp90-06, 07, 18, 19, 21, 22, 24, 42, 47*) intron içermedikleri görülmüştür. *HanHsp90-08* geninde 19 adet ile en fazla intron bölgesi gözlemlenmiştir (Şekil 5.55).



Şekil 5.53 *HanHsp90* genlerinin kromozomal dağılım grafiği



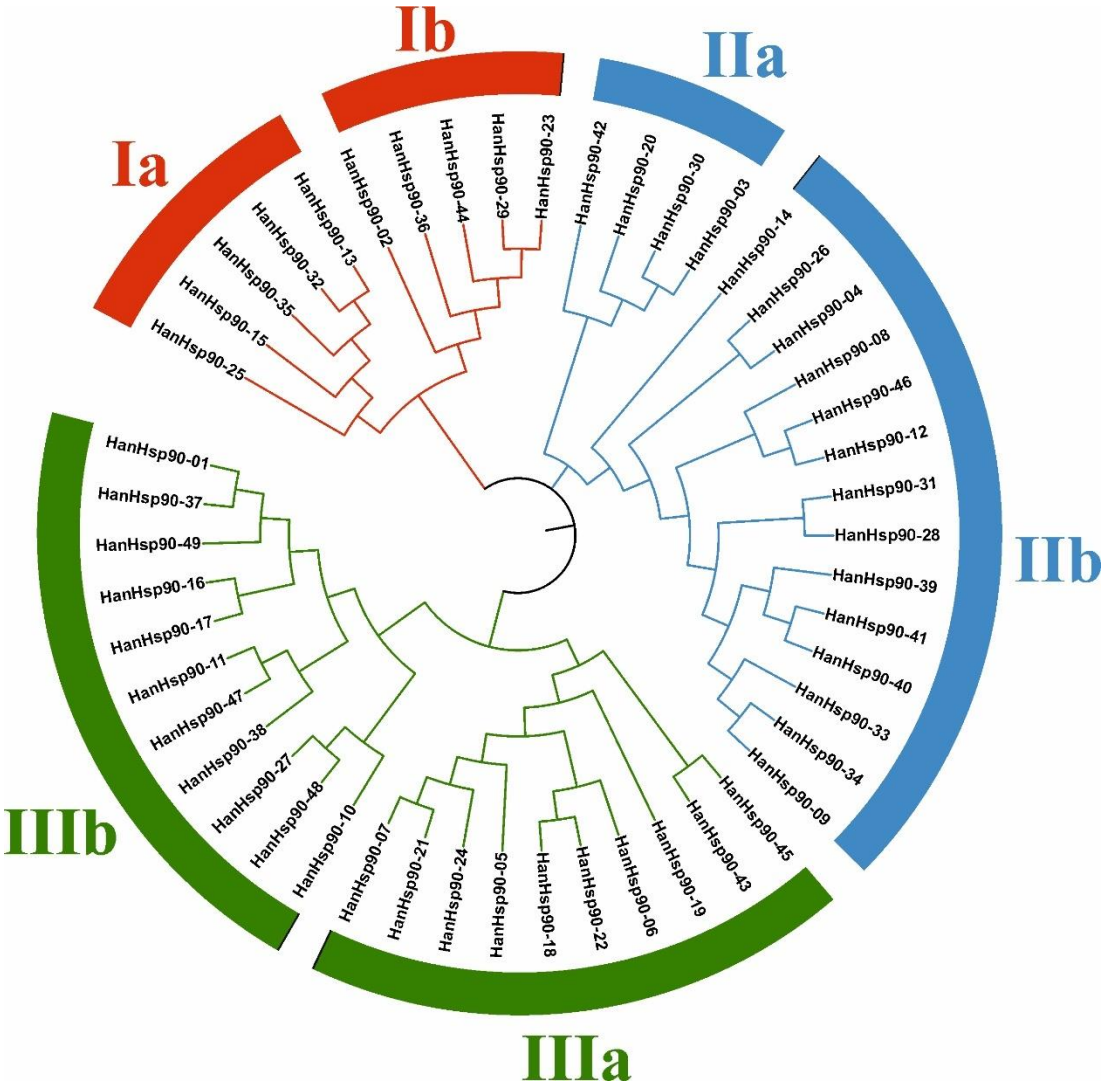
Şekil 5.54 *HanHsp90* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları



Şekil 5.55 *HanHsp90* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.7.2 HanHsp90 Ailesinin Filogenetik Analizleri

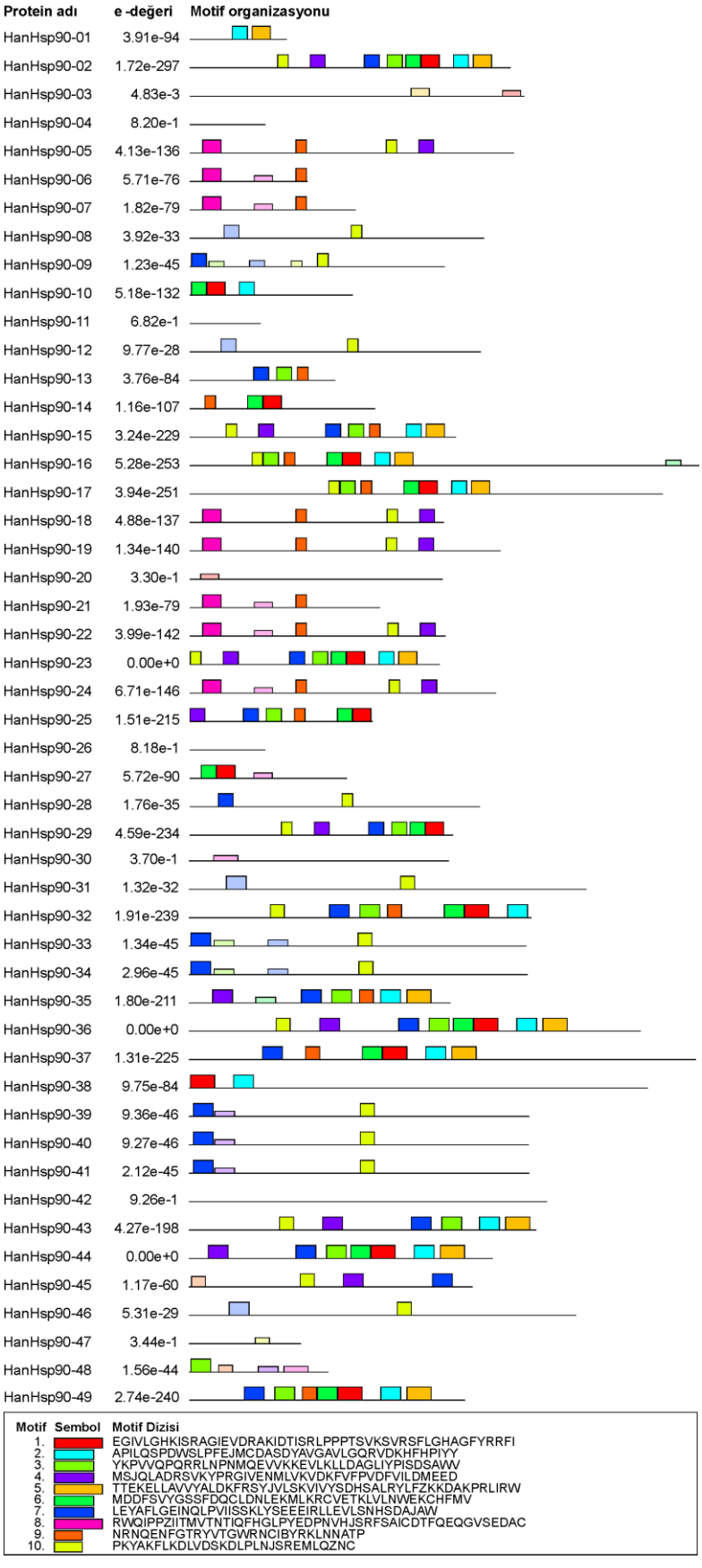
HanHsp90 ailesine ait evrimsel süreç içerisinde korunmuş bölgeleri belirlemek amacı ile meydana gelen filogenetik ağaçta proteinlerin, üç ana gruba ve her grubun ise iki alt gruba (Grup Ia, Ib, IIa, IIb, IIIa, IIIb) ayrıldığı görülmüştür (Şekil 5.56).



Şekil 5.56 HanHsp90 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması

5.7.3 HanHsp90 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi

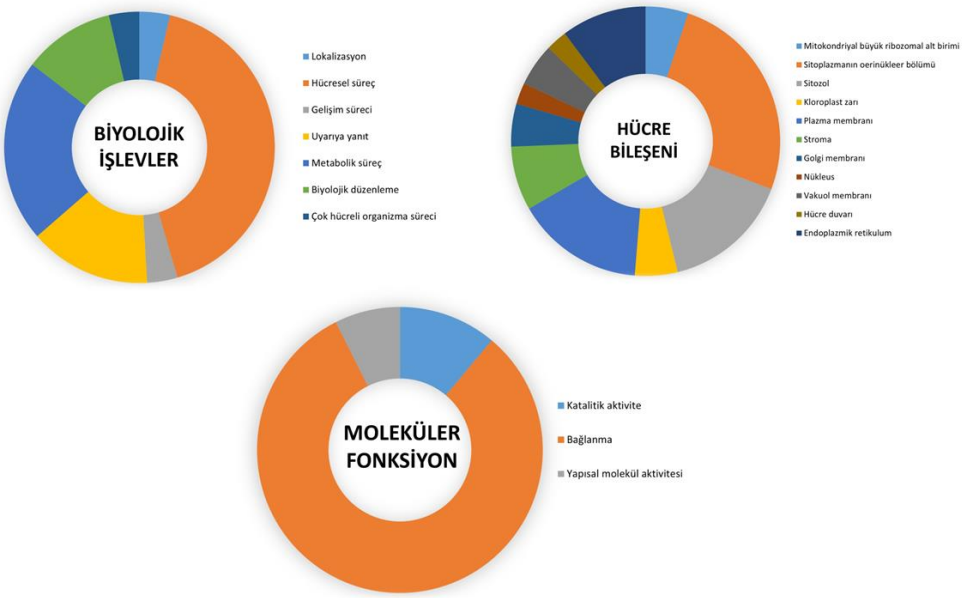
HanHsp90 proteinlerine ait korunmuş motifleri belirlemek amacı ile 10 farklı motif tanımlanmış, yapılan analiz sonucunda tüm motiflerin HanHsp90 proteinlerinde dağılım gösterdiği görülmüştür. HanHsp90-04, HanHsp90-11, HanHsp90-26 ve HanHsp90-42 proteinlerinin hiçbir motifi içermediği gözlemlenmiştir (Şekil 5.57).



Şekil 5.57 HanHsp90 ailesine ait korunmuş dizi motifleri

5.7.4 *HanHsp90* Genlerinin Ontoloji Analizleri

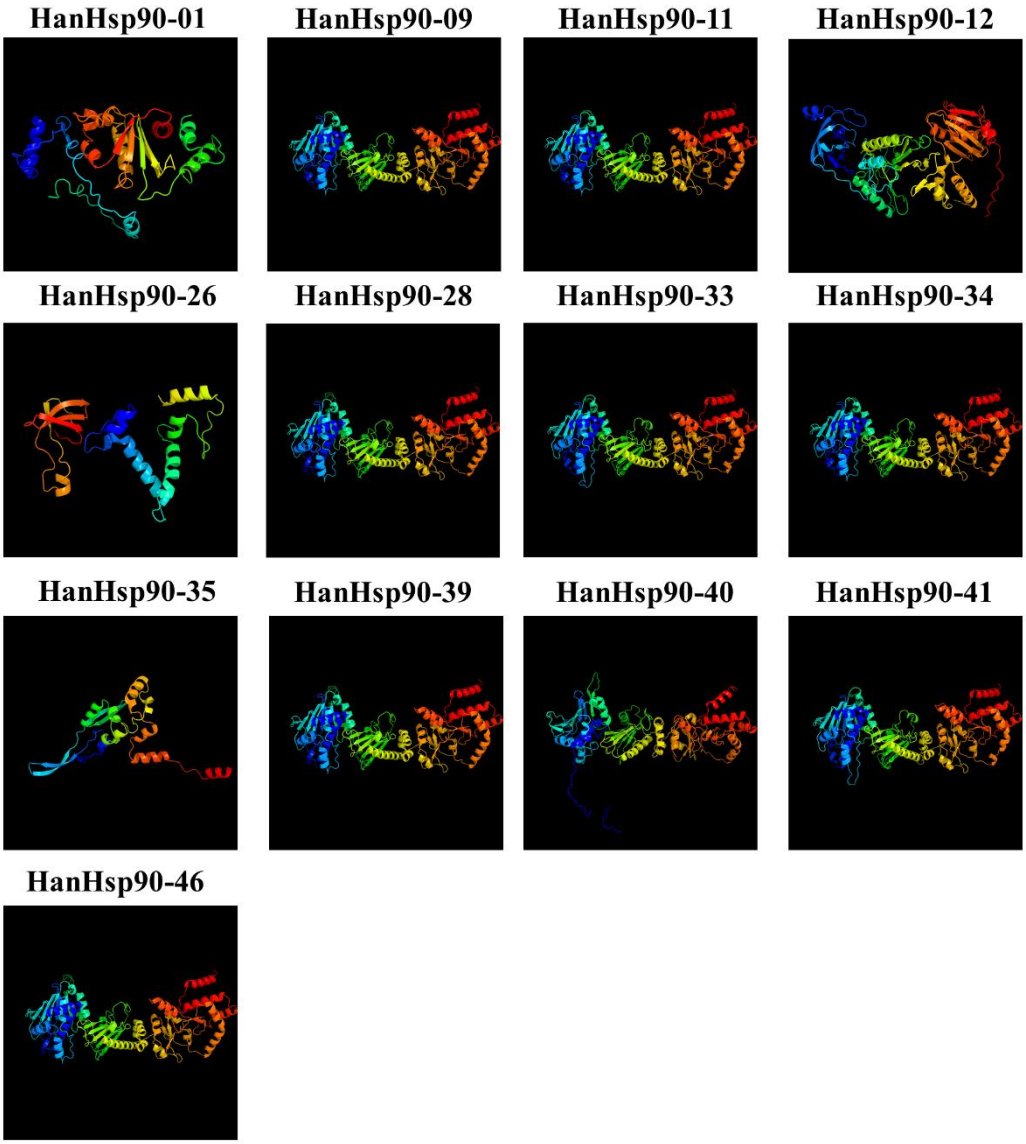
HanHsp90 genlerinin fonksiyonel işlevlerini belirlemek amacı yapılan ontoloji analizi incelendiğinde (Şekil 5.58) genlerin moleküler fonksiyonunun genellikle bağlanma olduğu, bunun yanında katalitik aktivite ve yapısal molekül aktivitesi gösterdiği belirlenmiştir. Hücresel bileşeni incelendiğinde ise proteinlerin büyük çoğunluğunun sitoplazmanın perinükleer bölgesinde, plazma membranında, sitozolde, endoplazmik retikulumda, stromada, mitokondriyal büyük ribozomun alt biriminde, Golgi membranında, vakuol membranında, kloroplast membranında ve hücre duvarında bulunduğu gözlemlenmiştir. HanHsp90 proteinlerinin biyolojik işlevleri incelendiğinde ise büyük bir çoğunluğunun hücresel süreçlerde görev aldığı, metabolik işleyişlerde ve uyarıya yanıt verme görevlerinde rol aldığı belirlenmiştir (EK 46).



Şekil 5.58 *HanHsp90* genlerine ait ontoloji analizi sonuçlar

5.7.5 HanHsp90 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

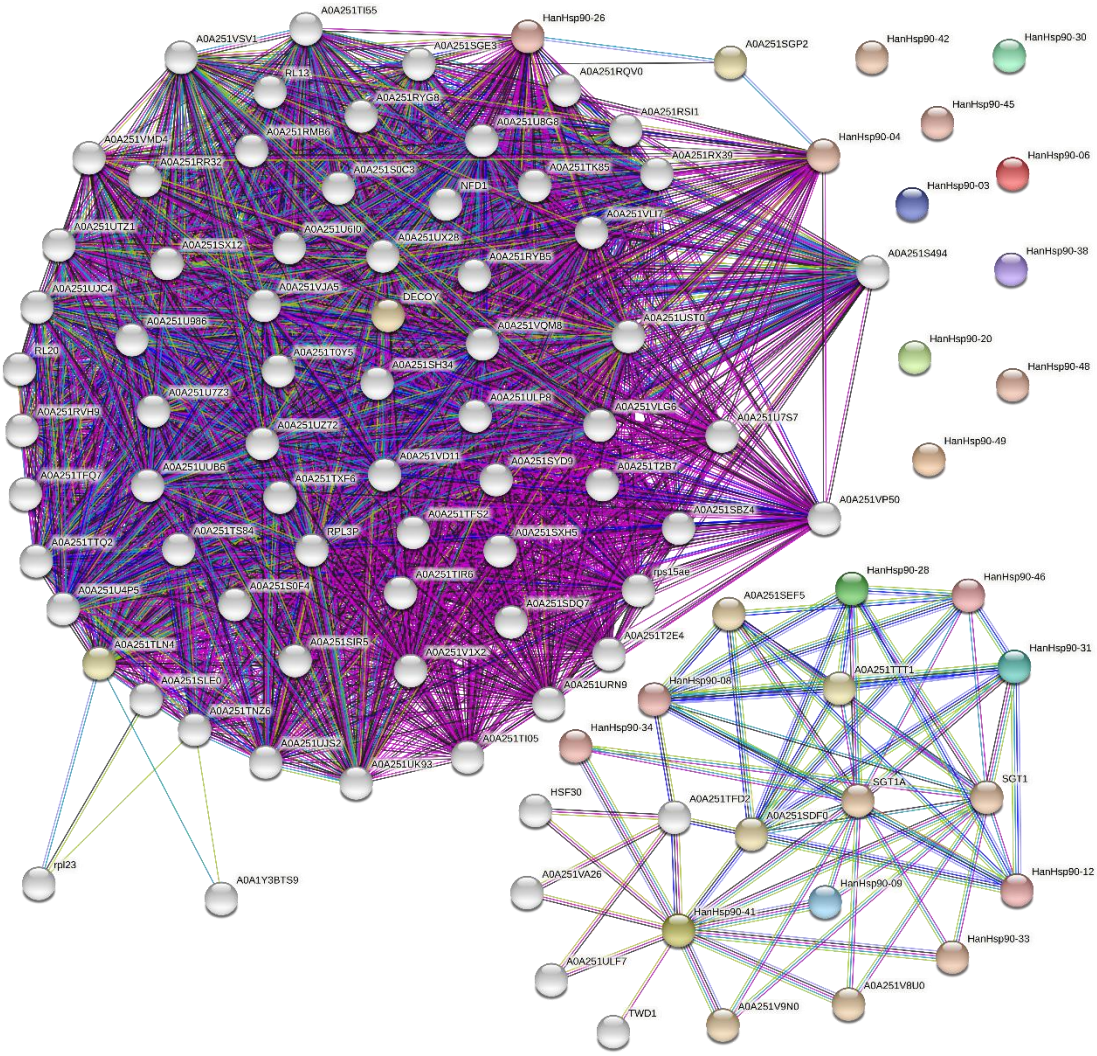
Phyre2 veri tabanı kullanılarak HansHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları belirlenmiştir. 13 adet HanHsp90 proteinin tahmini üç boyutlu yapısı belirlenmiş olup, elde edilen sonuçlar doğrultusunda ise α-sarmal yapını proteinlerde baskın olduğu saptanmıştır (Şekil 5.59).



Şekil 5.59 HanHsp90 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.7.6 HanHsp90 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri

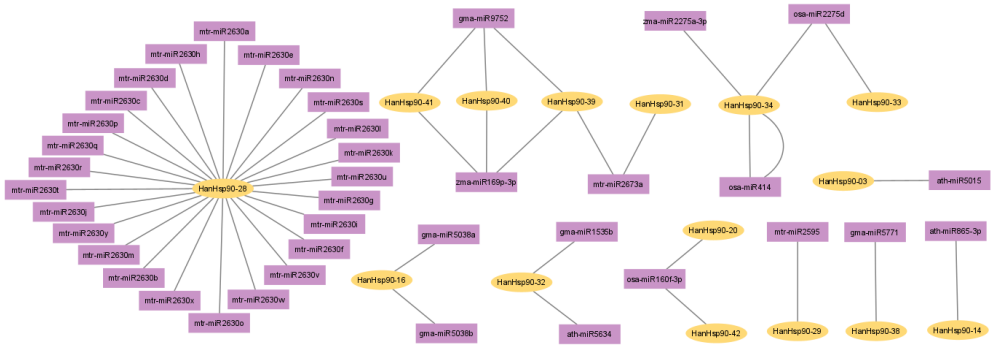
HanHsp90 proteinleri için elde edilen protein-protein etkileşim haritası sonuçlarına göre Hsp90 proteinleri içerisinde en fazla etkileşim gösteren HanHsp90-26 (57 etkileşim) proteini olmuştur (Şekil 5.60). HanHsp90 proteinlerinin çoğunlukla etkileşimde bulundukları proteinler farklı rollere sahip olsa da ribozomal proteinler (A0A251TLN4, A0A251TS84, A0A251U6I0, A0A251UZ72, A0A251VQM8, A0A251RX39, A0A251VD11 ve RL20) olmuştur.



Şekil 5.60 HanHsp90 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası

5.7.7 HanHsp90 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

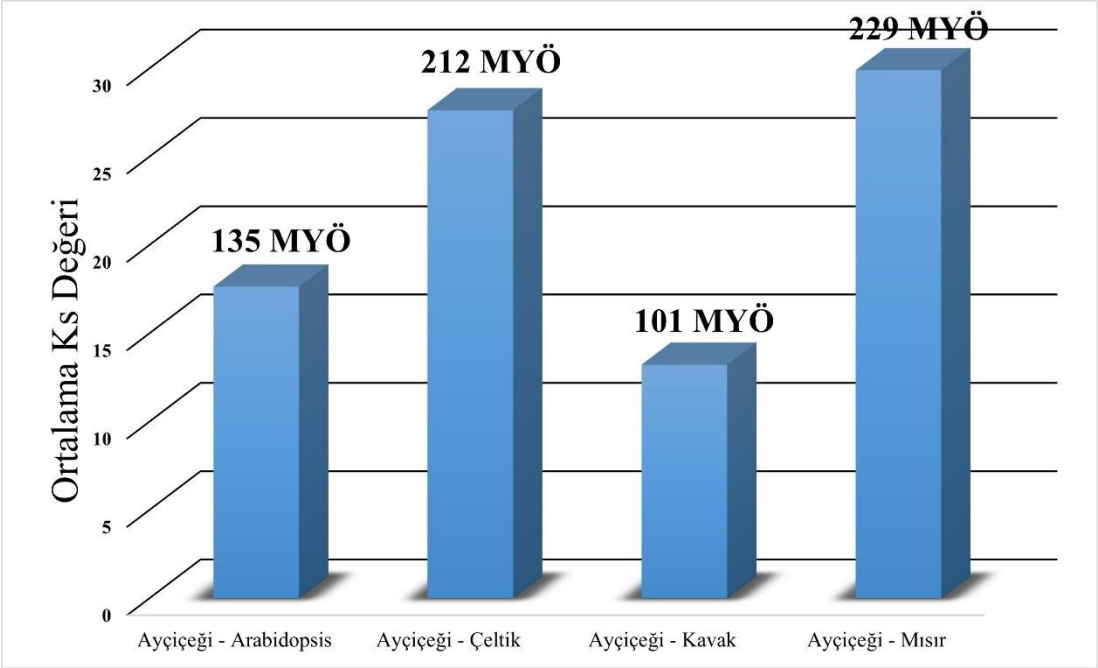
psRNATarget veri tabanında yapılan analizler sonucunda (EK 47), 28 farklı miRNA tarafından hedef alınan *HanHsp90-28* geni transkriptlerinin en fazla hedef alındığı tespit edilirken, 29 adet *HanHsp-90* geninin miRNA'lar tarafından hedef alındığı tespit edilmiştir (Şekil 5.61).



Şekil 5.61 *HanHsp90* genlerini hedef alan miRNA'lar

5.7.8 *HanHsp90* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

HanHsp90 genlerinin diğer organizmalarda yer alan ortolog genlerinin analizi sonucunda *Arabidopsis* ile 28 çift, çeltik ile 27 çift, kavak ile 26 çift ve mısır ile 19 çift ortolog gen saptanmıştır (EK 48, 49, 50, 51). Türler arası Ka/Ks oranları incelendiğinde sırasıyla *Arabidopsis* ile 0,0171, kavak ile 0,0151, mısır ile 0,0073 ve çeltik ile 0,0066 değerlerine sahip oldukları görülmüştür. Genlerin ortalama ayrılma zamanları ise mısır ile 229 MYÖ, çeltik ile 212 MYÖ, *Arabidopsis* ile 135 MYÖ ve kavak ile 101 MYÖ olarak bulunmuştur (Şekil 5.62).



Şekil 5.62 *HanHsp90* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi

5.7.9 *HanHsp90* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

Evrimsel süreç içerisinde *HanHsp90* genlerinde meydana gelen duplikasyonların analiz edilmesi için yapılan tandem-segmental hesaplamaları sonucunda 3 gen çiftinin tandem, 17 çift segmental duplike gen olduğu belirlenmiştir (EK 52, 53). Tandem ve segmental duplike çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde ortalama birbirlerinde ayrılma süreleri sırası ile 10,58 MYÖ ve 20,74 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en son ayrım 3,03 MYÖ ile *HanHsp90-40-HanHsp90-41* genleri arasında, farklı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın ayrım ise 4,56 MYÖ ile *HanHsp90-20-HanHsp90-42* genleri arasında meydana gelmiştir.

5.8 Ayçiçeği Genomunda *Hsp100* Genlerinin ve Proteinlerinin Karakterizasyonu

Ayçiçeği genomunda Hsp40 ailesinden sonra 148 adet gen ile temsil edilen HanHsp100 ailesi, en fazla gene sahip olan ikinci gruptur. Oluşturulan tabloda *HanHsp100* genleri kromozomal yerleşimlerine göre sınıflandırılırken, gene ait NCBI ulaşım numaraları, genin başlangıç ve bitiş pozisyonu, proteinlerin amino asit

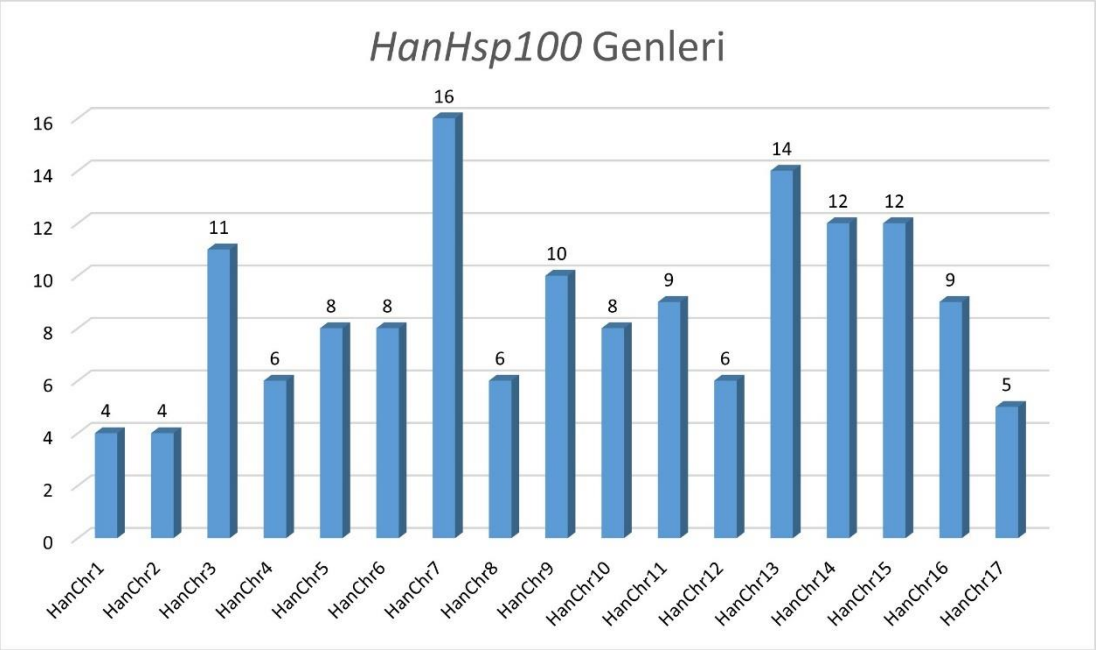
uzunluğu, izoelektronik etki değerleri, proteinlerin dalton (Da) cinsinden moleküler ağırlıkları, kararsızlık indeksi ve kararlı-kararsız durumları belirtilmiştir (EK 54).

HanHsp-100 proteinlerinin uzunlukları 87 aa (HanHsp100-01) ile 1604 aa (HanHsp100-97) arasında değişiklik gösterirken, moleküler ağırlığın 9967,55 Da (HanHsp100-01 ile 177497,06 Da (HanHsp100-97) arasında değiştiği saptanmıştır. 148 HanHsp-100 proteininden 53 proteinin bazik karaktere sahip olduğu tespit edilirken, HanHsp100-128 proteinin en bazik (9,67), HanHsp100-89 proteinin ise en asidik (4,29) protein olduğu tespit edilmiştir. HanHsp100 proteinlerin kararsızlık indeksi sonuçlarına göre 78 proteinin kararsız, geri kalan 70 proteinin ise kararlı olduğu tespit edilmiştir (EK 54).

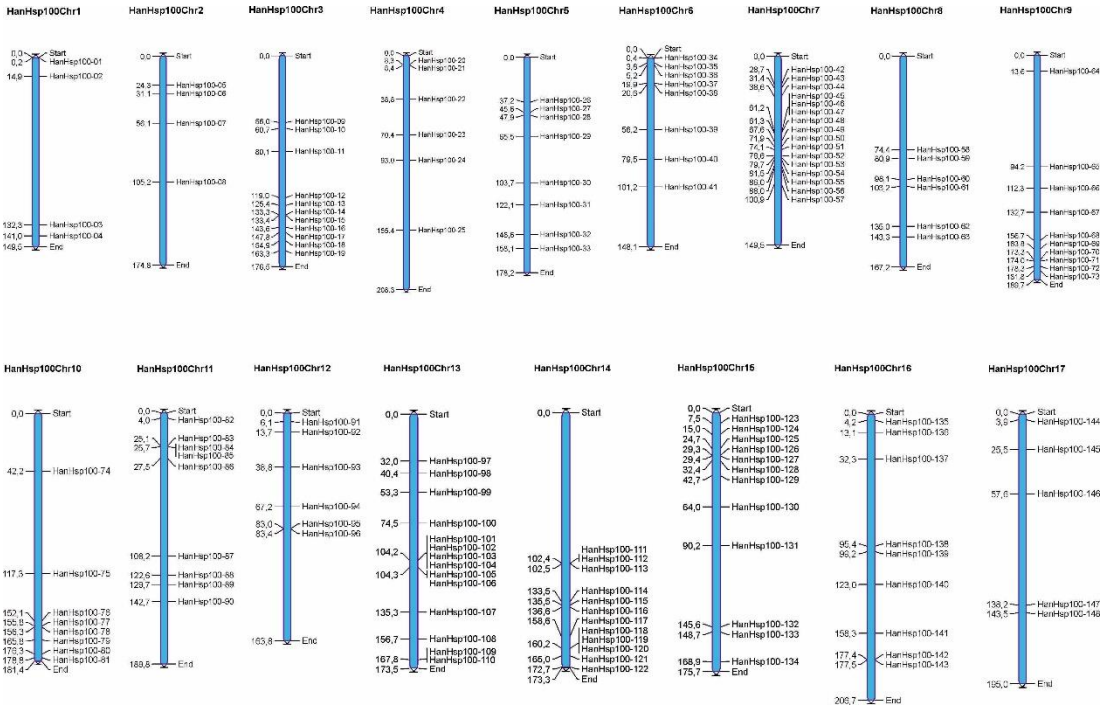
5.8.1 *Hsp100* Genlerinin Kromozomlar Üzerinde Yerleşimlerinin Belirlenmesi ve Ekzon-Intron Organizasyonu

HanHsp100 genleri ayçiçeği kromozomlarının tamamına dağılım gösterdiği tespit edilmiştir. En fazla gen 16 gen ile 7. kromozomda tespit edilmiştir. Diğer kromozomlar için ise 13. kromozomda 14 gen, 14. ve 15. kromozomlarda 12 gen, 3. kromozomda 11 gen, 9. kromozomda 10 gen, 11. ve 16. kromozomlarda ise 9 gen, 5., 6. ve 10. kromozomlarda 8 gen, 4., 8. ve 12. kromozomlarda 6 gen, 17. kromozomda 5 gen ve 1. ve 2. kromozomlarda 4 gen tespit edilmiştir (Şekil 5.63, Şekil 5.64).

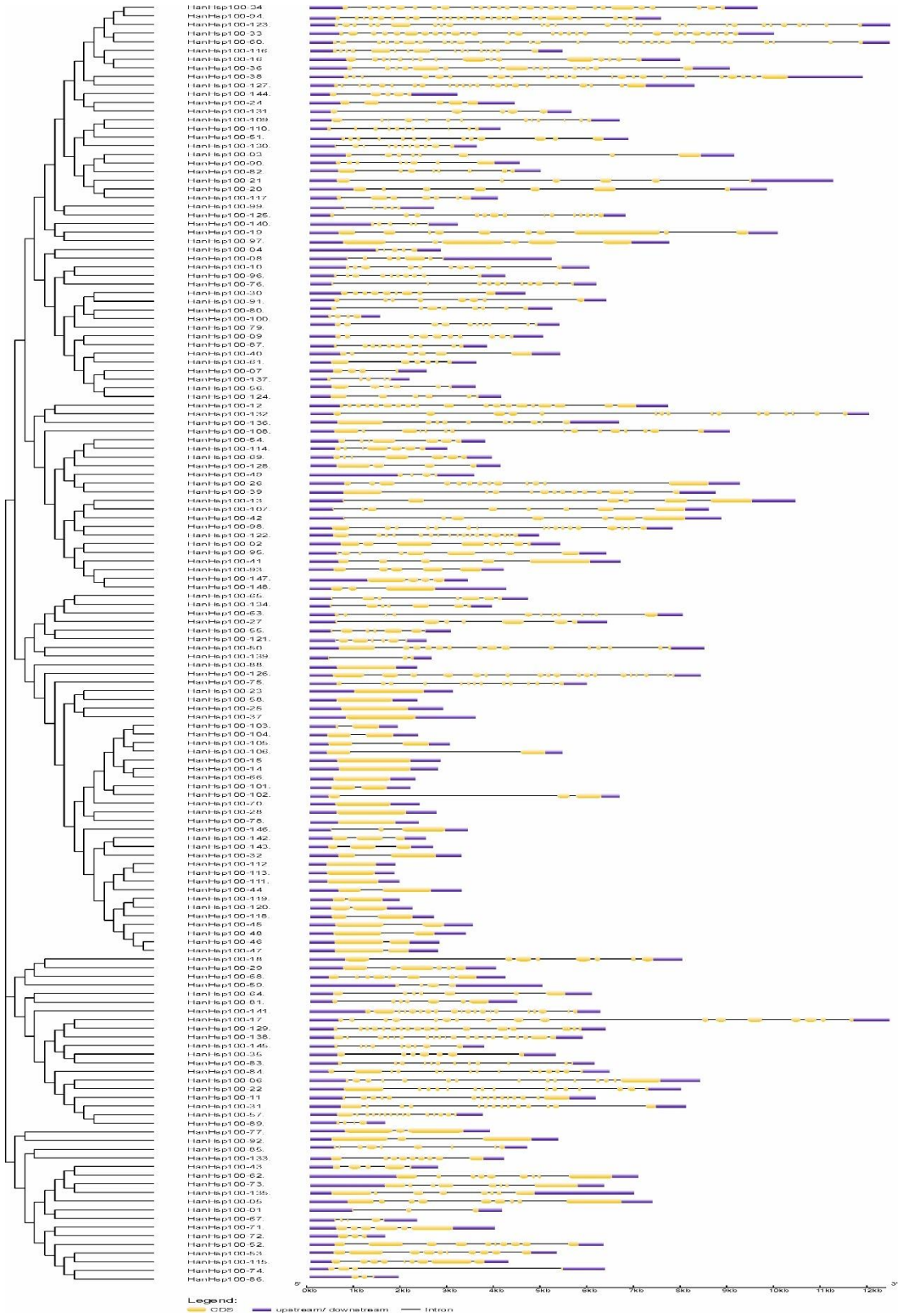
*HanHsp100 g*enlerine ait ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde 14 adet genin (*HanHsp100-14, 15, 23, 25, 28, 37, 58, 66, 70, 78, 88, 111, 112, 113*) intron bölgesi içermediği belirlenmiştir (Şekil 5.65).



Şekil 5.63 *HanHsp100* genlerinin kromozomal dağılım grafiği



Şekil 5.64 *HanHsp100* genlerinin ayçiçeği kromozomları üzerinde dağılımları

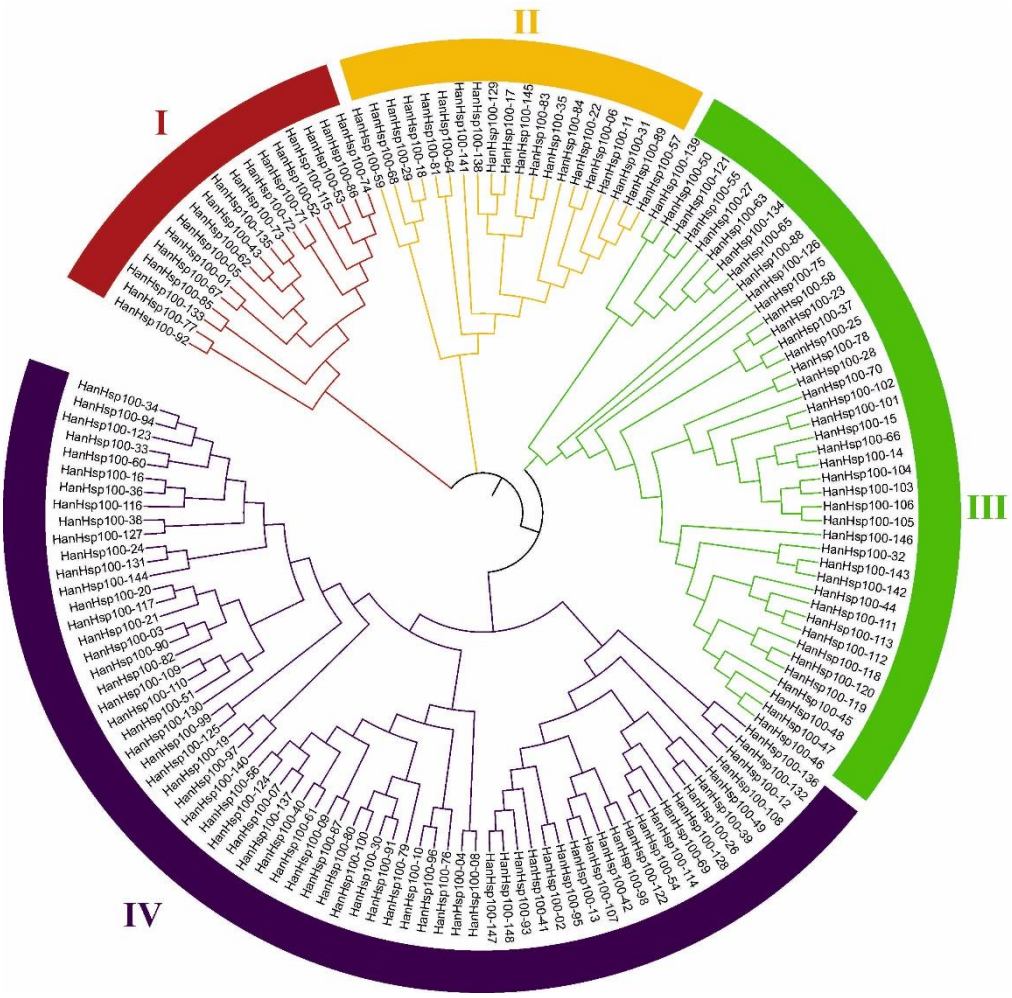


Şekil 5.65 *HanHsp100* genlerinin ekzon-intron bölgeleri organizasyonu

5.8.2 HanHsp100 Ailesinin Filogenetik Analizleri

HanHsp100 ailesinin filogenetik analizleri sonucunda dört grup (Grup I, II, III ve IV) oluşmuştur. 68 gen (%45,9) ile Grup IV en kalabalık gen ailesi olarak belirlenmiştir (Şekil 5.66).

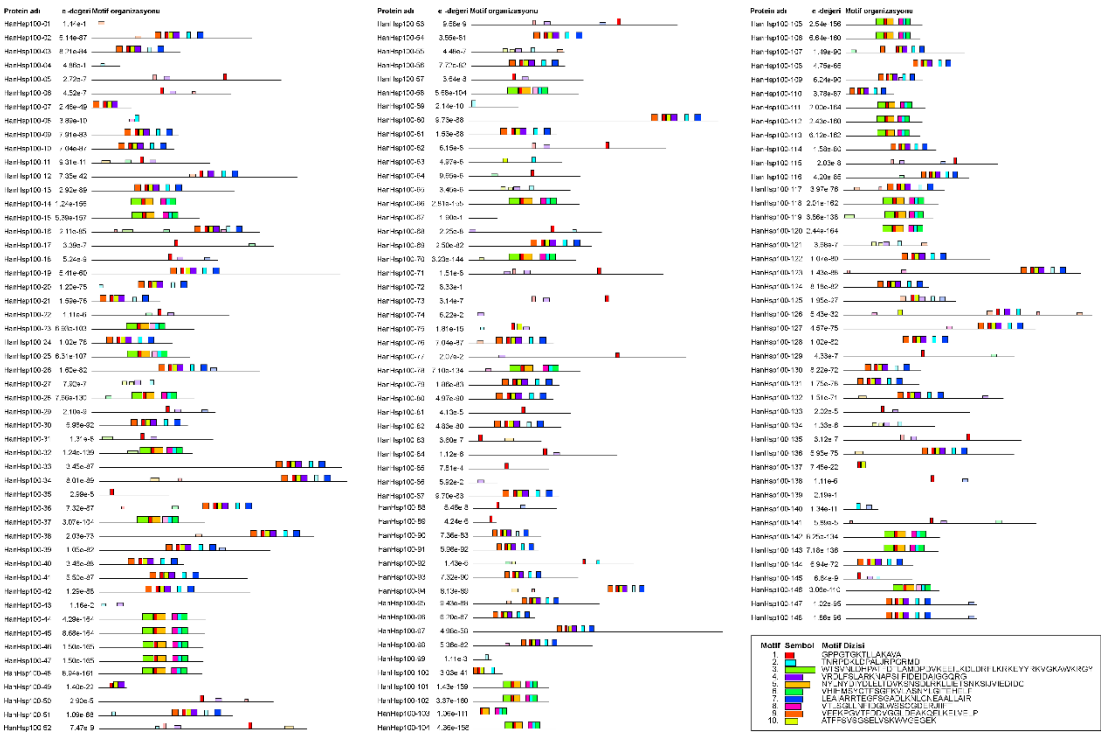
Ayrıca ayçiçeği genomunda yer alan tüm HSF ve Hsp gruplarına ait filogenetik ağaç (EK 56) incelendiğinde iki ana gruba ayrıldığı görülmüştür. I. grupta sadece HanHSF-57 yer alırken, genlerin çoğunlukla kendi domainleri ile beraber aynı grupta yer aldıkları belirlenmiştir.



Şekil 5.66 HanHsp100 ailesinin maksimum benzerlik metodu ile oluşturulan filogenetik sınıflandırılması

5.8.3 HanHsp100 Proteinlerinin Korunmuş Motiflerinin İncelenmesi

MEME veri tabanı kullanılarak evrimsel süreç içerisinde HanHsp100 proteinlerine ait korunmuş motiflerin analizi sonucunda HanHsp100-67, HanHsp100-72 ve HanHsp100-139 proteinlerinde motif gözlemlenmezken, diğer tüm Hsp100 proteinlerinin en az bir adet motif içerdiği belirlenmiştir. Tanımlanan 10 farklı motifin tamamı Hsp100 proteinlerinde gözlemlenmiştir (Şekil 5.67).

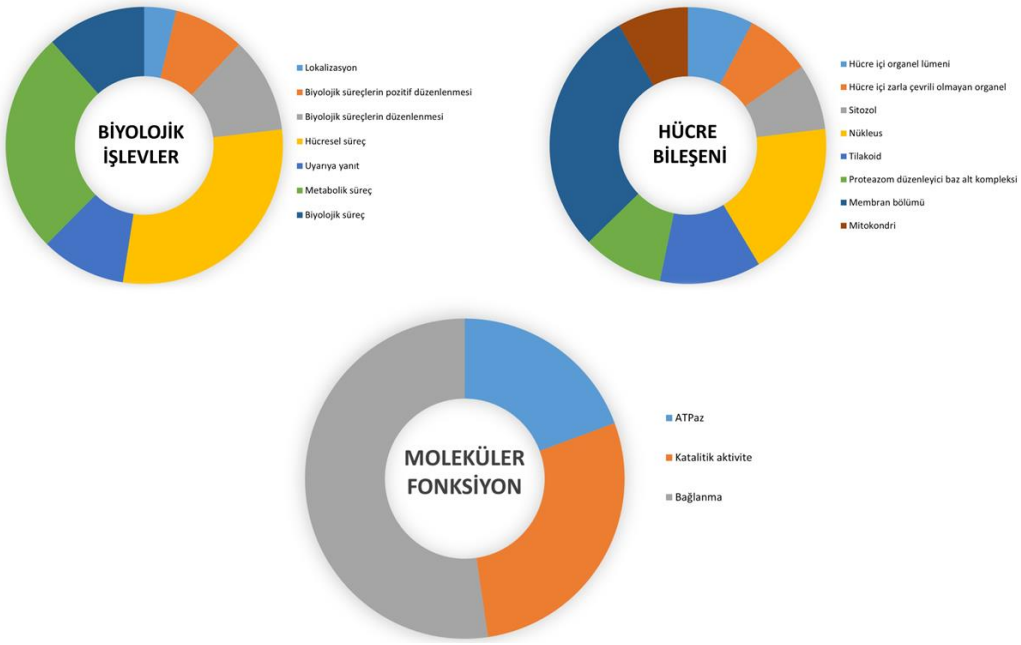


Şekil 5.67 HanHsp100 ailesine ait korunmuş dizi motifleri

5.8.4 *HanHsp100* Genlerinin Ontoloji Analizleri

HanHsp100 genlerine ait gen ontoloji analizleri sonucunda *Hsp100* genlerinin moleküler fonksiyonu incelendiğinde büyük bir çoğunluğu bağlanma fonksiyonu gösterirken, geri kalan genlerin ise katalitik aktivite ve ATPaz aktivitesi gösterdiği belirlenmiştir. Analiz sonucunda *Hsp100* genlerinin büyük bir çoğunluğunun hücre membranında, nükleusda ve tilakoid tabakasında yer aldığı belirlenmiştir. *Hsp100* genlerinin biyolojik işleyişlerde ise genellikle hücresel işleyişlerde görev aldığı görülürken, metabolik işleyişlerde, biyolojik düzenlenmede, biyolojik işleyişlerin

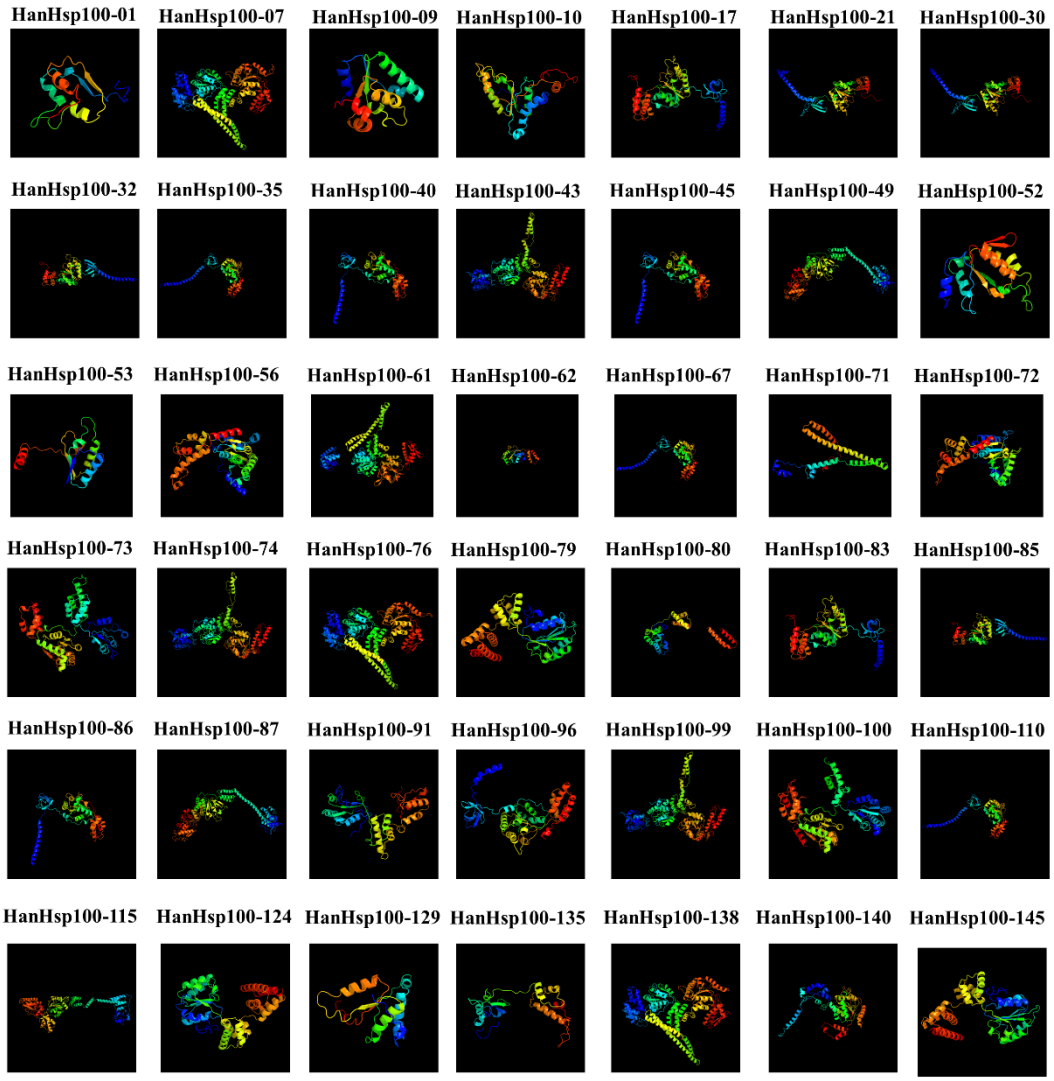
düzenlenmesinde ve uyarıya yanıt verme görevlerinde de rol aldığı saptanmıştır (Şekil 5.68) (EK 55).



Şekil 5.68 *HanHsp100* genlerine ait ontoloji analizi sonuçları

5.8.5 HanHsp100 Proteinlerinin Üç Boyutlu Homoloji Modellemeleri

HanHsp100 proteinlerinin üç boyutlu yapılarının aydınlatmak amacı ile proteinlere ait amino asit sekansları Phyre2 sistemine yüklenerek, sonuçları ≥90 güven düzeyi ve ≥80 benzerlik olan proteinler değerlendirmeye alınmıştır. 42 adet HanHsp100 proteininin üç boyutlu modellemesi yapılmış olup, α -sarmal yapının daha baskın olduğu görülmüştür (Şekil 5.69).

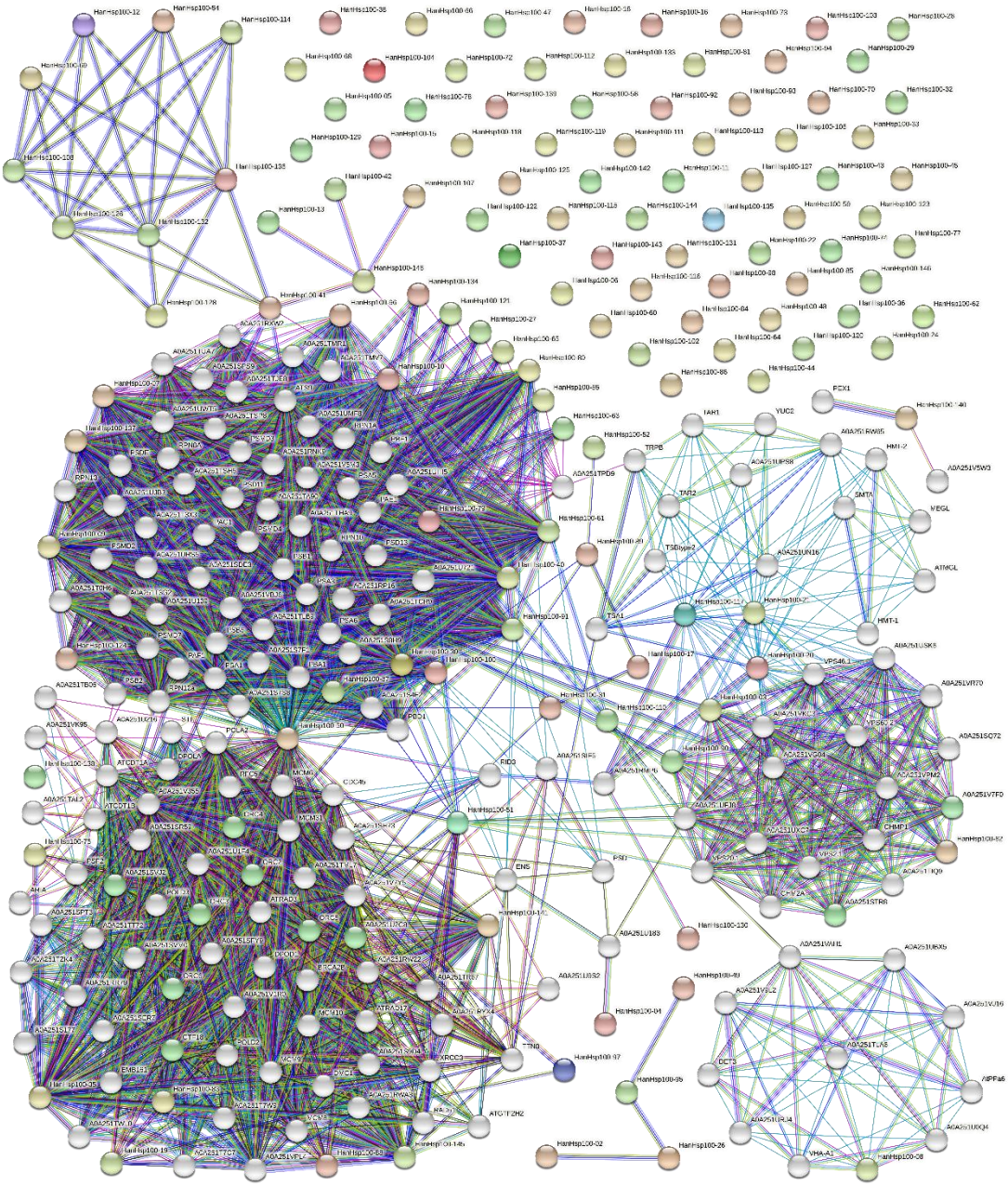


Şekil 5.69 HanHsp100 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları

5.8.6 HanHsp100 Ailesinin Protein-Protein Etkileşimleri

HanHsp100 proteinlerine ait elde edilen protein-protein etkileşim haritası sonuçlarına göre HanHsp100-150 (105 etkileşim) proteininin tüm proteinler içerisinde en fazla etkileşim gösteren protein olduğu belirlenmiştir. Diğer HanHsp100 proteinleri içerisinde HanHsp100-79 (74), HanHsp100-40 ve HanHsp100-61 (71) etkileşim gösteren proteinler olmuşlardır. Farklı proteinler ile etkileşime giren Hsp100 proteinleri ankirin protein ailesi (A0A251S4F2 ve A0A251RP16), proteazom yapıları ile ilgili (PAG1, PSA3, A0A251U139, A0A251UJB3, PAE1, PAF1, PSMD7) proteinler ile etkileşim kurduğu belirlenmiştir (Şekil 5.70). Ayrıca ayçiçeği genomunda yer alan tüm HSF ve Hsp gruplarına ait proteinlerin birbiri ile etkileşim

haritaları EK 57'de verilmiştir. Elde edilen verilerde en fazla etkileşim gösteren proteinlerin HansHsp-38, HanHsp40-156 ve HanHsp90-41 olduğu görülmüştür.

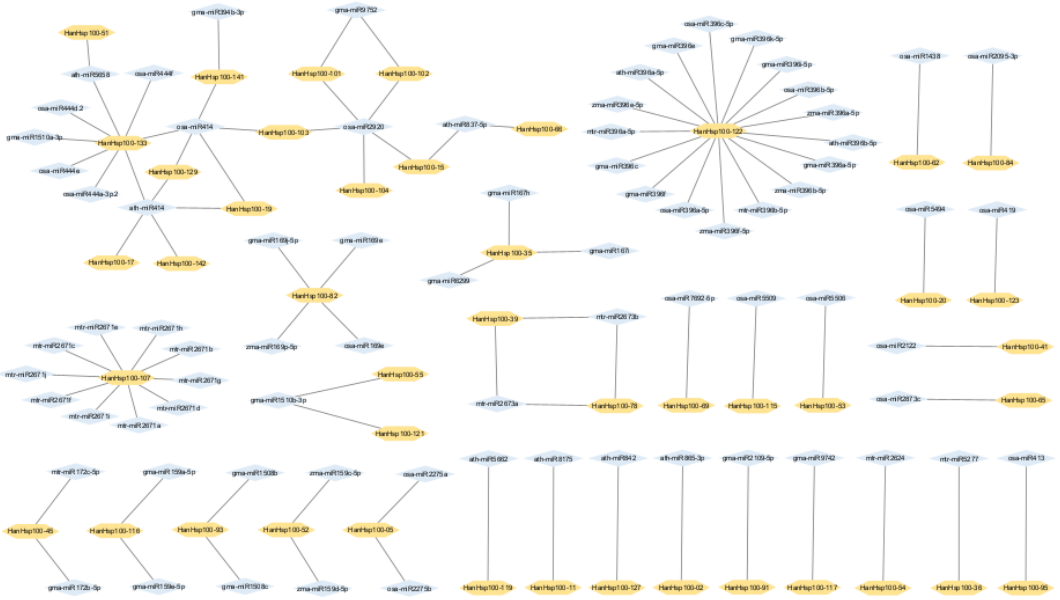


Şekil 5.70 HanHsp100 proteinlerinin protein-protein etkileşimi haritası

5.8.7 HanHsp100 Transkriptlerini Hedef Alan miRNA'ların Tespit Edilmesi

HanHsp40 genleri transkriptlerini hedef alan miRNA gruplarının tespit analizi sonucunda, *HanHsp100-122* geninin miRNA'lar tarafından en fazla hedeflenen gen olduğu tespit edilmiştir (Şekil 5.71). *HanHsp100* genlerini hedef alan miRNA'lar

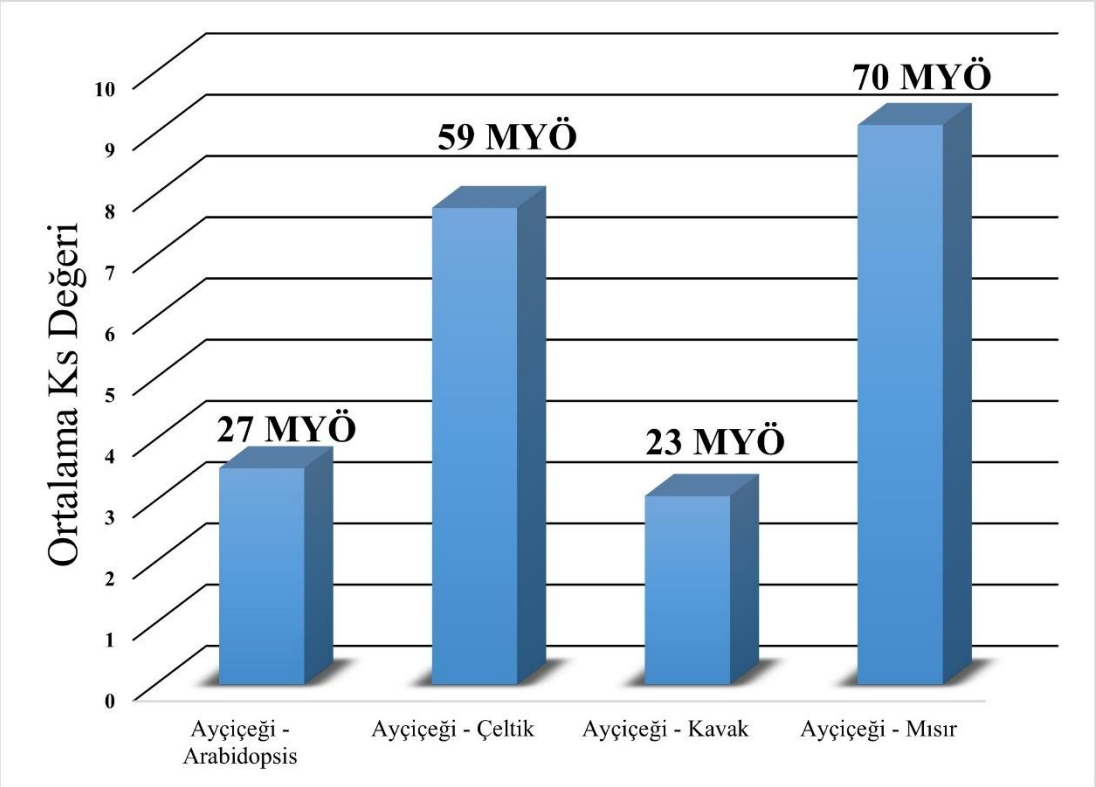
incelendiğinde ise farklı organizmalara ait olsa da miR396 miRNA'larının genleri en fazla hedef alan grup olduğu belirlenmiştir (EK 58).



Şekil 5.71 *HanHsp100* genlerini hedef alan miRNA'lar

5.8.8 *HanHsp100* Genlerinin Başka Bitkiler ile Ayrılma Oranlarının Belirlenmesi

HanHsp100 gen ailesinin ortolog ilişkilerinde (Şekil 5.72) en yüksek sayıda ortolog ilişkisi 51 gen çifti ile kavak ile olmuştur. Daha sonra sırası ile *Arabidopsis* ile 42 çift, çeltik ile 31 gen çifti, mısır ile 29 gen çifti ilişkisi görülmüştür. Ka/Ks oranı ise sırasıyla kavak ile 0,03, *Arabidopsis* ile 0,032, çeltik ile 0,021 ve mısır ile 0,018 olduğu görülmüştür (EK 59, 60, 61, 62). Türler arası muhtemel ayrılma zamanları analiz edildiğinde ilk ayrılmanın 70 MYÖ mısır ile gerçekleştiği görülmüştür. En geç ayrılmanın ise 23 MYÖ önce kavak ile olduğu görülürken, çeltik ile 59 MYÖ, *Arabidopsis* ile 27 MYÖ olduğu belirlenmiştir.



Şekil 5.72 *HanHsp100* genlerinin diğer organizmalar ile ortolog ilişkisi

5.8.9 *HanHsp100* Genlerinin Genomik Duplikasyonlarının Hesaplanması

Evrimsel süreç içerisinde *HanHsp100* genlerinde meydana gelen duplikasyonların analiz edilmesi için yapılan tandem-segmental hesaplamaları sonucunda 28 gen çiftinin tandem, 34 çift segmental duplike gen olduğu belirlenmiştir. Tandem ve segmental duplike çiftlerinin evrimsel süreç içerisinde ortalama birbirlerinden ayrılma süreleri sırası ile 24,21 MYÖ ve 30,15 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Aynı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en son ayrım 0,66 MYÖ ile *HanHsp100-47-HanHsp100-46* genleri arasında, farklı kromozom üzerinde duplike olmuş genler arasında en yakın ayrım ise 13,01 MYÖ ile *HanHsp100-29-HanHsp100-18* genleri arasında meydana gelmiştir (EK 63, 64).

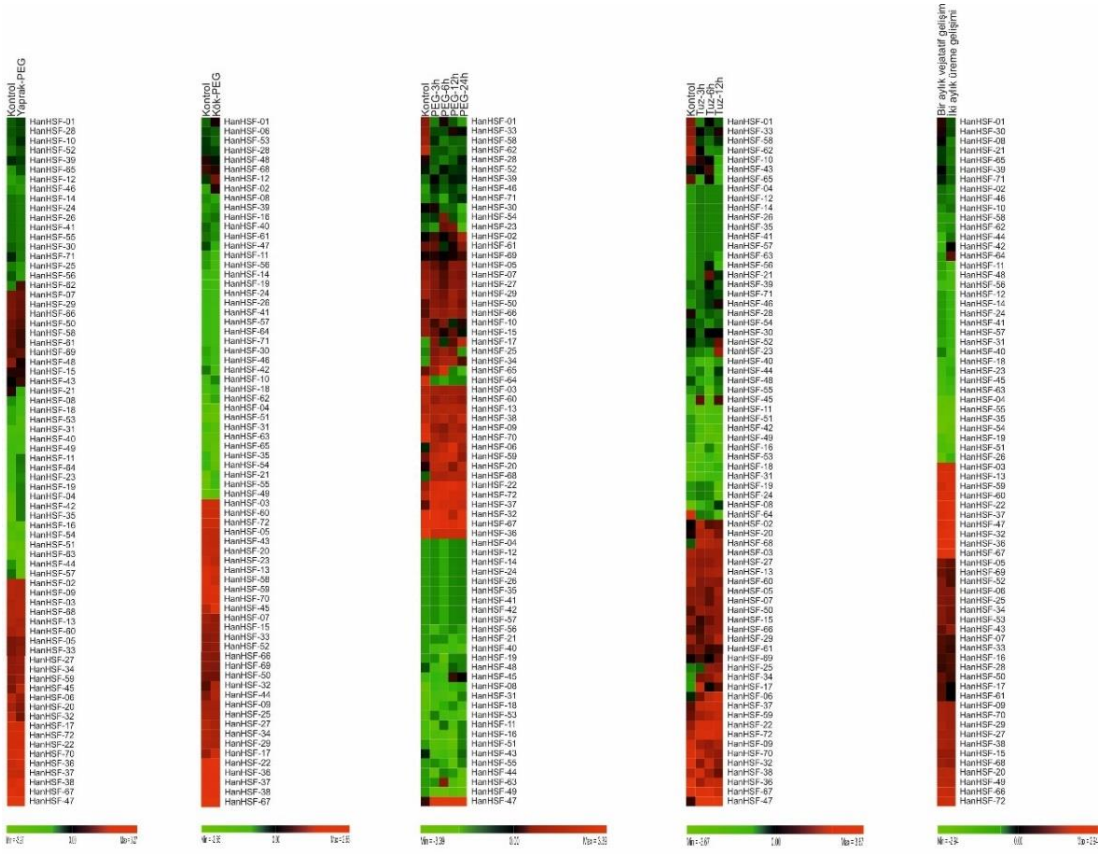
5.9 Ayçiçeği *HSF* ve *Hsp* Genleri İçin Transkriptom Analizleri

Sekans (dizi) veri okumaları veri tabanından (SRA-Sekans Read Archive) transkriptom verileri elde edilmiş, sonrasında genler seçilerek deney düzeneği kurulmuştur. Normalizasyon ve transformasyon işlemleri uygulanan veriler, Permut

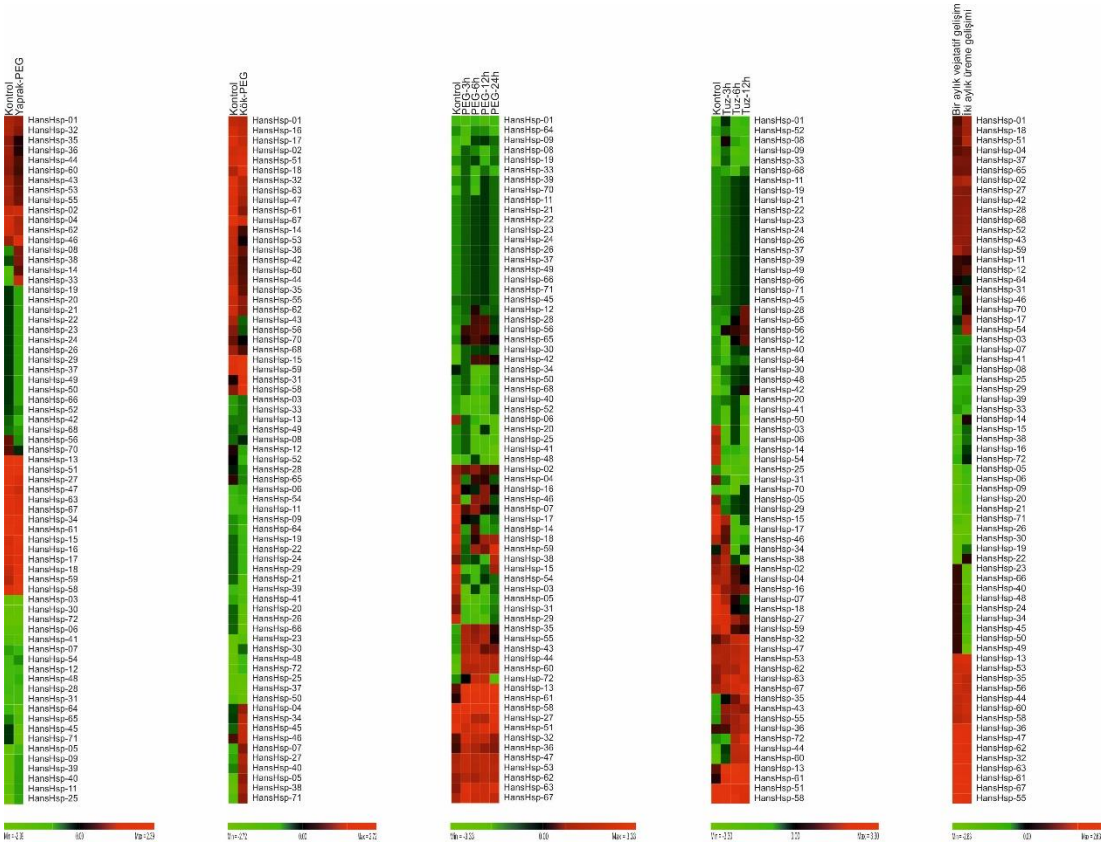
Matrix yazılımı kullanılarak ısı haritaları haline getirilmiştir. *HanHSF* ve *HanHsp* genlerine ait ısı haritaları Şekil 5.73-5.79 olarak gösterilmiştir. Isı haritalarının belirlenmesinde kullanılan okuma dosyalarına ait bilgiler Tablo 5.1'de verilmiştir.

Ayçiçeği *Hsp* genlerinin ifadelerini belirlemek amacı ile kök ve yaprak dokusuna ait kuraklık stresi, yaprak dokusuna ait farklı saatlerde kuraklık (0., 3., 6., 12., ve 24. saat) ve tuz stresi (0., 3., 6. ve 12. saat) uygulamaları, bir aylık vejetatif büyüme ve iki aylık üreme gelişimine ait transkriptom verileri kullanılmıştır. Bu verilerden yaprak örneklerine ait kuraklık stresi incelendiğinde kontrole göre *HanHsp100-130* geni hariç diğer tüm genlerin ifadelerinin azaldığı, kök örneklerine ait kuraklık stresi incelendiğinde ise *HanHsp70-29* ve *HanHsp100-93* genlerinin ifadelerinin artış gösterdiği görülmüştür. Farklı saatlerde toplanan yaprak örneklerine ait kuraklık stresi incelendiğinde *HanHSF-45, HansHsp-18, HanHsp70-08, HanHsp100-93* ve *HanHsp100-130* genlerinin ifadelerinin artış gösterdiği belirlenmiştir. Farklı saatlerde toplanan yaprak örneklerine ait tuz stresi verilmiş örneklerinin ifade düzeyleri incelendiğinde ise *HanHSF-45, HanHsp70-08, HanHsp70-29, HanHsp90-33* ve *HanHsp100-130* genleri ifadelerinin artış gösterdiği saptanmıştır. Bir aylık vejatatif gelişim ve iki aylık üreme gelişimine ait veriler incelendiğinde genlerin ifadelerinde önemli bir değişim olmadığı görülmüştür.

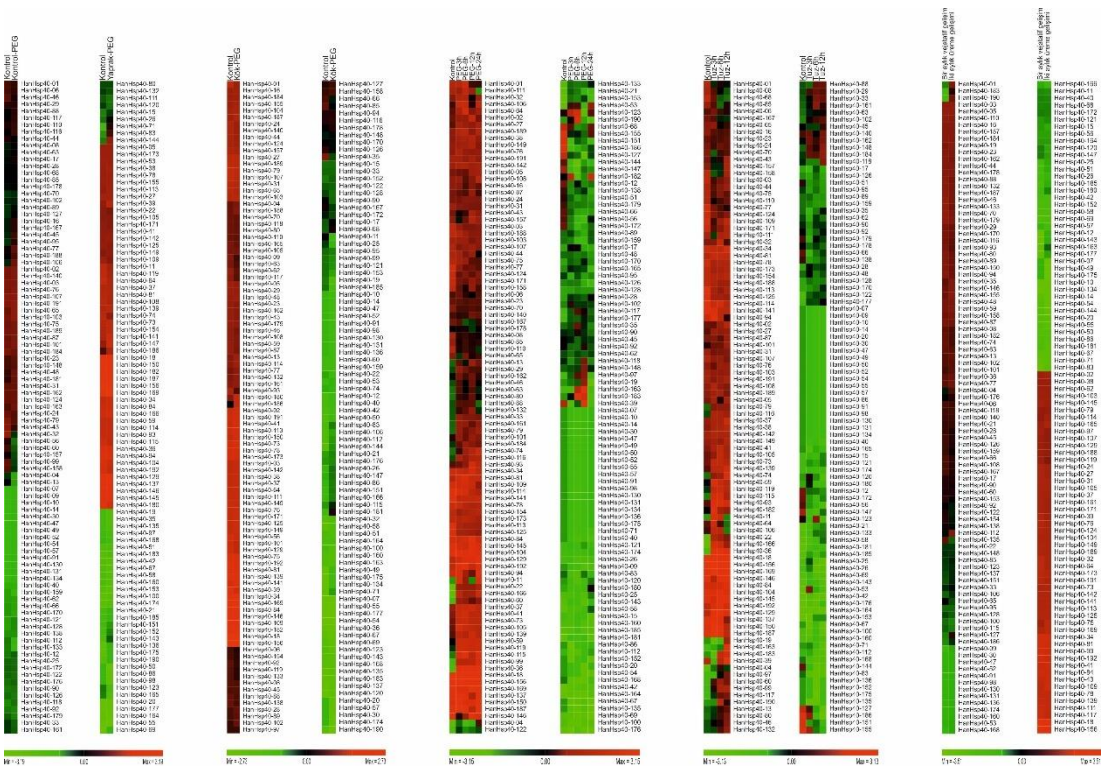
Transkriptom verilerinden yola çıkarak, HanHSF ailesi için *HanHSF-45* ve *HanHSF-59* genleri, HansHsp ailesi için *HansHsp-18* ve *HansHsp-58* genleri, HanHsp40 ailesi için *HanHsp40-147* ve *HanHsp40-186,* HanHsp60 ailesi için *HanHsp60-22* geni, HanHsp70 ailesi için *HanHsp70-08* ve *HanHsp70-29* genleri, HanHsp90 ailesi için *HanHsp90-33* geni, HanHsp100 ailesi için *HanHsp100-93* ve *HanHsp100-130* genleri gerçek zamanlı PZR ile doğrulama analizi için seçilmiştir. Doğrulama analizlerinde kullanılacak olan tüm genlere ait primer dizileri Tablo 5.4'te verilmiştir.



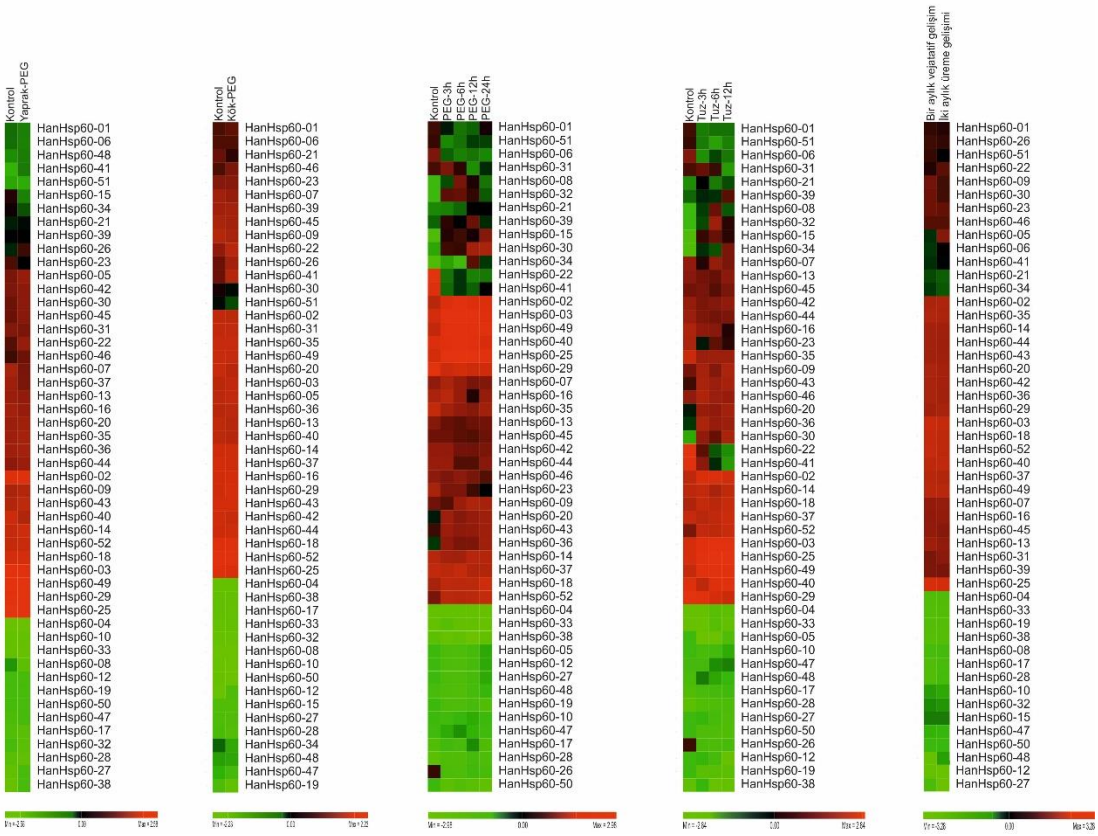
Şekil 5.73 *HanHSF* genlerine ait ısı haritaları



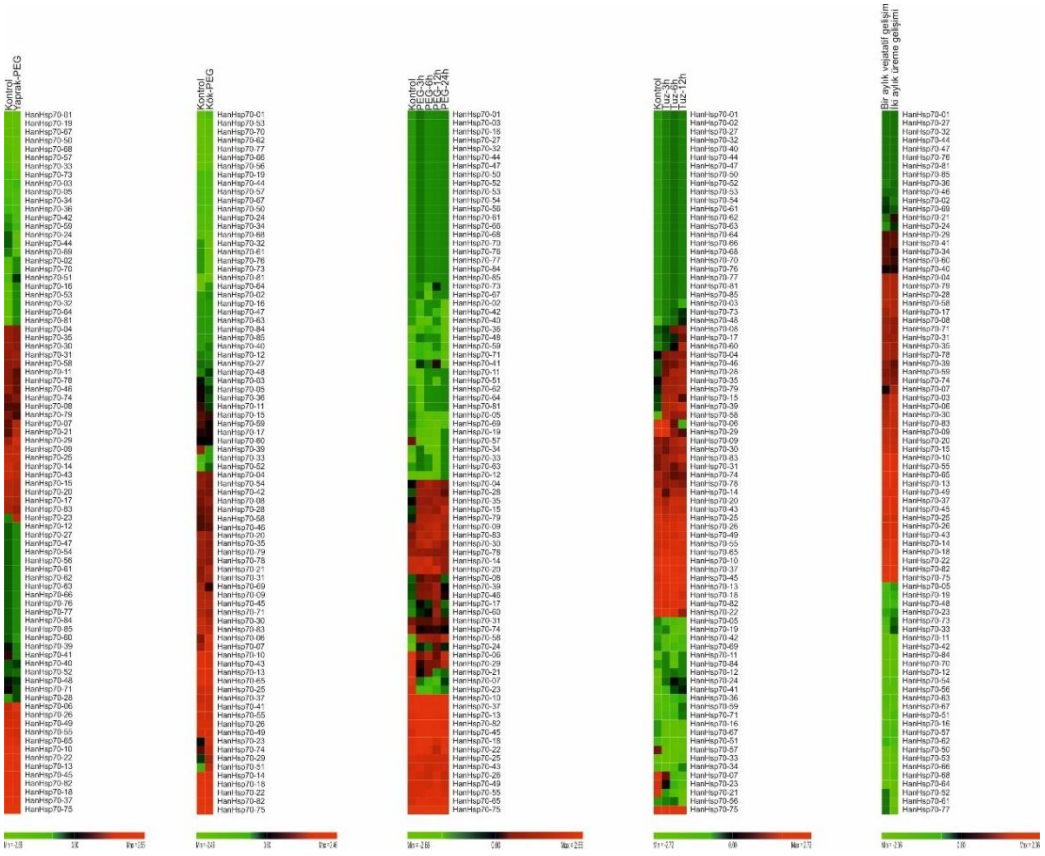
Şekil 5.74 *HansHsp* genlerine ait ısı haritaları



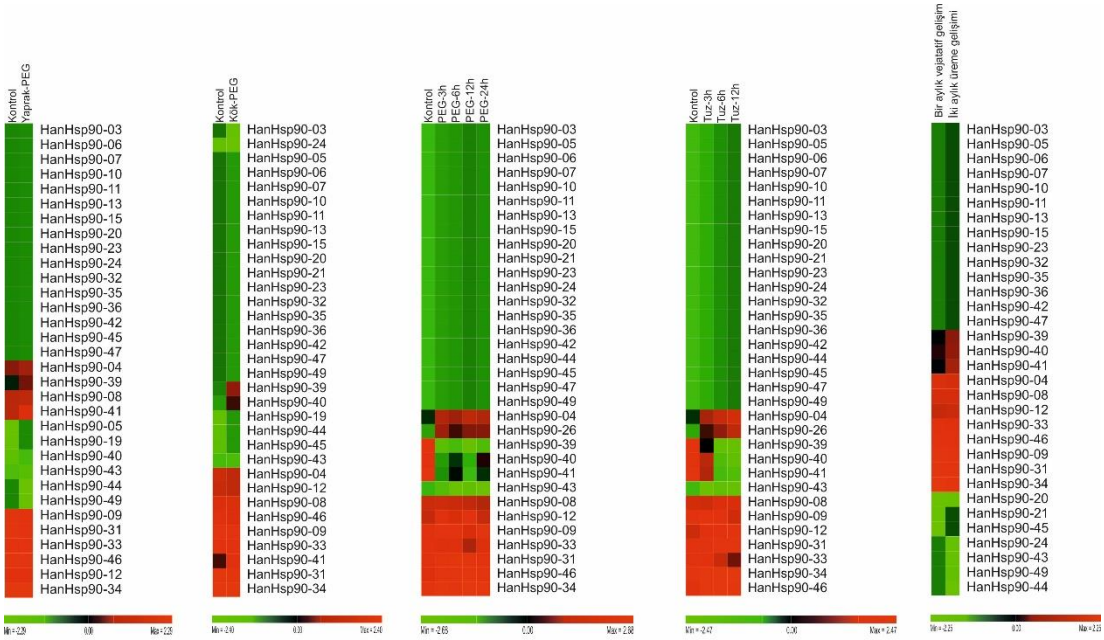
Şekil 5.75 *HanHsp40* genlerine ait ısı haritaları



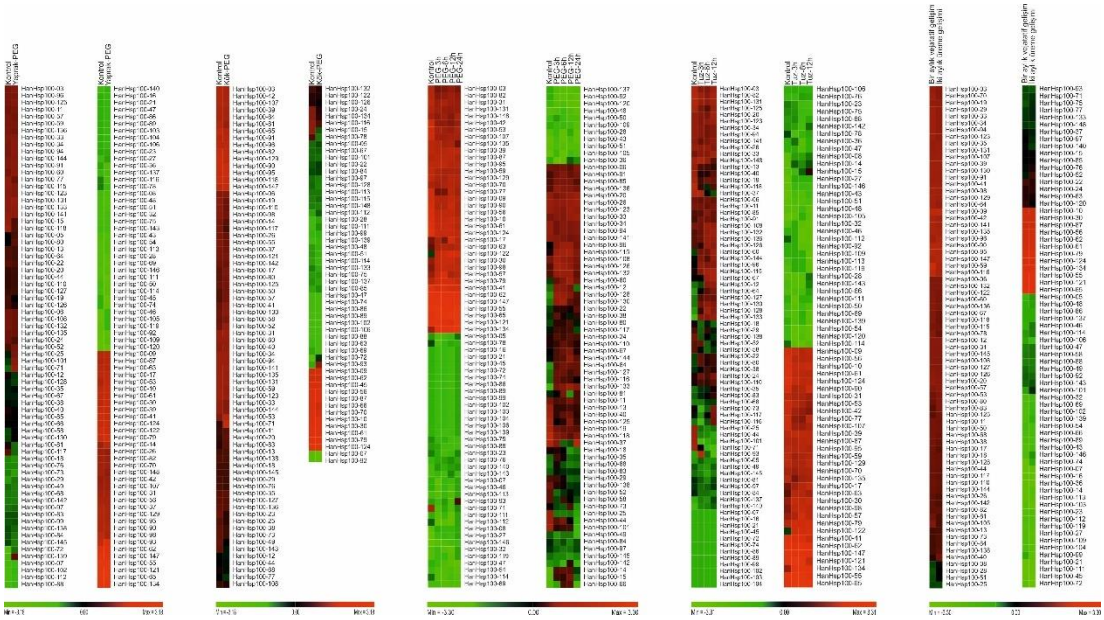
Şekil 5.76 *HanHsp60* genlerine ait ısı haritaları



Şekil 5.77 *HanHsp70* genlerine ait ısı haritaları



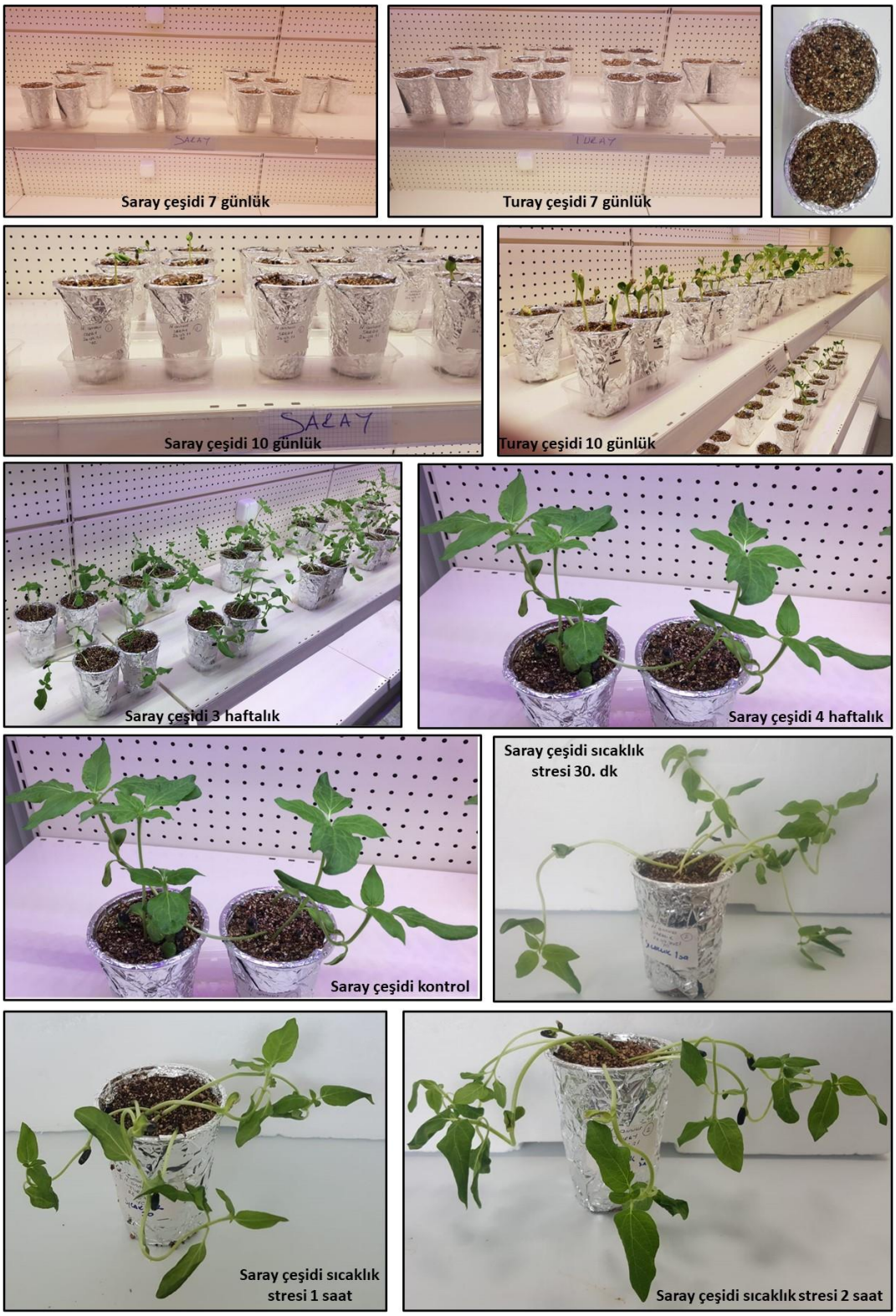
Şekil 5.78 *HanHsp90* genlerine ait ısı haritaları



Şekil 5.79 *HanHsp100* genlerine ait ısı haritaları

5.10 Moleküler Genetik Analizleri

Çalışmamızda bitki materyali olarak kuraklığa dayanıklı Saray ve kuraklığa hassas Turay çeşidine ait tohumları kullanılmıştır. Bitkilere yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi uygulanmıştır (Şekil 80). Ayçiçeği yaprak dokularından total RNA izolasyonu yapılmıştır. Elde edilen RNA'ların saflıkları ve konsantrasyon ölçümleri nanodrop cihazı (Thermo Scientific Multiskan Go) ile yapılmıştır (Tablo 5.1). Agaroz jel elektroforez yöntemi ile RNA'ların kontrolü sağlanmıştır (Şekil 5.80).

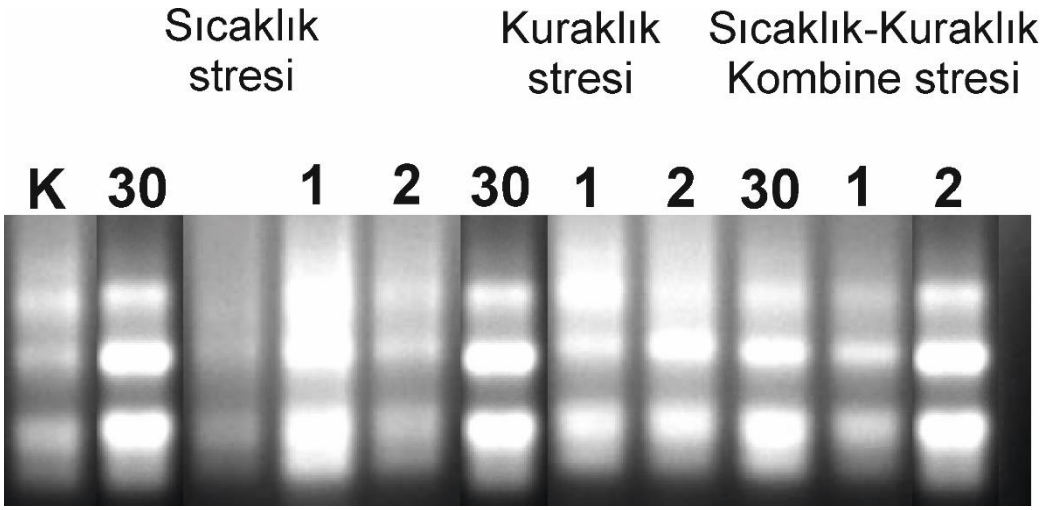


Şekil 5.80 Ekimi yapılan ayçiçeği tohumları, gelişimleri ve stres uygulanmış görüntüleri

Tablo 5.1 Ayçiçeği örneklerinden elde edilen bazı total RNA'ların saflık ve konsantrasyon değerleri

RNA İzolasyonu Yapılan Örnekler	Saray Çeşidi		Turay Çeşidi	
	260/280	Konsantrasyon ng/µL	260/280	Konsantrasyon ng/µL
Kontrol	2,08	4160	2,0	4100
Sıcaklık 0,5 h	2,13	1950	2,08	1590
Sıcaklık 1 h	2,09	3670	2,12	1960
Sıcaklık 2 h	2,19	3400	2,04	1630
Kuraklık 0,5 h	2,0	1770	2,03	2050
Kuraklık 1 h	2,12	2510	2,11	1620
Kuraklık 2 h	2,15	3080	2,01	2610
Kombine 0,5 h	2,17	2410	2,00	2120
Kombine 1 h	2,07	2420	2,05	2080
Kombine 2 h	2,04	1960	2,02	2240

İzole edilen RNA'lardan DNA bulaşkanlarını uzaklaştırmak amacı ile DNaz muamelesi yapılmış (Şekil 5.81) ve RNA'ların saflık ve konsantrasyon değerleri tekrar ölçülmüştür. Elde edilen değer sonucunda hesaplamalar yapılarak cDNA eldesi yapılmıştır.

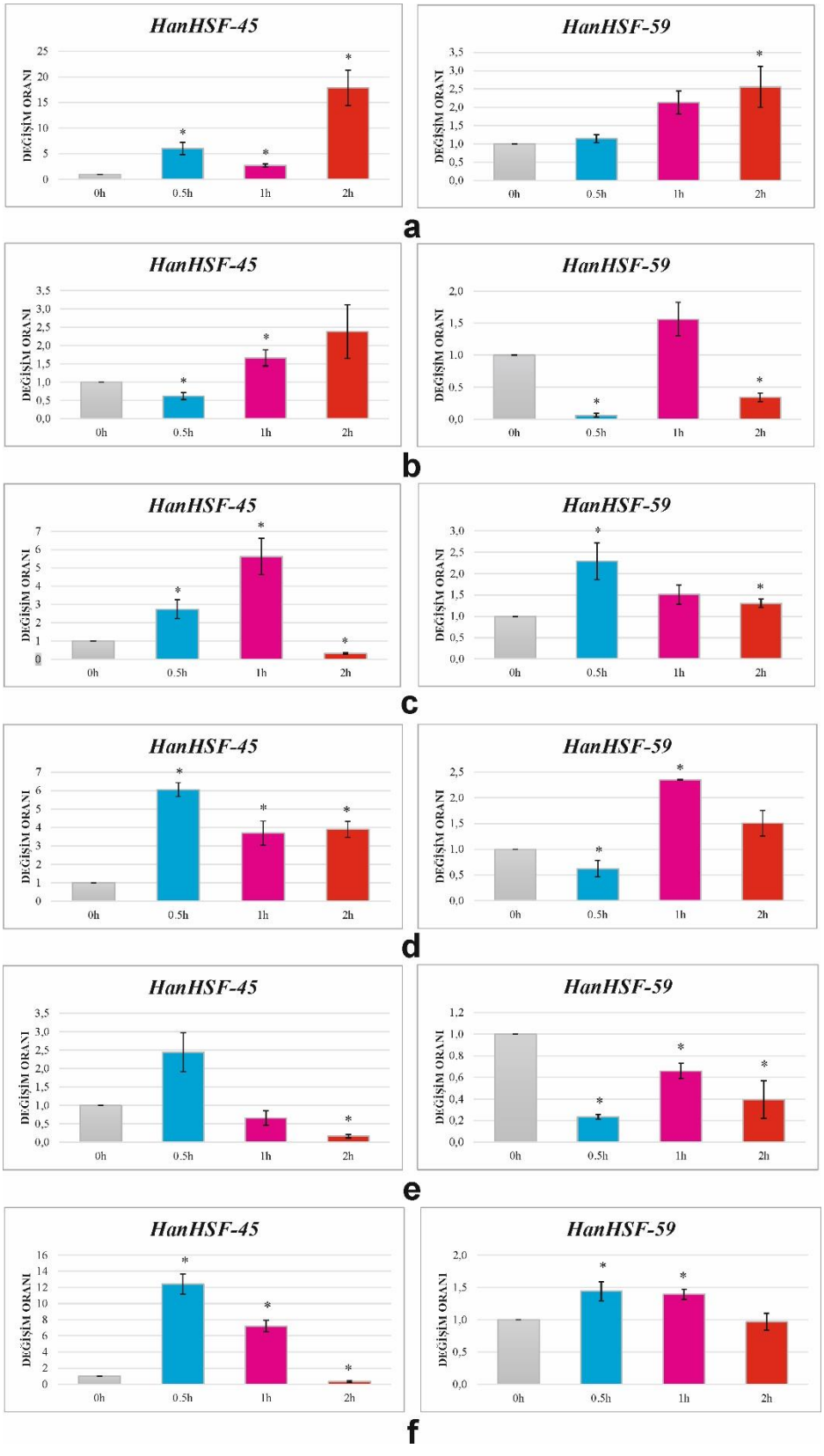


Şekil 5.81 DNaz muamelesi sonrası RNA örnekleri

5.11 HanHSF Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

HanHSF genlerine ait Saray ve Turay çeşitlerine ait örneklerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifade seviyeleri Şekil 5.82'de verilmiştir. *HanHSF-45* geni her iki çeşit için yüksek sıcaklık stresi koşullarında tüm saatlerde anlamlı bir artış göstermiştir. Saray çeşidinde ikinci saat sonunda gen ifadesinde 17 kat artış görülmüştür. Turay çeşidinde ise ilk yarım saatte kontrole göre yaklaşık 6 kat artış görülürken, birinci ve ikinci saatte ise 3 kat artış görülmüştür. Kuraklık stresi koşullarında *HanHSF-45* geninin Saray çeşidinde ilk yarım saatte kontrole göre gen ifadesi azalırken, birinci saatte ise gen ifadesinde artış görülmüştür. İkinci saatte ise anlamlı bir gen ifadesi tespit edilememiştir. Turay çeşidinde ise kuraklık stresi koşullarında kontrole göre sadece ikinci saatte anlamlı bir gen ifadesi azalışı belirlenmiştir. Saray çeşidinde yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında yarım saatte ve birinci saatte anlamlı bir artış gözlemlenirken, ikinci saatte gen ifadesinde azalış görülmüştür. Turay çeşidinde yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında kontrole göre ilk yarım saatte 12 kat artış görülmüştür.

HanHSF-59 Saray çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında sadece ikinci saatte kontrole göre 2,5 kat artış görülmüştür. Turay çeşidinde kontrole göre ise ilk yarım saatte gen ifadesi azalırken, birinci saatte gen ifadesi 2,5 kat artış göstermiştir. Kuraklık stresi koşullarında Saray çeşidinde ilk yarım saat ve ikinci saatte kontrole göre anlamlı bir gen ifadesi azalışı tespit edilmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre tüm saatlerde anlamlı bir gen ifadesi azalışı tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre gen ifadesinde ilk yarım saatte 2 kat anlamlı bir artış belirlenmiştir. Turay çeşidinde ise ilk yarım saat ve birinci saatte gen ifadesinde anlamlı bir artış belirlenmiştir.

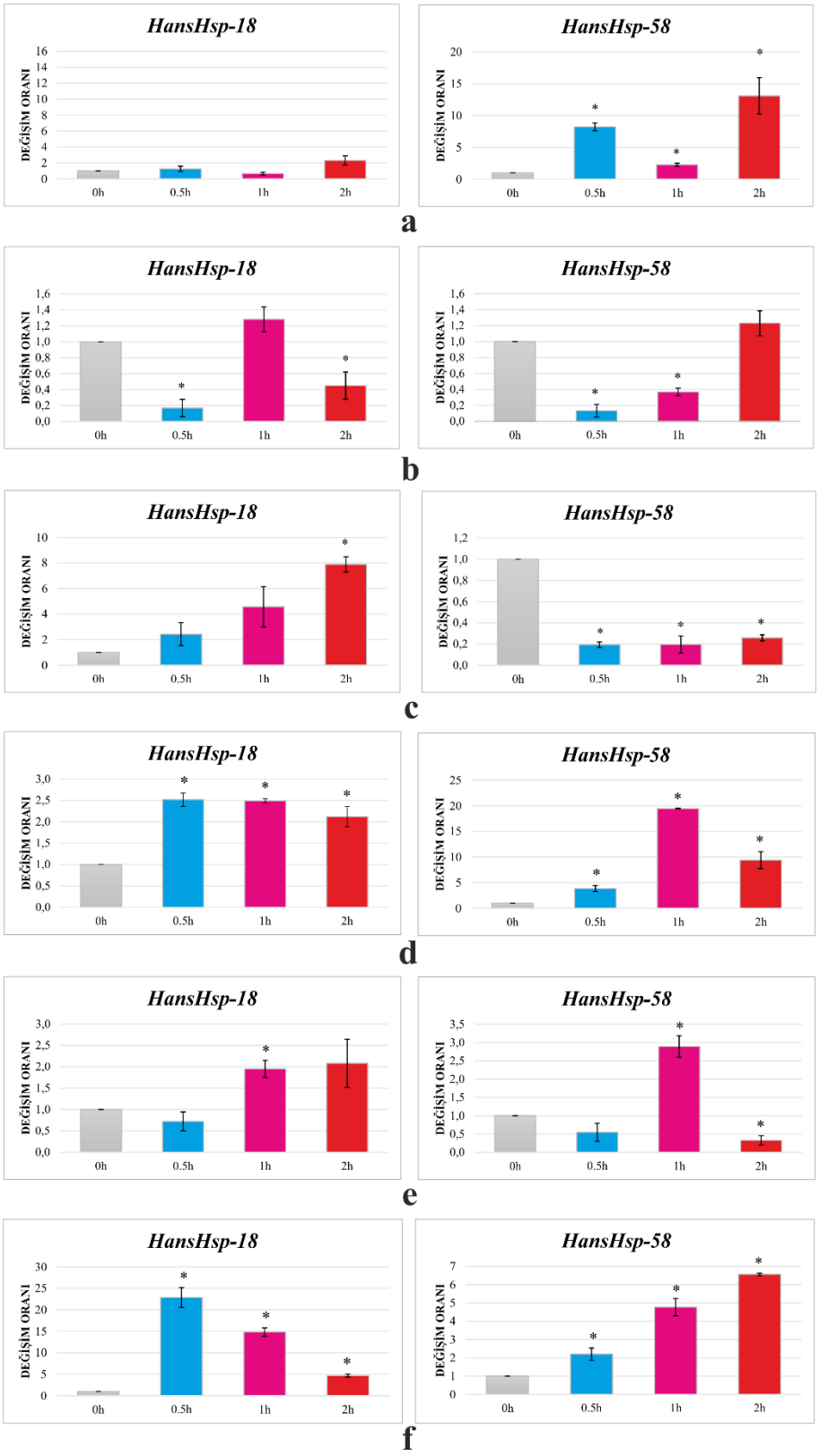


Şekil 5.82 *HanHSF-45* ve *HanHSF-59* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi- yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri (*p<0,05'i ifade etmektedir)

5.12 HansHsp Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

HansHsp genlerine ait Saray ve Turay çeşitlerine ait örneklerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifade seviyeleri Şekil 5.83'de verilmiştir. *HansHsp-18* geni için Saray çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında herhangi bir anlamlı gen ifadesi tespit edilememiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre ilk yarım saat ve birinci saatte 2,5 kat artış gözlemlenirken, ikinci saatte kontrole göre 2 kat artış belirlenmiştir. Kuraklık stresi koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım saat ve ikinci saatte gen ifadesinde anlamlı bir azalış meydana gelmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre sadece birinci saatte gen ifadesinde artış meydana gelmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde sadece ikinci saatte kontrole göre 7,90 kat gen ifadesi artışı gözlemlenmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre ilk yarım saat 22 kat artış tespit edilmiştir.

Saray çeşidinde *HansHsp-58* geni yüksek sıcaklık stresi koşullarında kontrole göre ilk yarım saatte 8 kat, birinci saatte 2 kat ve ikinci saatte ise 13 kat artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre birinci saatte 19 kat artış görülmüştür. Kuraklık stresi koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım saat ve birinci saatlerde gen ifadesinde azalış görülürken, Turay çeşidinde kontrole göre birinci saatte 2,89 kat gen ifadesinde anlamlı bir artış tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre gen ifadesinde azalış meydana gelirken, saatlere göre gen ifadelerindeki artış belirlenmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre tüm saatlerde anlamlı bir gen ifadesi artışı meydana gelmiştir.

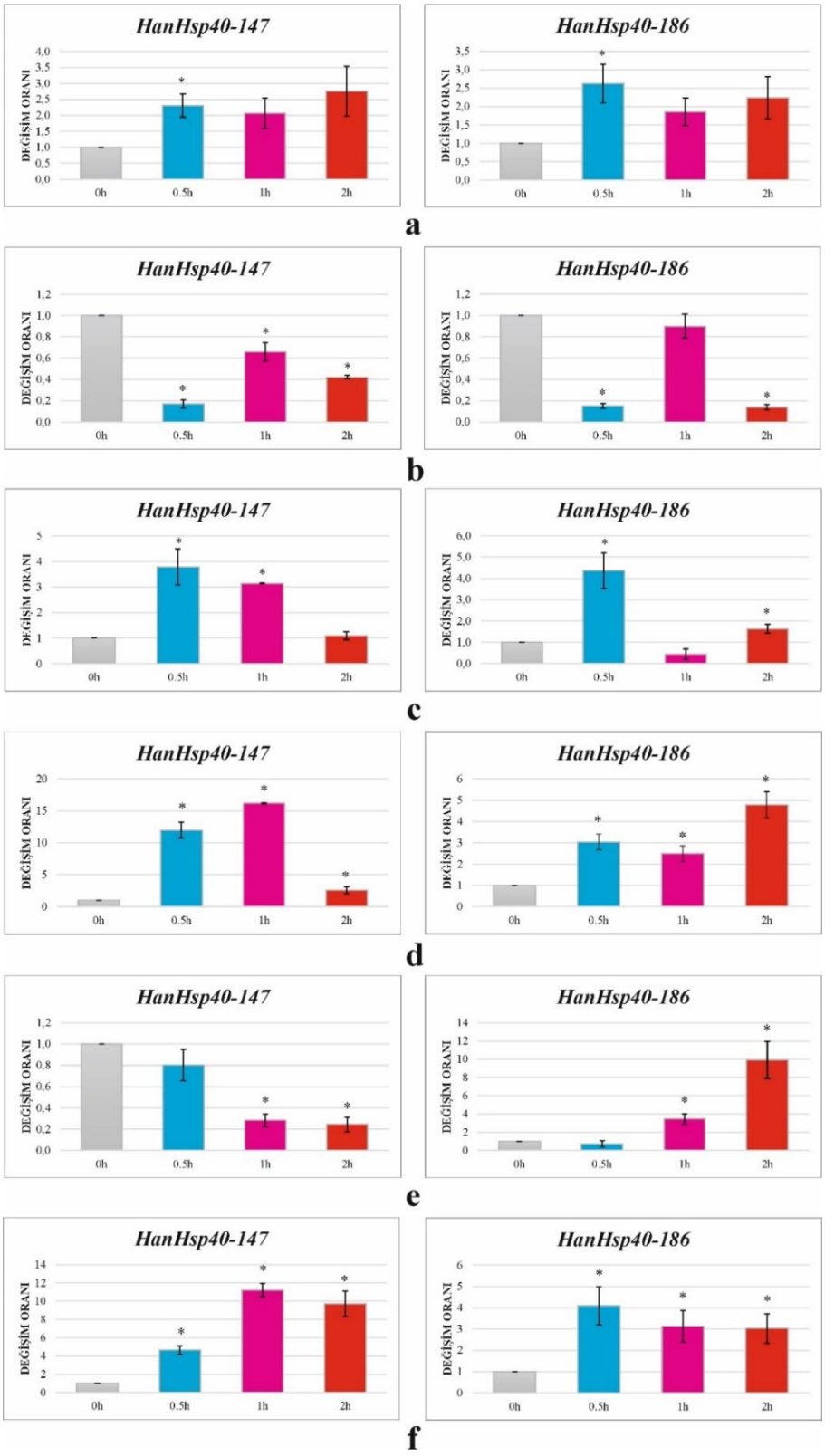


Şekil 5.83 *HansHsp-18* ve *HansHsp-58* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri (*p<0,05'i ifade etmektedir)

5.13 HanHsp40 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

HanHsp40 genlerine ait Saray ve Turay çeşitlerine ait örneklerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifade seviyeleri Şekil 5.84'de verilmiştir. Saray çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında *HanHsp-147* geni kontrole göre sadece ilk yarım saatte anlamlı bir artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesinde artış meydana gelmiştir. Kuraklık stresi koşullarında, Saray çeşidinde tüm saatlerde anlamlı bir gen ifadesi azalışı belirlenmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre sadece birinci ve ikinci saatlerde gen ifadesinde azalış meydana gelmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde ilk yarım saat ve birinci saatte gen ifadesinde anlamlı bir artış meydana gelmiştir. Turay çeşidinde tüm saatlerde kontrole göre anlamlı bir gen ifadesi artışı belirlenmiştir.

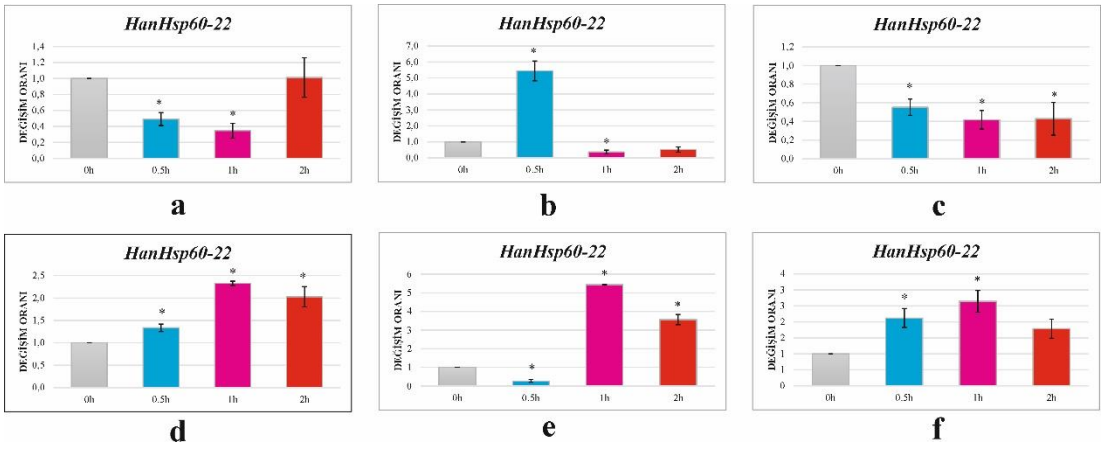
HanHsp40-186 geni için yüksek sıcaklık stresi koşullarında, Saray çeşidinde sadece ilk yarım saatte kontrole göre anlamlı gen ifadesi artışı belirlenmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre tüm saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir atış belirlenmiştir. Kuraklık stresi koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım saat ve ikinci saatte gen ifadesinde azalma meydan gelmiştir. Turay çeşidinde ise birinci ve ikinci saatlerde kontrole göre gen ifadesinde artış belirlenmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşularında Saray çeşidinde kontrole göre anlamlı gen ifadesi ilk yarım saat ve ikinci saatte artmış olup sırası ile 4,36 kat ve 1,63 kat olarak belirlenmiştir. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde anlamlı gen ifadesi artışı görülmüştür.



Şekil 5.84 *HanHsp40-147* ve *HanHsp40-186* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri (*p<0,05'i ifade etmektedir)

5.14 HanHsp60 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

HanHsp60-22 genine ait Saray ve Turay çeşitlerine ait örneklerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifade seviyeleri Şekil 5.85'te verilmiştir. Saray çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında *HanHsp60-22* geni ilk yarım saat ve birinci saatlerde anlamlı olarak azalış göstermiştir. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde anlamlı bir artış meydana gelmiştir. Kuraklık stresi koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım saatte 5,44 kat anlamlı gen ifadesi artışı belirlenirken, birinci saatte gen ifadesi azalmıştır. Turay çeşidinde ise kontrole göre ilk yarım saatte gen ifadesi anlamlı bir şekilde azalırken, birinci ve ikinci saatte sırası ile 5,44 kat ve 3,57 kat anlamlı gen ifadesi artışı meydana gelmiştir. Saray çeşidinde, yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında, tüm saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir azalış meydana gelmiştir. Turay çeşidinde ise ilk yarım saat ve birinci saatlerde anlamlı bir gen ifadesi artışı gözlemlenmiştir.

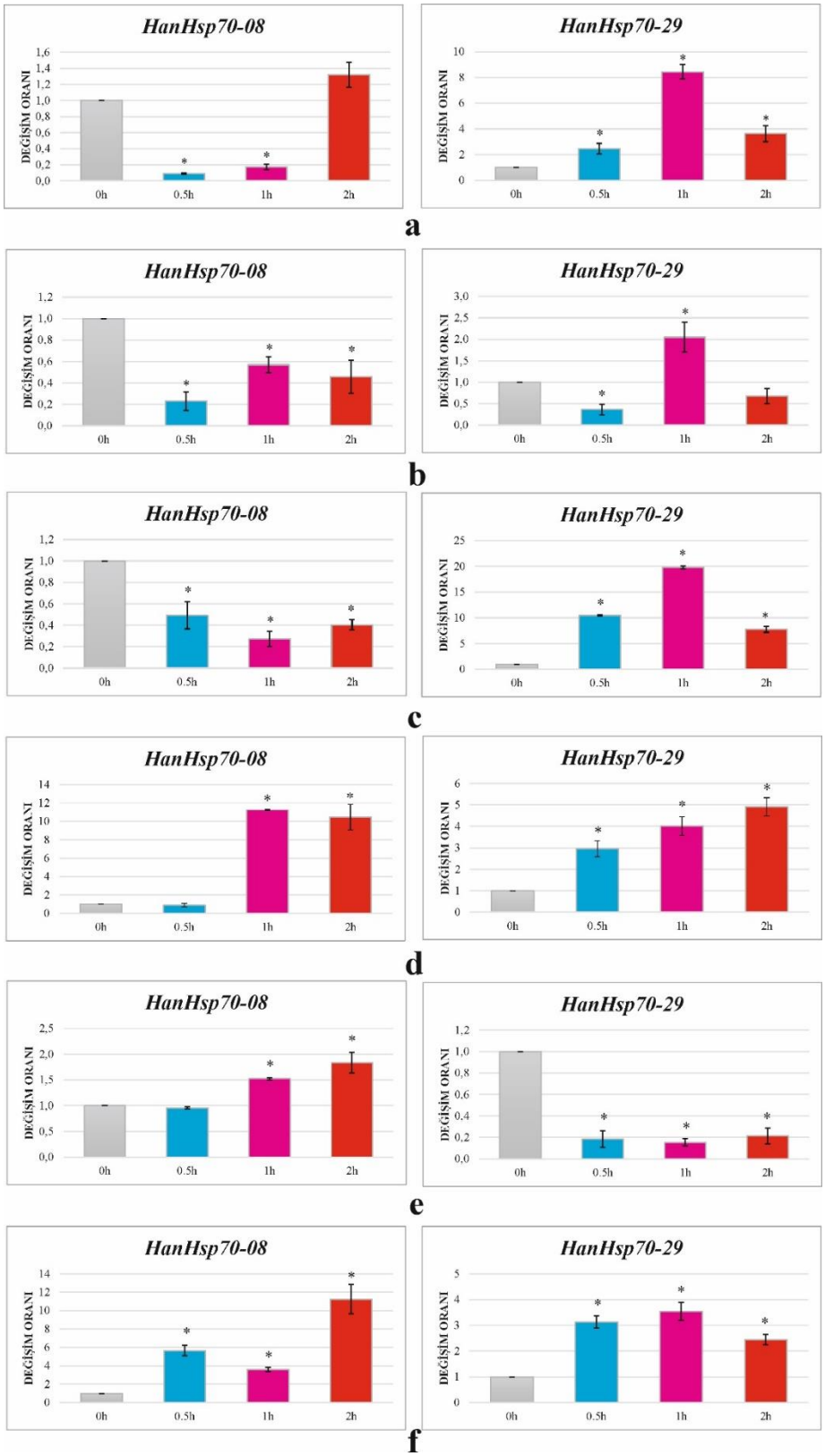


Şekil 5.85 *HanHsp60-22* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri (* $p<0,05$'i ifade etmektedir)

5.15 HanHsp70 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

HanHsp70 genlerine ait Saray ve Turay çeşitlerine ait örneklerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifade seviyeleri Şekil 5.86'da verilmiştir. Saray çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında kontrole göre gen ifadesi ilk yarım saat ve birinci saatte anlamlı bir azalış göstermiştir. Turay çeşidinde ise birinci ve ikinci saatlerde kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir artış tespit edilmiş olup, sırası ile 11,26 kat ve 10,47 kat gen ifadesi artışı tespit edilmiştir. Saray çeşidinde kuraklık stresi koşulları altında tüm saatlerde kontrole göre anlamlı bir gen ifadesi azalışı meydana gelmiştir. Turay çeşidinde ise birinci ve ikinci saatlerde kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir artış belirlenmiştir. Saray çeşidinde yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi koşulları altında tüm saatlerde kontrole göre anlamlı bir gen ifadesi azalışı tespit edilmiştir. Turay çeşidinde ise yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir artış tespit edilmiştir.

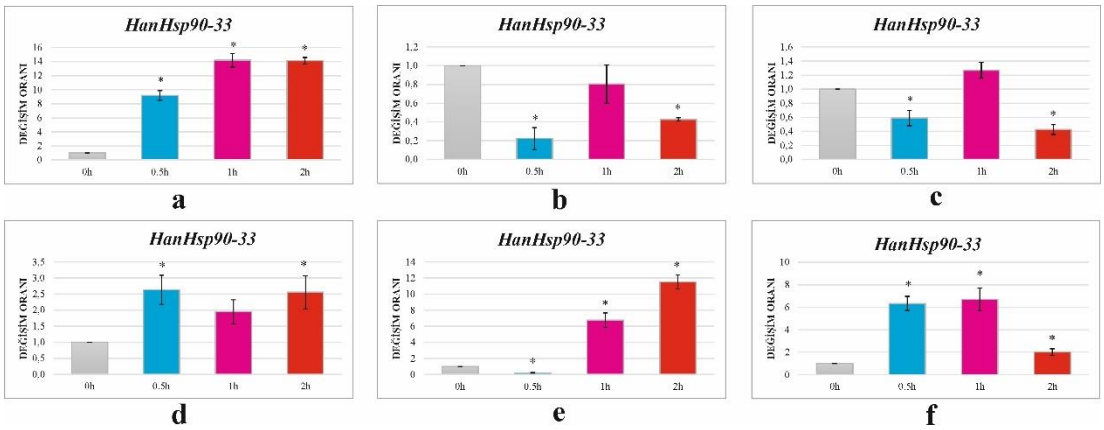
Saray çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında *HanHsp70-29* geni tüm saatlerde anlamlı artış göstermiştir. *HanHsp70-29* geni Turay çeşidinde de tüm saatlerde anlamlı bir gen ifadesi artışı göstermiştir. Kuraklık stresi koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre anlamlı bir gen ifadesi azalışı tespit edilirken, birinci saatte kontrole göre gen ifadesinde 2,05 kat anlamlı bir artış meydana gelmiştir. İkinci saatte ise anlamlı bir gen ifadesi değişimi tespit edilememiştir. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde kontrole göre anlamlı bir gen ifadesi azalışı tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ise her iki tür için kontrole göre tüm saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir artış gözlemlenmiştir. İlk yarım saat, birinci saat ve ikinci saatlerde Saray çeşidinde sırası ile 10,47 kat, 19,80 kat ve 7,76 kat artış tespit edilirken, Turay türlerinde sırasıyla 3,13 kat, 3,54 kat ve 2,44 kat anlamlı gen ifadesi artışı tespit edilmiştir.



Şekil 5.86 *HanHsp70-08* ve *HanHsp70-29* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri (*p<0,05'i ifade etmektedir)

5.16 HanHsp90 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

HanHsp90-33 genine ait Saray ve Turay çeşitlerine ait örneklerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifade seviyeleri Şekil 5.87'de verilmiştir. Saray çeşidi yüksek sıcaklık stresi koşullarında kontrole göre tüm saatlerde anlamlı bir gen ifadesi tespit edilmiştir. İlk yarım saat 9,21 kat, birinci saat 14,20 kat ve ikinci saat 14,11 kat anlamlı gen ifadesi artışı belirlenmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre ilk yarım saat ve ikinci saat gen ifadesinde anlamlı bir artış belirlenmiştir. Kuraklık stresi koşullarında kontrole göre ilk yarım saat ve ikinci saatte gen ifadesinde anlamlı bir azalış meydana gelmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre ilk yarım saatte gen ifadesinde bir azalma meydana gelirken, birinci (6,78 kat) ve ikinci saatlerde (11,54 kat) gen ifadesinde artış tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde ilk yarım saat ve ikinci saatte gen ifadesinde anlamlı bir azalış tespit edilirken, Turay çeşidinde tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir artış tespit edilmiştir.

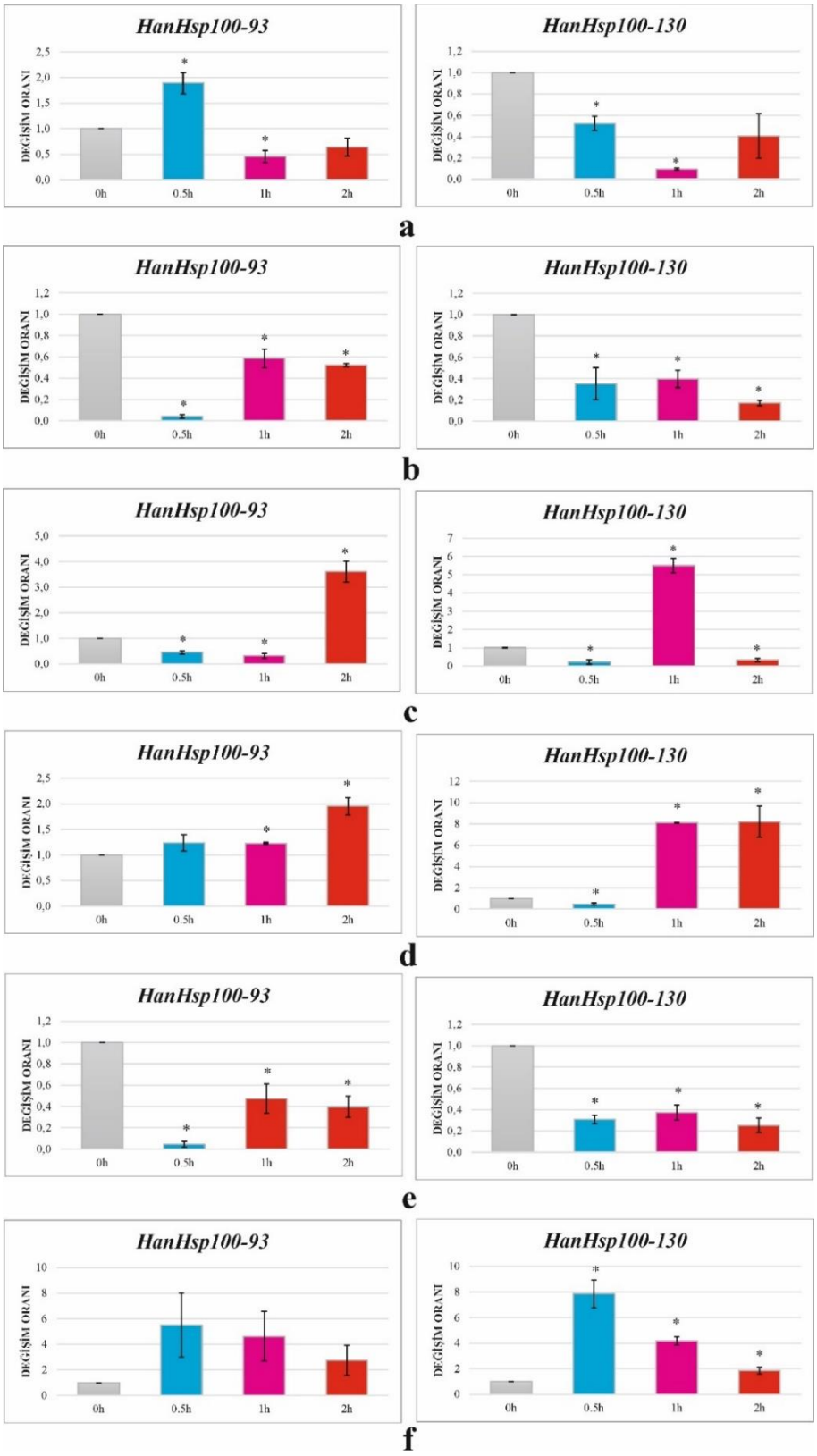


Şekil 5.87 *HanHsp90-33* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri (* $p<0,05$'i ifade etmektedir)

5.17 HanHsp100 Ailesine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

HanHsp100 genlerine ait Saray ve Turay çeşitlerine ait örneklerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifade seviyeleri Şekil 5.88'de verilmiştir. Saray çeşidi yüksek sıcaklık stresi koşullarında *HanHsp100-93* geninin ifadesi kontrole göre ilk yarım saatte 1,89 kat anlamlı olarak artış gösterirken, birinci saatte gen ifadesi kontrole göre azalış göstermiştir. Turay çeşidinde ise birinci ve ikinci saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir artış tespit edilmiştir. Kuraklık stresi koşullarında hem Saray hem de Turay çeşitlerinde tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesi anlamlı olarak azalış göstermiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde ilk yarım saat ve birinci saatlerde kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir azalış meydana gelirken, ikinci saatte gen ifadesinde 3,61 kat anlamlı bir artış meydana gelmiştir. Turay çeşidinde ise yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında tüm saatlerde anlamlı bir gen ifadesi değişim tespit edilememiştir.

HanHsp100-130 genine ait yüksek sıcaklık stresi koşullarında ilk yarım saat ve birinci saatlerde kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir azalış meydana gelmiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre ilk yarım saat gen ifadesi azalırken, birinci saat 8,13 kat, ikinci saat ise 8,21 kat gen ifadesi anlamlı bir şekilde artış göstermiştir. Kuraklık stresi koşullarında hem Saray hem de Turay çeştilerinde tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesi anlamlı olarak azalış göstermiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında, Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım saat gen ifadesi anlamlı bir şekilde azalırken, birinci saatte gen ifadesi anlamlı bir şekilde 5,5 kat artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre tüm saatlerde gen ifadesi artış gösterirken, zaman ilerledikçe gen ifadesinde azalma görülmüştür. Tüm genlere ait qPZR erime sıcaklığı eğrileri EK 66'da verilmiştir.



Şekil 5.88 *HanHsp100-93* ve *HanHsp100-130* genlerine ait (a) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık stresi (b) Saray çeşidi-kuraklık stresi, (c) Saray çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresi, (d) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık stresi, (e) Turay çeşidi-kuraklık stresi, (f) Turay çeşidi-yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresine ait gen ifade analizleri (* p<0,05'i ifade etmektedir)

6. SONUÇ VE TARTIŞMA

6.1 *HSF* ve *Hsp* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

6.1.1 *HSF* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

Isı şoku proteinleri (Hsp), tüm organizmalarda stres koşullarında, hücrede meydana gelmesi muhtemel zararları engelleyen, bu proteinlerin şaperon görevi sayesinde hasar görmüş proteinlerin onarımının sağlandığı ve hücrenin hayatta kalmasında hayati rolü olan proteinlerdir (Scharf vd., 2012; C. Wu, 1995). Hücre içerisinde stres algılama mekanizmasının nasıl çalıştığı tam olarak aydınlatılamamış olsa da, Hsp'nin ifade edilmesi, ısı şoku transkripsiyon faktörleri (HSF) tarafından düzenlenmektedir (Åkerfelt, Trouillet, Mezger ve Sistonen, 2007; Pirkkala, Nykanen ve Sistonen, 2001).

Yapılan bu çalışmada ayçiçeği genomunda 88 adet *HSF* geni tespit edilmiştir. Daha önceki çalışmalarda çeltikte (*Oryza sativa*) 25 (Guo vd., 2008), *Arabidopsis'*te (*Arabidopsis thaliana*) 22 (Guo vd., 2008), mısır bitkisinde (*Zea mays*) 25 (Y. X. Lin vd., 2011), çin lahanasında (*Brassica rapa)* 35 (Xiaoming Song vd., 2014), patateste (*Solanum tuberosum*) 27 (R. Tang vd., 2016), çin beyaz armutu meyvesinde (*Pyrus bretschnedideri*) 28 (Qiao vd., 2015), lahana bitkisinde (*B. oleracea*) 35 (Lohani, Golicz, Singh ve Bhalla, 2019), ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum*) 78 (Zhou vd., 2019), tatar karabuğdayında (*Fagopyrum tataricum*) 29 (M. Liu vd., 2019), fasulyede (*Phaseolus vulgaris*) 30 (Q. Zhang vd., 2022), kürkas bitkisinde (*Jatropha curcas*) 17 (Lin Zhang, Chen ve Shi, 2020), turpta (*Raphanus sativus*) 33 (M. Tang vd., 2019) ve kauçuk ağacında (*Hevea brasiliensis*) 30 *HSF* geni (Y. Li vd., 2019) tespit edilmiştir.

Muhtemel *HSF* genlerinin tayin edilmesinde çalışmamızda olduğu BLASTP sorgusu ve HMM istatistik modeli kullanan araştırmacılar olduğu gibi (Guo vd., 2008; Y. X. Lin vd., 2011; M. Liu vd., 2019; Lohani vd., 2019; Qiao vd., 2015; R. Tang vd., 2016; Lin Zhang vd., 2020) sadece BLASTP sorgusu (Zhou vd., 2019), sadece HMM modeli (Lohani vd., 2019; M. Tang vd., 2019; Q. Zhang vd., 2022) kullanarak *HSF* genlerinin belirlendiği görülmüştür. Bazı çalışmalarda ise BLASTP sorgusu sonucu farklı istatistiksel modeller kullanılmıştır (Y. Li vd., 2019). Ayrıca çalışmamızda beklenti

değeri 50 ve üzeri ($\geq e^{-50}$), benzerlik değeri ise 60 ve üzeri (≥60) olarak alınmıştır. *HSF* genleri sayısının türden türe sayısal olarak değişiklik göstermesinde gen tanımlanmasında kullanılan metotların ve eşik değeri belirlemenin de rolü olduğu görülmüştür.

Kauçuk ağacında tanımlanan HSF proteinlerinin amino asit uzunlukları 216–566 aa uzunluğunda değişirken (Li vd., 2019), buğday da 209–701 aa uzunluğu (Duan, Liu, Zhang, Li ve Guo, 2019), turpta 238–2427 aa (M. Tang vd., 2019), kürkas ağacında 214–560 aa (Lin Zhang vd., 2020), tatar karabuğdayında 216–503 aa (M. Liu vd., 2019), ekmeklik buğdayda 209–701 aa (Zhou vd., 2019), lahana bitkisinde 227–495 aa (Lohani vd., 2019), fasulyede 206–490 aa (Q. Zhang vd., 2022), patateste 201–501 aa (R. Tang vd., 2016), mısırda 257–508 aa (Y. X. Lin vd., 2011; Q. Zhang vd., 2022), çeltikde 249–514 aa ve *Arabidopsis'*de ise 244–485 aa (Guo vd., 2008) uzunluğunda değişim gösterdikleri görülmüştür. Çalışmamızda ise ayçiçeği bitkisine ait HSF proteinlerinin 115–965 aa uzunluğunda değişim gösterdiği görülmüştür. Ayçiçeği genomunda tespit edilen HSF proteinlerinin uzunluklarının literatür sonuçlarına uygun bir aralıkta olduğu görülmektedir. Proteinlerin moleküler ağırlıkları ise Da ya da kDa cinsinden verilmiş olsa bile çoğunlukla en kısa proteinin en hafif, en uzun proteinin ise en ağır protein olduğu görülmüştür.

Çalışmamızda HSF proteinlerinin çoğunlukla asidik karaktere sahip olduğu görülmüştür. Mısırda, patateste, fasulyede, lahana bitkisinde, ekmeklik buğdayda, tatar karabuğdayında, kürkas ağacında ve kauçuk ağacında yapılan analizler sonucunda da HSF proteinlerinin asidik karaktere sahip oldukları belirlenmiştir. OmixBOX programı kullanılarak yapılan gen ontoloji analizi sonucunda *HSF* genlerinin hücre içerisinde bulunduğu yerler incelendiğinde büyük bir çoğunluğunun nükleus, hücre membranı, organel membranı ve endoplazmik retikulumda yer aldığı görülmektedir. Nükleik asitler nedeni ile nükleus (Cameron ve Jeter, 1974), endoplazmik retikulum (Cankurt Yalçınkaya, 2021; Nadir, Tufanlı, Erbay ve Atalay, 2016) ve membranda asidik karakterdeki proteinlerin bulunması göz önünde bulundurulduğundan HSF proteinlerinin çoğunlukla asidik karakterde olması anlaşılır hale gelmektedir.

HSF genlerinin ayçiçeği genomunda tüm kromozomlara yayıldığı görülmektedir. Çalışmamızda çıkan sonuca paralel olarak tatar karabuğdayına, ekmeklik buğdaya, lahana bitkisine, mısıra ait *HSF* genlerinin de tüm kromozomlara dağıldığı görülmektedir. Fasulyede belirlenen muhtemel *HSF* genlerinin on bir kromozomdan dokuzuna, kurkas *HSF* genlerinin ikinci kromozom hariç on bir kromozoma, çeltikte ise on iki kromozomdan on kromozoma *HSF* genlerinin yayılış gösterdiği görülmektedir. HSF proteinlerinin hücrenin birçok farklı bölgesinde yer almaları, HSP'lerin ekspresyonunu düzenleyici rollerinin yanında hem hücresel hem de metabolik süreçlerde rol almaları, kromozomlar üzerinde geniş yayılım göstermelerine açıklık getirmektedir (Wu, 1995; Hahn, Hu, Thiele, ve Iyer, 2004; Güngör, 2018).

HSF genlerinin ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde ise sadece altı genin (*HanHSF-12, HanHSF-31, HanHSF-46, HanHSF-51, HanHSF-78* ve *HanHSF-83*) intron bölgesi içermediği görülmektedir. Birkaç istisna dışında ise bu genlerin büyük bir çoğunluğunun bir ya da iki intron bölgesi içerdiği görülmektedir. *HSF* genlerinin filogenetik analizleri incelendiğinde ise *HanHSF-12* geni hariç diğer tüm intron içermeyen genlerin, IIb dalında aynı bölgede bulundukları görülmektedir. İntron içermeyen genlerin korunmuş motifleri incelendiğinde ise HanHSF-12 hariç benzer motiflere sahip oldukları saptanmıştır. Literatürde yapılan çalışmalar incelendiğinde ise kauçuk ağacında, turpta, kürkas ağacında, tatar karabuğdayında, fasulye ve patatesde tespit edilen *HSF* genlerinin de büyük bir çoğunluğunun bir ya da iki intron içerdiği görülmektedir (Y. Li vd., 2019; M. Liu vd., 2019; M. Tang vd., 2019; R. Tang vd., 2016; Lin Zhang vd., 2020; Q. Zhang vd., 2022). Buğdayda yapılan çalışmada ise *HSF* genlerinin büyük çoğunluğunda bir ya da iki intron tespit edilirken az sayıda genin ise intron içermediği görülmüştür (Duan vd., 2019).

HSF proteinlerinin evrimsel süreç içerisinde korunmuş motiflerinin incelenmesi amacı ile MEME çevrim içi aracı kullanılmış olup on adet motif seçilmiştir. HSF proteinlerinin içermiş oldukları motifler incelendiğinde, çok az ya da hiç motif içermeyenler, motif organizasyonu 5-9-7-4-6-8 ve 2-1-10-3 diziliminde olanlar olmak üzere üç gruba ayrıldıkları görülmektedir. Motif organizasyonu 2-1-10-3 olan grubun HSF proteinlerinde sayıca fazla olduğu görülmektedir. Korunmuş motif analizi ile filogenetik analiz karşılaştırıldığında, filogenetik ağaçta **Ia** grubunun tamamının motif

içermediği görülmektedir. Motif 5-9-7-4-6-8 organizasyonuna sahip olan tüm proteinlerin **Ib** grubunda yer aldığı görülmektedir. Daha önceki çalışmalarda da araştırmacılar hem ekzon-intron organizasyonunu, hem evrimsel süreç içerisinde korunan motifleri, hem de filogenetik ağaç analizi sonuçlarının doğruluğunu kontrol etmek amacı ile sonuçlarını karşılaştırmalı olarak değerlendirmişlerdir. Tanımlanan motif sayısı fasulye ve kauçuk ağacında 10, buğdayda 15, patateste 20 ve turpta 25 olsa bile proteinlerin filogenetik ağaçta bulunduğu konum ve aynı koldaki diğer proteinlerin sahip oldukları motifler çalışmamız sonuçları ile de uyumlu olarak benzerlik göstermektedir (Y. Li vd., 2019; M. Tang vd., 2019; R. Tang vd., 2016; Ye vd., 2020).

Transkripsiyon faktörleri (TF) DNA'nın RNA'ya dönüştürülmesinde büyük rol oynarlar. Sahip oldukları ilerletici ya da baskılayıcı genler sayesinde ilgili genin ifade edilmesinde büyük rol oynarlar (Latchman, 1997; Sarvepalli, das Gupta, Challa ve Nath, 2018). En önemli görevlerinde biri Hsp proteinlerinin transkripsiyonunu düzenlemek olan *HSF* genlerinin moleküler fonksiyonunun transkripsiyon düzenleyici aktivite, bağlanma ve katalitik aktivite olduğu belirlenmiştir. Bir TF'nin, transkripsiyonu düzenleyebilmesi için öncelikle ilgili bölgeye bağlanması ve katalitik aktivite göstermesi gerekmektedir. *HSF* genlerinin moleküler fonksiyonunun, transkripsiyon faktörlerinin görevleri ile uyuştuğu görülmektedir. Yine genlere ait ontoloji analizi sonucunda bu genlerin, hücresel süreç, metabolik süreç, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi, biyolojik düzenleme ve uyarıya yanıt gibi biyolojik işlevlere sahip olduğu görülmüştür. Hücre içerisinde çoğunlukla nükleus olsa da hücre membranında, organellerde, organel membranında ve endoplazmik retikulumda yayılım gösterdiği görülmektedir.

Protein-protein etkileşimleri el alındığında HanHSF-47 (41 etkileşim), HanHSF-22 (39), HanHSF-72 ve HanHSF-85 (32) proteinlerinin en fazla etkileşime sahip proteinler olduğu görülmektedir. Bu proteinlerin evrimsel süreç içerisinde aynı korunmuş motiflere sahip oldukları ve filogenetik ağacın aynı dalında yer aldıkları da görülmektedir. Ayrıca metabolik süreçte önemi olan ve biyolojik düzenlenme proteini olan alanin-2-oxoglutarat aminotransferaz 2 (AOAT2), aspartat aminotransferaz (ASP3), triptofan sentaz (TRPB) ve triptofan sentaz beta tip 2 (TSBtype2) gibi

proteinler ile etkileşim daha fazla meydana gelmiştir. Elde edilen protein-protein etkileşim haritası ile gen ontoloji analizinden elde edilen moleküler fonksiyon ve biyolojik süreçler sonuçlarının birbiri ile örtüştüğü görülmektedir.

HanHSF proteinlerinin homoloji modellemesi güven (confidence) ve benzerlik (identity) değerleri ≥%80 ve üzeri olan sonuçlar üzerinden gerçekleştirilmiştir. Proteinlerin hemen hemen tamamının güven değeri %100 iken, HanHSF-67 ve HsnHSF-74 proteinlerinin benzerlikleri %100 olarak sonuç vermiştir. Elde edilen sonuçlar doğrultusunda proteinlerin 3-boyutlu yapılarında β-kırmalı tabakalar görülse de α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür. HSF'lerin evrimsel süreç içerisinde en çok korunan fonksiyonel alanlarının amino uçlarında yer alan sarmal-dönüş-sarmal (helix-turn-helix) yapısı olduğu bilinmektedir (Pirkkala vd., 2001). Farroqui vd. 2017 yılında yapmış olduğu çalışmada sonuçlarımızla uymlu olarak HSF proteinlerinde α-sarmal yapının baskın olduğunu belirlemiştir (Farooqui vd., 2017).

miRNA'lar gen ifade düzeyini belirlemede kullanılan yöntemlerden bir tanesidir. Özellikle biyotik ve abiyotik stres koşulları altında, RNA'ya dayalı (RNAi, RNA interference) gen susturma mekanizmalarında görev alan miRNA, küçük RNA gruplarından biridir (Khraiwesh, Zhu ve Zhu, 2012; Xin vd., 2010; Yang, Xue ve An, 2007). HanHSF transkriptlerini hedef alan miRNA gruplarının tespitinde en fazla HanHSF-88 transkriptinin miRNA'lar tarafından hedef alındığı görülmüştür. mir167'nin HSF transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA olduğu belirlenmiştir. mir167 bitkilerde yaygın olarak bulunan, bitki büyüme ve gelişiminin düzenlenmesinde ve bitkinin vejetatif ve üreme organı gelişiminin, çiçeklenme süresinin ve stres tepkisinin düzenlenmesinde rol oynamaktadır. mir167 bitkilerde yüksek oranda korunmuş gen ailelerinden bir tanesidir ve monokotiledonlara nazaran dikotiledonlarda daha fazla bulunmaktadır (Xia Liu, Huang ve Xie, 2021; Zheng vd., 2019). Ayrıca mir167'nin yüksek tuzluluk ve kuraklık gibi abiyotik stres koşullarında indüklendiği bilinmektedir. Bitkilerin zor koşullara direnmek için miR167'nin ifadesini azaltarak enerji birikimlerini arttırdıkları ya da miR167'nin ifadesini arttırarak strese karşı toleransı arttırdıkları bilinmektedir (Khraiwesh vd., 2012; Xia Liu vd., 2021; Phookaew, Netrphan, Sojikul ve Narangajavana, 2014). Yüksek

sıcaklık stresi altında mir167 ifadesinin azalması ile pirinç kök ve sürgün dokularında gen ifadesini düzenlemede rol oynadığı görülmüştür (Sailaja vd., 2014).

Ortolog genler farklı türlerde fonksiyonel olarak benzer özellikleri taşımaktadırlar. *HSF* genlerinin *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve mısır genomlarında yer alan ortolog genleri tahminlenmiş ve türler arası ayrılmanın kaç milyon yıl önce olduğu hesaplanmıştır. Elde edilen sonuçlar doğrultusunda en fazla ortolog gen çifti 25 ile kavakta tespit edilmiştir. Türler arası ayrılmada ise en geç ayrılma 28 MYÖ ile yine kavak ile olmuştur. Ortolog gen çifti en az çıkan tür ise (6 gen) ve en erken ayrılma da 114 MYÖ ile mısır bitkisi ile olmuştur. Ayçiçeği ve çeltik arasında hem en az ortolog gen sayısının hem de ilk ayrımın iki *HSF* genleri arasında olmasının ayçiçeğinin dikotil, çeltiğin ise monokotil yapıya sahip olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

6.1.2 *sHsp* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

sHsp proteinleri, Hsp proteinleri arasında en küçük protein grubudur. Sitoplazma ve çekirdekte bol bulunan sHsp proteinleri, stres anında bir kısmı katlanan ya da denatüre olan substrat proteinlerini bağlayarak, yanlış protein katlanmalarının önüne geçebilirler. Stres durumlarının dışında apoptozis ve farklılaşma gibi hücresel faaliyetlerde görev aldıkları bilinmektedir (W. Sun, van Montagu ve Verbruggen, 2002; W. Wang, Vinocur, Shoseyov ve Altman, 2004; Yer, 2017).

Çalışmamızda ayçiçeği genomunda 72 adet *sHsp* geni tespit edilmiş ve bu genlerin analizleri yapılmıştır. Literatürde var olan geçmiş çalışmalarda kavak ağacında (*Populus trichocarpa*) 60 (Yer, 2017), karpuzda (*Citrullus lanatus*) 39 (Keleş, 2018), salatalıkta (*Cucumis sativus*) 36 (Ünel, 2018), cin darı (*Panicum italicum*) bitkisinde 41 (Singh vd., 2016), ekmeklik buğdayda (*Triticum aestivum*) 27 (S. K. Muthusamy, Dalal, Chinnusamy ve Bansal, 2017), buğdayda (*Triticum aestivum*) 169 (A. Kumar vd., 2020), sorgumda (*Sorghum bicolor*) 51 gen (Nagaraju vd., 2020), üzümde (*Vitis vinifera* x *Vitis labrusca* kültürü) 61 (Ji, Yu, Ni, Zhang ve Guo, 2019), marulda (*Lactuca sativa*) 32 (Kim vd., 2021), çayda (*Camellia sinensis*) 47 (J. Chen vd., 2018),

hünnapda (Ziziphus jujuba) 72 adet (Ceylan, Ceylan, Altunoğlu, ve Baloğlu, 2021) *sHsp* geni tespit edilmiştir.

Literatürde *sHsp* genlerinin belirlenmesinde bazı araştırmacılar çalışmamızda kullandığımız metotlara benzer yöntemler kullanırken (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; A. Kumar vd., 2020; Ünel, 2018; X. Wang vd., 2021; Yer, 2017), bazıları ise farklı yöntemler uygulamışlardır (J. Chen vd., 2018; Ji vd., 2019; T. Kim vd., 2021; Nagaraju vd., 2020; Singh vd., 2016; Zhou vd., 2019).

Çalışmamızda sHsp proteinlerinin 100 ila 511 aa uzunluğunda değiştiği gözlemlenmiştir. Hünnapda 130–518 aa (Ceylan vd., 2021), kavakta 53-539 aa (Yer, 2017), karpuzda 97–509 aa (Keleş, 2018), salatalıkta 133–303 aa (Ünel, 2018), çay bitkisinde 136255 aa (J. Chen vd., 2018), ekmeklik buğdayda 122-550 aa (Zhou vd., 2019), marulda 306–996 aa (T. Kim vd., 2021), cin darısında 147–591 aa (Singh vd., 2016), sorgumda 131-546 aa (Nagaraju vd., 2020), üzümde 136–1521 aa (Ji vd., 2019) arasında değişkenlik gösteren sHsp proteinleri, çalışmamız ile literatür arasında uyum olduğunu göstermektedir. Çalışmamızda sHsp proteinlerinin moleküler ağırlıkları 11312,64 Da (11,31 kDa) ile 57649,57 Da (57,65 kDa) arasında değişiklik gösterirken, literatürde de kavakta 5994,97 Da ile 60644,94 Da, karpuzda 11127,89 Da ile 56238,70 Da, salatalıkta 6,4 kDa ile 56,3 kDa arasında değişim gösteren sonuçlar elde edilmiştir (Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017).

HansHsp proteinlerinin büyük bir çoğunluğunun (%66,7) bazik karaktere sahip olduğu görülmüştür. Hünnapa, kavak ağacına, karpuza, salatalığa, marula, ekmeklik buğdaya, cin darısına, sorguma, buğdaya, üzüme ait sHsp proteinlerinin asidik karakterde olduğu belirlenmiştir (Ceylan vd., 2021; Duan, Liu, Zhang, Li, ve Guo, 2019; Ji vd., 2019; Keleş, 2018; Kim vd., 2021; Nagaraju vd., 2020; Nurten Yer, Cengiz Baloglu, ve Ayan, 2018; Singh vd., 2016; Ünel, 2018; Zhou vd., 2019).

HansHsp genlerinin kromozomlar üzerinde dağılımına bakıldığında ikinci kromozom hariç tüm kromozomlara dağılım gösterdikleri belirlenmiştir. Çalışmamızda olduğu gibi *sHsp* genlerinin bazı kromozomlarda bulunmadığı sonuçları elde edilmiştir. *sHsp* genlerinin salatalıkta 2. kromozom, karpuzda 6. kromozomda, kavakta 7. ve 16.

kromozomda, çeltikte 8., 9. ve 12. kromozomda, hünnapda 11. kromozomda ve üzümde ise 3., 5., 7., 10., 11., 15. ve 17. kromozomda yer almadıkları görülmüştür (Ceylan vd., 2021; W. Hu, Hu, ve Han, 2009; Ji vd., 2019; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017). Bunların dışında cin darısı ve sorgumda ise *sHsp* genleri tüm kromzomlara dağılım göstermiştir (Nagaraju vd., 2020; Singh vd., 2016).

HanHSF genleri de dahil olmak üzere, *HanHsp* genleri arasında en yüksek oranda intron içermeyen grup *HansHsp* genleri olmuştur, 27 adet (%37,5) *sHsp* geninin intron içermediği görülmüştür. *sHsp* genlerinin diğer *Hsp* genlerine nazaran daha fazla sayıda intron içermeyen genlere sahip oldukları diğer çalışmalarda da görülmüştür. Kavakta 60 genin 16'sı (%26,7), salatalıkta 17 genin (%46), karpuzda 16 genin (%43,2), cin darısında 13 (%31,7), çay bitkisinde 12 (%25,5), sorgumda 22 (%46,8), hünnapda 28 (%38,9), üzümde 24 (%50) ve marulda 16 genin (%50) intron içermediği belirlenmiştir. İntronlar, alternatif uçbirleşme (alternative splicing) ile doğal seçilimin etkinliğini arttıran, gen ekspresyonunun düzenlenmesi ve stabilitesinde önemli roller üstlenen hayati bir gen bileşenidir (Deshmukh, Sonah ve Singh, 2016; Duan vd., 2019; Jo ve Choi, 2015). Strese cevapta hızlı bir şekilde aktive edilmesi gereken genlerin azalmış bir intron yoğunluğuna sahip olduğu düşünülmektedir (Deshmukh vd., 2016; Jo ve Choi, 2015). Çalışmamızda ve literatürde elde edilen *sHsp* genlerinin az sayıda intron içermeleri, *sHsp* genlerinin stres koşullarında nasıl hızlı ve güçlü bir şekilde indüklendiğini göstermektedir (J. Chen vd., 2018; Deshmukh vd., 2016).

HansHsp proteinlerine ait motif organizasyonu incelendiğinde tüm proteinlerin en az bir tane de olsa motif içerdikleri görülmüştür. Motif 1 ve 2'nin diğer motiflere nazaran daha sık olarak proteinlerde dağılım gösterdiği görülmüştür. Çay bitkisinde, sorgum, üzüm ve marulda da evrimsel süreçte 10 korunmuş motif taranmışken (J. Chen vd., 2018; Ji vd., 2019; T. Kim vd., 2021; Nagaraju vd., 2020), kavakta 15, salatalık, karpuz ve marulda ise 20 adet motif taraması yapılmıştır (Keleş, 2018; T. Kim vd., 2021; Ünel, 2018; Yer, 2017). HansHsp proteinlerinin korunmuş bölge yapılarının evrimsel ilişkilerini göstermek amacı ile meydana getirilen filogenetik ağaçta proteinlerin üç ana gruba ayrıldığı, Grup I'in üç alt gruba, Grup II ve III'ün ise iki alt gruba ayrıldığı görülmüştür. Filogenetik ağaç sonucu ile korunmuş motif organizasyonu sonucu incelendiğinde filogenetik ağacın aynı dalında bulunan proteinlerin çoğunlukla aynı

ya da benzer motiflere sahip olduğu görülmüştür. Örneğin, filogenetik ağacın **IIIa** kolunda yer alan HansHsp-29, HansHsp-40, HansHsp-45 ve HansHsp-71 proteinlerinin motiflerine bakıldığında dört proteinin de motif 5-1-7-3-2 organizasyonuna sahip olduğu görülmektedir.

sHsp proteinlerinin moleküler fonksiyonunun bağlanma ve katalitik aktivite olduğu görülmüştür. sHsp proteinlerinin kontrolünde önemli bir rolü olan şaperon grubudur (M Haslbeck, Franzmann, Weinfurtner ve Buchner, 2005)ve denatüre olmuş polipeptitlere bağlanarak denatürasyonu engellemektedirler ve stres anında hızlı cevap için aktive edildikleri bilinmektedir (Deshmukh vd., 2016). sHsp proteinleri hücre içerisinde büyük bir çoğunlukla sitoplazmada yer alırken, nükleus ve membranda da yer almaktadırlar. HansHsp proteinleri hücrede, hücresel süreç, uyarıya yanıt, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi, metabolik süreç, biyolojik düzenleme ve biyolojik süreçlerin pozitif düzenlenmesi gibi biyolojik işlevlere sahiptir. sHsp proteinlerinin görevleri, yapısı ve hücre içerisinde dağılımı birbiri ile uyuşmaktadır. Ayrıca literatürde farklı bitkilerin sHsp proteinlerine ait ontoloji analizleri sonuçlarına bakıldığında çalışmamız ile uyumlu oldukları görülmektedir (Ceylan vd., 2021; W. Hu vd., 2009; Keleş, 2018; A. Kumar vd., 2020; Ünel, 2018; X. Wang vd., 2021; Yer, 2017).

HansHsp proteinlerinin etkileşimleri incelendiğinde HansHsp-38 proteininin tüm proteinler içinde en yüksek etkileşim gösteren protein olduğu görülmektedir. HansHsp-69 (14), HansHsp-51 (12) ve HansHsp-54 (11) proteinleri ise protein-protein etkileşimi gösteren diğer proteinlerdir. HanHsp-69 proteini (motif 7) hariç diğer proteinlerin (HansHsp-38, 51, 54) benzer korunmuş motifleri (motif 1-7-2) içerdiği görülmektedir. Protein-protein etkileşimlerinde HansHsp proteinlerinin T-kompleks proteinlerinin alt birimleri olan (A0A251T3X2, TCPH, A0A251SK26, A0A251SQM5, A0A251SMV1, TCPD) protein grupları ile etkileşimi yüksek olduğu belirlenmiştir. T-kompleksi alt üniteleri ile sitozolik bir haloenzimi (Şaperon içeren T-kompleksi-CCT) meydana getirmektedir. Bu enzimin tüm hücresel proteinlerin %15'i ile etkileşime girdiği ve aktin ve tübilinin katlanmasında etkileşiminin yüksek olduğu bilinmektedir (Satish vd., 2010). Bunun yanında protein katlanma görevi olan TCP-1/cpn60 (A0A251U6X2) şaperon protein ailesi ile etkileşim göstermektedir. TCP-

1/cpn60 yani Hsp60 proteinleri, proteinlerin sitoplazmadan mitokondriyel matrikse taşınmasından ve proteinlerin katlanmasından sorumlu olan şaperonlardır (R. S. Gupta, 1995; Itoh vd., 2002). Çalışmamızda protein-protein etkileşim haritası sonuçları ile ontoloji analizlerinin birbiri ile uyumlu olduğu görülmüştür.

HansHsp proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları incelendiğinde β-kırmalı tabaka yapısının proteinlerde daha baskın olduğu görülmüştür. HansHsp proteinlerinin β-kırmalı tabaka yapısında olmaları, proteinlerin hem şaperon fonksiyonu için gerekli olan moleküller arası hidrojen bağlarını kurarak hem de hibrofobik temaslar kurarak oligomerizasyonu ve stabilizasyonu sağlaması için çok önemlidir (Bondino, Valle ve ten Have, 2012; R. S. Gupta, 1995; Martin Haslbeck ve Vierling, 2015; Zhou vd., 2019). Ekmeklik buğdayda (Zhou vd., 2019), üzümde (Ji vd., 2019), sorgumda (Nagaraju vd., 2020) ve *Bursaphelenchus xylophilus* nematodunda (F. Wang, Li, Chen ve Ma, 2016) yapılan sHsp homoloji modellemesi çalışmalarında, proteinlerde β-kırmalı tabaka yapının baskın olduğu görülmüştür. Kavakta (Yer, 2017), karpuzda (Keleş, 2018) ve salatalıkta (Ünel, 2018) ise α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür.

Ayçiçeği genomunda yer alan sHsp transkriptlerini hedef alan miRNA'ların belirlenmesi çalışmalarında miRNA'lar tarafından en çok hedef alınan transkriptlerin HansHsp-05, HansHsp-08, HansHsp-38, HansHsp-40 ve HansHsp-48 olduğu görülmüştür. sHsp transkriptlerini en çok hedef alan miRNA'da miR1858 olarak belirlenmiştir. Literatürde yapılan çalışmalarda miR1858'in ağır metal, yüksek tuzluluk, patojen enfeksiyonu, endojen oksidasyon stresi ve apoptoz gibi çevresel streslere cevap veren genler (Jia vd., 2009) ve meyve olgunlaşması, yanal kök büyümesi gibi hücresel süreçler (D. Xu, Mou, Wang ve Zhou, 2014) ile ilgili oldukları görülmüştür. *sHsp* genlerinin hücresel ve metabolik süreçler, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi ve uyarıya yanıt gibi biyolojik işlevlerde görev aldığı ve miR1858'in de hem strese karşı yanıt veren hem de biyolojik süreçler ile ilgili genleri hedef aldığı sonuçlarını elde etmemiz, birbiri ile uyumludur.

HansHsp genlerinin dizileri *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve mısır genomlarında yer alan ortolog genleri tahminlenmiş ve türler arası ayrılmanın kaç milyon yıl önce olduğu

hesaplanmıştır. En fazla ortolog gen çifti 32 gen çifti ile mısır bitkisinde, en az ortolog gen çifti ise çeltik ile (6 gen) tespit edilmiştir. Türler arası muhtemel ayrılma zamanları analiz edildiğinde sırası ile çeltik ile 143 MYÖ, mısır ile 88 MYÖ, *Arabidopsis* ile 29 MYÖ ve kavak ile 28 MYÖ olarak belirlenmiştir. Kavak ve salatalıkta yapılan sHsp proteinleri çalışmalarında da ilk ayrımın çeltik ile olduğu görülmüştür (Ünel, 2018; Yer, 2017).

6.1.3 *Hsp40* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

J-domaini, α-sarmal yapıda olan ve Hsp40 ailesindeki tüm proteinlerde yer alan ve bu domaine karakterize olan korunmuş bir motiftir. J-domaini dışında Hsp70'in ATPaz aktivitesi için olmaz ise olmaz olan HPD (histidin-prolin-aspartat) ve G/F (glisin/fenilalanin) motifleri de Hsp40 proteinleri için karakteristiktir. Hsp70 proteinleri, J-domaini ile kompleks kurarak proteinlerin katlanmasında rol oynamaktadırlar (Bukau ve Horwich, 1998; Craig, Huang, Aron ve Andrew, 2006; F. U. Hartl, 1996; Laufen vd., 1999).

Hsp40 proteinleri, Hsp70 proteinleri ile çalıştığı için Hsp proteinleri arasında en kalabalık ailelerdendir. Ayçiçeği genomunda 192 adet *HanHsp40* geni saptanmış ve bu genlere ait analizler gerçekleştirilmiştir. Salatalıkta 100 gen, kavakta 145 gen, buğdayda 273 gen, hünnapta 174 gen, mısırda 91 gen, üzümde 64 gen, karpuzda 101 gen ve çeltikte 111 gen ile *Hsp40* genleri tüm Hsp genleri arasında en kalabalık grup olmuştur. Çalışmamızda elde edilen Hsp40 proteinlerinin uzunluğunun 110 aa (HanHsp40-96) ile 2542 aa (HanHsp40-107) olduğu, moleküler ağırlıklarının ise 12111,03 Da (HanHsp40-16) ile 111453,79 Da (HanHsp40-138) arasında değiştiği belirlenmiştir. Hsp40 proteini ile ilgili literatürde elde edilen protein uzunluğu ve moleküler ağırlığı sonuçları sırası ile, kavak ağacında 70 aa-2614 aa, 7764,55 Da–286398,43 Da; salatalıkta 112 aa–2550 aa, 12,1 kDa (12 100 Da)–279,6 kDa (279,600 Da); karpuzda 60 aa–2548 aa, 6586,89 Da–279446,46 Da; hünnapta 91 aa–2577 aa, 10543,58 Da–281791,02 Da; buğdayda 10810,31 Da–281369,90 Da olduğu görülmüştür (Ceylan vd., 2021; Duan vd., 2019; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017).

HanHsp40 proteinlerinin çoğunun (%61,5) bazik karaktere sahip olduğu görülmüştür. Daha önceki çalışmalarda kavak (%59), salatalık (%64), karpuz (%59) ve hünnap (%59,2) Hsp40 proteinlerinin de bazik karaktere sahip olduğu görülmüştür (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017).

HanHsp40 genlerinin kromozomlar üzerine dağılımına bakıldığında bu genlerin tüm kromozomlara dağılım gösterdiği görülmüştür. *Hsp40* genlerinin kavak, karpuz, salatalık ve hünnap bitkilerinde de tüm kromozomlara dağıldıkları saptanmıştır (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017). *Hsp40* genlerinin tüm kromozomlara dağılmasının sebeplerinden birinin genom içerisinde bu domainin çok sayıda gene sahip olmasından kaynaklandığı düşünülmektedir.

HanHsp40 genlerine ait ekzon intron organizasyonu incelendiğinde 52 adet genin (%27,08) intron içermediği görülmektedir. Kavakta 19 genin (%13,10), salatalıkta 16 genin (%16), karpuzda 24 genin (%23,76) ve hünnapta 18 genin (%10,34) intron içermediği görülmektedir (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017). *HanHsp40* genlerinin ekzon-intron organizasyonları değerlendirildiğinde hem kısa ve az sayıda intron içeren genlerin hem de kısa ve sık intron bölgeleri içeren genlerin baskın olduğu ekzon-intron organizasyonları görülmüştür. Buğdayda belirlenen *Hsp40* genlerinin ya intronsuz ya da çok büyük intronlara ve çok kısa ekzonlara sahip olduğu görülmektedir. Bu genlerin psödojen ve genel dizi benzerliğinin eksikliği nedeni ile *Hsp40* genleri ile grup oluşturamamaları nedeni ile olduğu düşünülmektedir (A. Kumar vd., 2020). Hsp40 proteinlerinin filogenetik ağaç analizi sonucunda dört ana gruba ayrıldıkları ve en fazla proteinin IV. grupta olduğu görülmüştür. *HanHsp40* genlerinden intron içeremeyen genlerin büyük bir çoğunluğunun (%72,4) filogenetik ağaçta IV. kolda aynı dalda yer aldıkları belirlenmiştir. HanHsp40 proteinlerinin evrimsel süreç içerisinde korunmuş motifleri incelendiğinde hemen hemen proteinlerin en az bir adet motif içerdiği görülmüştür. Motif dağılımında motif 7-1-2 organizasyonunun birçok HanHsp40 proteinlerinde yer aldığı saptanmıştır. Filogenetik analizler, evrimsel süreç içerisinde korunmuş motifler ile karşılaştırıldığında, benzer motiflere sahip proteinlerin aynı filogenetik kolun, aynı dalında olduğu görülmektedir. Hünnapta 10, kavakta 15, salatalık ve karpuzda ise 20 motif taraması yapılmıştır.

HanHsp40 proteinlerinin moleküler fonksiyonu bağlanma ve katalitik aktivite olarak iki gruba ayrılmıştır. Hsp40, protein katlama, translokasyon ve proteinlerin yeniden katlanması gibi görevlerinin yanında, Hsp70 proteinlerinin fonksiyonlarına yardımcı olan büyük moleküllü şaperonlardır ve sitozol, çekirdek, endoplazmik retikulum, mitokondri gibi hücrenin farklı bölümlerinde bulunabilirler (Bukau ve Horwich, 1998; Craig vd., 2006; Laufen vd., 1999; W. Wang vd., 2004). HanHsp40 proteinlerinin hücre içerisindeki yerleşimleri membran, sitozol, kloroplast, nükleus, organel membranı, endoplazmik retikulum, organel zarı gibi geniş bir alana yayılmıştır. Hücresel süreç, metabolik süreç, uyarıya yanıt, biyolojik düzenleme ve lokalizasyon gibi beş farklı biyolojik işlev HanHsp40 proteinlerinin biyolojik işlevleri olarak saptanmıştır. Hsp40 proteinlerinin genel yapı ve görevleri ile HanHsp40 proteinlerinin gen ontoloji analizleri birbiriyle uyum göstermektedir. Literatürde farklı bitkilerin Hsp40 proteinlerine ait ontoloji analizleri sonuçları incelendiğinde çalışmamız ile paralel sonuçlar elde edilmiştir (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; A. Kumar vd., 2020; Ünel, 2018; Yer, 2017).

Protein-protein etkileşimleri incelendiğinde HanHsp40-101 (51 etkileşim) proteinin tüm proteinler içerisinde en fazla etkileşime sahip olan protein olarak görülmüştür. HanHsp40-101 proteini, evrimsel süreç içerisinde korunmuş motif olarak sadece motif 7 içeren tek proteindir. HanHsp40-16 proteini de en fazla etkileşim (33) gösteren ikinci protein olarak belirlenmiştir. HanHsp40 proteinlerinin en fazla etkileşim gösterdikleri proteinler CRR23 (inorganik karbon taşıma proteini), A0A251S9L6 (FCP1 ve HAD benzeri protein), A0A251SWU7 (iç membran translokaz alt birimi), ATTIM23-2 (iç membran translokaz alt birimi), TIM50 (Haloasit dehalojenaz benzeri hidrolaz (HAD) süper aile proteini), A0A251SEN6 (NAD(P)H-kinon oksidoredüktaz alt birimi), NDF2 (NDH'ye bağlı döngüsel elektron akışı), A0A251RXP3 (oksidoredüktaz) olarak görülmüştür. HanHsp40 proteinlerinin etkileşim kurduğu proteinler ve proteinlerin moleküler fonksiyonları incelendiğinde HanHsp40 proteinlerini hem moleküler fonksiyonunun hem biyolojik işlevlerinin birbiri ile doğru orantılı olduğu görülmüştür.

HanHsp40 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları incelendiğinde α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür. Hsp40 proteinleri J-domaininin, Hsp70 ile temas kurduğu histidin-prolin-aspartik (HPD) motifi içeren bölge α-sarmal yapılardan meydana

gelmektedir (Genevaux vd., 2003; Knox, Luke, Blatch ve Pesce, 2011; Wittung-Stafshede, Guidry, Horne ve Landry, 2003). Bu neden ile Hsp40 proteinleri için α-sarmal yapının baskın olması normal karşılanmaktadır. Hsp40 proteinlerinin üç boyutlu yapılarının incelendiği literatür çalışmalarında da α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Nurten Yer vd., 2018; Ünel, 2018).

HanHsp40 genlerini hedef alan miRNA'ların belirlenmesi çalışmalarında miRNA'lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin HanHsp40-80 olduğu tespit edilmiştir. miR414'ün HanHsp-40 transkriptlerini en çok hedef alan miRNAolduğu belirlenmiştir. miR414'ün, HanHsp40 transkriptleri gibi WRKY, MYB, B3, TCP gibi transkripsiyonel düzenleyicileri de hedef aldığı bilinmektedir. Bu transkripsiyonel düzenleyici faktörlerin bitki büyümesinde, gelişmesinde, fizyolojik ve morfolojik değişimlerde, metabolik süreçlerde ve bitkinin savunma mekanizmasında rol oynamaktadır(Guleria ve Yadav, 2011; Wittung-Stafshede vd., 2003). Bu nedenle miR414'ün, bitkinin büyüme ve gelişmesinde, biyolojik süreçlerde ve uyarıya yanıt oluşturmada rolü aldığı söylenebilir. Kavakta yapılan miRNA analizinde de Hsp40 transkriptlerini en fazla hedef alan miRNA'lardan birinin miR414 olduğu belirlenmiştir.

HanHsp40 genlerinin dizileri, *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve mısır genomlarında yer alan ortolog genleri için tahminlenmiş ve türler arası ayrılmanın kaç milyon yıl önce olduğu hesaplanmıştır. En fazla ortolog gen çifti 29 gen çifti ile kavak ağacında, en az ortolog gen çifti ise 10 gen ile çeltikte tespit edilmiştir. Türler arası ilk ayrım 63 MYÖ ile kavak ağacında olmuştur. Daha sonra sırayla çeltik ile 60 MYÖ, *Arabidopsis* ile 58 MYÖ ve mısır ile 49 MYÖ olarak belirlenmiştir.

6.1.4 *Hsp60* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

Şaperon olarak da tabir edilen Hsp60 proteinleri, proteinlerin katlanmasına ve aktivitelerini düzenlemeye yarayan protein domainidir (Boston, Viitanen ve Vierling, 1996; W. Wang vd., 2004). Hsp60 domaini için şaperonin terimi de kullanılmaktadır ve bu terim ilk defa *E. coli*'de tespit edilen bir şaperon için kullanılmıştır

(Hemmingsen vd., 1988). Hsp60 ailesi mitokondri ve kloroplast gibi organellerde hidrojenozom olarak işlev görmektedir. Hsp70 ve Hsp90 domainleri ile beraber çalışmaktadırlar (Boston vd., 1996; F. U. Hartl, 1996).

Ayçiçeği genomunda 52 adet *Hsp60* geni tespit edilmiştir. Literatürde yapılan çalışmalarda tespi edilen *Hsp60* geni sayısı, cin darısında 24 gen (Singh vd., 2016), buğdayda 95 gen (Duan vd., 2019), salatalıkta 15 gen (X. Chen vd., 2021), marulda 22 gen (T. Kim vd., 2021), çeltikte 20 gen (Guo vd., 2008), patlıcanda 21 gen (Gong vd., 2021) *Arabidopsis'*de 18 gen (Guo vd., 2008), karpuzda 23 gen (Keleş, 2018) ve kavakta 28 gen (J. Zhang vd., 2015) tespit edilmiştir. Ekibimizin yaptığı çalışmalarda ise salatalıkta 28 gen (Ünel, 2018) ve kavakta 49 (Nurten Yer vd., 2018) *Hsp60* geni tespit edilmiştir. Aynı türde farklı sayıda tespit edilen genlerin sayısı, araştırmacıların gen tespitinde kullanmış olduğu metotlar, beklenti değeri ve benzerlik değerlerinde farklı parametreleri kullanmaları nedeni ile farklılık gösterebilmektedir.

Kavak ağacında tanımlanan Hsp60 proteinlerinin amino asit uzunlukları 95–1828 aa (Nurten Yer vd., 2018), salatalıkta 97–1823 aa (Ünel, 2018) ve karpuzda ise 57–1471 aa (Keleş, 2018) olarak tespit edilmiştir. Ayçiçeği genomunda tespit edilen Hsp60 proteinlerinin amino asit uzunlukları ise 97–1649 aa olarak tespit edilmiştir. Çalışmamızda tespit edilen Hsp60 proteinlerine ait moleküler ağırlık, 10406,04 Da–183600,25 Da değişiklik göstermektedir. Literatürde yapılan çalışmalarda ise patlıcanda 11,0 kDa–88,4 kDa (Gong vd., 2021), kavakta 52,0 kDa–67,9 kDa (J. Zhang vd., 2015), marulda 54,27 kDa–79,54 kDa (T. Kim vd., 2021), salatalıkta 55,21 kDa–67,08 kDa (X. Chen vd., 2021), buğdayda 14562,87 Da–205974 Da (Duan vd., 2019), karpuzda 6352,29 Da–195622,62 Da (Keleş, 2018), salatalıkta 10,6 kDa–203,0 kDa (Ünel, 2018) ve kavakta 10260,91 Da–203474,5 Da (Yer, 2017) değerleri tespit edilmiştir. Literatür ile çalışmamızın paralel sonuçlar verdiği görülmektedir.

HanHsp60 proteinlerinin büyük oranda (%79) asidik karakter gösterdiği görülmüştür. Hsp60 proteinlerinin kavak ağacında, salatalıkta, patlıcanda, marulda, buğday ve cin darısında da asidik karakterde olduğu tespit edilmiştir. Genlerin ontoloji analizi incelendiğinde organeller (kloroplast, mitokondri), sitozol ve mebran gibi geniş bir yelpazede yayılış gösterdiği görülmüştür. Tanımlanan HanHsp60 proteinlerinin büyük

çoğunluğunun kararlı yapıda olduğu tespit edilirken, literatür çalışmalarında da Hsp60 proteinlerinin kararlı yapıya sahip oldukları saptanmıştır (Keleş, 2018; T. Kim vd., 2021; Nurten Yer vd., 2018; Singh vd., 2016; Ünel, 2018).

HanHsp60 genlerinin ayçiçeği genomunda 6. ve 7. kromozomlar hariç tüm kromozomlara dağılım gösterdiği tespit edilmiştir. Geçmiş çalışmalarda *Hsp60* genlerinin tüm kromozomlara dağılım gösterdiği çalışmalar mevcut iken (Duan vd., 2019; Keleş, 2018; Ünel, 2018), çalışmamızda olduğu gibi *Hsp60* genlerinin bazı kromozomlara dağılım gösterdiği çalışmalar da mevcuttur (X. Chen vd., 2021; T. Kim vd., 2021; Singh vd., 2016; Yer, 2017; J. Zhang vd., 2015).

HanHsp60 genlerinin ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde *HanHsp60-01, 04, 08, 15, 17, 28, 33, 37* ve *38* genlerinin intron içermedikleri tespit edilmiştir. İntron içeren genlerden birkaçı hariç büyük çoğunluğunun ise çoklu intron bölgesi içerdiği görülmüştür. İntron içermeyen genlerden *HanHsp60-01* ve *HanHsp60-37* genleri filogenetik ağacın **IIb** kolunda bir dalda, diğer intron içermeyen genler ise aynı kolda farklı bir dalda toplanmıştır. İntron içermeyen genlerden *HanHsp60-01* ve *HanHsp60-37* genlerinin motif dizilimleri aynı iken, diğer intron içermeyen genlerin ise hiç motif içermedikleri de görülmüştür. Geçmiş çalışmalarda tespit edilen *Hsp60* genlerinin de çoğunlukla çoklu intron bölgeleri içeren organizasyona sahip oldukları görülmüştür (X. Chen vd., 2021; Gong vd., 2021; T. Kim vd., 2021; Singh vd., 2016; Ünel, 2018; Yer, 2017; J. Zhang vd., 2015). Alternatif birleştirme sürecinde, gen ekspresyonun pozitif düzenlenmesinde, transkripsiyonun başlatma ve sonlandırma işlemlerinde intronların hayati önemi vardır (Fedorova ve Fedorov, 2003; Jo ve Choi, 2015; Rose, 2008; A. S. Wu ve Lindsay, 1996). İntron bölgeleri ile yapılan bir çalışmada, Simian virüsü-40 ile yapılan intronlu ve intronsuz deneyde intronsuz olan grupta protein ürünlerinin azalış gösterdiği görülmüştür (Gruss, Lai vd., 1979). Hsp60 proteinlerinin hücre içi birçok biyolojik süreçte yer almaları, çoklu intron bölgeleri içermesini anlamlı kılmaktadır.

HanHsp60 proteinlerinin evrimsel süreç içerisinde sahip oldukları korunmuş motifler incelendiğinde tüm motiflerin proteinlerde dağılım gösterdiği ve motif 7-1-2-9-3-10-4-8 organizasyonunun proteinlerde baskın olduğu görülmüştür. *Hsp60* genlerine ait

ekzon-intron organizasyonunda intron içermeyen *HanHsp60-01* ve *HanHsp60-37* genlerinin filogenetik ağaçta aynı dalda ve motif 7-1-2-9-3-10-4-8 organizasyonuna sahip oldukları görülmektedir. Hsp60 proteinlerinin korunmuş motif organizasyonu ile filogenetik ağaçtaki dağılımları birbiri ile uyum göstermektedir. Literatürde yapılan çalışmalarda, tanımlanan motif sayısı kavakta 15, salatalık, patlıcan ve marulda 20 olsa bile proteinlerin filogenetik ağaçta bulunduğu konum ve aynı koldaki diğer proteinlerin sahip oldukları motifler benzerlik göstermektedir.

Hsp60 proteinlerinin moleküler fonksiyonunun katalitik aktivite ve bağlanma olduğu görülmüştür. Hsp60 proteinleri, şaperoninler, hem organeller hem diğer Hsp proteinleri ile hem de hücrede yer alan diğer proteinler ile etkileşime girerek fonksiyonlarını gerçekleştirmektedir (Bukau ve Horwich, 1998). Hsp60 proteinleri hücre içerisindeki büyük bir çoğunlukla şaperon içeren T-kompleksinde yer alırken, kloroplast, membran, mitokondri matriksi ve endozom membranında da yer almaktadır. HanHsp60 proteinleri hücresel ve metabolik süreçlerde rol almaktadırlar. Hsp60 proteinlerinin moleküler fonksiyonu, hücre içi dağılımı ve biyolojik işlevlerde aldığı rollere bakıldığında sonuçların birbiri ile uyumlu olduğu görülmüştür. Literatürde farklı bitkilerin Hsp60 proteinlerine ait ontoloji analizleri sonuçları incelendiğinde, Hsp60 proteinlerine ait moleküler fonksiyon, hücre içi dağılım ve biyolojik süreçlerde aldığı görevler bakımından uyumlu oldukları görülmektedir (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017).

HanHsp60 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritaları incelendiğinde HanHsp60-09 (38 etkileşim) proteininin en yüksek etkileşim gösteren protein olduğu görülmektedir. HanHsp60-21 (37), HanHsp60-30 (35), HanHsp60-34 (35) ve HanHsp60-51 (35) proteinleri ise protein-protein etkileşimi gösteren diğer proteinlerdir. HanHsp60 proteinlerinin fosoforilizasyon, fosfatidilinositol ve fosfolipaz ile etkileşimi olan proteinler (PI-4KBETA1, A0A251TIR9, A0A251TQC8, A0A251U4P7, RHD4, SAC1A, ATPLC1, A0A251TUI8, A0A251TDR8, A0A251V3L2, A0A251TWS0, A0A251UMM2, A0A251VMG8, FAB1B) ile yüksek etkileşim gösterdiği görülmektedir. Ayrıca kalsiyum/lipit bağlama fosfataz geni olan (ATPTEN1) ile ilgili protein-protein etkileşimi de görülmüştür. Bu proteinlerin dehidrasyon, yüksek tuzluluk ve düşük sıcaklık gibi çevresel stres şartlarında

ekspresyonunun indüklendiği saptanmıştır (R. Gupta, Ting, Sokolov, Johnson ve Luan, 2002; Hirayama, Ohto, Mizoguchi ve Shinozaki, 1995; Kang, Nielsen, Preuss, Mastronarde ve Staehelin, 2011; Sanchez ve Chua, 2001).

HanHsp60 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları incelendiğinde α-sarmal yapının bu proteinlerde daha baskın olduğu belirlenmiştir. Literatürde yapılan çalışmalarda da Hsp60 proteinlerinde α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017). Şaperoninler üzerine yapılan bir araştırmada, bir proteinin şaperonin ile katlanmasının, kendi kendine katlanmasından otuz kat daha hızlı olduğu görülmüştür. α-sarmal yapının bitişik amino asitler içinde hidrojen bağlarının oluşumu yolu ile katlanmanın erken aşamasında hemen oluşabileceği bilinmektedir (Motojima, 2015). Buradan yola çıkarak HanHsp60 proteinlerinde α-sarmal yapının baskın olmasının normal olduğu anlaşılmaktadır.

HanHsp60 transkriptlerini hedef alan miRNA'ların belirlenmesinde, miRNA'lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin HanHsp60-10 olduğu tespit edilmiştir. HanHsp60 transkriptlerini en çok hedef alan mRNA'nın miR3437 olduğu belirlenmiştir. Literatürde miR3437'nin strese yanıtta hücresel süreçlerde rol aldığını gösteren çalışmalar mevcuttur (Sun vd., 2018; N. Zhang vd., 2014).

HanHsp60 genlerine ait diziler, *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve mısır genomlarında yer alan ortolog genleri tespit etmek için tahminlenmiş ve türler arası ayrılmanın kaç milyon yıl önce olduğu hesaplanmıştır. En fazla ortolog gen çifti 49 gen çifti ile kavak ağacında, en az ortolog gen çifti ise 36 gen ile *Arabidopsis*'te tespit edilmiştir. Türler arası ilk ayrım 147 MYÖ ile mısırda olmuştur. Daha sonra sırası ile çeltik ile 101 MYÖ, kavak ile 47 MYÖ ve *Arabidopsis*te 45 MYÖ türler arası ayrım meydana gelmiştir.

6.1.5 *Hsp70* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

Hsp70 proteinleri, bir N-terminal ATPase alanı ve bir C-terminali peptit bağlanma alanı ile ATP tarafından yönlendirilen moleküler şaperonlardır. Hsp70, DnaJ (Hsp40) tarafından düzenlenen ATPase döngüsü ile düşük afiniteli (ATP'ye bağlı) ve yüksek

afiniteli (ADP'ye bağlı) durumlar arasında geçiş yaptığında, substratlar, tekrarlanan bağlanma ve salıverme döngülerinden geçerken doğal formlarını kazanırlar. Hsp70, protein biyojenezi, stres anında organizmayı koruma, protein yığınlarının oluşumunun önlenmesi, proteinlerin translokasyonuna yardım ve çoklu hücresel işlevleri yerine getiren evrimsel olarak korunmuş bir protein ailesidir. Başlıca hücreyi koruyan moleküler şaperon olan Hsp70, birçok stres faktörüne karşı korumada ve hücresel homeostazın yeniden kurulmasında çok önemli bir rol oynar (Asea, Calderwood ve Kaur, 2016; Bukau ve Horwich, 1998; Laufen vd., 1999; Wittung-Stafshede vd., 2003).

Ayçiçeği genomunda 85 adet *HanHsp70* geni saptanmış ve bu genlere ait analizler gerçekleştirilmiştir. Literatürde yer alan çalışmalarda kavakta 34 gen (Yer, Baloglu, Ziplar, Ayan ve Unver, 2016), salatalıkta 14 gen (Ünel, 2018), karpuzda 12 gen (Keleş, 2018), patateste 25 gen, soya fasulyesinde 61 gen (Ling Zhang vd., 2015), tütünde 61 gen (Z. Song, Pan, Lou, vd., 2019), patlıcanda 30 gen (Gong vd., 2021), çay bitkisinde 18 gen (J. Chen vd., 2018), arpada 17 gen (Chaudhary, Baranwal, Kumar, Sircar ve Chauhan, 2019), cin darısında 27 gen (Singh vd., 2016) ve portakalda 25 (Shafqat vd., 2020) *Hsp70* geni tespit edilmiştir. Çalışmamızda elde edilen HanHsp70 proteinlerinin amino asit uzunlukları 78–1018 aa arasında değişiklik göstermektedir. Hsp70 proteini ile ilgili literatürde elde edilen amino asit uzunluklarının, kavakta 99-972 aa, salatalıkta 130–898 aa, karpuzda 571–898 aa, patateste 486–890 aa, soya fasulyesinde 134–924 aa, tütünde 118–904 aa, patlıcanda 85–914 aa, çay bitkisinde 407–892 aa, arpada 322–894 aa ve cin darısında 424–890 aa olduğu görülmüştür. HanHsp70 proteinlerinin moleküler ağırlığı 13639,34 Da ile 112387,75 Da arasında değişirken, literatürde kavakta 11005,4–111276,3 Da, salatalıkta 14,1-100 kDa, karpuzda 62065,52-100054,81 Da, patateste 53,27-98,96 kDa, soya fasulyesinde 15188-102932 Da, tütünde 12,58-99.88 kDa, patlıcanda 11,5-103,1 kDa, çay bitkisinde 45,45-98,88 kDa ve arpada 5-90 kDa değerleri tespit edilmiştir. İzoelektrik etki değerlerine göre HanHsp70 proteinlerinin büyük bir çoğunluğunun asidik karaktere sahip olduğu görülmüştür. Literatürde Hsp70 proteinleri ile yapılan çalışmalarda da Hsp70 proteinlerinin asidik karakterde olduğu saptanmıştır (Gong vd., 2021; Keleş, 2018; Singh vd., 2016; Sun vd., 2018; R. Tang vd., 2016; Ünel, 2018; Yer vd., 2016; Ling Zhang vd., 2015). HanHsp70 proteinlerine ait kararsızlık indeksi sonuçlarına göre

proteinlerin çoğunlukla kararlı olduğu görülürken, literatürde sadece tütün bitkisine ait Hsp70 proteinlerinin kararsız olduğu görülmüştür. Çalışmamızda elde edilen HanHsp70 proteinlerine ait amino asit uzunluğu, proteinlerin moleküler uzunluğu, izoelektrik etki değerleri ve kararsızlık indeksi sonuçlarının literatür ile uyum içinde olduğu görülmüştür.

HanHsp70 genlerinin kromozomlar üzerine dağılımları incelendiğinde 11. kromozom hariç genlerin tüm kromozomlara yayıldığı görülmüştür. *Hsp70* genlerinin diğer çalışmalarda da tüm kromozomlara dağılım göstermediği görülmüştür (Chaudhary vd., 2019; X. Chen vd., 2021; Keleş, 2018; T. Kim vd., 2021; Rehman vd., 2020; Z. Song, Pan, Lou, vd., 2019; R. Tang vd., 2016; Ünel, 2018; Yer vd., 2016; Ling Zhang vd., 2015).

HanHsp70 genlerine ait ekzon-intron organizasyonu incelendiğinde sadece *HanHsp70-50* geninin intron içermediği, fakat *HanHsp70* genlerinin bir kısmının sadece bir adet intron içerdikleri bazılarının ise çoklu intron bölgeleri içerdikleri görülmüştür. Literatürde Hsp70 proteini ile yapılan çalışmalara ait ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde birçok çalışmada *Hsp70* genlerinin elde ettiğimiz sonuçlara benzer ekzon-intron organizasyonuna sahip oldukları belirlenmiştir. İntronsuz gen sayısı çok az ve genlerin bir kısmının bir intronlu bir kısmının ise çoklu intro bölgelerine sahip genler olduğu gözlenmiştir (Chaudhary vd., 2019; X. Chen vd., 2021; Keleş, 2018; J. Liu vd., 2018; Shafqat vd., 2020; Z. Song, Pan, Lou, vd., 2019; P. Sun vd., 2018; Yer vd., 2016; Ling Zhang vd., 2015). Genler üzerinde yer alan kodlama bölgeleri, amino asit değiştirici bölgeler ve ekzon-intron yapılarındaki değişiklikler genlerin işlevini değiştirirler. İntron ve ekzon yapısındaki farklılıklar, aile genlerinin evriminde büyük role sahiptirler (Gong vd., 2021; J. Zhang vd., 2015). HanHsp70 proteinlerinin filogenetik analizleri sonucunda üç ana gruba ayrıldıkları ve en fazla proteinin ise III. grupta olduğu görülmüştür. III. grupta HanHsp70-08 IIIa kolunu oluştururken diğer 70 protein ise IIIb kolunu meydana getirmektedir. Proteinlerin içerdikleri motifler incelendiğinde filogenetik ağacın motifler ile uyumlu olduğu görülmektedir. Filogenetik ağacın II. kolunda yer alan proteinler incelendiğinde hiç motif içeremeyenlerin bir kolda toplandıkları görülmektedir. HanHsp70 proteinlerinin evrimsel süreç içerisinde korunmuş motifleri incelendiğinde

motif 8-3-7-1-2-5-4-6-9-10 organizasyonunun baskın olduğu görülmektedir. Daha önceki çalışmalarda da proteinlere ait korunmuş motif analizleri yapılmış olup, çay, tütün, patateste 10 motif, pamukta 12 motif, kavak ve soya fasulyesinde 15 motif, patlıcan ve marulda ise 20 motif taraması yapılmıştır (J. Chen vd., 2018; Gong vd., 2021; T. Kim vd., 2021; J. Liu vd., 2018; Rehman vd., 2020; Z. Song, Pan, Lou, vd., 2019; Yer vd., 2016; Ling Zhang vd., 2015).

HanHsp70 proteinlerinin moleküler fonksiyonu, büyük bir çoğunluğu bağlanma olmak üzere, protein katlama şaperonu ve katalitik aktivite olarak üzere üç gruba ayrılmaktadır. Proteinlerin hücre içi dağılımları incelendiğinde ise membranda, nükleusda, endoplazmik retikulum şaperon kompleksinde, sitozolde, kloroplastta ve endoplazmik retikulum lümeninde yer aldıkları görülmektedir. Hücresel süreç, uyarıya yanıt, metabolik süreç, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi, sinyalizasyon ve biyolojik düzenleme gibi farklı biyolojik işlevlere sahiptir. Hsp70 proteinleri proteinlerin translokasyonuna yardım eden, çoklu hücresel işlevlerde, protein biyogenezinde, stres anında organizmayı korumada ve proteinlerin kümeleşmesinin önüne geçilmesinde rol oynayan proteinlerdir (Asea vd., 2016; Bukau ve Horwich, 1998; Laufen vd., 1999; Wittung-Stafshede vd., 2003). Hsp70 proteinlerinin hücresel lokalizasyonu çoğunlukla sitozol, endolplazmik retikulum, plastidler, mitokondri ve hücre altı bölmelerdir (glioksizomlar ve protein gövdeleri). Ayrıca endoplazmik retikulum lümeninde protein katlama işlevlerinde rol oynayan Hsp70 proteinleri de mevcuttur (Asea vd., 2016). Hem literatürde hem de Hsp70 proteinleri ile ilgili bilinen genel bilgiler sonucu, çalışmamızda elde edilen sonuçların literatür ile uyum içerisinde olduğu görülmüştür.

Protein-protein etkileşimleri incelendiğinde HanHsp70-56 proteininin (25 etkileşim) en fazla etkileşime sahip olan protein olduğu görülmüştür. HanHsp70 proteinlerinin en fazla etkileşim gösterdiği proteinler, protein kinaz ailesine ait sikline-bağımlı kinaz E1 (CDKE1), RNA polimeraz II transkripsiyonun alt birimlerine aracı olan MED4, MED6, MED8, MED9, MED10, MED17, MED20, MED21, MED32 proteinleri, helikaz ailesine ait ATP'ye bağımlı DNA helikaz RECQL2, küçük RNA parçalayıcı nükleaz 1 (SDN1) proteinleri olmuştur. HanHsp70 proteinlerinin moleküler

fonksiyonları, hücresel dağılımları ve biyolojik işlevleri ile protein-protein etkileşim haritası sonuçlarının birbiri ile uyumlu olduğu görülmektedir.

HanHsp70 proteinlerine ait tahmini üç boyutlu yapılar incelendiğinde α-sarmal yapının baskın olduğu belirlenmiştir. Hsp70 proteinlerinin yapıları incelendiğinde içerdikleri nükleotid bağlama bölgelerinin (NBB; NBD:Nucleotide-binding domain) ağırlıklı olarak α-sarmal yapılardan meydana geldiği görülmüştür (Asea vd., 2016). Literatürde yapılan çalışmalarda da kavakta, karpuzda, hünnapta ve salatalıkta elde edilen Hsp70 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapılarında α-sarmal yapının baskın olduğu saptanmıştır (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer vd., 2016). Elde ettiğimiz sonuçların hem Hsp70 proteinlerinin yapısal özellikleri ile hem de literatür çalışmaları ile uyumlu olduğu görülmektedir.

HanHsp70 transkriptlerini hedef alan miRNA'ların belirlenmesi çalışmalarında miRNA'lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin HanHsp70-48 olduğu görülmüştür. HanHsp-40 transkriptlerini en çok hedef alan miRNA ise miR397 olarak belirlenmiştir. Geçmişte yapılan birçok çalışmada miR397'nin stres ve biyolojik düzenleme ile alakalı olduğu saptanmıştır (Huang vd., 2020). *Arabidopsis*'te yapılan bir çalışmada abiyotik stres düzenleyici ve post-embriyojenik rolleri olduğu belirlenmiştir (Dong ve Pei, 2014; Huang vd., 2020). Ayrıca çiçeklenme (Feng vd., 2020), çiçek, tohum ve meyve gelişiminde (Burklew, Xie, Ashlock ve Zhang, 2014) görev aldığı da gözlenmiştir.

HanHsp70 genlerinin, *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve mısır genomlarında yer alan tahmini ortolog genleri belirlenmiş ve türler arası ayrılmanın kaç milyon yıl önce olduğu hesaplanmıştır. En fazla ortolog gen çifti 58 gen çifti ile *Arabidopsis*'te, en az ortolog gen çifti ise 37 gen ile mısırda tespit edilmiştir. Türler arası benzerlik incelendiğinde ise kavak ağacı en yüksek değere sahip tür olmuştur. Türler arası ilk ayrım 193 MYÖ ile çeltikte olurken, en son ayrım ise 65 MYÖ ile kavak ağacı ile olmuştur.

6.1.6 *Hsp90* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

Hsp90 proteinleri organizmaların çoğunda bulunur ve proteinlerin yapımında, stabilizasyonunda, olgunlaşmasında ve aktivasyonunda rol alarak hücre homeostazına büyük katkı sağlar (Asea vd., 2016). Hsp90 proteinleri sitozol içerisinde en bol bulunan ve çeşitli stres faktörlerine karşı kalmodulin, aktin, tübülin, kinazlar, reseptör proteinleri ve şaperon grupları ile etkileşime girerek hücrenin savunma mekanizmasında rol alan proteinlerdir (Asea vd., 2016; Park ve Seo, 2015).

Çalışmamızda ayçiçeği genomuna ait 49 adet *HanHsp90* geni tespit edilmiştir. Geçmiş çalışmalarda, karpuzda 6 gen (Keleş, 2018), salatalıkta 7 gen (Ünel, 2018), kavakta 12 gen (Yer, 2017), hünnapta6 gen (Ceylan vd., 2021), çay bitkisinde 7 gen (J. Chen vd., 2018), arpada 9 gen (Chaudhary vd., 2019), cin darısında 9 gen (Singh vd., 2016), marulda 7 gen (T. Kim vd., 2021), tütünde 21 gen (Z. Song, Pan, Yang, vd., 2019), patlıcanda 17 gen (Gong vd., 2021), nohutta 5 gen, lotusta 5 gen, yonca bitkisinde 5 gen, fasulyede 6 gen, güvercin bezelye bitkisinde 7 gen (G. Agarwal vd., 2016) ve buğdayda 18 gen (A. Kumar vd., 2020) belirlenmiştir. Bir organizmaya ait *Hsp* genleri içerisinde çoğunlukla en az sayıda üyesi olan grubun Hsp90 olduğu tespit edilmiştir.

Karpuz genomunda tanımlanan Hsp90 proteinlerinin amino asit uzunluklarının 699–811 aa uzunluğunda değişirken (Keleş, 2018), salatalıkta 221–817 aa (Ünel, 2018), kavakta 151–823 aa (Yer, 2017), hünnapta 699–817 aa (Ceylan vd., 2021), çay bitkisinde 643–823 aa (J. Chen vd., 2018), arpada 540–814 aa (Chaudhary vd., 2019), cin darısında 414–817 aa (Singh vd., 2016), marulda 698–819 aa (T. Kim vd., 2021), tütünde 197–838 aa (Z. Song, Pan, Yang, vd., 2019), patlıcanda 137–782 aa (Gong vd., 2021), nohutta 673–815 aa, lotusta 648–797 aa, yonca bitkisinde 689–818 aa, fasulyede 698–817 aa ve güvercin bezelyesinde 699–809 aa (G. Agarwal vd., 2016) uzunluğunda değişim gösterdikleri tespit edilmiştir. Çalışmamızda elde edilen HanHsp90 proteinlerinin uzunluğunun 193–1393 aa arasında değiştiği belirlenmiştir.

Hsp90 proteinlerine ait moleküler ağırlık karpuzda 80042,19-92837,39 Da, kavakta 17540,71-94046,84 Da, hünnapta 54518,34-93579,12 Da, tütünde 21871,64-95717,25 Da, salatalıkta 25–93 kDa, çay bitkisinde 73,68-94,32 kDa, arpada 63-91,7 kDa,

marulda 79,80-94,17 kDa, nohutta 77,39–93,62 kDa ve fasulyede 80,05-93,84 kDa olarak tespit edilmiştir. HanHsp90 proteinlerinin moleküler ağırlığının ise 22014,01–160451,02 Da arasında değiştiği görülmüştür.

HanHsp90 proteinlerinin izoelektrik etki değerlerine göre büyük bir çoğunluğun asidik karaktere sahip olduğu belirlenmiştir. Literatürde yapılan çalışmalarda da Hsp90 proteinlerinin asidik karakterde olduğu tespit edilmiştir (Agarwal vd., 2016; Ceylan vd., 2021; Chaudhary vd., 2019; J. Chen vd., 2018; Gong vd., 2021; Keleş, 2018; Kim vd., 2021; Singh vd., 2016; Z. Song, Pan, Yang vd., 2019; Ünel, 2018; Yer, 2017). Kararsızlık indeksi değerlerine göre ise 49 proteinden 34 proteinin kararsız özellik gösterdiği tespit edilirken, literatürde cin darısı ve marul Hsp90 proteinlerinin kararsız özellik gösterdiği gözlenmiştir. Karpuz, salatalık ve kavak Hsp90 proteinlerinin kararlı özellik gösterdiği, hünnap Hsp90 proteinlerinin ise %50 kararlı, %50 kararsız özellikte olduğu tespit edilmiştir.

Hsp90 proteinleri diğer Hsp domainleri ile kıyaslandığında birçok organizma için en az üyeye sahip olan domaindir. Literatürde ve bu çalışmada da en az gen sayısı Hsp90 ailesinde saptanmıştır. Genlerin kromozomlara dağılımı incelendiğinde ise bu çalışmada ve geçmiş çalışmalarda tüm kromozomlara dağılım olmadığı görülmüştür.

HanHsp90 genlerine ait ekzon-intron organizasyonu incelendiğinde dokuz genin intron içermediği bazı genlerin tek intron bölgesi bazı genlerin ise çoklu intron bölgeleri içerdiği görülmektedir. Literatürde karpuza ait *Hsp90* genlerinin tamamının intronsuz olduğu görülürken (Keleş, 2018), patlıcanda elde edilen sonuçlarda bir genin intronsuz, bir genin tek intronlu, diğerlerinin ise çoklu intron bölgeleri içerdiği tespit edilmiştir (Gong vd., 2021). Tütünden, maruldan, portakaldan, arpadan, hünnaptan, kavaktan ve salatalıktan elde edilen *Hsp90* genlerinin ise iki-üç adet ve çoklu intron bölgeleri içeren genlerden oluştukları görülmektedir (Ceylan vd., 2021; Chaudhary vd., 2019; Kim vd., 2021; Shafqat vd., 2020; Z. Song, Pan, Yang vd., 2019; Ünel, 2018; Yer, 2017). İntron bölgeleri hücre için birçok hayati önemi olan alternatif birleşme süreci, gen ekspresyonunun pozitif düzenlenmesi, transkripsiyonun düzenlenmesi gibi olaylarda önemli rollere sahiptir (Jo ve Choi, 2015; Rose, 2008). Hsp90 proteinleri, Hsp60 ve Hsp70 proteinleri gibi şaperon grubundadırlar ve hücre

içinde birçok proteinin katlanmasına yardımcı olan proteinlerdir (Asea vd., 2016). Ekzon-intron organizasyonları incelendiğinde, *HanHsp60*, *HanHsp70* ve *HanHsp90* genlerinin benzer organizasyona sahip oldukları görülmüştür.

HanHsp90 proteinlerine ait evrimsel süreç içerisinde korunmuş motifler incelendiğinde tüm motiflerin proteinlerde dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Proteinlere ait filogenetik ağacın üç gruba ve her grubun ise iki kola ayrıldığı görülmektedir. Benzer motiflere sahip olan proteinlerin veya motifi olmayan proteinlerin filogenetik ağaçta aynı koldayer aldıkları görülmüş, sonuçta filogenetik ağaç ile korunmuş motif dağılımlarının birbiri ile uyumlu oldukları tespit edilmiştir. Geçmiş çalışmalarda bu grup proteinler için tütün, çay, hünnapta 10, kavakta 15, patlıcan ve marulda 20, nohut, lotus, yonca, fasulye ve güvercin bezelyesinde 25 motif taraması yapılmıştır ve korunmuş motif analizleri ile filogenetik ağaçlarının uyum gösterdikleri de belirtilmiştir (G. Agarwal vd., 2016; Ceylan vd., 2021; J. Chen vd., 2018; Gong vd., 2021; T. Kim vd., 2021; Z. Song, Pan, Yang, vd., 2019; Yer, 2017).

HanHsp90 proteinlerine ait gen ontoloji analizi sonuçlarına göre, proteinlerin moleküler fonksiyonu büyük çoğunlukla bağlanma olmak üzere, katalitik aktivite ve yapısal molekül aktivitesi olarak üç gruba ayrılmaktadır. Proteinlerin, hücre içi dağılımları, sitoplazmanın perinükleer bölümü, sitozol, mitokondriyal büyük ribozomal alt birimi, kloroplast zarı, plazma membranı, stroma, golgi membranı, nükleus, vakuol membranı, hücre duvarı ve endoplazmik retikulum olmak üzere en geniş hücresel dağılıma sahip Hsp proteini olduğu belirlenmiştir. Hücresel süreç, metabolik süreç, uyarıya yanıt, biyolojik düzenleme, lokalizasyon, çok hücreli organizma süreci ve gelişim süreci gibi farklı biyolojik işlevlere sahiptirler. Hsp90 proteinleri, ökaryotik sitoplazmada yaygın bir şekilde bulunan ve ATP tarafından düzenlenen dimerik yapıya sahip şaperonlardır (Prodromou vd., 1997; Z. Song, Pan, Yang, vd., 2019). *Arabidopsiste* yapılan Hsp90 ile ilgili çalışmalarda sitoplazma, kloroplast, mitokondri, endoplazmik retikulum ve nükleusta yer aldığı da raporlanmıştır (Krishna ve Gloor, 2001). HanHsp90 proteinlerinin de sitoplazmada yoğun şekilde bulundukları, organeller ve nükleusda yerleşim gösterdikleri tespit edilmiştir. Hsp90 proteinlerinin kinaz substratının yapısının oluşumunda, DNA onarım ve substrat aktivasyonunda, stres sinyalizasyonunda, proteinlerin

kümeleşmesinin önlenmesinde ve proteinlerin yeniden katlanmasında rol aldığı bilinmektedir (Jackson, Queitsch ve Toft, 2004; Lachowiec, Lemus, Borenstein ve Queitsch, 2015; Pearl ve Prodromou, 2006; Picard, 2002; Prodromou vd., 1997; Z. Song, Pan, Yang, vd., 2019). HanHsp90 proteinlerinin hücresel ve metabolik süreç içerisine dahil olduğu, uyarılara yanıt ve biyolojik düzenlemelerde rol aldığı belirlenmiştir. Çalışmamız sonucu elde edilen verilerin, literatür ile uyumlu olduğu görülmektedir.

HanHsp90 proteinlerine ait protein-protein etkileşim haritaları incelendiğinde HanHsp90-26 proteininin (57 etkileşim) en fazla etkileşime sahip olan protein olduğu görülmüştür. HanHsp90 proteinlerinin en fazla etkileşim gösterdiği proteinler, ribozomal proteinler ve bu proteinlerin fonksiyonlarını etkileyen alt birimler olduğu belirlenmiştir. HanHsp90 proteinlerine ait gen ontoloji analizlerinde elde edilen moleküler fonksiyon ve biyolojik işlevler sonuçları ile protein-protein etkileşim haritası sonuçlarının birbiri ile paralel oldukları görülmüştür.

Tahmini üç boyutlu yapılar incelendiğinde, HanHsp90 gibi şaperon grubunda olan Hsp60 ve Hsp70 proteinlerinde baskın olan, α -sarmal yapının HanHsp90 proteinlerinde de baskın olduğu görülmüştür. Hsp90 proteinlerinin yapıları incelendiğinde N-ucunda protein kinaz ve steroid hormon reseptör alıcıları ile ilişki kuran bölgenin α-sarmal yapıda olduğu görülmüştür (Stebbins vd., 1997; Whitesell, Mimnaugh, de Costa, Myers ve Neckers, 1994). Maya ve insan N-ucu alanlarının yapısal analizlerinde, sıkı bir bobin içerisinde bir dizi kısa α-sarmal yapı yardımı ile C-ucunda küçük bir αβα alanı meydana getirdiği görülmüştür (Pearl ve Prodromou, 2006; W. Xu vd., 2001). Literatürde Hsp90 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapılarında da α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür (Ceylan vd., 2021; Keleş, 2018; Ünel, 2018; Yer, 2017). HanHsp90 proteinlerine ait tahmini üç boyutlu yapı analiz sonuçlarımız hem literatür çalışmaları hem de Hsp90 proteinlerinin yapısal özellikleri ile uyum göstermektedir.

HanHsp90 transkriptlerini hedef alan miRNA'ların analizi sonucunda, HanHsp90-28 transkriptinin miRNA'lar tarafından en fazla hedeflendiği görülmüştür. mtr-mir2630 (a-y)'un HanHsp90 transkriptlerini en çok hedefleyen miRNA olduğu saptanmıştır.

Turpta (*Raphanus sativus* L.) yapılan çalışmada miR2630'un kök gelişimi ve meyve olgunlaşması gibi hücresel ve gelişim süreçlerinde ve biyotik ve abiyotik stres koşullarına yanıt mekanizmasında rol aldığı tespit edilmiştir (L. Xu vd., 2013). Ayrıca börülce (*Vigna unguiculata* L.) ile yapılan bir çalışmada kullanılan yedi miR2630 geninin hücresel ve metabolik süreçlerde görev aldığı görülürken (Z. Gul, Younas, Barozai ve Din, 2017), mısırda yapılan çalışmada ise miR2630'un protein kinaz metabolizması ile ilgili olduğu saptanmıştır (Yousuf, Shabir ve Hakeem, 2021; Zhao vd., 2013).

HanHsp90 genleri, *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve mısır genomlarında yer alan ortolog genleri belirlemek amacı ile tahminlenmiş ve türler arası ayrılmanın kaç milyon yıl önce olduğu hesaplanmıştır. En fazla ortolog gen çifti 28 gen çifti ile *Arabidopsis'*te gerçekleşmiştir. Daha sonra sırası ile çeltikte 27 gen çifti, kavakta26 gen çifti ve mısırda ise 19 gen çifti tespit edilmiştir. Türler arası ilk ayrım 229 MYÖ ile mısırda gerçekleşirken, son ayrım ise kavak ağacında 101 MYÖ olarak hesaplanmıştır. Çeltik ile ayrım 212 MYÖ iken *Arabidopsis* ile de 135 MYÖ olarak tespit edilmiştir.

6.1.7 *Hsp100* Genleri ve Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri

Hsp100 geniş fonksiyonel özelliklere sahip ATPazların AAA süper ailesine ait hekzamerik halkaları olan protein grubudur (M. Agarwal vd., 2001). Hsp100 ilk olarak düzenleyici ATPaz/şaperonlar (ClpA ve ClpX gibi) ve proteolitik (ClpP) alt birimlerinden oluşan iki alt birimli bakteriyel Clp proteaz sisteminin bileşenleri olarak tanımlanmıştır. Hsp100 proteinleri iki nükleotid bağlanma alanı ve bir nükleotid bağlanma alanı olmak üzere iki ana sınıfa ayrılmaktadır (Keeler vd., 2000). Hsp100 proteinlerinin sıcaklık stresine karşı organizmayı koruduğu rapor edilmiş olup (Glover ve Lindquist, 1998), yüksek sıcaklık stresinde sitozol ve kloroplastta ekspresyonunun arttığı tespit edilmiştir (Z. Adam vd., 2001). Protein kümelenmesi ve yanlış katlanmanın önlenmesi, yanlış katlanan, denatüre olan veya kümeleşen proteinlerin uzaklaştırılması, Hsp70 ile yanlış katlanan proteinlerin yeniden katlanmasının sağlanması, yüksek sıcaklık, düşük sıcaklık, dehidrasyon, yüksek tuz gibi abiyotik stres koşullarına karşı organizmayı koruması Hsp100 proteinlerinin görevlerindendir (Z. Adam vd., 2001; Zach Adam ve Clarke, 2002; Keeler vd., 2000).

Çalışmamızda HanHsp40 proteinlerinden sonra, en kalabalık grup olarak HanHsp100 ailesi belirlenmiştir. 148 adet *HanHsp100* geni tespit edilmiş olup bu genlere ait analizler gerçekleştirilmiştir. Literatürde yapılan çalışmalarda kavakta 90 gen (Yer, 2017), salatalıkta 17 gen ((Ünel, 2018), karpuzda 102 gen(Keleş, 2018) , hünnapta 162 gen (Ceylan vd., 2021), çeltikte 10 gen (W. Hu vd., 2009), marulda 8 gen (T. Kim vd., 2021), arpada 8 gen (Chaudhary vd., 2019), cin darısında 20 gen (Singh vd., 2016), domateste 6 gen (S. Gul vd., 2021), patlıcanda 10 gen (Gong vd., 2021) ve buğdayda 84 gen (A. Kumar vd., 2020) tespit edilmiştir. HanHsp100 proteinlerinin amino asit uzunlukları, 87–1604 aa arasında değişiklik göstermektedir. Hsp100 proteinlerinin amino asit uzunluklarının literatürde ise kavakta 69–5410 aa, salatalıkta 195–988 aa, hünnap meyvesinde 74–5420 aa, marulda 894–981 aa, arpada 886–1044 aa, cin darısında 506–1054 aa, domateste 91–980 aa ve patlıcanda 315–979 aa olduğu tespit edilmiştir. HanHsp100 proteinlerinin moleküler ağırlıkları 9967,55 Da-177497,06 Da arasında değişirken, literatürde kavakta 99338,31-103236,75 Da, hünnapta 22144,62-209074,34 Da, salatalıkta 21–110 kDa, marulda 99,32–110,25 kDa, arpada 97,1–116,2 kDa, cin darısında 56,54–110,55 kDa, domateste 101,13–110,4 kDa ve patlıcanda 36,1–110,2 kDa değerleri tespit edilmiştir. HanHsp100 proteinlerine ait izoelektrik etki değerlerine göre proteinlerin büyük çoğunluğunun asidik karaktere sahip oldukları tespit edilmiştir. Kavak, salatalık, karpuz, hünnap, marul, arpa, cin darısı, domates ve patlıcanda tespit edilen Hsp100 proteinlerinin de büyük çoğunluğunun asidik karaktere sahip proteinler olduğu görülmüştür. Çalışmamızda HanHsp100 proteinlerine ait kararsızlık indeksi sonuçlarına göre proteinlerin çoğunlukla kararsız oldukları tespit edilmiştir. Literatürde karpuz, hünnap ve cin darısı Hsp100 proteinlerinin çoğunlukla kararsız oldukları tespit edilirken, kavak ve salatalık Hsp100 proteinlerinin çoğunlukla kararlı oldukları tespit edilmiştir. Marulda ise dört genin kararlı, dört genin ise kararsız özellik gösterdikleri görülmüştür.

HanHsp100 genlerinin sayıca kalabalık olmalarından dolayı tüm kromozomlara dağılım gösterdikleri gözlemlenmiştir. Kavak, salatalık, hünnap, karpuz ve buğday *Hsp100* genlerinin de tüm kromozomlara dağılım gösterdiği tespit edilirken, çeltik, marul, cin darısı, arpa, domates ve patlıcan da kromozomların bir kısmına dağılım gözlemlenmiştir (Ceylan vd., 2021; Chaudhary vd., 2019; Gong vd., 2021; S. Gul vd.,

2021; W. Hu vd., 2009; Keleş, 2018; Kim vd., 2021; A. Kumar vd., 2020; Singh vd., 2016; Ünel, 2018; Yer, 2017).

HanHsp100 genlerine ait ekzon-intron organizasyonu incelendiğinde on dört genin intron içermediği, bir kısmının sadece bir adet intron içerdikleri büyük çoğunluğunun ise çoklu intron bölgeleri içerdikleri görülmüştür. Literatürde karpuz *Hsp100* genlerinin büyük bir çoğunluğu intronsuz olarak tespit edilirken (Keleş, 2018), kavak, salatalık, hünnap, marul, arpa, cin darısı, domates, patlıcan ve buğdayda genlerin büyük bir çoğunluğunun çalışmamızda olduğu gibi çok sayıda intron bölgeleri içerdiği belirlenmiştir (Ceylan vd., 2021; Chaudhary vd., 2019; Gong vd., 2021; S. Gul vd., 2021; Kim vd., 2021; A. Kumar vd., 2020; Singh vd., 2016; Ünel, 2018; Yer, 2017). İntron bölgelerinin transkripsiyonun düzenlenmesinde hayati rollere sahip olduğu bilinmektedir (Jo ve Choi, 2015).

Evrimsel süreç içerisinde HanHsp100 proteinlerine ait korunmuş motifler incelendiğinde tüm motiflerin proteinlerde dağılım gösterdiği belirlenmiştir. Filogenetik ağaç ile korunmuş motifler birbiri ile kıyaslandığında benzer motiflere sahip proteinlerin, aynı filogenetik grupta yer aldıkları görülmektedir. HanHsp100 proteinlerinin filogenetik ağaç analizleri sonucunda dört gruba ayrıldığı görülmektedir. Filogenetik ağacın IV. grubunda motif 9-1-10-4-2-7 organizasyonuna sahip proteinlerin yoğunlukta oldukları belirlenmiştir. Literatür çalışmalarında hünnapta 10, domateste 13, kavakta 15, patlıcan, karpuz ve marulda 20, arpada 30 adet motif taraması yapılmıştır (Ceylan vd., 2021; Chaudhary vd., 2019; Gong vd., 2021; S. Gul vd., 2021; Keleş, 2018; Kim vd., 2021; Yer, 2017).

Hsp100 proteinlerinin moleküler fonksiyonunun çoğunlukla bağlanma, katalitik aktivite ve ATPaz olduğu görülmüştür. Hsp100 proteinleri ATPazların AAA süper ailesine üyedir, tek ve iki nükleotid bağlanma bölgelerine sahiptir (M. Agarwal vd., 2001; Keeler vd., 2000). Proteinlerin hücre içi dağılımları incelendiğinde ise membranda, nükleusta, tilakoidde, hücre içi organel bölümünde, sitozolde, mitokondri, proteozom düzenleyici baz alt kompleksi ve hücre içi zarla çevrili olmayan organellerde yer aldıkları görülmektedir. Hücresel süreç, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi, lokalizasyon, biyolojik süreçlerin düzenlenmesi ve pozitif

düzenlenmesi, uyarıya yanıt, metabolik süreç ve biyolojik süreç gibi farklı biyolojik işlevlere sahiptir. Hsp100 proteinleri proteolitik alt birimlerden meydana gelmektedir (Zach Adam ve Clarke, 2002), abiyotik faktörlere karşı organizmanın savunulmasında, proteinlerin yanlış katlanmasının engellenmesi ve yanlış katlanan proteinlerin yeniden katlanması gibi metabolik süreçlerde rol almaktadır (Keeler vd., 2000). Yüksek sıcaklık stresine maruz bırakılan *Arabidopsis* bitkisinde, sitozol ve kloroplastta Hsp100 ekspresyonun artarak, bitkiyi korumada görev aldıkları da raporlanmıştır (Z. Adam vd., 2001). Çalışmamızda elde ettiğimiz sonuçlarda da *HanHsp100* genlerinin strese yanıt mekanizmasında önemli bir rolü olduğu, tilakoid ve sitoplazmada dağılım gösterdikleri tespit edilmiştir.

Hsp100 proteinlerinin protein-protein etkileşim haritaları incelendiğinde HanHsp100-150 (105 etkileşim) proteininin en fazla etkileşim gösteren protein olduğu görülmüştür. Hsp100 proteinin etkileşim gösterdiği proteinler ise hücre döngüsü düzenlenmesinde, mitokondriyel enzimlerde, hücre iskeleti etkileşimlerinde ve sinyal aktarımında rol oynayan ankirin proteinleri (A0A251S4F2, A0A251RP16) (Becerra, Jahrmann, Puigdomènech ve Vicient, 2004) ile proteozom ve alt birimleri ile ilgili olan proteinlerle (PAG1, PSA3, A0A251U139, A0A251UJB3, PAE1, PAF1) ve ATPaz ailesine ait proteinler ile etkileşim gösterdiği belirlenmiştir. HanHsp100 proteinlerinin gen ontoloji analizi sonucunda tespit edilen moleküler fonksiyonu ve biyolojik işlevleri ile protein-protein etkileşim haritası sonuçlarının birbiri ile uyum gösterdikleri görülmüştür.

HanHsp100 proteinlerinin tahmini üç boyutlu yapıları incelendiğinde α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür. Hsp100 yapısında yer alan M domaini sarmal-bobin benzeri heptadlardan oluşmaktadır (Asea vd., 2016). Dairesel dikroizm (circular dichroism) spectroskopisi yöntemi ile alınan ölçüm değerlerine göre Hsp100 proteinlerinde α-sarmal yapının baskın olduğu belirlenmiştir (Cagliari vd., 2011) Literatür çalışmalarına göre Hsp100 proteininin üç boyutlu yapıları incelendiğinde kavak, salatalık, hünnap ve karpuzda da sonuçlarımız ile uyumlu olarak α-sarmal yapının baskın olduğu görülmüştür.

HanHsp100 transkriptlerini hedef alan miRNA'ların belirlenmesi çalışmalarında miRNA'lar tarafından en çok hedeflenen transkriptin HanHsp100-122 olduğu tespit edilmiştir. HanHsp-100 transkriptlerini en çok hedef alanın ise miR396 olduğu belirlenmiştir. Korunmuş miRNA'lardan biri olan miR396 ile *Medicago truncatula* bitikisinde yapılan çalışmalarda bitki kök gelişimini ve bitki büyüme faktörlerini olumlu yönde etkilediği raporlanmıştır (Bazin vd., 2013). *Arabidopsis'*te yapılan çalışmada miR396'nın büyüme faktörlerini düzenlediği belirlenmiştir (Mecchia, Debernardi, Rodriguez, Schommer ve Palatnik, 2013). *Arabidopsis'*te yapılan başka bir çalışmada miR396'nın, hücre döngüsü ile hücrelerin gelişim süreçleri arasında bir bağlantı mekanizması olduğu öne sürülmektedir (Rodriguez vd., 2010).

HanHsp100 genleri *Arabidopsis*, çeltik, kavak ve mısır genomlarında yer alan ortolog genleri tahminlenmiş ve türler arası ayrılmanın kaç milyon yıl önce olduğu hesaplanmıştır. En fazla ortolog gen çifti 51 gen çifti ile kavak ağacında, en az ortolog gen çifti ise 29 gen ile mısırda tespit edilmiştir. Türler arası muhtemel ayrılma zamanları analiz edildiğinde sırası ile mısır ile 70 MYÖ, çeltik ile 59 MYÖ, *Arabidopsis* ile 27 MYÖ ve kavak ile 23 MYÖ olarak belirlenmiştir.

6.2 HanHSF ve HanHsp Ailelerine Ait Genlerin Yüksek Sıcaklık, Kuraklık ve Yüksek Sıcaklık-Kuraklık Kombine Stres Koşullarında İfade Seviyelerinin Belirlenmesi

Ayçiçeği bitkisi, Saray ve Turay çeşitlerinde yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşulları altında yarım saat, birinci ve ikinci saatlerde gen ifadesi belirlenmesi çalışmaları yapılmıştır. *HanHSF-45* geni ifadesi sonuçlarına göre her iki çeşitte de yüksek sıcaklık stresi koşullarında gen ifadesinin tüm saatlerde artış gösterdiği tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında her iki çeşit için, yarım saat ve birinci saatlerde gen ifade seviyelerinde artış görülürken ikinci saatte gen ifadesinde azalma tespit edilmiştir. *HanHSF-45* geni için hem yüksek sıcaklık hem de yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında her iki çeşit için de benzer gen ifade göstermesi, bu genin potansiyel markör gen olma ihtimalini göstermektedir. *HanHSF-45* genine ait transkriptom verileri incelendiğinde Saray çeşidine ait gen ifade analizinde olduğu gibi stres uygulamasının ilerleyen süresinde

gen ifadesinin artış gösterdiği görülmüştür. *A. thaliana* bitkisinde yapılan çalışmalarda çeşitli abiyotik stres koşullarında *HanHSF-45* geninin ortologu olan *AT2G26150* (*AtHSF2A*) geninin ifadesinin anlamlı bir şekilde artış gösterdiği tespit edilmiştir (Vanderauwera vd., 2005). *AT2G26150* ile yapılan farklı bir çalışmada kontrole göre genin ifadesinin birinci saatte 31 kat artış gösterdiği, iki buçuk saatlik örneklerde ise kontrole göre 5 kat artış göstererek, birinci saatte artışın daha yüksek olduğu belirlenmiştir (K.-F. Lin, Tsai, Lu, Wu ve Yeh, 2018). HSF proteinleri şaperon görevi görerek stres koşulları altında hücrede meydana gelmesi olası hasarların engellenmesi açısından hayati öneme sahiptirler. Bu bakımdan diğer Hsp proteinlerinin ifadelerinin düzenlemek de dahil bitki savunmasının önemli bir elemanıdırlar (Scharf vd., 2012). Stres koşullarına ilk cevap mekanizması üyelerinden olan HSF proteinlerinin stresin ilk anlarında yüksek seviyede ifade edildikleri bilinmektedir (K.-F. Lin vd., 2018). *HanHSF-45* geninin ortologu olan *AT2G26150* (*AtHSF2A*) ile yapılan çalışmalarda ve bu çalışmada strese karşı elde edilen sonuçlar birbiri ile uyum göstermektedir.

HanHSF-59 Turay çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında kontrole göre birinci saatte gen ifadesinde artış görülürken, ilk yarım saatte kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir azalma görülmüştür. Turay çeşidinin yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında hem ilk yarım saat hem de birinci saatlerde gen ifadelerinde artış tespit edilmiştir. Gen ifade analizleri ile *HanHSF-59* genine ait transkriptom verileri karşılaştırıldığında, yaprak ve kök dokusunda kuraklık stresi koşullarında, yaprak dokusunda tuz ve kuraklık stresi koşullarında genin ifadesinde azalma görülmüş olup, gen ifade çalışmalarına ait kuraklık stresi sonuçları ile uyum göstermektedir. *HanHSF-59* geninin ortologu olan *AT3G50360* geninin transformasyonu ile elde edilen transgenik *Arabidopsis* bitkisinde ABA uygulaması ve kuraklık stresi koşullarında hem gen ifadesinin hem de bitkinin hayatta kalmasında oynadığı rolün analiz edildiği çalışmada, her iki stres koşulunda bu genin ifadesinin anlamlı bir şekilde artış gösterdiği ve üç hafta susuz bırakılan bitkiler tekrar sulandığında, kontrol grubu ile kıyaslandığında *AT3G50360* genine sahip bitkilerin uzun süren kuraklık stresi koşullarına karşı direnç gösterdiği ve yaşamlarına devam ettikleri görülmüştür (X. Wu vd., 2017).

HansHsp-18 geni Turay çeşidi, yüksek sıcaklık stresi koşullarında kontrole göre tüm saatlerde gen ifadeleri anlamlı artış göstermiştir. Saray çeşidinde, kuraklık stresi koşullarında kontrole göre ilk yarım saat ve ikinci saatlerde anlamlı bir gen ifadesi azalışı tespit edilirken, Turay çeşidinde birinci saatte anlamlı bir gen ifadesi artışı tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde sadece ikinci saatte anlamlı bir gen ifadesi artışı gözlemlenirken, Turay çeşidinde ise ilk yarım saatte yüksek artış gösteren gen ifadesi, ilerleyen saatlerde gen ifadesi kontrole göre hala yüksek iken ilk yarım saatlik gen ifadesine göre azalma eğilimi göstermiştir. Yaprak dokusunda PEG-6000 uygulamasına ait transkriptom analizlerinde kontrol grubuna göre ilk verilerde azalış gösterirken, gen ifadesinin stres koşulları devam ettikçe arttığı görülmüştür. Gen ifade analizlerinde Turay çeşidinde anlamlı gen ifadesi artışı birinci saatte tespit edilmiştir. *HansHsp-18* geninin ortoloğu olan ve çeltikte tespit edilen *LOC_Os02g52150* geninin, transgenik hatlarda 45°C sıcaklıkta yetiştirilen bitkilerde gen ifadesinin artış gösterdiği ve bitki savunma mekanizmasında diğer proteinlerin düzenlemesinde rol oynadığı tespit edilmiştir (Xue-Huan Liu vd., 2020). Bir başka ortolog *AT1G59860* (*AtHSP17.6A-Cl*) geninin mikroçip analizinde, üç haftalık *Arabidopsis* türlerinin 30 dakika boyunca 37°C tutulması sonucu, *AT1G59860* geni ifadesinin 8 kat artış gösterdiği tespit edilmiştir (Ikeda, Mitsuda ve Ohme-Takagi, 2011).

Saray çeşidinde, yüksek sıcaklık stresi koşullarında *HansHsp-58* geninin kontrole göre ilk yarım saatte gen ifadesinin artış gösterdiği, birinci saatte ise ilk yarım saate göre gen ifadesinde azalama olduğu ve ikinci saatte ise en yüksek gen ifadesine ulaştığı görülmüştür. Turay çeşidinde ise tüm saatler gen ifadesi kontrole göre artış gösterirken en yüksek gen ifadesi artışı birinci saatte meydana gelmiştir. Her iki çeşit için *HansHsp-58* geni ifadesinin yüksek sıcaklık stresi koşullarında artış göstermesi genin potansiyel markör gen olma ihtimalini göstermektedir. Kuraklık stresinde Saray çeşidinde gen ifadesinde anlamlı bir azalma görülürken, Turay çeşidinde ise birinci saatte anlamlı bir artış, ikinci saatte ise anlamlı bir azalma meydan gelmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında kontrole göre Saray çeşidinde gen ifadesinde bir azalma görülürken, Turay çeşidinde gen ifadesinde artış zamanla yükselişini devam ettirmiştir. Transkriptom verileri ile qPZR gen ifadesi sonuçları karşılaştırıldığında stres koşullarına karşı ifade artışının zamanla artış gösterdiği ve

birbiri ile uyumlu oldukları tespit edilmiştir. *HansHsp-58* geninin ortologları olan ve *Arabidopsis'te* tespit edilen *AT5G37670, AT5G59720* ve *AT1G52560* genleri ile yapılan çalışmada, sıcaklık stresi koşullarında, gen ifadelerinin hem mikroçip yönteminde hem de gerçek zamanlı PZR yönteminde artış gösterdiği tespit edilmiştir (Ikeda vd., 2011). Soya fasulyesinde (*Glycine max*) iki farklı çeşit yapılan çalışmada, bitkilere uygulanan 38°C'lik sıcaklık stresi koşullarında *HansHsp-58* geninin ortologları olan *Glyma.04G054400* ve *Glyma.07G200200* genlerinin ifadesinin her iki çeşitde artış gösterdiği belirlenmiştir (K. Song, Yim ve Lee, 2017).

HanHsp40-147 geni ifadesi Saray çeşidinde yüksek sıcaklık stresi koşullarında, ilk yarım saatte anlamlı bir şekilde artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre tüm saatlerde gen ifadesinde artış gözlemlenirken en yüksek gen ifadesi artışı birinci saatte tespit edilmiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise her iki çeşit için kontrole göre tüm saatlerde gen ifadesinde bir azalma meydana gelmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşulları altında Saray çeşidinde gen ifadesi kontrole göre artış gösterirken en yüksek gen ifadesi artışı ilk yarım saatlik örneklerde tespit edilmiştir. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde gen ifadesindeki artış gözlemlenmiş olup, en yüksek gen ifadesi artışı birinci saatte tespit edilmiştir. Kuraklık stresine ait transkriptom verileri ile gen ifadesi çalışmaları kıyaslandığında yaprak dokusuna ait gen ifadesinin her iki durumda da kontrol grubuna göre azalış gösterdiği belirlenmiştir. *HanHsp40-147* üç haftalık *Arabidopsis* bitkilerine 37°C stres uygulanan çalışmada, *HanHsp40-147* geninin ortologu olan *AT3G13310* geni ifadesinin artış gösterdiği tespit edilmiştir (Ikeda vd., 2011). *Arabidopsis* bitkisinde yapılan başka bir çalışmada ise *HanHsp40-147* geninin ortoloğu olan ve stres koşullarında ifadesi arttığı tespit edilen soya fasulyesi geni *Glyma.11G077400* (*GsJ11*), *Arabidopsis*'e transforme edilerek, bitkilere $NaHCO_3$ stresi uygulanmıştır. Transgenik *Arabidopsis* hattının bitkinin yaşamını devam ettirmesinde önemli bir rol oynadığı tespit edilmiştir (Xuewei Song vd., 2017).

HanHsp40-186 geni için Saray çeşidi, yüksek sıcaklık stresi koşullarında, gen ifadesi sadece ilk yarım saatte anlamlı bir şekilde artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre tüm saatlerde gen ifadesinde artış gözlemlenirken en yüksek gen ifadesi artışı ikinci saatte tespit edilmiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise Saray çeşidinde gen

ifadesinde bir azalma meydana gelirken, Turay çeşidinde ise birinci ve ikinci saatlerde anlamlı bir gen ifadesi artışı tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım saatte gen ifadesinde artış gözlemlenirken, gen ifadesindeki artış kontrole göre yüksek olsa da ikinci saatte gen ifadesi azalmıştır. Turay çeşidinde ise kontrole göre gen ifadesi tüm saatlerde artış göstermiştir. Kuraklık stresine ait transkriptom verileri ile Saray çeşidine ait kuraklık stresi gen ifadesi sonuçlarının kontrol grubuna göre azalış gösterdiği tespit edilmiştir. Tuz stresine ait transkriptom verilerinde de stres koşullarının zaman ile devam etmesi ile gen ifadesinin azaldığı görülmüştür. Literatürde yer alan ve *HanHsp40-180* geninin ortologu olan genler (*AT5G01390.4* ve *AT2G20560*) ile ilgili yapılan çalışmalarda da uygulanan abiyotik stresler karşısında gen ifadelerinin artış gösterdiği tespit edilmiştir (Ikeda vd., 2011; Pu vd., 2019).

Yüksek sıcaklık stresi koşullarında *HanHsp60-22* geninin Saray çeşidinde anlamlı gen ifadesinde azalma görülürken, Turay çeşidinde tüm saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir artış görülmüştür. En yüksek gen ifadesi artışı ise birinci saatte tespit edilmiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise kontrole göre ilk yarım saatte anlamlı bir gen ifadesi görülürken, birinci saatte gen ifadesinde büyük azalma tespit edilmiştir. Turay çeşidinde ise ilk yarım saat gen ifadesinde azalma görülmesine karşın, birinci ve ikinci saatlerde gen ifadesi yükseliş göstermiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ise Saray çeşidinde tüm saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir azalma meydan gelirken, Turay çeşidinde ise ilk yarım saat ve birinci saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir artış meydana gelmiştir. Kuraklık ve tuz stresi transkriptom verileri incelendiğinde *HanHsp60-22* gen ifadesinin azalış gösterdiği görülmüştür. qPZR gen ifadesi çalışmalarında ise Saray çeşidinde yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine streslerinde azalış görülürken, kuraklık stresinde transkriptom verilerine nazaran gen ifadesinde artış meydana gelmiştir. Literatürde yer alan ve *HanHsp60-22* geninin ortologu olan *LOC_Os06g02380* geni ile ilgili yapılan çalışmada elde edilen sonuçlar ile çalışmamız uyum göstermektedir (C. Han, He, Li ve Yang, 2014).

HanHsp70-08 geni için Saray çeşidi, yüksek sıcaklık stresi koşullarında kontrole göre ilk yarım saat ve birinci saatte gen ifadesi anlamlı bir şekilde azalırken, Turay çeşidinde gen ifadesi kontrole göre birinci ve ikinci saatlerde anlamlı bir şekilde artış

göstermiştir. Kuraklık stresi koşullarında, Saray çeşidinde tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesi azalırken, Turay çeşidinde birinci ve ikinci saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir artış meydana gelmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ise Saray çeşidinde tüm saatlerde anlamlı bir şekilde azalırken, Turay çeşidinde ise tüm saatlerde anlamlı bir artış meydana gelmiştir. En yüksek gen ifadesi artışı ise ikinci saatte görülmüştür. Transkriptom verileri incelendiğinde, tuz ve kuraklık uygulaması yapılan ve farklı saatlerde toplanan yaprak örneklerine ait *HanHsp70-08* gen ifadeleri, Turay çeşidine ait qPZR gen ifadesi sonuçlarında olduğu gibi zaman ile artış göstermiştir. Soya fasulyesinde yapılan bir çalışmada *HanHsp70-08* geninin ortologu olan *Glyma.11G140500* geninin sıcaklık stresi uygulaması sonrası gen ifadesi çalışmamızda olduğu gibi anlamlı bir şekilde azalmıştır (C. Han vd., 2014).

HanHsp70-29 geninin ifadesi yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresleri koşullarında her iki çeşitte ve tüm saatlerde kontrol grubuna göre anlamlı bir artış göstermiştir. Elde edilen bu sonuç, *HanHsp70-29* geninin hem yüksek sıcaklık hem de yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında markör gen olabileceğini göstermektedir. Kuraklık stresi koşullarında Saray çeşidinde ilk yarım saatte gen ifadesi kontrole göre azalırken, birinci saatte kontrole göre gen ifadesi artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesi anlamlı bir şekilde artış göstermiştir. PEG-6000 uygulaması yapılan yaprak örneklerine, tuz ve kuraklık stresine maruz kalan ve farklı saatlerde toplanan yaprak örneklerine ait transkriptom verileri incendiğinde, *HanHsp70-29* geninin ifadelerinde artış görülmüştür. Yüksek sıcaklık, kuraklık, yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarına ait qPZR sonuçlarının da transkriptom verileri ile uyumlu olarak artış gösterdiği görülmüştür. *HanHsp70-29* genine ait qPZR verileri *HanHsp70-29* geninin ortologu olan *At4g24280* geninin yüksek ışık stresinde ifadesinde yaşanan değişimler çalışmamız ile uyum göstermektedir (Giacomelli, Rudella ve van Wijk, 2006). *HanHsp70-29* geninin tahmini moleküler fonksiyonları incelendiğinde genin 2-alkenal redüktaz enzimi aktivitesinde rol aldığı görülmüştür. Bu enzim özellikle stres koşullarında reaktif karbon gruplarının α,β-doymamış bağlarını indirger ve kataliz ederek bitkinin savunmasında işlev görmektedir (Mano vd., 2005). *HanHsp70-29* geninin tahmini moleküler fonksiyonu sonuçlarına bakıldığındaise biyokimyasal

yolak çalışmalarında genin aktivitesinin incelenmesinin yol gösterici olabileceği düşünülmektedir.

HanHsp90-33 gen ifade profili incelendiğinde, yüksek sıcaklık stresi koşullarında Saray çeşidinde tüm saatlerde gen ifadesi kontrole göre anlamlı bir şekilde artış gösterirken, Turay çeşidinde ise ilk yarım ve ikinci saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir artış tespit edilmiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise Saray çeşidinde ilk yarım saat ve ikinci saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir azalma görülürken, Turay çeşidinde ilk yarım saatte kontrole göre anlamlı bir azalış görülmüş, birinci ve ikinci saatlerde ise anlamlı bir gen ifadesi artışı tespit edilmiştir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında ise Saray çeşidinde ilk yarım ve ikinci saatlerde gen ifadesinde anlamlı bir azalma görülmüştür. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde kontrole göre gen ifadesi anlamlı bir şekilde artış göstermiştir. *HanHsp90-33* genine ait özellikle stres uygulamalarına ait transkriptom verileri ile qPZR sonuçları karşılaştırıldığında her ikisininde artış gösterdikleri ve birbirleri ile uyumlu oldukları sonucuna varılmıştır. Çeltik bitkisinde yapılan çalışmada, kuraklık stresi koşulları altında yetiştirilen çeltik bitkilerinde *HanHsp90-33* geninin ortologu olan *LOC_Os09g30412* geninin ifadesinin Turay çeşidinde elde ettiğimiz sonuçlar gibi arttığı da gözlemlenmiştir (Nguyen, Moon ve Jung, 2013).

HanHsp100-93 geni için yüksek sıcaklık stresi koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım saat gen ifadesi anlamlı bir artış gösterirken, birinci saatte ise gen ifadesi kontrole göre azalış göstermiştir. Turay çeşidinde ise birinci ve ikinci saatlerde gen ifadesi anlamlı bir artış göstermiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise her iki çeşitde tüm saatlerde gen ifadesi anlamlı bir azalış göstermiştir. *HanHsp100-93* geni kuraklık stresi koşullarında tüm saatlerde kontrole göre anlamlı bir azalış göstererek potansiyel markör gen olabileceği sonucuna ulaşılmıştır. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde ilk yarım ve birinci saatlerde kontrole göre gen ifadesinde anlamlı bir azalış görülürken, ikinci saatte kontrole göre gen ifadesi artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise kontrole göre sadece birinci saatte anlamlı bir gen ifadesi tespit edilirken, ilk yarım saat ve ikinci saatlerde kontrole göre gen ifadesinde azalma görülmüştür. *HanHsp100-93* geni için PEG-6000 uygulanmış kök dokusu, tuz ve kuraklık stresine maruz bırakılan ve farklı saatlerde toplanan yaprak örneklerine ait

transkriptom verilerinde gen ifadesinde artış görülürken, yüksek sıcaklık ve kuraklık stres koşullarına maruz bırakılan Turay çeşidine ait qPZR sonuçlarında da artış görülmüştür. Literatürde *HanHsp100-93* geninin ortologları ile yapılan çalışmalarda *LOC_Os06g12370.1* çeltik geninin yüksek sıcaklık stresi koşullarında gen ifadesinin arttığı gözlemlenmiştir. Bir diğer çalışmada ise *Arabidopsiste* yapılan çalışmada kuraklık stres koşullarında *AT2G30950.1* geninin ifadesinin arttığı görülmüştür (Khodadadi vd., 2017). Çalışmamızda elde edilen sonuçlar *LOC_Os06g12370.1* genine ait sonuçlar ile uyumlu iken, *AT2G30950.1* genine ait sonuçlar ile örtüşmemektedir.

HanHsp100-130 geni için yüksek sıcaklık stresi koşullarında Saray çeşidinde kontrole göre ilk yarım ve birinci saatlerde gen ifadesi anlamlı bir azalış gösterirken, Turay çeşidinde ise ilk yarım saatte gen ifadesi azalırken, birinci ve ikinci saatlerde gen ifadesi anlamlı bir artış göstermiştir. Kuraklık stresi koşullarında ise her iki çeşitde tüm saatlerde gen ifadesi anlamlı bir azalış göstermiştir. Elde edilen bu sonuç, *HanHsp100-130* geninin kuraklık stres koşullarında potansiyel markör gen olabileceğini göstermektedir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında Saray çeşidinde tüm saatlerde anlamlı gen ifadesi değişimi görülürken, ilk yarım ve ikinci saatlerde gen ifadesi kontrole göre azalmış, birinci saatte ise gen ifadesi yüksek bir artış göstermiştir. Turay çeşidinde ise tüm saatlerde gen ifadesinde artış meydana gelirken, ilk yarım saatte kontrole göre en yüksek gen ifadesi artışı tespit edilmiştir. Birinci ve ikinci saatlerde ise ilk yarım saate göre gen ifadesinde azalma meydana gelmiştir. PEG-6000 uygulaması yapılan yaprak örneklerine, tuz ve kuraklık stresine maruz kalan ve farklı saatlerde toplanan yaprak örneklerine ait transkriptom verileri incenlendiğinde, *HanHsp100-130* geni ifadelerinde artış görülmektedir. Yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarına ait qPZR sonuçlarının da transkriptom verileri ile uyumlu olarak zamanla artış gösterdiği belirlenmiştir. Literatürde *HanHsp100-130* geninin ortologu olan *At2G27600* geni ile yapılan çalışmada, bu genin bitkinin ağır metal stresi koşullarında bitkinin hayatının idame ettirebilmesi için önemli roller üstlendiği belirtilmiştir (Craciun, 2006).

Gen ifadelerinin değişimleri incelendiğinde genellikle ilk yarım saat ve birinci saatlerde artışın olduğu görülmektedir. Stres uygulaması yapılan karpuz ve kavak

ağacı yaprak örneklerinin incelendiğiçalışmalarda, Hsp proteinlerinin gen ifadesininilk örneklemelerde artış gösterdiği görülmüştür. Karpuzda ifadesi artan genlerin 30. dakika ve 1. saat örneklerine ait olduğu, kavakta ise 14 günlük örneklerde gen ifadesinin 28 günlük örneklere göre daha yüksek olduğu tespit edilmiştir (Keleş, 2018; Yer, 2017). Hsp proteinleri stres faktörlerine karşı öncü proteinlerdir, strese maruz kalan bitkilerde *Hsp* genleri ifadelerinin ilk andan itibaren artış göstermesi beklenmektedir. Bu yönü ile çalışmamız literatür ile uyum göstermektedir.

Saray ve Turay çeşitlerinin gen ifadeleri kıyaslandığında, yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stresleri koşullarında, Turay çeşidine ait genlerin ifadelerinin daha fazla artış gösterdiği tespit edilmiştir. Duyarlı çeşitlerin stres koşullarında gen ifadelerinin artış gösterdiği literatürde de tespit edilmiştir. Su stresine duyarlı ve hassas iki çeşit şeker pancarında yapılan çalışmada hassas çeşitte gen ifadesinin daha fazla artış gösterdiği tespit edilmiştir (Rodrigues, de Laia ve Zingaretti, 2009). Diğer bir çalışmada ise kuraklık stresi uygulanan duyarlı ve hassas muz çeşitlerinde bir çok gen grubunda hassas çeşitte gen ifadesinin daha fazla arttığı ve daha fazla azaldığı tespit edilmiştir. Hassas çeşitlerde gen ifadesinin daha fazla değişiklik göstermesi bu bitkilerde stresin etkilerini hafifletmek için ya da stresten kaçınma mekanizmasının yetersiz olmasından kaynaklı olduğu düşünülmektedir (M. Muthusamy, Uma, Backiyarani, Saraswathi ve Chandrasekar, 2016).

7. SONUÇ VE ÖNERİLER

Araştırmacılar tarafından yayınlanan raporlar doğrultusunda, çoğunluğu insanların doğaya vermiş oldukları zararlardan oluşan birçok küresel problem önümüzdeki yıllarda insanoğlunun karşısına çıkacaktır. Bu problemlerden bir tanesi olan küresel ısınma ve beraberinde getirmiş olduğu problemler, özellikle gıda olarak kullanılan bitkilerin yetiştirilmesi ve sürdürebilirliğinin devam etmesi açısından büyük bir tehdit oluşturmaktadır. Bitkilerin gelişimini olumsuz yönde etkileyen abiyotik stres faktörlerinin artması nedeni ile, araştırmacılar bitkilerin verimini geliştirmek adına birçok strateji belirlemeye çalışmaktadır. Isı şoku proteinleri abiyotik stres koşullarına karşı bitkinin yaşamsal faaliyetlerinin devamını sağlamaktadırlar.

Çalışmamızın biyoinformatik analizleri bölümünde ayçiçek genomunda bulunan ısı şoku faktörleri ve proteinleri belirlenmiştir. 88 adet *HSF* geni, 72 adet *sHsp* geni, 192 adet *Hsp40* geni, 52 adet *Hsp60* geni, 85 adet *Hsp70* geni, 49 adet *Hsp90* geni ve 148 adet *Hsp100* geni yapılan analizler sonucunda ayçiçeği genomunda tanımlanmıştır. Genlerin kromozomal dağılımda 13. ve 14. kromozomlarda yüksek dağılım gösterdiği görülmüştür. HSF ve Hsp proteinlerine ait motif analizi ve gen organizasyonunun filogenetik ağaç ile uyumlu olduğu görülmüştür. Proteinlerin tahmini üç boyutlu analizinde α-sarmal yapının baskın olduğu belirlenmiştir. Gen ontoloji analizlerinde çoğunlukla moleküler fonksiyonunun bağlanma, biyolojik işlevlerde hücresel ve metabolik süreçlerde görev aldıkları ve hücre içerisinde sitozol ve organellerde dağılım gösterdikleri görülmüştür. Yapılan analiz sonucunda genomdaki *HSF* ve *Hsp* genlerinin en fazla kavak ağacı ile ortolog gen çiftlerine sahip oldukları berlirlenmiştir. Ayçiçeği genomunda yer alan bu genlerin özellikleri, karakterizasyonu ve evrimsel süreçleri incelenmiş olup, karşılaştırmalı genomik çalışmalar için kaynak olarak kullanılabilecektir.

Çalışmamızın moleküler genetik kısmında ise açık veri tabanlarından elde edilen okumalar kullanılarak, ayçiçeği genomunda yer alan *HSF* ve *Hsp* genlerine ait gen ifadelerini gösteren ısı haritaları oluşturulmuş ve bu verilerden yararlanılarak *HanHSF* ve *HanHsp* genleri seçilmiştir. Belirlenen genlerin yüksek sıcaklık, kuraklık ve yüksek

sıcaklık-kuraklık kombine stres koşulları altında gen ifadeleri, Saray ve Turay çeşitleri olmak üzere iki farklı çeşit için qPZR yöntemi ile belirlenmiştir. En yüksek gen ifadesi artışı, 22 kat artış ile yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarına maruz bırakılan *HansHsp-18* geninde meydana gelmiştir. Saray ve Turay çeşitlerinde *HanHSF-45* genine ait ifadenin yüksek sıcaklık ve yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında, *HanHsp90-33* geninde ise yüksek sıcaklık stresi koşullarında ve *HanHSF-59* ve *HanHsp40-186* genlerinin de yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında gen ifadelerinin artış gösterdiği tespit edilmiştir. *HanHsp70-08* geni ifadesinin Turay çeşitinde tüm stres koşulları ve saatlerde artış eğilimi gösterdiği tespit edilmiştir. Her iki çeşit için de *HanHsp70-29* geni ifadesinin hem kuraklık hem yüksek sıcaklık-kuraklık kombine stres koşullarında anlamlı ve yüksek ifade edilmesi, *HanHsp100-93* ve *HanHsp100-130* gen ifadelerinin kuraklık stresi koşullarında anlamlı ve düşük ifade edilmesi nedeni ile bu genlerin markör gen adayları olabilecekleri düşünülmektedir. Bu genler için ileri fonksiyonel analizler yapılarak, stres koşullarına karşı oluşturdukları direnç mekanizmaları açığa kavuşturulabilir ve olumsuz koşullara karşı dayanıklı bitkilerin yetiştirilmesi için referans olabilirler.

Çalışmamız değerli bir tarım bitkisi olan ayçiçeğinde yer alan ısı şoku faktörleri ve proteinlerinin yapısı, organizasyonu, evrimi ve gen ifade analizlerinin anlaşılması bakımından önemli olup, bitki stres mekanizmalarının anlaşılmasında omiks yaklaşımlarının kullanılması açısından önem arz etmektedir.

KAYNAKLAR

Abiodun, O. A. (2017). The role of oilseed crops in human diet and industrial use. *Oilseed Crops* içinde (ss. 249–263). Chichester, UK: John Wiley & Sons, Ltd. doi:10.1002/9781119048800.ch14

Adam, Z., Adamska, I., Nakabayashi, K., Ostersetzer, O., Haussuhl, K., Manuell, A., … Clarke, A. K. (2001). Chloroplast and Mitochondrial Proteases in Arabidopsis. A Proposed Nomenclature. *Plant Physiology*, *125*(4), 1912–1918. doi:10.1104/PP.125.4.1912

Adam, Zach ve Clarke, A. K. (2002). Cutting edge of chloroplast proteolysis. *Trends in Plant Science*, *7*(10), 451–456. doi:10.1016/S1360-1385(02)02326-9

Afshar, S. K. (2019). *Bazı Tohum Uygulamalarının Ayçiçeğinde (Helianthus annuus L.) Tohum Kalitesi ve Bitki Gelişimine Etkisi Üzerinde Araştırmalar*. (Yayımlanmamış yüsek lisans tezi). Ege Üniversitesi, İzmir.

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

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. doi:10.1379/1466-1268(2001)006<0219:ATHPKA>2.0.CO;2

Ahmad, P. (2009). Growth and antioxidant responses in mustard (Brassica juncea L.) plants subjected to combined effect of gibberellic acid and salinity. *http://dx.doi.org/10.1080/03650340903164231*, *56*(5), 575–588. doi:10.1080/03650340903164231

Åkerfelt, M., Trouillet, D., Mezger, V. ve Sistonen, L. (2007). Heat shock factors at a crossroad between stress and development. *Annals of the New York Academy of Sciences*, *1113*, 15–27. doi:10.1196/annals.1391.005

Alberio, C., Izquierdo, N. G. ve Aguirrezábal, L. A. N. (2015). Sunflower Crop Physiology and Agronomy. *Sunflower: Chemistry, Production, Processing, and Utilization* içinde (ss. 53–91). AOCS Press. doi:10.1016/B978-1-893997-94-3.50009-X

Alscher, R. G., Erturk, N. ve Heath, L. S. (2002). Role of superoxide dismutases (SODs) in controlling oxidative stress in plants. *Journal of Experimental Botany*, *53*(372), 1331–1341. doi:10.1093/JEXBOT/53.372.1331

Anonim. (2018, Nisan). 2018 Yılı Ayçiçeği Raporu. Ankara. 25 Haziran 2022 tarihinde https://ticaret.gov.tr/data/5d41e59913b87639ac9e02e8/4c17a258a718e4971bfa702f6c03fed3.pdf adresinden erişildi.

Asea, A. A. A. ve Kaur, P. (Ed.). (2018). *Heat Shock Proteins and Stress* (C. 15). Cham: Springer International Publishing. doi:10.1007/978-3-319-90725-3

Asea, A., Calderwood, S. K. ve Kaur, P. (2016). *Heat Shock Proteins and Plants*. (A. A. A. C. S. K. K. P. Asea, Ed.) (C. 10). Cham: Springer International Publishing AG.

Ashburner, M. ve Bonner, J. J. (1979). The induction of gene activity in drosophila by heat shock. *Cell*, *17*(2), 241–254. doi:10.1016/0092-8674(79)90150-8

Aydın, O., Ünaldı, Ü. E., Duman, N., Çiçek, İ. ve Türkoğlu, N. (2017). Türkiye'de su kıtlığının mekânsal ölçekte değerlendirilmesi. *Türk Coğrafya Dergisi*, (68), 11–18. doi:10.17211/TCD.314754

Badawi, G. H., Yamauchi, Y., Shimada, E., Sasaki, R., Kawano, N., Tanaka, K. ve Tanaka, K. (2004). Enhanced tolerance to salt stress and water deficit by overexpressing superoxide dismutase in tobacco (Nicotiana tabacum) chloroplasts. *Plant Science*, *166*(4), 919–928. doi:10.1016/J.PLANTSCI.2003.12.007

Bailey, T. L., Boden, M., Buske, F. A., Frith, M., Grant, C. E., Clementi, L., … Noble, W. S. (2009). MEME SUITE: tools for motif discovery and searching. *Nucleic Acids Research*, *37*, W202–W208. doi:10.1093/nar/gkp335

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

Baniwal, S. K., Bharti, K., Chan, K. Y., Fauth, M., Ganguli, A., Kotak, S., … Zielinski, D. (2004). Heat stress response in plants: a complex game with chaperones and more than twenty heat stress transcription factors. *Journal of Biosciences 29:4*, 471–487. doi:10.1007/BF02712120

Bao, F., Huang, X., Zhu, C., Zhang, X., Li, X. ve Yang, S. (2014). Arabidopsis HSP90 protein modulates RPP4-mediated temperature-dependent cell death and defense responses. *New Phytologist*, *202*(4), 1320–1334. doi:10.1111/NPH.12760

Barnett, T., Altschuler, M., McDaniel, C. N. ve Mascarenhas, J. P. (1979). Heat shock induced proteins in plant cells. *Developmental Genetics*, *1*(4), 331–340. doi:10.1002/DVG.1020010406

Başaran, E. (2016, Şubat). *Cr, Tuz Ve Kuraklık Stresi Altında Geliştirilmiş Ayçiçeği (Helianthus annuus L.) Bitkisinde Hücre Döngüsü Genlerinden Retinoblastoma (Rb), Myelocytomatosis (Myc) ve E2F Genlerine Ait mRNA İfade Seviyelerinin Belirlenmesi*. (Doktora tezi). Ankara Üniversitesi, Ankara.

Bayrac, H. ve Doğan, E. (2016). Türkiye'de İklim Değişikliğinin Tarım Sektörü Üzerine Etkileri. *Eskişehir Osmangazi Üniversitesi İktisadi ve İdari Bilimler Dergisi*, *11*(1), 23–48.

Bazin, J., Khan, G. A., Combier, J. P., Bustos-Sanmamed, P., Debernardi, J. M., Rodriguez, R., … Lelandais-Brière, C. (2013). MiR396 affects mycorrhization and root meristem activity in the legume Medicago truncatula. *Plant Journal*, *74*(6), 920–934. doi:10.1111/TPJ.12178

Becerra, C., Jahrmann, T., Puigdomènech, P. ve Vicient, C. M. (2004). Ankyrin repeat-containing proteins in Arabidopsis: characterization of a novel and abundant group of genes coding ankyrin-transmembrane proteins. *Gene*, *340*(1), 111–121. doi:10.1016/J.GENE.2004.06.006

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

Borges, J. ve Ramos, C. (2005). Protein Folding Assisted by Chaperones. *Protein & Peptide Letters*, *12*(3), 257–261. doi:10.2174/0929866053587165

Boscaiu, M., Lull, C., Lidon, A., Bautista, I., Donat, P., Mayoral, O. ve Vicente, O. (2008). Plant responses to abiotic stress in their natural habitats. *Bull UASVM Hortic*, *65*(1), 53–58.

Boshoff, A. (2015). Chaperonin—Co-chaperonin interactions. *Sub-Cellular Biochemistry*, *78*, 1–26. doi:10.1007/978-3-319-11731-7_8/FIGURES/5

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

Bozer, P. (2020). *Tarım Ürünleri Piyasaları: Ayçiçeği*. Ankara.

Bozer, P. (2021). *Durum Tahmin Ayçiçeği 2021*. Ankara.

Bösl, B., Grimminger, V. ve Walter, S. (2006). The molecular chaperone Hsp104—A molecular machine for protein disaggregation. *Journal of Structural Biology*, *156*(1), 139–148. doi:10.1016/J.JSB.2006.02.004

Brenner, S. E. (2001). A tour of structural genomics. *Nature Reviews Genetics*, *2*(10), 801–809. doi:10.1038/35093574

Brenner, S. E. ve Levitt, I. (2008). Expectations from structural genomics. *Protein Science*, *9*(1), 197–200. doi:10.1110/ps.9.1.197

Bukau, B. ve Horwich, A. L. (1998). The Hsp70 and Hsp60 Chaperone Machines. *Cell*, *92*(3), 351–366. doi:10.1016/S0092-8674(00)80928-9

Burklew, C. E., Xie, F., Ashlock, J. ve Zhang, B. (2014). Expression of microRNAs and their targets regulates floral development in tobacco (Nicotiana tabacum). *Functional & integrative genomics*, *14*(2), 299–306. doi:10.1007/S10142-014-0359-2

Cagliari, T. C., da Silva, V. C. H., Borges, J. C., Prando, A., Tasic, L. ve Ramos, C. H. I. (2011). Sugarcane Hsp101 is a hexameric chaperone that binds nucleotides. *International Journal of Biological Macromolecules*, *49*(5), 1022–1030. doi:10.1016/J.IJBIOMAC.2011.08.027

Cameron, I. L. ve Jeter, J. R. (1974). *Acidic Proteins of the Nucleus* - (C. 1).

Cankurt Yalçınkaya, M. (2021). *Endoplazmik Retikulum Stresine Maruz Bırakılan Arabıdopsis Thalıana'da Dışarıdan Uygulanan Kurkuminin Antioksidan Enzim/İzozim Profillemesi Üzerine Etkileri*. (Yüksek Lisans Tezi).

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

Castillo, F. M., Vásquez, S. C. ve Calderini, D. F. (2017). Does the pre-flowering period determine the potential grain weight of sunflower? *Field Crops Research*, *212*, 23–33. doi:10.1016/J.FCR.2017.06.029

Cechin, I., Rossi, S. C., Oliveira, V. C. ve Fumis, T. F. (2006). Photosynthetic responses and proline content of mature and young leaves of sunflower plants under water deficit. *Photosynthetica 2006 44:1*, *44*(1), 143–146. doi:10.1007/S11099-005-0171-2

Celik Altunoglu, Y., Unel, N. M., Baloglu, M. C., Ulu, F., Can, T. H. ve Cetinkaya, R. (2018). Comparative identification and evolutionary relationship of fatty acid desaturase (FAD) genes in some oil crops: the sunflower model for evaluation of gene expression pattern under drought stress. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, *32*(4), 846–857. doi:10.1080/13102818.2018.1480421

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

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 and Integrative Genomics*, *19*(6), 1007–1022. doi:10.1007/S10142-019-00695-Y/FIGURES/5

Cheetham, M. E. ve Caplan, A. J. (1998). Structure, function and evolution of DnaJ: conservation and adaptation of chaperone function. *Cell Stress & Chaperones*, *3*(1), 28. doi:10.1379/1466-1268(1998)003<0028:sfaeod>2.3.co;2

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

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

Cho, E. K. ve Choi, Y. J. (2009). A nuclear-localized HSP70 confers thermoprotective activity and drought-stress tolerance on plants. *Biotechnology Letters*, *31*(4), 597–606. doi:10.1007/S10529-008-9880-5/FIGURES/5

Chung, E., Kim, K.-M. ve Lee, J.-H. (2013). Genome-Wide Analysis and Molecular Characterization of Heat Shock Transcription Factor Family in Glycine max. *Journal of Genetics and Genomics*, *40*(3), 127–135. doi:10.1016/j.jgg.2012.12.002

Ciemny, M., Kurcinski, M., Kamel, K., Kolinski, A., Alam, N., Schueler-Furman, O. ve Kmiecik, S. (2018). Protein–peptide docking: opportunities and challenges. *Drug Discovery Today*, *23*(8), 1530–1537. doi:10.1016/j.drudis.2018.05.006

Clark, J. I. (2016). Functional sequences in human alphaB crystallin. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-General Subjects*, *1860*(1), 240–245. doi:10.1016/J.BBAGEN.2015.08.014

Conesa, A. ve Götz, S. (2008). Blast2GO: A Comprehensive Suite for Functional Analysis in Plant Genomics. *International Journal of Plant Genomics*, *2008*, 1–12. doi:10.1155/2008/619832

Conner, T. W., LaFayette, P. R., Nagao, R. T. ve Key, J. L. (1990). Sequence and Expression of a HSP83 from Arabidopsis thaliana. *Plant Physiology*, *94*(4), 1689–1695. doi:10.1104/PP.94.4.1689

Craciun, A. R. (2006). Comparative cDNA-AFLP analysis of Cd-tolerant and -sensitive genotypes derived from crosses between the Cd hyperaccumulator

Arabidopsis halleri and Arabidopsis lyrata ssp. petraea. *Journal of Experimental Botany*, *57*(12), 2967–2983. doi:10.1093/jxb/erl062

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

Cyr, D. M. ve Neupert, W. (1996). Roles for hsp70 in protein translocation across membranes of organelles. *EXS*, *77*, 25–40. doi:10.1007/978-3-0348-9088-5_3

Çevik, A. (2013, Ekim). *Piyasada Satışa Sunulan Ayçiçek Yağlarının Bazı Fiziksel ve Kimyasal Özellikleri Açısından Değerlendirilmesi*. (Yayımlanmamış yüksek lisans tezi). Necmettin Erbakan Üniversitesi, Konya.

Dai, X., Zhuang, Z. ve Zhao, P. X. (2018). psRNATarget: a plant small RNA target analysis server (2017 release). *Nucleic Acids Research*, *46*(W1), W49–W54. doi:10.1093/nar/gky316

Debaeke, P., Bedoussac, L., Bonnet, C., Bret-Mestries, E., Seassau, C., Gavaland, A., … Justes, E. (2017). Sunflower crop: environmental-friendly and agroecological. *OCL Oilseeds and fats crops and lipids*, *23*(4), 12 p. doi:10.1051/OCL/2017020

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

Dong, C. H. ve Pei, H. (2014). Over-expression of miR397 improves plant tolerance to cold stress in Arabidopsis thaliana. *Journal of Plant Biology 2014 57:4*, *57*(4), 209–217. doi:10.1007/S12374-013-0490-Y

Dönmez, Ç. (2018, Nisan). *Soğuk Stresi Altında Geliştirilmiş Ayçiçeği (Helianthus annuus L.) Bitkisinde bZIP, MYB, NAC, NF-YB ve WRKY Tipi Transkripsiyon Faktör Genlerinin mRNA İfade Seviyelerinin Belirlenmesi*. (Doktora tezi). Ankara Üniversitesi, Ankara.

Döring, P., Treuter, E., Kistner, C., Lyck, R., Chen, A. ve Nover, L. (2000). The Role of AHA Motifs in the Activator Function of Tomato Heat Stress Transcription Factors HsfA1 and HsfA2. *The Plant Cell*, *12*(2), 265–278. doi:10.1105/TPC.12.2.265

Duan, S., Liu, B., Zhang, Y., Li, G. ve Guo, X. (2019). Genome-wide identification and abiotic stress-responsive pattern of heat shock transcription factor family in Triticum aestivum L. *BMC Genomics*, *20*(1), 257. doi:10.1186/s12864-019-5617-1

Edelist, C., Raffoux, X., Falque, M., Dillmann, C., Sicard, D., Rieseberg, L. H. ve Karrenberg, S. (2009). Differential expression of candidate salt-tolerance genes in the halophyte Helianthus paradoxus and its glycophyte progenitors H. annuus and H. petiolaris (Asteraceae). *American Journal of Botany*, *96*(10), 1830–1838. doi:10.3732/AJB.0900067

Farooqui, A., Tasleem, M., Alam, A., Ali, S., Malik, Z. ve Ishrat, R. (2017). Mutational Effects on the Binding Patterns of Crystallin and Heat Shock Factor Protein Complexes involved in Congenital Cataract . *Journal of Applied Computing* , *2*(2), 14–44.

Fedorova, L. ve Fedorov, A. (2003). Introns in gene evolution (ss. 123–131). Springer, Dordrecht. doi:10.1007/978-94-010-0229-5_3

Feng, Y. Z., Yu, Y., Zhou, Y. F., Yang, Y. W., Lei, M. Q., Lian, J. P., … Chen, Y. Q. (2020). A Natural Variant of miR397 Mediates a Feedback Loop in Circadian Rhythm. *Plant Physiology*, *182*(1), 204–214. doi:10.1104/PP.19.00710

Fernández-Martínez, J. M., Pérez-Vich, B. ve Velasco, L. (2009). Sunflower. *Oil Crops*, 155–232. doi:10.1007/978-0-387-77594-4_6

Fragkostefanakis, S., Röth, 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. doi:10.1111/PCE.12396

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

Garcia, L. T., Cristancho, L. M., Vera, E. P. ve Begambre, O. (2015). A New Multiplex-PCR for Urinary Tract Pathogen Detection Using Primer Design Based on an Evolutionary Computation Method. *Journal of Microbiology and Biotechnology*, *25*(10), 1714–1727. doi:10.4014/JMB.1406.06079

Garibyan, L. ve Avashia, N. (2013). Research Techniques Made Simple: Polymerase Chain Reaction (PCR). *The Journal of investigative dermatology*, *133*(3), e6. doi:10.1038/JID.2013.1

Geiss, G. K., Bumgarner, R. E., Birditt, B., Dahl, T., Dowidar, N., Dunaway, D. L., … Hood, L. (2008). Direct multiplexed measurement of gene expression with color-coded probe pairs. *Nature Biotechnology 2008 26:3*, *26*(3), 317–325. doi:10.1038/nbt1385

Genevaux, P., Lang, F., Schwager, F., Vartikar, J. v., Rundell, K., Pipas, J. M., … Kelley, W. L. (2003). Simian Virus 40 T Antigens and J Domains: Analysis of Hsp40 Cochaperone Functions in Escherichia coli . *Journal of Virology*, *77*(19), 10706–10713. doi:10.1128/JVI.77.19.10706-10713.2003/ASSET/A92D75E9-0B74-4BAB-8A66-9126F3B923DC/ASSETS/GRAPHIC/JV1930583005.JPEG

Giacomelli, L., Rudella, A. ve van Wijk, K. J. (2006). High Light Response of the Thylakoid Proteome in Arabidopsis Wild Type and the Ascorbate-Deficient Mutant *vtc2-2* . A Comparative Proteomics Study. *Plant Physiology*, *141*(2), 685–701. doi:10.1104/pp.106.080150

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

Gong, C., Pang, Q., Li, Z., Li, Z., Chen, R., Sun, G. ve Sun, B. (2021). Genome-Wide Identification and Characterization of Hsf and Hsp Gene Families and Gene Expression Analysis under Heat Stress in Eggplant (Solanum melongema. *Horticulturae*, *7*(149), 1–15.

Görlich, D. ve Kutay, U. (2003). Transport Between the Cell Nucleus and the Cytoplasm. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, *15*, 607–660. doi:10.1146/ANNUREV.CELLBIO.15.1.607

Gruss, P., Lai, C., … R. D.-P. of the ve 1979, undefined. (1979). Splicing as a requirement for biogenesis of functional 16S mRNA of simian virus 40. *National Acad Sciences*, *76*(9), 4317–4321.

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

Gul, Z., Younas, M., Barozai, K. ve Din, M. (2017). In-silico based identification and functional analyses of miRNAs and their targets in Cowpea (Vigna unguiculata L.). *AIMS Genetics*, *4*(2), 138–165. doi:10.3934/genet.2017.2.138

Guleria, P. ve Yadav, S. K. (2011). Identification of miR414 and Expression Analysis of Conserved miRNAs from Stevia rebaudiana. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, *9*(6), 211–217. doi:10.1016/S1672-0229(11)60024-7

Guo, J., Wu, J., Ji, Q., Wang, C., Luo, L., Yuan, Y., … Wang, J. (2008). Genome-wide analysis of heat shock transcription factor families in rice and Arabidopsis. *Journal of genetics and genomics = Yi chuan xue bao*, *35*(2), 105–118. doi:10.1016/S1673-8527(08)60016-8

Gupta, D. K., Palma, J. M. ve Corpas, F. J. (Ed.). (2015). *Reactive Oxygen Species and Oxidative Damage in Plants Under Stress*. Cham: Springer International Publishing. doi:10.1007/978-3-319-20421-5

Gupta, R. S. (1995). Evolution of the chaperonin families (HSP60, HSP 10 and TCP-1) of proteins and the origin of eukaryotic cells. *Molecular Microbiology*, *15*(1), 1–11. doi:10.1111/J.1365-2958.1995.TB02216.X

Gupta, R., Ting, J. T. L., Sokolov, L. N., Johnson, S. A. ve Luan, S. (2002). A Tumor Suppressor Homolog, AtPTEN1, Is Essential for Pollen Development in Arabidopsis. *The Plant Cell*, *14*(10), 2495–2507. doi:10.1105/TPC.005702

Gupta, S. C., Sharma, A., Mishra, M., Mishra, R. K. ve Chowdhuri, D. K. (2010). Heat shock proteins in toxicology: How close and how far? *Life Sciences*, *86*(11–12), 377–384. doi:10.1016/J.LFS.2009.12.015

Gupta, Surinder K., Pratap, A., Gupta, D. sen, Rajan, N. ve Ganeshan, V. D. (2012). Hybrid technology. S. K. Gupta (Ed.), *Technological Innovations in Major World Oil Crops* içinde (C. 2, ss. 1–21). Berlin: Springer New York. doi:10.1007/978-1-4614-0827-7_1

Güngör, E. (2018, Aralık). *Glioma hücrelerinde stres proteinlerinin anlatımında HSF1'in rolü / The role of HSF1 on stress proteins expressions in glioma cells*. (Yüksek Lisans Tezi).

Gürkan, H. (2019, Aralık). *Konya Havzasında İklim Değişikliğinin Ayçiçeği (Helianthus annuus L.) Verimine Olası Etkilerinin Tahmin Edilmesi*. (Doktora tezi). Ankara Üiversitesi, Ankara.

Hahn, J.-S., Hu, Z., Thiele, D. J. ve Iyer, V. R. (2004). Genome-wide analysis of the biology of stress responses through heat shock transcription factor. *Molecular and cellular biology*, *24*(12), 5249–5256. doi:10.1128/MCB.24.12.5249-5256.2004

Han, C., He, D., Li, M. ve Yang, P. (2014). In-Depth Proteomic Analysis of Rice Embryo Reveals its Important Roles in Seed Germination. *Plant and Cell Physiology*, *55*(10), 1826–1847. doi:10.1093/pcp/pcu114

Han, W. ve Christen, P. (2003). Mechanism of the Targeting Action of DnaJ in the DnaK Molecular Chaperone System. *Journal of Biological Chemistry*, *278*(21), 19038–19043. doi:10.1074/JBC.M300756200

Harter, A. v., Gardner, K. A., Falush, D., Lentz, D. L., Bye, R. A. ve Rieseberg, L. H. (2004). Origin of extant domesticated sunflowers in eastern North America. *Nature*, *430*(6996), 201–205. doi:10.1038/nature02710

Hartl, F. U. (1996). Molecular chaperones in cellular protein folding. *Nature*, *381*(6583), 571–580. doi:10.1038/381571A0

Hartl, F. U., Bracher, A. ve Hayer-Hartl, M. (2011). Molecular chaperones in protein folding and proteostasis. *Nature*, *475*(7356), 324–332. doi:10.1038/nature10317

Hartl, F.-U. (1996). Protein Folding In The Cell: The Role Of Molecular Chaperones. *Molecular Dynamics of Biomembranes*, 79–88. doi:10.1007/978-3-642-61126-1_8

Haslbeck, M, Franzmann, T., Weinfurtner, D. ve Buchner, J. (2005). Some like it hot: the structure and function of small heat-shock proteins. *Nature structural & molecular biology*, *12*(10), 842–846. https://www.nature.com/articles/nsmb993 adresinden erişildi.

Haslbeck, Martin ve Vierling, E. (2015). A First Line of Stress Defense: Small Heat Shock Proteins and Their Function in Protein Homeostasis. *Journal of Molecular Biology*, *427*(7), 1537–1548. doi:10.1016/J.JMB.2015.02.002

He, H., Soncin, F., Grammatikakis, N., Li, Y., Siganou, A., Gong, J., … Calderwood, S. K. (2003). Elevated Expression of Heat Shock Factor (HSF) 2A Stimulates HSF1-induced Transcription during Stress *. *Journal of Biological Chemistry*, *278*(37), 35465–35475. doi:10.1074/JBC.M304663200

Heiser, C. B. (1955). The Origin and Development of the Cultivated Sunflower. *The American Biology Teacher*, *17*(5), 161–167. doi:10.2307/4438706

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

Hill, J. E. ve Hemmingsen, S. M. (2001). Arabidopsis thaliana type I and II chaperonins. *Cell Stress & Chaperones*, *6*(3), 190. doi:10.1379/1466-1268(2001)006<0190:attiai>2.0.co;2

Hilton, G. R., Lioe, H., Stengel, F., Baldwin, A. J. ve Benesch, J. L. P. (2012). Small Heat-Shock Proteins: Paramedics of the Cell, 69–98. doi:10.1007/128_2012_324

Hirayama, T., Ohto, C., Mizoguchi, T. ve Shinozaki, K. (1995). A gene encoding a phosphatidylinositol-specific phospholipase C is induced by dehydration and salt stress in Arabidopsis thaliana. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *92*(9), 3903–3907. doi:10.1073/PNAS.92.9.3903

Hoagland D. R. ve Arnon D. I. (1950). The water-culture method for growing plants without soil. *Circular. California Agricultural Experiment Station*, *347*(2), 23–32.

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

Hsieh, M. H., Chen, J. T., Jinn, T. L., Chen, Y. M. ve Lin, C. Y. (1992). A Class of Soybean Low Molecular Weight Heat Shock Proteins Immunological Study and Quantitation. *Plant Physiology*, *99*(4), 1279–1284. doi:10.1104/PP.99.4.1279

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. doi:10.1093/bioinformatics/btu817

Hu, J., Seiler, G. ve Kole, C. (2010). *Genetics, Genomics and Breeding of Sunflower*. (J. Hu, G. Seiler ve C. Kole, Ed.). CRC Press.

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

Huang, S., Zhou, J., Gao, L., Tang, Y., Huang, S., Zhou, J., … Tang, Y. (2020). Plant miR397 and its functions. *Functional Plant Biology*, *48*(4), 361–370. doi:10.1071/FP20342

Hubert, D. A., Tornero, P., Belkhadir, Y., Krishna, P., Takahashi, A., Shirasu, K. ve Dangl, J. L. (2003). Cytosolic HSP90 associates with and modulates the Arabidopsis RPM1 disease resistance protein. *The EMBO Journal*, *22*(21), 5679–5689. doi:10.1093/EMBOJ/CDG547

Ikeda, M., Mitsuda, N. ve Ohme-Takagi, M. (2011). Arabidopsis HsfB1 and HsfB2b Act as Repressors of the Expression of Heat-Inducible *Hsfs* But Positively Regulate the Acquired Thermotolerance. *Plant Physiology*, *157*(3), 1243–1254. doi:10.1104/pp.111.179036

IndexBox Platform. (2022). Sunflower Seed Prices to Remain Stable with Record Production Expected in 2022. *https://www.globaltrademag.com/sunflower-seed-prices-to-remain-stable-with-record-production-expected-in-2022/*.

Itoh, H., Komatsuda, A., Ohtani, H., Wakui, H., Imai, H., Sawada, K.-I., … Hamada, F. (2002). Mammalian HSP60 is quickly sorted into the mitochondria under conditions of dehydration. *Wiley Online Library*, *269*(23), 5931–5938. doi:10.1046/j.1432-1033.2002.03317.x

Jackson, S. E., Queitsch, C. ve Toft, D. (2004). Hsp90: from structure to phenotype. *Nature structural & molecular biology*, *11*(12), 1152–1155. doi:10.1038/NSMB1204-1152

Jenks, M. A. ve Hasegawa, P. M. (Ed.). (2014). *Plant Abiotic Stress* (2. bs.). Arizona: Wiley Blackwell Publishing.

Ji, X. R., Yu, Y. H., Ni, P. Y., Zhang, G. H. ve Guo, D. L. (2019). Genome-wide identification of small heat-shock protein (HSP20) gene family in grape and expression profile during berry development. *BMC Plant Biology*, *19*(1), 1–15. doi:10.1186/S12870-019-2031-4/FIGURES/9

Jia, X., Wang, W. X., Ren, L., Chen, Q. J., Mendu, V., Willcut, B., … Tang, G. (2009). Differential and dynamic regulation of miR398 in response to ABA and salt stress in Populus tremula and Arabidopsis thaliana. *Plant Molecular Biology*, *71*(1–2), 51–59. doi:10.1007/S11103-009-9508-8/FIGURES/4

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

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

Kampinga, H. H. ve Craig, E. A. (2010). The HSP70 chaperone machinery: J proteins as drivers of functional specificity. *Nature Reviews Molecular Cell Biology 2010 11:8*, *11*(8), 579–592. doi:10.1038/nrm2941

Kanayama, Y. ve Kochetov, A. (Ed.). (2015). *Abiotic Stress Biology in Horticultural Plants*. Tokyo: Springer Japan. doi:10.1007/978-4-431-55251-2

Kang, B. H., Nielsen, E., Preuss, M. L., Mastronarde, D. ve Staehelin, L. A. (2011). Electron Tomography of RabA4b- and PI-4Kβ1-Labeled Trans Golgi Network Compartments in Arabidopsis. *Traffic*, *12*(3), 313–329. doi:10.1111/J.1600-0854.2010.01146.X

Kanzaki, H., Saitoh, H., Ito, A., Fujisawa, S., Kamoun, S., Katou, S., … Terauchi, R. (2003). Cytosolic HSP90 and HSP70 are essential components of INF1-mediated hypersensitive response and non-host resistance to Pseudomonas cichorii in Nicotiana benthamiana. *Molecular Plant Pathology*, *4*(5), 383–391. doi:10.1046/J.1364-3703.2003.00186.X

Kaplan, F., Kopka, J., Haskell, D. W., Zhao, W., Schiller, K. C., Gatzke, N., … Guy, C. L. (2004). Exploring the Temperature-Stress Metabolome of Arabidopsis. *Plant Physiology*, *136*(4), 4159–4168. doi:10.1104/PP.104.052142

Kapluhan, E. (2013). Türkiye'de Kuraklık ve Kuraklığın Tarıma Etkisi (Drought and Drought in Turkey Effect of Agriculture). *Marmara Coğrafya Dergisi*, *27*, 487–510.

Karlin, S. ve Brocchieri, L. (1998). Heat Shock Protein 70 Family: Multiple Sequence Comparisons, Function, and Evolution. *Journal of Molecular Evolution 1998 47:5*, *47*(5), 565–577. doi:10.1007/PL00006413

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

Keith, J. M. (Ed.). (2008). *Bioinformatics* (C. 453). Totowa, NJ: Humana Press. doi:10.1007/978-1-60327-429-6

Keleş, M. (2018, Mayıs). *Isı Şoku Protein (Hsp) Ailesi Üyelerinin Karpuz Bitkisinde Tespiti, Karakterizasyonu Ve Kuraklık İle Sıcaklık Streslerinde Gen İfade Analizleri*. (Yüksek lisans tezi). Fen Bilimleri Enstitüsü , Kastamonu.

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

Khodadadi, E., Fakheri, B. A., Aharizad, S., Emamjomeh, A., Norouzi, M. ve Komatsu, S. (2017). Leaf proteomics of drought-sensitive and -tolerant genotypes of fennel. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Proteins and Proteomics*, *1865*(11), 1433–1444. doi:10.1016/j.bbapap.2017.08.012

Khraiwesh, B., Zhu, J. K. ve Zhu, J. (2012). Role of miRNAs and siRNAs in biotic and abiotic stress responses of plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*, *1819*(2), 137–148. doi:10.1016/J.BBAGRM.2011.05.001

Kızılaslan, N., Kızılaslan, H. ve Çift, A. (2022). Türkiye'de Ayçiçeği Tarımında İç Ticaret Hadleri (Tokat İli Örneği). *Gaziosmanpaşa Bilimsel Araştırma Dergisi* , *11*(1), 98–107.

Kim, T. H., Böhmer, M., Hu, H., Nishimura, N. ve Schroeder, J. I. (2010). Guard Cell Signal Transduction Network: Advances in Understanding Abscisic Acid, CO2, and Ca2+ Signaling. *Annual review of plant biology*, *61*, 561. doi:10.1146/ANNUREV-ARPLANT-042809-112226

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

Kleizen, B. ve Braakman, I. (2004). Protein folding and quality control in the endoplasmic reticulum. *Current Opinion in Cell Biology*, *16*(4), 343–349. doi:10.1016/J.CEB.2004.06.012

Knox, C., Luke, G. A., Blatch, G. L. ve Pesce, E. R. (2011). Heat shock protein 40 (Hsp40) plays a key role in the virus life cycle. *Virus Research*, *160*(1–2), 15–24. doi:10.1016/J.VIRUSRES.2011.06.013

Konyalı, S. (2017). Sunflower Production and Agricultural Policies in Turkey. *Social Sciences Research Journal*, *6*(4), 11–19.

Korkmaz, H. ve Durmaz, A. (2017). Bitkilerin Abiyotik Stres Faktörlerine Verdiği Cevaplar Responses of Plants to Abiotic Stress Factors, *7*(2), 192–207. doi:10.17714/gufbed.2017.07.013

Kotak, S., Larkindale, J., Lee, U., von Koskull-Döring, P., Vierling, E. ve Scharf, K. D. (2007). Complexity of the heat stress response in plants. *Current Opinion in Plant Biology*, *10*(3), 310–316. doi:10.1016/J.PBI.2007.04.011

Krishna, P. ve Gloor, G. (2001). The Hsp90 family of proteins in Arabidopsis thaliana. *Cell Stress & Chaperones*, *6*(3), 238. 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). doi:10.1038/s41598-020-64746-2

Kumar, G., Krishnaprasad, B. T., Savitha, M., Gopalakrishna, R., Mukhopadhyay, K., Ramamohan, G. ve Udayakumar, M. (1999). Enhanced expression of heat-shock proteins in thermo-tolerant lines of sunflower and their progenies selected on the basis of temperature-induction response. *Theoretical and Applied Genetics 1999 99:1*, *99*(1), 359–367. doi:10.1007/S001220051245

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

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

Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. ve Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution*, *35*(6), 1547–1549. doi:10.1093/molbev/msy096

Lachowiec, J., Lemus, T., Borenstein, E. ve Queitsch, C. (2015). Hsp90 promotes kinase evolution. *Molecular biology and evolution*, *32*(1), 91–99. doi:10.1093/MOLBEV/MSU270

Lambert, W., Rutsdottir, G., Hussein, R., Bernfur, K., Kjellström, S. ve Emanuelsson, C. (2013). Probing the transient interaction between the small heat-shock protein Hsp21 and a model substrate protein using crosslinking mass spectrometry. *Cell Stress and Chaperones*, *18*(1), 75–85. doi:10.1007/S12192-012-0360-4/FIGURES/6

Larkin, M. A., Blackshields, G., Brown, N. P., Chenna, R., McGettigan, P. A., McWilliam, H., … Higgins, D. G. (2007). Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, *23*(21), 2947–2948. doi:10.1093/bioinformatics/btm404

Larkindale, J. ve Knight, M. R. (2002). Protection against Heat Stress-Induced Oxidative Damage in Arabidopsis Involves Calcium, Abscisic Acid, Ethylene, and Salicylic Acid. *Plant Physiology*, *128*(2), 682–695. doi:10.1104/PP.010320

Latchman, D. S. (1997). Transcription factors: An overview. *The International Journal of Biochemistry & Cell Biology*, *29*(12), 1305–1312. doi:10.1016/S1357-2725(97)00085-X

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 of the United States of America*, *96*(10), 5452–5457. doi:10.1073/PNAS.96.10.5452

Lawas, L. M. F., Zuther, E., Jagadish, S. K. ve Hincha, D. K. (2018). Molecular mechanisms of combined heat and drought stress resilience in cereals. *Current Opinion in Plant Biology*, *45*, 212–217. doi:10.1016/j.pbi.2018.04.002

Letunic, I. ve Bork, P. (2007). Interactive Tree Of Life (iTOL): an online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Bioinformatics*, *23*(1), 127–128. doi:10.1093/bioinformatics/btl529

Li, J., Liu, H., Yang, C., Wang, J., Yan, G., Si, P., … Xu, L. (2020). Genome-wide identification of MYB genes and expression analysis under different biotic and abiotic stresses in Helianthus annuus L. *Industrial Crops and Products*, *143*, 111924. doi:10.1016/j.indcrop.2019.111924

Li, Y., Yu, W., Chen, Y., Yang, S., Wu, S., Chao, J., … Tian, W. M. (2019). Genome-wide identification and characterization of heat-shock transcription factors in rubber tree. *Forests*, *10*(12). doi:10.3390/F10121157

Liberek, K., Marszalek, J., Ang, D., Georgopoulos, C. ve Zylicz, M. (1991). Escherichia coli DnaJ and GrpE heat shock proteins jointly stimulate ATPase activity of DnaK. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *88*(7), 2874–2878. doi:10.1073/PNAS.88.7.2874

Liberek, Krzysztof, Lewandowska, A. ve Ziętkiewicz, S. (2008). Chaperones in control of protein disaggregation. *The EMBO Journal*, *27*(2), 328–335. doi:10.1038/SJ.EMBOJ.7601970

Lichtenthaler, H. K. (1998). The stress concept in plants: an introduction. *Annals of the New York Academy of Sciences*, *851*, 187–198. doi:10.1111/J.1749-6632.1998.TB08993.X

Lin, K.-F., Tsai, M.-Y., Lu, C.-A., Wu, S.-J. ve Yeh, C.-H. (2018). The roles of Arabidopsis HSFA2, HSFA4a, and HSFA7a in the heat shock response and cytosolic protein response. *Botanical Studies*, *59*(1), 15. doi:10.1186/s40529-018-0231-0

Lin, Y. X., Jiang, H. Y., Chu, Z. X., Tang, X. L., Zhu, S. W. ve Cheng, B. J. (2011). Genome-wide identification, classification and analysis of heat shock transcription factor family in maize. *BMC Genomics*, *12*(1), 1–14. doi:10.1186/1471-2164-12-76/FIGURES/6

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

Liu, J. X. ve Howell, S. H. (2010). Endoplasmic Reticulum Protein Quality Control and Its Relationship to Environmental Stress Responses in Plants. *The Plant Cell*, *22*(9), 2930–2942. doi:10.1105/TPC.110.078154

Liu, M., Huang, Q., Sun, W., Ma, Z., Huang, L., Wu, Q., … Chen, H. (2019). Genome-wide investigation of the heat shock transcription factor (Hsf) gene family in Tartary buckwheat (Fagopyrum tataricum). *BMC Genomics*, *20*(1), 871. doi:10.1186/s12864-019-6205-0

Liu, Xia, Huang, S. ve Xie, H. (2021). Advances in the regulation of plant development and stress response by miR167. doi:10.52586/4974

Liu, Xue-Huan, Lyu, Y., Yang, W., Yang, Z., Lu, S. ve Liu, J. (2020). A membrane-associated NAC transcription factor OsNTL3 is involved in thermotolerance in rice. *Plant Biotechnology Journal*, *18*(5), 1317–1329. doi:10.1111/pbi.13297

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

Lohani, N., Golicz, A. A., Singh, M. B. ve Bhalla, P. L. (2019). Genome-wide analysis of the Hsf gene family in Brassica oleracea and a comparative analysis of the Hsf gene family in B. oleracea, B. rapa and B. napus. *Functional & Integrative Genomics*, *19*(3), 515–531. doi:10.1007/s10142-018-0649-1

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

Ma, J., Ling, L., Huang, X., Wang, W., Wang, Y., Zhang, M., … Wang, G. (2021). Genome-wide identification and expression analysis of the VQ gene family in sunflower (Helianthus annuus L.). *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, *30*(1), 56–66. doi:10.1007/s13562-020-00568-7

Mahalingam, R. (2015). *Combined Stresses in Plants*. (Ramamurthy Mahalingam, Ed.). Cham: Springer International Publishing. doi:10.1007/978-3-319-07899-1

Mani, N., Ramakrishna, K. ve Suguna, K. (2015). Characterization of rice small heat shock proteins targeted to different cellular organelles. *Cell Stress and Chaperones*, *20*(3), 451–460. doi:10.1007/S12192-015-0570-7/FIGURES/8

Mano, J., Belles-Boix, E., Babiychuk, E., Inzé, D., Torii, Y., Hiraoka, E., … Kushnir, S. (2005). Protection against Photooxidative Injury of Tobacco Leaves by 2-Alkenal Reductase. Detoxication of Lipid Peroxide-Derived Reactive Carbonyls. *Plant Physiology*, *139*(4), 1773. doi:10.1104/PP.105.070391

Marsden, R. L., Lewis, T. A. ve Orengo, C. A. (2007). Towards a comprehensive structural coverage of completed genomes: a structural genomics viewpoint. *BMC Bioinformatics*, *8*(1), 86. doi:10.1186/1471-2105-8-86

McClung, C. R. ve Davis, S. J. (2010). Ambient Thermometers in Plants: From Physiological Outputs towards Mechanisms of Thermal Sensing. *Current Biology*, *20*(24), R1086–R1092. doi:10.1016/J.CUB.2010.10.035

Mecchia, M. A., Debernardi, J. M., Rodriguez, R. E., Schommer, C. ve Palatnik, J. F. (2013). MicroRNA miR396 and RDR6 synergistically regulate leaf development. *Mechanisms of Development*, *130*(1), 2–13. doi:10.1016/J.MOD.2012.07.005

Melnyk, A., Rieger, H. ve Zimmermann, R. (2015). Co-chaperones of the mammalian endoplasmic reticulum. *Subcellular Biochemistry*, *78*, 179–200. doi:10.1007/978-3-319-11731-7_9/FIGURES/6

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

Mittler, R. (2006). Abiotic stress, the field environment and stress combination. *Trends in Plant Science*, *11*(1), 15–19. doi:10.1016/j.tplants.2005.11.002

Mittler, R., Finka, A. ve Goloubinoff, P. (2012). How do plants feel the heat? *Trends in Biochemical Sciences*, *37*(3), 118–125. doi:10.1016/J.TIBS.2011.11.007

Monaghan, J. ve Zipfel, C. (2012). Plant pattern recognition receptor complexes at the plasma membrane. *Current Opinion in Plant Biology*, *15*(4), 349–357. doi:10.1016/J.PBI.2012.05.006

Mosa, K. A., Ismail, A. ve Helmy, M. (2017). Introduction to Plant Stresses (ss. 1–19). doi:10.1007/978-3-319-59379-1_1

Motojima, F. (2015). How do chaperonins fold protein? Molecular chaperones are necessary for protein folding in cells, *11*, 93–102. doi:10.2142/biophysics.11.93

Muthusamy, M., Uma, S., Backiyarani, S., Saraswathi, M. S. ve Chandrasekar, A. (2016). Transcriptomic changes of drought-tolerant and sensitive banana cultivars exposed to drought stress. *Frontiers in Plant Science*, *7*(NOVEMBER2016), 1609. doi:10.3389/FPLS.2016.01609/BIBTEX

Muthusamy, S. K., Dalal, M., Chinnusamy, V. ve Bansal, K. C. (2017). Genome-wide identification and analysis of biotic and abiotic stress regulation of small heat shock protein (HSP20) family genes in bread wheat. *Journal of Plant Physiology*, *211*, 100–113. doi:10.1016/J.JPLPH.2017.01.004

Nadir, M., Tufanlı, Ö., Erbay, E. ve Atalay, A. (2016). Identification of differentially expressed microRNAs during lipotoxic endoplasmic reticulum stress in RAW264.7 macrophages. *Turkish Journal of Biochemistry*, *41*(3), 206–215.

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

Nalçaiyi, A. S. B. (2018, Ocak). *Ayçiçeği (Helianthus annuus L.) Genotiplerinde Kuraklığa Dayanıklılığın Fizyolojik, Biyokimyasal ve Moleküler Düzeyde İncelenmesi*. (Doktora tezi). Hacettepe Üniversitesi, Ankara.

Neill, S. (2002). Hydrogen peroxide signalling. *Current Opinion in Plant Biology*, *5*(5), 388–395. doi:10.1016/S1369-5266(02)00282-0

Nekrasov, V., Li, J., Batoux, M., Roux, M., Chu, Z. H., Lacombe, S., … Zipfel, C. (2009). Control of the pattern-recognition receptor EFR by an ER protein complex in plant immunity. *The EMBO Journal*, *28*(21), 3428–3438. doi:10.1038/EMBOJ.2009.262

Nguyen, M. X., Moon, S. ve Jung, K.-H. (2013). Genome-wide expression analysis of rice aquaporin genes and development of a functional gene network mediated by aquaporin expression in roots. *Planta*, *238*(4), 669–681. doi:10.1007/s00425-013-1918-9

Nillegoda, N. B. ve Bukau, B. (2015). Metazoan Hsp70-based protein disaggregases: Emergence and mechanisms. *Frontiers in Molecular Biosciences*, *2*(OCT), 57. doi:10.3389/FMOLB.2015.00057/BIBTEX

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

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

Nover, Lutz ve Miernyk, J. A. (2001). A genomics approach to the chaperone network of Arabidopsis thaliana. *Cell Stress & Chaperones*, *6*(3), 175. doi:10.1379/1466-1268(2001)006<0175:agattc>2.0.co;2

Nurten Yer, E., Cengiz Baloglu, M. ve Ayan, S. (2018). Identification and Expression Profiling of All Hsp Family Member Genes under Salinity Stress in Different Poplar Clones.

Ohta, M. ve Takaiwa, F. (2014). Emerging features of ER resident J-proteins in plants. *https://doi.org/10.4161/psb.28194*, *9*(MAR). doi:10.4161/PSB.28194

Ozsolak, F. ve Milos, P. M. (2010). RNA sequencing: advances, challenges and opportunities. *Nature Reviews Genetics 2010 12:2*, *12*(2), 87–98. doi:10.1038/nrg2934

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

Özgün, G. (2011, Haziran). *Yüksek Oleik Asitli Ayçiçek Yağının Enzimatik Ekstraksiyonu*. (Yüksek lisans tezi). İstanbul Teknik Üniversitesi, İstanbul.

Öztürk, M. (2021, 29 Mayıs). Çukurova'da Ekilen Ayçiçeğinden Rekor Rekolte Bekleniyor. *Eko Ayrıntı*.

Öztürk, N. Z. (2015). Bitkilerin Kuraklık Stresine Tepkilerinde Bilinenler ve Yeni Yaklaşımlar. *Turkish Journal of Agriculture - Food Science and Technology*, *3*(5), 307–315. doi:10.24925/TURJAF.V3I5.307-315.307

Pandey, G. K. (Ed.). (2015). *Elucidation of Abiotic Stress Signaling in Plants*. New York, NY: Springer New York. doi:10.1007/978-1-4939-2211-6

Park, C. J., Bart, R., Chern, M., Canlas, P. E., Bai, W. ve Ronald, P. C. (2010). Overexpression of the Endoplasmic Reticulum Chaperone BiP3 Regulates

XA21-Mediated Innate Immunity in Rice. *PLOS ONE*, *5*(2), e9262. doi:10.1371/JOURNAL.PONE.0009262

Park, C. J. ve Seo, Y. S. (2015). Heat shock proteins: A review of the molecular chaperones for plant immunity. *Plant Pathology Journal*, *31*(4), 323–333. doi:10.5423/PPJ.RW.08.2015.0150

Pearl, L. H. ve Prodromou, C. (2006). Structure and mechanism of the Hsp90 molecular chaperone machinery. *Annual review of biochemistry*, *75*, 271–294. doi:10.1146/ANNUREV.BIOCHEM.75.103004.142738

Phookaew, P., Netrphan, S., Sojikul, P. ve Narangajavana, J. (2014). Involvement of miR164- and miR167-mediated target gene expressions in responses to water deficit in cassava. *Biologia Plantarum 2014 58:3*, *58*(3), 469–478. doi:10.1007/S10535-014-0410-0

Picard, D. (2002). Heat-shock protein 90, a chaperone for folding and regulation. *Cellular and molecular life sciences : CMLS*, *59*(10), 1640–1648. doi:10.1007/PL00012491

Pirkkala, L., Nykanen, P. ve Sistonen, L. (2001). Roles of the heat shock transcription factors in regulation of the heat shock response and beyond. *FASEB journal : official publication of the Federation of American Societies for Experimental Biology*, *15*(7), 1118–1131. doi:10.1096/FJ00-0294REV

Prodromou, C. (2006). Structure and Assembly of the PI3K-like Protein Kinases (PIKKs) Revealed by Electron Microscopy View project Special issue in Biomolecules on Hsp90, Structure, Mechanism and Disease. View project. *Article in Annual Review of Biochemistry*. doi:10.1146/annurev.biochem.75.103004.142738

Prodromou, C., Roe, S. M., O'Brien, R., Ladbury, J. E., Piper, P. W. ve Pearl, L. H. (1997). Identification and structural characterization of the ATP/ADP-binding site in the Hsp90 molecular chaperone. *Cell*, *90*(1), 65–75. doi:10.1016/S0092-8674(00)80314-1

Pu, Y., Walley, J. W., Shen, Z., Lang, M. G., Briggs, S. P., Estelle, M. ve Kelley, D. R. (2019). Quantitative Early Auxin Root Proteomics Identifies GAUT10, a Galacturonosyltransferase, as a Novel Regulator of Root Meristem Maintenance. *Molecular & Cellular Proteomics*, *18*(6), 1157–1170. doi:10.1074/mcp.RA119.001378

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

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:10.1016/J.BBRC.2013.01.104

Queitsch, C., Sangstert, T. A. ve Lindquist, S. (2002). Hsp90 as a capacitor of phenotypic variation. *Nature 2002 417:6889*, *417*(6889), 618–624. doi:10.1038/nature749

Qwais, A. (2022). The UN World Water Development Report 2022: Challenges and Opportunities for Groundwater.

Rabindran, S. K., Haroun, R. I., Clos, J., Wisniewski, J. ve Wu, C. (1993). Regulation of Heat Shock Factor Trimer Formation: Role of a Conserved Leucine Zipper. *Science*, *259*(5092), 230–234. doi:10.1126/SCIENCE.8421783

Rehman, A., Atif, R. M., Qayyum, A., Du, X., Hinze, L. ve Azhar, M. T. (2020). Genome-wide identification and characterization of HSP70 gene family in four species of cotton. *Genomics*, *112*(6), 4442–4453. doi:10.1016/J.YGENO.2020.07.039

Rigg, R. A., Mccarty, O. J. T. ve Aslan, J. E. (2018). Regulation of Heat Shock Protein Responses. *Heat Shock Protein Responses, Heat Shock Protein*, *13*(May), 361–378.

Rodrigues, F. A., de Laia, M. L. ve Zingaretti, S. M. (2009). Analysis of gene expression profiles under water stress in tolerant and sensitive sugarcane plants. *Plant Science*, *176*(2), 286–302. doi:10.1016/J.PLANTSCI.2008.11.007

Rodriguez, R. E., Mecchia, M. A., Debernardi, J. M., Schommer, C., Weigel, D. ve Palatnik, J. F. (2010). Control of cell proliferation in Arabidopsis thaliana by microRNA miR396. *Development*, *137*(1), 103–112. doi:10.1242/DEV.043067

Rose, A. B. (2008). Intron-Mediated Regulation of Gene Expression. *Current Topics in Microbiology and Immunology* içinde (C. 326, ss. 277–290). Springer, Berlin, Heidelberg. doi:10.1007/978-3-540-76776-3_15

Ruelland, E. ve Zachowski, A. (2010). How plants sense temperature. *Environmental and Experimental Botany*, *69*(3), 225–232. doi:10.1016/J.ENVEXPBOT.2010.05.011

Saijo, Y. (2010). ER quality control of immune receptors and regulators in plants. *Cellular Microbiology*, *12*(6), 716–724. doi:10.1111/J.1462-5822.2010.01472.X

Sailaja, B., Voleti, S. R., Subrahmanyam, D., Sarla, N., Prasanth, V. V., Bhadana, V. P. ve Mangrauthia, S. K. (2014). Prediction and expression analysis of miRNAs associated with heat stress in oryza sativa. *Rice Science*, *21*(1), 3–12. doi:10.1016/S1672-6308(13)60164-X

Sakurai, H. ve Enoki, Y. (2010). Novel aspects of heat shock factors: DNA recognition, chromatin modulation and gene expression. *The FEBS Journal*, *277*(20), 4140–4149. doi:10.1111/J.1742-4658.2010.07829.X

Sanchez, J. P. ve Chua, N. H. (2001). Arabidopsis PLC1 Is Required for Secondary Responses to Abscisic Acid Signals. *The Plant Cell*, *13*(5), 1143–1154. doi:10.1105/TPC.13.5.1143

Santhanagopalan, I., Basha, E., Ballard, K. N., Bopp, N. E., Vierling, E., Santhanagopalan, I., … Basha, E. (2015). Model Chaperones: Small Heat Shock Proteins from Plants. *Heat Shock Proteins*, *8*, 119–153. doi:10.1007/978-3-319-16077-1_5

Sarvepalli, K., das Gupta, M., Challa, K. R. ve Nath, U. (2018). Molecular cartography of leaf development-role of transcription factors. doi:10.1016/j.pbi.2018.08.002

Satish, L., Johnson, S., Wang, J. H. C., Post, J. C., Ehrlich, G. D. ve Kathju, S. (2010). Chaperonin Containing T-Complex Polypeptide Subunit Eta (CCT-eta) Is a Specific Regulator of Fibroblast Motility and Contractility. *PLOS ONE*, *5*(4), e10063. doi:10.1371/JOURNAL.PONE.0010063

Scharf, K. D., Berberich, T., Ebersberger, I. ve Nover, L. (2012). The plant heat stress transcription factor (Hsf) family: Structure, function and evolution. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms*, *1819*(2), 104–119. doi:10.1016/J.BBAGRM.2011.10.002

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

Semerci, A. (2022). Tarımsal Üretimde Kaynak Kullanım Etkinliğinin Belirlenmesi: Yağlık Ayçiçeği (Helianthus annuus, L.) Üretimi Örneği. *Turkish Journal of Agricultural and Natural Sciences*, *9*(2), 263–281.

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

Shen, Y. ve Hendershot, L. M. (2005). ERdj3, a stress-inducible endoplasmic reticulum DnaJ homologue, serves as a cofactor for BiP's interactions with unfolded substrates. *Molecular Biology of the Cell*, *16*(1), 40–50. doi:10.1091/MBC.E04-05-0434/ASSET/IMAGES/LARGE/ZMK0010529850008.JPEG

Sievers, F., Wilm, A., Dineen, D., Gibson, T. J., Karplus, K., Li, W., … Higgins, D. G. (2011). Fast, scalable generation of high-quality protein multiple sequence

alignments using Clustal Omega. *Molecular Systems Biology*, *7*(1), 539. doi:10.1038/msb.2011.75

Sim, A. Y., Minary, P. ve Levitt, M. (2012). Modeling nucleic acids. *Current Opinion in Structural Biology*, *22*(3), 273–278. doi:10.1016/j.sbi.2012.03.012

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

Škorić, D. (2009). Sunflower breeding for resistance to abiotic stresses. *Helia*, *32*(50), 1–16. doi:10.2298/HEL0950001S/MACHINEREADABLECITATION/RIS

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. doi:10.9787/pbb.2017.5.4.344

Song, Xiaoming, Liu, G., Duan, W., Liu, T., Huang, Z., Ren, J., … Hou, X. (2014). Genome-wide identification, classification and expression analysis of the heat shock transcription factor family in Chinese cabbage. *Molecular genetics and genomics : MGG*, *289*(4), 541–551. doi:10.1007/S00438-014-0833-5

Song, Xuewei, Duanmu, H., Yu, Y., Chen, C., Sun, X., Zhu, P., … Ding, X. (2017). GsJ11, identified by genome-wide analysis, facilitates alkaline tolerance in transgenic plants. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, *129*(3), 411–430. doi:10.1007/s11240-017-1188-5

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

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

Stebbins, C. E., Russo, A. A., Schneider, C., Rosen, N., Hartl, F. U. ve Pavletich, N. P. (1997). Crystal structure of an Hsp90-geldanamycin complex: targeting of a protein chaperone by an antitumor agent. *Cell*, *89*(2), 239–250. doi:10.1016/S0092-8674(00)80203-2

Sun, P., Zhang, Z. lu, Zu, Q. fang, Zhang, G. ying, Xiang, P., Lin, Y. ling, … Lin, J. ke. (2018). Identification of miRNAs and target genes regulating catechin biosynthesis in tea (Camellia sinensis). *Journal of Integrative Agriculture*, *17*(5), 1154–1164. doi:10.1016/S2095-3119(17)61654-X

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

Suyama, M., Torrents, D. ve Bork, P. (2006). PAL2NAL: robust conversion of protein sequence alignments into the corresponding codon alignments. *Nucleic Acids Research*, *34*(Web Server), W609–W612. doi:10.1093/nar/gkl315

Suzuki, N., Koussevitzky, S., Mittler, R. ve Miller, G. (2012). ROS and redox signalling in the response of plants to abiotic stress. *Plant, Cell & Environment*, *35*(2), 259–270. doi:10.1111/J.1365-3040.2011.02336.X

Süle, A., Vanrobaeys, F., Hajós, G., van Beeumen, J. ve Devreese, B. (2004). Proteomic analysis of small heat shock protein isoforms in barley shoots. *Phytochemistry*, *65*(12), 1853–1863. doi:10.1016/J.PHYTOCHEM.2004.03.030

Syadewi, M., Salamah, A., Maryanto, A. E. ve Andayani, N. (2021). Study of Heat Shock Protein (Hsp) 70 gene expression of Emilia sonchifolia L. and Sphagneticola trilobata L. in Universitas Indonesia, Depok and Kebun Raya Cibodas. *Journal of Physics: Conference Series*, *1725*(1), 012047. doi:10.1088/1742-6596/1725/1/012047

Tang, M., Xu, L., Wang, Y., Cheng, W., Luo, X., Xie, Y., … Liu, L. (2019). Genome-wide characterization and evolutionary analysis of heat shock transcription factors (HSFs) to reveal their potential role under abiotic stresses in radish (Raphanus sativus L.). *BMC Genomics*, *20*(1), 772. doi:10.1186/s12864-019-6121-3

Tang, R., Zhu, W., Song, X., Lin, X., Cai, J., Wang, M. ve Yang, Q. (2016). Genome-wide identification and function analyses of heat shock transcription factors in potato. *Frontiers in Plant Science*, *7*(APR2016), 490. doi:10.3389/FPLS.2016.00490/BIBTEX

Thakur, P., Kumar, S., Malik, J. A., Berger, J. D. ve Nayyar, H. (2010). Cold stress effects on reproductive development in grain crops: An overview. *Environmental and Experimental Botany*, *67*(3), 429–443. doi:10.1016/J.ENVEXPBOT.2009.09.004

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

Ul Haq, S., Khan, A., Ali, M., Khattak, A. M., Gai, W. X., Zhang, H. X., … Gong, Z. H. (2019). Heat Shock Proteins: Dynamic Biomolecules to Counter Plant Biotic and Abiotic Stresses. *International Journal of Molecular Sciences 2019, Vol. 20, Page 5321*, *20*(21), 5321. doi:10.3390/IJMS20215321

URL. (2022). *Ürün Masaları: Ayçiçeği Bülteni*. Ankara. https://www.tarimorman.gov.tr/BUGEM/Belgeler/B%C3%BCltenler/OCAK%202022/Ay%C3%A7i%C3%A7e%C4%9Fi%20Ocak%20B%C3%BClteni.pdf adresinden erişildi.

Uslu, Y. Z. (Temmuz). *Applicitons of CRISPR/CAS9 Technology in Sunflower (Helinthus annuus L.)*. (Yüksek Lisans Tezi). Marmara University, İstanbul.

Ünel, N. M. (2018). *Salatalıkta Isı Şoku Proteinlerinin Biyoinformatik Analizleri Ve Abiyotik Stres Koşullarına Tepkisinin Omiks Yaklaşımlar Kullanılarak İncelenmesi*. (Yüksek Lisans Tezi). Fen Bilimleri Enstitüsü, Kastamonu.

van Montfort, R., Slingsby, C. ve Vierling, E. (2001). Structure and function of the small heat shock protein/α-crystallin family of molecular chaperones. *Advances in Protein Chemistry*, *59*, 105–156. doi:10.1016/S0065-3233(01)59004-X

van Pelt-Verkuil, E., van Belkum, A. ve Hays, J. P. (2008). Analysis of PCR Amplification Products. *Principles and Technical Aspects of PCR Amplification*, 141–182. doi:10.1007/978-1-4020-6241-4_9

Vanderauwera, S., Zimmermann, P., Rombauts, S., Vandenabeele, S., Langebartels, C., Gruissem, W., … van Breusegem, F. (2005). Genome-Wide Analysis of Hydrogen Peroxide-Regulated Gene Expression in Arabidopsis Reveals a High Light-Induced Transcriptional Cluster Involved in Anthocyanin Biosynthesis . *Plant Physiology*, *139*(2), 806–821. doi:10.1104/pp.105.065896

Vierling, E. (2003). The Roles of Heat Shock Proteins in Plants Chaperone mediated protein quality control in Arabidopsis View project. *Article in Annual Review of Plant Biology*. doi:10.1146/annurev.pp.42.060191.003051

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

Wahid, A., Gelani, S., Ashraf, M. ve Foolad, M. R. (2007). Heat tolerance in plants: An overview. *Environmental and Experimental Botany*, *61*(3), 199–223. doi:10.1016/J.ENVEXPBOT.2007.05.011

Wall, D., Zylicz, M. ve Georgopoulos, C. (1994). The NH2-terminal 108 amino acids of the Escherichia coli DnaJ protein stimulate the ATPase activity of DnaK and are sufficient for lambda replication. *Journal of Biological Chemistry*, *269*(7), 5446–5451. doi:10.1016/S0021-9258(17)37706-2

Wang, F., Li, D., Chen, Q. ve Ma, L. (2016). Genome-wide survey and characterization of the small heat shock protein gene family in Bursaphelenchus xylophilus. *Gene*, *579*(2), 153–161. doi:10.1016/J.GENE.2015.12.047

Wang, W., Vinocur, B. ve Altman, A. (2003). Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: Towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta*, *218*(1), 1–14. doi:10.1007/S00425-003-1105-5/TABLES/1

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

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

Wang, Z., Gerstein, M. ve Snyder, M. (2009). RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nature Reviews Genetics 2008 10:1*, *10*(1), 57–63. doi:10.1038/nrg2484

Waters, E. R. (2013). The evolution, function, structure, and expression of the plant sHSPs. *Journal of Experimental Botany*, *64*(2), 391–403. doi:10.1093/JXB/ERS355

Whitesell, L., Mimnaugh, E. G., de Costa, B., Myers, C. E. ve Neckers, L. M. (1994). Inhibition of heat shock protein HSP90-pp60v-src heteroprotein complex formation by benzoquinone ansamycins: essential role for stress proteins in oncogenic transformation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, *91*(18), 8324–8328. doi:10.1073/PNAS.91.18.8324

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

Wittung-Stafshede, P., Guidry, J., Horne, B. E. ve Landry, S. J. (2003). The J-Domain of Hsp40 Couples ATP Hydrolysis to Substrate Capture in Hsp70†. *Biochemistry*, *42*(17), 4937–4944. doi:10.1021/BI027333O

Wu, A. S. ve Lindsay, R. K. (1996). A survey of intron research in genetics. *Lecture Notes in Computer Science (including subseries Lecture Notes in Artificial Intelligence and Lecture Notes in Bioinformatics)* içinde (C. 1141, ss. 101–110). Springer, Berlin, Heidelberg. doi:10.1007/3-540-61723-X_974

Wu, C. (1995). Heat shock transcription factors: Structure and regulation. *Annual Review of Cell and Developmental Biology*, *11*, 441–469. doi:10.1146/ANNUREV.CB.11.110195.002301

Wu, X., Qiao, Z., Liu, H., Acharya, B. R., Li, C. ve Zhang, W. (2017). CML20, an Arabidopsis Calmodulin-like Protein, Negatively Regulates Guard Cell ABA

Signaling and Drought Stress Tolerance. *Frontiers in Plant Science*, *8*. doi:10.3389/fpls.2017.00824

Xin, M., Wang, Y., Yao, Y., Xie, C., Peng, H., Ni, Z. ve Sun, Q. (2010). Diverse set of microRNAs are responsive to powdery mildew infection and heat stress in wheat (Triticum aestivum L.). *BMC Plant Biology*, *10*(1), 1–11. doi:10.1186/1471-2229-10-123/FIGURES/8

Xu, D., Mou, G., Wang, K. ve Zhou, G. (2014). MicroRNAs responding to southern rice black-streaked dwarf virus infection and their target genes associated with symptom development in rice. *Virus Research*, *190*, 60–68. doi:10.1016/J.VIRUSRES.2014.07.007

Xu, L., Wang, Y., Xu, Y., Wang, L., Zhai, L., Zhu, X., … Liu, L. (2013). Identification and characterization of novel and conserved microRNAs in radish (Raphanus sativus L.) using high-throughput sequencing. *Plant Science*, 108–114. doi:10.1016/j.plantsci.2012.11.010

Xu, W., Mimnaugh, E., Rosser, M. F. N., Nicchitta, C., Marcu, M., Yarden, Y. ve Neckers, L. (2001). Sensitivity of Mature ErbB2 to Geldanamycin Is Conferred by Its Kinase Domain and Is Mediated by the Chaperone Protein Hsp90 *. *Journal of Biological Chemistry*, *276*(5), 3702–3708. doi:10.1074/JBC.M006864200

Yang, T., Xue, L. ve An, L. (2007). Functional diversity of miRNA in plants. *Plant Science*. doi:10.1016/j.plantsci.2006.10.009

Ye, J., Yang, X., Hu, G., Liu, Q., Li, W., Zhang, L. ve Song, X. (2020). Genome-Wide Investigation of Heat Shock Transcription Factor Family in Wheat (Triticum aestivum L.) and Possible Roles in Anther Development. *International Journal of Molecular Sciences 2020, Vol. 21, Page 608*, *21*(2), 608. doi:10.3390/IJMS21020608

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

Yer, E. N., Baloglu, M. C., Ziplar, U. T., Ayan, S. ve Unver, T. (2016). Drought-Responsive Hsp70 Gene Analysis in Populus at Genome-Wide Level. *Plant Molecular Biology Reporter*, *34*(2), 483–500. doi:10.1007/S11105-015-0933-3/FIGURES/7

Yildiz, M. ve Terzioğlu, S. (2007). Yüksek Sıcaklık Stresinde Bitki Sıcaklık Şoku Proteinlerinin Rolü. *Anadolu University Journal of Sciences & Technology*, *8*(1).

Yousuf, P. Y., Shabir, P. A. ve Hakeem, K. R. (2021). miRNAomic Approach to Plant Nitrogen Starvation. doi:10.1155/2021/8560323

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

Zhang, Lin, Chen, W. ve Shi, B. (2020). Genome-wide analysis and expression profiling of the heat shock transcription factor gene family in Physic Nut (*Jatropha curcas* L.). *PeerJ*, *8*, e8467. doi:10.7717/peerj.8467

Zhang, Ling, 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*(September), 773. doi:10.3389/FPLS.2015.00773/BIBTEX

Zhang, M., Li, G., Huang, W., Bi, T., Chen, G., Tang, Z., … Sun, W. (2010). Proteomic study of Carissa spinarum in response to combined heat and drought stress. *PROTEOMICS*, *10*(17), 3117–3129. doi:10.1002/pmic.200900637

Zhang, N., Yang, J., Wang, Z., Wen, Y., Wang, J., He, W., … Wang, D. (2014). Identification of Novel and Conserved MicroRNAs Related to Drought Stress in Potato by Deep Sequencing. *PLOS ONE*, *9*(4), e95489. doi:10.1371/JOURNAL.PONE.0095489

Zhang, Q., Geng, J., Du, Y., Zhao, Q., Zhang, W., Fang, Q., … Du, J. (2022). Heat shock transcription factor (Hsf) gene family in common bean (Phaseolus vulgaris): genome-wide identification, phylogeny, evolutionary expansion and expression analyses at the sprout stage under abiotic stress. *BMC Plant Biology*, *22*(1), 33. doi:10.1186/s12870-021-03417-4

Zhao, Y., Xu, Z., Mo, Q., Zou, C., Li, W., Xu, Y. ve Xie, C. (2013). Combined small RNA and degradome sequencing reveals novel miRNAs and their targets in response to low nitrate availability in maize. *Annals of Botany*, *112*(3), 633–642. doi:10.1093/AOB/MCT133

Zheng, L., Nagpal, P., Villarino, G., Trinidad, B., Bird, L., Huang, Y. ve Reed, J. W. (2019). MiR167 limits anther growth to potentiate anther dehiscence. *Development (Cambridge)*, *146*(14). doi:10.1242/DEV.174375/264904/AM/MIR167-LIMITS-ANTHER-GROWTH-TO-POTENTIATE-ANTHER

Zhou, M., Zheng, S., Liu, R., Lu, J., Lu, L., Zhang, C., … Wu, Y. (2019). Genome-wide identification, phylogenetic and expression analysis of the heat shock

transcription factor family in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Genomics*, *20*(1), 505. doi:10.1186/s12864-019-5876-x

Zinn, K. E., Tunc-Ozdemir, M. ve Harper, J. F. (2010). Temperature stress and plant sexual reproduction: uncovering the weakest links. *Journal of Experimental Botany*, *61*(7), 1959–1968. doi:10.1093/JXB/ERQ053

EKLER

EK 1 Ayçiçeği HSF Protein Katalogu

Protein Adı	NCBI Erişim Numarası	Ayçiçeği Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı / Kararsız
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
HanHSF-01	XP_021968928.1	1	38,683,390	38,686,863	339	5,77	38811,66	49,78	Kararsız
HanHSF-02	XP_021972064.1	1	62,472,171	62,476,239	167	4,67	19067,19	31,08	Kararlı
HanHSF-03	XP_021972067.1	1	62,483,587	62,486,987	168	4,71	19203,37	26,87	Kararlı
HanHSF-04	XP_021974214.1	1	76,268,640	76,271,814	577	5,73	65998,27	33,5	Kararlı
HanHSF-05	XP_021981163.1	1	125,927,577	12,930,788	440	5,43	49511,61	57,74	Kararsız
HanHSF-06	XP_021981601.1	1	127,411,150	127,416,745	538	8,74	58724,26	37,26	Kararlı
HanHSF-07	XP_021986247.1	1	146,440,417	146,444,493	373	6,32	42228,06	51,56	Kararsız
HanHSF-08	XP_022015168.1	2	47,659,982	47,662,166	347	7,34	39052,82	45,24	Kararsız
HanHSF-09	XP_022026240.1	2	164,111,230	164,117,460	557	6,14	62873,71	40,72	Kararsız
HanHSF-10	XP_022027280.1	3	9,471,974	9,473,423	310	5,26	35257,53	65,96	Kararsız
HanHSF-11	XP_022028820.1	3	126,420,951	126,428,668	346	5,16	39953,73	62,72	Kararsız
HanHSF-12	XP_022028899.1	3	128,238,631	128,239,276	115	6,71	12687,49	38,97	Kararlı
HanHSF-13	XP_022028996.1	3	130,806,374	130,812,924	814	5,97	90709,33	44,13	Kararsız
HanHSF-14	XP_022031730.1	4	6,936,553	6,940,955	175	4,78	20157,58	37,26	Kararlı
HanHSF-15	XP_022033842.1	4	19,306,635	19,311,089	500	10,01	55219,86	40,35	Kararsız
HanHSF-16	XP_022034130.1	4	39,904,496	39,906,614	341	7,04	38252,92	47,3	Kararsız
HanHSF-17	XP_022035037.1	4	118,857,654	118,860,648	314	5,81	36648,34	66,37	Kararsız
HanHSF-18	XP_022035285.1	4	135,497,745	135,500,550	303	5,25	35433,52	47,06	Kararsız
HanHSF-19	XP_022032752.1	4	135,503,134	135,504,225	294	5,76	34336,58	44,05	Kararsız

EK 1’in devamı

HanHSF-20	XP_022039311.1	5	154,691,683	154,694,019	261	5,67	28654,02	31,79	Kararlı
HanHSF-21	XP_022038984.1	5	158,645,863	158,650,026	491	6,52	55692,55	37,52	Kararlı
HanHSF-22	XP_022039919.1	5	177,661,120	177,665,403	502	8,36	55729,96	42,25	Kararsız
HanHSF-23	XP_021969108.1	6	3,820,166	3,822,111	257	6,45	28655,43	49,69	Kararsız
HanHSF-24	XP_021968791.1	6	20,927,876	20,929,327	344	8,21	40358,25	49,99	Kararsız
HanHSF-25	XP_021969834.1	6	24,158,364	24,161,666	476	4,75	52947,89	56,31	Kararsız
HanHSF-26	XP_021970132.1	6	34,620,669	34,623,443	486	8,54	56049,13	45,37	Kararsız
HanHSF-27	XP_021970691.1	6	69,230,132	69,233,833	574	5,96	63789,26	40,34	Kararsız
HanHSF-28	XP_021972802.1	7	38,360,801	38,363,103	205	5,05	22828,28	66,83	Kararsız
HanHSF-29	XP_021973426.1	7	72,255,894	72,259,943	542	6,99	61143,76	40,53	Kararsız
HanHSF-30	XP_021974026.1	7	91,542,817	91,547,696	419	8,23	46354,64	33,81	Kararlı
HanHSF-31	XP_021974244.1	7	101,624,902	101,626,705	570	8,22	64123,39	33,07	Kararlı
HanHSF-32	XP_021976548.1	8	19,377,004	19,379,354	373	9,02	42941,65	33,42	Kararlı
HanHSF-33	XP_021976766.1	8	30,228,307	30,231,155	590	9,07	63427,61	43,58	Kararsız
HanHSF-34	XP_021977446.1	8	65,254,519	65,257,511	333	5,48	38499,76	49,47	Kararsız
HanHSF-35	XP_021978004.1	8	104,604,651	104,608,618	493	8,99	56826,91	50,13	Kararsız
HanHSF-36	XP_021981154.1	9	27,812,241	27,816,607	572	6,48	61158,29	36,53	Kararlı
HanHSF-37	XP_021981634.1	9	70,426,147	70,430,128	227	6,25	25683,29	31,2	Kararlı
HanHSF-38	XP_021982728.1	9	146,741,755	146,744,508	262	6,96	29360,71	34,26	Kararlı
HanHSF-39	XP_021982746.1	9	148,062,188	148,066,311	437	9,39	49720,41	50,93	Kararsız
HanHSF-40	XP_021983621.1	9	180,968,160	180,969,731	353	8,16	39606,6	49,76	Kararsız
HanHSF-41	XP_021980573.1	9	181,992,639	181,994,991	495	8,46	56048,33	36,51	Kararlı
HanHSF-42	XP_021988950.1	10	68,440,685	68,443,434	228	9,31	26352,92	59,12	Kararsız
HanHSF-43	XP_021988740.1	10	112,381,083	112,384,009	599	6,54	66373,56	45,9	Kararsız
HanHSF-44	XP_021990479.1	10	178,788,873	178,791,063	281	6,62	32548,7	58,07	Kararsız

EK 1’in devamı

HanHSF-45	XP_021990559.1	10	180,524,851	180,527,310	371	5,37	43858,63	54,09	Kararsız
HanHSF-46	XP_021992277.1	11	1,451,502	1,457,329	564	6,65	63387,95	31,81	Kararlı
HanHSF-47	XP_021992579.1	11	17,593,622	17,600,962	517	8,43	57158,47	36,15	Kararlı
HanHSF-48	XP_021992587.1	11	18,447,117	18,449,808	359	5,05	41914,45	50,92	Kararsız
HanHSF-49	XP_021992708.1	11	23,669,748	23,673,242	504	9,19	58199,17	43,71	Kararsız
HanHSF-50	XP_021993394.1	11	72,115,358	72,118,875	366	5,27	40054,58	37,03	Kararlı
HanHSF-51	XP_021994004.1	11	122,236,006	122,237,980	575	8,84	64730,82	42,09	Kararsız
HanHSF-52	XP_021994199.1	11	134,110,444	134,113,401	439	5,33	49336,46	54,27	Kararsız
HanHSF-53	XP_021989740.1	11	144,916,706	144,929,444	965	6,47	108905,91	47,92	Kararsız
HanHSF-54	XP_021994732.1	11	159,126,027	159,127,898	128	5,39	14132,98	57,12	Kararsız
HanHSF-55	XP_021996529.1	12	1,422,288	1,423,787	340	8,5	40214,26	50,99	Kararsız
HanHSF-56	XP_021996603.1	12	2,915,980	2,917,224	245	5,44	28164,71	62,82	Kararsız
HanHSF-57	XP_021995877.1	12	82,763,260	82,771,429	617	6,4	68994,89	39,08	Kararlı
HanHSF-58	XP_021998640.1	12	115,294,105	115,297,990	280	8,67	31172,08	45,91	Kararsız
HanHSF-59	XP_022000174.1	13	42,211,690	42,216,971	168	4,67	19277,49	30,05	Kararlı
HanHSF-60	XP_022000328.1	13	56,184,533	56,188,621	504	9,45	58159,41	47,65	Kararsız
HanHSF-61	XP_022000384.1	13	61,339,256	61,342,936	420	4,82	46577,18	46,25	Kararsız
HanHSF-62	XP_022000402.1	13	62,437,086	62,438,837	311	5,33	33975	56,33	Kararsız
HanHSF-63	XP_022000793.1	13	86,337,063	86,339,196	341	5,17	39235,64	57,16	Kararsız
HanHSF-64	XP_022000845.1	13	88,644,134	88,646,232	490	5,65	55291,9	53,43	Kararsız
HanHSF-65	XP_022001701.1	13	132,959,940	132,963,036	361	5,38	41633,65	61,98	Kararsız
HanHSF-66	XP_022001926.1	13	146,295,951	146,309,175	800	5,93	89482,94	45,3	Kararsız
HanHSF-67	XP_022009240.1	14	76,635,046	76,637,765	471	7,11	52071,39	41,24	Kararsız
HanHSF-68	XP_022009821.1	14	112,219,279	112,222,846	314	5,54	35016,7	54,98	Kararsız
HanHSF-69	XP_022005724.1	14	145,469,160	145,473,923	536	7,25	60113,57	38,69	Kararlı

EK 1’in devamı

HanHSF-70	XP_022006676.1	14	173,008,614	173,010,516	334	5,33	36394,3	60,12	Kararsız
HanHSF-71	XP_022011155.1	15	26,080,577	26,086,566	721	5,67	80053,8	41,63	Kararsız
HanHSF-72	XP_022011564.1	15	41,410,561	41,416,456	529	7,66	57755,09	39,58	Kararlı
HanHSF-73	XP_022012337.1	15	82,562,748	82,583,472	597	7,5	64231,01	41,83	Kararsız
HanHSF-74	XP_022012487.1	15	91,889,435	91,892,734	471	7,13	51.980	41,46	Kararsız
HanHSF-75	XP_022014806.1	15	131,265,212	131,268,257	931	9	105562,4	38,63	Kararlı
HanHSF-76	XP_022018112.1	16	55,281,980	55,283,312	303	8,96	34660,47	50,19	Kararsız
HanHSF-77	XP_022017693.1	16	83,828,376	83,833,760	598	6,27	65980,62	42,74	Kararsız
HanHSF-78	XP_022016929.1	16	91,878,580	91,881,048	546	6,16	60673,77	41,71	Kararsız
HanHSF-79	XP_022016046.1	16	95,158,431	95,161,167	188	5,16	22510,46	42,46	Kararsız
HanHSF-80	XP_022015984.1	16	128,513,065	128,515,097	389	5,07	44572,7	49,78	Kararsız
HanHSF-81	XP_022017696.1	16	150,483,495	150,489,623	825	5,52	88849,61	51,92	Kararsız
HanHSF-82	XP_022016011.1	16	184,525,569	184,532,440	595	7,1	64329,34	40,6	Kararsız
HanHSF-83	XP_022022504.1	17	13,987,371	13,990,190	832	6,55	92814,91	34,8	Kararlı
HanHSF-84	XP_022020548.1	17	16,535,119	16,538,181	464	4,79	51803,55	52,66	Kararsız
HanHSF-85	XP_022020490.1	17	55,101,631	55,107,090	528	7,69	57524,85	35,87	Kararlı
HanHSF-86	XP_022025937.1	17	132,737,450	132,739,568	559	5,89	60150,32	41,48	Kararsız
HanHSF-87	XP_022020543.1	17	146,170,100	146,175,605	811	5,55	87619,2	50,41	Kararsız
HanHSF-88	XP_022021057.1	17	184,744,799	184,748,799	381	6,22	42807,53	49,28	Kararsız

EK 2 Ayçiçeği HSF Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
HanHSF-01	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-7a benzeri	339	0.0	77.02	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek; C: zarın integral bileşeni	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-02	muhtemel kalsiyum bağlayıcı protein CML20	167	1,3E-114	86.83	P:mitotik hücre döngüsü; P:DNA onarımı; F: kalsiyum iyonu bağlama; C: sitoplazma; C: merkezcil	F: kalsiyum iyonu bağlama
HanHSF-03	muhtemel kalsiyum bağlayıcı protein CML20	168	5,3E-113	95.23	P:mitotik hücre döngüsü; P:DNA onarımı; P: stoma hareketinde yer alan absisik asitle aktive olan sinyal yolu; F: kalsiyum iyonu bağlama; C: sitoplazma; C: merkezcil; C: plazma zarı	F: kalsiyum iyonu bağlama
HanHSF-04	kanatlı sarmal dönüşlü sarmal DNA bağlama alanı, Isı şoku transkripsiyon faktörü ailesi	577	0.0	67.69	F:DNA bağlanması; C: hücre içi zarla çevrili organel	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 2'nin devamı

HanHSF-05	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-5	440	0.0	78.72	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-06	karboksil terminali işleyen peptidaz 2, kloroplastik	538	0.0	88.08	P: proteoliz; F: endopeptidaz aktivitesi; F: serin tipi peptidaz aktivitesi; C: mitokondri; C: zarın integral bileşeni; C: tilakoid lümen	P: proteoliz; F: protein bağlanması; F:serin tipi peptidaz aktivitesi
HanHSF-07	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4c	373	0.0	72.65	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-08	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4 benzeri	347	0.0	76.83	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-09	serin/treonin-protein kinaz SRPK benzeri	557	0.0	82.69	P: spliceosomal kompleks montajı; P:protein fosforilasyonu; P:hücre içi sinyal iletimi; P:mRNA işlemenin düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F: protein serin kinaz aktivitesi; F: protein treonin kinaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitoplazma	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama

EK 2’nin devamı

HanHSF-10	ısı stresi transkripsiyon faktörü C-1 benzeri	310	0.0	69.55	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-11	Isı şok faktörü (HSF) tipi, DNA bağlama	346	0.0	87.68	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-12	ısı şok faktörü proteini HSF8	115	1,58E-48	88.73	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-13	kinesin benzeri protein KIN-13A	814	0.0	86,95	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; P:mikrotübül tabanlı hareket; P: mikrotübül depolimerizasyonu; P:bitki tipi ikincil hücre duvarı biyogenezi; P:trikom morfogenezi; P: metaksilem geliştirme; P: hücre duvarı organizasyonunun veya biyogenezin düzenlenmesi; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:ATP'ye bağlı mikrotübül motor aktivitesi; C: çekirdek; C: Golgi yığını; C: mikrotübül; C: plazma zarı; C: ikincil hücre duvarı	P:mikrotübül tabanlı hareket; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:ATP'ye bağlı mikrotübül motor aktivitesi
HanHSF-14	muhtemel kalsiyum bağlayıcı protein CML20	175	2,1E-119	84.81	P:mitotik hücre döngüsü; P:DNA onarımı; F: kalsiyum iyonu bağlama; C: sitoplazma; C: merkezcil	F: kalsiyum iyonu bağlama
HanHSF-15	RNA bağlayıcı protein 34	500	0.0	77.57	F:RNA bağlanması	F:nükleik asit bağlanması
HanHSF-16	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4 benzeri	341	0.0	76.73	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-17	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-6b benzeri izoform X1	314	0.0	81.99	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek; C: zarın integral bileşeni	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-18	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4c	303	0.0	75.78	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-19	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4c	294	0.0	74.65	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-20	ABC taşıyıcı I aile üyesi 17	261	0.0	89.56	P:alüminyum iyonuna tepki; P:UDP-glukoz transmembran taşınması; P:fosfat iyonu transmembran taşınması; F: inorganik fosfat transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:UDP-glukoz transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPase-bağlı transmembran taşıyıcı aktivite; C: vezikül zarı	P:fosfat iyonu transmembran taşınması; F: inorganik fosfat transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: zar
HanHSF-21	varsayılan sitokrom P450	491	0.0	87.77	F: monooksijenaz aktivitesi; F: demir iyonu bağlama; F: oksidoredüktaz aktivitesi, moleküler oksijenin dahil edilmesi veya indirgenmesi ile eşleştirilmiş donörler üzerinde hareket eder; F: heme bağlama; C: zarın integral bileşeni	F: monooksijenaz aktivitesi; F: demir iyonu bağlama; F: oksidoredüktaz aktivitesi, moleküler oksijenin dahil edilmesi veya indirgenmesi ile eşleştirilmiş donörler üzerinde hareket eder; F: heme bağlama

EK 2’nin devamı

HanHSF-22	serin hidroksimetiltransferaz, mitokondriyal benzeri	502	0.0	93.18	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması
HanHSF-23	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2b	257	2,7E-171	72.39	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-24	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-2 benzeri	344	0.0	70.49	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: protein bağlanması; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-24	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-2 benzeri	344	0.0	70.49	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: protein bağlanması; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 2'nin devamı

HanHSF-25	ısı şok faktörü proteini HSF8	476	0.0	79.01	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-26	varsayılan N-asetilgalaktosaminid beta-1,3-galaktosiltransferaz	486	0.0	84.16	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	GO şartları yok
HanHSF-27	serin hidroksimetiltransferaz 7 benzeri	574	0.0	87.65	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma; C: zarın integral bileşeni	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması
HanHSF-28	ökaryotik başlatma faktörü 4A	205	3,1E-145	87.02	F: sarmal aktivite	
HanHSF-29	serin/treonin-protein kinaz SRPK benzeri	542	0.0	84.73	P: spliceosomal kompleks montajı; P:protein fosforilasyonu; P: proteoliz; P:hücre içi sinyal iletimi; P:mRNA işlemenin düzenlenmesi; F: aspartik tip endopeptidaz aktivitesi; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: sitoplazma	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama

EK 2’nin devamı

HanHSF-30	tRNA (guanin(26)-N(2))-dimetiltransferaz	419	0.0	82.63	P:tRNA N2-guanin metilasyonu; F:tRNA bağlanması; F:tRNA (guanin-N2-)-metiltransferaz aktivitesi; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	P:tRNA işleme; F:RNA bağlanması; F:tRNA (guanin-N2-)-metiltransferaz aktivitesi
HanHSF-31	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At2g22410, mitokondriyal benzeri	570	0.0	84.54		F: protein bağlama
HanHSF-32	varsayılan yağ asidi desatüraz alanı içeren protein	373	0.0	89.8	P:lipid metabolik süreç; F: oksidoredüktaz aktivitesi, moleküler oksijenin iki molekül suya indirgenmesiyle sonuçlanan bir çift donörün oksidasyonu ile çift donörler üzerinde etki eder; C: zarın integral bileşeni	P:lipid metabolik süreç; F: oksidoredüktaz aktivitesi, moleküler oksijenin iki molekül suya indirgenmesiyle sonuçlanan bir çift donörün oksidasyonu ile çift donörler üzerinde etkilidir.
HanHSF-33	3-hidroksi-3-metilglutaril koenzim A redüktaz	590	0.0	89.33	P: ışığın yokluğuna tepki; P: jasmonik aside yanıt; P:koenzim A metabolik süreç; P:triterpenoid biyosentetik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; P:saponin biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C:peroksizomal membran; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni; C:kloroplast zarı	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, donörlerin CH-OH grubuna etki eder, alıcı olarak NAD veya NADP

EK 2’nin devamı

HanHSF-34	Isı şok faktörü (HSF) tipi, DNA bağlama	333	0.0	73.17	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-35	glikoprotein-N-asetilgalaktozamin 3-beta-galaktosiltransferaz 1	493	0.0	87.47	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; F:glikoprotein-N-asetilgalaktozamin 3-beta-galaktosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	GO şartları yok
HanHSF-36	3-hidroksi-3-metilglutaril koenzim A redüktaz	572	0.0	89.44	P: ışığın yokluğuna tepki; P: jasmonik aside yanıt; P:koenzim A metabolik süreç; P:triterpenoid biyosentetik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; P:saponin biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C:peroksizomal membran; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni; C:kloroplast zarı	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, donörlerin CH-OH grubuna etki eder, alıcı olarak NAD veya NADP
HanHSF-37	transmembran emp24 alanı içeren protein p24beta3	227	2,1E-147	94.62	P:hücre içi protein taşınması; P:endoplazmik retikulumdan Golgi vezikül aracılı taşımaya; P:Golgi organizasyonu; C: vakuol; C: endoplazmik retikulum; C:endoplazmik retikulum-Golgi ara bölmesi; C: Golgi aygıtı; C: zarın integral bileşeni; C: COPII kaplı ER'den Golgi taşıma keseciğine	
HanHSF-38	ısı şok faktörü proteini HSF24 benzeri	262	2,9E-138	75.41	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-39	SRSF protein kinaz 1-benzeri	437	0.0	85.29	P: spliceosomal kompleks montajı; P:protein fosforilasyonu; P:hücre içi sinyal iletimi; P:mRNA işlemenin düzenlenmesi; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: sitoplazma	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHSF-40	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4	353	0.0	75.82	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-41	sitokrom P450 71A4 benzeri	495	0.0	82.44	F: monooksijenaz aktivitesi; F: demir iyonu bağlama; F: oksidoredüktaz aktivitesi, moleküler oksijenin dahil edilmesi veya indirgenmesi ile eşleştirilmiş donörler üzerinde hareket eder; F: heme bağlama; C: zarın integral bileşeni	F: monooksijenaz aktivitesi; F: demir iyonu bağlama; F: oksidoredüktaz aktivitesi, moleküler oksijenin dahil edilmesi veya indirgenmesi ile eşleştirilmiş donörler üzerinde hareket eder; F: heme bağlama
HanHSF-42	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-3	228	1,5E-157	84.98	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-43	serin hidroksimetiltransferaz 7 benzeri	599	0.0	84.32	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma; C: zarın integral bileşeni	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-45	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-2 benzeri	371	0.0	78.23	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: protein bağlanması; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-46	varsayılan pentatrikopeptid tekrar içeren protein At5g52630	564	0.0	83.81	F: çinko iyonu bağlama	F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHSF-47	serin hidroksimetiltransferaz 1, mitokondriyal	517	0.0	96.36	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: mitokondri	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması
HanHSF-48	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4c	359	0.0	71.78	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-49	karakterize edilmemiş protein LOC110889484	504	0.0	88.04	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHSF-50	serbest bırakma faktörü glutamin metiltransferaz	366	0.0	83.63	P: protein metilasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F: protein metiltransferaz aktivitesi; F:protein-(glutamin-N5) metiltransferaz aktivitesi	P: protein metilasyonu; F:protein metiltransferaz aktivitesi

EK 2'nin devamı

HanHSF-51	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At3g12770 benzeri	575	0.0	77.48		F: protein bağlama
HanHSF-52	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-5	439	0.0	75.63	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-53	kromozom iletim aslına uygunluk proteini 18 homologu	965	0.0	79.78	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHSF-54	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-3	128	3,99E-70	85.28	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek; C: zarın integral bileşeni	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-55	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-2 benzeri	340	0.0	69.47	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: protein bağlanması; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-56	ısı stresi transkripsiyon faktörü C-1 benzeri	245	0.0	72.74	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 2'nin devamı

HanHSF-57	Pentatrikopeptit tekrar içeren protein	617	0.0	78.0	P: fosforilasyon; F: nükleotid bağlanması; F: protein kinaz aktivitesi; C: zar	F: protein bağlama
HanHSF-58	ısı şok faktörü proteini HSF24 benzeri	280	7,1E-123	76.45	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-59	muhtemel kalsiyum bağlayıcı protein CML20	168	1,9E-112	94.77	P:mitotik hücre döngüsü; P:DNA onarımı; P: stoma hareketinde yer alan absisik asitle aktive olan sinyal yolu; F: kalsiyum iyonu bağlama; C: sitoplazma; C: merkezcil; C: plazma zarı	F: kalsiyum iyonu bağlama
HanHSF-60	karakterize edilmemiş protein LOC110897902	504	0.0	87.89	F:asetilglukosaminiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHSF-61	ısı şok faktörü proteini HSF8	420	0.0	71.65	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-62	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2a benzeri	311	0.0	72.42	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-63	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-3 benzeri	341	0.0	70.33	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-64	UDP-glikosiltransferaz 73E1 benzeri	490	0.0	82.73	F:UDP-glikosiltransferaz aktivitesi; F: karbonhidrat bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:UDP-glikosiltransferaz aktivitesi
HanHSF-65	Isı şok faktörü (HSF) tipi, DNA bağlama	361	0.0	86.06	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-66	kinesin benzeri protein KIN-13A	800	0.0	86.87	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; P:mikrotübül tabanlı hareket; P: mikrotübül depolimerizasyonu; P:bitki tipi ikincil hücre duvarı biyogenezi; P:trikom morfogenezi; P: metaksilem geliştirme; P: hücre duvarı organizasyonunun veya biyogenezin düzenlenmesi; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:ATP'ye bağlı mikrotübül motor aktivitesi; C: çekirdek; C: Golgi yığını; C: mikrotübül; C: plazma zarı; C: ikincil hücre duvarı	P:mikrotübül tabanlı hareket; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F:ATP'ye bağlı mikrotübül motor aktivitesi
HanHSF-67	serin hidroksimetiltransferaz 4	471	0.0	97.11	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-68	kırmızı klorofil katabolit redüktaz, kloroplastik	314	0.0	86.47	P:bitki tipi aşırı duyarlı tepkinin düzenlenmesi; P: klorofil katabolik süreç; F: kırmızı klorofil katabolit redüktaz aktivitesi; C: mitokondri; C: sitozol; C:kloroplast stroması; C: kloroplast zarf	F: kırmızı klorofil katabolit redüktaz aktivitesi
HanHSF-69	serin/treonin-protein kinaz SRPK	536	0.0	87.31	P: spliceosomal kompleks montajı; P:protein fosforilasyonu; P: proteoliz; P:hücre içi sinyal iletimi; P:mRNA işlemenin düzenlenmesi; F: aspartik tip endopeptidaz aktivitesi; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: sitoplazma	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHSF-70	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-2a benzeri	334	0.0	70.72	F: diziye özgü DNA bağlanması; C: zar	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-71	homeobox-lösin fermuar proteini MERISTEM L1 benzeri izoform X1	721	0.0	87.72	F:DNA bağlanması; F:lipid bağlanması; C: çekirdek; C: zarın integral bileşeni	F:DNA bağlanması; F: lipid bağlama
HanHSF-72	serin hidroksimetiltransferaz 3, kloroplastik	529	0.0	92.28	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-73	3-hidroksi-3-metilglutaril-koenzim A redüktaz 3-benzeri	597	0.0	89.36	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C:peroksizomal membran; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, donörlerin CH-OH grubuna etki eder, alıcı olarak NAD veya NADP
HanHSF-74	serin hidroksimetiltransferaz 4	471	0.0	97.19	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması
HanHSF-75	varsayılan RNA-yönelimli DNA polimeraz	931	0.0	71.7	P:RNA'ya bağımlı DNA biyosentetik süreci; F:RNA-yönelimli DNA polimeraz aktivitesi	
HanHSF-76	ısı stresi transkripsiyon faktörü B-4 benzeri	303	0.0	66.65	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:diziye özgü DNA bağlanması	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-77	serin hidroksimetiltransferaz 7 benzeri	598	0.0	87.93	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma; C: zarın integral bileşeni	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması

EK 2’nin devamı

HanHSF-78	varsayılan pentatrikopeptid tekrar içeren protein At5g37570	546	0.0	82.17	P:RNA modifikasyonu; F:RNA bağlanması; C: hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlama
HanHSF-79	1,2-dihidroksi-3-keto-5-metiltiyopenten dioksijenaz 1	188	4,4E-119	91.23	Metiltioadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F: demir iyonu bağlama; F: asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; C: çekirdek; C: sitoplazma	Metiltioadenozinden P:L-metiyonin kurtarma; F: asiredükton dioksijenaz [demir(II) gerektiren] aktivite; F:oksidoredüktaz aktivitesi
HanHSF-80	ısı stresi transkripsiyon faktörü A-4a benzeri	389	0.0	74.24	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-81	homeobox-lösin fermuar proteini ANTOSİYANİNSİZ 2	825	0.0	91.19	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F:lipid bağlanması; C: çekirdek	F:DNA bağlanması; F: lipid bağlama
HanHSF-82	3-hidroksi-3-metilglutaril-koenzim A redüktaz 3-benzeri	595	0.0	90.14	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C:peroksizomal membran; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, donörlerin CH-OH grubuna etki eder, alıcı olarak NAD veya NADP
HanHSF-83	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At4g21300	832	0.0	82.94	P:RNA modifikasyonu; F:RNA bağlanması; C: hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlama

EK 2'nin devamı

HanHSF-84	ısı şok faktörü proteini HSF8 benzeri	464	0.0	79,5	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması
HanHSF-85	serin hidroksimetiltransferaz 3, kloroplastik benzeri	528	0.0	92.71	P:L-serin katabolik süreç; P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:metilasyon; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; P:folik asit metabolik süreci; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F:metiltransferaz aktivitesi; F:çinko iyon bağlama; F: piridoksal fosfat bağlanması; F: kobalt iyon bağlama; F: serin bağlama; C: sitoplazma	P:serinden glisin biyosentetik işlemi; P:tetrahidrofolat ara dönüşümü; F: katalitik aktivite; F:glisin hidroksimetiltransferaz aktivitesi; F: piridoksal fosfat bağlanması
HanHSF-86	varsayılan hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH)	559	0.0	86.39	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; P:sterol biyosentetik süreci; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz aktivitesi; C:peroksizomal membran; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	P: izoprenoid biyosentetik süreç; P:koenzim A metabolik süreç; F:hidroksimetilglutaril-CoA redüktaz (NADPH) aktivitesi; F: protein bağlanması; F: oksidoredüktaz aktivitesi, donörlerin CH-OH grubuna etki eder, alıcı olarak NAD veya NADP
HanHSF-87	homeobox-lösin fermuar proteini ANTOSİYANİNSİZ 2 benzeri izoform X1	811	0.0	90.89	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi, RNA polimeraz II'ye özgü; F:DNA bağlanması; F:lipid bağlanması; C: çekirdek	F:DNA bağlanması; F: lipid bağlama
HanHSF-88	Isı stresi transkripsiyon faktörü A-4a	381	0.0	70.94	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P: ısıya hücresel tepki; F:RNA polimeraz II cis düzenleyici bölge dizisine özgü DNA bağlanması; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; C: çekirdek	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:diziye özgü DNA bağlanması

EK 3 Ayçiçeği HSF Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Arachis hypogaea					
ahy-miR167-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Arabidopsis lyrata					
aly-miR167a-5p, aly-miR167b-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
aly-miR167d-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	CUGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
aly-miR838-3p	HanHSF-60	3.0	8.851	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	GUGGAAAAAGGAGGAGAAAA
aly-miR837-5p	HanHSF-87	3.0	17.571	CAUUGUUUCUUGUUUUUUUCA	UGGGAGGAACAAGAAACGGUG
aly-miR3441-3p.2	HanHSF-25	3.0	15.518	AACGACUUCAUCUUCUUUGC	AUAAAGAAGACGGAGUCGUU
Arabidopsis thaliana					
ath-miR167a-5p, ath-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ath-miR167d	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	CUGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ath-miR414	HanHSF-43	3.0	9.759	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	AACGAUGAAGAAGAAGAUGA
ath-miR780.1	HanHSF-85	3.0	19.25	UCUAGCAGCUGUUGAGCAGG	CUUGCUAAACGGUUGUUAGA
ath-miR831-3p	HanHSF-33	3.0	20.416	UGAUCUCUUCGUACUCUUCUU	GAGAGGAGGACGGGGAGAUCG
ath-miR4221	HanHSF-48	2.0	17.379	UUUUCCUCUGUUGAAUUCUU	AAGACUUCAUUAGAGGAAAA
ath-miR4239	HanHSF-43	3.0	19.838	UUUGUUAUUUUCGCAUGCUCC	GGAGCAUGGUAAAAUGGCAAA
ath-miR5658	HanHSF-11	3.0	20.431	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	UUCGUCUUCAUCGUCGUCGU
Aegilops tauschii					
ata-miR167a-5p, ata-miR167c-5p, ata-miR167e-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA

EK 3'ün devamı

ata-miR167b-5p, ata-miR167d-5p, ata-miR167f-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Amborella trichopoda					
atr-miR167	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Arachis hypogaea					
ahy-miR167-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Brachypodium distachyon					
bdi-miR167a, bdi-miR167b, bdi-miR167f	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
bdi-miR5167a-5p	HanHSF-66	2.0	15.932	CCACUUUGGGUGUCAUUGGUA	UGCCAAUGAUACCAAGAGUGG
bdi-miR167c-5p, bdi-miR167d-5p, bdi-miR167e-5p, bdi-miR167g	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Brassica napus					
bna-miR167a, bna-miR167b, bna-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
bna-miR167d	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Brassica oleracea					
bol-miR9409	HanHSF-17	3.0	11.005	UUUUGUUCAUGACUGCAUUUUC	GAAGAUGUUGUUAUGAACAAGA
Brassica rapa					
bra-miR167a, bra-miR167b, bra-miR167c, bra-miR167d	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
bra-miR5711	HanHSF-05	3.0	14.536	UGUUUUGUGGGUUUCUACCG	CGGUGGAAGUCCACAAAUCA
bra-miR5711	HanHSF-08	3.0	12.569	UGUUUUGUGGGUUUCUACCG	UGGUGGAGACUCAUAAAGCA
bra-miR5711	HanHSF-16	3.0	21.455	UGUUUUGUGGGUUUCUACCG	UGGUGGAGACUCAUAAAGCA
bra-miR6032-5p	HanHSF-46	3.0	19.826	AACAUGGAGCAUCAACAGAU	GUCUGUUGAUGCUUUAUCUU

EK 3'ün devamı

Cynara cardunculus					
cca-miR167	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	CUGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Citrus clementina					
ccl-miR167a, ccl-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Cucumis melo					
cme-miR167a, cme-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
cme-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
cme-miR167d, cme-miR167f	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
cme-miR858	HanHSF-69	3.0	14.309	UCUCGUUGUCUG-UUCGACCUU	GAGGUUGAAGCAGAUAACGAGA
Carica papaya					
cpa-miR167a, cpa-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
cpa-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
cpa-miR167d	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Citrus sinensis					
csi-miR167a, csi-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
csi-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
csi-miR3948	HanHSF-73	3.0	5.583	UGGAGUGGGAGUGGGAGUAG	GCACUCCCACUCCCACUUUA
Citrus trifoliata					
ctr-miR167	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Digitalis purpurea					
dpr-miR167a	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
dpr-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
dpr-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA

EK 3'ün devamı

Ectocarpus siliculosus					
esi-miR3453-3p	HanHSF-16	2.0	14.289	GGCGGACGAUUGAGGAGAAGUU	AACUUCUCCUCGUUUGUUCGCC
Gossypium hirsutum					
ghr-miR167a	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ghr-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Glycine max					
gma-miR167a, gma-miR167b, gma-miR167d	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
gma-miR167c, gma-miR167g, gma-miR167j	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
gma-miR167e, gma-miR167f	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
gma-miR2108a	HanHSF-22	3.0	20.499	UUAAUGUGUUGUGUUUGUCG	UGACAACCACAACACAUAAA
gma-miR4350	HanHSF-57	3.0	16.626	UCAAAUGAUUUUGUGUCGUU	CAUGAUUCAAAAUCAUUUGA
gma-miR5041-3p	HanHSF-21	3.0	18.209	GUUGAGCAAGUUGAAGAUGA	UCAUCUUGGACUUGUUUAAU
gma-miR5678	HanHSF-53	3.0	15.037	UUCCAUGAUAAGAUCUUUGA	UUGAAGGUCUUAUGAUGGAA
gma-miR5783	HanHSF-11	3.0	19.698	GACGACGACGGGGAGGACGCGC	GUUCGUCUUCAUCGUCGUCGUC
Gossypium raimondii					
gra-miR7503b	HanHSF-04	3.0	9.155	AACCGAUGGUUGAACAUGUU	GAAGUGUUCAACAAUCGGUU
gra-miR8762e	HanHSF-20	3.0	23.986	UUUUUAACUUUACUGACAUGGCAU	AAGAUGUGUUGGUGAAGUUAAAGA
gra-miR8777	HanHSF-66	3.0	12.462	UUUCCAAUAGAAGAAUGACA	CGUGAUUCUUUUGUUGGAAA
Glycine soja					
gso-miR167a	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Hordeum vulgare					
hvu-miR5048a, hvu-miR5048b	HanHSF-39	3.0	9.08	UAUUUGCAGGUUUUAGGUCU	GGACCUAAAACCCGAAAAUA
lja-miR167	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA

EK 3'ün devamı

Lotus japonicus					
lja-miR167	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
lja-miR167a, lja-miR167b, lja-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
lja-miR7520	HanHSF-63	3.0	8.675	GAGGGGGAAGGUGAUGACAU	AUUUCAUCAUCUUCUUCUUC
Linum usitatissimum					
lus-miR167a, lus-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
lus-miR167c, lus-miR167d, lus-miR167e, lus-miR167h	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
lus-miR167f, lus-miR167g, lus-miR167i	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Malus domestica					
mdm-miR167b, mdm-miR167c, mdm-miR167d, mdm-miR167e, mdm-miR167f, mdm-miR167g	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
mdm-miR167h, mdm-miR167i, mdm-miR167j	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Manihot esculenta					
mes-miR167a, mes-miR167d, mes-miR167e, mes-miR167f	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
mes-miR167b, mes-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
mes-miR167g, mes-miR167h	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Medicago truncatula					
mtr-miR160f	HanHSF-87	3.0	18.511	GCGUGAAGGGAGUCAAGCAG	CUGUUUGAUUUCCUUCGCGA

EK 3'ün devamı

mtr-miR167a	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
mtr-miR167b-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
mtr-miR2634	HanHSF-48	3.0	13.078	UUUAUUCUCAGUUUGUUGCUC	GAACAACAAAGUGGGAAUAGA
mtr-miR2655b	HanHSF-84	2.0	13.528	CGUUUUGGUCCCUUAACUUU	GAAGUUGAGAGACUAAAACG
mtr-miR2673a, mtr-miR2673b	HanHSF-86	3.0	19.124	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	AGAAGAAGAAGAAGAAGAGG
mtr-miR2673a, mtr-miR2673b	HanHSF-58	2.0	6.414	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCC	GGAAGAAGAAGAAGAAGAGG
mtr-miR5219	HanHSF-40	2.0	22.126	UCAUGGAAUCUCAGCUGCUG	CAGCAGCUGAAGUUUCAUGA
mtr-miR5225a	HanHSF-09	3.0	15.531	UCAGUCGCAGGAGAGAUGAC	GUUACCACUCCUGCGGCUGA
Nicotiana tabacum					
nta-miR167a, nta-miR167b, nta-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	CUGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
nta-miR167d, nta-miR167e	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Oryza sativa					
osa-miR1438	HanHSF-11	3.0	13.335	AGGGUAAUUUUAUCAUUUUU	AAAGAUGAUGAAAUUACAUU
osa-miR167a-5p, osa-miR167b, osa-miR167c-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
osa-miR167d-5p, osa-miR167e-5p, osa-miR167f, osa-miR167g, osa-miR167h-5p, osa-miR167i-5p, osa-miR167j	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
osa-miR2090	HanHSF-44	2.0	14.39	AACUCUGAUUCUAGAAUUUUU	AAAAAUUCUAGAACAAGAGUU
osa-miR2275d	HanHSF-77	3.0	15.May	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCUCA	UGAGAUAAUGGAGAAAGAGAAG
osa-miR2275d	HanHSF-27	3.0	12.421	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCUC	GAGAUUUUGGAGAAAGAGAAG
osa-miR5810	HanHSF-32	3.0	16.775	ACGGAACCCUAAUGGCGAUGG	UCGUCGCCAUUGCGGUUUUGU

EK 3'ün devamı

osa-miR6248	HanHSF-16	2.0	13.049	UAUUUGAGGAUGGAGGUAGU	ACUUCUUCUAUCUUCAAAUA
Prunus persica					
ppe-miR167a, ppe-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ppe-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ppe-miR167d	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ppe-miR858	HanHSF-69	3.0	16.289	CUCGUUGUCUG-UUCGACCUU	GAGGUUGAAGCAGAUAACGAG
Physcomitrella patens					
ppt-miR1023c-5p, ppt-miR1023d-5p	HanHSF-75	3.0	12.441	CCACUCUCUCCGUUUCCCUU	AAGAGAAAGGGAAAGAGUGG
ppt-miR1039-5p	HanHSF-03	3.0	17.524	UCUUUGGGUCUUUCUCUCCU	AGGAGAGAGAAGCCCAGAGG
ppt-miR1074	HanHSF-62	3.0	8.614	AGGGUUGUUAGUUGUGUUGAU	ACCAACACAACCAACAGUCCU
ppt-miR2085	HanHSF-13	3.0	13.924	ACAAUCCAACAAUGCAGGCG	AGUUUGCAUUGUUGGAUUGC
ppt-miR902b-5p, ppt-miR902c-5p, ppt-miR902d-5p, ppt-miR902e-5p, ppt-miR902f-5p, ppt-miR902g-5p	HanHSF-70	3.0	15.431	UAUGAUGCAGAUUCUUCAUCU	AGAUGAAGAAUCUGUGUUCUA
Populus trichocarpa					
ptc-miR167a, ptc-miR167b, ptc-miR167c, ptc-miR167d	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ptc-miR167e	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ptc-miR167f-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ptc-miR167g-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
ptc-miR6443	HanHSF-57	3.0	16.827	GUAUGAUCAUAGAUGAUGGAG	CUCCAUGAUCAAUGGUUAUAC
ptc-miR6464	HanHSF-30	3.0	12.204	UGAUUGC-UUGUUGGAUAUU	UAUAUCCAACAAUGCAAUCA
Ricinus communis					

EK 3'ün devamı

rco-miR167a, rco-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
rco-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	CUGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Sorghum bicolor					
sbi-miR167a, sbi-miR167b, sbi-miR167i	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
sbi-miR167c, sbi-miR167d, sbi-miR167e, sbi-miR167f, sbi-miR167g, sbi-miR167h	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
sbi-miR5568d-5p	HanHSF-25	3.0	15.802	UGGCUUUUCUAGAUACAUAG	CUAUGGAUUUAGAAAAGUUG
sbi-miR5568d-5p	HanHSF-84	3.0	17.503	UGGCUUUUCUAGAUACAUAG	UUAUGGAUUUAGAAAAGUCG
sbi-miR5568d-5p	HanHSF-70	3.0	15.023	UGGCUUUUCUAGAUACAUAG	CUAUGGAUUUAGAAAAGUUG
Solanum lycopersicum					
sly-miR167a	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
sly-miR167b-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UAAAGCUGCCAGCAUGAUCUGG	CUGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Saccharum officinarum					
sof-miR167a, sof-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Saccharum sp.					
ssp-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Solanum tuberosum					
stu-miR167a-5p, stu-miR167b-5p, stu-miR167c-5p, stu-miR167d-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
stu-miR8004	HanHSF-05	3.0	14.733	AGGGGUUGUGUAUGUGUUUGGCCU	AGUCCAGAUACAGAUACAAUCCCU
Triticum aestivum					
tae-miR167a	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA

EK 3'ün devamı

tae-miR167c-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
tae-miR9674a-5p	HanHSF-83	3.0	17.106	GCAUCAUCCAUCCUACCAUU	AAUGGUUGCAUUGAUGAUGC
tae-miR9773	HanHSF-03	3.0	15.123	UUUGUUUUUAUGUUAUUUUGUGA	UUUCGAAAUGACAGAAGAGCAAA
Theobroma cacao					
tcc-miR167a, tcc-miR167b	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
tcc-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
Vitis vinifera					
vvi-miR167a	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
vvi-miR167b, vvi-miR167d, vvi-miR167e	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
vvi-miR167c	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCU	GGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
vvi-miR3631a-5p, vvi-miR3631b-5p, vvi-miR3631c, vvi-miR3631d	HanHSF-41	2.0	22.913	CAUGUUGACAUCAUCCAAUAU	AUAUGGGAUGAUGCCGACAUG
Zea mays					
zma-miR167a-5p, zma-miR167b-5p, zma-miR167c-5p, zma-miR167d-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUA	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
zma-miR167e-5p, zma-miR167f-5p, zma-miR167g-5p, zma-miR167h-5p, zma-miR167i-5p, zma-miR167j-5p	HanHSF-88	2.0	16.22	UGAAGCUGCCAGCAUGAUCUG	UGGAUCAUGCUGGCAGCUCUA
zma-miR2275b-3p, zma-miR2275c-3p	HanHSF-09	3.0	17.992	UUCAGUUUCCUCUAAUAUCU	AGCUAUUAGAGGAAGUUGAU

EK 4 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHSF-13	3	AT5G26780	5	2,1791	0,0749	0,034371988	16,76230769
HanHSF-27	6	AT4G37930	4	2,2229	0,0848	0,038148365	17,09923077
HanHSF-33	8	AT1G76490	1	2,7096	0,2088	0,077059345	20,84307692
HanHSF-47	11	AT4G37930	4	2,1639	0,0723	0,033411895	16,64538462
HanHSF-47	11	AT5G26780	5	2,3959	0,0898	0,037480696	18,43
HanHSF-47	11	AT4G32520	4	50,6545	0,3506	0,006921399	389,65
HanHSF-67	14	AT4G13930	4	1,7341	0,0795	0,045845107	13,33923077
HanHSF-67	14	AT4G13890	4	2,2626	0,1312	0,057986387	17,40461538
HanHSF-72	15	AT4G32520	4	5,3468	0,1598	0,029887035	41,12923077
HanHSF-74	15	AT4G13930	4	2,2326	0,0774	0,0346681	17,17384615
HanHSF-74	15	AT4G13890	4	2,9519	0,1288	0,043632914	22,70692308
HanHSF-85	17	AT4G32520	4	7,0762	0,1543	0,021805489	54,43230769
HanHSF-87	17	AT4G00730	4	4,2340	0,2109	0,049811053	32,56923077
ORTALAMA				**6,7819**	**0,140238462**	**0,039309983**	**52,16810651**

EK 5 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHSF-27	6	LOC_Os03g52840	3	1,8485	0,0784	0,0424	14,21923077
HanHSF-43	10	LOC_Os05g35440	5	52,2034	0,2634	0,0050	401,5646154
HanHSF-43	10	LOC_Os01g65410	1	19,8428	0,2769	0,0140	152,6369231
HanHSF-47	11	LOC_Os03g52840	3	2,4104	0,077	0,0319	18,54153846
HanHSF-67	14	LOC_Os12g22030	12	4,9288	0,114	0,0231	37,91384615
HanHSF-67	14	LOC_Os12g22030	12	4,8795	0,1148	0,0235	37,53461538
HanHSF-74	17	LOC_Os12g22030	12	3,8867	0,113	0,0291	29,89769231
ORTALAMA				**12,85715714**	**0,148214286**	**0,0242**	**98,90120879**

EK 6 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHSF-09	2	Potri.004G190400	4	3,7161	0,1724	0,046392724	28,58538462
HanHSF-09	2	Potri.009G151500	9	4,2541	0,1782	0,041889001	32,72384615
HanHSF-13	3	Potri.008G221400	8	1,8677	0,1509	0,08079456	14,36692308
HanHSF-27	6	Potri.002G109200	2	1,1850	0,0731	0,061687764	9,115384615
HanHSF-27	6	Potri.002G090200	2	4,5523	0,1802	0,039584386	35,01769231
HanHSF-29	7	Potri.004G190400	4	3,9360	0,1735	0,044080285	30,27692308
HanHSF-29	7	Potri.009G151500	9	3,5807	0,1769	0,049403748	27,54384615
HanHSF-29	7	Potri.006G117800	6	4,9801	0,204	0,040963033	38,30846154
HanHSF-33	8	Potri.005G257000	5	2,0676	0,1895	0,091652157	15,90461538
HanHSF-36	9	Potri.005G257000	5	2,7681	0,1812	0,065460063	21,29307692
HanHSF-36	9	Potri.002G004000	2	2,9267	0,1599	0,054634913	22,51307692
HanHSF-47	11	Potri.002G109200	2	1,7061	0,0909	0,053279409	13,12384615
HanHSF-49	11	Potri.003G131400	3	26,1686	0,1977	0,007554856	201,2969231
HanHSF-66	13	Potri.010G013500	1	1,8779	0,1645	0,087597849	14,44538462
HanHSF-66	13	Potri.008G221400	8	2,0347	0,1532	0,075293655	15,65153846
HanHSF-67	14	Potri.017G059300	17	3,0676	0,0636	0,02073282	23,59692308
HanHSF-69	14	Potri.004G190400	4	2,4040	0,1602	0,066638935	18,49230769
HanHSF-72	15	Potri.006G232300	6	2,0231	0,1067	0,052740843	15,56230769
HanHSF-73	15	Potri.001G457000	1	2,3116	0,2026	0,087644921	17,78153846
HanHSF-74	15	Potri.017G059300	17	2,4518	0,0605	0,024675748	18,86
HanHSF-81	16	Potri.002G154700	2	2,7104	0,1139	0,042023318	20,84923077
HanHSF-82	16	Potri.001G457000	1	1,9616	0,1862	0,094922512	15,08923077
HanHSF-85	17	Potri.006G232300	6	1,8930	0,1088	0,057474908	14,56153846

EK 6’nın devamı

HanHSF-87	17	Potri.014G075200	14	2,2625	0,1103	0,048751381	17,40384615
HanHSF-87	17	Potri.002G154700	2	2,7894	0,1164	0,041729404	21,45692308
ORTALAMA				**3,6599**	**0,147012**	**0,055104128**	**28,15283077**

EK 7 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHSF-47	11	Zm00001d049234	4	54,57790	0,3987	0,007305155	419,83
HanHSF-67	14	Zm00001d049234	4	9,2941	0,0834	0,008973435	71,49307692
HanHSF-67	14	Zm00001d030859	1	5,8308	0,1095	0,018779584	44,85230769
HanHSF-67	14	Zm00001d030859	1	5,8321	0,1095	0,018775398	44,86230769
HanHSF-74	15	Zm00001d049234	4	8,6305	0,0863	0,009999421	66,38846154
HanHSF-74	15	Zm00001d030859	1	4,7765	0,1076	0,022526955	36,74230769
ORTALAMA				**14,82365**	**0,14917**	**0,01439**	**114,02808**

EK 8 Ayçiçeği HSF Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHSF-22-HanHSF-27*	0,1986	0,5839	0,34012673	Segmental	44,5045732
2	*HanHSF-14-HanHSF-02*	0,05290563	0,10715	0,49375292	Segmental	8,16692073
3	*HanHSF-04-HanHSF-20*	0,4173	0,50295	0,82970474	Segmental	38,3346037
4	*HanHSF-29-HanHSF-09*	0,066925	0,33205	0,20155096	Segmental	25,308689
5	*HanHSF-21-HanHSF-15*	0,5146	0,5374	0,9575735	Segmental	40,9603659
6	*HanHSF-05-HanHSF-10*	0,2587	0,42385	0,61035744	Segmental	32,3056402
7	*HanHSF-17-HanHSF-01*	0,08998136	0,2687	0,33487667	Segmental	20,4801829
8	*HanHSF-16-HanHSF-08*	0,04318503	0,22515	0,19180557	Segmental	17,1608232
9	*HanHSF-11-HanHSF-07*	0,2562	0,41005	0,62480185	Segmental	31,253811
10	*HanHSF-13-HanHSF-24*	0,4115	0,47195	0,8719144	Segmental	35,9717988
11	*HanHSF-26-HanHSF-06*	0,3865	0,4132	0,93538238	Segmental	31,4939024
12	*HanHSF-25-HanHSF-18*	0,29377384	0,3956	0,74260322	Segmental	30,152439
13	*HanHSF-48-HanHSF-40*	0,3625	0,5253	0,69008186	Segmental	40,0381098
14	*HanHSF-46-HanHSF-33*	0,50105	0,47355	1,05807201	Segmental	36,09375
15	*HanHSF-58-HanHSF-38*	0,10295	0,33615	0,30626209	Segmental	25,621189
16	*HanHSF-53-HanHSF-31*	0,4156	0,4565	0,91040526	Segmental	34,7942073
17	*HanHSF-43-HanHSF-47*	0,1974	0,5096	0,38736264	Segmental	38,8414634
18	*HanHSF-45-HanHSF-55*	0,08896215	0,151	0,58915328	Segmental	11,5091463
19	*HanHSF-39-HanHSF-49*	0,4621	0,49125	0,94066158	Segmental	37,4428354
20	*HanHSF-30-HanHSF-36*	0,4314	0,4215	1,02348754	Segmental	32,1265244
21	*HanHSF-35-HanHSF-41*	0,40385	0,403	1,00210918	Segmental	30,7164634
22	*HanHSF-56-HanHSF-44*	0,06385649	0,237	0,26943665	Segmental	18,0640244
23	*HanHSF-34-HanHSF-50*	0,4498	0,45225	0,99458264	Segmental	34,4702744
24	*HanHSF-51-HanHSF-57*	0,32055	0,48215	0,6648346	Segmental	36,7492378
25	*HanHSF-65-HanHSF-80*	0,3323	0,5535	0,60036134	Segmental	42,1875
26	*HanHSF-87-HanHSF-81*	0,01581311	0,2064	0,07661391	Segmental	15,7317073
27	*HanHSF-75-HanHSF-66*	0,4095	0,41175	0,99453552	Segmental	31,3833841
28	*HanHSF-84-HanHSF-61*	0,07841898	0,2462	0,31851738	Segmental	18,7652439
29	*HanHSF-70-HanHSF-62*	0,09421327	0,29595	0,31834185	Segmental	22,5571646
30	*HanHSF-78-HanHSF-71*	0,4286	0,457	0,93785558	Segmental	34,8323171
31	*HanHSF-60-HanHSF-69*	0,34955	0,3418	1,02267408	Segmental	26,0518293
32	*HanHSF-82-HanHSF-73*	0,04455081	0,20195	0,22060317	Segmental	15,3925305
33	*HanHSF-67-HanHSF-74*	0,00779885	0,18245	0,04274514	Segmental	13,90625
34	*HanHSF-72-HanHSF-85*	0,01213148	0,14075	0,08619169	Segmental	10,7278963
35	*HanHSF-83-HanHSF-77*	0,41015	0,4884	0,83978296	Segmental	37,2256098
36	*HanHSF-88-HanHSF-63*	0,28835	0,4371	0,65968886	Segmental	33,3155488
ORTALAMA		**0,25726572**	**0,37706806**	**0,61357809**		**28,7399433**

EK 9 Ayçiçeği sHsp Protein Katalogu

Protein Adı	NCBI Erişim Numarası	Ayçiçeği Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı / Kararsız
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
HansHsp-01	XP_021972936.1	1	69,160,700	69,161,541	155	5,82	17555,93	57,99	Kararsız
HansHsp-02	XP_022022139.1	1	70,271,651	70,272,482	155	5,81	17619,95	56,33	Kararsız
HansHsp-03	XP_021973186.1	1	70,855,558	70,856,353	219	9,13	24939,72	54,46	Kararsız
HansHsp-04	XP_021973222.1	1	70,928,871	70,929,673	155	6,19	17487,81	55,36	Kararsız
HansHsp-05	XP_021973251.1	1	70,972,773	70,974,149	162	5,83	18393,79	56,17	Kararsız
HansHsp-06	XP_021973263.1	1	70,979,095	70,979,852	155	5,55	17592,96	50,76	Kararsız
HansHsp-07	XP_021973276.1	1	71,047,685	71,048,422	155	5,81	17584,93	52,18	Kararsız
HansHsp-08	XP_021973281.1	1	71,055,479	71,056,239	155	5,82	17635,93	51,64	Kararsız
HansHsp-09	XP_021973288.1	1	71,060,302	71,061,058	155	5,55	17623,85	55,95	Kararsız
HansHsp-10	XP_022035084.1	1	73,933,006	73,933,957	271	9,12	31217,27	45,13	Kararsız
HansHsp-11	XP_022030687.1	1	131,133,520	131,135,858	125	9,67	14367,56	61,02	Kararsız
HansHsp-12	XP_022037577.1	1	139,365,571	139,366,397	185	9,70	20995,27	42,67	Kararsız
HansHsp-13	XP_021986253.1	1	146,446,475	146,450,131	262	8,79	29047,08	61,83	Kararsız
HansHsp-14	XP_022028242.1	3	84,074,784	84,075,694	160	5,76	17830,36	35,56	Kararlı
HansHsp-15	XP_022028243.1	3	84,162,826	84,168,678	160	8,49	17796,46	38,64	Kararlı
HansHsp-16	XP_022028246.1	3	84,379,817	84,380,620	159	6,62	17683,14	36,88	Kararlı
HansHsp-17	XP_022028248.1	3	84,530,556	84,531,301	160	6,16	17865,36	33,1	Kararlı
HansHsp-18	XP_022029684.1	3	155,331,441	155,332,955	218	5,46	24724,8	60,79	Kararsız

EK 9'un devamı

HansHsp-19	XP_022033158.1	4	12,910,163	12,910,746	118	5,02	13709,55	38,95	Kararlı
HansHsp-20	XP_022031810.1	4	12,949,335	12,951,170	158	5,72	17905,47	38,03	Kararlı
HansHsp-21	XP_022033159.1	4	12,992,320	12,995,398	214	8,55	24610,84	60,08	Kararsız
HansHsp-22	XP_022031815.1	4	13,437,083	13,440,078	158	5,72	17873,41	37,84	Kararlı
HansHsp-23	XP_022031818.1	4	13,471,789	13,486,529	237	8,50	27227,78	49,18	Kararsız
HansHsp-24	XP_022033160.1	4	13,546,987	13,549,127	219	7,07	25098,4	58,62	Kararsız
HansHsp-25	XP_022034059.1	4	35,275,412	35,294,959	211	9,17	23841,78	34,81	Kararlı
HansHsp-26	XP_022033197.1	4	37,248,297	37,249,727	211	9,18	23795,63	31,76	Kararlı
HansHsp-27	XP_022034308.1	4	55,551,531	55,552,286	155	6,77	17562,88	58,99	Kararsız
HansHsp-28	XP_022039719.1	5	174,961,644	174,963,606	232	5,20	26451,2	43,52	Kararsız
HansHsp-29	XP_021969477.1	6	12,595,678	12,596,558	191	7,92	21593,86	25,78	Kararlı
HansHsp-30	XP_021970433.1	6	50,760,503	50,761,213	158	6,12	18105,61	40,54	Kararsız
HansHsp-31	XP_021970436.1	6	50,865,516	50,866,202	158	8,64	18186,81	45,34	Kararsız
HansHsp-32	XP_021971041.1	6	102,402,623	102,409,075	190	4,71	20038,61	21,88	Kararlı
HansHsp-33	XP_021973842.1	7	86,535,558	86,536,271	153	5,25	17562,04	51,99	Kararsız
HansHsp-34	XP_021975936.1	8	58,832	60,867	230	9,54	26481,29	46,66	Kararsız
HansHsp-35	XP_021976720.1	8	27,626,925	27,629,469	181	8,44	19637,22	33,36	Kararlı
HansHsp-36	XP_021976763.1	8	30,198,624	30,203,657	471	4,78	52742,42	44,65	Kararsız
HansHsp-37	XP_021975735.1	8	57,670,550	57,671,243	129	9,40	14331,47	60,51	Kararsız
HansHsp-38	XP_021977571.1	8	74,787,676	74,789,289	232	6,91	25910,37	54,57	Kararsız
HansHsp-39	XP_021978977.1	9	176,012,522	176,013,723	125	6,42	14438,41	54,65	Kararsız
HansHsp-40	XP_021987150.1	10	4,253,486	4,254,324	184	6,45	21314,7	42,44	Kararsız
HansHsp-41	XP_021988511.1	10	110,346,781	110,350,048	399	5,46	44867,71	37,69	Kararlı
HansHsp-42	XP_021992771.1	11	25,479,281	25,480,508	326	9,75	36145,44	44,64	Kararsız
HansHsp-43	XP_021993207.1	11	56,983,622	56,984,945	180	5,97	20920	48,02	Kararsız

EK 9'un devamı

HansHsp-44	XP_021994458.1	11	148,158,506	148,159,476	196	7,76	22159,92	50,25	Kararsız
HansHsp-45	XP_021996660.1	12	4,529,194	4,532,006	187	6,12	21312,55	48,51	Kararsız
HansHsp-46	XP_021997046.1	12	18,521,057	18,521,889	163	5,97	18038,64	54,66	Kararsız
HansHsp-47	XP_021997676.1	12	47,095,151	47,099,141	511	4,60	57649,57	53,26	Kararsız
HansHsp-48	XP_021998075.1	12	71,923,956	71,926,120	214	8,85	24836,9	40,92	Kararsız
HansHsp-49	XP_021998714.1	12	119,995,057	119,995,756	155	5,57	17794,3	48,61	Kararsız
HansHsp-50	XP_021998715.1	12	119,998,962	119,999,562	138	5,82	15873,21	48,15	Kararsız
HansHsp-51	XP_021998955.1	12	144,260,838	144,262,457	140	6,31	15656,95	38,64	Kararlı
HansHsp-52	XP_022001328.1	13	108,442,331	108,443,740	308	8,69	35333,84	41,7	Kararsız
HansHsp-53	XP_022002128.1	13	158,096,348	158,101,265	284	6,21	32188,99	43,01	Kararsız
HansHsp-54	XP_022002301.1	13	167,464,605	167,467,601	185	5,05	21118,83	49,49	Kararsız
HansHsp-55	XP_022008702.1	14	18,177,699	18,186,078	222	4,87	24487,9	28,07	Kararlı
HansHsp-56	XP_022005189.1	14	128,121,096	128,123,732	392	4,94	43678,58	38,75	Kararlı
HansHsp-57	XP_022006391.1	14	165,352,639	165,353,400	163	5,80	18575,73	40,21	Kararsız
HansHsp-58	XP_022006395.1	14	165,378,900	165,379,741	156	6,19	17673,06	50,28	Kararsız
HansHsp-59	XP_022006396.1	14	165,392,713	165,393,370	157	5,59	17895,15	61,96	Kararsız
HansHsp-60	XP_022011087.1	15	24,484,894	24,486,210	253	7,71	28100,83	32,36	Kararlı
HansHsp-61	XP_022011138.1	15	25,754,173	25,756,640	192	6,23	22010,14	49,66	Kararsız
HansHsp-62	XP_022011960.1	15	59,944,013	59,949,301	405	5,41	45504,05	45,69	Kararsız
HansHsp-63	XP_022012904.1	15	116,722,972	116,727,352	449	5,16	49604,45	45,01	Kararsız
HansHsp-64	XP_022017145.1	16	21,437,789	21,439,166	248	5,54	28169,13	50,31	Kararsız
HansHsp-65	XP_022017522.1	16	21,486,432	21,487,748	231	5,94	26490,33	49,75	Kararsız
HansHsp-66	XP_022019053.1	16	32,513,257	32,513,776	100	5,07	11312,64	53,44	Kararsız
HansHsp-67	XP_022016276.1	16	40,098,204	40,103,771	150	9,96	16319,9	29,43	Kararlı
HansHsp-68	XP_022017633.1	16	112,612,048	112,613,492	207	7,63	23415,65	42,36	Kararsız

Ek 9' un devamı

HansHsp-69	XP_022023939.1	17	63,044,358	63,080,486	146	4,82	16446,47	54,03	Kararsız
HansHsp-70	XP_022026022.1	17	174,961,644	174,963,606	155	5,98	17670,98	57,55	Kararsız
HansHsp-71	XP_022023871.1	17	176,988,692	176,996,287	197	5,36	22319,43	33,65	Kararlı
HansHsp-72	XP_022021633.1	17	188,991,910	189,007,180	266	7,08	29942,91	61,73	Kararsız

EK 10 Ayçiçeği sHsp Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
HansHsp-01	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	3,92E-82	97.02	C: sitoplazma	
HansHsp-02	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	9,33E-83	97.99	C: sitoplazma	
HansHsp-03	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	219	1,00E-132	96.29	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-04	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	2,34E-83	97.51	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-05	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	162	9,41E-81	97.47	C: sitoplazma	
HansHsp-06	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	2,73E-82	96.18	C: sitoplazma	
HansHsp-07	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	2,31E-94	97.1	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-08	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	1,97E-82	97.41	C: sitoplazma	
HansHsp-09	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	6,85E-85	96.25	C: sitoplazma	

EK 10'nun devamı

HansHsp-10	varsayılan HSP20 benzeri şaperon	271	1,70E-104	58.17		
HansHsp-11	17.9 kDa sınıf II ısı şoku protein benzeri	125	4,20E-35	86.62	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-12	alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	185	4,40E-115	75.55	C: zarın integral bileşeni	
HansHsp-13	Alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	262	0.0	69.9		
HansHsp-14	17.9 kDa sınıf II ısı şoku protein benzeri	160	4,70E-98	92.76	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-15	varsayılan 17.9 kDa sınıf II ısı şoku proteini	160	7,87E-98	94.96	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-16	17.9 kDa sınıf II ısı şoku protein benzeri	159	2,97E-97	91.66	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-17	17.9 kDa sınıf II ısı şoku protein benzeri	160	7,37E-98	93.25	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-18	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik	218	1,26E-97	76.39		

EK 10'nun devamı

HansHsp-19	26.5 kDa ısı şoku proteini, mitokondriyal	118	4,48E-75	94.06	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-20	26.5 kDa ısı şoku proteini, mitokondriyal	158	1,10E-85	93.29	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-21	26.5 kDa ısı şoku proteini, mitokondriyal	214	1,87E-128	86.45	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-22	26.5 kDa ısı şoku proteini, mitokondriyal	158	3,38E-85	93.29	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-23	26.5 kDa ısı şoku proteini, mitokondriyal	237	9,15E-144	83.79	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-24	26.5 kDa ısı şoku proteini, mitokondriyal	219	6,98E-132	86.15	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-25	inaktif protein kısıtlı TEV hareketi 2-like	211	1,32E-134	71.18	C: zar	

EK 10'nun devamı

HansHsp-26	inaktif protein kısıtlı TEV hareketi 2-like	211	1,72E-136	70.93	C: zar	
HansHsp-27	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	6,71E-93	96.26	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-28	varsayılan alfa kristalin/Hsp20 alanı, HSP20 benzeri şaperon	232	4,46E-165	66.83	C: zar	
HansHsp-29	varsayılan 22.0 kDa sınıf IV ısı şoku proteini	191	8,67E-98	87.86	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-30	Alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	158	1,91E-81	89.92	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-31	Alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	158	7,11E-84	90.41	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma; C: zarın integral bileşeni	
HansHsp-32	Alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	190	2,21E-104	72.03	P: DNA demetilasyonunun pozitif düzenlenmesi; C: çekirdek	
HansHsp-33	ısı şoku proteini 17	153	3,95E-80	87.98	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-34	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik benzeri	230	1,44E-130	75.67	P:ısıya tepki; F:DNA bağlanması; F: metal iyon bağlama	P: ısıya tepki
HansHsp-35	artan DNA metilasyonu 3-benzeri izoform X1	181	9,77E-125	80.35		

EK 10'nun devamı

HansHsp-36	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 5	471	0.0	84.42	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; C: çekirdek	F: DNA bağlama
HansHsp-37	ısı şoku 22 kDa protein, mitokondriyal benzeri	129	7,61E-64	64.59	P: ısıya tepki	
HansHsp-38	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik	232	1,15E-166	74.25	P:ısıya tepki; C: plastid; C: protein içeren kompleks	P: ısıya tepki
HansHsp-39	inaktif protein SINIRLI TEV HAREKETİ 2	125	1,89E-82	79.82	P:çiçek gelişiminin pozitif düzenlenmesi; P:bitki organ gelişimi; C: sitozol; C: plazma zarı; C: plazmodezma; C: zarın integral bileşeni	
HansHsp-40	HSP20 benzeri şaperonlar süper aile proteini	184	2,05E-101	86.12	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-41	artan DNA metilasyonu 2	399	0.0	73.44	P: DNA demetilasyonunun pozitif düzenlenmesi; C: çekirdek	
HansHsp-42	inaktif protein kısıtlı TEV hareketi 2-like	326	1,16E-150	85.86	C: zarın integral bileşeni	
HansHsp-43	21.7 kDa sınıf VI ısı şoku proteini	180	3,80E-125	80.77		
HansHsp-44	alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	196	3,63E-123	66.33	F: bağlama; C: zar	
HansHsp-45	HSP20 benzeri şaperonlar süper aile proteini	187	3,74E-112	90.09	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-46	17.4 kDa sınıf III ısı şoku proteini	163	2,05E-93	80.77	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	

EK 10'nun devamı

HansHsp-47	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 6	511	0.0	77.8	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; C: çekirdek	F: DNA bağlama
HansHsp-48	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik benzeri	214	3,34E-153	76.33	P:ısıya tepki; F:DNA bağlanması; F: metal iyon bağlama	P: ısıya tepki
HansHsp-49	17.4 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	155	3,55E-92	90.35	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-50	17.4 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	138	7,66E-80	83.78	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-51	15.7 kDa ısı şoku proteini, peroksizomal	140	2,01E-77	85.56	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C:peroksizomal matris	
HansHsp-52	varsayılan HSP20 benzeri şaperon	308	0.0	72.81		
HansHsp-53	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 5	284	0.0	84.42	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; C: çekirdek	
HansHsp-54	ısı şoku 22 kDa protein, mitokondriyal	185	1,07E-80	60.59		
HansHsp-55	Alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	222	1,18E-158	72.95	P: DNA demetilasyonunun pozitif düzenlenmesi; C: çekirdek	
HansHsp-56	artan DNA metilasyonu 2	392	0.0	74.04	P: DNA demetilasyonunun pozitif düzenlenmesi; F:oksidoredüktaz aktivitesi; C: çekirdek	

EK 10'nun devamı

HansHsp-57	17.3 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	163	1,73E-70	92.34	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:DNA entegrasyonu; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-58	17.8 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	156	5,75E-80	93.75	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-59	17.8 kDa sınıf I ısı şoku protein benzeri	157	9,71E-79	95.22	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-60	inaktif protein kısıtlı TEV hareketi 2-like	253	2,47E-138	70.83	C: zarın integral bileşeni	
HansHsp-61	15.4 kDa sınıf V ısı şoku proteini	192	9,12E-137	87.62	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HansHsp-62	AT açısından zengin etkileşimli alan içeren protein 6 benzeri izoform X1	405	0.0	83.73	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; C: çekirdek	F: DNA bağlama
HansHsp-63	varsayılan transkripsiyon faktörü ve kromatin yeniden modelleme ARID ailesi	449	0.0	84.71	F: DNA bağlama	F: DNA bağlama
HansHsp-64	inaktif protein SINIRLI TEV HAREKETİ 2	248	1,33E-122	81.34	P:çiçek gelişiminin pozitif düzenlenmesi; P:bitki organ gelişimi; C: sitozol; C: plazma zarı; C: plazmodezma; C: zarın integral bileşeni	
HansHsp-65	inaktif protein SINIRLI TEV HAREKETİ 2	231	1,46E-150	68.6	C: zar	

EK 10’nun devamı

HansHsp-66	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	100	4,57E-46	94.06	C: sitoplazma	
HansHsp-67	artan DNA metilasyonu 3	150	4,01E-101	76.51	P: DNA demetilasyonunun pozitif düzenlenmesi; C: çekirdek	
HansHsp-68	inaktif protein SINIRLI TEV HAREKETİ 2-like	207	8,37E-119	72.65	C: zarın integral bileşeni	
HansHsp-69	küçük ısı şoku proteini, kloroplastik	146	1,27E-20	70.76		
HansHsp-70	varsayılan küçük ısı şoku proteini HSP20	155	9,05E-74	96.43	C: sitoplazma	
HansHsp-71	22.0 kDa sınıf IV ısı şoku proteini	197	7,60E-115	86.16	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:tuz stresine tepki; P:hidrojen peroksite yanıt; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; F: kendi kendine protein ilişkisi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum	
HansHsp-72	Alfa kristalin/Hsp20 alanı içeren protein	266	0.0	70.86		

EK 11 Ayçiçeği sHsp Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Arabidopsis lyrata					
aly-miR399f-5p	HansHsp-51	3.0	21.592	GGGCAAGAUCACCAUUGGCA	UGCUGACGGUGGUUUUGCCC
aly-miR838-3p	HansHsp-59	3.0	24.042	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	GUGCCAAAAGAAGAGGAGAA
Brachypodium distachyon					
bdi-miR5185m-3p	HansHsp-64	3.0	23.496	UUUGAAAAUUGAACUAGAAG	GUUCUAGUUUGGUUUUCGAA
bdi-miR5185m-3p	HansHsp-65	3.0	22.488	UUUGAAAAUUGAACUAGAAG	GUUCUAGUUUGGUUUUCGAA
Cynara cardunculus					
cca-miR6108f	HansHsp-46	2.5	17.085	UAUGGUGAGAAGGGUAAGAAG	CAUCUUCCCCUUCUCACCAUG
Glycine max					
gma-miR5041-5p	HansHsp-47	3.0	8.439	UUUCAUCUUCAACUUGCUCAA	UUGAGCAAGAUGAAGAGGAGA
Lotus japonicus					
lja-miR7530	HansHsp-45	3.0	19.156	CCUUCCUCUCUUCACUAUCUU	AAGUUAGCGGGGAGAGGAAGG
Medicago truncatula					
mtr-miR2592a, mtr-miR2592b	HansHsp-38	3.0	13.53	AGGCUGGUUUAGAUGAAGGU	ACCUUCAACCAAAUCGGCCU
mtr-miR2673a, mtr-miR2673b	HansHsp-40	3.0	5.645	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GCGGAGGAGGAGGAGGAAGGAG
mtr-miR5270a, mtr-miR5270b	HansHsp-48	3.0	16.636	GAGGAGGAGUAGUUUUAGGU	ACCUAAAGCUCCUCUUUCUU
Oryza sativa					
osa-miR1858a, osa-miR1858b	HansHsp-08	2.5	22.831	GAGAGGAGGACGGAGUGGGG	CCCCAUUUCGUCUUCCUCUG

EK 11'in devamı

osa-miR1858a, osa-miR1858b	HansHsp-05	2.5	19.949	GAGAGGAGGACGGAGUGGGG	CCCCAUUUCGUCUUCCUCUG
osa-miR2275d	HansHsp-65	3.0	10.689	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCU	AGUUAGUGGAGAAAGGCAAG
Picea abies					
pab-miR397	HansHsp-28	3.0	16.235	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAC	GUCAAUGCUGUUUUUAAUGA
Rehmannia glutinosa					
rgl-miR5578	HansHsp-40	3.0	18.823	CAUGUGGCAUGAUGGCAGAAA	UUAUUGACAUCAUGUCACAUG
Solanum tuberosum					
stu-miR8035	HansHsp-25	2.0	12.218	UCCAUCUUCAAUAUCACUUU	AAGGUGAUAGUGAAGAUGGG
stu-miR8048-5p	HansHsp-14	3.0	12.032	CUCAUUAGCAUCUCCAUCUU	AGGAUUGGGAAGCUAAUGAG
Zea mays					
zma-miR159f-5p	HansHsp-58	3.0	10.909	GAGCUCCUCUCAUUCCAAUG	CAUAGGAUGGAGAGGAGCUC
zma-miR164a-3p	HansHsp-33	3.0	8.772	CACGUGUUCUCCUUCUCCAUC	GGAGGAGAAGGAUGACACGUG

EK 12 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HansHsp-36	8	AT1G76510	1	2,0824	0,3835	0,184162505	16,01846154
HansHsp-36	8	AT1G76510	1	2,0902	0,3924	0,187733231	16,07846154
HansHsp-36	8	AT2G17410	2	4,6469	0,4821	0,103746584	35,74538462
HansHsp-47	12	AT1G76510	1	2,8185	0,3897	0,138265035	21,68076923
HansHsp-47	12	AT2G17410	2	5,0927	0,5286	0,103795629	39,17461538
HansHsp-47	12	AT2G17410	2	4,9788	0,5175	0,103940709	38,29846154
HansHsp-62	15	AT2G17410	2	3,9413	0,3496	0,088701697	30,31769231
HansHsp-62	15	AT1G76510	1	2,8241	0,37850	0,134024999	21,72384615
HansHsp-63	15	AT2G17410	2	3,3608	0,3596	0,106998334	25,85230769
HansHsp-63	15	AT2G17410	2	3,5952	0,3523	0,097991767	27,65538462
HansHsp-63	15	AT1G76510	1	5,6629	0,4151	0,073301665	43,56076923
HansHsp-63	15	AT1G76510	1	5,4164	0,4308	0,079536223	41,66461538
ORTALAMA				**3,8759**	**0,414975**	**0,116849865**	**29,81423077**

EK 13 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gen IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HansHsp-36	8	LOC_Os06g41730	6	4,87	0,4672	0,0959	37,46153846
HansHsp-36	8	LOC_Os02g48370	2	4,5487	0,5562	0,1223	34,99
HansHsp-47	12	LOC_Os06g41730	6	4,38880	0,513	0,1169	33,76
HansHsp-62	15	LOC_Os06g41730	6	3,7236	0,3696	0,0993	28,64307692
HansHsp-62	15	LOC_Os02g48370	2	47,9347	0,3939	0,0082	368,7284615
HansHsp-63	15	LOC_Os02g48370	2	46,685	0,3893	0,0083	359,1153846
ORTALAMA				**18,6918**	**0,4482**	**0,0752**	**143,7830769**

EK 14 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HansHsp-36	8	Potri.002G003700	2	1,8305	0,3736	0,204097241	14,08076923
HansHsp-36	8	Potri.004G208900	4	4,4904	0,4443	0,098944415	34,54153846
HansHsp-36	8	Potri.001G456500	1	3,6420	0,4923	0,135172982	28,01538462
HansHsp-36	8	Potri.011G145450	11	3,7017	0,489	0,132101467	28,47461538
HansHsp-47	12	Potri.002G003700	2	3,1458	0,3969	0,126168224	24,19846154
HansHsp-47	12	Potri.004G208900	4	5,9869	0,4542	0,07586564	46,05307692
HansHsp-47	12	Potri.001G456500	1	3,8915	0,5228	0,134344083	29,93461538
HansHsp-47	12	Potri.011G145450	11	4,2521	0,485	0,114061287	32,70846154
HansHsp-62	15	Potri.004G208900	4	2,0073	0,3128	0,155831216	15,44076923
HansHsp-62	15	Potri.001G456500	1	5,1125	0,3859	0,075481663	39,32692308
HansHsp-62	15	Potri.002G003700	2	3,2718	0,4014	0,122684761	25,16769231
HansHsp-63	15	Potri.004G208900	4	2,0373	0,3405	0,16713297	15,67153846
HansHsp-63	15	Potri.001G456500	1	3,2455	0,4073	0,125496842	24,96538462
HansHsp-63	15	Potri.002G003700	2	4,7858	0,4358	0,091061056	36,81384615
ORTALAMA				**3,6715**	**0,424414286**	**0,125603132**	**28,24236264**

EK 15 Ayçiçeği sHsp Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

ID	Chr.	Gene IDs	Chr.	Ks	Ka	Ka/Ks	Mya
HansHsp-36	8	Zm00001d036790	6	3,34130	0,2823	0,084488074	25,70230769
HansHsp-36	8	Zm00001d046719	9	5,1403	0,4723	0,091881797	39,54076923
HansHsp-36	8	Zm00001d036790	6	6,7903	0,4645	0,068406403	52,23307692
HansHsp-36	8	Zm00001d036790	6	7,1789	0,452	0,062962292	55,22230769
HansHsp-36	8	Zm00001d036790	6	7,163	0,4636	0,064721485	55,1
HansHsp-47	12	Zm00001d036790	6	3,631	0,2949	0,081217296	27,93076923
HansHsp-47	12	Zm00001d046719	9	5,8906	0,4747	0,080586018	45,31230769
HansHsp-47	12	Zm00001d036790	6	4,5328	0,5109	0,11271179	34,86769231
HansHsp-47	12	Zm00001d036790	6	5,1151	0,4700	0,091884812	39,34692308
HansHsp-47	12	Zm00001d036790	6	5,3651	0,5059	0,094294608	41,27
HansHsp-47	12	Zm00001d051632	4	7,7665	0,4941	0,063619391	59,74230769
HansHsp-62	15	Zm00001d046719	9	3,8043	0,3565	0,093709749	29,26384615
HansHsp-62	15	Zm00001d036790	6	6,593	0,3392	0,051448506	50,71538462
HansHsp-62	15	Zm00001d036790	6	4,9609	0,2539	0,051180229	38,16076923
HansHsp-62	15	Zm00001d036790	6	8,9325	0,3566	0,039921634	68,71153846
HansHsp-62	15	Zm00001d036790	6	3,7065	0,3095	0,083501956	28,51153846
HansHsp-62	15	Zm00001d051632	4	11,5241	0,3954	0,034310705	88,64692308
HansHsp-62	15	Zm00001d051632	4	11,5297	0,3954	0,034294041	88,69
HansHsp-62	15	Zm00001d051632	4	49,3345	0,3756	0,007613333	379,4961538
HansHsp-62	15	Zm00001d017831	5	48,7599	0,3896	0,007990172	375,0761538
HansHsp-62	15	Zm00001d036790	6	4,598	0,3238	0,070421923	35,36923077
HansHsp-63	15	Zm00001d036790	6	6,6631	0,4322	0,064864703	51,25461538
HansHsp-63	15	Zm00001d036790	6	7,7924	0,4193	0,053808839	59,94153846

EK 15'in devamı

HansHsp-63	15	Zm00001d036790	6	4,3019	0,2518	0,058532276	33,09153846
HansHsp-63	15	Zm00001d046719	9	3,3097	0,2525	0,076290902	25,45923077
HansHsp-63	15	Zm00001d036790	6	6,3523	0,4345	0,068400422	48,86384615
HansHsp-63	15	Zm00001d051632	4	37,5815	0,3968	0,010558386	289,0884615
HansHsp-63	15	Zm00001d017831	5	11,025	0,4241	0,03846712	84,80769231
HansHsp-63	15	Zm00001d051632	4	14,8344	0,4437	0,029910209	114,1107692
HansHsp-63	15	Zm00001d017831	5	47,42	0,4082	0,008608182	364,7692308
HansHsp-63	15	Zm00001d036790	6	6,1834	0,4444	0,071869845	47,56461538
HansHsp-63	15	Zm00001d017831	5	8,4479	0,4826	0,057126623	64,98384615
ORTALAMA				**11,54906**	**0,39909**	**0,05968**	**88,83892**

EK 16 Ayçiçeği *sHsp* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HansHsp-17-HansHsp-16*	0,00941918	0,046177105	0,20397944	Tandem	3,519596418
2	*HansHsp-26-HansHsp-25*	0,013738185	0,034638085	0,3966208	Tandem	2,640097942
3	*HansHsp-21-HansHsp-24*	0,006698605	0,016821855	0,398208462	Tandem	1,282153582
4	*HansHsp-31-HansHsp-30*	0,020875935	0,049469375	0,421997145	Tandem	3,770531631
5	*HansHsp-50-HansHsp-49*	0,017734365	0,0772328	0,229622194	Tandem	5,886646341
6	*HansHsp-59-HansHsp-58*	0,01312379	0,07233065	0,181441616	Tandem	5,51300686
7	*HansHsp-65-HansHsp-64*	0,015133455	0,030099525	0,502780526	Tandem	2,294171113
8	*HansHsp-02-HansHsp-01*	0,010487745	0,080786035	0,129821262	Tandem	6,15747218
9	*HansHsp-08-HansHsp-05*	0,009268705	0,066808845	0,138734699	Tandem	5,092137576
10	*HansHsp-07-HansHsp-06*	0,015274345	0,109415855	0,13959901	Tandem	8,339623095
ORTALAMA		**0,013175431**	**0,058378013**	**0,274280515**		**4,449543674**

EK 17 Ayçiçeği *sHsp* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HansHsp-37-HansHsp-12*	0,4283	0,53815	0,79587476	Segmental	41,0175305
2	*HansHsp-72-HansHsp-13*	0,08423343	0,16355	0,51503164	Segmental	12,4657012
3	*HansHsp-15-HansHsp-11*	0,09612251	0,19482171	0,49338704	Segmental	14,8492153
4	*HansHsp-63-HansHsp-14*	0,63704642	0,713	0,89347323	Segmental	54,3445122
5	*HansHsp-32-HansHsp-55*	0,1303	0,21375	0,60959064	Segmental	16,2919207
6	*HansHsp-35-HansHsp-67*	0,2063	0,3961	0,52082807	Segmental	30,1905488
7	*HansHsp-53-HansHsp-36*	0,01061872	0,01702901	0,62356667	Segmental	1,29794245
8	*HansHsp-61-HansHsp-38*	0,34985	0,4572	0,76520122	Segmental	34,847561
9	*HansHsp-52-HansHsp-28*	0,3806	0,5255	0,72426261	Segmental	40,0533537
10	*HansHsp-41-HansHsp-56*	0,05815968	0,18325	0,31737885	Segmental	13,9672256
11	*HansHsp-48-HansHsp-42*	0,2905	0,5165	0,5624395	Segmental	39,367378
12	*HansHsp-69-HansHsp-46*	0,33315	0,43095	0,77305952	Segmental	32,8467988
13	*HansHsp-71-HansHsp-34*	0,29615	0,41465	0,71421681	Segmental	31,6044207
14	*HansHsp-62-HansHsp-10*	0,4696	0,5316	0,88337096	Segmental	40,5182927
15	*HansHsp-40-HansHsp-29*	0,08974486	0,171	0,52482374	Segmental	13,0335366
16	*HansHsp-18-HansHsp-54*	0,1048954	0,2357	0,44503776	Segmental	17,964939
17	*HansHsp-60-HansHsp-45*	0,34425	0,4116	0,83637026	Segmental	31,3719512
18	*HansHsp-33-HansHsp-57*	0,07680107	0,2807	0,27360552	Segmental	21,3948171
19	*HansHsp-51-HansHsp-66*	0,18457484	0,34465	0,53554284	Segmental	26,2690549
20	*HansHsp-70-HansHsp-03*	0,01386458	0,10542659	0,13150933	Segmental	8,03556326
21	*HansHsp-27-HansHsp-04*	0,00894758	0,07422355	0,12054907	Segmental	5,65728277
ORTALAMA		**0,21876234**	**0,3294929**	**0,57424381**		**25,1137879**

EK 18 Ayçiçeği Hsp40 Protein Katalogu

Protein Adı	NCBI Erişim Numarası	Ayçiçeği Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı / Kararsız
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
HanHsp40-01	XP_022039641.1	1	2,859,095	2,864,832	344	5,87	38719,77	43,06	Kararsız
HanHsp40-02	XP_022040869.1	1	10,892,602	10,895,930	298	9,3	35010,28	40,63	Kararsız
HanHsp40-03	XP_021969368.1	1	41,335,367	41,338,428	345	9,24	37747,91	41,63	Kararsız
HanHsp40-04	XP_021969666.1	1	44,273,273	44,280,225	599	9,37	66997,4	48,73	Kararsız
HanHsp40-05	XP_021971517.1	1	57,429,324	57,434,423	572	5,5	64236,07	42,58	Kararsız
HanHsp40-06	XP_021972407.1	1	65,102,969	65,108,020	291	7,7	33599,76	53,91	Kararsız
HanHsp40-07	XP_022034781.1	1	67,952,977	67,956,302	195	9,61	22133,61	48,93	Kararsız
HanHsp40-08	XP_021975238.1	1	84,107,697	84,114,399	802	5,7	88991,1	55,78	Kararsız
HanHsp40-09	XP_022036032.1	1	90,374,496	90,375,227	197	9,32	22538,4	55,99	Kararsız
HanHsp40-10	XP_022036330.1	1	98,815,537	98,823,631	132	5,47	14607,94	30,3	Kararlı
HanHsp40-11	XP_021985338.1	1	143,418,435	143,425,702	218	5,67	23907,59	36,78	Kararlı
HanHsp40-12	XP_022010124.1	2	8,766,328	8,769,369	199	9,37	22890,2	39,58	Kararlı
HanHsp40-13	XP_022011160.1	2	15,064,219	15,067,070	161	4,86	17680,62	42,87	Kararsız
HanHsp40-14	XP_022004771.1	2	23,911,965	23,913,127	158	9,58	19150,94	67,63	Kararsız
HanHsp40-15	XP_022014051.1	2	37,062,762	37,066,523	168	4,5	18784,21	39,76	Kararlı
HanHsp40-16	XP_022024237.1	2	150,897,277	150,900,468	112	10,38	12111,03	45,57	Kararsız
HanHsp40-17	XP_022024828.1	2	155,646,490	155,649,510	272	6,17	31448,7	54,75	Kararsız
HanHsp40-18	XP_022025291.1	2	157,790,763	157,795,096	421	6,01	46722,79	41,59	Kararsız
HanHsp40-19	XP_022025389.1	2	158,302,585	158,308,313	216	5,21	23695,11	37,18	Kararlı

EK 18’in devamı

HanHsp40-20	XP_022025735.1	2	160,794,496	160,799,244	290	9,88	32263,96	48,45	Kararsız
HanHsp40-21	XP_022026559.1	2	174,083,565	174,089,028	117	9,2	12919,73	54,05	Kararsız
HanHsp40-22	XP_022028176.1	3	80,006,691	80,009,083	256	7,94	28797,86	48,32	Kararsız
HanHsp40-23	XP_022028430.1	3	104,995,406	104,998,414	617	9,13	68626,95	33,96	Kararlı
HanHsp40-24	XP_022028572.1	3	112,676,626	112,681,662	571	8,48	64970,03	43,09	Kararsız
HanHsp40-25	XP_022028644.1	3	117,612,608	117,613,318	150	9,18	17159,55	63,78	Kararsız
HanHsp40-26	XP_022031169.1	3	118,022,565	118,023,008	147	9,32	16869,23	63,34	Kararsız
HanHsp40-27	XP_022028678.1	3	118,642,462	118,648,327	667	5,29	76192,48	46,44	Kararsız
HanHsp40-28	XP_022029331.1	3	141,513,742	141,516,754	643	8,59	73605,83	52,41	Kararsız
HanHsp40-29	XP_022029681.1	3	155,313,784	155,321,953	542	9,09	60165,54	37,11	Kararlı
HanHsp40-30	XP_022031583.1	3	157,240,807	157,241,307	166	8,98	18972,36	48,5	Kararsız
HanHsp40-31	XP_022029754.1	3	157,264,434	157,267,222	351	8,65	39835,87	51,98	Kararsız
HanHsp40-32	XP_022030096.1	3	165,501,441	165,503,834	301	8,89	34080,17	44,74	Kararsız
HanHsp40-33	XP_022030104.1	3	165,824,426	165,831,971	711	8,57	79396,35	47,13	Kararsız
HanHsp40-34	XP_022030118.1	3	166,532,155	166,538,496	424	6,45	47131,15	39,31	Kararlı
HanHsp40-35	XP_022033537.1	4	900,566	903,34	213	5,15	23603,03	54,29	Kararsız
HanHsp40-36	XP_022033766.1	4	14,881,018	14,896,387	222	4,86	24564,61	47,23	Kararsız
HanHsp40-37	XP_022034167.1	4	43,045,176	43,053,399	410	8,09	45903,88	43,44	Kararsız
HanHsp40-38	XP_022034822.1	4	98,571,431	98,574,431	230	9,55	27706,93	53,68	Kararsız
HanHsp40-39	XP_022034836.1	4	100,332,399	100,333,252	212	9,61	24080,83	57,35	Kararsız
HanHsp40-40	XP_022034892.1	4	105,923,073	105,924,705	384	5,04	43246,71	51,38	Kararsız
HanHsp40-41	XP_021989741.1	4	113,568,203	113,573,458	340	8,3	38423,7	35,7	Kararlı
HanHsp40-42	XP_022035226.1	4	130,804,445	130,811,349	558	9,21	63415,87	51,76	Kararsız
HanHsp40-43	XP_022035313.1	4	137,096,052	137,099,499	552	5,81	62314,39	61,89	Kararsız
HanHsp40-44	XP_022035377.1	4	141,727,733	141,734,066	433	8,91	47213,07	40,42	Kararsız

EK 18’in devamı

HanHsp40-45	XP_022036117.1	4	170,205,816	170,213,834	1161	8,23	127278,36	44,1	Kararsız
HanHsp40-46	XP_022036118.1	4	170,225,303	170,233,065	745	6,65	84923,61	43,7	Kararsız
HanHsp40-47	XP_021979935.1	5	2,128,369	2,129,718	187	9,28	21389,1	36,92	Kararlı
HanHsp40-48	XP_022037097.1	5	7,293,495	7,299,526	283	6,58	32383,13	49,21	Kararsız
HanHsp40-49	XP_022036497.1	5	10,549,442	10,551,762	321	5,53	36036,76	33,44	Kararlı
HanHsp40-50	XP_022037354.1	5	19,039,721	19,043,636	394	9,48	43078	30,85	Kararlı
HanHsp40-51	XP_022038004.1	5	51,099,880	51,106,161	265	9,57	29739,19	40,14	Kararsız
HanHsp40-52	XP_022040422.1	5	70,898,477	70,937,556	293	5,1	34036,47	50,89	Kararsız
HanHsp40-53	XP_022038458.1	5	104,233,808	104,237,267	216	5,98	23689,27	29,85	Kararlı
HanHsp40-54	XP_022038525.1	5	126,314,113	126,315,583	319	8,83	35351,06	57,91	Kararsız
HanHsp40-55	XP_022039072.1	5	157,820,176	157,823,734	675	8,99	75663,86	33,45	Kararlı
HanHsp40-56	XP_022039571.1	5	172,305,155	172,305,834	158	9,51	17820,71	48,96	Kararsız
HanHsp40-57	XP_022039570.1	5	172,315,689	172,316,353	157	9,18	17345,4	51,89	Kararsız
HanHsp40-58	XP_022039606.1	5	173,077,624	173,082,744	389	5,71	43847,67	31,98	Kararlı
HanHsp40-59	XP_022039759.1	5	175,872,214	175,876,969	287	9,46	33344,6	48,18	Kararsız
HanHsp40-60	XP_022039918.1	5	177,667,948	177,673,067	723	6,51	80606,27	34,87	Kararlı
HanHsp40-61	XP_021971119.1	6	4,184,736	4,189,711	135	6,83	15233,55	37,95	Kararlı
HanHsp40-62	XP_021969378.1	6	9,487,520	9,490,255	567	8,77	63435,6	46	Kararsız
HanHsp40-63	XP_021969676.1	6	18,094,353	18,106,218	468	9,08	52378,78	43,43	Kararsız
HanHsp40-64	XP_021969819.1	6	23,268,898	23,269,786	208	9,75	23705,64	59,14	Kararsız
HanHsp40-65	XP_021969820.1	6	23,313,965	23,314,786	195	9,43	22246,09	57,88	Kararsız
HanHsp40-66	XP_021969865.1	6	24,939,509	24,950,442	640	5,26	73140,03	33,98	Kararlı
HanHsp40-67	XP_021968810.1	6	27,149,070	27,150,570	236	9,56	27521,62	59,32	Kararsız
HanHsp40-68	XP_021970372.1	6	46,207,979	46,210,089	176	9,75	19895,37	29,58	Kararlı
HanHsp40-69	XP_021970729.1	6	72,173,594	72,176,436	798	8,48	89020,76	36,73	Kararlı

EK 18’in devamı

HanHsp40-70	XP_021970800.1	6	79,719,203	79,724,889	836	7,17	91593,77	53,46	Kararsız
HanHsp40-71	XP_021970910.1	6	92,000,511	92,003,877	229	6,23	25007,78	34,92	Kararlı
HanHsp40-72	XP_021972192.1	7	457,308	461,963	665	7,86	75500,31	35,66	Kararlı
HanHsp40-73	XP_021972351.1	7	4,210,388	4,214,592	117	9,37	12976,78	59,49	Kararsız
HanHsp40-74	XP_021973162.1	7	62,0370,24	62,040,559	218	5,45	24013,58	36,86	Kararlı
HanHsp40-75	XP_021973188.1	7	63,257,586	63,263,187	485	6,24	54198,78	40,28	Kararsız
HanHsp40-76	XP_021973522.1	7	76,450,548	76,454,697	647	8,55	73980,09	55,33	Kararsız
HanHsp40-77	XP_021973712.1	7	82,418,654	82,421,569	112	10,72	12332,2	50,17	Kararsız
HanHsp40-78	XP_021973893.1	7	87,810,656	87,817,981	681	5,88	76052,15	43,61	Kararsız
HanHsp40-79	XP_021974078.1	7	95,405,733	95,411,172	389	5,49	43813,76	45,84	Kararsız
HanHsp40-80	XP_021976758.1	8	29,892,077	29,895,379	615	8,51	70002,02	53,06	Kararsız
HanHsp40-81	XP_021976786.1	8	30,559,518	30,564,940	389	5,54	43341,19	41,77	Kararsız
HanHsp40-82	XP_021974770.1	8	49,263,690	49,264,966	136	8,92	15727,52	55,61	Kararsız
HanHsp40-83	XP_021974892.1	8	65,197,933	65,198,403	156	9,51	17812,56	63,98	Kararsız
HanHsp40-84	XP_021977634.1	8	79,470,774	79,475,404	405	6,53	44531,24	41,44	Kararsız
HanHsp40-85	XP_021977641.1	8	80,520,147	80,523,925	243	9,63	28726,84	54,37	Kararsız
HanHsp40-86	XP_021978145.1	8	115,999,790	116,013,487	385	6,05	43719,4	34,66	Kararlı
HanHsp40-87	XP_021978175.1	8	117,294,758	117,301,896	557	7,72	63367,9	44,18	Kararsız
HanHsp40-88	XP_021982278.1	9	116,878,281	116,885,556	1609	8,73	178886,15	36,84	Kararlı
HanHsp40-89	XP_021982283.1	9	128,538,812	128,542,429	688	9,33	77174,39	39,44	Kararlı
HanHsp40-90	XP_021982784.1	9	149,486,766	149,491,685	323	9,19	38924,18	57,65	Kararsız
HanHsp40-91	XP_022036799.1	9	176,012,402	176,013,843	167	9,11	18981,58	32,62	Kararlı
HanHsp40-92	XP_021983893.1	9	176,397,338	176,400,849	307	8,84	34657,4	38,29	Kararlı
HanHsp40-93	XP_021984244.1	9	182,853,835	182,855,130	156	5,34	17652,77	38,61	Kararlı
HanHsp40-94	XP_021983672.1	9	182,981,615	182,985,104	642	8,83	70661,61	52,49	Kararsız

EK 18'in devamı

HanHsp40-95	XP_021983678.1	9	183,148,921	183,151,946	199	9,53	22830,13	38,75	Kararlı
HanHsp40-96	XP_021980593.1	9	184,339,387	184,339,996	110	8,87	12741,04	47,19	Kararsız
HanHsp40-97	XP_021983711.1	9	184,430,217	184,436,492	1556	4,93	173188,37	50,51	Kararsız
HanHsp40-98	XP_021984653.1	10	3,971,919	3,974,600	135	5,09	15585,59	30,46	Kararlı
HanHsp40-99	XP_021987727.1	10	28,951,013	28,953,227	540	9,16	60736,26	55,43	Kararsız
HanHsp40-100	XP_021987730.1	10	29,032,896	29,038,760	344	6,04	38879,87	43,15	Kararsız
HanHsp40-101	XP_021988331.1	10	48,662,399	48,666,392	337	9,28	37536,03	20,28	Kararlı
HanHsp40-102	XP_021988736.1	10	94,713,081	94,718,550	297	9,24	33224,88	54,87	Kararsız
HanHsp40-103	XP_021988134.1	10	113,075,128	113,079,941	596	8,8	67362,08	54	Kararsız
HanHsp40-104	XP_021988232.1	10	119,382,264	119,387,334	445	9,3	47600,03	36,59	Kararlı
HanHsp40-105	XP_021989130.1	10	141,272,630	141,285,586	487	8,95	52494,34	35,75	Kararlı
HanHsp40-106	XP_021989918.1	10	166,920,865	166,924,694	227	5,5	25528,06	50,39	Kararsız
HanHsp40-107	XP_021990396.1	10	177,300,371	177,321,369	2542	5,82	278882,45	48,06	Kararsız
HanHsp40-108	XP_021992285.1	11	1,567,846	1,571,653	134	5,89	14713,88	29,89	Kararlı
HanHsp40-109	XP_021992957.1	11	37,800,058	37,805,426	343	5,93	38728,77	42,68	Kararsız
HanHsp40-110	XP_021993257.1	11	60,977,355	60,979,592	611	5,14	69548,67	56,33	Kararsız
HanHsp40-111	XP_021993256.1	11	61,038,251	61,041,193	846	6,05	100128	83,32	Kararsız
HanHsp40-112	XP_021995092.1	11	67,056,716	67,057,289	144	9,39	16187,22	51,67	Kararsız
HanHsp40-113	XP_021993552.1	11	83,265,003	83,269,742	345	9,23	37734,89	36,38	Kararlı
HanHsp40-114	XP_021993640.1	11	91,035,871	91,040,828	441	9,24	47138,65	44,09	Kararsız
HanHsp40-115	XP_021994643.1	11	155,862,615	155,868,949	216	5,66	23664,28	39,07	Kararlı
HanHsp40-116	XP_021994764.1	11	160,220,862	160,232,016	1118	7,18	123694,82	50,76	Kararsız
HanHsp40-117	XP_021997972.1	12	67,928,402	67,931,298	393	9,13	44394,49	39,45	Kararlı
HanHsp40-118	XP_021998224.1	12	82,270,113	82,273,484	594	8,68	66750,63	34,24	Kararlı
HanHsp40-119	XP_021998237.1	12	82,780,808	82,783,872	277	6,48	31346,87	45,18	Kararsız

EK 18'in devamı

HanHsp40-120	XP_021998295.1	12	87,123,761	87,127,161	221	5,83	24162,84	35,95	Kararlı
HanHsp40-121	XP_021998327.1	12	88,417,202	88,424,760	171	4,68	19206,72	41,3	Kararsız
HanHsp40-122	XP_021998493.1	12	100,854,575	100,857,758	492	6,51	56916,34	47,42	Kararsız
HanHsp40-123	XP_021998545.1	12	107,099,423	107,101,073	176	5,16	20236,48	50,56	Kararsız
HanHsp40-124	XP_021998577.1	12	109,355,741	109,357,173	357	8,77	39288,9	43,57	Kararsız
HanHsp40-125	XP_021998643.1	12	115,484,878	115,489,269	400	7,71	43267,65	45,04	Kararsız
HanHsp40-126	XP_021998761.1	12	122,425,298	122,428,995	776	6,58	88268,13	42,83	Kararsız
HanHsp40-127	XP_021999107.1	12	155,738,976	155,743,495	575	9,42	62931,01	36,42	Kararlı
HanHsp40-128	XP_021999259.1	12	163,083,166	163,086,687	619	9	68970,02	41,46	Kararsız
HanHsp40-129	XP_021999739.1	13	1,412,482	1,413,291	145	9,18	16086,89	65,47	Kararsız
HanHsp40-130	XP_022004795.1	13	19,836,114	19,837,098	200	9,13	22893,58	41,18	Kararsız
HanHsp40-131	XP_022004796.1	13	20,215,403	20,217,197	147	8,95	16352,69	56,54	Kararsız
HanHsp40-132	XP_022000004.1	13	22,582,135	22,589,746	945	7,1	103945,76	49,43	Kararsız
HanHsp40-133	XP_022000039.1	13	27,654,273	27,662,635	569	6,11	63971,99	43,02	Kararsız
HanHsp40-134	XP_022003346.1	13	46,507,538	46,508,323	188	10,03	21491,01	47,91	Kararsız
HanHsp40-135	XP_022000636.1	13	78,746,253	78,752,650	217	5,47	23830,31	37,2	Kararlı
HanHsp40-136	XP_022003621.1	13	80,933,614	80,934,039	141	10,11	16536,73	81,48	Kararsız
HanHsp40-137	XP_022000842.1	13	88,344,232	88,346,264	258	5,04	28841,45	55,8	Kararsız
HanHsp40-138	XP_022000912.1	13	92,158,801	92,163,902	1010	5,95	111453,79	41,86	Kararsız
HanHsp40-139	XP_022001671.1	13	131,654,421	131,662,390	607	6,91	68989,71	44,97	Kararsız
HanHsp40-140	XP_022002449.1	13	152,061,246	152,064,325	353	9,16	40040,27	50,67	Kararsız
HanHsp40-141	XP_022002031.1	13	153,230,582	153,232,968	153	10	17064,35	51,2	Kararsız
HanHsp40-142	XP_022002466.1	13	156,368,391	156,375,437	249	9,2	29691,81	48,31	Kararsız
HanHsp40-143	XP_022007332.1	14	28,950,146	28,950,664	172	9	19141,47	46,34	Kararsız
HanHsp40-144	XP_022006852.1	14	28,950,950	28,951,577	143	10	16164,19	56,38	Kararsız

EK 18’in devamı

HanHsp40-145	XP_022008776.1	14	29,299,505	29,300,285	158	9,75	17379,4	66,64	Kararsız
HanHsp40-146	XP_022008777.1	14	29,375,445	29,376,069	155	9,62	17158,1	57,91	Kararsız
HanHsp40-147	XP_022008779.1	14	29,400,145	29,400,787	147	9,79	16236,11	52,54	Kararsız
HanHsp40-148	XP_022009002.1	14	50,988,493	50,999,501	487	9,07	53896,31	47,5	Kararsız
HanHsp40-149	XP_022009057.1	14	56,756,801	56,764,290	664	5,45	75307,42	49,9	Kararsız
HanHsp40-150	XP_022009203.1	14	72,295,365	72,299,628	197	9,51	22709,66	55,89	Kararsız
HanHsp40-151	XP_022009643.1	14	102,717,571	102,719,266	112	10,56	12186,02	41,67	Kararsız
HanHsp40-152	XP_022007913.1	14	112,361,848	112,364,130	172	8,39	19635,29	45,49	Kararsız
HanHsp40-153	XP_022005145.1	14	126,582,923	126,590,762	602	9,49	67604,42	53,57	Kararsız
HanHsp40-154	XP_022005985.1	14	152,940,923	152,944,757	221	5,99	24158,76	37,27	Kararlı
HanHsp40-155	XP_022039726.1	14	156,957,421	156,960,735	416	6,11	46333,39	38,61	Kararlı
HanHsp40-156	XP_022006091.1	14	157,655,880	157,658,754	416	5,91	46425,32	40,5	Kararsız
HanHsp40-157	XP_022010342.1	15	3,134,302	3,136,737	562	8,73	62820,92	44,91	Kararsız
HanHsp40-158	XP_022010444.1	15	5,044,466	5,047,602	544	9,22	61929,08	41,18	Kararsız
HanHsp40-159	XP_022010665.1	15	10,889,769	10,895,008	590	8,54	66718,73	38,49	Kararlı
HanHsp40-160	XP_022010998.1	15	20,893,504	20,895,661	660	7,01	73921,1	35,32	Kararlı
HanHsp40-161	XP_022011181.1	15	26,537,901	26,546,037	611	9,52	69240,32	54,94	Kararsız
HanHsp40-162	XP_022020971.1	15	35,105,886	35,109,309	406	4,89	46160,78	47,82	Kararsız
HanHsp40-163	XP_022011561.1	15	41,398,142	41,401,046	298	7,07	34101,66	40,69	Kararsız
HanHsp40-164	XP_021989356.1	15	105,746,745	105,751,395	857	8,37	96753,84	44,31	Kararsız
HanHsp40-165	XP_022013038.1	15	125,645,157	125,648,094	282	6,22	32157,8	42,53	Kararsız
HanHsp40-166	XP_022013171.1	15	141,199,276	141,202,911	216	6,06	23563,2	30,36	Kararlı
HanHsp40-167	XP_022013211.1	15	143,521,881	143,525,121	319	9,78	35244,48	49,76	Kararsız
HanHsp40-168	XP_022015100.1	15	165,116,297	165,117,574	372	5,91	41749,69	25,95	Kararlı
HanHsp40-169	XP_022015433.1	16	5,667,449	5,669,322	166	5,79	18748,05	43,96	Kararsız

EK 18'in devamı

HanHsp40-170	XP_022016350.1	16	14,456,915	14,462,634	1172	5,38	131881,15	50,39	Kararsız
HanHsp40-171	XP_022016166.1	16	17,548,523	17,550,831	604	4,94	69156,07	51,41	Kararsız
HanHsp40-172	XP_022016615.1	16	21,724,180	21,728,297	354	9,05	39288,05	40,43	Kararsız
HanHsp40-173	XP_022015631.1	16	56,353,065	56,358,765	913	8,56	101020,52	57,66	Kararsız
HanHsp40-174	XP_022019491.1	16	96,534,161	96,534,670	169	9,26	18968,27	44	Kararsız
HanHsp40-175	XP_022019492.1	16	96,539,433	96,541,514	268	9	29719,78	39,18	Kararlı
HanHsp40-176	XP_022018696.1	16	164,086,658	164,089,688	301	8,62	34719,54	56,42	Kararsız
HanHsp40-177	XP_022015392.1	16	171,297,251	171,303,335	396	6,64	44611,26	36,69	Kararlı
HanHsp40-178	XP_022015445.1	16	171,805,338	171,814,943	669	5,06	75623,42	33,97	Kararlı
HanHsp40-179	XP_022015705.1	16	177,012,933	177,018,703	1097	4,86	126240,96	55,81	Kararsız
HanHsp40-180	XP_022015862.1	16	180,591,103	180,591,708	149	8,66	16434,07	67,95	Kararsız
HanHsp40-181	XP_022015867.1	16	180,623,015	180,623,675	162	9,46	17905,96	73,47	Kararsız
HanHsp40-182	XP_022015868.1	16	180,637,953	180,638,699	162	9,42	17721,65	73,5	Kararsız
HanHsp40-183	XP_022025491.1	17	20,698,812	20,701,474	482	8,84	52687,86	47,87	Kararsız
HanHsp40-184	XP_022021001.1	17	61,693,586	61,697,578	411	6,99	45578,11	42,38	Kararsız
HanHsp40-185	XP_022023110.1	17	73,562,400	73,564,026	144	8,37	17293,61	71,27	Kararsız
HanHsp40-186	XP_022022410.1	17	93,679,850	93,681,744	353	8,94	38601,68	36,21	Kararlı
HanHsp40-187	XP_022020512.1	17	101,923,061	101,925,908	327	6,34	37135,94	54,6	Kararsız
HanHsp40-188	XP_022025572.1	17	139,459,278	139,465,670	439	8,95	48013,03	36,33	Kararlı
HanHsp40-189	XP_022022512.1	17	139,679,976	139,686,425	643	6,98	71990,34	56,84	Kararsız
HanHsp40-190	XP_022021454.1	17	181,074,190	181,077,123	175	4,7	20618,89	52,27	Kararsız
HanHsp40-191	XP_022020692.1	17	181,899,511	181,906,352	419	5,86	46306,5	41,48	Kararsız
HanHsp40-192	XP_022025673.1	17	192,068,530	192,070,763	333	9,14	37513,93	38,92	Kararlı

EK 19 Ayçiçeği Hsp40 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protien Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basmağı
HanHsp40-01	dnaJ proteini ERDJ3B	344	0.0	93.16	P: model tanıma reseptörü sinyal yolu; P:protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: plazma zarı	P:protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-02	şaperon proteini dnaJ 50	298	0.0	91.62	P:protein katlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	P: protein katlanması
HanHsp40-03	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 13 benzeri	345	0.0	92.61	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-04	serin/treonin-protein kinaz Nek2	599	0.0	81.84	P:protein fosforilasyonu; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHsp40-05	serin/treonin-protein kinaz Nek6 benzeri	572	0.0	78.48	P:protein fosforilasyonu; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHsp40-06	DNAJ alanı içeren protein	291	3,56E-169	74.72	P: protein defosforilasyonu; F: metal iyon bağlama; F: protein serin fosfataz aktivitesi; F: protein treonin fosfataz aktivitesi	
HanHsp40-07	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	195	2,43E-98	84.65	P: fosforilasyon; F: protein serin/treonin fosfataz aktivitesi; F: katyon bağlama	
HanHsp40-08	oksilin ile ilgili protein 2 benzeri	802	0.0	86.25	P:klatrin kaplamanın sökülmesi; P:klatrin bağımlı endositoz; F: klatrin bağlama; C: sitoplazma; C: vezikül; C: hücre içi zarla çevrili organel	

EK 19'un devamı

HanHsp40-09	dnaJ alanı içeren protein	197	5,57E-142	73.85	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	
HanHsp40-10	muhtemel sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOGL10	132	3,75E-86	88.08	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	
HanHsp40-11	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3	218	3,68E-154	96.57	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	
HanHsp40-12	şaperon proteini dnaJ 49	199	5,56E-142	85.42	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P: yanlış katlanmış proteine hücresel tepki; F:Hsp70 protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum zarı	
HanHsp40-13	şaperon proteini dnaJ 8, kloroplastik benzeri	161	2,08E-90	78.39		
HanHsp40-14	DNAJ homolog alt ailesi C üyesi 17	158	7,65E-90	79.93	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F:RNA bağlanması; F:diziye özgü DNA bağlanması	
HanHsp40-15	DPH4 homologu	168	1,44E-104	79.65	P:tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; P:peptidil-histidinden elde edilen peptidil-diftamid biyosentetik işlemi; F: metal iyon bağlama; C: çekirdek; C: sitozol	P:peptidil-histidinden elde edilen peptidil-diftamid biyosentetik işlemi; F: metal iyon bağlama

EK 19'un devamı

HanHsp40-16	mitokondriyal ithal iç zar translokaz alt birimi TIM14-1	112	1,47E-45	88.79	P: mitokondriyal matrikse protein aktarımı; P:katalitik aktivitenin düzenlenmesi; F:ATPase etkinleştirici etkinliği; C:PAM kompleksi, Tim23 ile ilişkili ithalat motoru; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-17	demir-kükürt kümesi yardımcı şaperon proteini HscB homologu	272	0.0	78.02	P:[2Fe-2S] küme montajı; P:katalitik aktivitenin düzenlenmesi; P:protein kompleksi oligomerizasyonu; P: demir-kükürt küme transferi ile protein olgunlaşması; F:ATPase etkinleştirici etkinliği; F: refakatçi bağlama	P:protein kompleksi oligomerizasyonu; P: demir-kükürt küme transferi ile protein olgunlaşması; F:ATPase etkinleştirici etkinliği; F: refakatçi bağlama
HanHsp40-18	dnaJ protein homologu	421	0.0	95.0	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-19	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG7	216	1,71E-138	95.41	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	
HanHsp40-20	DNAJ homolog alt ailesi C üyesi 18	290	0.0	77.26	P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-21	mitokondriyal içe aktarma iç zar translokaz alt birimi PAM16 benzeri 2-like	117	1,44E-75	91.31	P: mitokondriyal matrikse protein aktarımı; F: transaminaz aktivitesi; F:karbon-kükürt liyaz aktivitesi; C:TIM23 mitokondriyal ithal iç membran translokaz kompleksi	P: mitokondriyal matrikse protein aktarımı; C:TIM23 mitokondriyal ithal iç membran translokaz kompleksi
HanHsp40-22	DNAJ alanı içeren protein	256	0.0	84.57	C: kloroplast	
HanHsp40-23	DNAJ alanı içeren protein	617	0.0	78.49	C: zar	

EK 19'un devamı

HanHsp40-24	DNAJ alanı, Bölünmeyi indükleyen moleküler şaperon, Jiv	571	0.0	81.1	C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-25	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	150	5,51E-92	69.81		
HanHsp40-26	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	147	6,59E-102	68.35		
HanHsp40-27	J alanı içeren protein DDB_G0295729 benzeri	667	0.0	71.25	F: kalsiyum iyonu bağlama	
HanHsp40-28	dnaJ homolog alt ailesi C üyesi 2-like	643	0.0	90.6	P:çeviri doğruluğunun düzenlenmesi; P:'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:DNA bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması; C: çekirdek	P:çeviri doğruluğunun düzenlenmesi; P:'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması
HanHsp40-29	şaperon proteini dnaJ 13 izoformu X1	542	0.0	90.24	P:meristemin vejetatiften üreme fazına geçişi; P:çok düşük ışık yoğunluğu uyaranına yanıt; C: plastid; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-30	şaperon proteini dnaJ 49	166	1,62E-86	64.22	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P: yanlış katlanmış proteine hücresel tepki; F:Hsp70 protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-31	şaperon proteini dnaJ 49	351	0.0	84.36	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P: yanlış katlanmış proteine hücresel tepki; F:Hsp70 protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-32	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1-like	301	0.0	82.66	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 19'un devamı

HanHsp40-33	tRNA üridin 5-karboksimetilaminometil modifikasyon enzimi MnmG	711	0.0	91.69	P:tRNA metilasyonu; P:mitokondriyal tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; F:flavin adenin dinükleotit bağlanması; C: mitokondri	P:tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; P:tRNA işleme; F:flavin adenin dinükleotid bağlanması
HanHsp40-34	dnaJ protein homologu	424	0.0	88.53	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-35	dnaJ alanı içeren protein	213	4,81E-107	85.69	C: zar	
HanHsp40-36	NAD(P)H-kinon oksidoredüktaz alt birimi U, kloroplastik	222	8,97E-125	79.78	C:kloroplast tilakoid membran; C:NAD(P)H dehidrojenaz kompleksi (plastokinon); C: zarın integral bileşeni	C:kloroplast tilakoid membran; C:NAD(P)H dehidrojenaz kompleksi (plastokinon)
HanHsp40-37	şaperon proteini dnaJ 16	410	0.0	88.87		
HanHsp40-38	DNAJ alanı içeren protein	230	2,60E-166	79.41	P:savunma yanıtı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-39	şaperon proteini dnaJ 20, kloroplastik benzeri	212	1,09E-152	74.35	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	
HanHsp40-40	DNAJ alanı içeren protein	384	0.0	70.08		
HanHsp40-41	şaperon proteini dnaJ 10	340	0.0	91.13	P:ATP metabolik süreç; P:proton transmembran taşıma	
HanHsp40-42	serin/treonin-protein kinaz Nek2	558	0.0	79.59	P:protein fosforilasyonu; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHsp40-43	oksilin ile ilgili protein 2 benzeri izoform X1	552	0.0	72.31	P:klatrin kaplamanın sökülmesi; P:klatrin bağımlı endositoz; F: klatrin bağlama; C: sitoplazma; C: vezikül; C: hücre içi zarla çevrili organel	

EK 19'un devamı

HanHsp40-44	şaperon proteini dnaJ GFA2, mitokondriyal benzeri izoform X1	433	0.0	82.3	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-45	dnaJ alanı, Tetratrikopeptit benzeri sarmal alan proteini	1161	0.0	76.57		F: protein bağlama
HanHsp40-46	DnaJ alanı, çinko parmak, CCHC tipi, tetratrikopeptit benzeri sarmal alan proteini	745	0.0	75.6	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama	F:nükleik asit bağlanması; F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp40-47	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1-like	187	6,31E-97	79.31	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	
HanHsp40-48	şaperon proteini dnaJ 6	283	9,17E-143	94.55	C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-49	DNAJ homolog alt ailesi B üyesi 4	321	0.0	75.13	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-50	GDP-mannoz taşıyıcı GONST2 benzeri	394	0.0	86.08	P:GDP-mannoz transmembran taşınması; F:GDP-mannoz transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:antiporter aktivite; C: Golgi aygıtı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-51	protein IQ-DOMAIN 1-like	265	6,76E-163	75.78	C: zar; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-52	varsayılan transkripsiyon faktörü etkileşimcisi ve düzenleyici CCHC(Zn) ailesi	293	3,91E-167	74.88		

EK 19'un devamı

HanHsp40-53	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG5 benzeri	216	4,16E-138	94.41	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:liyaz aktivitesi; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	
HanHsp40-54	dnaJ protein homologu	319	0.0	74.97	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-55	DNAJ alanı içeren protein	675	0.0	67.28		
HanHsp40-56	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik	158	6,72E-86	69.83		
HanHsp40-57	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	157	7,24E-98	70.21		
HanHsp40-58	şaperon proteini dnaJ 10	389	0.0	89.85	P: protein defosforilasyonu; F: metal iyon bağlama; F: protein serin fosfataz aktivitesi; F: protein treonin fosfataz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-59	karakterize edilmemiş J alanı içeren protein C4H3.01	287	0.0	84.59	P: transkripsiyonun düzenlenmesi, DNA şablonlu; F:DNA bağlayıcı transkripsiyon faktörü aktivitesi; F: diziye özgü DNA bağlanması; C: kloroplast	
HanHsp40-60	varsayılan pentatrikopeptid tekrar içeren protein At5g52630	723	0.0	81.43	F: çinko iyonu bağlama	F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp40-61	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1	135	8,61E-24	93.3	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	F:oksidoredüktaz aktivitesi
HanHsp40-62	varsayılan DnaJ alanı, tetratrikopeptit benzeri sarmal alan süper ailesi	567	0.0	84.52		F: protein bağlama

EK 19'un devamı

HanHsp40-63	şaperon proteini dnaJ 1, mitokondriyal izoform X1	468	0.0	85.4	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-64	DNAJ alanı içeren protein	208	7,99E-122	76.92	P:hücresel metabolik sürecin düzenlenmesi; P: nitrojen bileşiği metabolik sürecinin düzenlenmesi; P:makromolekül metabolik sürecinin düzenlenmesi; P: şaperon aracılı protein katlanması; P: birincil metabolik sürecin düzenlenmesi; C: kloroplast	
HanHsp40-65	DNAJ alanı içeren protein	195	3,07E-137	74.25	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	
HanHsp40-66	DNAJ alanı içeren protein	640	0.0	75.67	P:brassinosteroid aracılı sinyal yolu; P: DNA şablonlu transkripsiyonun düzenlenmesi, uzama; C: çekirdek	
HanHsp40-67	şaperon proteini DnaJ 49	236	6,17E-156	65.88	P:organik maddeye tepki; P: strese hücresel yanıt	
HanHsp40-68	şaperon proteini dnaJ 72	176	2,65E-93	74.31	C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-69	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At5g16860 benzeri izoform X1	798	0.0	82.63	P:RNA modifikasyonu; F:RNA bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C: hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp40-70	oksilin ile ilgili protein 2 benzeri	836	0.0	76.48	P:vezikül aracılı taşıma; C:hücre içi anatomik yapı; C: zarla çevrili organel	
HanHsp40-71	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG1 benzeri	229	3,30E-163	87.5	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol; C: zarın integral bileşeni	

EK 19'un devamı

HanHsp40-72	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At1g04840	665	0.0	81.59	P:RNA modifikasyonu; F:RNA bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C: hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp40-73	mitokondriyal ithal iç zar translokaz alt birimi PAM16 benzeri 2	117	1,35E-75	91.54	P: mitokondriyal matrikse protein aktarımı; C:TIM23 mitokondriyal ithal iç membran translokaz kompleksi	P: mitokondriyal matrikse protein aktarımı; C:TIM23 mitokondriyal ithal iç membran translokaz kompleksi
HanHsp40-74	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3	218	6,58E-154	96.29	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	
HanHsp40-75	dnaJ proteini P58IPK homologu	485	0.0	94.79	F: pektinesteraz aktivitesi; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zarın integral bileşeni	F: protein bağlama
HanHsp40-76	dnaJ homolog alt ailesi C üyesi 2-like	647	0.0	84.55	P:çeviri doğruluğunun düzenlenmesi; P:'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:DNA bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması; C: çekirdek	P:çeviri doğruluğunun düzenlenmesi; P:'de novo' kotranslasyonel protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ribozom bağlanması
HanHsp40-77	mitokondriyal ithal iç zar translokaz alt birimi TIM14-1	112	1,98E-53	94.15	P: mitokondriyal matrikse protein aktarımı; P:katalitik aktivitenin düzenlenmesi; F:ATPase etkinleştirici etkinliği; C:PAM kompleksi, Tim23 ile ilişkili ithalat motoru; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-78	dnaJ proteini ERDJ2A benzeri	681	0.0	93.2	P:SRP'ye bağımlı eş-çeviri proteini, zarı hedef alır; P: endoplazmik retikulum zarını hedefleyen translasyon sonrası protein; P:protein transmembran transportu; F:RNA bağlanması; F: protein transmembran taşıyıcı aktivitesi; C: zarın integral bileşeni; C:Sec62/Sec63 kompleksi	
HanHsp40-79	şaperon proteini dnaJ 10	389	0.0	90.23		
HanHsp40-80	DNAJ alanı içeren protein	615	0.0	72.86		
HanHsp40-81	şaperon proteini dnaJ 10	389	0.0	91.24		

EK 19'un devamı

HanHsp40-82	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	136	2,53E-69	75.8		
HanHsp40-83	şaperon proteini dnaJ 20, kloroplastik benzeri	156	7,68E-107	70.7	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	
HanHsp40-84	DNAJ alanı içeren protein	405	0.0	63.22		
HanHsp40-85	DNAJ alanı içeren protein	243	1,44E-126	85.83	P:savunma yanıtı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-86	şaperon proteini dnaJ 10	385	0.0	90.28		
HanHsp40-87	varsayılan DnaJ alanı, ana kolaylaştırıcı üst ailesi alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	557	0.0	83.92	C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-88	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	1609	0.0	69.6		
HanHsp40-89	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	688	0.0	70.41		
HanHsp40-90	DNAJ alanı içeren protein	323	0.0	63.2		
HanHsp40-91	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1	167	7,06E-97	78.55	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	
HanHsp40-92	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1	307	0.0	81.21	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-93	şaperon proteini dnaJ 8, kloroplastik	156	4,56E-71	88.76		
HanHsp40-94	DNAJ alanı içeren protein	642	0.0	65.31	C: hücresel anatomik varlık	

EK 19'un devamı

HanHsp40-95	şaperon proteini dnaJ 49	199	1,74E-142	84.85	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P: yanlış katlanmış proteine hücresel tepki; F:Hsp70 protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-96	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	110	2,15E-69	76.43		
HanHsp40-97	oksilin benzeri protein 1	1556	0.0	72.44	P:hücresel süreç; C:hücre içi anatomik yapı; C: organel	
HanHsp40-98	şaperon proteini DnaJ	135	2,31E-89	81.73	C: kloroplast	
HanHsp40-99	varsayılan DnaJ alanı, tetratrikopeptit benzeri sarmal alan süper ailesi	540	0.0	84.84		F: protein bağlama
HanHsp40-100	dnaJ proteini ERDJ3B	344	0.0	93.16	P: model tanıma reseptörü sinyal yolu; P:protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: plazma zarı	P:protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-101	GDP-mannoz taşıyıcı GONST1 izoformu X1	337	0.0	95.96	P:karbonhidrat taşınması; P:GDP-mannoz transmembran taşınması; F:GDP-mannoz transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:antiporter aktivite; C: Golgi zarı; C: zarın integral bileşeni	F:GDP-mannoz transmembran taşıyıcı aktivitesi
HanHsp40-102	DNAJ homolog alt ailesi C üyesi 17	297	0.0	82.84	F:RNA bağlanması	F:nükleik asit bağlanması
HanHsp40-103	karakterize edilmemiş protein LOC110884730 izoformu X1	596	0.0	86.25		

EK 19'un devamı

HanHsp40-104	şaperon proteini dnaJ A7A, kloroplastik benzeri	445	0.0	90.92	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: kloroplast tilakoid zarı	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-105	şaperon proteini DnaJ	487	0.0	88.8	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C:kloroplast tilakoid membran; C: kloroplast zarf	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-106	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 6 izoformu X1	227	5,02E-144	74.16		
HanHsp40-107	dnaJ homolog alt ailesi C GRV2 izoformu X1	2542	0.0	90.19	P:reseptör aracılı endositoz; C: endozom zarı	
HanHsp40-108	şaperon proteini dnaJ C76, kloroplastik	134	6,91E-90	93.43	P:trikarboksilik asit döngüsü; F: nükleotid bağlanması; F:RNA bağlanması; F:süksinat-CoA ligaz (ADP oluşturan) aktivite; C: mitokondri; C:kloroplast; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-109	dnaJ proteini ERDJ3B	343	0.0	94.11	P: model tanıma reseptörü sinyal yolu; P:protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: plazma zarı	P:protein katlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-110	RNA polimeraz II transkripsiyon alt biriminin aracısı 15 benzeri	611	0.0	83.64		

EK 19'un devamı

HanHsp40-111	RNA polimeraz II transkripsiyon alt biriminin aracısı 15 benzeri	846	0.0	78.18		
HanHsp40-112	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik	144	7,45E-98	67.44		
HanHsp40-113	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 13 benzeri	345	0.0	92.44	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-114	şaperon proteini DnaJ A7A, kloroplastik benzeri	441	0.0	86.89	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: kloroplast tilakoid zarı	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-115	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3	216	1,06E-152	95.85	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-116	varsayılan 43kDa postsinaptik protein	1118	0.0	73.39		F: protein bağlama
HanHsp40-117	şaperon proteini dnaJ 16	393	0.0	84.84		
HanHsp40-118	DNAJ alanı içeren protein	594	0.0	78,95	C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-119	şaperon DnaJ alanı süper aile proteini	277	0.0	80.32	P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	
HanHsp40-120	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG5 benzeri	221	1,01E-155	91.15	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	

EK 19'un devamı

HanHsp40-121	DPH4 homologu	171	8,26E-107	81.16	P:tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; P:peptidil-histidinden elde edilen peptidil-diftamid biyosentetik işlemi; F: metal iyon bağlama; C: çekirdek; C: sitozol	P:peptidil-histidinden elde edilen peptidil-diftamid biyosentetik işlemi; F: metal iyon bağlama
HanHsp40-122	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	492	0.0	78.28		
HanHsp40-123	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	176	3,47E-123	77.59	C: çekirdek; C: sitoplazma	
HanHsp40-124	DNAJ alanı içeren protein	357	0.0	73.11		
HanHsp40-125	RNA bağlayıcı protein Musashi homolog 2 izoformu X1	400	0.0	88.61	F:RNA bağlanması	F:nükleik asit bağlanması
HanHsp40-126	DNAJ alanı içeren protein	776	0.0	62.76		
HanHsp40-127	dnaJ proteini ERDJ3A	575	0.0	83.37	P:ısıya tepki; P: polen tüpü büyümesi; F:oksidoredüktaz aktivitesi; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: plazmodezma	
HanHsp40-128	dnaJ alanı içeren protein	619	0.0	62.48	P:protein taşınması; C: endoplazmik retikulum; C: zar; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-129	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	145	1,93E-97	75.93	F: DNA bağlama	
HanHsp40-130	DNAJ alanı içeren protein	200	2,66E-143	79.66		
HanHsp40-131	DNAJ alanı içeren protein	147	2,39E-99	85.52	C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-132	serin/treonin-protein kinaz Nek5	945	0.0	74.61	P:mikrotübül tabanlı süreç; P: fosforilasyon; F: nükleotid bağlanması; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; C: kortikal mikrotübül	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHsp40-133	serin/treonin-protein kinaz Nek6 benzeri	569	0.0	81.26	P:protein fosforilasyonu; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama

EK 19'un devamı

HanHsp40-134	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 14	188	3,55E-102	87.13		
HanHsp40-135	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG7	217	3,72E-139	96.7	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	
HanHsp40-136	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1-like	141	3,17E-61	76.25	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	
HanHsp40-137	NAD(P)H-kinon oksidoredüktaz alt birimi T, kloroplastik	258	1,61E-149	88.23	C:kloroplast tilakoid membran; C:NAD(P)H dehidrojenaz kompleksi (plastokinon); C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-138	varsayılan 43kDa postsinaptik protein	1010	0.0	70.56		F: protein bağlama
HanHsp40-139	J alanı içeren protein DDB_G0295729 benzeri	607	0.0	72.46		
HanHsp40-140	şaperon proteini dnaJ 49	353	0.0	84.25	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P: yanlış katlanmış proteine hücresel tepki; F:Hsp70 protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum zarı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-141	şaperon proteini DnaJ izoformu X1	153	1,76E-80	72.73	C: zar	
HanHsp40-142	J alanı içeren protein spf31	249	8,01E-157	97.22		
HanHsp40-143	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	172	5,04E-97	75.07	F: DNA bağlama	
HanHsp40-144	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	143	1,10E-91	72.5	F: DNA bağlama	
HanHsp40-145	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	158	1,20E-86	82.5	F: DNA bağlama	
HanHsp40-146	DNAJ alanı içeren protein	155	2,98E-85	81.64	F: DNA bağlama	
HanHsp40-147	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	147	1,21E-77	77.6	F: DNA bağlama	

EK 19'un devamı

HanHsp40-148	şaperon proteini DnaJ	487	0.0	79.89	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C:kloroplast tilakoid membran; C: zarın integral bileşeni	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-149	DNAJ proteini ERDJ2A benzeri	664	0.0	91.69	P:SRP'ye bağımlı eş-çeviri proteini, zarı hedef alır; P: endoplazmik retikulum zarını hedefleyen translasyon sonrası protein; P:protein transmembran transportu; F:RNA bağlanması; F: protein transmembran taşıyıcı aktivitesi; C: zarın integral bileşeni; C:Sec62/Sec63 kompleksi	
HanHsp40-150	şaperon proteini dnaJ 20, kloroplastik benzeri	197	1,91E-124	79.57	P: şaperon aracılı protein katlanması; P:biyolojik düzenleme; C: kloroplast	
HanHsp40-151	mitokondriyal ithal iç zar translokaz alt birimi TIM14-1	112	2,96E-55	94.68	P: mitokondriyal matrikse protein aktarımı; P:katalitik aktivitenin düzenlenmesi; F:ATPase etkinleştirici etkinliği; C:PAM kompleksi, Tim23 ile ilişkili ithalat motoru; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-152	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1-like	172	2,40E-84	97,95	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	
HanHsp40-153	serin/treonin-protein kinaz Nek2 benzeri	602	0.0	84.63	P:protein fosforilasyonu; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHsp40-154	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG3	221	5,30E-145	96.72	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	

EK 19'un devamı

HanHsp40-155	dnaJ protein homologu	416	0.0	95.52	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-156	dnaJ protein homologu	416	0.0	94.98	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F:Hsp70 protein bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-157	varsayılan DnaJ alanı, tetratrikopeptit benzeri sarmal alan süper ailesi	562	0.0	86.53		F: protein bağlama
HanHsp40-158	varsayılan DnaJ alanı, tetratrikopeptit benzeri sarmal alan süper ailesi	544	0.0	75.81		F: protein bağlama
HanHsp40-159	DNAJ alanı içeren protein	590	0.0	78.35	C: zar	
HanHsp40-160	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At3g05340	660	0.0	82.26	P:RNA modifikasyonu; F:RNA bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C: hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlama
HanHsp40-161	serin/treonin-protein kinaz Nek2	611	0.0	85.84	P:protein fosforilasyonu; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHsp40-162	DNAJ alanı içeren protein	406	0.0	77.05		
HanHsp40-163	şaperon proteini dnaJ C76, kloroplastik benzeri	298	0.0	83.16	F: metal iyon bağlama; F:demir-kükürt küme bağlama	
HanHsp40-164	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	857	0.0	65.49		
HanHsp40-165	şaperon proteini dnaJ 6	282	0.0	85.44		
HanHsp40-166	sitokinin ribozit 5'-monofosfat fosforibohidrolaz LOG5 benzeri	216	8,28E-142	96.05	P:sitokinin biyosentetik süreci; F:N6-(Delta2-izopentenil)-adenosin 5'-monofosfat fosforibohidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitozol	
HanHsp40-167	DNAJ alanı içeren protein	319	0.0	66.23	F: katalitik aktivite	

EK 19'un devamı

HanHsp40-168	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	372	0.0	63.12		
HanHsp40-169	şaperon proteini dnaJ 8, kloroplastik benzeri	166	1,26E-90	83.36		
HanHsp40-170	oksilin benzeri protein 1	1172	0.0	68.2	P:hücresel süreç; C:hücre içi anatomik yapı; C: organel	
HanHsp40-171	DNAJ proteini JJJ1 homologu	604	0.0	73.91	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp40-172	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1	354	0.0	82.28	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-173	oksilin ile ilgili protein 2 benzeri	913	0.0	77.48	P:klatrin kaplamanın sökülmesi; P:klatrin bağımlı endositoz; F: klatrin bağlama; C: sitoplazma; C: vezikül; C: hücre içi zarla çevrili organel	
HanHsp40-174	şaperon proteini dnaJ 20, kloroplastik benzeri	169	1,46E-107	73.1	P: şaperon aracılı protein katlanması; C: kloroplast	
HanHsp40-175	sitokrom f	268	2,01E-163	88.82	P:fotosentez; P: elektron taşıma zinciri; F: demir iyonu bağlama; F: elektron transfer aktivitesi; F: heme bağlama; C: ribozom; C:kloroplast tilakoid membran; C: tilakoid zarın bütünleyici bileşeni	P:fotosentez; F: demir iyonu bağlama; F: elektron transfer aktivitesi; F: heme bağlama; C: tilakoid zarın bütünleyici bileşeni
HanHsp40-176	dnaJ alanı içeren protein	301	2,85E-164	81.18		
HanHsp40-177	şaperon proteini dnaJ 15	396	0.0	87.68		
HanHsp40-178	varsayılan DnaJ alanı, Chaperone J alanı süper ailesi	669	0.0	71.36		

EK 19'un devamı

HanHsp40-179	oksilin benzeri protein 1	1097	0.0	77.0	P:hücresel metabolik süreç; P:klatrin kaplamanın sökülmesi; P:klatrin bağımlı endositoz; F: protein serin/treonin kinaz aktivitesi; F: klatrin bağlama; C: sitoplazma; C: vezikül; C: hücre içi zarla çevrili organel	
HanHsp40-180	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik benzeri	149	7,90E-66	76.44		
HanHsp40-181	şaperon proteini dnaJ 11, kloroplastik	162	1,72E-61	78.02		
HanHsp40-182	DNAJ alanı içeren protein	162	1,27E-73	73.81		
HanHsp40-183	şaperon proteini dnaJ C76, kloroplastik	482	0.0	80.7	P:trikarboksilik asit döngüsü; F: nükleotid bağlanması; F:süksinat-CoA ligaz (ADP oluşturan) aktivite; C: mitokondri; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-184	şaperon protein dnaJ 15 benzeri	411	0.0	90.21		
HanHsp40-185	DNAJ ısı şoku N-terminal alanı içeren protein	144	6,24E-83	92.18	C: zarın integral bileşeni	
HanHsp40-186	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 13 benzeri	353	0.0	83.36	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp40-187	şaperon proteini dnaJ C76, kloroplastik	327	0.0	85.74	P: elektron taşıma zinciri; F: demir iyonu bağlama; F: elektron transfer aktivitesi; F:demir-kükürt kümesi bağlanması; C: kloroplast	F: demir iyonu bağlama; F: elektron transfer aktivitesi
HanHsp40-188	şaperon proteini dnaJ GFA2, mitokondriyal benzeri izoform X2	439	0.0	86.57	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 19'un devamı

HanHsp40-189	AP2 ile ilişkili protein kinaz 1 izoformu X1	643	0.0	80.41	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: çekirdek	P:protein fosforilasyonu; F: protein kinaz aktivitesi; F: ATP bağlama
HanHsp40-190	şaperon proteini DnaJ benzeri	175	1,31E-123	77.74	C: çekirdek; C: sitoplazma	
HanHsp40-191	şaperon protein dnaJ 15 benzeri	419	0.0	90.65		
HanHsp40-192	dnaJ homolog alt ailesi B üyesi 1-like	333	0.0	81.9	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: sitozol	P:protein katlanması; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 20 Ayçiçeği Hsp40 Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Arachis hypogaea					
ahy-miR3516	HanHsp40-24	3.0	20.327	GCUGGGUGAUAUUGACAGAAG	UUGCUGUCAAUAUCAUCAAGC
Arabidopsis lyrata					
aly-miR156g-3p	HanHsp40-169	3.0	13.092	GCUUACUCUCUUCUUGUCUC	GAGACGAAACGAGAGUGAGC
aly-miR3447-3p	HanHsp40-173	3.0	8.994	UUUGAGUGUGUUUGUUAUGA	UUAUGCUAAAUACACUCAAA
aly-miR4222	HanHsp40-95	3.0	15.774	UUUCAUUCGAAAUUGUUACC	GAUAACAAUUGUGAGUGAAA
	HanHsp40-12	3.0	16.717	UUUCAUUCGAAAUUGUUACC	GAUAACAAUUGUGAGUGAAA
	HanHsp40-62	3.0	16.771	UUUCAUUCGAAAUUGUUACCG	UGGGGACAAUUUUGGAUGAAG
aly-miR4248a, aly-miR4248b, aly-miR4248c	HanHsp40-80	3.0	13.107	ACAUUUUAUUUUUGGCAAUCA	UGAUUCCCAAAGAAGAAAUGU
aly-miR837-5p	HanHsp40-177	3.0	21.386	CAUUGUUUCUUGUUUUUUUCA	UGGAAAGGUCGAGAAACAAUG
	HanHsp40-84	2.5	10.663	CAUUGUUUCUUGUUUUUUUCA	UGAAGAAUUCAAGAAACAAUG
	HanHsp40-110	2.5	18.31	CAUUGUUUCUUGUUUUUUUC	GAGAAAAACAA-AAACAAUG
aly-miR838-3p	HanHsp40-80	2.5	Haz.98	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	CAGCAAGAAGAAGAAGAAGA
aly-miR846-5p	HanHsp40-107	3.0	18.334	UUCAGGGACUUCAAUUCAGA	CCAGUAUUGAAGUCCCUGAA
aly-miR856-3p	HanHsp40-45	3.0	13.444	UGAUGUUAUUUGUGGUAUAAA	UUGAUACUACAGAGAACAUCA
aly-miR859-3p	HanHsp40-87	3.0	16.447	UGAUUUUACAAUAGAUAGAU	GUCUAUUUAUUGUAGGGUUA
Aquilegia caerulea					
aqc-miR408	HanHsp40-88	3.0	16.574	UGCUCUGCCUCAUCCUUGUC	GACAAGGAUAAGGAGGAGCA
Aegilops tauschii					
ata-miR166a-5p	HanHsp40-89	3.0	14.749	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC
	HanHsp40-88	3.0	10.954	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC

EK 20'nin devamı

ata-miR172a-3p	HanHsp40-162	2.5	23.129	AGAAUCUUGAUGAUGCUGCGU	ACGCAACAUGAUCAAGGUUCU
ata-miR2118a-3p, ata-miR2118b-3p	HanHsp40-55	3.0	12.473	GGGAAUGGGAACAUGGAGGA	UCCUCGAUGUUUACAUUUCC
	HanHsp40-134	3.0	12.116	GGGAAUGGGAACAUGGAGGA	UCCUCGAUGUUUACAUUUCC
ata-miR2275a-3p	HanHsp40-110	3.0	18.779	UUUGUUUUUCUCCAAUAUCUCA	UCACAUAU-GGAGAAAAACAAA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR173-3p	HanHsp40-86	3.0	15.856	UGAUUCUCUGUGUAAGCGAA	UUUGAUUACACAGGGAAUUG
ath-miR414	HanHsp40-66	0.5	3.566	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAUGAUGAAGAUGA
	HanHsp40-66	2.5	6.688	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGACGAUGAUGAAGAAGAAGA
	HanHsp40-168	1.0	10.127	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAUGAUGAGGAUGA
	HanHsp40-132	2.0	13.075	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-149	2.5	5.378	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAUGAUGAGGAAGA
	HanHsp40-90	2.0	17.094	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGACGAUGAGGAUGA
	HanHsp40-171	2.0	2.249	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-171	3.0	6.555	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGACGAUGAGGAUGCGGAUGA
	HanHsp40-06	2.5	13.852	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAGGAUGAUGAUGAUGAUGA
ath-miR5012	HanHsp40-142	3.0	14.828	UUUUACUGCUACUUGUGUUC	GAACACGAGGAGCAGUGGGA
ath-miR5645a, ath-miR5645bi ath-miR5645d, ath-miR5645e, ath-miR5645f	HanHsp40-80	2.5	18.353	AUUUGAGUCAUGUCGUUAAG	CUUGAUGGUGUGACUCAAAU
ath-miR5659	HanHsp40-183	3.0	17.497	CGAUGAAGGUCUUUGGAACG	CGUUUCAAAUAUCUUCGUUG
ath-miR865-3p	HanHsp40-156	3.0	18.515	UUUUUCCUCAAAUUUAUCCA	UGGAUGAAUGUGAGGAAACA
ath-miR5645b, ath-miR5645d, ath-miR5645e, ath-miR5645f	HanHsp40-80	2.5	18.353	AUUUGAGUCAUGUCGUUAAG	CUUGAUGGUGUGACUCAAAU

EK 20'nin devamı

Amborella trichopoda					
atr-miR8599	HanHsp40-188	3.0	17.42	CCAAAAUGGCUUGAGUUCUA	UAUCACUCAGGCUAUUUUGG
atr-miR8601	HanHsp40-102	3.0	13.871	UGCGAUUAGGUGUUGGAGUUU	AAACUUCAACGCC-AAUCGCA
atr-miR8610.1	HanHsp40-171	3.0	11.876	ACCUUCUUCGGUUUGUUCAG	AUGAGGAAGCCGAAGAAGGU
Brachypodium distachyon					
bdi-miR166c-5p	HanHsp40-88	3.0	10.954	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC
	HanHsp40-89	3.0	14.749	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC
bdi-miR319b-5p	HanHsp40-36	3.0	22.883	AGAGCUCUCUUCAGUCCACUC	GAGUCGACGGAAGAGAGCUCG
bdi-miR5185a-5p, bdi-miR5185b-5p, bdi-miR5185c-5p, bdi-miR5185d-5p, bdi-miR5185e-5p, bdi-miR5185f-5p, bdi-miR5185g-5p, bdi-miR5185h-5p, bdi-miR5185i-5p, bdi-miR5185j-5p, bdi-miR5185k-5p	HanHsp40-46	2.5	11.958	UUCUAGUUCAUUUUUCAAAUC	GCUUUGAAUAAUGAAUUAGAA
bdi-miR5185m-5p	HanHsp40-46	3.0	11.958	UUCUAGUUCAUUUUUCGAAUC	GCUUUGAAUAAUGAAUUAGAA
bdi-miR7716-3p	HanHsp40-139	2.5	11.518	UUCGUUCUUCUCCAGUAAUU	AAUGAGUGGAGAAGAACGAG
bdi-miR7737-5p	HanHsp40-107	3.0	15.407	UUUCGGUCAAUGUAUUUCAA	UUGAAAUAUGUUGACCAGAA
bdi-miR7744-3p	HanHsp40-109	3.0	15.605	CAUCGACAACUUUUGCCAUCC	GGGUGGCAAAAGGUGACGAUG
bdi-miR7748a-3p	HanHsp40-49	2.5	22.551	AAUAUGUUUUCUAUUGUUGG	CCACCUAUAGAGAACAUAUU
bdi-miR9494	HanHsp40-162	3.0	13.441	UUCAUCACCUUCGUCUCCGUC	GACGACGACGAUGGUGAUGAA
Brassica oleracea					
bol-miR9408	HanHsp40-170	3.0	9.293	GUUUCAUCUUAGAGAAUGUUGUC	GAAAACAUUUCUUCAGAUGAAAC

EK 20'nin devamı

Brassica rapa					
bra-miR5711	HanHsp40-148	2.5	19.965	UGUUUUGUGGGUUUCUACCG	UGGUAGAAACUCAGAAAACA
bra-miR9559-5p	HanHsp40-27	3.0	18.303	UUUGGAUUUUGGUCAUUGUU	AACGUUGAUGAAAAUCCAAA
Cynara cardunculus					
cca-miR6105a	HanHsp40-66	2.5	22.329	ACGAAAACAUGUUGGUCUCACGUG	CGUUUGAGGUCAACAUGUUUUGGU
cca-miR6110-5p	HanHsp40-179	3.0	16.915	AUCUUGUAACAUUUGAUGAU	AUAAUGAAAUCUUACAAGAU
Carica papaya					
cpa-miR8136	HanHsp40-29	3.0	13.086	UAAAGUGGAAUUGGGAUAAUA	UCUUAUUCCAACUUCACUUUA
Chlamydomonas reinhardtii					
cre-miR1172.2	HanHsp40-69	3.0	13.436	UAGGAUCGGAGACGCAGUGAA	UGCAGUGCGUCUCCGAUCCUU
Citrus sinensis					
csi-miR172c	HanHsp40-162	3.0	23.102	UGGAAUCUUGAUGAUGCUGC	GCAACAUGAUCAAGGUUCUA
csi-miR3950	HanHsp40-08	3.0	19.859	UUUUUCGGCAACAUGAUUUCU	AGAAAU-AUGUUGCCGAGAAG
	HanHsp40-173	2.0	17.881	UUUUUCGGCAACAUGAUUUCU	AGAAAU-AUGUUGCCGAAAAA
csi-miR477a	HanHsp40-09	3.0	22.405	ACCUCCCUCGAAGGCUUCCA	UGGAAGCAGUCGUGGGAGGU
Ectocarpus siliculosus					
esi-miR3453-5p	HanHsp40-171	3.0	13.693	UUCUCCUCGAUCGCCCGCCU	AGGCGGUUGAUGGAGGAGGA
Gossypium hirsutum					
ghr-miR482a	HanHsp40-162	2.5	16.472	UCUUUCCUACUCCUCCCAUACC	GCUACGAGAGGAGUGGGAAAGA
Glycine max					
gma-miR1520p	HanHsp40-97	2.5	20.559	AUGUUGUUAUUGGAUGAUGA	UCAUCAUCCGAUGAUGAUAU
gma-miR1528	HanHsp40-135	3.0	16.507	AUAGAUUAGAUCAAUAUAUU	AAAGGAUUGAUCUAGUCUAU
gma-miR396a-3p	HanHsp40-157	3.0	14.334	UUCAAUAAAGCUGUGGGAAG	CUUCUCAUGGCUGUGUUGAA
gma-miR396f	HanHsp40-46	2.5	21.373	AGCUUUCUUGAACUUCUUAUG	CUUGGGAAGUUCAGGAAAGCU
gma-miR4411	HanHsp40-158	3.0	20.326	UUAUUGUAACUAAUUUGUCGGU	AACAAAAAGUUAGUUACAAUGA
gma-miR4993	HanHsp40-182	3.0	10.065	GAGCGGCGGCGGUGGAGGAUG	CAACCGCCACCGCCGCCGCUA

EK 20'nin devamı

gma-miR5041-5p	HanHsp40-97	2.5	10.788	UUUCAUCUUCAACUUG-CUCA	UGAGUCAAGUUGAAGAUGAGA
gma-miR5373	HanHsp40-135	3.0	11.879	UCUCUUGAUUCUAGAUGAUGU	AGAUCAUCAAGAUUCAAGAGA
gma-miR5380a, gma-miR5380b	HanHsp40-45	2.5	22.977	GAAAAUGAAUGAUGAGGAUGGGG	UUCCAUCCUCAUCAU-CGUUUUC
gma-miR5761a, gma-miR5761b	HanHsp40-78	3.0	18.147	UUUUGUGUCGUGAAGCUUUUG	CAGGAGUUUCGCGACAUGAAA
gma-miR5769	HanHsp40-99	3.0	8.354	UGAGGGAAAUGAAGACGACGA	UCAUCGUCUUCGUCUUCCUCA
gma-miR5775	HanHsp40-99	3.0	8.354	UGAGGGAAAUGAAGACGACGA	UCAUCGUCUUCGUCUUCCUCA
	HanHsp40-174	3.0	16.481	AUAAGCUCUUUUGAGAGCUU	AAGAGAUCAAAAGAGCUUAU
gma-miR5783	HanHsp40-33	2.5	3.327	GACGACGA-CGGGGAGGACG	CGUCCUCCUCGCUCGUCGUC
gma-miR9726	HanHsp40-104	3.0	9.925	UAUAGGCAUUAUUUUUUUCU	AGAAAUAAAAAGUGCUUAUA
gma-miR9752	HanHsp40-85	2.5	10.568	UGCUUCUUCUUUUCCCUGUU	AAUAGGGAGAAGAUGAAGCA
Gossypium raimondii					
gra-miR166d	HanHsp40-50	2.5	22.351	UGAUGGGAAUGUUGUUUGGC	GCUAAACAAGAUUCCCAUCU
gra-miR3476	HanHsp40-189	3.0	10.535	UCGGACUGGAUUUGUUGACA	UGCAAAUAAAUCUAGUCCGA
gra-miR482d	HanHsp40-03	3.0	22.415	UUUCCUAUGCCCCCCAUUCCAC	GAGGGAUGGGGGACAUGGGAGG
gra-miR7504k, gra-miR7504l, gra-miR7504m	HanHsp40-190	3.0	15.302	UUUCUCCUGAUUUUUAGCAUUUUU	AAAAAUGUUAAGAAAGAGGAGAAA
gra-miR8659a, gra-miR8659b	HanHsp40-90	3.0	10.473	AAUUUUUUAAGGUUGUUUGU	GCAAACGAUUUUGAAGAAUU
gra-miR8718	HanHsp40-72	3.0	13.71	AUUUUGGAAGAAUUUCAGCUG	CAGAUGAAAUUCAUUUAAAAU
Hordeum vulgare					
hvu-miR6202	HanHsp40-51	3.0	10.975	UGAAGAUUUUAAGCAUUGAA	GUCAUUGCUUCAAAUCUUCA

EK 20'nin devamı

Malus domestica					
mdm-miR482c	HanHsp40-13	3.0	15.64	UCUUUCCUAACCCUCCCAUUC	GAAUGGAUGGGUUGGGAAGGA
	HanHsp40-45	3.0	18.381	UCUUUCCUAACCCUCCCAUU	AAUUGAAGGGUUGGGAAAGG
Medicago truncatula					
mtr-miR2111d-3p	HanHsp40-79	3.0	17.628	AUCCUUAGAAUGCAGAUUAU	AUAAUCUGAAUGUUGAGGAU
mtr-miR2593d, mtr-miR2593e	HanHsp40-55	3.0	12.125	AUACAUCAUUGAUUGAAUGA	UCAUUCAA-CAACGAUGUAU
mtr-miR2594	HanHsp40-04	3.0	15.858	CCAUGGCCAAGGAUGCCAGA	UCUUGCAUCCUCGGUCGUGG
mtr-miR2607	HanHsp40-170	3.0	15.247	AUGUGAUUAUGUGAUAAGUGU	ACACAUGUCACACAAUUACAU
mtr-miR2661	HanHsp40-60	2.5	11.331	UAGGUUUGAGAAAAUGGGCA	UGCUCAUAUUCUCAAAUCUG
mtr-miR2673a, mtr-miR2673b	HanHsp40-110	2.5	9.212	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GAGGAGGCGGAGGAGGAGGAGG
mtr-miR319b-5p	HanHsp40-36	3.0	23.483	GAGCUUUCUUUAGUCCACUC	GAGUCGACGGAAGAGAGCUC
	HanHsp40-36	3.0	22.883	AGAGCUCUCUUCAGUCCACUC	GAGUCGACGGAAGAGAGCUCG
mtr-miR5212-3p	HanHsp40-117	3.0	17.243	CCAAGGAAAUAGAUAUCCAGC	GCUGGA-AUGUAUUUCCUUGG
mtr-miR5290	HanHsp40-28	3.0	15.27	AAUUUGGAGAGAGAUAGACA	GGUUUAUAUCUCUUCAAAUU
mtr-miR5298b, mtr-miR5298c	HanHsp40-62	3.0	20.264	UGAUGGAGAUGAUAUGAAGA	UUUCCAUAUCGUCUUCAUCG
mtr-miR5751	HanHsp40-107	2.5	15.411	UUGAUUUGAUCAGAUGGUUUU	AAGACCUUUUGAUCAAAUUAA
mtr-miR7698-5p	HanHsp40-27	3.0	18.33	UUUUCAUCAAAGUUUUCUGG	CGAAAAAACGUUGAUGAAAA
Nicotiana tabacum					
nta-miR479b	HanHsp40-69	3.0	21.124	CGUGAUAUUUGUUUGGCUCAU	AUGAACCAAACAAAUGUCAUC
nta-miR6150	HanHsp40-30	3.0	Kas.89	AGAUUUGUUUGAUCGUCUUGGC	GACAGUAUGAUCAAACAGAUUU
Oryza sativa					
osa-miR166a-5p, osa-miR166e-5p	HanHsp40-88	3.0	10.954	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC
	HanHsp40-89	3.0	14.749	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC

EK 20'nin devamı

osa-miR1864	HanHsp40-75	3.0	16.367	UUGUAGUAACGUGAUGGUCA	UGAUCAUGAUGUUGCUACGA
osa-miR2093-3p	HanHsp40-107	3.0	20.077	ACAUCUUCCAAUUAAUGCAU	GUGUAUUGGUUGGAGGGUGU
osa-miR2863b	HanHsp40-33	3.0	10.866	UUCGUUUAUUUGGACUAGAG	CUCUGGUC-AAAUAAACGGA
osa-miR2864.1	HanHsp40-87	2.0	18.59	UUUUGCUGCCCUUGUUUUGC	GCAGAAAAAGGGCGGCAAAA
osa-miR2868	HanHsp40-04	3.0	17.921	UUGGUUUUGUGUAGUAGAAA	UUUCUACUGUACAAAAUCCA
osa-miR2875	HanHsp40-09	3.0	23.971	AUUUACAGUCAUAUACAGUUU	GAGCUGUGUAUGAUUGUAAUU
osa-miR414	HanHsp40-168	0.5	10.127	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAUGAUGAGGAUGA
	HanHsp40-171	2.0	2.249	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUCC	GGAUGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-171	2.5	6.555	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACGAUGAGGAUGCGGAUGA
	HanHsp40-132	2.0	13.724	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-149	2.0	5.378	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAUGAUGAGGAAGA
	HanHsp40-66	2.0	5.312	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACGGUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-90	1.5	17.094	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGACGAUGAGGAUGA
	HanHsp40-06	2.5	14.261	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACGAUGAGGAUGAUGAUGA
osa-miR5492	HanHsp40-127	3.0	18.533	AGAAGGAGAAUAGAUAUGGUU	AAUCAUAUUCAUUCUCCUUCG
Picea abies					
pab-miR397	HanHsp40-42	3.0	14.885	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAC	GUCAACGCUCCACUUAUUGA
Prunus persica					
ppe-miR482e	HanHsp40-104	2.5	21.718	UUGCCUAUUCCUCCCAUGCC	GGCAUGGGUGGAAUGGGCGG
ppe-miR6258	HanHsp40-88	3.0	23.445	UUCCAGCUGUAAAGAUCAAG	CUGGAUCUUUAGAGCUGGAU
ppe-miR7122a-3p	HanHsp40-160	3.0	15.911	GCCGUGUUUCUUUGUAUAAA	AUUAUAUGAAGAAAUGCGGC
Physcomitrella patens					
ppt-miR1046-5p	HanHsp40-127	2.5	10.373	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	UGUGAAAGAUAUGAAAUCGA
ppt-miR1070	HanHsp40-158	2.5	11.873	UCGGUUUCUAGUAAAACUUGC	GCAGGUUUUGUUAGAAAUCGG
ppt-miR1222b, ppt-miR1222c	HanHsp40-46	3.0	16.247	CUGAAGGAGUUCAUUGGUAC	CUAUCAGUGAACUUCUUCGG

EK 20'nin devamı

ppt-miR414	HanHsp40-168	1.5	10.127	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAUGAUGAUGAGGAUGA
	HanHsp40-06	2.0	13.649	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAGGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-171	3.0	2.249	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUCC	GGAUGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-132	3.0	13.724	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-149	3.0	5.378	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAUGAUGAUGAGGAAGA
	HanHsp40-66	3.0	5.312	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GACGGUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp40-90	2.5	17.094	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAUGACGAUGAGGAUGA
ppt-miR538a, ppt-miR538b, ppt-miR538c	HanHsp40-164	2.5	14.313	UUGCAUGGAGUCUAUGUCUG	CAGAUAUGGGCUUUAUGCAA
Populus trichocarpa					
ptc-miR397c	HanHsp40-42	2.0	14.885	UCAAUGAGUGGAGCUUUGAU	GUCAACGCUCCACUUAUUGA
ptc-miR403c-5p	HanHsp40-165	3.0	20.005	UUUGUGCGUGGAUCUGAGGC	UCUUCAGAUCCAUGUAUAAA
ptc-miR475a-3p, ptc-miR475b-3p, ptc-miR475c	HanHsp40-72	1.5	11.747	UUACAGUGCCCAUUGAUUAA	UUAAUUAAUGGGUAUUGUAA
ptc-miR482a.2	HanHsp40-72	2.5	17.168	UCUUGCCUACUCCUCCCAUU	AAUGGGGGGAUGAGGCAAGA
ptc-miR6461	HanHsp40-122	3.0	16.669	UAGCUAGCAAGUUCAUGGAU	AGCCAUGUACUUGCUAGCUC
ptc-miR6466-5p	HanHsp40-56	2.0	10.871	UCUGGUAUGAGCAUUUGAUG	CAUCAAAUGUACAUAUCAGA
ptc-miR7826	HanHsp40-52	3.0	13.132	UUACCAAGUUUCAAAUUCUCA	UGAGAAUUUGAAGUUGGGUAG
ptc-miR7831	HanHsp40-75	2.5	17.644	UACAUGUAGAGACCACCAAA	UUUGGCGGUUUCCACAUGUA
Sorghum bicolor					
sbi-miR5564b	HanHsp40-160	1.5	17.378	GCAAUUCGUCGAACAGCUUG	CAAGCUGUUCGACGAAAUGC
sbi-miR5565c	HanHsp40-04	3.0	13.145	UACACAUGUGGAUUGAGGUG	CAUUACAAUCGACAUGUGUA
sbi-miR6232a-5p	HanHsp40-02	3.0	9.734	GUCGCUUUGACUUUUUUGGUA	UGCGAAAAGAGUCAAAGCGAA
Solanum lycopersicum					

EK 20’nin devamı

stu-miR397-3p	HanHsp40-53	3.0	23.809	CAUCAACGCUACACUCAAUC	GAGGGAGUGUAGGGUUGAUG
stu-miR7980b-3p	HanHsp40-132	2.5	16.666	GAGAUGGAAUCAGUGUUUGG	UCAAAUACUGAUUCCAUAUC
stu-miR8029	HanHsp40-23	3.0	13.608	AGCCAUUUUUCUUUGUUUUGG	UUAAAAGAAAUGAAAAUGGCU
stu-miR8050-5p	HanHsp40-08	3.0	15.042	AAGUAGGAAUCAAGGUCAAU	AAUGACCUUGAUUCCUUUUU
Vitis vinifera					
vvi-miR3636-5p	HanHsp40-170	3.0	16.714	UCGGUUUGCUUCUUUGAUAGA	UCAACCAAAGAAGGAAACCGA
vvi-miR477b-5p	HanHsp40-08	3.0	9.573	ACUCUUUCUCAAGGGCUUCU	AGAAGCACAUGAGAAAGAGA
Zea mays					
zma-miR166b-5p	HanHsp40-88	3.0	10.954	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC
zma-miR166b-5p	HanHsp40-89	3.0	14.749	GGAAUGUUGUCUGGUUCAAGG	UCCUGAACUAGAUAAUAUUUC
zma-miR319c-5p	HanHsp40-36	2.0	23.483	GAGCUCUCUUCAGUCCACUC	GAGUCGACGGAAGAGAGCUC
zma-miR395m-5p	HanHsp40-76	3.0	18.48	GUUCCUUUCAAACACUUCAC	GUGAAGUAUCCGAAAGGAAC

EK 21 Ayçiçeği HSF Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Protein Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp40-18	2	AT3G44110	3	4,5198	0,0856	0,018938891	34,76769231
HanHsp40-18	2	AT5G22060	5	6,8059	0,0985	0,014472737	52,35307692
HanHsp40-33	3	AT2G13440	2	2,3178	0,1483	0,063983087	17,82923077
HanHsp40-75	7	AT5G03160	5	3,189	0,1642	0,051489495	24,53076923
HanHsp40-78	7	AT1G79940	1	5,4819	1,0732	0,195771539	42,16846154
HanHsp40-104	10	AT2G22360	2	2,1025	0,1904	0,090558859	16,17307692
HanHsp40-105	10	AT1G80030	1	2,2882	0,2411	0,105366664	17,60153846
HanHsp40-107	10	AT2G26890	2	2,7351	0,1615	0,059047201	21,03923077
HanHsp40-132	13	AT3G44200	3	4,1902	0,4061	0,096916615	32,23230769
HanHsp40-149	14	AT1G79940	1	3,6341	0,1957	0,053851022	27,95461538
HanHsp40-149	14	AT1G79940	1	3,6339	0,1957	0,053853986	27,95307692
HanHsp40-149	14	AT1G79940	1	3,6341	0,1957	0,053851022	27,95461538
HanHsp40-155	14	AT3G44110	3	5,9037	0,1003	0,016989346	45,41307692
HanHsp40-155	14	AT5G22060	5	68,8338	0,1088	0,001580619	529,4907692
HanHsp40-156	14	AT3G44110	3	4,0016	0,0969	0,024215314	30,78153846
HanHsp40-156	14	AT5G22060	5	7,5784	0,1061	0,014000317	58,29538462
HanHsp40-177	16	AT1G68370	1	5,408	0,2033	0,037592456	41,6
HanHsp40-184	14	AT1G68370	1	4,088	0,01596	0,00390411	31,44615385
HanHsp40-191	14	AT1G68370	1	3,2142	0,1419	0,044147844	24,72461538
ORTALAMA				**7,5558**	**0,206803158**	**0,052659533**	**58,12153846**

EK 22 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp40-18	2	LOC_Os03g44620	3	5,1148	0,058	0,0113	39,34461538
HanHsp40-18	2	LOC_Os03g57340	3	9,5534	0,0714	0,0075	73,48769231
HanHsp40-33	3	LOC_Os01g72980	1	2,8987	0,1586	0,0547	22,29769231
HanHsp40-132	13	LOC_Os01g64490	1	8,9409	0,4302	0,0481	68,77615385
HanHsp40-149	14	LOC_Os04g24180	4	3,2981	0,212	0,0643	25,37
HanHsp40-149	14	LOC_Os04g24180	4	3,2982	0,212	0,0643	25,37076923
HanHsp40-155	14	LOC_Os03g57340	3	26,3501	0,0628	0,0024	202,6930769
HanHsp40-156	14	LOC_Os03g57340	3	11,8498	0,0699	0,0059	91,15230769
HanHsp40-184	17	LOC_Os01g32870	1	3,8387	0,1977	0,0515	29,52846154
HanHsp40-191	17	LOC_Os01g32870	1	3,8859	0,1705	0,0439	29,89153846
ORTALAMA				**7,90286**	**0,16431**	**0,0354**	**60,79123077**

EK 23 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp40-18	2	Potri.008G018800	8	2,0871	0,055	0,026352355	16,05461538
HanHsp40-18	2	Potri.010G243100	10	1,9709	0,0489	0,024811	15,16076923
HanHsp40-18	2	Potri.009G015700	9	5,7081	0,0616	0,010791682	43,90846154
HanHsp40-62	6	Potri.002G197300	2	2,9732	0,2025	0,068108435	22,87076923
HanHsp40-75	7	Potri.016G088600	16	2,0341	0,1429	0,0702522	15,64692308
HanHsp40-78	7	Potri.017G148800	17	#####	0,0572	0,003037512	144,8553846
HanHsp40-78	7	Potri.017G148800	17	#####	1,0774	0,05722754	144,82
HanHsp40-78	7	Potri.004G072200	4	#####	1,0829	0,042753535	194,8376923
HanHsp40-82	8	Potri.005G260400	5	#####	1,0804	0,018653154	445,5423077
HanHsp40-102	10	Potri.007G106400	7	1,8030	0,0986	0,054686633	13,86923077
HanHsp40-102	10	Potri.005G062900	5	2,1106	0,0983	0,046574434	16,23538462
HanHsp40-105	10	Potri.007G094900	7	3,0460	0,1474	0,048391333	23,43076923
HanHsp40-105	10	Potri.003G031800	3	2,0714	0,2095	0,101139326	15,93384615
HanHsp40-107	10	Potri.018G072600	18	2,0118	0,1311	0,065165523	15,47538462
HanHsp40-109	11	Potri.014G122600	14	3,1319	0,1078	0,034420001	24,09153846
HanHsp40-109	11	Potri.002G198000	2	#####	0,117	0,002228924	403,7823077
HanHsp40-132	13	Potri.009G020100	9	3,3462	0,421	0,125814357	25,74
HanHsp40-133	13	Potri.006G056300	6	2,0305	0,3258	0,16045309	15,61923077
HanHsp40-149	14	Potri.004G072200	4	2,5636	0,193	0,075284756	19,72
HanHsp40-149	14	Potri.017G148800	17	2,7210	0,1862	0,068430724	20,93076923
HanHsp40-149	14	Potri.017G148800	17	2,7210	0,1862	0,068430724	20,93076923
HanHsp40-155	14	Potri.008G018800	8	2,2958	0,037	0,016116386	17,66
HanHsp40-155	14	Potri.010G243100	10	2,5590	0,0399	0,015592028	19,68461538
HanHsp40-155	14	Potri.009G015700	9	5,0917	0,0671	0,01317831	39,16692308
HanHsp40-156	14	Potri.008G018800	8	2,4504	0,0354	0,014446621	18,84923077
HanHsp40-156	14	Potri.010G243100	10	2,3059	0,0425	0,018430981	17,73769231
HanHsp40-156	14	Potri.009G015700	9	5,8437	0,0636	0,010883516	44,95153846
HanHsp40-184	17	Potri.008G123200	8	1,9872	0,172	0,086553945	15,28615385
HanHsp40-191	17	Potri.008G123200	8	1,4753	0,1614	0,109401478	11,34846154
ORTALAMA				**8,2668**	**0,2292966**	**0,050262431**	**63,59106101**

EK 24 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp40-18	2	Zm00001d033210	1	3,95100	0,0712	0,018020754	30,39230769
HanHsp40-18	2	Zm00001d013669	5	4,82010	0,0692	0,014356549	37,07769231
HanHsp40-33	3	Zm00001d042034	3	2,95580	0,1513	0,051187496	22,73692308
HanHsp40-105	10	Zm00001d018413	5	31,77250	0,2505	0,007884177	244,4038462
HanHsp40-114	11	Zm00001d024635	10	10,77040	0,1828	0,016972443	82,84923077
HanHsp40-149	14	Zm00001d025144	10	3,75260	0,2146	0,057187017	28,86615385
HanHsp40-149	14	Zm00001d025144	10	3,34680	0,2016	0,060236644	25,74461538
HanHsp40-149	14	Zm00001d004119	2	3,08940	0,2315	0,074933644	23,76461538
HanHsp40-149	14	Zm00001d004119	2	2,73050	0,2027	0,074235488	21,00384615
HanHsp40-155	14	Zm00001d034368	1	4,73960	0,0554	0,01168875	36,45846154
HanHsp40-155	14	Zm00001d033210	1	4,04660	0,0569	0,014061187	31,12769231
HanHsp40-155	14	Zm00001d013669	5	17,15550	0,0546	0,003182653	131,9653846
HanHsp40-155	14	Zm00001d013111	5	7,70440	0,063	0,008177146	59,26461538
HanHsp40-156	14	Zm00001d033210	1	2,59240	0,06	0,023144576	19,94153846
HanHsp40-156	14	Zm00001d013669	5	3,14530	0,0584	0,018567386	24,19461538
HanHsp40-156	14	Zm00001d034368	1	2,78200	0,0616	0,022142344	21,4
HanHsp40-156	14	Zm00001d013111	5	3,06730	0,0667	0,021745509	23,59461538
HanHsp40-184	17	Zm00001d041627	3	3,99840	0,1943	0,048594438	30,75692308
ORTALAMA				**6,46781**	**0,12479**	**0,03035**	**49,75239**

EK 25 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp40-29-HanHsp40-31*	0,50735	0,4819	1,052811787	Tandem	36,73018
2	*HanHsp40-41-HanHsp40-44*	0,357	0,51755	0,689788426	Tandem	39,44741
3	*HanHsp40-07-HanHsp40-06*	0,1147	0,12559053	0,91328542	Tandem	9,572449
4	*HanHsp40-13-HanHsp40-18*	0,37515	0,42675	0,879086116	Tandem	32,52668
5	*HanHsp40-28-HanHsp40-24*	0,4352	0,52635	0,826826256	Tandem	40,11814
6	*HanHsp40-26-HanHsp40-25*	0,01105566	0,03920056	0,282028114	Tandem	2,987848
7	*HanHsp40-40-HanHsp40-37*	0,3504	0,4582	0,764731558	Tandem	34,92378
8	*HanHsp40-54-HanHsp40-60*	0,4462	0,4427	1,007906031	Tandem	33,74238
9	*HanHsp40-57-HanHsp40-56*	0,045877375	0,09677082	0,474082735	Tandem	7,375825
10	*HanHsp40-70-HanHsp40-62*	0,25285	0,26705	0,946826437	Tandem	20,35442
11	*HanHsp40-69-HanHsp40-67*	0,41715	0,45785	0,911106258	Tandem	34,8971
12	*HanHsp40-65-HanHsp40-64*	0,03187591	0,1482	0,215087112	Tandem	11,29573
13	*HanHsp40-107-HanHsp40-99*	0,4891	0,5551	0,881102504	Tandem	42,30945
14	*HanHsp40-86-HanHsp40-83*	0,2858	0,3846	0,743109724	Tandem	29,31402
15	*HanHsp40-92-HanHsp40-91*	0,02095018	0,04734671	0,442484388	Tandem	3,608743
16	*HanHsp40-89-HanHsp40-88*	0,0197847	0,023812275	0,830861394	Tandem	1,81496
17	*HanHsp40-104-HanHsp40-105*	0,1786	0,5543	0,322208191	Tandem	42,24848
18	*HanHsp40-124-HanHsp40-119*	0,35405	0,4849	0,730150547	Tandem	36,95884
19	*HanHsp40-125-HanHsp40-126*	0,32785	0,3533	0,927964902	Tandem	26,92835
20	*HanHsp40-129-HanHsp40-123*	0,3016	0,4064	0,742125984	Tandem	30,97561
21	*HanHsp40-120-HanHsp40-117*	0,3666	0,40885	0,896661367	Tandem	31,16235
22	*HanHsp40-146-HanHsp40-145*	0,010956935	0,03818599	0,286935994	Tandem	2,910518
23	*HanHsp40-158-HanHsp40-157*	0,1107	0,3563	0,310693236	Tandem	27,15701
24	*HanHsp40-144-HanHsp40-143*	0,038695275	0,097128875	0,398391055	Tandem	7,403115
25	*HanHsp40-156-HanHsp40-155*	0,006067305	0,16395	0,037007045	Tandem	12,49619
26	*HanHsp40-163-HanHsp40-160*	0,3794	0,41265	0,91942324	Tandem	31,45198
27	*HanHsp40-165-HanHsp40-167*	0,41015	0,3872	1,059271694	Tandem	29,5122
28	*HanHsp40-170-HanHsp40-173*	0,2585	0,3395	0,761413844	Tandem	25,87652
29	*HanHsp40-182-HanHsp40-181*	0,019796505	0,08606142	0,230027636	Tandem	6,559559
30	*HanHsp40-188-HanHsp40-184*	0,330639115	0,361	0,915897825	Tandem	27,51524
31	*HanHsp40-175-HanHsp40-174*	0,020301685	0,023747105	0,854911999	Tandem	1,809993
ORTALAMA		**0,234656472**	**0,305562719**	**0,685619639**		**23,28984**

EK 26 Ayçiçeği *Hsp40* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp40-46-HanHsp40-21*	0,423	0,53815	0,7860262	Segmental	41,0175305
2	*HanHsp40-48-HanHsp40-17*	0,358	0,46425	0,77113624	Segmental	35,3849085
3	*HanHsp40-05-HanHsp40-38*	0,41805	0,4062	1,02917282	Segmental	30,9603659
4	*HanHsp40-08-HanHsp40-43*	0,441	0,49015	0,89972457	Segmental	37,3589939
5	*HanHsp40-49-HanHsp40-03*	0,12315053	0,32605	0,37770443	Segmental	24,851372
6	*HanHsp40-33-HanHsp40-12*	0,33835	0,3813	0,88735903	Segmental	29,0625
7	*HanHsp40-35-HanHsp40-23*	0,31245	0,3829	0,8160094	Segmental	29,1844512
8	*HanHsp40-50-HanHsp40-20*	0,43295	0,46835	0,9244155	Segmental	35,6974085
9	*HanHsp40-45-HanHsp40-27*	0,36175	0,37815	0,95663097	Segmental	28,8224085
10	*HanHsp40-34-HanHsp40-01*	0,23065	0,44665	0,51639987	Segmental	34,0434451
11	*HanHsp40-42-HanHsp40-04*	0,07358383	0,2654	0,27725631	Segmental	20,2286585
12	*HanHsp40-39-HanHsp40-09*	0,1356	0,28645	0,47338104	Segmental	21,8330793
13	*HanHsp40-11-HanHsp40-19*	0,08293371	0,38345	0,21628298	Segmental	29,226372
14	*HanHsp40-55-HanHsp40-75*	0,46765	0,4716	0,99162426	Segmental	35,945122
15	*HanHsp40-74-HanHsp40-53*	0,07434092	0,34175	0,21753011	Segmental	26,0480183
16	*HanHsp40-72-HanHsp40-63*	0,41285	0,50725	0,81389847	Segmental	38,6623476
17	*HanHsp40-79-HanHsp40-68*	0,10705	0,29855	0,3585664	Segmental	22,7553354
18	*HanHsp40-66-HanHsp40-76*	0,45575	0,50455	0,90328015	Segmental	38,4565549
19	*HanHsp40-78-HanHsp40-71*	0,33505	0,3157	1,06129237	Segmental	24,0625
20	*HanHsp40-96-HanHsp40-82*	0,00955513	0,02579243	0,37046238	Segmental	1,96588643
21	*HanHsp40-102-HanHsp40-81*	0,2687	0,32785	0,81958213	Segmental	24,9885671
22	*HanHsp40-106-HanHsp40-95*	0,4214	0,49755	0,84695006	Segmental	37,9230183
23	*HanHsp40-103-HanHsp40-94*	0,43965	0,46715	0,9411324	Segmental	35,6059451

EK 26'nın devamı

24	*HanHsp40-101-HanHsp40-80*	0,4832	0,4957	0,97478313	Segmental	37,7820122
25	*HanHsp40-90-HanHsp40-84*	0,4488	0,41105	1,09183798	Segmental	31,3300305
26	*HanHsp40-100-HanHsp40-109*	0,03105787	0,2074	0,14974863	Segmental	15,8079268
27	*HanHsp40-97-HanHsp40-87*	0,4147	0,4672	0,88762842	Segmental	35,6097561
28	*HanHsp40-137-HanHsp40-118*	0,5396	0,5069	1,06450977	Segmental	38,6356707
29	*HanHsp40-114-HanHsp40-133*	0,38	0,38025	0,99934254	Segmental	28,9824695
30	*HanHsp40-113-HanHsp40-127*	0,26425	0,3804	0,69466351	Segmental	28,9939024
31	*HanHsp40-130-HanHsp40-136*	0,3357	0,3481	0,96437805	Segmental	26,5320122
32	*HanHsp40-128-HanHsp40-140*	0,30255	0,4263	0,70971147	Segmental	32,492378
33	*HanHsp40-132-HanHsp40-111*	0,50535	0,59935	0,84316343	Segmental	45,6821646
34	*HanHsp40-138-HanHsp40-116*	0,14525	0,2817	0,51561945	Segmental	21,4710366
35	*HanHsp40-135-HanHsp40-115*	0,07680562	0,31975	0,24020521	Segmental	24,371189
36	*HanHsp40-139-HanHsp40-122*	0,38245	0,4635	0,82513484	Segmental	35,3277439
37	*HanHsp40-164-HanHsp40-149*	0,4612	0,514	0,89727626	Segmental	39,1768293
38	*HanHsp40-168-HanHsp40-169*	0,3693	0,29935	1,23367296	Segmental	22,816311
39	*HanHsp40-166-HanHsp40-154*	0,0780898	0,33525	0,23293004	Segmental	25,5525915
40	*HanHsp40-161-HanHsp40-153*	0,02168683	0,15675	0,13835295	Segmental	11,9474085
41	*HanHsp40-148-HanHsp40-159*	0,4267	0,5206	0,81963119	Segmental	39,679878
42	*HanHsp40-179-HanHsp40-189*	0,4735	0,5698	0,83099333	Segmental	43,429878
43	*HanHsp40-186-HanHsp40-172*	0,123	0,39765	0,30931724	Segmental	30,308689
44	*HanHsp40-187-HanHsp40-178*	0,4852	0,53945	0,89943461	Segmental	41,1166159
45	*HanHsp40-183-HanHsp40-171*	0,34685	0,4048	0,85684289	Segmental	30,8536585
46	*HanHsp40-191-HanHsp40-177*	0,05535833	0,1526	0,36276756	Segmental	11,6310976
ORTALAMA		**0,30161006**	**0,39463136**	**0,71299486**		**30,0786095**

EK 27 Ayçiçeği Hsp60 Protein Katalogu

Protein Adı	NCBI Erişim Numarası	Ayçiçeği Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı / Kararsız
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
HanHsp60-01	XP_021971571.1	1	57,984,296	57,986,959	535	7,58	57555,97	34,5	Kararlı
HanHsp60-02	XP_021978391.1	1	106,532,089	106,536,624	251	5,99	26342,18	32,1	Kararlı
HanHsp60-03	XP_021979246.1	1	112,910,078	112,913,853	588	5,12	62494,5	32,37	Kararlı
HanHsp60-04	XP_022018920.1	2	100,699,100	100,701,468	690	6,53	77744,04	39,78	Kararlı
HanHsp60-05	XP_022022206.1	2	132,188,305	132,195,289	527	5,67	57217,97	30,53	Kararlı
HanHsp60-06	XP_022026729.1	2	174,026,730	174,033,609	583	5,74	62008,26	26,22	Kararlı
HanHsp60-07	XP_022030073.1	3	164,769,312	164,777,076	598	5,36	63197,27	29,26	Kararlı
HanHsp60-08	XP_022030199.1	3	168,066,816	168,069,093	648	6,45	72840,76	42,27	Kararsız
HanHsp60-09	XP_022033518.1	4	576,343	583,161	1649	5,41	183600,25	47,81	Kararsız
HanHsp60-10	XP_022032140.1	4	43,796,806	43,857,280	175	5,42	18841,72	38,85	Kararlı
HanHsp60-11	XP_022032141.1	4	43,870,836	43,872,202	114	4,3	12040,7	45,02	Kararsız
HanHsp60-12	XP_022036771.1	5	186,566	187,856	207	9,16	23293,79	50,95	Kararsız
HanHsp60-13	XP_022038696.1	5	166,673,913	166,679,849	527	5,67	57249,04	30,8	Kararlı
HanHsp60-14	XP_022041084.1	5	166,740,992	166,743,573	275	5,05	29827,24	42,06	Kararsız
HanHsp60-15	XP_022039918.1	5	177,667,948	177,673,067	723	6,51	80606,27	34,87	Kararlı
HanHsp60-16	XP_021976372.1	8	12,358,264	12,360,971	97	6,73	10406,04	27,06	Kararlı
HanHsp60-17	XP_022039251.1	8	66,667,246	66,669,728	519	8,42	57449,64	43,5	Kararsız
HanHsp60-18	XP_021977742.1	8	88,881,873	88,887,908	547	5,37	58811,62	33,18	Kararlı
HanHsp60-19	XP_021979915.1	9	110,010,373	110,022,672	188	5,45	20680,78	37,45	Kararlı

EK 27'nin devamı

HanHsp60-20	XP_021982029.1	9	110,051,564	110,057,184	546	5,9	58935,04	33,33	Kararlı
HanHsp60-21	XP_021982220.1	9	123,667,292	123,675,401	1419	5,29	159226,79	42,68	Kararsız
HanHsp60-22	XP_021982739.1	9	147,704,107	147,708,845	590	5,13	61980,86	33,79	Kararlı
HanHsp60-23	XP_021987323.1	10	12,796,732	12,809,044	565	5,62	60282,38	28,8	Kararlı
HanHsp60-24	XP_021985580.1	10	108,797,756	108,820,912	142	8,44	15353,78	38,79	Kararlı
HanHsp60-25	XP_021990082.1	10	169,640,404	169,646,399	601	5,46	63812,05	28,18	Kararlı
HanHsp60-26	XP_021992628.1	11	20,525,239	20,536,301	535	6,27	58769,74	29,86	Kararlı
HanHsp60-27	XP_021990950.1	11	20,915,066	20,917,003	213	5,24	23864,37	33,55	Kararlı
HanHsp60-28	XP_021984618.1	11	75,475,651	75,479,490	745	7,06	84051,27	41,43	Kararsız
HanHsp60-29	XP_021994123.1	11	129,484,734	129,488,127	253	6,64	26395,13	34,56	Kararlı
HanHsp60-30	XP_021990383.1	12	26,321,415	26,330,054	1477	5,37	166713,78	49,63	Kararsız
HanHsp60-31	XP_021997404.1	12	33,559,029	33,561,270	97	6,83	10443,09	27,13	Kararlı
HanHsp60-32	XP_021997414.1	12	34,485,397	34,490,106	591	8,5	63793,89	27,11	Kararlı
HanHsp60-33	XP_021997715.1	12	53,821,397	53,823,635	618	7,8	70291,45	38,82	Kararlı
HanHsp60-34	XP_021998549.1	12	107,208,409	107,220,187	1514	6,3	170575,72	43,82	Kararsız
HanHsp60-35	XP_021998587.1	12	110,654,978	110,661,962	557	6,09	60180	34,57	Kararlı
HanHsp60-36	XP_021999097.1	12	154,964,348	154,969,969	546	5,9	58951,04	33,68	Kararlı
HanHsp60-37	XP_021999821.1	13	5,402,739	5,404,650	533	7,57	57675,2	34,65	Kararlı
HanHsp60-38	XP_022000148.1	13	40,298,927	40,301,334	728	7,06	82192,93	42,27	Kararsız
HanHsp60-39	XP_022000688.1	13	80,785,318	80,793,703	556	5,81	60710,09	36,31	Kararlı
HanHsp60-40	XP_022039388.1	14	72,910,653	72,915,199	254	6,76	26598,37	23,03	Kararlı
HanHsp60-41	XP_022009310.1	14	81,082,047	81,089,586	602	5,33	63999,07	26,52	Kararlı
HanHsp60-42	XP_022009463.1	14	89,677,133	89,684,511	535	6,27	58703,69	29,93	Kararlı
HanHsp60-43	XP_022005960.1	14	152,214,024	152,220,228	556	5,81	60500,78	35,67	Kararlı
HanHsp60-44	XP_022010814.1	15	15,032,976	15,038,338	566	5,61	60532,59	30,69	Kararlı

EK 27'nin devamı

HanHsp60-45	XP_022010834.1	15	15,639,293	15,645,605	557	6,31	60265,08	36,1	Kararlı
HanHsp60-46	XP_022012239.1	15	74,080,841	74,087,222	535	6,2	59041,08	32,3	Kararlı
HanHsp60-47	XP_022012312.1	15	79,837,509	79,845,369	588	5,68	62645,53	30,84	Kararlı
HanHsp60-48	XP_022019012.1	16	25,829,699	25,832,462	144	9,44	15710,2	43,35	Kararsız
HanHsp60-49	XP_022017152.1	16	147,947,814	147,950,512	141	8,53	15047,38	37,52	Kararlı
HanHsp60-50	XP_022020120.1	16	164,874,432	164,880,410	508	5,95	55087,84	33,31	Kararlı
HanHsp60-51	XP_022020632.1	17	181,270,087	181,278,950	1512	5,99	170083,89	48,6	Kararsız
HanHsp60-52	XP_022021937.1	17	189,641,524	189,647,814	535	5,5	58986,95	43,55	Kararsız

EK 28 Ayçiçeği Hsp60 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
HanHsp60-01	T kompleksi protein 1 alt birim deltası	535	0.0	96.67	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-02	20 kDa şaperonin, kloroplastik benzeri	251	3,73E-148	90.23	P:ubikuitin bağımlı protein katabolik süreci; P:sinyal iletimi; P: protein ubiquitination; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P:süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi; F:nükleik asit bağlanması; F:ubikuitin-protein transferaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: çekirdek; C: mitokondriyal matris; C: kloroplast	P:protein katlanması; P:süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: geçiş metal iyonu bağlama
HanHsp60-03	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birimi alfa	588	0.0	94.72	P:protein yeniden katlanması; F: ATP bağlama	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-04	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At4g14850 benzeri izoform X1	690	0.0	85.96	F:çinko iyon bağlama; C: zarın integral bileşeni	F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp60-05	T kompleksi protein 1 alt birim beta	527	0.0	98.06	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: hücre duvarı; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: şaperonin içeren T kompleksi

EK 28'in devamı

HanHsp60-06	şaperonin CPN60-2, mitokondriyal	583	0.0	97.19	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C: sitozol	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-07	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birimi beta, kloroplastik	598	0.0	94.9	P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C:kloroplast stroması; C: sitozolik ribozom	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-08	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At2g45350, kloroplastik	648	0.0	81.36	P:RNA modifikasyonu; F: metal iyon bağlama; C: sitoplazma; C: hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlama
HanHsp60-09	1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1B benzeri	1649	0.0	80.51	P: fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik işlemi; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; C: endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz; F: metal iyon bağlama
HanHsp60-10	T kompleksi protein 1 alt birim alfa	175	3,16E-114	97.53	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-11	T kompleksi protein 1 alt birim alfa	114	1,30E-62	96.48	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-12	T kompleksi protein 1 alt birim epsilon	207	1,40E-147	89.33	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-13	T kompleksi protein 1 alt birim beta	527	0.0	98.25	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: hücre duvarı; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: şaperonin içeren T kompleksi

EK 28'in devamı

HanHsp60-14	T kompleksi protein 1 alt birim beta	275	0.0	99.09	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: hücre duvarı; C: şaperonin içeren T kompleksi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-15	varsayılan pentatrikopeptid tekrar içeren protein At5g52630	723	0.0	81.43	F: çinko iyonu bağlama	F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp60-16	10 kDa şaperonin, mitokondriyal benzeri	97	2,71E-57	94.79	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-17	pentatrikopeptid tekrar içeren protein At3g21470	519	0.0	80.09	P:RNA modifikasyonu; F:RNA bağlanması; C: zarın integral bileşeni; C: hücre içi zarla çevrili organel	F: protein bağlama
HanHsp60-18	T kompleksi protein 1 alt birim teta	547	0.0	94.83	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-19	T kompleksi protein 1 alt birim alfa	188	9,24E-130	97.87	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-20	T kompleksi protein 1 alt birim alfa	546	0.0	98.25	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 28'in devamı

HanHsp60-21	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1D	1419	0.0	73.14	P: fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik işlemi; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
HanHsp60-22	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birimi alfa	590	0.0	94.89	P:protein yeniden katlanması; F: ATP bağlama	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-23	şaperonin CPN60-2, mitokondriyal	565	0.0	96.49	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C: sitozol	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-24	T kompleksi protein 1 alt birim epsilon	142	1,24E-63	92.58	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-25	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birimi beta, kloroplastik	601	0.0	95.05	P:protein yeniden katlanması; F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-26	T kompleksi protein 1 alt birim zeta 1	535	0.0	97.76	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-27	T kompleksi protein 1 alt birim teta	213	8,14E-151	91.26	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitoplazma; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-28	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At3g58590	745	0.0	80.69		F: protein bağlama

EK 28'in devamı

HanHsp60-29	20 kDa şaperonin, kloroplastik	253	8,37E-162	89.4	P:ubikuitin bağımlı protein katabolik süreci; P:sinyal iletimi; P: protein ubiquitination; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P:süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi; F:nükleik asit bağlanması; F:ubikuitin-protein transferaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: çekirdek; C: mitokondriyal matris; C: kloroplast	P:protein katlanması; P:süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: geçiş metal iyonu bağlama
HanHsp60-30	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1C	1477	0.0	78.52	P: fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik işlemi; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; C: endozom zarı	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
HanHsp60-31	10 kDa şaperonin, mitokondriyal	97	6,26E-57	95.05	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-32	şaperonin 60 alt birim beta 4, kloroplastik	591	0.0	93.44	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: kloroplast stroması	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-33	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At5g04780, mitokondriyal	618	0.0	85.55	F:çinko iyon bağlama; F: manganez iyonu bağlanması; C: apoplast	F: protein bağlanması; F: çinko iyonu bağlama

EK 28'in devamı

HanHsp60-34	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1C	1514	0.0	77.17	P: fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik işlemi; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; C: endozom zarı; C: zarın integral bileşeni	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
HanHsp60-35	T kompleksi protein 1 alt birim eta	557	0.0	97.93	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-36	T kompleksi protein 1 alt birim alfa	546	0.0	98.25	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-37	T kompleksi protein 1 alt birim deltası	533	0.0	96.99	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-38	pentatrikopeptit tekrar içeren protein At2g13600 benzeri	728	0.0	77.06		F: protein bağlama
HanHsp60-39	T kompleksi protein 1 alt birim gama	556	0.0	97.77	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi; C: zarın integral bileşeni	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 28'in devamı

HanHsp60-40	20 kDa şaperonin, kloroplastik	254	6,40E-165	90.24	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; P:süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F: geçiş metal iyonu bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: mitokondriyal matris; C: kloroplast	P:protein katlanması; P:süperoksit dismutaz aktivitesinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: geçiş metal iyonu bağlama
HanHsp60-41	ruBisCO büyük alt birim bağlayıcı protein alt birimi beta, kloroplastik	602	0.0	95.53	P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C:kloroplast stroması; C: sitozolik ribozom	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-42	T kompleksi protein 1 alt birim zeta 1	535	0.0	98.23	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-43	T kompleksi protein 1 alt birim gama	556	0.0	97.97	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi; C: zarın integral bileşeni	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-44	şaperonin CPN60-2, mitokondriyal	566	0.0	96.49	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C: sitozol	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-45	T kompleksi protein 1 alt birim eta	557	0.0	98.18	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-46	T kompleksi protein 1 alt birim zeta 1	535	0.0	98.39	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 28'in devamı

HanHsp60-47	TCP-1/cpn60 şaperonin ailesi proteini	588	0.0	91.12	P:protein yeniden katlanması; F: ATP bağlama	P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-48	T kompleksi protein 1 alt birim epsilon	144	3,14E-83	91.94	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-49	10 kDa şaperonin 1, kloroplastik	141	4,74E-71	87.14	P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; F: şaperon bağlama; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp60-50	T kompleksi protein 1 alt birim alfa	508	0.0	96.09	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp60-51	varsayılan 1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz FAB1C	1512	0.0	78.52	P: fosforilasyon; P:fosfatidilinositol fosfat biyosentetik işlemi; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; C: endozom zarı; C: zarın integral bileşeni	P:fosfatidilinositol metabolik süreç; F:1-fosfatidilinositol-3-fosfat 5-kinaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:fosfatidilinositol fosfat kinaz aktivitesi; F:ATPaz
HanHsp60-52	T kompleksi protein 1 alt birim epsilon	535	0.0	98.19	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: şaperonin içeren T kompleksi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 29 Ayçiçeği Hsp60 Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Arabidopsis lyrata					
aly-miR3437-3p	HanHsp60-36	3.0	17.153	CGGUGGAUCUUGUUUUUUGU	GUGAAAAACAAGAUUCACCC
	HanHsp60-50	3.0	18.366	CGGUGGAUCUUGUUUUUUGU	GUGAAAAACAAGAUUCACCC
	HanHsp60-19	3.0	18.366	CGGUGGAUCUUGUUUUUUGU	GUGAAAAACAAGAUUCACCC
	HanHsp60-10	3.0	18.149	CGGUGGAUCUUGUUUUUUGU	GUGAAAAACAAGAUUCACCC
	HanHsp60-20	3.0	17.153	CGGUGGAUCUUGUUUUUUGU	GUGAAAAACAAGAUUCACCC
aly-miR3441-5p.1	HanHsp60-12	3.0	22.884	UUCAAAGCAUCUUUGAAGGA	GCAUUUAAAGAUGCUUUGGA
aly-miR4244	HanHsp60-03	2.0	9.247	UUGUUGAUUCCUUGGAGAUUG	CAAUCACCAAGGACUCAACAA
aly-miR839-5p	HanHsp60-27	3.0	15.871	CACCAACCUCUCAUCGUUCC	GGGAUGAGGAGAAGUUGGUG
Aegilops tauschii					
ata-miR528-3p	HanHsp60-45	3.0	21.222	CCUGUGCCUGCCUCUUCCAU	GUGGAAGAGGGAUGCGCAGG
Arabidopsis thaliana					
ath-miR414	HanHsp60-21	2.0	12.001	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAUGAUGACGAUGA
	HanHsp60-04	3.0	19.158	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAU-AUGAAGGUGA
ath-miR5640	HanHsp60-31	2.5	17.595	UGAGAGAAGGAAUUAGAUUC	GCGUCUAAUUCCAUCUCUCA
ath-miR5649a, ath-miR5649b	HanHsp60-32	3.0	11.565	AUUGAAUAUGUUGGUUACUAU	AUAGGAGCCGACAUAUUCAAA
ath-miR870-3p	HanHsp60-39	3.0	12.121	UAAUUUGGUGUUUCUUCGAU	AUCAAACAAACGCCGAAUUA
	HanHsp60-43	3.0	17.514	UAAUUUGGUGUUUCUUCGAU	AUCAAACAAACGCCGAAUUA
Amborella trichopoda					
atr-miR8604	HanHsp60-28	3.0	11.208	CAUGAAGGACACUUAGUGCA	UGCAUUAAGUCUUUUUUAUG
Brachypodium distachyon					
bdi-miR528-3p	HanHsp60-45	3.0	21.222	CCUGUGCCUGCCUCUUCCAU	GUGGAAGAGGGAUGCGCAGG

EK 29'un devamı

bdi-miR7708a-5p	HanHsp60-45	3.0	15.007	GUUUUUCCUCAGUACCGUUACAA	UUGUGACGUUUUUGAGGAAAAAC
bdi-miR7743-3p	HanHsp60-04	2.5	17.685	UUUGAACUUUUGUAUUGGAU	AUUCGAUACAAGCGUUCAAA
bdi-miR7748b-3p	HanHsp60-26	3.0	15.865	UUGGUCAAAGAAAAUCUAAU	GUUAUAAUUUCUUUGACUAA
bdi-miR7752-3p	HanHsp60-09	3.0	21.466	AAAAUGAUAGGUUGGAAGAACAC	GAGUUUUUGCAGCCUAUCAUUUG
Brassica rapa					
bra-miR161-3p	HanHsp60-06	3.0	15.16	GUCACUUUCAAUGCGUUGAU	AUUGACCCGUUGAAAGUGAU
bra-miR5654a, bra-miR5654b	HanHsp60-09	2.5	14.Tem	AUAAAUCCCAAGCAUCAUCC	AGAUGCUGCUUGGGGUUUAU
Carica papaya					
cpa-miR8140	HanHsp60-44	3.0	20.269	CUUUUCA-AGACUUCAGCUUCA	UGAAGCUGAAGUCGGUGAAAAG
Citrus sinensis					
csi-miR3951	HanHsp60-17	2.5	18.499	UAGAUAAAGAUGAGAGAAAA	UUUUCUCUCGGUUUUAUCUG
Dictyostelium discoideum					
ddi-miR-7131a-3p	HanHsp60-01	3.0	16.622	CAUAUUAAUUUCAGCAUCCAU	AUUAAUGCUGGAAUUAAUGUG
Glycine max					
gma-miR2108b	HanHsp60-21	3.0	16.455	UUAAUGUGUUGUGUUUGUGAG	UUCACAAAUACAAAACAUUCA
gma-miR4350	HanHsp60-21	2.5	14.606	UCAAAUGAUUUUGUGUCGUUG	CGAUGAUACUAAAUCAUUUGA
gma-miR5041-5p	HanHsp60-39	3.0	17.402	UUUCAUCUUCAACUUGCUCA	UGAGGAAGUUGGUGAUGGAA
	HanHsp60-43	3.0	18.015	UUUCAUCUUCAACUUGCUCA	UGAGGAAGUUGGUGAUGGAA
Gossypium raimondii					
gra-miR7502d	HanHsp60-23	2.5	14.537	CUUUUAACAGUAGAAUUUGA	UUAAAUUCUAUUGUUAAAGU
gra-miR8699	HanHsp60-17	3.0	15.264	AGGGCCAUUUUGACAA-AACAUGCA	UUCGGGUUAUUGUCAAAAUGGUCUU
Medicago truncatula					
mtr-miR2661	HanHsp60-15	2.5	11.331	UAGGUUUGAGAAAAUGGGCA	UGCUCAUAUUCUCAAAUCUG
mtr-miR5264	HanHsp60-39	3.0	18.361	UUGAUCAAGGACUUUGCAUC	GCUGCAAAGUCCAUGAUUGA

EK 29'un devamı

mtr-miR5554a-5p	HanHsp60-30	2.5	17.851	UGUGCAUCUUGAACAAUGGU	ACCGUUGUUUAAGAUGUACC
Oryza sativa					
osa-miR2879	HanHsp60-35	2.5	20.918	GCCAGAUGUGUUAAAAUAAU	AUUGUUUUGUCACGUCUGGC
osa-miR414	HanHsp60-21	2.0	12.001	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAUGAUGACGAUGA
osa-miR419	HanHsp60-51	2.0	16.951	UGAUGAAUGCUGACGAUGUUG	UAAAAUCGUCGGCAUUUAUCA
	HanHsp60-34	2.5	17.771	UGAUGAAUGCUGACGAUGUUG	UAAAAUCGUCGGUAUUUAUCA
osa-miR528-3p	HanHsp60-45	3.0	21.222	CCUGUGCUUGCCUCUUCCAU	GUGGAAGAGGGAUGCGCAGG
osa-miR818f	HanHsp60-23	3.0	23.985	GGGAGCAUGUAGGAUGGCCAU	GUGGCUCUUCUAUAUGCUUCC
Physcomitrella patens					
ppt-miR1215	HanHsp60-10	3.0	16.Kas	UCAUUGCAAAACUGUAUACG	CGGAUACAGACUUGCAAUGA
	HanHsp60-19	3.0	16.Kas	UCAUUGCAAAACUGUAUACG	CGGAUACAGACUUGCAAUGA
	HanHsp60-50	3.0	16.Kas	UCAUUGCAAAACUGUAUACG	CGGAUACAGACUUGCAAUGA
ppt-miR414	HanHsp60-21	3.0	12.001	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GAUGAUGAUGAUGACGAUGA
Populus trichocarpa					
ptc-miR7818	HanHsp60-01	2.0	17.744	UUUCUUAUCGAUCACUAGAC	GUCUAGUGUUUGAUAAGAAG
ptc-miR7828	HanHsp60-09	3.0	17.82	GAUGACAUGGACACCAAAAU	AUUUUGGUAUCGUUGUCAUC
ptc-miR828b-3p	HanHsp60-51	3.0	22.901	UCAUUCGAGCAAGAAAUAUU	GAUGUUUUUUCCUCGAGUGA
Sorghum bicolor					
sbi-miR5564b	HanHsp60-28	3.0	20.332	GCAAUUCGUCGAACAGCUUGA	UCAAGGUGUUCGAUGAAAUGC
	HanHsp60-17	3.0	12.464	GCAAUUCGUCGAACAGCUUG	CAAGAUGUUCGAUGAAAUGC
	HanHsp60-04	3.0	13.185	GCAAUUCGUCGAACAGCUUG	CAAGGUGUUCGAUGAAAUGC
	HanHsp60-38	3.0	17.424	GCAAUUCGUCGAACAGCUUG	CAAGGUGUUCGAUGAAAUGC
sbi-miR6233-3p	HanHsp60-30	2.5	18.506	CAAGUUUGGUUUUGGUAAUU	AGUUACGAAAACUGAACUUG
Selaginella moellendorffii					
smo-miR1086	HanHsp60-09	3.0	9.714	UAGUGCCGUGGUCCUUUUGG	CCAGAAAGACCAAGGCAUUA

EK 29'un devamı

Solanum tuberosum					
stu-miR169d-3p	HanHsp60-45	2.5	19.63	GCAGGUCAUCUUUAGCUAACU	AGUU-GCUGAAGAUGACCUGC
	HanHsp60-35	3.0	22.242	GCAGGUCAUCUUUAGCUAACU	AGUU-GCUGAAGAUGAUCUGC
Triticum aestivum					
tae-miR9773	HanHsp60-08	3.0	12.153	UUUGUUUUUAUGUUAUUUUG	GAAGAUAGCAUAGAAACAAG
Vitis vinifera					
vvi-miR3631a-5p, vvi-miR3631b-5p, vvi-miR3631c, vvi-miR3631d	HanHsp60-34	3.0	22.476	CAUGUUGACAUCAUCCAAUAU	GUGUUUGGUGAAGUCAACAUG
Zea mays					
zma-miR395n-5p	HanHsp60-22	3.0	Eyl.98	GUUCUCUACAAGCACUUCAC	GUGAGGUGGUUGUGGAGAAG
zma-miR528a-3p	HanHsp60-45	3.0	21.222	CCUGUGCCUGCCUCUUCCAU	GUGGAAGAGGGAUGCGCAGG

EK 30 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp60-01	1	AT3G18190	3	6,6640	0,0862	0,012935174	51,26153846
HanHsp60-02	1	AT5G20720	5	34,7557	0,1507	0,004335979	267,3515385
HanHsp60-03	1	AT2G28000	2	5,7962	0,0964	0,016631586	44,58615385
HanHsp60-05	2	AT5G20890	5	4,1679	0,0499	0,011972456	32,06076923
HanHsp60-06	2	AT3G23990	3	4,9396	0,0714	0,014454612	37,99692308
HanHsp60-06	2	AT2G33210	2	4,4685	0,0787	0,017612174	34,37307692
HanHsp60-06	2	AT3G13860	3	8,4845	0,2038	0,024020272	65,26538462
HanHsp60-07	3	AT3G13470	3	3,7215	0,0932	0,025043665	28,62692308
HanHsp60-07	3	AT1G55490	1	5,2281	0,1042	0,019930759	40,21615385
HanHsp60-13	5	AT5G20890	5	4,2353	0,0482	0,01138054	32,57923077
HanHsp60-18	8	AT3G03960	3	6,9159	0,1218	0,017611591	53,19923077
HanHsp60-20	9	AT3G20050	3	5,4669	0,0602	0,011011725	42,05307692
HanHsp60-22	9	AT2G28000	2	4,5462	0,1169	0,025713783	34,97076923
HanHsp60-23	10	AT3G23990	3	2,2211	0,0727	0,032731529	17,08538462
HanHsp60-23	10	AT2G33210	2	4,1208	0,0901	0,021864686	31,69846154
HanHsp60-25	10	AT1G55490	1	5,1905	0,1012	0,019497158	39,92692308
HanHsp60-25	10	AT3G13470	3	3,7842	0,0998	0,026372813	29,10923077
HanHsp60-25	10	AT5G56500	5	12,6562	0,1048	0,008280527	97,35538462
HanHsp60-26	11	AT3G02530	3	2,4888	0,0663	0,026639344	19,14461538
HanHsp60-26	11	AT5G16070	5	2,6689	0,0606	0,022705984	20,53
HanHsp60-35	12	AT3G11830	3	6,8321	0,0521	0,007625767	52,55461538
HanHsp60-36	12	AT3G20050	3	5,5354	0,0611	0,011038046	42,58

EK 30'un devamı

HanHsp60-37	13	AT3G18190	3	5,9242	0,0759	0,012811856	45,57076923
HanHsp60-39	13	AT5G26360	5	8,3256	0,0432	0,005188815	64,04307692
HanHsp60-41	14	AT1G55490	1	5,5568	0,0889	0,015998416	42,74461538
HanHsp60-41	14	AT3G13470	3	4,5588	0,081	0,017767834	35,06769231
HanHsp60-41	14	AT5G56500	5	8,4563	0,0866	0,010240885	65,04846154
HanHsp60-42	14	AT3G02530	3	1,8621	0,053	0,028462489	14,32384615
HanHsp60-42	14	AT5G16070	5	3,0983	0,0516	0,016654294	23,83307692
HanHsp60-43	14	AT5G26360	5	6,6757	0,0432	0,006471231	51,35153846
HanHsp60-44	15	AT3G23990	3	2,3769	0,074	0,031132988	18,28384615
HanHsp60-45	15	AT3G11830	3	6,559	0,0545	0,008309193	50,45384615
HanHsp60-46	15	AT3G02530	3	4,0148	0,0438	0,010909634	30,88307692
HanHsp60-46	15	AT5G16070	5	3,8013	0,044	0,011574988	29,24076923
HanHsp60-50	16	AT3G20050	3	5,2243	0,076	0,014547403	40,18692308
HanHsp60-52	17	AT1G24510	1	3,6073	0,0541	0,014997366	27,74846154
ORTALAMA				**5,9703**	**0,079447222**	**0,016513266**	**45,92514957**

EK 31 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp60-01	1	LOC_Os10g37060	10	50,8662	0,1555	0,0031	391,2784615
HanHsp60-01	1	LOC_Os02g22780	2	46,926	0,1355	0,0029	360,9692308
HanHsp60-02	1	LOC_Os06g09679	6	45,6317	0,1904	0,0042	351,0130769
HanHsp60-03	1	LOC_Os12g17910	12	7,4149	0,1078	0,0145	57,03769231
HanHsp60-03	1	LOC_Os03g64210	3	46,8115	0,1296	0,0028	360,0884615
HanHsp60-05	2	LOC_Os03g42220	3	5,2565	0,0614	0,0117	40,43461538
HanHsp60-06	2	LOC_Os10g32550	10	8,9043	0,0742	0,0083	68,49461538
HanHsp60-06	2	LOC_Os03g04970	3	9,0283	0,082	0,0091	69,44846154
HanHsp60-06	2	LOC_Os05g46290	5	43,5515	0,2331	0,0054	335,0115385
HanHsp60-07	3	LOC_Os06g02380	6	0,0641	0,1017	1,5866	0,493076923
HanHsp60-07	3	LOC_Os02g01280	2	9,717	0,126	0,0130	74,74615385
HanHsp60-13	5	LOC_Os03g42220	3	4,4372	0,058	0,0131	34,13230769
HanHsp60-13	5	LOC_Os05g48290	5	3,5998	0,0665	0,0185	27,69076923
HanHsp60-14	5	LOC_Os03g42220	3	5,8152	0,0499	0,0086	44,73230769
HanHsp60-14	5	LOC_Os05g48290	5	7,1289	0,0568	0,0080	54,83769231
HanHsp60-18	8	LOC_Os03g59020	3	4,7683	0,1009	0,0212	36,67923077
HanHsp60-20	9	LOC_Os04g46620	4	6,8917	0,0643	0,0093	53,01307692
HanHsp60-22	9	LOC_Os12g17910	12	7,635	0,1202	0,0157	58,73076923
HanHsp60-23	10	LOC_Os10g32550	10	6,0128	0,0729	0,0121	46,25230769
HanHsp60-23	10	LOC_Os03g04970	3	6,0529	0,0744	0,0123	46,56076923
HanHsp60-25	10	LOC_Os06g02380	6	5,8828	0,0952	0,0162	45,25230769
HanHsp60-25	10	LOC_Os02g01280	2	5,7585	0,1175	0,0204	44,29615385
HanHsp60-26	11	LOC_Os05g05470	5	7,6096	0,0668	0,0088	58,53538462

EK 31'in devamı

HanHsp60-36	12	LOC_Os04g46620	4	6,7642	0,0635	0,0094	52,03230769
HanHsp60-37	13	LOC_Os02g22780	2	47,4177	0,1279	0,0027	364,7515385
HanHsp60-39	13	LOC_Os06g34690	6	8,33	0,0715	0,0086	64,07692308
HanHsp60-39	13	LOC_Os02g14929	2	4,7488	0,0744	0,0157	36,52923077
HanHsp60-41	14	LOC_Os06g02380	6	10,1198	0,0966	0,0095	77,84461538
HanHsp60-41	14	LOC_Os02g01280	2	8,1403	0,1006	0,0124	62,61769231
HanHsp60-42	14	LOC_Os05g05470	5	7,5324	0,0629	0,0084	57,94153846
HanHsp60-43	14	LOC_Os06g34690	6	6,4599	0,0669	0,0104	49,69153846
HanHsp60-43	14	LOC_Os02g14929	2	4,0815	0,0672	0,0165	31,39615385
HanHsp60-44	15	LOC_Os10g32550	10	7,0728	0,0657	0,0093	54,40615385
HanHsp60-44	15	LOC_Os03g04970	3	6,3991	0,0773	0,0121	49,22384615
HanHsp60-45	15	LOC_Os06g47320	6	15,8789	0,0575	0,0036	122,1453846
HanHsp60-46	15	LOC_Os05g05470	5	9,9493	0,0559	0,0056	76,53307692
HanHsp60-50	16	LOC_Os04g46620	4	9,6061	0,0753	0,0078	73,89307692
HanHsp60-52	17	LOC_Os06g36700	6	5,4149	0,0592	0,0109	41,65307692
ORTALAMA				**13,25474737**	**0,091131579**	**0,0518**	**101,9595951**

EK 32 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp60-01	1	Potri.012G051300	12	53,0195	0,0674	0,00127123	407,8423077
HanHsp60-01	1	Potri.015G042600	15	3,5413	0,0717	0,020246802	27,24076923
HanHsp60-02	1	Potri.018G063200	18	50,5672	1,2191	0,024108513	388,9784615
HanHsp60-02	1	Potri.006G138600	6	0,8131	17,4449	21,45480261	6,254615385
HanHsp60-03	1	Potri.009G009300	9	7,8534	0,0899	0,011447271	60,41076923
HanHsp60-05	2	Potri.006G128600	6	1,7429	0,0584	0,033507373	13,40692308
HanHsp60-05	2	Potri.001G341100	1	1,6199	0,0532	0,032841533	12,46076923
HanHsp60-06	2	Potri.003G173900	3	4,7028	0,0775	0,016479544	36,17538462
HanHsp60-06	2	Potri.001G054400	1	4,5304	0,0798	0,017614339	34,84923077
HanHsp60-06	2	Potri.003G039475	3	8,9719	0,1919	0,021389003	69,01461538
HanHsp60-07	3	Potri.003G222400	3	2,5877	0,0808	0,03122464	19,90538462
HanHsp60-13	5	Potri.001G341100	1	1,5755	0,0523	0,033195811	12,11923077
HanHsp60-13	5	Potri.006G128600	6	1,8431	0,0562	0,030492106	14,17769231
HanHsp60-14	5	Potri.006G128600	6	1,6011	0,0484	0,030229217	12,31615385
HanHsp60-14	5	Potri.001G341100	1	1,9480	0,046	0,023613963	14,98461538
HanHsp60-18	8	Potri.019G034200	19	3,1655	0,0904	0,02855789	24,35
HanHsp60-18	8	Potri.013G058500	13	2,5055	0,1016	0,040550788	19,27307692
HanHsp60-20	9	Potri.014G058500	14	3,9878	0,054	0,013541301	30,67538462
HanHsp60-20	9	Potri.002G142700	2	3,6474	0,0606	0,016614575	28,05692308
HanHsp60-22	9	Potri.009G009300	9	3,7020	0,0875	0,023635873	28,47692308
HanHsp60-22	9	Potri.004G213400	4	3,8801	0,0947	0,024406587	29,84692308
HanHsp60-22	9	Potri.015G122800	15	47,5145	0,2947	0,006202317	365,4961538
HanHsp60-23	10	Potri.001G054400	1	3,1421	0,0776	0,024696859	24,17

EK 32'nin devamı

HanHsp60-23	10	Potri.002G252900	2	1,9689	0,0889	0,045152115	15,14538462
HanHsp60-25	10	Potri.001G002500	1	5,0254	0,0878	0,017471246	38,65692308
HanHsp60-25	10	Potri.003G222400	3	3,7512	0,087	0,023192578	28,85538462
HanHsp60-26	11	Potri.004G101500	4	2,2482	0,0604	0,026865937	17,29384615
HanHsp60-26	11	Potri.017G113601	17	2,2967	0,0605	0,026342143	17,66692308
HanHsp60-35	12	Potri.004G195300	4	1,6380	0,0457	0,027899878	12,6
HanHsp60-35	12	Potri.009G157400	9	1,9823	0,0439	0,022145992	15,24846154
HanHsp60-36	12	Potri.014G058500	14	4,0426	0,0531	0,013135111	31,09692308
HanHsp60-36	12	Potri.002G142700	2	3,7138	0,0598	0,016102106	28,56769231
HanHsp60-37	13	Potri.012G051300	12	3,8953	0,066	0,016943496	29,96384615
HanHsp60-37	13	Potri.015G042600	15	2,3370	0,0723	0,030937099	17,97692308
HanHsp60-39	13	Potri.004G133800	4	5,9321	0,0506	0,008529863	45,63153846
HanHsp60-41	14	Potri.003G22240	3	2,6464	0,0715	0,027017836	20,35692308
HanHsp60-41	14	Potri.001G002500	1	2,7938	0,0712	0,025485003	21,49076923
HanHsp60-42	14	Potri.004G101500	4	1,9071	0,0486	0,025483719	14,67
HanHsp60-42	14	Potri.017G113601	17	2,2131	0,0499	0,022547558	17,02384615
HanHsp60-43	14	Potri.T046300	scaffold	5,0838	0,0461	0,00906802	39,10615385
HanHsp60-43	14	Potri.018G138200	18	4,8358	0,0472	0,009760536	37,19846154
HanHsp60-44	15	Potri.001G054400	1	3,9131	0,0705	0,018016406	30,10076923
HanHsp60-45	15	Potri.004G195300	4	3,4531	0,0454	0,013147606	26,56230769
HanHsp60-46	15	Potri.004G101500	4	2,2993	0,0411	0,017875005	17,68692308
HanHsp60-46	15	Potri.017G113601	17	1,9211	0,043	0,02238301	14,77769231
HanHsp60-50	16	Potri.014G058500	14	4,2613	0,0703	0,016497313	32,77923077
HanHsp60-50	16	Potri.002G142700	2	4,1976	0,074	0,017629121	32,28923077
HanHsp60-52	17	Potri.008G182300	8	1,7334	0,0444	0,025614399	13,33384615

EK 32'nin devamı

HanHsp60-52	17	Potri.010G051700	10	1,8163	0,0488	0,026867808	13,97153846
ORTALAMA				**6,1300**	**0,44993061**	**0,459444511**	**47,15375196**

EK 33 Ayçiçeği *Hsp60* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

ID	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp60-01	1	Zm00001d051742	4	48,1914	0,1252	0,002597974	370,7030769
HanHsp60-01	1	Zm00001d027371	1	47,46580	0,1261	0,00265665	365,1215385
HanHsp60-02	1	Zm00001d045025	9	15,63550	0,1768	0,011307601	120,2730769
HanHsp60-02	1	Zm00001d052101	4	13,59950	0,2342	0,017221221	104,6115385
HanHsp60-03	1	Zm00001d034919	1	20,06290	0,1428	0,007117615	154,33
HanHsp60-03	1	Zm00001d005373	2	48,22460	0,3061	0,006347383	370,9584615
HanHsp60-05	2	Zm00001d040257	3	4,80020	0,073	0,0152077	36,92461538
HanHsp60-05	2	Zm00001d008369	8	3,62890	0,0788	0,021714569	27,91461538
HanHsp60-06	2	Zm00001d014090	5	10,23420	0,0771	0,007533564	78,72461538
HanHsp60-06	2	Zm00001d032789	1	10,55590	0,081	0,007673434	81,19923077
HanHsp60-06	2	Zm00001d038857	6	448,64800	0,239	0,000532712	3451,138462
HanHsp60-07	3	Zm00001d045544	9	8,76800	0,0943	0,010755018	67,44615385
HanHsp60-07	3	Zm00001d035937	6	7,28150	0,0965	0,013252764	56,01153846
HanHsp60-07	3	Zm00001d054089	4	10,53990	0,142	0,013472614	81,07615385
HanHsp60-13	5	Zm00001d040257	3	4,80140	0,0714	0,014870663	36,93384615
HanHsp60-13	5	Zm00001d008369	8	3,50170	0,0772	0,022046435	26,93615385
HanHsp60-14	5	Zm00001d040257	3	3,58250	0,0628	0,017529658	27,55769231
HanHsp60-18	8	Zm00001d052948	4	6,29400	0,1059	0,016825548	48,41538462
HanHsp60-18	8	Zm00001d007508	2	7,12350	0,1092	0,015329543	54,79615385
HanHsp60-20	9	Zm00001d018349	5	5,65130	0,0724	0,012811212	43,47153846
HanHsp60-20	9	Zm00001d018349	5	5,65190	0,0724	0,012809852	43,47615385
HanHsp60-22	9	Zm00001d034919	1	13,05020	0,1427	0,010934698	100,3861538

EK 33'ün devamı

HanHsp60-23	10	Zm00001d014090	5	7,67320	0,0775	0,010100089	59,02461538
HanHsp60-23	10	Zm00001d032789	1	6,50630	0,084	0,012910564	50,04846154
HanHsp60-25	10	Zm00001d045544	9	6,43760	0,0828	0,012861936	49,52
HanHsp60-25	10	Zm00001d035937	6	5,79250	0,0845	0,014587829	44,55769231
HanHsp60-25	10	Zm00001d054089	4	6,88290	0,124	0,018015662	52,94538462
HanHsp60-26	11	Zm00001d007192	2	5,66490	0,0679	0,01198609	43,57615385
HanHsp60-36	12	Zm00001d018349	5	5,78180	0,0715	0,012366391	44,47538462
HanHsp60-36	12	Zm00001d052056	4	12,80430	0,0734	0,005732449	98,49461538
HanHsp60-37	13	Zm00001d027371	1	47,81770	0,1284	0,002685198	367,8284615
HanHsp60-39	13	Zm00001d053553	4	5,69030	0,0733	0,01288157	43,77153846
HanHsp60-39	13	Zm00001d028183	1	6,12010	0,0705	0,01151942	47,07769231
HanHsp60-41	14	Zm00001d045544	9	9,04940	0,0794	0,008774062	69,61076923
HanHsp60-41	14	Zm00001d035937	6	9,02350	0,0818	0,009065219	69,41153846
HanHsp60-41	14	Zm00001d054089	4	11,00510	0,1313	0,011930832	84,65461538
HanHsp60-42	14	Zm00001d007192	2	6,53670	0,0642	0,00982147	50,28230769
HanHsp60-43	14	Zm00001d053553	4	4,94620	0,0677	0,013687275	38,04769231
HanHsp60-44	15	Zm00001d014090	5	7,29210	0,0811	0,011121625	56,09307692
HanHsp60-44	15	Zm00001d032789	1	6,69820	0,0838	0,012510824	51,52461538
HanHsp60-45	15	Zm00001d053857	4	53,78220	0,0563	0,001046815	413,7092308
HanHsp60-46	15	Zm00001d007192	2	9,95400	0,0582	0,005846896	76,56923077
HanHsp60-50	16	Zm00001d018349	5	6,60400	0,0811	0,012280436	50,8
HanHsp60-52	17	Zm00001d018694	7	4,03040	0,0593	0,01471318	31,00307692
HanHsp60-52	17	Zm00001d007960	2	3,97910	0,0604	0,015179312	30,60846154
ORTALAMA				**22,67876**	**0,10693**	**0,01131**	**174,45201**

EK 34 Ayçiçeği Hsp60 Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp60-34-HanHsp60-30*	0,10145226	0,321	0,316050654	Tandem	24,46646341

EK 35 Ayçiçeği Hsp60 Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp60-09-HanHsp60-04*	0,5292	0,4768	1,109899329	Segmental	36,34146341
2	*HanHsp60-15-HanHsp60-08*	0,3054	0,5262	0,580387685	Segmental	40,10670732
3	*HanHsp60-07-HanHsp60-17*	0,36835	0,3731	0,987268829	Segmental	28,4375
4	*HanHsp60-20-HanHsp60-10*	0,003757545	0,020506955	0,183232713	Segmental	1,563030107
5	*HanHsp60-18-HanHsp60-01*	0,3206	0,5228	0,613236419	Segmental	39,84756098
6	*HanHsp60-06-HanHsp60-03*	0,213	0,48275	0,441222165	Segmental	36,79496951
7	*HanHsp60-02-HanHsp60-14*	0,28254693	0,21085729	1,33999128	Segmental	16,07143979
8	*HanHsp60-13-HanHsp60-05*	0,00178694	0,01427892	0,125145319	Segmental	1,088332317
9	*HanHsp60-23-HanHsp60-26*	0,4182	0,54065	0,773513364	Segmental	41,20807927
10	*HanHsp60-32-HanHsp60-25*	0,12355	0,50105	0,246582177	Segmental	38,18978659
11	*HanHsp60-35-HanHsp60-37*	0,2469	0,4645	0,53153929	Segmental	35,40396341
12	*HanHsp60-28-HanHsp60-33*	0,3455	0,4826	0,7159138	Segmental	36,78353659
13	*HanHsp60-21-HanHsp60-38*	0,4425	0,4522	0,978549314	Segmental	34,46646341
14	*HanHsp60-36-HanHsp60-20*	0,00024868	0,003849235	0,064605045	Segmental	0,293386814
15	*HanHsp60-29-HanHsp60-39*	0,3675	0,373	0,985254692	Segmental	28,42987805
16	*HanHsp60-43-HanHsp60-45*	0,31485	0,59145	0,532335785	Segmental	45,08003049
17	*HanHsp60-51-HanHsp60-47*	0,3499	0,4334	0,807337333	Segmental	33,03353659
18	*HanHsp60-46-HanHsp60-42*	0,01224106	0,2553	0,047947748	Segmental	19,45884146
19	*HanHsp60-44-HanHsp60-41*	0,2025	0,4612	0,439071986	Segmental	35,15243902
ORTALAMA		**0,25518585**	**0,378236442**	**0,605422856**		**28,82899711**

EK 36 Ayçiçeği Hsp70 Protein Kataloğu

Protein Adı	NCBI Erişim Numarası	Ayçiçeği Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı / Kararsız
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
HanHsp70-01	XP_021980830.1	1	41,202,792	41,204,739	556	5,63	62068,14	33,24	Kararlı
HanHsp70-02	XP_021969348.1	1	41,223,081	41,235,212	626	7,51	69502,61	30,77	Kararlı
HanHsp70-03	XP_022005495.1	2	74,050,669	74,051,373	81	9,19	8991,59	21,72	Kararlı
HanHsp70-04	XP_022018777.1	2	97,506,160	97,511,609	560	9,67	63263,08	53,57	Kararsız
HanHsp70-05	XP_022018880.1	2	99,029,882	99,032,279	615	5,9	68270,03	36,07	Kararlı
HanHsp70-06	XP_022018941.1	2	100,902,580	100,905,120	652	5,13	71368,7	35,16	Kararlı
HanHsp70-07	XP_022018948.1	2	100,909,346	100,912,004	652	5,26	71166,62	33,1	Kararlı
HanHsp70-08	XP_022025115.1	2	157,564,604	157,568,631	622	5,57	69134,11	36,13	Kararlı
HanHsp70-09	XP_022027716.1	3	40,271,665	40,276,470	502	8,58	57364,51	44,33	Kararsız
HanHsp70-10	XP_022027834.1	3	52,526,345	52,530,670	694	5,12	74497,14	28,33	Kararlı
HanHsp70-11	XP_022027931.1	3	57,512,870	57,514,899	457	8,59	50406,97	37,51	Kararlı
HanHsp70-12	XP_022028835.1	3	126,727,362	126,729,433	616	5,6	68903,96	35,82	Kararlı
HanHsp70-13	XP_022028849.1	3	126,907,461	126,911,421	713	6,49	76821,64	40,64	Kararsız
HanHsp70-14	XP_022029227.1	3	137,953,774	137,957,491	662	5,05	72957,72	29,01	Kararlı
HanHsp70-15	XP_022029594.1	3	151,293,664	151,300,053	561	9,16	64538,26	44,47	Kararsız
HanHsp70-16	XP_022031934.1	4	22,451,571	22,454,820	613	8,75	68057,43	31,29	Kararlı
HanHsp70-17	XP_022034085.1	4	36,744,031	36,748,366	535	6,54	58328,76	32,11	Kararlı
HanHsp70-18	XP_022034520.1	4	70,028,065	70,031,305	648	5,08	71160,39	35,42	Kararlı

EK 36'nın devamı

HanHsp70-19	XP_022036905.1	5	2,459,843	2,463,547	750	5,58	83636,9	38,39	Kararlı
HanHsp70-20	XP_022037032.1	5	12,496,425	12,501,933	689	5,2	73879,5	26,69	Kararlı
HanHsp70-21	XP_022037126.1	5	18,740,158	18,742,589	652	5,17	71396,76	35,14	Kararlı
HanHsp70-22	XP_022037273.1	5	30,018,206	30,021,176	648	5,07	71038,33	33,98	Kararlı
HanHsp70-23	XP_022037282.1	5	31,043,582	31,045,847	652	5,17	71327,72	34,83	Kararlı
HanHsp70-24	XP_022037438.1	5	45,183,627	45,188,407	544	7,96	59394,06	30,95	Kararlı
HanHsp70-25	XP_022037441.1	5	45,288,107	45,291,695	680	5,81	72433,19	33,77	Kararlı
HanHsp70-26	XP_022037443.1	5	45,312,049	45,316,290	678	6,01	72295,95	34,73	Kararlı
HanHsp70-27	XP_022037638.1	5	72,997,882	72,999,820	534	5,57	58970,45	40,75	Kararsız
HanHsp70-28	XP_022038339.1	5	139,580,291	139,584,239	582	8,73	67070,87	47,34	Kararsız
HanHsp70-29	XP_022038731.1	5	168,690,272	168,693,865	692	5,11	74350,1	32,38	Kararlı
HanHsp70-30	XP_021969707.1	6	18,809,889	18,817,122	906	5,32	101640,65	39,21	Kararlı
HanHsp70-31	XP_021970950.1	6	95,199,790	95,207,314	574	8,88	65900,05	39,85	Kararlı
HanHsp70-32	XP_021971952.1	7	94,041,525	94,043,105	478	5,67	53214,16	35,36	Kararlı
HanHsp70-33	XP_021977068.1	8	43,579,090	43,582,383	650	5,26	71025,48	34,02	Kararlı
HanHsp70-34	XP_021977544.1	8	71,726,011	71,729,089	534	6,44	58215,79	29,65	Kararlı
HanHsp70-35	XP_021977772.1	8	91,635,821	91,644,091	563	9,64	65056,79	46,81	Kararsız
HanHsp70-36	XP_021981725.1	9	79,364,050	79,368,738	661	5,86	73766,17	48,2	Kararsız
HanHsp70-37	XP_021981789.1	9	84,522,627	84,528,839	689	5,17	73910,52	28,25	Kararlı
HanHsp70-38	XP_021979000.1	9	199,258,067	199,258,477	78	9,52	8427,91	31,57	Kararlı
HanHsp70-39	XP_021990630.1	10	443,916	446,508	328	5,91	36041,06	35,11	Kararlı
HanHsp70-40	XP_021987417.1	10	17,064,965	17,067,812	615	5,74	68610,68	29,89	Kararlı
HanHsp70-41	XP_021987828.1	10	47,815,817	47,818,240	633	6,48	70624,85	30,03	Kararlı
HanHsp70-42	XP_021987941.1	10	56,070,824	56,073,190	614	8,97	68319,72	31,28	Kararlı
HanHsp70-43	XP_021988206.1	10	83,705,938	83,709,911	679	5,61	72459,09	34,86	Kararlı

EK 36'nın devamı

HanHsp70-44	XP_021985922.1	10	139,228,496	139,230,730	446	7,62	51192,6	38,85	Kararlı
HanHsp70-45	XP_021988882.1	10	146,258,747	146,263,209	692	5,08	73889,38	27,62	Kararlı
HanHsp70-46	XP_021988983.1	10	161,163,202	161,165,591	523	5,59	57553,74	28,41	Kararlı
HanHsp70-47	XP_021986125.1	10	161,212,555	161,217,620	606	9,03	68214,78	34,97	Kararlı
HanHsp70-48	XP_021988989.1	10	161,325,986	161,329,007	522	5,56	57073,17	29	Kararlı
HanHsp70-49	XP_021990062.1	10	226,037,793	226,043,763	837	5,2	92771,25	40,2	Kararsız
HanHsp70-50	XP_021990351.1	10	236,919,367	236,923,507	619	6,7	68881,01	31,27	Kararlı
HanHsp70-51	XP_021996828.1	12	10,283,299	10,285,550	655	5,14	71405,96	34,47	Kararlı
HanHsp70-52	XP_021995433.1	12	26,541,887	26,542,482	126	4,41	13639,34	20	Kararlı
HanHsp70-53	XP_021969337.1	12	33,559,029	33,561,270	557	8,2	62559,76	35,7	Kararlı
HanHsp70-54	XP_021998167.1	12	77,297,298	77,303,240	534	8,36	58555,41	31,31	Kararlı
HanHsp70-55	XP_021998487.1	12	100,562,153	100,566,864	836	5,1	92722,22	45,19	Kararsız
HanHsp70-56	XP_022004282.1	13	155,522,847	155,529,551	451	5,21	49833,72	29,09	Kararlı
HanHsp70-57	XP_022004300.1	13	156,549,482	156,553,099	660	5,14	73119,05	31,05	Kararlı
HanHsp70-58	XP_022002238.1	13	164,361,799	164,368,720	583	9,45	67095,32	42,13	Kararsız
HanHsp70-59	XP_022002373.1	13	171,560,342	171,562,668	534	5,63	58892,35	34,45	Kararlı
HanHsp70-60	XP_022008615.1	14	10,956,326	10,964,142	576	9,14	65575,9	44,03	Kararsız
HanHsp70-61	XP_022008723.1	14	19,950,828	19,963,893	225	4,9	24628,91	35,01	Kararlı
HanHsp70-62	XP_022006868.1	14	35,135,932	35,137,747	527	6,26	57911,26	31,02	Kararlı
HanHsp70-63	XP_022008864.1	14	36,546,220	36,548,434	498	5,86	54473,62	28,4	Kararlı
HanHsp70-64	XP_022007388.1	14	36,397,463	36,432,962	861	6,11	94864,77	32,34	Kararlı
HanHsp70-65	XP_022006108.1	14	158,343,898	158,349,499	842	5,3	93099,57	43,03	Kararsız
HanHsp70-66	XP_022010265.1	15	1,046,582	1,054,845	617	8,08	68247,59	34,7	Kararlı
HanHsp70-67	XP_022010268.1	15	1,121,578	1,185,405	1018	7,52	112387,75	33,97	Kararlı
HanHsp70-68	XP_022010270.1	15	1,226,941	1,229,344	629	8,31	69320,65	35,85	Kararlı

EK 36'nın devamı

HanHsp70-69	XP_022010271.1	15	1,248,075	1,250,468	614	8,49	67697,89	34,63	Kararlı
HanHsp70-70	XP_022010273.1	15	1,286,082	1,288,378	486	8,39	54187,56	36,06	Kararlı
HanHsp70-71	XP_022011115.1	15	25,328,094	25,335,516	927	5,75	103838,76	46,08	Kararsız
HanHsp70-72	XP_022013875.1	15	25,412,357	25,414,925	653	5,79	73369,41	40,38	Kararsız
HanHsp70-73	XP_022012301.1	15	79,111,240	79,113,064	532	6,15	58291,08	27,86	Kararlı
HanHsp70-74	XP_022015817.1	15	141,918,795	141,920,925	608	5,46	65961,24	40,7	Kararsız
HanHsp70-75	XP_022013221.1	15	144,286,235	144,289,337	649	5,14	71114,47	34,76	Kararlı
HanHsp70-76	XP_022014930.1	15	150,296,290	150,300,352	638	5,11	70469,7	38,12	Kararlı
HanHsp70-77	XP_022014932.1	15	150,355,746	150,357,426	520	5,61	57377,89	32,2	Kararlı
HanHsp70-78	XP_022015739.1	16	73,576,650	73,580,677	569	8,99	65254,41	47,74	Kararsız
HanHsp70-79	XP_022018427.1	16	107,270,484	107,279,004	757	5,76	84642,31	47,67	Kararsız
HanHsp70-80	XP_022020277.1	16	179,786,704	179,788,722	526	8,23	57995,12	29,69	Kararlı
HanHsp70-81	XP_022020278.1	16	179,805,595	179,807,720	525	7,03	57501,47	28,48	Kararlı
HanHsp70-82	XP_022025820.1	17	2,953,173	2,957,237	658	5,09	72462,32	29,78	Kararlı
HanHsp70-83	XP_022023315.1	17	26,292,232	26,298,829	880	5,38	98074,89	38,26	Kararlı
HanHsp70-84	XP_022023201.1	17	209,682,934	209,683,747	172	5,21	18420,03	28,02	Kararlı
HanHsp70-85	XP_022024723.1	17	210,496,283	210,497,075	172	5,37	18382,98	24,9	Kararlı

EK 37 Ayçiçeği Hsp70 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protein Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
HanHsp70-01	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	556	0.0	86.03	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-02	ısı şoku 70 kDa protein 3 benzeri	626	0.0	83.38	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-03	lümen bağlayıcı protein 5	81	3,07E-45	94.69	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P:endoplazmik retikulum katlanmamış protein yanıtı; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zarın integral bileşeni; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-04	O-fukosiltransferaz 9 izoformu X1	560	0.0	91.68	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-05	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	615	0.0	89.14	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-06	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2	652	0.0	98.68	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-07	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2	652	0.0	98.44	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-08	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2	622	0.0	83.14	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-09	O-fukosiltransferaz 34 benzeri	502	0.0	92.32	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: sitoplazma; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-10	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik	694	0.0	94.58	P:protein katlanması; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C:kloroplast; C: zarın integral bileşeni	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-11	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	457	0.0	88.13	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-12	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	616	0.0	84.04	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-13	muhtemel 1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz, kloroplastik	713	0.0	94.45	P:tiamin biyosentetik işlemi; P:klorofil biyosentetik işlemi; P:terpenoid biyosentetik süreç; P:1-deoksi-D-ksilüloz 5-fosfat biyosentetik prosesi; F:1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz aktivitesi; F: metal iyon bağlama; C: kloroplast	P:terpenoid biyosentetik süreç; F: katalitik aktivite; F:1-deoksi-D-ksilüloz-5-fosfat sentaz aktivitesi
HanHsp70-14	lümen bağlayıcı protein 5	662	0.0	97.83	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P:endoplazmik retikulum katlanmamış protein yanıtı; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zar; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-15	O-fukosiltransferaz 29 benzeri	561	0.0	85.87	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-16	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	613	0.0	78.64	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-17	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	535	0.0	89.51	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-18	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2	648	0.0	97.71	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum lümeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-19	ısı şoku 70 kDa protein 16	750	0.0	75.25	F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-20	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik	689	0.0	92.86	P:protein katlanması; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C:kloroplast; C: zarın integral bileşeni	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-21	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2	652	0.0	97.98	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-22	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2	648	0.0	98.76	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum lümeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-23	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2 benzeri	652	0.0	98.42	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-24	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	544	0.0	87.54	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-25	ısı şoku 70 kDa protein, mitokondriyal	680	0.0	95.99	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakum membranı	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-26	ısı şoku 70 kDa protein, mitokondriyal	678	0.0	95.12	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakum membranı	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-27	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	534	0.0	88.36	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-28	varsayılan GDP-fukoz proteini O-fukosiltransferaz	582	0.0	86.65	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-29	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik	692	0.0	92.79	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:2-alkenal redüktaz [NAD(P)+] aktivitesi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: kloroplast	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-30	ısı şoku 70 kDa protein 17	906	0.0	90.07	P: hipoksi ile indüklenen intrinsik apoptotik sinyal yolunun negatif regülasyonu; F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-31	varsayılan GDP-fukoz proteini O-fukosiltransferaz	574	0.0	91.89	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-32	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	478	0.0	87.29	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-33	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2	650	0.0	96.14	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-34	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	534	0.0	89.24	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-35	O-fukosiltransferaz 29 benzeri	563	0.0	86.08	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-36	Isı şoku proteini 70 ailesi	661	0.0	67.26	C: çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-37	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik	689	0.0	94.75	P:protein katlanması; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C:kloroplast; C: zarın integral bileşeni	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-38	protein KTI12 homologu	328	0.0	83.72	P:tRNA yalpalama üridin modifikasyonu; P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; C: uzatıcı holoenzim kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-39	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	615	0.0	85.79	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-40	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	633	0.0	86.76	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-41	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	614	0.0	83.39	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-42	ısı şoku 70 kDa protein, mitokondriyal	679	0.0	95.09	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakum membranı	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-43	O-fukosiltransferaz 6-benzeri	446	0.0	85.12	P:fukoz metabolik süreç; F: transferaz aktivitesi; C: çekirdek; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-44	stromal 70 kDa ısı şoku ile ilgili protein, kloroplastik	692	0.0	95.31	P:protein katlanması; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: kloroplast	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp70-45	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	523	0.0	82.57	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-46	protein NYNRIN benzeri	606	0.0	86.7		F:nükleik asit bağlanması; F:RNA-DNA hibrit ribonükleaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-47	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	522	0.0	84.75	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-48	ısı şoku 70 kDa protein 15 benzeri	837	0.0	91.5	F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-49	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	619	0.0	88.38	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-50	ısı şoku 70 kDa protein	655	0.0	96.24	P:ısıya tepki; P: virüse yanıt; P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: hücre duvarı; C: sitoplazma; C: plazma zarı	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-51	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2 benzeri	126	1,14E-32	72.96	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-52	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	557	0.0	84.11	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-53	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	534	0.0	87.47	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-54	ısı şoku 70 kDa protein 15 benzeri	836	0.0	92.99	F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-55	lümen bağlayıcı protein 5	451	0.0	91.85	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P:endoplazmik retikulum katlanmamış protein yanıtı; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zarın integral bileşeni; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-56	lümen bağlayıcı protein 5	660	0.0	96.65	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P:endoplazmik retikulum katlanmamış protein yanıtı; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zarın integral bileşeni; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-57	O-fukosiltransferaz 29 benzeri	583	0.0	86.09	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: endozom; C:trans-Golgi ağı; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-58	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	534	0.0	88.13	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-59	O-fukosiltransferaz 16	576	0.0	89.52	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-60	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	225	2,33135E-159	87.77	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-61	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	527	0.0	88.71	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-62	ısı şoku 70 kDa protein 18 benzeri	861	0.0	74.95	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-63	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	498	0.0	89.22	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-64	ısı şoku 70 kDa protein 15 benzeri	842	0.0	92.54	F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-65	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	617	0.0	89.35	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-66	ısı şoku 70 kDa protein 18 benzeri	1018	0.0	81.85	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-67	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	629	0.0	88.31	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-68	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	614	0.0	88.87	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-69	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	486	0.0	91.64	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-70	ısı şoku 70 kDa protein 16	927	0.0	76.09	F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-71	ısı şoku 70 kDa protein 16	653	0.0	77.35	F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-72	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa proteini	532	0.0	87.28	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-73	ısı şoku 70 kDa protein 8	608	0.0	86.33	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-74	ısı şoku aynı kökenli 70 kDa protein 2 benzeri	649	0.0	97.9	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum lümeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-75	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	638	0.0	88.41	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-76	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	520	0.0	88.13	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-77	O-fukosiltransferaz 29 benzeri	569	0.0	83.85	P:fukoz metabolik süreç; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	
HanHsp70-78	ısı şoku 70 kDa protein 16	757	0.0	85.84	F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-79	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	526	0.0	88.07	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-80	varsayılan Isı şoku proteini 70 ailesi	525	0.0	89.27	P:katlanmamış proteine hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-81	lümen bağlayıcı protein	658	0.0	98.48	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P:endoplazmik retikulum katlanmamış protein yanıtı; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zar; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp70-82	ısı şoku 70 kDa protein 17	880	0.0	87.4	P: hipoksi ile indüklenen intrinsik apoptotik sinyal yolunun negatif regülasyonu; F:ATP bağlanması; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 37'nin devamı

HanHsp70-83	lümen bağlayıcı protein 5-benzeri	78	4,84E-43	95.72	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P:endoplazmik retikulum katlanmamış protein yanıtı; P:protein yeniden katlanması; P: şaperon kofaktöre bağımlı protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F: ısı şoku protein bağlanması; F: protein katlama şaperonu; F:katlanmamış protein bağlanması; F: yanlış katlanmış protein bağlanması; C: çekirdek; C: endoplazmik retikulum lümeni; C: zar; C: endoplazmik retikulum şaperon kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 38 Ayçiçeği Hsp70 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Arabidopsis lyrata					
aly-miR159a-5p	HanHsp70-58	3.0	23.671	GAGCUCCUUGAAGUUCAAAC	GUUUGAACUUCAUGGUGUUC
aly-miR397a-5p, aly-miR397b-5p	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
aly-miR399c-5p	HanHsp70-73	2.5	17.919	GGGCAUCUUUCUAUUGGCAGG	CCUGCCAGGAGAGAGAUGCUC
Aegilops tauschii					
ata-miR396a-5p, ata-miR396b-5p, ata-miR396d-5p	HanHsp70-10	3.0	20.805	UCCACAGGCUUUCUUGAACU	GUUUUAAGAAAGCUUGUGGA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR163	HanHsp70-80	2.5	13.718	UUGAAGAGGACUUGGAACUU	AAGUUCAAAGUUUUCUUUAA
ath-miR2937	HanHsp70-05	3.0	19.523	AUAAGAGCUGUUGAAGGAGU	AUUUCUUCAAUGGUUCUUGU
ath-miR397a	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
ath-miR399c-5p	HanHsp70-73	2.5	17.919	GGGCAUCUUUCUAUUGGCAGG	CCUGCCAGGAGAGAGAUGCUC
ath-miR414	HanHsp70-14	2.0	20.296	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	GACGAUGAUGAUGAGCAUGA
ath-miR5648-3p	HanHsp70-30	3.0	15.038	AUCUGAAGAAAAUAGCGGCA	CGACCCUAUUUUCUUCAGAU
ath-miR779.2	HanHsp70-82	2.5	14.469	UGAUUGGAAAUUUCGUUGACU	GGUUAAAGAAAUUACCAAUCA
ath-miR865-3p	HanHsp70-33	2.5	13.788	UUUUUCCUCAAAUUUAUCCA	UGGAUGAGUUUGAGGAUAAA
Amborella trichopoda					
atr-miR396a	HanHsp70-10	3.0	20.805	UCCACAGGCUUUCUUGAACA	GUUUUAAGAAAGCUUGUGGA
Brachypodium distachyon					
bdi-miR396b-5p	HanHsp70-10	3.0	20.805	UCCACAGGCUUUCUUGAACU	GUUUUAAGAAAGCUUGUGGA
bdi-miR397a	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA

EK 38'in devamı

bdi-miR5164	HanHsp70-66	3.0	20.791	CGCAACUUUGUCUAGAUACGC	GCGUAUCUUGGAAAAGUUGUG
	HanHsp70-68	3.0	18.348	CGCAACUUUGUCUAGAUACGC	GCGUAUCUUGGGAAAGUUGUG
bdi-miR7741-5p.2	HanHsp70-30	3.0	16.861	UCUUGAAGUUUCGCAUGCAGU	GUUGCAGGCUAAGCUUCAAGA
	HanHsp70-82	3.0	18.461	UCUUGAAGUUUCGCAUGCAGU	GUUGCAGGCUAAGCUUCAAGA
bdi-miR9494	HanHsp70-81	3.0	16.409	UUCAUCACCUUCGUCUCCGUC	GAGGGAGGUGAAGAUGAUGAA
	HanHsp70-81	3.0	19.722	UUCAUCACCUUCGUCUCCGU	GCGGAGAAGGUGGUGAUGAA
Brassica napus					
bna-miR397a	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Brassica rapa					
bra-miR9563b-5p	HanHsp70-57	3.0	13.85	AAGAACUCGUCUCUUAACUU	UCGUGAAGAGACGAGUUCUU
Cynara cardunculus					
cca-miR6108e-5p	HanHsp70-15	3.0	14.692	GUAAGAAGAGAUCUCCACCCU	GGGGUUGAUAUCUUUUUUUAC
Cucumis melo					
cme-miR397	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Citrus sinensis					
csi-miR397	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Festuca arundinacea					
far-miR396	HanHsp70-10	3.0	20.805	UCCACAGGCUUUCUUGAACU	GUUUUAAGAAAGCUUGUGGA
Glycine max					
gma-miR1520p	HanHsp70-38	3.0	12.078	AUGUUGUUAUUGGAUGAUGA-CGGU	AUCGAUCAUUAUCAAAAGACAACAU
gma-miR396f	HanHsp70-36	2.5	17.177	AGCUUUCUUGAACUUCUUAUGC	GUGUGAGAAGUUAAAGAAAGUU
	HanHsp70-78	2.5	16.546	AGCUUUCUUGAACUUCUUAUGC	GUGUGAGAAGUUAAAGAAAGUU
gma-miR397a, gma-miR397b-5p	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
gma-miR4345	HanHsp70-20	3.0	22.494	UAAGACGGAACUUACAAAGA	UCUUGGUAGCUUCCGUCUUG

EK 38'in devamı

Gossypium raimondii					
gra-miR482	HanHsp70-73	3.0	14.95	UCUUUCCAAUUCCUCCCAUU	CAGGGGUGGAAUUGGAAAGA
gra-miR8718	HanHsp70-09	3.0	13.922	AUUUUGGAAGAAUUUCAGCU	ACCUUAAAUUUUUCCAGAAU
Lotus japonicus					
lja-miR7523a	HanHsp70-22	3.0	22.744	ACCACCGGGCUCGAGGAUCAGC	GUUGAUCUUUGAUCUUGGUGGU
lja-miR7523a	HanHsp70-18	3.0	20.862	ACCACCGGGCUCGAGGAUCAG	UUGAUCUUUGAUCUUGGUGGU
Linum usitatissimum					
lus-miR397b	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Malus domestica					
mdm-miR159c	HanHsp70-50	3.0	13.877	GAAUUCCUUCUCCUCUCCUUU	AAGGGAGAGGAGAAAGAGUUU
	HanHsp70-40	3.0	16.787	GAAUUCCUUCUCCUCUCCUUU	AGAGGUGAAGAGAAGGAAUUU
Medicago truncatula					
mtr-miR2650	HanHsp70-69	3.0	17.299	AACUUAAAUAUGUUUUCAGU	AUUGGAGACAUGUUUAAGUG
mtr-miR397-5p	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
mtr-miR5234	HanHsp70-82	3.0	14.514	UUUUGUUGUGGAUGGCAGAA	GUCUGUCAUUCACAACAAGG
mtr-miR5562-5p	HanHsp70-31	3.0	9.241	UGUGGAGUCUUUUGCAUGAA	UUCAUUCAAAAGACGCCAUA
mtr-miR5745b	HanHsp70-08	3.0	11.147	UUUAAUUUAUAUACAUCGUCA	UGAUUAUGUUUAUAAAUUAAG
Oryza sativa					
osa-miR167a-3p	HanHsp70-27	3.0	23.496	AUCAUGCAUGACAGCCUCAUUU	AGAUGAAGCUGUCGCGCAUGGU
	HanHsp70-05	3.0	23.929	AUCAUGCAUGACAGCCUCAUU	GAUGAGGCUGUUGCGUAUGGU
osa-miR1875	HanHsp70-31	3.0	18.265	ACAAUGGAGUGAAGUGCAAC	GCUGCACUUGAUUUCAUUGU
osa-miR396d, osa-miR396e-5p, osa-miR396g, osa-miR396h	HanHsp70-10	3.0	20.805	UCCACAGGCUUUCUUGAACG	GUUUUAAGAAAGCUUGUGGA
osa-miR397a	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
osa-miR414	HanHsp70-14	1.5	20.296	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACGAUGAUGAUGAGCAUGA

EK 38'in devamı

osa-miR5808	HanHsp70-33	3.0	22.501	ACUAAAUCGUUUCUGAUCGUUGGA	UCCCGCGAUCGGAAUCGAUUUAGG
Prunus persica					
ppe-miR397	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
ppe-miR8122-5p	HanHsp70-30	3.0	16.807	UUCCACAGAUCUUUCCUCAUU	GAUGUGUGAAGAUCUGUGGGA
Physcomitrella patens					
ppt-miR414	HanHsp70-14	2.5	20.296	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GACGAUGAUGAUGAGCAUGA
Populus trichocarpa					
ptc-miR397a	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Ricinus communis					
rco-miR397	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Rehmannia glutinosa					
rgl-miR7807b-3p	HanHsp70-77	3.0	11.771	UUGAGAUUUUCAUAUAGUUACU	AAUAGACAUAUGGAAAUCUCAA
Sorghum bicolor					
sbi-miR396d, sbi-miR396e	HanHsp70-10	3.0	20.966	CUCCACAGGCUUUCUUGAAC	UUUUAAGAAAGCUUGUGGAC
sbi-miR397-5p	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
sbi-miR6230-5p	HanHsp70-32	3.0	10.327	UUUUGGGUCCCUAAACUUGUU	GACAAGAUUAUGGACCCAAAC
sbi-miR6232a-5p	HanHsp70-15	3.0	19.457	GUCGCUUUGACUUUUUUGGUACAU	AUUCGCUAAAAAGGUGAAAGCGGC
Solanum lycopersicum					
sly-miR1918	HanHsp70-26	3.0	13.719	UGUUGGUGAGAGUUCGAUUCU	AAAAUCGAGCUGUCAUCAACA
	HanHsp70-25	3.0	13.828	UGUUGGUGAGAGUUCGAUUCU	AAAAUCGAGCUGUCAUCAACA
Salvia sclarea					
ssl-miR397	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Solanum tuberosum					
stu-miR5304-5p	HanHsp70-47	3.0	19.239	CAAUGCAACAUACUCAUCACC	GGUGAUGAGGCUGUUGCAUUC

EK 38'in devamı

Triticum aestivum					
tae-miR9778	HanHsp70-52	2.5	19.695	UGCAUCAUCUCGAACUCGUC	GAUGAGUAUGAGAUGAUGCG
Theobroma cacao					
tcc-miR397	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Vitis vinifera					
vvi-miR3636-5p	HanHsp70-74	3.0	12.797	UCGGUUUGCUUCUUUGAUAGAUU	AGACUCUCAAAGGAGGAAAUCGA
vvi-miR397a	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGUGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
Zea mays					
zma-miR396c, zma-miR396d	HanHsp70-10	3.0	20.966	UUCCACAGGCUUUCUUGAAC	UUUUAAGAAAGCUUGUGGAC
zma-miR397a-5p, zma-miR397b-5p	HanHsp70-48	3.0	21.457	UCAUUGAGCGCAGCGUUGAU	AUCGACGUUGUUCUUAAUGA
zma-miR399e-5p	HanHsp70-73	3.0	17.919	GGGCUUCUCUUUCUUGGCAGG	CCUGCCAGGAGAGAGAUGCUC

EK 39 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp70-06	2	AT3G12580	3	5,2560	0,0443	0,008428463	40,43076923
HanHsp70-06	2	AT5G02500	5	27,4055	0,0494	0,001802558	210,8115385
HanHsp70-06	2	AT5G02490	5	17,5036	0,0556	0,003176489	134,6430769
HanHsp70-06	2	AT3G09440	3	21,7701	0,0577	0,002650424	167,4623077
HanHsp70-06	2	AT1G16030	1	11,3551	0,0945	0,008322252	87,34692308
HanHsp70-06	2	AT1G56410	1	12,9863	0,0725	0,005582806	99,89461538
HanHsp70-07	2	AT3G12580	3	4,4307	0,0422	0,009524454	34,08230769
HanHsp70-07	2	AT5G02500	5	31,4063	0,0492	0,001566565	241,5869231
HanHsp70-07	2	AT5G02490	5	15,4028	0,0584	0,003791518	118,4830769
HanHsp70-07	2	AT3G09440	3	26,973	0,0575	0,002131761	207,4846154
HanHsp70-07	2	AT1G56410	1	11,4529	0,0678	0,005919898	88,09923077
HanHsp70-07	2	AT1G16030	1	10,678	0,0947	0,008868702	82,13846154
HanHsp70-10	3	AT4G24280	4	3,001	0,0956	0,031856048	23,08461538
HanHsp70-10	3	AT5G49910	5	4,5941	0,0982	0,021375242	35,33923077
HanHsp70-13	3	AT4G15560	4	3,864	0,1058	0,027380952	29,72307692
HanHsp70-14	3	AT5G42020	5	2,2173	0,0503	0,022685248	17,05615385
HanHsp70-14	3	AT5G28540	5	2,3632	0,052	0,022004062	18,17846154
HanHsp70-14	3	AT1G09080	1	33,7869	0,1403	0,004152497	259,8992308
HanHsp70-18	4	AT5G02500	5	27,3894	0,049	0,001789013	210,6876923
HanHsp70-18	4	AT5G02490	5	24,8967	0,0516	0,002072564	191,5130769
HanHsp70-18	4	AT3G12580	3	14,1164	0,0524	0,003711995	108,5876923
HanHsp70-18	4	AT3G09440	3	32,0937	0,0549	0,001710616	246,8746154
HanHsp70-18	4	AT1G16030	1	36,7328	0,105	0,002858481	282,56

EK 39'un devamı

HanHsp70-18	4	AT1G56410	1	44,1488	0,0734	0,001662559	339,6061538
HanHsp70-25	5	AT5G09590	5	5,4452	0,1068	0,019613605	41,88615385
HanHsp70-25	5	AT4G37910	4	2,5827	0,1249	0,048360243	19,86692308
HanHsp70-26	5	AT5G09590	5	4,4607	0,1007	0,022574932	34,31307692
HanHsp70-26	5	AT4G37910	4	3,0934	0,1228	0,03969742	23,79538462
HanHsp70-29	5	AT4G24280	4	8,6391	0,1182	0,013681981	66,45461538
HanHsp70-29	5	AT5G49910	5	12,1509	0,1267	0,010427211	93,46846154
HanHsp70-33	8	AT3G12580	3	8,1414	0,0681	0,008364655	62,62615385
HanHsp70-33	8	AT5G02500	5	18,2936	0,0732	0,004001399	140,72
HanHsp70-33	8	AT3G09440	3	7,6779	0,0718	0,009351515	59,06076923
HanHsp70-33	8	AT1G16030	1	20,6425	0,1222	0,005919826	158,7884615
HanHsp70-33	8	AT1G56410	1	10,4302	0,0901	0,008638377	80,23230769
HanHsp70-37	9	AT4G24280	4	5,7015	0,0957	0,016785057	43,85769231
HanHsp70-37	9	AT5G49910	5	3,6532	0,0944	0,025840359	28,10153846
HanHsp70-42	10	AT5G09590	5	5,9074	0,1125	0,019043911	45,44153846
HanHsp70-42	10	AT4G37910	4	3,9753	0,1297	0,032626468	30,57923077
HanHsp70-44	10	AT5G49910	5	4,0438	0,1127	0,027869825	31,10615385
HanHsp70-44	10	AT4G24280	4	6,12	0,1143	0,018676471	47,07692308
HanHsp70-50	10	AT1G16030	1	6,4825	0,0965	0,014886232	49,86538462
HanHsp70-50	10	AT5G02500	5	34,0814	0,1166	0,003421221	262,1646154
HanHsp70-50	10	AT3G09440	3	38,8319	0,1154	0,002971784	298,7069231
HanHsp70-50	10	AT5G02490	5	37,0962	0,1337	0,003604143	285,3553846
HanHsp70-55	12	AT5G42020	5	3,5965	0,1574	0,043764771	27,66538462
HanHsp70-55	12	AT5G28540	5	4,6006	0,1587	0,034495501	35,38923077
HanHsp70-66	15	AT5G42020	5	4,7045	0,0838	0,017812732	36,18846154

EK 39'un devamı

HanHsp70-74	15	AT5G02500	5	15,4633	0,0442	0,002858381	118,9484615
HanHsp70-74	15	AT3G12580	3	10,1103	0,0465	0,00459927	77,77153846
HanHsp70-74	15	AT3G09440	3	5,2087	0,0497	0,009541728	40,06692308
HanHsp70-74	15	AT5G02490	5	11,4519	0,0476	0,004156516	88,09153846
HanHsp70-74	15	AT1G16030	1	13,672	0,099	0,007241077	105,1692308
HanHsp70-74	15	AT1G56410	1	18,5615	0,0732	0,003943647	142,7807692
HanHsp70-81	16	AT5G42020	5	1,9296	0,0472	0,024461028	14,84307692
HanHsp70-81	16	AT5G28540	5	2,7233	0,0486	0,017845996	20,94846154
HanHsp70-81	16	AT1G09080	1	36,5228	0,1434	0,003926315	280,9446154
ORTALAMA				**13,9210**	**0,08626724**	**0,012951758**	**107,0843236**

EK 40 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp70-06	2	LOC_Os11g47760	11	26,9784	0,0393	0,0015	207,5261538
HanHsp70-06	2	LOC_Os05g38530	5	25,6971	0,0383	0,0015	197,67
HanHsp70-06	2	LOC_Os03g60620	3	21,1838	0,0426	0,0020	162,9523077
HanHsp70-06	2	LOC_Os01g62290	1	28,8089	0,0439	0,0015	221,6069231
HanHsp70-06	2	LOC_Os03g16860	3	33,1221	0,0415	0,0013	254,7853846
HanHsp70-06	2	LOC_Os03g16920	3	45,4381	0,0611	0,0013	349,5238462
HanHsp70-07	2	LOC_Os11g47760	11	24,6745	0,0394	0,0016	189,8038462
HanHsp70-07	2	LOC_Os05g38530	5	27,0855	0,0348	0,0013	208,35
HanHsp70-07	2	LOC_Os01g62290	1	26,7752	0,0405	0,0015	205,9630769
HanHsp70-07	2	LOC_Os03g16860	3	34,9772	0,0391	0,0011	269,0553846
HanHsp70-07	2	LOC_Os03g60620	3	23,5073	0,0435	0,0019	180,8253846
HanHsp70-07	2	LOC_Os03g16920	3	57,8314	0,0586	0,0010	444,8569231
HanHsp70-10	3	LOC_Os12g14070	12	10,1128	0,1122	0,0111	77,79076923
HanHsp70-10	3	LOC_Os05g23740	5	8,4082	0,0953	0,0113	64,67846154
HanHsp70-13	3	LOC_Os05g33840	5	42,4245	0,1005	0,0024	326,3423077
HanHsp70-14	3	LOC_Os02g02410	2	9,9411	0,0578	0,0058	76,47
HanHsp70-18	4	LOC_Os11g47760	11	14,0263	0,0418	0,0030	107,8946154
HanHsp70-18	4	LOC_Os03g16860	3	37,1557	0,0474	0,0013	285,8130769
HanHsp70-18	4	LOC_Os05g38530	5	25,7642	0,05	0,0019	198,1861538
HanHsp70-18	4	LOC_Os01g62290	1	28,8176	0,0459	0,0016	221,6738462
HanHsp70-18	4	LOC_Os03g60620	3	27,5242	0,0505	0,0018	211,7246154
HanHsp70-18	4	LOC_Os03g16920	3	51,8606	0,0625	0,0012	398,9276923
HanHsp70-25	5	LOC_Os02g53420	2	5,0684	0,1096	0,0216	38,98769231

EK 40'ın devamı

HanHsp70-26	5	LOC_Os02g53420	2	4,2063	0,104	0,0247	32,35615385
HanHsp70-26	5	LOC_Os03g02260	3	4,8462	0,1082	0,0223	37,27846154
HanHsp70-26	5	LOC_Os09g31486	9	22,6751	0,1583	0,0070	174,4238462
HanHsp70-29	5	LOC_Os05g23740	5	10,3122	0,097	0,0094	79,32461538
HanHsp70-29	5	LOC_Os12g14070	12	8,836	0,1391	0,0157	67,96923077
HanHsp70-33	8	LOC_Os11g47760	11	13,0249	0,0668	0,0051	100,1915385
HanHsp70-33	8	LOC_Os05g38530	5	29,4007	0,068	0,0023	226,1592308
HanHsp70-33	8	LOC_Os01g62290	1	31,6193	0,0686	0,0022	243,2253846
HanHsp70-33	8	LOC_Os03g60620	3	12,7787	0,0711	0,0056	98,29769231
HanHsp70-33	8	LOC_Os03g16920	3	53,0177	0,0766	0,0014	407,8284615
HanHsp70-37	9	LOC_Os12g14070	12	5,6533	0,1149	0,0203	43,48692308
HanHsp70-37	9	LOC_Os05g23740	5	39,1551	0,0936	0,0024	301,1930769
HanHsp70-42	10	LOC_Os02g53420	2	11,395	0,1197	0,0105	87,65384615
HanHsp70-42	10	LOC_Os03g02260	3	10,8903	0,1221	0,0112	83,77153846
HanHsp70-44	10	LOC_Os05g23740	5	5,6234	0,0974	0,0173	43,25692308
HanHsp70-44	10	LOC_Os12g14070	12	38,2398	0,1196	0,0031	294,1523077
HanHsp70-50	10	LOC_Os05g38530	5	39,9666	0,0906	0,0023	307,4353846
HanHsp70-50	10	LOC_Os01g62290	1	35,8588	0,0965	0,0027	275,8369231
HanHsp70-50	10	LOC_Os03g16920	3	69,0532	0,0928	0,0013	531,1784615
HanHsp70-50	10	LOC_Os03g60620	3	14,2262	0,1065	0,0075	109,4323077
HanHsp70-50	10	LOC_Os11g47760	11	36,0613	0,1077	0,0030	277,3946154
HanHsp70-50	10	LOC_Os03g16860	3	41,2538	0,1095	0,0027	317,3369231
HanHsp70-55	12	LOC_Os02g02410	2	12,4802	0,1603	0,0128	96,00153846
HanHsp70-66	15	LOC_Os02g02410	2	10,6125	0,0847	0,0080	81,63461538
HanHsp70-74	15	LOC_Os11g47760	11	7,6541	0,0427	0,0056	58,87769231

EK 40'ın devamı

HanHsp70-74	15	LOC_Os01g62290	1	44,0961	0,0452	0,0010	339,2007692
HanHsp70-74	15	LOC_Os05g38530	5	32,9451	0,0471	0,0014	253,4238462
HanHsp70-74	15	LOC_Os03g16860	3	34,9374	0,045	0,0013	268,7492308
HanHsp70-74	15	LOC_Os03g60620	3	9,5846	0,0509	0,0053	73,72769231
HanHsp70-81	16	LOC_Os02g02410	2	5,3957	0,0539	0,0100	41,50538462
ORTALAMA				**25,15061698**	**0,0765**	**0,0058**	**193,4662845**

EK 41 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp70-06	2	Potri.008G054000	8	8,3827	0,035	0,004175266	64,48230769
HanHsp70-06	2	Potri.010G205700	10	8,3288	0,0348	0,004178273	64,06769231
HanHsp70-06	2	Potri.010G206600	10	6,7591	0,0346	0,005119025	51,99307692
HanHsp70-06	2	Potri.008G054600	8	5,7888	0,038	0,0065644	44,52923077
HanHsp70-06	2	Potri.010G205800	10	7,9641	0,0402	0,005047651	61,26230769
HanHsp70-06	2	Potri.001G042600	1	11,7748	0,0813	0,006904576	90,57538462
HanHsp70-06	2	Potri.001G042700	1	11,8237	0,0935	0,007907846	90,95153846
HanHsp70-06	2	Potri.003G184000	3	13,5359	0,1175	0,00868062	104,1223077
HanHsp70-07	2	Potri.008G054000	8	7,4444	0,0372	0,004997045	57,26461538
HanHsp70-07	2	Potri.010G206600	10	6,4669	0,0368	0,005690516	49,74538462
HanHsp70-07	2	Potri.010G205700	10	10,0344	0,0367	0,003657418	77,18769231
HanHsp70-07	2	Potri.008G054600	8	6,9131	0,0383	0,005540206	53,17769231
HanHsp70-07	2	Potri.003G184000	3	11,7000	0,1176	0,010051282	90
HanHsp70-09	3	Potri.012G064200	12	2,2001	0,1458	0,066269715	16,92384615
HanHsp70-10	3	Potri.003G006300	3	3,5297	0,0732	0,020738306	27,15153846
HanHsp70-13	3	Potri.010G015200	10	3,1894	0,0781	0,024487364	24,53384615
HanHsp70-14	3	Potri.012G017600	12	3,4632	0,0531	0,01533264	26,64
HanHsp70-14	3	Potri.001G087500	1	1,8704	0,0426	0,022775877	14,38769231
HanHsp70-18	4	Potri.008G054000	8	15,1498	0,0405	0,002673303	116,5369231
HanHsp70-18	4	Potri.010G205700	10	15,0500	0,0394	0,00261794	115,7692308
HanHsp70-25	5	Potri.009G079700	9	3,3358	0,1014	0,030397506	25,66
HanHsp70-29	5	Potri.003G006300	3	6,0314	0,106	0,017574692	46,39538462
HanHsp70-29	5	Potri.004G224400	4	6,8133	0,0949	0,01392864	52,41

EK 41'in devamı

HanHsp70-29	5	Potri.009G079700	9	49,7918	0,421	0,008455207	383,0138462
HanHsp70-33	8	Potri.010G206600	10	6,3096	0,0684	0,010840624	48,53538462
HanHsp70-33	8	Potri.008G054600	8	8,4446	0,0643	0,007614333	64,95846154
HanHsp70-33	8	Potri.010G205700	10	7,8370	0,0681	0,00868955	60,28461538
HanHsp70-33	8	Potri.010G205800	10	7,4372	0,0662	0,008901199	57,20923077
HanHsp70-37	9	Potri.003G006300	3	1,9810	0,0759	0,038313983	15,23846154
HanHsp70-42	10	Potri.009G079700	9	4,4024	0,0982	0,022306015	33,86461538
HanHsp70-44	10	Potri.003G006300	3	4,0035	0,0728	0,018184089	30,79615385
HanHsp70-44	10	Potri.004G224400	4	3,3258	0,0772	0,02321246	25,58307692
HanHsp70-50	10	Potri.001G042600	1	7,0625	0,0795	0,011256637	54,32692308
HanHsp70-50	10	Potri.010G206600	10	26,9318	0,1091	0,004050973	207,1676923
HanHsp70-50	10	Potri.010G205800	10	32,8583	0,1073	0,003265537	252,7561538
HanHsp70-50	10	Potri.001G042700	1	9,1143	0,0963	0,010565814	70,11
HanHsp70-50	10	Potri.008G054000	8	13,3631	0,1088	0,008141823	102,7930769
HanHsp70-50	10	Potri.010G205700	10	24,7971	0,1091	0,004399708	190,7469231
HanHsp70-50	10	Potri.008G054600	8	26,0650	0,114	0,004373681	200,5
HanHsp70-55	12	Potri.001G087500	1	2,1389	0,1442	0,067417832	16,45307692
HanHsp70-55	12	Potri.003G143600	3	1,4785	0,1446	0,097801826	11,37307692
HanHsp70-55	12	Potri.012G017600	12	2,5010	0,1593	0,063694522	19,23846154
HanHsp70-66	15	Potri.003G14360	3	1,6646	0,0773	0,046437583	12,80461538
HanHsp70-66	15	Potri.001G087500	1	1,8243	0,0767	0,042043524	14,03307692
HanHsp70-66	15	Potri.012G017600	12	4,2172	0,0851	0,020179266	32,44
HanHsp70-74	15	Potri.008G054000	8	3,6144	0,0401	0,011094511	27,80307692
HanHsp70-74	15	Potri.010G206600	10	3,9910	0,0427	0,010699073	30,7
HanHsp70-74	15	Potri.008G054600	8	2,6883	0,0394	0,014656102	20,67923077

EK 41'in devamı

HanHsp70-74	15	Potri.010G205800	10	4,7750	0,0439	0,009193717	36,73076923
HanHsp70-74	15	Potri.010G205700	10	3,7897	0,0431	0,011372932	29,15153846
HanHsp70-81	16	Potri.001G087500	1	1,4629	0,0382	0,026112516	11,25307692
HanHsp70-81	16	Potri.003G143600	3	1,3738	0,0434	0,031591207	10,56769231
HanHsp70-81	16	Potri.012G017600	12	2,1535	0,0539	0,025029023	16,56538462
ORTALAMA				**8,4707**	**0,08084151**	**0,018211422**	**65,15934688**

EK 42 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp70-06	2	Zm00001d010529	8	26,67730	0,0422	0,001581869	205,21
HanHsp70-06	2	Zm00001d012420	8	34,84680	0,0407	0,00116797	268,0523077
HanHsp70-06	2	Zm00001d028630	1	25,85510	0,0536	0,002073092	198,8853846
HanHsp70-06	2	Zm00001d041550	3	30,30880	0,0504	0,001662883	233,1446154
HanHsp70-06	2	Zm00001d030725	1	27,67430	0,0521	0,001882613	212,8792308
HanHsp70-07	2	Zm00001d010529	8	28,68370	0,0433	0,001509568	220,6438462
HanHsp70-07	2	Zm00001d012420	8	28,44550	0,0399	0,001402682	218,8115385
HanHsp70-10	3	Zm00001d013507	5	7,45930	0,0901	0,012078881	57,37923077
HanHsp70-10	3	Zm00001d033591	1	6,41100	0,0962	0,015005459	49,31538462
HanHsp70-10	3	Zm00001d041119	3	10,54560	0,1125	0,010667956	81,12
HanHsp70-13	3	Zm00001d038170	6	28,24020	0,1006	0,003562298	217,2323077
HanHsp70-14	3	Zm00001d014993	5	8,20780	0,0535	0,00651819	63,13692308
HanHsp70-18	4	Zm00001d012420	8	26,29950	0,0482	0,001832734	202,3038462
HanHsp70-18	4	Zm00001d010529	8	20,39940	0,0494	0,00242164	156,9184615
HanHsp70-25	5	Zm00001d006036	2	35,34300	0,1575	0,004456328	271,8692308
HanHsp70-25	5	Zm00001d013842	5	3,47190	0,1201	0,03459201	26,70692308
HanHsp70-29	5	Zm00001d013507	5	8,71330	0,0904	0,010374944	67,02538462
HanHsp70-29	5	Zm00001d033591	1	6,65760	0,0959	0,01440459	51,21230769
HanHsp70-33	8	Zm00001d010529	8	44,49300	0,0681	0,001530578	342,2538462
HanHsp70-33	8	Zm00001d012420	8	34,63990	0,0754	0,002176681	266,4607692
HanHsp70-33	8	Zm00001d041550	3	13,15700	0,071	0,005396367	101,2076923

EK 42'nin devamı

HanHsp70-37	9	Zm00001d013507	5	50,61730	0,0997	0,001969682	389,3638462
HanHsp70-37	9	Zm00001d033591	1	6,60790	0,0993	0,015027467	50,83
HanHsp70-37	9	Zm00001d023802	10	7,43460	0,11	0,014795685	57,18923077
HanHsp70-44	10	Zm00001d023802	10	12,42690	0,1109	0,008924189	95,59153846
HanHsp70-44	10	Zm00001d041119	3	24,14790	0,109	0,00451385	185,7530769
HanHsp70-44	10	Zm00001d013507	5	4,85680	0,1023	0,021063252	37,36
HanHsp70-44	10	Zm00001d033591	1	4,32730	0,1056	0,024403208	33,28692308
HanHsp70-50	10	Zm00001d042922	3	39,92720	0,094	0,002354285	307,1323077
HanHsp70-50	10	Zm00001d010529	8	36,29590	0,0926	0,002551252	279,1992308
HanHsp70-55	12	Zm00001d014993	5	9,83770	0,1584	0,016101324	75,67461538
HanHsp70-66	15	Zm00001d014993	5	9,29310	0,0818	0,00880223	71,48538462
HanHsp70-74	15	Zm00001d012420	8	51,85120	0,0519	0,001000941	398,8553846
HanHsp70-74	15	Zm00001d010529	8	40,67460	0,0489	0,001202224	312,8815385
HanHsp70-74	15	Zm00001d041550	3	8,07910	0,0414	0,005124333	62,14692308
HanHsp70-74	15	Zm00001d030725	1	8,25760	0,0428	0,005183104	63,52
HanHsp70-81	16	Zm00001d014993	5	6,86600	0,0531	0,007733761	52,81538462
ORTALAMA				**21,02787**	**0,07981**	**0,00749**	**161,75283**

EK 43 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp70-40-HanHsp70-39*	0,033530995	0,1334	0,251356784	Tandem	10,16768293
2	*HanHsp70-23-HanHsp70-21*	0,002268095	0,058028835	0,039085655	Tandem	4,422929497
3	*HanHsp70-26-HanHsp70-25*	0,007283615	0,09273814	0,078539585	Tandem	7,068455793
4	*HanHsp70-02-HanHsp70-01*	0,046805185	0,1952	0,239780661	Tandem	14,87804878
5	*HanHsp70-07-HanHsp70-06*	0,00620542	0,1192	0,052058893	Tandem	9,085365854
6	*HanHsp70-80-HanHsp70-79*	0,016416975	0,038091135	0,430992014	Tandem	2,903287729
7	*HanHsp70-76-HanHsp70-75*	0,02206073	0,048560935	0,454289647	Tandem	3,701290777
8	*HanHsp70-68-HanHsp70-69*	0,03959668	0,11471289	0,345180738	Tandem	8,743360518
ORTALAMA		**0,021770962**	**0,099991492**	**0,236410497**		**7,621302734**

EK 44 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp70-49-HanHsp70-05*	0,05388949	0,14185	0,379904759	Segmental	10,8117378
2	*HanHsp70-50-HanHsp70-08*	0,133237455	0,5191	0,256670112	Segmental	39,56554878
3	*HanHsp70-41-HanHsp70-12*	0,073447945	0,20535	0,357671999	Segmental	15,65167683
4	*HanHsp70-30-HanHsp70-46*	0,46365	0,4838	0,958350558	Segmental	36,875
5	*HanHsp70-54-HanHsp70-13*	0,465125425	0,4083	1,139175667	Segmental	31,12042683
6	*HanHsp70-37-HanHsp70-20*	0,015788985	0,11336621	0,139274172	Segmental	8,640717226
7	*HanHsp70-44-HanHsp70-10*	0,022613015	0,2951	0,076628312	Segmental	22,49237805
8	*HanHsp70-32-HanHsp70-58*	0,06811534	0,18125	0,375808772	Segmental	13,81478659
9	*HanHsp70-22-HanHsp70-18*	0,013624615	0,35745	0,038116142	Segmental	27,24466463
10	*HanHsp70-34-HanHsp70-17*	0,02388372	0,11255	0,21220542	Segmental	8,578506098
11	*HanHsp70-24-HanHsp70-53*	0,04933045	0,1146	0,430457679	Segmental	8,734756098
12	*HanHsp70-27-HanHsp70-45*	0,124183165	0,3917	0,317036418	Segmental	29,85518293
13	*HanHsp70-38-HanHsp70-43*	0,3169	0,3676	0,862078346	Segmental	28,01829268
14	*HanHsp70-57-HanHsp70-35*	0,080813915	0,28795	0,280652596	Segmental	21,94740854
15	*HanHsp70-31-HanHsp70-28*	0,082144025	0,2412	0,340563951	Segmental	18,38414634
16	*HanHsp70-36-HanHsp70-19*	0,1207	0,23185	0,520595212	Segmental	17,6714939
17	*HanHsp70-04-HanHsp70-09*	0,24715	0,38985	0,63396178	Segmental	29,71417683
18	*HanHsp70-56-HanHsp70-14*	0,02745499	0,2031	0,135179665	Segmental	15,48018293
19	*HanHsp70-77-HanHsp70-82*	0,48365	0,47525	1,017674908	Segmental	36,22332317
20	*HanHsp70-66-HanHsp70-65*	0,03769196	0,1142	0,330052189	Segmental	8,704268293
21	*HanHsp70-72-HanHsp70-64*	0,29325	0,50495	0,580750569	Segmental	38,48704268
22	*HanHsp70-74-HanHsp70-81*	0,12440679	0,4177	0,297837659	Segmental	31,83689024
23	*HanHsp70-70-HanHsp70-78*	0,12145	0,30635	0,396441978	Segmental	23,34984756

EK 44'ün devamı

24	*HanHsp70-62-HanHsp70-73*	0,32125	0,533	0,60272045	Segmental	40,625
ORTALAMA		**0,15682297**	**0,30822568**	**0,444992055**		**23,49281063**

EK 45 Ayçiçeği Hsp90 Protein Katalogu

Protein Adı	NCBI Erişim Numarası	Ayçiçeği Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı / Kararsız
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
HanHsp90-01	XP_022032380.1	1	16,851,264	6,854,091	265	5,14	30032,41	42,37	Kararsız
HanHsp90-02	XP_022034728.1	1	21,846,368	21,849,659	877	5,86	99759,68	43,11	Kararsız
HanHsp90-03	XP_022028823.1	1	115,092,406	115,096,792	914	9,46	104812,43	35,73	Kararlı
HanHsp90-04	XP_021986734.1	1	148,470,033	148,472,909	206	9,62	23948,62	61,34	Kararsız
HanHsp90-05	XP_021998433.1	2	125,435,434	125,438,428	886	5,81	100468,9	46,86	Kararsız
HanHsp90-06	XP_022030454.1	3	30,657,472	30,658,437	321	5,57	36624,16	52,01	Kararsız
HanHsp90-07	XP_022030561.1	3	45,154,261	45,155,622	453	7,69	51284,43	48,21	Kararsız
HanHsp90-08	XP_022028433.1	3	104,999,053	105,004,047	804	5,25	91387,06	41,26	Kararsız
HanHsp90-09	XP_022028873.1	3	127,770,298	127,773,832	697	4,9	79949,73	38,15	Kararlı
HanHsp90-10	XP_022032672.1	4	124,053,108	124,054,759	445	8,16	50984,59	40,28	Kararsız
HanHsp90-11	XP_022040217.1	5	38,279,816	38,280,491	193	9,08	22014,01	35,09	Kararlı
HanHsp90-12	XP_021977918.1	5	45,288,107	45,291,695	795	5,01	90132,69	39,67	Kararlı
HanHsp90-13	XP_022040336.1	5	52,207,306	52,209,066	397	5,93	45419,89	52,49	Kararsız
HanHsp90-14	XP_022041011.1	5	155,925,466	155,930,925	506	6,19	58779,17	47,48	Kararsız
HanHsp90-15	XP_022041043.1	5	161,143,212	161,145,836	727	5,71	83306,41	45,42	Kararsız
HanHsp90-16	XP_021974732.1	8	42,808,722	42,819,350	1393	8,8	160451,02	41,86	Kararsız
HanHsp90-17	XP_021975471.1	8	140,628,346	140,661,939	1293	8,61	149257,84	38,68	Kararlı
HanHsp90-18	XP_021975562.1	8	152,308,509	152,310,593	694	5,97	77460,66	47,83	Kararsız

EK 45'in devamı

HanHsp90-19	XP_021979143.1	9	13,288,482	13,291,034	850	5,8	95766,45	48,39	Kararsız
HanHsp90-20	XP_021979804.1	9	97,580,046	97,582,364	691	9,59	79433,65	42,54	Kararsız
HanHsp90-21	XP_021980187.1	9	142,829,005	142,830,567	520	6,12	58912,05	49,65	Kararsız
HanHsp90-22	XP_021990643.1	10	1,571,451	1,573,550	699	6,09	78209,72	47,16	Kararsız
HanHsp90-23	XP_021985186.1	10	61,576,446	61,578,869	683	5,14	77513,35	44,71	Kararsız
HanHsp90-24	XP_021991365.1	11	71,450,666	71,453,179	837	5,32	94302,63	47,07	Kararsız
HanHsp90-25	XP_021991469.1	11	83,128,522	83,136,447	499	5,02	57091,73	50,48	Kararsız
HanHsp90-26	XP_021993924.1	11	118,044,035	118,047,328	206	9,72	23947,68	57,21	Kararsız
HanHsp90-27	XP_021995333.1	12	18,652,820	18,654,544	429	8,61	49412,18	34,05	Kararlı
HanHsp90-28	XP_021997608.1	12	44,403,995	44,409,534	793	5,06	91414,35	32,42	Kararlı
HanHsp90-29	XP_021995745.1	12	67,153,011	67,155,833	719	5,56	79944,31	41,11	Kararsız
HanHsp90-30	XP_021996361.1	12	153,674,225	153,675,838	537	9,77	62054,93	32,98	Kararlı
HanHsp90-31	XP_021999770.1	13	3,162,051	3,167,237	821	4,83	94252,09	33,8	Kararlı
HanHsp90-32	XP_022003438.1	13	59,753,554	59,756,111	707	6,17	80148,35	47,48	Kararsız
HanHsp90-33	XP_022001550.1	13	124,064,360	124,075,816	697	4,94	79941,82	39,89	Kararlı
HanHsp90-34	XP_022001558.1	13	124,703,474	124,706,656	699	4,9	80044,83	40,45	Kararsız
HanHsp90-35	XP_022004335.1	13	160,686,149	160,688,382	540	5,17	61495,71	48,2	Kararsız
HanHsp90-36	XP_022007536.1	14	61,294,982	61,298,209	933	5,6	105622,03	43,28	Kararsız
HanHsp90-37	XP_022007766.1	14	95,190,301	95,197,118	1047	8,33	119914,3	39,75	Kararlı
HanHsp90-38	XP_022007800.1	14	100,401,369	100,407,763	947	9,04	108802,12	46,42	Kararsız
HanHsp90-39	XP_022006704.1	14	172,190,455	172,193,874	703	4,99	80936,11	42,13	Kararsız
HanHsp90-40	XP_022006705.1	14	172,210,342	172,213,627	702	5,01	80807	41,71	Kararsız
HanHsp90-41	XP_022006706.1	14	172,233,902	172,237,203	703	5,01	80935,13	42,17	Kararsız
HanHsp90-42	XP_022015023.1	15	157,387,520	157,389,739	739	9,52	85092,99	46,4	Kararsız
HanHsp90-43	XP_022018814.1	16	5,865,407	5,878,300	717	5,86	80213,17	42,93	Kararsız

EK 45'in devamı

HanHsp90-44	XP_022019252.1	16	60,049,469	60,051,724	627	5,06	71274,06	42,77	Kararsız
HanHsp90-45	XP_022019380.1	16	80,066,180	80,068,069	585	5,48	66042	41,93	Kararsız
HanHsp90-46	XP_022015301.1	16	169,324,985	169,332,410	799	4,99	90663,08	39,37	Kararlı
HanHsp90-47	XP_022023506.1	17	21,023,431	21,024,126	231	9,48	26691,66	35,05	Kararlı
HanHsp90-48	XP_022023777.1	17	45,142,489	45,144,738	288	9,27	32618,31	27,01	Kararlı
HanHsp90-49	XP_022024976.1	17	183,548,237	183,550,204	569	5,87	64223,09	38,56	Kararlı

EK 46 Ayçiçeği Hsp90 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protien Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
HanHsp90-01	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	265	2,66E-83	92.83	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	
HanHsp90-02	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	877	0.0	83.68		
HanHsp90-03	varsayılan RNA-yönelimli DNA polimeraz	914	0.0	63.17		
HanHsp90-04	39S ribozomal protein L28, mitokondriyal	206	2,86E-111	89.62	P:çeviri; F: ribozomun yapısal bileşeni; C: mitokondriyal büyük ribozomal alt birim	P:çeviri; F: ribozomun yapısal bileşeni; C: ribozom
HanHsp90-05	karakterize edilmemiş protein LOC110895424	886	0.0	85.83		
HanHsp90-06	karakterize edilmemiş protein LOC110931365	321	0.0	87.07		
HanHsp90-07	karakterize edilmemiş protein LOC110931476	453	0.0	86.44		

EK 46'nın devamı

HanHsp90-08	ısı şoku proteini 90-6, mitokondriyal	804	0.0	90.79	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; F:katlanmamış protein bağlanması; C: hücre duvarı; C: çekirdek; C: mitokondri; C: endoplazmik retikulum; C:kloroplast stroması; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-09	ısı şoku aynı kökenli protein 80	697	0.0	97.92	P:protein katlanması; P: ısıya hücresel tepki; P:protein stabilizasyonu; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: plazma zarı; C: protein içeren kompleks; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-10	ters transkriptaz alanı içeren protein	445	0.0	73.57	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması
HanHsp90-11	karakterize edilmemiş protein LOC110942761	193	4,28E-136	80.51		P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması

EK 46'nın devamı

HanHsp90-12	ısı şoku proteini 90-5, kloroplastik	795	0.0	93.1	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:su yoksunluğuna tepki; P:tuz stresine tepki; P: etiolasyon giderme; P: klorata tepki; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; F:ATP bağlanması; F: protein homodimerizasyon aktivitesi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakuolar membran; C: endoplazmik retikulum; C:kloroplast stroması; C:kloroplast zarfı; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-13	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	397	0.0	85.3	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	
HanHsp90-14	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	506	4,32E-165	94.7	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	
HanHsp90-15	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	727	0.0	85.71	P:protein glikozilasyonu; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: Golgi zarı	
HanHsp90-16	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	1393	0.0	82.94	F:nükleik asit bağlanması	F:nükleik asit bağlanması

EK 46'nın devamı

HanHsp90-17	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	1293	0.0	86.82	F:nükleik asit bağlanması	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama
HanHsp90-18	karakterize edilmemiş protein LOC110890728	694	0.0	85.6		
HanHsp90-19	karakterize edilmemiş protein LOC110875253	850	0.0	85,95		
HanHsp90-20	karakterize edilmemiş protein LOC110875920	691	0.0	81.35		
HanHsp90-21	karakterize edilmemiş protein LOC110876320	520	0.0	87.42		
HanHsp90-22	varsayılan retrotranspozon tıkaç alanı, aspartik peptidaz alanı süper ailesi	699	0.0	88.4		
HanHsp90-23	ters transkriptaz alanı içeren protein	683	0.0	88.06		
HanHsp90-24	karakterize edilmemiş protein LOC110888133	837	0.0	86.53		
HanHsp90-25	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	499	0.0	80.04	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	
HanHsp90-26	39S ribozomal protein L28, mitokondriyal	206	1,12E-132	89.31	P:çeviri; F: ribozomun yapısal bileşeni; C: mitokondriyal büyük ribozomal alt birim	P:çeviri; F: ribozomun yapısal bileşeni; C: ribozom
HanHsp90-27	ters transkriptaz alanı içeren protein	429	0.0	72.03	P:DNA biyosentetik süreci; F:DNA polimeraz aktivitesi	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması
HanHsp90-28	endoplazmin homologu	793	0.0	90.08	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 46'nın devamı

HanHsp90-29	karakterize edilmemiş protein LOC110906594	719	0.0	87.26		
HanHsp90-30	varsayılan RNA-yönelimli DNA polimeraz	537	0.0	73.89		
HanHsp90-31	endoplazmin homologu	821	0.0	94.49	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: endoplazmik retikulum; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-32	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	707	0.0	90.35	P:protein glikozilasyonu; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:glikosiltransferaz aktivitesi; C: Golgi zarı	
HanHsp90-33	ısı şoku aynı kökenli protein 80	697	0.0	97.91	P:protein katlanması; P: ısıya hücresel tepki; P:protein stabilizasyonu; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: plazma zarı; C: protein içeren kompleks; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 46'nın devamı

HanHsp90-34	ısı şoku aynı kökenli protein 80	699	0.0	96.0	P:protein katlanması; P: ısıya hücresel tepki; P:protein stabilizasyonu; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: plazma zarı; C: protein içeren kompleks; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-35	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	540	0.0	75.74	P:RNA'ya bağımlı DNA biyosentetik süreci; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:RNA-yönelimli DNA polimeraz aktivitesi	
HanHsp90-36	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	933	0.0	88.06		
HanHsp90-37	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	1047	0.0	82.38	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması
HanHsp90-38	karakterize edilmemiş protein LOC118490511	947	0.0	92.23		P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması

EK 46'nın devamı

HanHsp90-39	ısı şoku proteini 83	703	0.0	98.31	P:protein katlanması; P: ısıya hücresel tepki; P:protein stabilizasyonu; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: plazma zarı; C: protein içeren kompleks; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-40	ısı şoku proteini 83	702	0.0	98.31	P:protein katlanması; P: ısıya hücresel tepki; P:protein stabilizasyonu; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: plazma zarı; C: protein içeren kompleks; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-41	ısı şoku proteini 83	703	0.0	98.38	P:protein katlanması; P: ısıya hücresel tepki; P:protein stabilizasyonu; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: sitozol; C: plazma zarı; C: protein içeren kompleks; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 46'nın devamı

HanHsp90-42	karakterize edilmemiş protein LOC110914540	739	0.0	88.6		
HanHsp90-43	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	717	0.0	79.87	F:nükleik asit bağlanması; F: çinko iyonu bağlama	
HanHsp90-44	ters transkriptaz alanı içeren protein	627	0.0	88.17		
HanHsp90-45	varsayılan nükleotidiltransferaz, Ribonükleaz H	585	0.0	88.18	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	
HanHsp90-46	ısı şoku proteini 90-5, kloroplastik	799	0.0	90.41	P:protein katlanması; P:ısıya tepki; P:su yoksunluğuna tepki; P:tuz stresine tepki; P: etiolasyon giderme; P: klorata tepki; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; F:ATP bağlanması; F: protein homodimerizasyon aktivitesi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondri; C: vakuolar membran; C: endoplazmik retikulum; C:kloroplast stroması; C:kloroplast zarfı; C: sitoplazmanın perinükleer bölgesi	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp90-47	karakterize edilmemiş protein LOC110923753	231	3,48E-164	98.94		P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması

EK 46’nın devamı

HanHsp90-48	ters transkriptaz alanı içeren protein	288	2,99E-105	67.73	P:RNA'ya bağımlı DNA biyosentetik süreci; P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması; F:RNA-yönelimli DNA polimeraz aktivitesi	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması
HanHsp90-49	Transpozon 17.6 kaynaklı Retrovirüs ile ilgili Pol poliproteini	569	0.0	75.79	P:DNA entegrasyonu; F:nükleik asit bağlanması	

EK 47 Ayçiçeği Hsp90 Transkriptlerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Aegilops tauschii					
ata-miR2275a-3p	HanHsp90-34	3.0	20.763	UUUGUUUUUCUCCAAUAUCUC	GAGAUGUUGCAGCAAAACAAG
ata-miR2275b-3p	HanHsp90-34	2.5	20.763	CUUGUUUUCCUCCAAUAUCUC	GAGAUGUUGCAGCAAAACAAG
	HanHsp90-33	3.0	21.238	CUUGUUUUCCUCCAAUAUCUC	GAGAUGUUGCAGCAGAACAAG
ata-miR9674b-3p	HanHsp90-31	3.0	19.565	UGAAUUUGUCCAUAGCAUCAG	CUGAUGCUUUGGACAAAAUUA
	HanHsp90-35	3.0	14.93	UGAAUUUGUCCAUAGCAUCAG	UUUAUGCUUUCGACAAAUUCA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR5015	HanHsp90-03	3.0	9.433	UUGGUGUUAUGUGUAGUCUU	AAGGCUAUACACGACACUAA
ath-miR5634	HanHsp90-32	3.0	19.086	AGGGACUUUGUGAAUUUAGG	CCUAAAUACGCAAGGUUCUU
ath-miR865-3p	HanHsp90-14	3.0	17.442	UUUUUCCUCAAAUUUAUCCAA	UUGGA-AAAUUUGAGGAAAAU
Amborella trichopoda					
atr-miR2111	HanHsp90-03	3.0	15.099	UAAUCUGUAUCUUGAGGUUUG	CAGACAUCAGGAAACAGAUUA
Brachypodium distachyon					
bdi-miR160e-3p	HanHsp90-20	3.0	16.904	GCAUUGAGGGAGUCAUGCAG	UUGUUUGGUUCCCUCAAUGC
	HanHsp90-42	3.0	17.568	GCAUUGAGGGAGUCAUGCAG	UUGUUUGGUUCCCUCAAUGC
bdi-miR7711-5p.2	HanHsp90-22	2.5	17.67	AUGAUAGAAUUUCUAAAUUAGA	UUUAGUUGAGAGGUUCUAUCAU
	HanHsp90-07	3.0	18.541	AUGAUAGAAUUUCUAAAUUAGA	UUUGGUUGAGAGGUUCUAUCAU
	HanHsp90-06	2.5	21.221	AUGAUAGAAUUUCUAAAUUAGAA	UGUUAGUUGAGAAGUUCUAUUAU
	HanHsp90-24	2.5	21.415	AUGAUAGAAUUUCUAAAUUAG	UUAGUUGAGAAGUUCUAUUAU
	HanHsp90-19	2.5	16.891	AUGAUAGAAUUUCUAAAUUAG	UUAGUUGAGAAGUUCUAUUAU
	HanHsp90-05	2.5	21.469	AUGAUAGAAUUUCUAAAUUAG	UUAGUUGAGAAGUUCUAUUAU
Brassica rapa					

EK 47'nin devamı

Brassica rapa					
bra-miR1885b	HanHsp90-31	3.0	24.507	UACAUCUUCUCCGCGGAAGCU	AGCUUUUGUGGAGAAGAUGCA
bra-miR5717	HanHsp90-45	3.0	14.59	GUUUGGAUUGUUUGCCUUGGC	GGCAAGGCAAAUACUUCAAAC
Citrus sinensis					
csi-miR396c	HanHsp90-02	3.0	19.035	UUCAAGAAAUCUGUGGGAAG	CAUUCCAUAUAUUUCUUGAA
Glycine max					
gma-miR1535b	HanHsp90-32	2.5	18.999	CUUGUUUGUGGUGAUGUCUA	AAGACAUCCUCACAAACAAG
gma-miR5038a, gma-miR5038b	HanHsp90-16	2.5	14.094	UGAGAAUUUGGCCUCUGUCC	GGAUAGAGGUCAAGUUUUCG
gma-miR5771	HanHsp90-38	3.0	20.914	AUCUCAAGUGGAUUGCUUAA	UGAAGCAAUACAUUUGGGAU
gma-miR9752	HanHsp90-39	3.0	6.24	UGCUUCUUCUUUUCCCUGUUU	GAAGAGGGAAGAGAAGAAGAA
	HanHsp90-41	3.0	6.044	UGCUUCUUCUUUUCCCUGUUU	GAAGAGGGAAGAGAAGAAGAA
	HanHsp90-40	3.0	10.478	UGCUUCUUCUUUUCCCUGUUU	GAAGAGGGAAGAGAAGAAGAA
Gossypium raimondii					
gra-miR7484j	HanHsp90-16	3.0	23.976	UUUACUCUUUGAUCUAACGU	GUGUUGGGUCAAAGGGUAGA
gra-miR7504e, gra-miR7504f	HanHsp90-28	3.0	17.336	AGGAGAAAAAAAUCUGAUUU	AAAUUAGAUUCCUUUCUCUU
	HanHsp90-31	3.0	22.697	AGGAGAAAAAAAUCUGAUUU	AAAUUAGAUUCCUUUCUCUU
gra-miR8762d	HanHsp90-44	3.0	22.429	UUGUUAACUUUGAUGAUGUGG	UCAUAUCUUCGAAGUUGACAG
Malus domestica					
mdm-miR159c	HanHsp90-18	2.5	17.209	GAAUUCCUUCUCCUCUCCUU	CAGGAGAGGAGAAGGAGUUA

EK 47'nin devamı

Medicago truncatula					
mtr-miR2595	HanHsp90-29	3.0	13.396	UACAUUUUCUUCUUUAUGUC	GAGAUAAAGAAGAAAGUGGA
mtr-miR2630a, mtr-miR2630b, mtr-miR2630c, mtr-miR2630d, mtr-miR2630e, mtr-miR2630f, mtr-miR2630g, mtr-miR2630h, mtr-miR2630i, mtr-miR2630j, mtr-miR2630k, mtr-miR2630l, mtr-miR2630m, mtr-miR2630n, mtr-miR2630o, mtr-miR2630p, mtr-miR2630q, mtr-miR2630r, mtr-miR2630s, mtr-miR2630t, mtr-miR2630u, mtr-miR2630v, mtr-miR2630w, mtr-miR2630x, mtr-miR2630y	HanHsp90-28	3.0	6.875	UGGUUUUGGUCCUUGGUAUUU	AAAAACCGAAGACCAAAACCG
mtr-miR2673a	HanHsp90-31	2.0	16.818	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GAGGAAGAUGAAGUGGAAGAGG
	HanHsp90-39	3.0	16.774	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GAGGAAGAAGGAGAGGAAGACG
Oryza sativa					
osa-miR160f-3p	HanHsp90-20	3.0	16.904	GCAUUGAGGGAGUCAUGCAG	UUGUUUGGUUCCCUCAAUGC
	HanHsp90-42	3.0	17.568	GCAUUGAGGGAGUCAUGCAG	UUGUUUGGUUCCCUCAAUGC
osa-miR2275d	HanHsp90-34	2.5	20.763	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCUC	GAGAUGUUGCAGCAAAACAAG
	HanHsp90-33	3.0	21.238	CUUGUUUUUCUCCAAUAUCUC	GAGAUGUUGCAGCAGAACAAG
osa-miR414	HanHsp90-34	3.0	9.029	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGAUGAAGAUGAGGAAGA
	HanHsp90-34	3.0	21.786	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACGAUGCUGCGGAGGAUGA
Prunus persica					
ppe-miR6280	HanHsp90-24	2.5	21.905	UUGGCAGUAAGAUUUUUGGU	AUCGGAAAUCUUACUGUCAG
ppe-miR6288b-5p	HanHsp90-16	3.0	11.506	CUUGUUAUUUUUUAAUUGAUU	AAUGAAUUAAAAAUUAACAAA
Physcomitrella patens					

EK 47'nin devamı

ppt-miR395	HanHsp90-46	3.0	12.045	CUGAAGCGUUUGGGGGAAGG	UCUUCCUCUAAACGUUUCAC
ppt-miR414	HanHsp90-36	3.0	20.547	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GACGAGCAUUCUGAGGAUGA
ppt-miR893	HanHsp90-31	3.0	22.933	AUUGGGACUUGUGCUGGGAC	GUUUGAGCAUAAGUCCCGAU
ppt-miR900-5p	HanHsp90-08	3.0	11.424	UCCCAGGUACAAGAACACAG	AUGUGUUCUUGUAUCUGGAA
Populus trichocarpa					
ptc-miR7826	HanHsp90-28	3.0	16.747	UUACCAAGUUUCAAAUUCUC	GAGGGUUUGAAGCUAGGUAA
Phaseolus vulgaris					
pvu-miR1514a	HanHsp90-03	3.0	12.165	UUCAUUUUGAAAAUAGGCAUU	GAUGUUAAUUUUCAAAGUGGA
Solanum lycopersicum					
sly-miR5302b-3p	HanHsp90-03	3.0	9.291	UUUUCAACUAUAGCAUUAUUUU	ACAGUAAUGAUAUAGUAGAAAA
Solanum tuberosum					
stu-miR8015-3p	HanHsp90-39	3.0	8.68	GUUUCAUUUUCAAGGUCCAAU	AUUGAAGCUUGAGGAUGAAAC
	HanHsp90-41	3.0	11.615	GUUUCAUUUUCAAGGUCCAAU	GUUGAAGCUUGAGGAUGAAAC
stu-miR8047	HanHsp90-16	3.0	18.948	CCAUUUUUUCGAAAUUAGACC	GGUUUAAUACCGAAGAAAUGG
Vitis vinifera					
vvi-miR2111-5p	HanHsp90-03	3.0	15.099	UAAUCUGCAUCCUGAGGUCU	AGACAUCAGGAAACAGAUUA
Zea mays					
zma-miR169p-3p	HanHsp90-39	3.0	19.944	GGCAAGUCAUCUGGGGCUACG	CGUGGACUCCGAUGACUUGCC
	HanHsp90-40	3.0	18.254	GGCAAGUCAUCUGGGGCUACG	UGUGGACUCCGAUGACUUGCC
	HanHsp90-41	3.0	22.097	GGCAAGUCAUCUGGGGCUAC	GUGGACUCUGAUGACUUGCC
zma-miR2275a-3p	HanHsp90-34	3.0	20.763	UUUGUUUUCCUCCAAUAUCUC	GAGAUGUUGCAGCAAAACAAG

EK 48 Ayçiçeği *Hsp70* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp90-08	3	AT3G07770	3	2,2087	0,1738	0,078688821	16,99
HanHsp90-08	3	AT2G04030	2	49,0386	0,2334	0,004759516	377,22
HanHsp90-09	3	AT5G56030	5	4,2488	0,4141	0,097462813	32,68307692
HanHsp90-09	3	AT5G56010	5	4,305	0,0453	0,010522648	33,11538462
HanHsp90-09	3	AT5G56000	5	3,6599	0,0481	0,013142436	28,15307692
HanHsp90-09	3	AT5G52640	5	8,3851	0,0713	0,008503178	64,50076923
HanHsp90-12	5	AT2G04030	2	3,2779	0,1257	0,038347723	25,21461538
HanHsp90-28	12	AT4G24190	4	2,3805	0,1444	0,060659525	18,31153846
HanHsp90-31	13	AT4G24190	4	2,2012	0,1117	0,050745048	16,93230769
HanHsp90-33	13	AT5G56000	5	4,9521	0,0462	0,009329375	38,09307692
HanHsp90-33	13	AT5G56010	5	4,3996	0,0422	0,009591781	33,84307692
HanHsp90-33	13	AT5G52640	5	10,051	0,0693	0,006894836	77,31538462
HanHsp90-34	13	AT5G56030	5	3,9382	0,0407	0,010334671	30,29384615
HanHsp90-34	13	AT5G56010	5	3,2641	0,0425	0,013020434	25,10846154
HanHsp90-34	13	AT5G56000	5	3,5371	0,0477	0,013485624	27,20846154
HanHsp90-34	13	AT5G52640	5	16,5541	0,0704	0,004252723	127,3392308
HanHsp90-39	14	AT5G52640	5	2,8563	0,0336	0,01176347	21,97153846
HanHsp90-39	14	AT5G56000	5	38,4936	0,0775	0,002013322	296,1046154
HanHsp90-39	14	AT5G56010	5	36,1759	0,0748	0,002067675	278,2761538
HanHsp90-39	14	AT5G56030	5	41,126	0,0746	0,001813938	316,3538462
HanHsp90-40	14	AT5G52640	5	3,2958	0,0323	0,009800352	25,35230769
HanHsp90-40	14	AT5G56000	5	44,4804	0,0766	0,001722107	342,1569231
HanHsp90-40	14	AT5G56010	5	51,867	0,0744	0,001434438	398,9769231
HanHsp90-40	14	AT5G56030	5	39,5093	0,074	0,001872977	303,9176923
HanHsp90-41	14	AT5G52640	5	3,0262	0,0351	0,011598705	23,27846154
HanHsp90-41	14	AT5G56000	5	37,0594	0,0769	0,002075047	285,0723077
HanHsp90-41	14	AT5G56010	5	36,6735	0,0742	0,002023259	282,1038462
HanHsp90-41	14	AT5G56030	5	33,1474	0,074	0,002232453	254,98
ORTALAMA				**17,6469**	**0,08945714**	**0,017148532**	**135,7452473**

EK 49 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp90-08	3	LOC_Os12g32986	12	2,7698	0,188	0,0679	21,30615385
HanHsp90-08	3	LOC_Os09g29840	9	51,5496	0,316	0,0061	396,5353846
HanHsp90-09	3	LOC_Os09g30412	9	14,7359	0,0514	0,0035	113,3530769
HanHsp90-09	3	LOC_Os08g39140	8	17,1488	0,0501	0,0029	131,9138462
HanHsp90-09	3	LOC_Os04g01740	4	50,8349	0,0887	0,0017	391,0376923
HanHsp90-09	3	LOC_Os08g39140	8	19,7558	0,0447	0,0023	151,9676923
HanHsp90-12	5	LOC_Os09g29840	9	6,3927	0,019	0,0030	49,17461538
HanHsp90-12	5	LOC_Os08g38086	8	5,7066	0,099	0,0173	43,89692308
HanHsp90-28	12	LOC_Os06g50300	6	8,9626	0,1492	0,0166	68,94307692
HanHsp90-31	13	LOC_Os06g50300	6	6,7437	0,1134	0,0168	51,87461538
HanHsp90-33	13	LOC_Os09g30412	9	12,1842	0,0455	0,0037	93,72461538
HanHsp90-33	13	LOC_Os09g30418	9	13,1829	0,0473	0,0036	101,4069231
HanHsp90-33	13	LOC_Os08g39140	8	19,3279	0,0453	0,0023	148,6761538
HanHsp90-33	13	LOC_Os04g01740	4	48,5	0,0901	0,0019	373,0769231
HanHsp90-34	13	LOC_Os09g30412	9	13,326	0,0489	0,0037	102,5076923
HanHsp90-34	13	LOC_Os08g39140	8	22,2433	0,0524	0,0024	171,1023077
HanHsp90-34	13	LOC_Os04g01740	4	81,8172	0,0818	0,0010	629,3630769
HanHsp90-39	14	LOC_Os04g01740	4	36,7914	0,0654	0,0018	283,0107692
HanHsp90-39	14	LOC_Os09g30412	9	33,2441	0,0773	0,0023	255,7238462
HanHsp90-39	14	LOC_Os09g30418	9	33,5099	0,0772	0,0023	257,7684615
HanHsp90-39	14	LOC_Os08g39140	8	33,2969	0,0813	0,0024	256,13
HanHsp90-40	14	LOC_Os04g01740	4	35,6722	0,0649	0,0018	274,4015385
HanHsp90-40	14	LOC_Os09g30412	9	38,2741	0,0762	0,0020	294,4161538
HanHsp90-40	14	LOC_Os09g30418	9	36,0504	0,0764	0,0021	277,3107692
HanHsp90-40	14	LOC_Os08g39140	8	35,6586	0,0799	0,0022	274,2969231
HanHsp90-41	14	LOC_Os04g01740	4	36,7694	0,0663	0,0018	282,8415385
HanHsp90-41	14	LOC_Os09g30412	9	31,7264	0,0765	0,0024	244,0492308
ORTALAMA				**27,63612222**	**0,08415556**	**0,0066**	**212,5855556**

EK 50 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp90-08	3	Potri.014G164900	14	1,6982	0,1274	0,07502061	13,06307692
HanHsp90-09	3	Potri.001G466000	1	2,8384	0,037	0,013035513	21,83384615
HanHsp90-09	3	Potri.016G003400	16	5,9133	0,0381	0,006443103	45,48692308
HanHsp90-09	3	Potri.006G002800	6	4,3140	0,0434	0,010060269	33,18461538
HanHsp90-09	3	Potri.001G286700	1	4,1466	0,0388	0,009357064	31,89692308
HanHsp90-12	5	Potri.008G112700	8	2,6321	0,1176	0,044679154	20,24692308
HanHsp90-12	5	Potri.010G136800	10	3,1278	0,1266	0,040475734	24,06
HanHsp90-28	12	Potri.005G241100	5	2,4422	0,1265	0,05179756	18,78615385
HanHsp90-31	13	Potri.005G241100	5	2,2977	0,094	0,040910476	17,67461538
HanHsp90-33	13	Potri.001G466000	1	2,2837	0,032	0,014012348	17,56692308
HanHsp90-33	13	Potri.016G003400	16	5,3431	0,0385	0,007205555	41,10076923
HanHsp90-33	13	Potri.006G002800	6	4,5766	0,0401	0,008761963	35,20461538
HanHsp90-33	13	Potri.017G146600	17	13,7940	0,0723	0,005241409	106,1076923
HanHsp90-33	13	Potri.001G286700	1	4,2209	0,0389	0,009216044	32,46846154
HanHsp90-34	13	Potri.001G466000	1	4,8566	0,034	0,007000782	37,35846154
HanHsp90-34	13	Potri.016G003400	16	5,8058	0,0397	0,00683799	44,66
HanHsp90-34	13	Potri.001G286700	1	5,5673	0,0373	0,006699837	42,82538462
HanHsp90-39	14	Potri.017G146600	17	2,5261	0,0289	0,011440561	19,43153846
HanHsp90-39	14	Potri.016G003400	16	36,7460	0,0717	0,001951233	282,6615385
HanHsp90-39	14	Potri.001G286700	1	46,7228	0,0728	0,001558126	359,4061538
HanHsp90-40	14	Potri.017G146600	17	2,6209	0,0291	0,011103056	20,16076923
HanHsp90-40	14	Potri.016G003400	16	38,6368	0,0701	0,001814332	297,2061538
HanHsp90-40	14	Potri.001G286700	1	35,4608	0,0724	0,002041691	272,7753846
HanHsp90-40	14	Potri.006G002800	6	35,6360	0,0731	0,002051296	274,1230769
HanHsp90-41	14	Potri.016G003400	16	33,6267	0,0712	0,002117365	258,6669231
HanHsp90-41	14	Potri.006G002800	6	36,1701	0,0745	0,002059712	278,2315385
ORTALAMA				**13,2309**	**0,063307692**	**0,015111261**	**101,7764793**

EK 51 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp90-08	3	Zm00001d041719	3	2,89820	0,1959	0,067593679	22,29384615
HanHsp90-09	3	Zm00001d006008	2	19,54060	0,0514	0,002630421	150,3123077
HanHsp90-09	3	Zm00001d052855	4	23,14590	0,0514	0,002220696	178,0453846
HanHsp90-09	3	Zm00001d020898	7	22,08760	0,0805	0,003644579	169,9046154
HanHsp90-28	12	Zm00001d036401	6	7,02050	0,1514	0,021565416	54,00384615
HanHsp90-31	13	Zm00001d036401	6	7,36250	0,1105	0,015008489	56,63461538
HanHsp90-33	13	Zm00001d006008	2	22,65770	0,0466	0,002056696	174,29
HanHsp90-33	13	Zm00001d052855	4	22,54340	0,0475	0,002107047	173,4107692
HanHsp90-33	13	Zm00001d020898	7	26,68310	0,0761	0,002851992	205,2546154
HanHsp90-34	13	Zm00001d006008	2	25,08940	0,0589	0,002347605	192,9953846
HanHsp90-34	13	Zm00001d024903	10	63,05770	0,0832	0,001319426	485,0592308
HanHsp90-34	13	Zm00001d020898	7	27,57970	0,0826	0,002994956	212,1515385
HanHsp90-39	14	Zm00001d024903	10	45,78300	0,0689	0,001504925	352,1769231
HanHsp90-39	14	Zm00001d006008	2	37,64960	0,078	0,002071735	289,6123077
HanHsp90-39	14	Zm00001d052855	4	39,59470	0,084	0,002121496	304,5746154
HanHsp90-40	14	Zm00001d024903	10	50,49220	0,0687	0,001360606	388,4015385
HanHsp90-40	14	Zm00001d006008	2	38,60890	0,0788	0,00204098	296,9915385
HanHsp90-41	14	Zm00001d024903	10	48,43550	0,071	0,001465867	372,5807692
HanHsp90-41	14	Zm00001d006008	2	37,76050	0,0782	0,002070947	290,4653846
ORTALAMA				**29,89425**	**0,08229**	**0,00731**	**229,95575**

EK 52 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp90-16-HanHsp90-17*	0,054920045	0,1027	0,534761879	Tandem	7,827743902
2	*HanHsp90-40-HanHsp90-41*	0,00080296	0,039787295	0,020181317	Tandem	3,032568216
3	*HanHsp90-33-HanHsp90-34*	0,01386262	0,2741	0,050575046	Tandem	20,89176829
ORTALAMA		**0,023195208**	**0,138862432**	**0,201839414**		**10,5840268**

EK 53 Ayçiçeği *Hsp90* Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp90-04-HanHsp90-26*	0,003554535	0,0878249	0,040472975	Segmental	6,693971037
2	*HanHsp90-09-HanHsp90-37*	0,46455	0,4608	1,008138021	Segmental	35,12195122
3	*HanHsp90-14-HanHsp90-43*	0,384	0,37365	1,027699719	Segmental	28,47942073
4	*HanHsp90-03-HanHsp90-38*	0,37765	0,43015	0,877949552	Segmental	32,78582317
5	*HanHsp90-28-HanHsp90-31*	0,03550939	0,19315	0,183843593	Segmental	14,72179878
6	*HanHsp90-13-HanHsp90-32*	0,0611208	0,09786098	0,624567626	Segmental	7,458916159
7	*HanHsp90-12-HanHsp90-46*	0,01780528	0,1883	0,094558046	Segmental	14,35213415
8	*HanHsp90-18-HanHsp90-22*	0,018338335	0,0944645	0,194129382	Segmental	7,20003811
9	*HanHsp90-05-HanHsp90-30*	0,660437775	0,5084	1,299051485	Segmental	38,75
10	*HanHsp90-24-HanHsp90-21*	0,00695682	0,018885355	0,368371153	Segmental	1,439432546
11	*HanHsp90-25-HanHsp90-35*	0,21425	0,47995	0,446400667	Segmental	36,58155488
12	*HanHsp90-07-HanHsp90-19*	0,03644503	0,1633	0,223178383	Segmental	12,44664634
13	*HanHsp90-27-HanHsp90-47*	0,4061	0,41	0,990487805	Segmental	31,25
14	*HanHsp90-29-HanHsp90-44*	0,00599589	0,04911829	0,122070414	Segmental	3,743772104
15	*HanHsp90-02-HanHsp90-15*	0,1721	0,51065	0,337021443	Segmental	38,9214939
16	*HanHsp90-36-HanHsp90-45*	0,5594	0,50135	1,115787374	Segmental	38,21265244
17	*HanHsp90-20-HanHsp90-42*	0,04814932	0,05985359	0,804451663	Segmental	4,562011433
ORTALAMA		**0,204256657**	**0,272218095**	**0,574010547**		**20,74833041**

EK 54 Ayçiçeği Hsp100 Protein Katalogu

Protein Adı	NCBI Erişim Numarası	Ayçiçeği Genomu Üzerinde Fiziksel Yerleşimi			Protein uzunluğu (aa)	pI	Moleküler Ağırlık (Da)	Kararsızlık Endeksi	Kararlı / Kararsız
		Kromozom	Başlangıç Pozisyonu (bç)	Bitiş Pozisyonu (bç)					
HanHsp100-01	XP_022038441.1	1	220,646	223,764	87	5,52	9967,55	59,12	Kararsız
HanHsp100-02	XP_022041381.1	1	14,886,575	14,890,942	781	8,74	86819,92	31,82	Kararlı
HanHsp100-03	XP_021983034.1	1	132,268,046	132,278,589	433	7,7	48159,56	40,41	Kararsız
HanHsp100-04	XP_022031848.1	1	140,985,256	140,987,061	138	7,04	15448,07	30,12	Kararlı
HanHsp100-05	XP_022012583.1	2	24,275,069	24,281,410	924	6,12	102590,72	39,41	Kararlı
HanHsp100-06	XP_022013668.1	2	31,087,363	31,094,723	680	6,52	73535,54	35,38	Kararlı
HanHsp100-07	XP_021993046.1	2	56,068,861	56,070,365	191	6,97	21416,99	40,95	Kararsız
HanHsp100-08	XP_022019227.1	2	105,193,500	105,198,906	282	9,55	31837,91	31,46	Kararlı
HanHsp100-09	XP_022027896.1	3	55,985,014	55,989,010	423	4,94	47359,05	37,6	Kararlı
HanHsp100-10	XP_022027976.1	3	60,687,261	60,692,250	400	8,24	44793,57	38,7	Kararlı
HanHsp100-11	XP_022028180.1	3	80,056,660	80,061,784	576	8,96	62928,05	41,85	Kararsız
HanHsp100-12	XP_022028694.1	3	118,970,900	118,977,575	1002	6,23	115400,31	40,05	Kararsız
HanHsp100-13	XP_022028796.1	3	125,423,652	125,433,051	695	8,62	75154,22	34,1	Kararlı
HanHsp100-14	XP_022029040.1	3	133,291,865	133,293,606	511	5,97	59111,63	34,96	Kararlı
HanHsp100-15	XP_022029042.1	3	133,369,178	133,370,979	525	5,84	61047,69	36,98	Kararlı
HanHsp100-16	XP_022029397.1	3	143,623,612	143,630,540	820	8,57	90540,52	38,05	Kararlı
HanHsp100-17	XP_022029527.1	3	147,831,228	147,842,647	887	6,32	97932,86	42,14	Kararsız
HanHsp100-18	XP_022029662.1	3	154,851,095	154,858,070	614	9,3	68030,93	46,82	Kararsız
HanHsp100-19	XP_022030011.1	3	163,284,602	163,293,623	1211	5,4	133762,93	56,24	Kararsız

EK 54'ün devamı

HanHsp100-20	XP_022033674.1	4	8,327,868	8,336,657	521	7	57046,06	49,28	Kararsız
HanHsp100-21	XP_022031748.1	4	8,391,767	8,401,979	334	6,06	37483,68	43,66	Kararsız
HanHsp100-22	XP_022034115.1	4	38,764,883	38,771,836	669	6,52	73550,97	38,02	Kararlı
HanHsp100-23	XP_022034521.1	4	70,355,736	70,357,797	500	9,23	56862,47	47,08	Kararsız
HanHsp100-24	XP_022034807.1	4	93,007,534	93,010,928	394	5,55	44021,71	41,32	Kararsız
HanHsp100-25	XP_022035667.1	4	155,444,064	155,445,919	477	9,25	54351,6	44,94	Kararsız
HanHsp100-26	XP_022037352.1	5	37,231,688	37,239,896	819	8,1	89602,21	40,4	Kararsız
HanHsp100-27	XP_022037446.1	5	45,554,718	45,560,088	474	6,1	52507,93	31,49	Kararlı
HanHsp100-28	XP_022037477.1	5	47,941,542	47,943,256	499	5,52	56048,39	48,87	Kararsız
HanHsp100-29	XP_022037597.1	5	65,456,540	65,459,530	604	9,33	67235,19	43,62	Kararsız
HanHsp100-30	XP_022037890.1	5	103,742,721	103,746,333	420	8,7	47270,68	38,68	Kararlı
HanHsp100-31	XP_022038072.1	5	122,128,537	122,135,596	540	6,34	57921,86	35,07	Kararlı
HanHsp100-32	XP_022038778.1	5	146,599,024	146,601,266	442	6,55	50355,66	38,45	Kararlı
HanHsp100-33	XP_022039066.1	5	158,110,726	158,119,670	1150	6,58	125750,85	43,09	Kararsız
HanHsp100-34	XP_021968960.1	6	380,049	388,637	1176	9,03	129494,23	40,74	Kararsız
HanHsp100-35	XP_021969114.1	6	3,844,237	3,848,505	332	8,09	36662,27	39,38	Kararlı
HanHsp100-36	XP_021969201.1	6	5,242,411	5,250,406	811	5,88	90522,23	46,19	Kararsız
HanHsp100-37	XP_021969723.1	6	19,886,095	19,888,643	501	9,07	57025,86	43,65	Kararsız
HanHsp100-38	XP_021969737.1	6	20,563,593	20,574,439	1016	5,72	114526,08	52,55	Kararsız
HanHsp100-39	XP_021970520.1	6	56,155,897	56,163,588	811	8,39	88500,07	39,69	Kararlı
HanHsp100-40	XP_021970798.1	6	79,474,067	79,478,429	401	5,66	45158,58	37,48	Kararlı
HanHsp100-41	XP_021971014.1	6	101,240,566	101,246,227	704	5,87	75405,87	39,86	Kararlı
HanHsp100-42	XP_021972693.1	7	28,680,016	28,687,825	716	9,03	77681,11	41,05	Kararsız
HanHsp100-43	XP_021971428.1	7	31,366,145	31,367,883	328	5,48	36765,06	22,53	Kararlı
HanHsp100-44	XP_021972806.1	7	38,563,185	38,565,434	505	5,79	57907,82	43,99	Kararsız

EK 54'ün devamı

HanHsp100-45	XP_021973137.1	7	61,155,785	61,158,280	501	6,67	57913,69	46,02	Kararsız
HanHsp100-46	XP_021973138.1	7	61,159,964	61,161,735	494	5,97	56845,91	38,17	Kararlı
HanHsp100-47	XP_021973140.1	7	61,186,361	61,188,100	494	6,03	56674,79	36,03	Kararlı
HanHsp100-48	XP_021973143.1	7	61,285,665	61,288,012	490	6,03	56383,03	42,84	Kararsız
HanHsp100-49	XP_021973292.1	7	67,568,929	67,571,445	132	5,13	14781,18	48,05	Kararsız
HanHsp100-50	XP_021973416.1	7	71,878,885	71,886,332	827	8,41	93499,85	49,37	Kararsız
HanHsp100-51	XP_021973482.1	7	74,134,641	74,142,314	633	8,44	70246,5	48,31	Kararsız
HanHsp100-52	XP_021973611.1	7	78,638,111	78,645,115	976	6,66	109333,51	36,82	Kararlı
HanHsp100-53	XP_021973631.1	7	79,710,513	79,716,242	981	6,03	110144,3	39,28	Kararlı
HanHsp100-54	XP_021973679.1	7	81,475,472	81,479,234	585	9	64932,22	31,38	Kararlı
HanHsp100-55	XP_021973821.1	7	85,975,562	85,978,409	441	5,44	48780,68	33,65	Kararlı
HanHsp100-56	XP_021975808.1	7	87,985,901	87,989,418	445	5,97	49579,01	43,48	Kararsız
HanHsp100-57	XP_021974215.1	7	100,941,520	100,945,225	533	5,66	57122,78	35,64	Kararlı
HanHsp100-58	XP_021977564.1	8	74,400,222	74,402,154	509	9,01	57951,52	40,26	Kararsız
HanHsp100-59	XP_021977646.1	8	80,860,624	80,865,958	232	9,25	24864,18	55,92	Kararsız
HanHsp100-60	XP_021977893.1	8	98,102,314	98,117,144	1168	6,55	126688,53	40,53	Kararsız
HanHsp100-61	XP_021977968.1	8	103,241,255	103,244,792	414	5,4	46652,18	37,88	Kararlı
HanHsp100-62	XP_021978413.1	8	135,002,314	135,010,277	923	6,18	102284,24	42,12	Kararsız
HanHsp100-63	XP_021978475.1	8	143,263,963	143,273,509	438	6,28	49061,78	39,21	Kararlı
HanHsp100-64	XP_021981018.1	9	13,601,493	13,608,172	522	8,04	58249,06	37,99	Kararlı
HanHsp100-65	XP_021981871.1	9	94,151,735	94,156,686	477	5,44	52526,37	31,95	Kararlı
HanHsp100-66	XP_021982057.1	9	112,349,914	112,351,789	518	5,73	59915,28	38,49	Kararlı
HanHsp100-67	XP_021982396.1	9	132,739,880	132,744,432	134	8,93	15268,94	63,97	Kararsız
HanHsp100-68	XP_021982977.1	9	156,657,646	156,661,967	624	8,89	70053,41	46,56	Kararsız
HanHsp100-69	XP_021983139.1	9	163,790,196	163,794,140	575	9,04	63913,23	35,18	Kararlı

EK 54'ün devamı

HanHsp100-70	XP_021983359.1	9	173,313,724	173,315,709	504	6,16	57722,06	34,88	Kararlı
HanHsp100-71	XP_021983848.1	9	174,028,588	174,032,622	912	5,74	101144,33	36,84	Kararlı
HanHsp100-72	XP_021980700.1	9	178,308,341	178,309,388	200	6,08	23142,7	47,12	Kararsız
HanHsp100-73	XP_021984227.1	9	181,842,174	181,849,212	922	6,16	102476,39	37,84	Kararlı
HanHsp100-74	XP_021985023.1	10	42,211,797	42,218,848	230	5,41	25997,82	16,45	Kararlı
HanHsp100-75	XP_021988584.1	10	117,301,993	117,308,550	460	5,08	50710,27	43,85	Kararsız
HanHsp100-76	XP_021989503.1	10	152,114,413	152,121,229	399	8,24	44619,35	39,07	Kararlı
HanHsp100-77	XP_021989538.1	10	155,798,485	155,802,367	1018	6,99	113027,41	53,69	Kararsız
HanHsp100-78	XP_021989593.1	10	156,328,672	156,330,612	523	5,73	58365,18	43,73	Kararsız
HanHsp100-79	XP_021989882.1	10	165,848,220	165,854,016	426	5,65	47703,93	35,91	Kararlı
HanHsp100-80	XP_021990338.1	10	176,287,745	176,293,384	398	8,75	44850,05	37,2	Kararlı
HanHsp100-81	XP_021990477.1	10	178,753,580	178,758,235	479	6,56	53676,95	32,32	Kararlı
HanHsp100-82	XP_021992332.1	11	4,049,694	4,054,972	434	7,67	48306,88	34,95	Kararlı
HanHsp100-83	XP_021992756.1	11	25,100,235	25,107,002	341	5,63	37744,08	44,89	Kararsız
HanHsp100-84	XP_021992782.1	11	25,723,331	25,730,511	694	8,43	74958,65	36,01	Kararlı
HanHsp100-85	XP_021992783.1	11	25,731,316	25,736,226	376	9,04	42279,57	50,22	Kararsız
HanHsp100-86	XP_021995031.1	11	27,546,331	27,547,740	136	8,55	15600,2	22,62	Kararlı
HanHsp100-87	XP_021993827.1	11	108,194,760	108,198,590	423	4,99	47514,25	37,98	Kararlı
HanHsp100-88	XP_021994019.1	11	122,615,924	122,617,840	538	6,48	59102,81	44,99	Kararsız
HanHsp100-89	XP_021991817.1	11	129,711,633	129,712,672	150	4,29	15145,66	28,79	Kararlı
HanHsp100-90	XP_021994386.1	11	142,695,249	142,699,959	436	7	48077,45	40,89	Kararsız
HanHsp100-91	XP_021996705.1	12	6,078,369	6,085,455	420	8,67	47155,71	36,93	Kararlı
HanHsp100-92	XP_021996870.1	12	13,745,193	13,750,958	1030	7,11	115513,2	53,27	Kararsız
HanHsp100-93	XP_021997496.1	12	38,760,865	38,765,167	673	6,33	73075,74	32,4	Kararlı
HanHsp100-94	XP_021968959.1	12	67,153,011	67,155,833	1178	9,03	129664,45	40,69	Kararsız

EK 54'ün devamı

HanHsp100-95	XP_021998241.1	12	83,018,614	83,025,728	811	8,38	89644,33	38,23	Kararlı
HanHsp100-96	XP_021998250.1	12	83,396,043	83,400,367	399	8,24	44664,49	38,64	Kararlı
HanHsp100-97	XP_022000076.1	13	32,022,106	32,030,909	1604	7,62	177497,06	44,54	Kararsız
HanHsp100-98	XP_022000153.1	13	40,378,890	40,387,793	771	6,06	84547,83	39,39	Kararlı
HanHsp100-99	XP_022000286.1	13	53,264,697	53,269,955	179	4,85	13616,49	55,38	Kararsız
HanHsp100-100	XP_022003564.1	13	74,493,534	74,494,438	189	5,76	21217,45	32,98	Kararlı
HanHsp100-101	XP_022001238.1	13	104,171,377	104,173,355	488	6,23	56461,22	39	Kararlı
HanHsp100-102	XP_022001239.1	13	104,190,531	104,198,713	486	6,07	56471,11	40,87	Kararsız
HanHsp100-103	XP_022004940.1	13	104,218,594	104,220,199	292	5,09	33176,84	46,44	Kararsız
HanHsp100-104	XP_022004941.1	13	104,241,059	104,243,269	507	5,86	58780,76	46	Kararsız
HanHsp100-105	XP_022001242.1	13	104,325,532	104,328,690	489	6,38	56659,62	39,35	Kararlı
HanHsp100-106	XP_022003862.1	13	104,333,140	104,339,639	476	6,75	55470,52	37,55	Kararlı
HanHsp100-107	XP_022001743.1	13	135,337,468	135,348,323	761	9,06	82721,43	38,37	Kararlı
HanHsp100-108	XP_022002091.1	13	156,662,391	156,673,845	950	8,62	106445,5	35,35	Kararlı
HanHsp100-109	XP_022004716.1	13	167,785,523	167,790,248	306	9,12	34019,28	46,4	Kararsız
HanHsp100-110	XP_022002898.1	13	167,794,722	167,802,943	491	9,43	54539,87	47	Kararsız
HanHsp100-111	XP_022009637.1	14	102,436,983	102,438,652	507	5,74	58160,12	50,07	Kararsız
HanHsp100-112	XP_022009638.1	14	102,440,050	102,441,614	489	6,51	56408,9	45,66	Kararsız
HanHsp100-113	XP_022009639.1	14	102,487,272	102,488,801	474	5,21	54474,88	42,76	Kararsız
HanHsp100-114	XP_022005344.1	14	133,515,946	133,518,994	578	8,68	63825,05	31,09	Kararlı
HanHsp100-115	XP_022005391.1	14	135,532,475	135,537,346	976	6,26	109658,71	33,86	Kararlı
HanHsp100-116	XP_022005429.1	14	136,579,944	136,586,429	791	5,71	87864,98	43,01	Kararsız
HanHsp100-117	XP_022006117.1	14	158,602,947	158,607,511	525	6,95	57141,29	41,03	Kararsız
HanHsp100-118	XP_022006175.1	14	160,221,409	160,224,075	492	5,85	56789,36	43,9	Kararsız
HanHsp100-119	XP_022007112.1	14	160,229,635	160,231,280	467	6,88	53395,92	40,07	Kararsız

EK 54'ün devamı

HanHsp100-120	XP_022006176.1	14	160,242,704	160,244,732	529	6,51	60663,98	49,18	Kararsız
HanHsp100-121	XP_021990010.1	14	164,961,962	164,964,460	441	5,59	48873,86	34,82	Kararlı
HanHsp100-122	XP_022006747.1	14	172,688,813	172,694,679	760	6,18	83362,51	47,08	Kararsız
HanHsp100-123	XP_022010529.1	15	7,525,036	7,541,257	1234	6,3	134463,87	46,82	Kararsız
HanHsp100-124	XP_022010813.1	15	15,010,938	15,015,606	444	5,97	49557,97	42,13	Kararsız
HanHsp100-125	XP_022011089.1	15	24,684,497	24,692,843	584	6,53	64549,62	43,81	Kararsız
HanHsp100-126	XP_022011242.1	15	29,340,136	29,350,739	1291	8,85	148505,66	43,36	Kararsız
HanHsp100-127	XP_022011243.1	15	29,360,087	29,370,498	999	5,75	112225,61	50,37	Kararsız
HanHsp100-128	XP_022011302.1	15	32,414,927	32,419,564	606	9,67	67625,11	40,9	Kararsız
HanHsp100-129	XP_022011577.1	15	42,654,437	42,662,211	887	7,72	98227,4	39,31	Kararlı
HanHsp100-130	XP_022012051.1	15	63,968,316	63,972,249	403	5,82	45358,59	53,77	Kararsız
HanHsp100-131	XP_022012474.1	15	90,162,304	90,169,056	393	5,26	43428,8	39,9	Kararlı
HanHsp100-132	XP_022013243.1	15	145,584,482	145,600,071	831	6,14	94028,25	46,55	Kararsız
HanHsp100-133	XP_022013334.1	15	148,719,402	148,724,148	656	5,5	72765,61	41,06	Kararsız
HanHsp100-134	XP_022013561.1	15	168,923,905	168,928,307	477	5,45	52396,38	35,08	Kararlı
HanHsp100-135	XP_022015906.1	16	4,173,026	4,181,634	923	6,15	102580,66	41,78	Kararsız
HanHsp100-136	XP_022017465.1	16	13,061,081	13,069,243	886	9,44	99700,55	44,55	Kararsız
HanHsp100-137	XP_022019052.1	16	32,344,316	32,346,243	150	6,59	16554,04	37,68	Kararlı
HanHsp100-138	XP_022018317.1	16	95,354,325	95,361,412	921	5,83	102285,8	39,38	Kararlı
HanHsp100-139	XP_022017013.1	16	99,181,022	99,183,633	91	7,87	9665,96	31,47	Kararlı
HanHsp100-140	XP_022018955.1	16	123,027,169	123,030,541	181	5,17	20097,27	25,83	Kararlı
HanHsp100-141	XP_022018467.1	16	158,335,691	158,343,312	1000	9,36	108661,86	41,53	Kararsız
HanHsp100-142	XP_022015722.1	16	177,381,011	177,383,476	501	6,75	57415,7	52,21	Kararsız
HanHsp100-143	XP_022015730.1	16	177,506,821	177,509,486	492	8,51	56043,24	46,51	Kararsız
HanHsp100-144	XP_022021292.1	17	3,905,847	3,909,210	365	6,48	40933,1	48,05	Kararsız
HanHsp100-145	XP_022021532.1	17	25,455,300	25,459,460	360	8,56	39998,08	41,14	Kararsız
HanHsp100-146	XP_022025816.1	17	57,622,232	57,625,944	486	6,31	55573,78	45,4	Kararsız
HanHsp100-147	XP_022020886.1	17	138,179,439	138,183,128	681	6	73004,59	35,86	Kararlı
HanHsp100-148	XP_022025877.1	17	143,472,232	143,477,057	681	6,39	73331,03	37,35	Kararlı

EK 55 Ayçiçeği Hsp100 Proteinlerinin OmicsBOX Analiz Detayları

Protein Adı	Açıklama	Protien Uzunluğu (aa)	e-Değeri	Benzerlik	GO Basamağı	InterPro GO Basamağı
HanHsp100-01	şaperon proteini ClpD1, kloroplastik izoform X1	87	6,39E-44	97.14	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-02	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 10, mitokondriyal benzeri	781	0.0	88.3	P:mitokondriyal füzyon; P:mitokondriyal protein işleme; P:krista oluşumu; P:protein içeren kompleks yapı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C: mitokondriyal iç zar; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F:ATPaz; C: zar; C: zarın integral bileşeni
HanHsp100-03	K(+) taşıma büyüme kusurunun protein baskılayıcısı 1	433	0.0	95.96	P:koşul organizasyonu; P:endozomal taşıma; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C:kloroplast; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-04	AAA ailesi ATPaz	138	1,04E-13	72.73	P:protein metabolik süreci; F: nükleotid bağlanması; C:hücre içi anatomik yapı	F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite
HanHsp100-05	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homolog CD4B, kloroplastik	924	0.0	95.0	P: proteoliz; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-06	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX3, mitokondriyal	680	0.0	81.9	P:protein katlanması; P: proteoliz; P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 55'in devamı

HanHsp100-07	26S proteazom düzenleyici alt birim 4 homolog A	191	4,8968E-133	81.11	P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom kompleksi; C: çekirdek; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite
HanHsp100-08	V-tipi proton ATPaz alt birimi a3	282	0.0	84.45	P:vakuolar asitleştirme; P:proton transmembran taşınması; F:proton taşıyan ATPase aktivitesi, dönme mekanizması; F:ATPase bağlama; C: vakumlu proton taşıyan V-tipi ATPaz, V0 alanı; C: zarın integral bileşeni; C: vakumlu proton taşıyan V-tipi ATPase kompleksi	P:proton transmembran taşınması; F:ATP bağlanması; F: proton transmembran taşıyıcı aktivitesi; F:ATPaz; C:proton taşıyan V-tipi ATPase, V0 alanı
HanHsp100-09	26S proteazom düzenleyici alt birim 6A homologu	423	0.0	98.96	P:embriyo kesesi gelişimi; P:polen gelişimi; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: çekirdek; C: sitozol; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: zarın integral bileşeni	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma

EK 55'in devamı

HanHsp100-10	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B	400	0.0	98.88	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-11	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX2, mitokondriyal benzeri	576	0.0	81.95	P:protein katlanması; P: proteoliz; P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp100-12	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 12, kloroplastik	1002	0.0	87.99	P:mitokondriyal füzyon; P: tohum uyku hali ile biten embriyo gelişimi; P:mitokondriyal protein işleme; P:krista oluşumu; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; P:protein içeren kompleks yapı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:kloroplast proteini taşıyan ATPaz aktivitesi; C: mitokondriyal iç zar; C:kloroplast iç zarı; C: zarın integral bileşeni; C:Ycf2/FtsHi kompleksi	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-13	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 4, mitokondriyal izoform X2	695	0.0	92.03	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-14	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	511	0.0	87.79	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-15	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	525	0.0	84.27	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-16	varsayılan adenosinetrifosfataz	820	0.0	85.31	P:polen sperm hücre farklılaşması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-17	lon proteaz homolog 2, peroksizomal benzeri izoform X1	887	0.0	94.07	P: rRNA işlemede yer alan bölünme; P: yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein işleme; P: peroksizom matrisine protein aktarımı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: nükleol; C:peroksizomal matris	P: proteoliz; P: yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein katabolik süreç; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-18	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein 3-B	614	0.0	93.71	P:mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F: hidrolaz aktivitesi; C: mitokondri	P:mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: mitokondri
HanHsp100-19	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein At1g05910	1211	0.0	86.69	P:kromatin susturma negatif düzenlenmesi; P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun pozitif düzenlenmesi; F: kromatin bağlanması; F:ATP bağlanması; F: histon bağlama; C: çekirdek	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-20	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A1	521	0.0	92.19	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül ayırma; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; F: izomeraz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitoplazma; C: mikrotübül	P:mikrotübül ayırma; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; F:ATPaz
HanHsp100-21	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A1	334	0.0	90.17	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül ayırma; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; F: hidrolaz aktivitesi; F: izomeraz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitoplazma; C: mikrotübül	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-22	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX3, mitokondriyal	669	0.0	79.82	P:protein katlanması; P: proteoliz; P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp100-23	AAA-ATPase At2g46620 benzeri	500	0.0	81.41	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-24	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein 1 benzeri	394	0.0	94.07	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-25	AAA-ATPase At2g46620 benzeri	477	0.0	81.43	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-26	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 7, kloroplastik	819	0.0	91.49	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar

EK 55'in devamı

HanHsp100-27	ribuloz bifosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz 2, kloroplastik	474	0.0	92.45	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz etkinleştirici aktivite; C:kloroplast stroması; C: tilakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-28	AAA-ATPase At5g57480 benzeri	499	0.0	86.91	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-29	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein 3-B	604	0.0	93.68	P:mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F: hidrolaz aktivitesi; C: mitokondri	P:mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: mitokondri
HanHsp100-30	26S proteazom düzenleyici alt birim 8 homolog A	420	0.0	97.84	P: fotosentetik elektron taşıma zinciri; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP-sınıfı protein bağlanması; F: heme bağlama; F: proteazom aktive edici aktivite; F: metal iyon bağlama; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: fotosistem II; C: zarın integral bileşeni; C: nükleer proteazom kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma

EK 55'in devamı

HanHsp100-31	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX1, mitokondriyal izoform X1	540	0.0	83.4	P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun düzenlenmesi; P:protein katlanması; P: proteoliz; P:protein katabolik süreç; P:histon H3-K9 demetilasyonu; F: transkripsiyon ortak düzenleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:kromatin DNA bağlanması; F:histon demetilaz aktivitesi (H3-K9'a özgü); F:katlanmamış protein bağlanması; C: histon deasetilaz kompleksi; C: kromatin; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp100-32	protein HİPER HASSASİYETLE İLGİLİ 4-like	442	0.0	82.95	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-33	varsayılan adenosinetrifosfataz	1150	0.0	86.66	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-34	varsayılan adenosinetrifosfataz	1176	0.0	81.85	F: ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-35	replikasyon faktörü C alt birimi 2	332	0.0	96.17	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-36	varsayılan adenosinetrifosfataz	811	0.0	89.76	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-37	AAA-ATPase At2g46620 benzeri	501	0.0	80.93	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-38	varsayılan adenosinetrifosfataz	1016	0.0	92.71	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-39	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 7, kloroplastik	811	0.0	92.25	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-40	26S proteazom düzenleyici alt birim 6B homologu	401	0.0	98.75	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: çekirdek; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: zarın integral bileşeni; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-41	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH, kloroplastik	704	0.0	93.97	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-42	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 4, mitokondriyal benzeri	716	0.0	92.92	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-43	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homolog CD4B, kloroplastik benzeri	328	1,78E-173	91.45	F: ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-44	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	505	0.0	87.51	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-45	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	501	0.0	86.3	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-46	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	494	0.0	86.2	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-47	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	494	0.0	86.13	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-48	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	490	0.0	87.4	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-49	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 9, kloroplastik benzeri	132	1,01E-86	85.09	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-50	replikasyon kompleksi alt biriminin kökeni 1A benzeri	827	0.0	83.6	P:DNA replikasyonunun başlatılması; P:kromatin organizasyonu; P:mitotik DNA replikasyonu kontrol noktası sinyali; F: kromatin bağlanması; F:DNA replikasyonu orijin bağlaması; F:ATP bağlanması; F: metal iyon bağlama; C: replikasyon tanıma kompleksinin nükleer kökeni	F: kromatin bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-51	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein FIGL1	633	0.0	85.85	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül ayırma; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; C: çekirdek	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-52	şaperon proteini ClpB4, mitokondriyal	976	0.0	90.27	P: ısıya hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: sitoplazma
HanHsp100-53	şaperon proteini ClpB3, kloroplastik	981	0.0	94.56	P: ısıya hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: sitoplazma
HanHsp100-54	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 3, kloroplastik	585	0.0	77.58	P: proteoliz; F:nükleik asit bağlanması; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-55	varsayılan ATPaz, AAA tipi, çekirdek, nükleozid trifosfat hidrolaz içeren P-halkası	441	0.0	95.53	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz etkinleştirici aktivite; C:kloroplast stroması; C: tilakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-56	26S proteazom düzenleyici alt birim 4 homolog A	445	0.0	98.7	P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP-sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C: çekirdek; C: sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-57	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX1, mitokondriyal izoform X1	533	0.0	83.6	P:protein katlanması; P: proteoliz; P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması
HanHsp100-58	AAA-ATPase At2g46620 benzeri	509	0.0	79.17	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-59	olası sodyum/metabolit ortak taşıyıcı BASS3, kloroplastik	232	3,47E-146	89.09	C:kloroplast zarfı; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-60	varsayılan adenosinetrifosfataz	1168	0.0	85.87	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-61	26S proteazom düzenleyici alt birim 6B homologu	414	0.0	98.77	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: çekirdek; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: zarın integral bileşeni; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-62	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homolog CD4B, kloroplastik	923	0.0	97.49	P: proteoliz; P: ısıya hücresel tepki; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; C: sitoplazma	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-63	ribuloz bifosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz, kloroplastik	438	0.0	91.0	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-64	protein CfxQ gibi	522	0.0	91.72	F:ATP bağlanması; C: kloroplast	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-65	ribuloz bifosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz, kloroplastik benzeri	477	0.0	93.77	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz etkinleştirici aktivite; C:kloroplast stroması; C: tilakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-66	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	518	0.0	85.15	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-67	şaperon proteini ClpD1, kloroplastik izoform X1	134	1,53E-79	97.44	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-68	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein 3C	624	0.0	91.85	P:mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C: mitokondri	P:mitokondri organizasyonu; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: mitokondri
HanHsp100-69	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 3, kloroplastik	575	0.0	77.08	P: proteoliz; F:nükleik asit bağlanması; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F:ATPaz; C: zarın integral bileşeni
HanHsp100-70	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	504	0.0	86.78	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-71	şaperon proteini ClpB1	912	0.0	96.61	P: ısıya hücresel tepki; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-72	şaperon proteini ClpB1	200	2,19E-135	82.32	P: ısıya hücresel tepki; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	
HanHsp100-73	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homolog CD4B, kloroplastik	922	0.0	96.59	P: ısıya hücresel tepki; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-74	şaperon proteini ClpB3, kloroplastik	230	1,69E-163	86.68	P: ısıya hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-75	pakiten kontrol noktası proteini 2 homologu	460	0.0	89.48	P:karşılıklı mayotik rekombinasyon; P: mayotik DNA çift sarmal kırılma oluşumu; P: mayotik rekombinasyon kontrol noktası sinyali; F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: çekirdek; C: kromozom	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-76	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B	399	0.0	98.65	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-77	MAX2 1 protein baskılayıcı	1018	0.0	76.56	F:nükleik asit bağlanması; F:ATP bağlanması; F: çinko iyonu bağlama	
HanHsp100-78	AAA-ATPase At5g57480 benzeri	523	0.0	85.67	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-79	26S proteazom düzenleyici alt birim 7 homolog A	426	0.0	99.56	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP-sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma

EK 55'in devamı

HanHsp100-80	26S proteazom düzenleyici alt birim 8 homolog A	398	0.0	98.65	P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP-sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: nükleer proteazom kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-81	protein CfxQ gibi	479	0.0	91.93	F:ATP bağlanması; C: proteazom kompleksi	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-82	K(+) Taşımacılığı Büyüme Bozukluğunun Süpresi	434	0.0	92.61	P:koşul organizasyonu; P:endozomal taşıma; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: plastid; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-83	replikasyon faktörü C alt birimi 2	341	0.0	94.82	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi; C: plastid	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-84	CLP proteaz düzenleyici alt birim CLPX3, mitokondriyal benzeri izoform X1	694	0.0	85.05	P:protein katlanması; P: proteoliz; P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:katlanmamış protein bağlanması; C: mitokondriyal matris	P:protein katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F:katlanmamış protein bağlanması

EK 55'in devamı

HanHsp100-85	Nükleosid trifosfat hidrolazlar süper aile proteini içeren P-halkası	376	0.0	88.66	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: hücre içi zarla çevrili organel	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-86	Şaperon proteini ClpB3, kloroplastik	136	9,99E-90	91.7	P: ısıya hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-87	26S proteazom düzenleyici alt birim 6A homologu	423	0.0	99.46	P:embriyo kesesi gelişimi; P:polen gelişimi; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: çekirdek; C: sitozol; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: zarın integral bileşeni	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-88	ATPaz WRNIP1	538	0.0	83.41	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımının düzenlenmesi; P:DNA dupleks çözme; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F: enzim aktivatör aktivitesi; F: tek iplikli DNA sarmal aktivitesi; C: çekirdek; C: plastid	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-89	Clp proteaz düzenleyici alt birim CLPX1, mitokondriyal benzeri izoform X1	150	2,61E-48	72.46	F: bağlayıcı	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-90	K(+) Taşıma Büyüme Bozukluğunun Protein Süpresi	436	0.0	96.18	P:koşul organizasyonu; P:endozomal taşıma; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-91	26S proteazom düzenleyici alt birim 8 homolog A	420	0.0	97.41	P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom kompleksi; C: sitoplazma	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-92	protein SMAX1-LIKE 4	1030	0.0	71.68	F: hidrolaz aktivitesi	
HanHsp100-93	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 6, kloroplastik	673	0.0	90.45	P: proteoliz; P: apoptotik sürecin düzenlenmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; P: apoptotik sürecin düzenlenmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-94	varsayılan adenosinetrifosfataz	1178	0.0	81.6	F: ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-95	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 10, mitokondriyal benzeri	811	0.0	91.0	P:mitokondriyal füzyon; P:mitokondriyal protein işleme; P:krista oluşumu; P:protein içeren kompleks yapı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F: monooksijenaz aktivitesi; F: demir iyonu bağlama; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F: oksidoredüktaz aktivitesi, moleküler oksijenin dahil edilmesi veya indirgenmesi ile eşleştirilmiş donörler üzerinde hareket eder; F: heme bağlama; C: mitokondriyal iç zar; C: plastid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F:ATPaz; C: zar; C: zarın integral bileşeni

EK 55'in devamı

HanHsp100-96	26S proteazom düzenleyici alt birim S10B homolog B	399	0.0	98.87	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F: proteazom aktive edici aktivite; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-97	AAA+ ATPase alanı içeren protein	1604	0.0	72.07	P:kromatin susturma negatif düzenlenmesi; P: RNA polimeraz II tarafından transkripsiyonun pozitif düzenlenmesi; F: kromatin bağlanması; F:ATP bağlanması; F: histon bağlama; F: metal iyon bağlama; C: çekirdek	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-98	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 11, kloroplastik/mitokondriyal	771	0.0	87.35	P: proteoliz; F:RNA bağlanması; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-99	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A1 izoformu X1	120	5,01E-61	92.86	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-100	varsayılan proteazom endopeptidaz kompleksi	189	1,45E-132	74.0	P:protein metabolik süreci; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; F: nükleotid bağlanması; F:TBP-sınıfı protein bağlanması; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: nükleer proteazom kompleksi; C: sitozolik proteazom kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite
HanHsp100-101	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	488	0.0	88.26	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-102	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	486	0.0	89.12	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-103	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri izoform X1	292	2,52E-172	90.69	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-104	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	507	0.0	82.13	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-105	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	489	0.0	87.21	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-106	AAA-ATPase ASD, mitokondriyal benzeri	476	0.0	89.19	F:ATP bağlanması; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-107	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 4, mitokondriyal izoform X1	761	0.0	87.48	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-108	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 1, kloroplastik	950	0.0	85.46	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-109	spastin izoformu X1	491	0.0	88.12	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül ayırma; F: sarmal aktivite; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; C: çekirdek; C: mikrotübül hücre iskeleti; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-110	spastin	306	0.0	91.99	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül ayırma; F: sarmal aktivite; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; C: çekirdek; C: mikrotübül hücre iskeleti; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-111	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	507	0.0	87.09	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-112	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	489	0.0	86.5	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-113	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	474	0.0	86.44	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-114	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 3, kloroplastik	578	0.0	78.19	P: proteoliz; F:nükleik asit bağlanması; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-115	şaperon proteini ClpB3, kloroplastik	976	0.0	93.38	P: ısıya hücresel tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	P:ısıya tepki; P:protein yeniden katlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: sitoplazma
HanHsp100-116	varsayılan hücre bölünmesi döngüsü ATPaz	791	0.0	86.87	P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-117	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A1	525	0.0	92.29	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül ayırma; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; F: izomeraz aktivitesi; C: çekirdek; C: sitoplazma; C: mikrotübül	P:mikrotübül ayırma; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; F:ATPaz
HanHsp100-118	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	492	0.0	87.07	F:RNA bağlanması; F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-119	varsayılan AAA+ ATPase alanı, ATPase, AAA tipi, çekirdek, AAA tipi ATPase alanı içeren protein	467	0.0	77.61	F: nükleotid bağlanması; F:nükleik asit bağlanması	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-120	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	529	0.0	81.16	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-121	varsayılan ATPaz, AAA tipi, çekirdek, nükleozid trifosfat hidrolaz içeren P-halkası	441	0.0	95.39	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz etkinleştirici aktivite; C:kloroplast stroması; C: tilakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-122	ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSH 11, kloroplastik/mitokondriyal	760	0.0	91.7	P: proteoliz; P:ısıya tepki; F:RNA bağlanması; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C: mitokondri; C:kloroplast tilakoid; C:kloroplast zarfı; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-123	varsayılan adenosinetrifosfataz	1234	0.0	86.3	F: ATP bağlama	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-124	26S proteazom düzenleyici alt birim 4 homolog A	444	0.0	97.76	P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:peptidaz aktivitesi; F:TBP-sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi	P:protein katabolik süreç; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; F: proteazom aktive edici aktivite; C: sitoplazma
HanHsp100-125	Hücre bölünme döngüsü proteini gibi	584	0.0	84.64	P:ubikuitin bağımlı ERAD yolu; P: RNA polimeraz II transkripsiyon ön-başlatma kompleksi düzeneğinin pozitif regülasyonu; P:hücre bölünmesi; F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: zarın integral bileşeni; C: sitozolik proteazom kompleksi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-126	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 5, kloroplastik	1291	0.0	84.14	P: proteoliz; P:kloroplast organizasyonu; P: kloroplast stromasına protein aktarımı; P: hücre redoks homeostazı; P:fotorespirasyonun düzenlenmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:kloroplast proteini taşıyan ATPaz aktivitesi; C: plazmodezma; C:kloroplast tilakoid; C:kloroplast iç zarı; C: zarın integral bileşeni; C:Ycf2/FtsHi kompleksi	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-127	varsayılan adenosinetrifosfataz	999	0.0	90,99	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-128	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 3, kloroplastik	606	0.0	87.63	P: proteoliz; P:hücre bölünmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; C:kloroplast tilakoid; C:kloroplast zarfı; C: zarın integral bileşeni	F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:çinko iyon bağlama; F:ATPaz; C: zarın integral bileşeni
HanHsp100-129	lon proteaz homolog 2, peroksizomal izoform X1	887	0.0	94.89	P: yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein işleme; P: peroksizom matrisine protein aktarımı; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:peroksizomal matris	P: proteoliz; P: yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein katabolik süreç; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-130	katanin p60 ATPaz içeren alt birim A benzeri 2 izoform X1	403	0.0	92.71	P:sitoplazmik mikrotübül organizasyonu; P:mikrotübül ayırma; F:ATP bağlanması; F: mikrotübül-kesici ATPase aktivitesi; C: çekirdek	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-131	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein 1 benzeri	393	0.0	91.34	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-132	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSHI 4, kloroplastik	831	0.0	93.36	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-133	Nükleosid trifosfat hidrolazlar süper aile proteini içeren P-halkası	656	0.0	86.29	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: kloroplast	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

EK 55'in devamı

HanHsp100-134	ribuloz bifosfat karboksilaz/oksijenaz aktivaz, kloroplastik benzeri	477	0.0	92.88	F:ATP bağlanması; F:ribuloz-1,5-bifosfat karboksilaz/oksijenaz etkinleştirici aktivite; C:kloroplast stroması; C: tilakoid	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-135	ATP'ye bağımlı Clp proteaz ATP bağlayıcı alt birim ClpA homolog CD4B, kloroplastik	923	0.0	96.68	P: ısıya hücresel tepki; F:ATP bağlanması; C: sitoplazma	F: protein bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-136	muhtemel inaktif ATP'ye bağımlı çinko metaloproteaz FTSHI 2, kloroplastik	886	0.0	88.84	P: proteoliz; P:protein yeniden katlanması; P:hücre bölünmesi; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-137	varsayılan proteazom endopeptidaz kompleksi	150	1,10E-50	97.16	P:proteazomal protein katabolik sürecinin pozitif düzenlenmesi; F:ATP bağlanması; F:TBP-sınıfı protein bağlanması; F: proteazom aktive edici aktivite; C: çekirdek; C: proteazom düzenleyici parçacık, baz alt kompleksi; C: kloroplast	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-138	lon proteaz homolog 1, mitokondriyal	921	0.0	88.92	P: yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:mitokondri organizasyonu; P:oksidatif strese hücresel yanıt; P: şaperon aracılı protein kompleksi montajı; P: oksidasyona bağlı protein katabolik süreci; F: tek iplikli DNA bağlanması; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F: diziye özgü DNA bağlanması; C: mitokondriyal matris	P: proteoliz; P: yanlış katlanmış veya eksik sentezlenmiş proteinler için protein kalite kontrolü; P:protein katabolik süreç; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: serin tipi endopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz

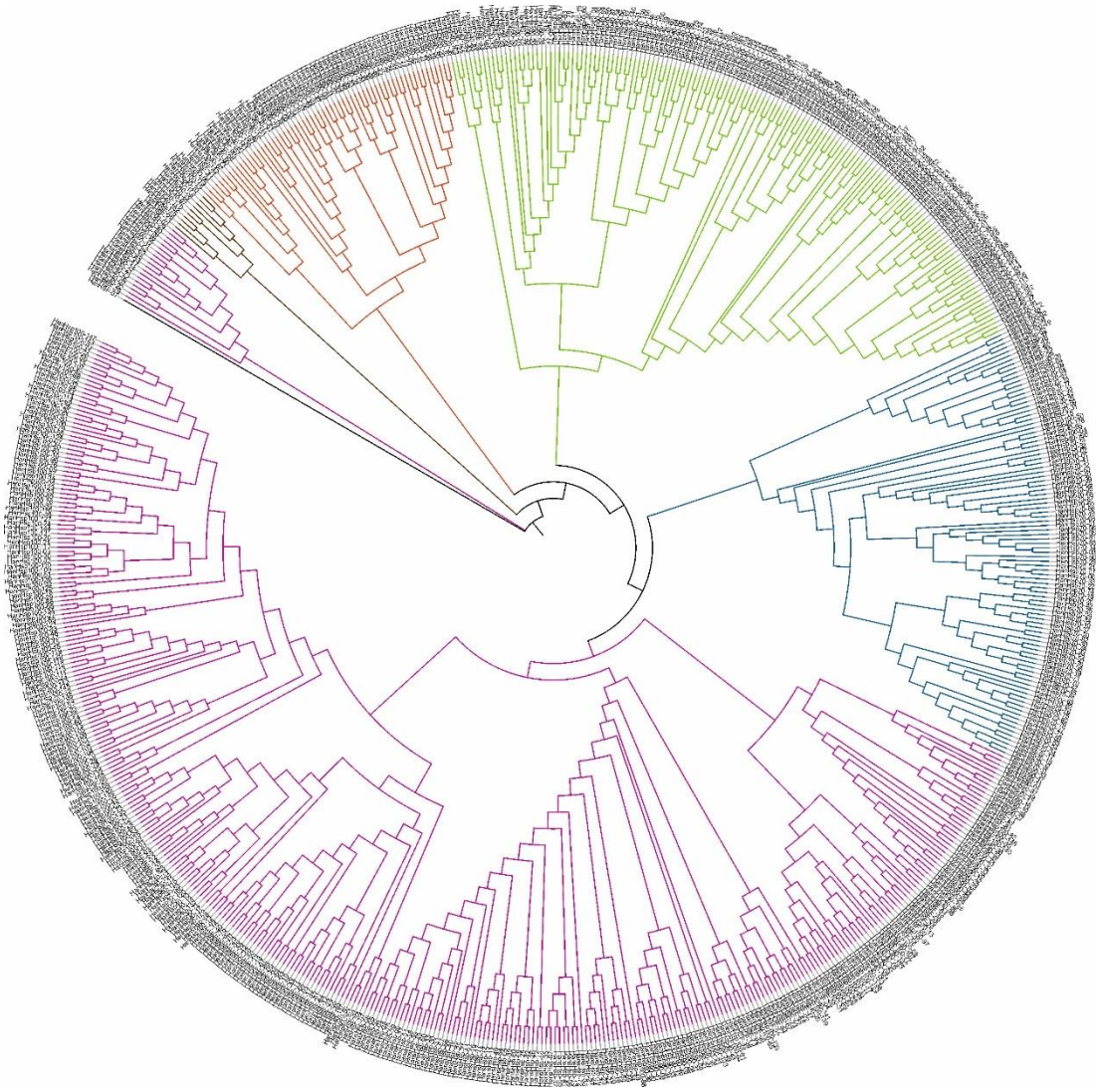
EK 55'in devamı

HanHsp100-139	şaperon proteini ClpD, kloroplastik	91	4,74E-46	83.66	P:protein içeren kompleks yapı; F:ATP bağlanması; C:kloroplast stroması; C: kloroplast zarf	
HanHsp100-140	peroksizom biyogenez proteini 6 izoformu X1	181	2,42E-111	90.39	P:yağ asidi beta oksidasyonu; P: peroksizom matrisine protein aktarımı; F:ATP bağlanması; C:peroksizomal membran; C: sitozol	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-141	replikasyon faktörü C alt birimi 1	1000	0.0	82.56	P:DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi	P:DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi
HanHsp100-142	AAA+ ATPase alanı içeren protein	501	0.0	83.02	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zar	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-143	AAA+ ATPase alanı içeren protein	492	0.0	85.48	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-144	ATPase ailesi AAA alanı içeren protein 1	365	0.0	90.29	F:ATP bağlanması; F: hidrolaz aktivitesi; C: zarın integral bileşeni	F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-145	replikasyon faktörü C alt birimi 3	360	0.0	93.25	P:DNA'ya bağımlı DNA replikasyonu; P:DNA onarımı; P: savunma tepkisinin negatif düzenlenmesi; F:DNA bağlanması; F:DNA kıskaç yükleyici etkinliği; F:ATP bağlanması; C: çekirdek; C:DNA replikasyon faktörü C kompleksi	P:DNA replikasyonu; F:DNA bağlanması; F:ATP bağlanması; F:ATPaz
HanHsp100-146	AAA-ATPase At3g50940 benzeri	486	0.0	76.72	F: ATP bağlama	F:ATP bağlanması; F:ATPaz

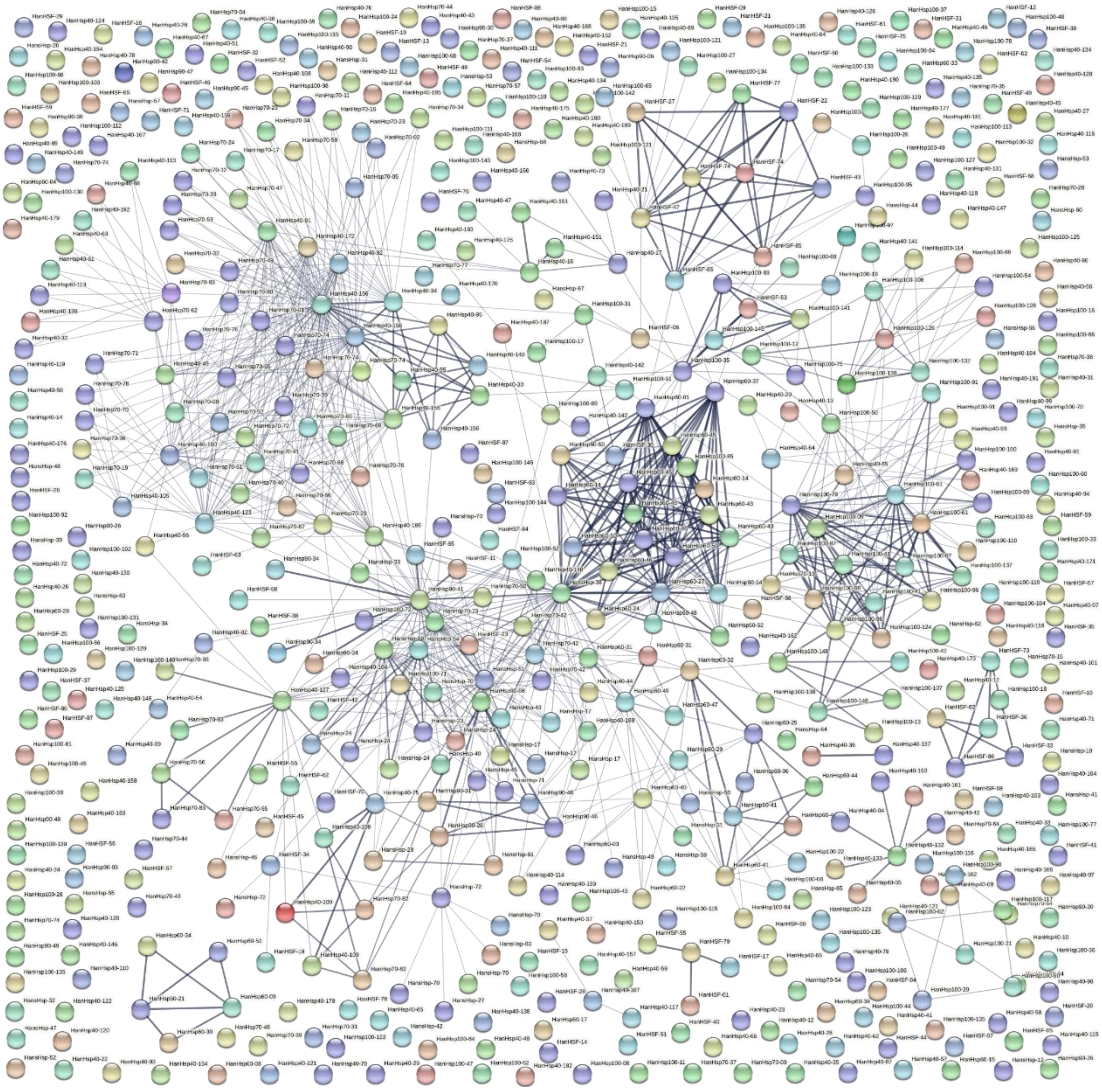
EK 55’in devamı

HanHsp100-147	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 2, kloroplastik	681	0.0	94.17	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar
HanHsp100-148	ATP'ye bağımlı çinko metalloproteaz FTSH 2, kloroplastik	681	0.0	94.03	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; C:kloroplast tilakoid; C: zarın integral bileşeni	P: proteoliz; F:ATP'ye bağlı peptidaz aktivitesi; F: metalloendopeptidaz aktivitesi; F:ATP bağlanması; F:ATPaz; C: zar

EK 56 Ayçiçeği Genomunda Yer Alan HSF ve Hsp Ailelerinin Filogenetik Analizi



EK 57 Ayçiçeği Genomunda Yer Alan HSF ve Hsp Protienlerinin Etkileşim Haritası



EK 58 Ayçiçeği Hsp100 Transkriplerini Hedefleyen miRNA Tablosu

miRNA Adı	Hedef Gen Adı	e-Değeri	UPE	Hizalanmış miRNA Fragmenti	Hizalanmış Hedef Fragmenti
Acacia auriculiformis					
aau-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Arabidopsis lyrata					
aly-miR3443-5p	HanHsp100-136	2.0	7.501	UUCUAAUCCCGCCAUGCACC	GGGGGAUGGCGGGAUUAGAA
aly-miR3448-3p	HanHsp100-19	3.0	14.669	UCUGAGGAUUUUUUUUGUGG	UCGCGAAAAAUAUCCUCAGG
aly-miR396a-5p, aly-miR396b-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
aly-miR4222	HanHsp100-35	3.0	16.808	UUUCAUUCGAAAUUGUUACC	AGUAAUAAUUUUGGAUGAAG
aly-miR4249	HanHsp100-97	3.0	17.863	UGAAUUUGAGAAGUUGAGGU	AUUUUAACUUCUCAAAUUAA
aly-miR773b-3p	HanHsp100-22	3.0	21.376	AAUUGUUCAUUCAAGGAUAUU	AAGAUGCUUGAAGGAACAAUU
aly-miR838-3p	HanHsp100-122	3.0	17.111	UUUUCUUCUUCUUCUUGCAC	GUGCAACAAGAUGAAGGAGA
aly-miR842-3p	HanHsp100-127	3.0	21.515	UCAUGGUCAGAUCCGUCAUC	GGUGGCGGAUUUGAACAUGA
Avicennia marina					
ama-miR396-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Acacia mangium					
amg-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Aquilegia caerulea					
aqc-miR396a, aqc-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Aegilops tauschii					
ata-miR169h-5p	HanHsp100-82	3.0	22.543	UAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCUA
ata-miR2275c-3p	HanHsp100-05	3.0	8.384	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGUUAAUGGAGGAAAUCAAG
ata-miR396c-5p, ata-miR396e-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Arabidopsis thaliana					
ath-miR396a-5p, ath-miR396b-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA

EK 58'in devamı

ath-miR414	HanHsp100-19	1.0	8.851	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGACGGUGAUGAUGAAGGUGA
	HanHsp100-129	1.0	20.928	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGACAAUGAUGAUGAAGAUGA
	HanHsp100-133	1.5	12.209	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUC	GACGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp100-17	2.0	17.008	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGACAACGAUGAUGAAGAUGA
	HanHsp100-142	3.0	8.937	UCAUCUUCAUCAUCAUCGUCA	UGAUGAUGAUGAAGAAAAUGA
ath-miR5658	HanHsp100-51	3.0	9.259	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	ACCGUCAUCAUCAUCAUCGU
	HanHsp100-133	0.5	5.794	AUGAUGAUGAUGAUGAUGAA	UUCAUCAUCAUCAUCAUCGU
ath-miR5662	HanHsp100-119	3.0	12.261	AGAGGUGACCAUUGGAGAUG	CAUCUCCAACUGUCACCUCG
ath-miR8175	HanHsp100-11	3.0	20.466	GAUCCCCGGCAACGGCGCCA	UGGCGCUGCUGCUGGGGAUA
ath-miR837-5p	HanHsp100-15	3.0	8.247	AUCAGUUUCUUGUUCGUUUC	AAAAGGAACAAGAGAUUGAU
	HanHsp100-66	3.0	6.689	AUCAGUUUCUUGUUCGUUUC	AAAAGGAACAAGAGAUUGAU
ath-miR842	HanHsp100-127	3.0	21.515	UCAUGGUCAGAUCCGUCAUC	GGUGGCGGAUUUGAACAUGA
ath-miR865-3p	HanHsp100-02	2.5	19.626	UUUUUCCUCAAAUUUAUCCA	UGGAGACAUUUGAGGAAAAG
Amborella trichopoda					
atr-miR396b, atr-miR396c, atr-miR396e	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
atr-miR8554	HanHsp100-132	2.5	23.63	UGCGAUGACUUUGGAUCUUG	CAGGAUUCAGAGUCGUUGCA
Bruguiera cylindrica					
bcy-miR396a	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
bcy-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Brachypodium distachyon					
bdi-miR169b, bdi-miR169m	HanHsp100-82	3.0	22.543	UAGCCAAGGAUGACUUGCCG	CGGAAAGUCCUACUUGGCUA
bdi-miR2275c	HanHsp100-05	3.0	8.384	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGUUAAUGGAGGAAAUCAAG
bdi-miR396c-5p, bdi-miR396d-5p, bdi-miR396e-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
bdi-miR444b	HanHsp100-133	2.5	24.751	UGCAGUUGCUGCCUCAAGCUU	AAACUUGAAGCAGCAGCUGCA
bdi-miR5068	HanHsp100-97	3.0	13.853	AUCGGGUAGAGCGGGUAUGGGU	AACUUUACUUGCUCUACUCGAU

EK 58'in devamı

bdi-miR5185a-3p, bdi-miR5185b-3p, bdi-miR5185c-3p, bdi-miR5185d-3p, bdi-miR5185e-3p, bdi-miR5185f-3p, bdi-miR5185g-3p, bdi-miR5185h-3p, bdi-miR5185i-3p, bdi-miR5185j-3p, bdi-miR5185k-3p	HanHsp100-13	3.0	15.106	UUUGAGAAUUGAACUAGAAG	CUUCUUGUUCAGGUCUCGAA
bdi-miR7733-5p	HanHsp100-60	2.0	19.57	UUCUCGCCAUUGCCAAACCA	UGGUUUGGUGAGGGCGAGAA
	HanHsp100-33	2.5	18.095	UUCUCGCCAUUGCCAAACCA	UGGUUUGGUGAGGGUGAGAA
	HanHsp100-123	3.0	15.936	UUCUCGCCAUUGCCAAACCA	UGGUUUGGCGAAGGAGAGAA
bdi-miR7748a-3p	HanHsp100-13	3.0	13.878	AAUAUGUUUUCUAUUGUUGG	UCAACAAAAGAAGGCGUAUU
bdi-miR7748b-3p	HanHsp100-138	3.0	18.246	UUGGUCAAAGAAAAUCUAAUA	UAUUAUAUUUCCUUUGGCUAA
bdi-miR7757-3p.1	HanHsp100-17	2.5	10.419	GGUAGUUGAAUGUUUUGUUU	AAACAAAACAUUCAAUGAUC
bdi-miR7758-5p	HanHsp100-14	3.0	21.579	CACUACCGUUAGUUGACCGUUA	UUAUGGUCAGCUUGUGGUAGUG
bdi-miR7777-3p.1	HanHsp100-05	3.0	13.778	UUGUUCCACCCAACAGAAGAU	GUCUUCUUGUGGCUGGAACAA
bdi-miR7779-3p	HanHsp100-136	3.0	8.253	UUCUCGAUCUGUAGACCGAUCU	AGAUCGGU-UAAAGAUCGAGAA
Bruguiera gymnorhiza					
bgy-miR396a, bgy-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Brassica napus					
bna-miR396a	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
bna-miR6034	HanHsp100-35	3.0	17.917	UCUGAUGUAUAUAGCUUUGGG	UUUAGAGCUAAAUGCAUCAGA
Brassica rapa					
bra-miR172d-5p	HanHsp100-45	3.0	21.617	GCAGCAUCAUUAAGAUUCAC	GUGAAUCUUGAUCAUCCUGC
bra-miR1885a	HanHsp100-115	2.0	14.338	CAUCAAUGAAAGGUAUGAUU	GAUAAUACUUUUCAUUGAUG
bra-miR1885a	HanHsp100-86	2.5	16.183	CAUCAAUGAAAGGUAUGAUU	GAUUAUUCUUUUCAUUGAUG
	HanHsp100-53	2.5	18.633	CAUCAAUGAAAGGUAUGAUU	GAUUAUUCUUUUCAUUGAUG
	HanHsp100-73	3.0	14.134	CAUCAAUGAAAGGUAUGAUU	CAUCAUUCUUUUUAUUGAUG
	HanHsp100-115	2.0	14.338	CAUCAAUGAAAGGUAUGAUU	GAUAAUACUUUUCAUUGAUG
bra-miR396-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Cynara cardunculus					
cca-miR396a-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA

EK 58'in devamı

cca-miR6110-3p	HanHsp100-114	3.0	17.738	AUCCACGUCAUCAAAUGUUACA	UGUAACGUUUGAUGACGUUGAG
Citrus clementina					
ccl-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Cucumis melo					
cme-miR396a, cme-miR396b, cme-miR396c, cme-miR396d	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Carica papaya					
cpa-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
cpa-miR8154	HanHsp100-94	3.0	17.051	CAGAGGAGGAGAUGAAGAGGG	CACUCUGCAUUUUCUCCUCUG
	HanHsp100-34	3.0	17.051	CAGAGGAGGAGAUGAAGAGGG	CACUCUGCAUUUUCUCCUCUG
Chlamydomonas reinhardtii					
cre-miR1169-3p	HanHsp100-97	3.0	21.851	UGUGGAUGUUGCUUGCUGGAU	AUUCAGCAAGCGACAUCAGCA
Citrus sinensis					
csi-miR172b	HanHsp100-127	2.5	18.349	AGAAUCUUGAUGAUGCGGCA	UGCCACAUCAUCAAUAUUCU
csi-miR396a, csi-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Digitalis purpurea					
dpr-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Gossypium hirsutum					
ghr-miR396a, ghr-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Glycine max					
gma-miR1508b, gma-miR1508c	HanHsp100-93	3.0	2.699	UAGAAAGGGGAAUAGCAGUUG	CAACUGUAGUUUCCCUUUUUA
gma-miR1510a-3p	HanHsp100-133	2.5	12.775	UUGUUGUUUUACCUAUUCCA	AGGAGUAGGAAAAACAACAA
gma-miR1510b-3p	HanHsp100-55	2.5	21.605	UGUUGUUUUACCUAUUCCACC	GGUCGAAUGGGUGGAACAACA
	HanHsp100-121	2.5	16.996	UGUUGUUUUACCUAUUCCACC	GGUAGAAUGGGUGGAACAACA
gma-miR159a-5p, gma-miR159e-5p	HanHsp100-116	2.0	16.631	GAGCUCCUUGAAGUCCAAUU	ACUUGGACUUUAAGGAGCUU
gma-miR167h	HanHsp100-35	3.0	15.772	AUCAUGCUGGCAGCUUCAACUGG	UUGGAUGAAGCUGACAGCAUGAC
gma-miR167i	HanHsp100-35	2.5	16.809	UCAUGCUGGCAGCUUCAACUGG	UUGGAUGAAGCUGACAGCAUGA
gma-miR169e, gma-miR169j-5p	HanHsp100-82	3.0	20.583	AGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCU

EK 58'in devamı

gma-miR167h	HanHsp100-35	3.0	15.772	AUCAUGCUGGCAGCUUCAACUGG	UUGGAUGAAGCUGACAGCAUGAC
gma-miR167i	HanHsp100-35	2.5	16.809	UCAUGCUGGCAGCUUCAACUGG	UUGGAUGAAGCUGACAGCAUGA
gma-miR169e, gma-miR169j-5p	HanHsp100-82	3.0	20.583	AGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCU
gma-miR172b-5p	HanHsp100-45	3.0	21.617	GUAGCAUCAUCAAGAUUCAC	GUGAAUCUUGAUCAUCCUGC
gma-miR2109-5p	HanHsp100-91	3.0	19.919	UGCGAGUGUCUUCGCCUCUG	CAGAGGCGGGGAUGUUUGCA
gma-miR394b-3p	HanHsp100-141	3.0	23.731	AGGUGGGCAUACUGUCAACU	AGUUGACGGUAUGUCUGCCG
gma-miR396a-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
gma-miR396c, gma-miR396e, gma-miR396f	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
gma-miR396i-5p, gma-miR396k-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
gma-miR6299	HanHsp100-35	2.5	15.311	AUUUAAAAUUAUUGAUUUGU	ACAAAGUAAUAAUUUUGGAU
gma-miR9742	HanHsp100-117	3.0	18.993	UGUGUUGUUUGUUUUGUAGC	GCUACAAGAAAGACGGCACA
gma-miR9752	HanHsp100-102	3.0	12.087	UGCUUCUUCUUUUCCCUGUUU	GAAAAUGCAAAAGAAGAAGCA
	HanHsp100-101	3.0	11.745	UGCUUCUUCUUUUCCCUGUUU	GAAAAUGCAAAAGAAGAAGCA
Gossypium raimondii					
gra-miR172a	HanHsp100-45	3.0	21.617	GCGGCAUUAUCAAGAUUCAC	GUGAAUCUUGAUCAUCCUGC
gra-miR172b	HanHsp100-45	2.5	21.617	GCAGCAUUAUCAAGAUUCAC	GUGAAUCUUGAUCAUCCUGC
gra-miR7484m	HanHsp100-123	3.0	12.934	UUUGUAUGUUAGAUCGAAGA	UCUUU-AUCUAAUAUACAAA
Glycine soja					
gso-miR1508a, gso-miR1510b	HanHsp100-93	2.5	2.699	UAGAAAGGGAAAUAGCAGUUG	CAACUGUAGUUUCCCUUUUUA
	HanHsp100-55	2.5	21.605	UGUUGUUUUACCUAUUCCACC	GGUCGAAUGGGUGGAACAACA
	HanHsp100-121	2.5	16.996	UGUUGUUUUACCUAUUCCACC	GGUAGAAUGGGUGGAACAACA
gso-miR2109	HanHsp100-91	3.0	19.919	UGCGAGUGUCUUCGCCUCUG	CAGAGGCGGGGAUGUUUGCA
Hevea brasiliensis					
hbr-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Hordeum vulgare					
hvu-miR444b	HanHsp100-133	3.0	24.751	UGCAGUUGCUGUCUCAAGCUU	AAACUUGAAGCAGCAGCUGCA
hvu-miR5048a, hvu-miR5048b	HanHsp100-141	3.0	12.953	UAUUUGCAGGUUUUAGGUCU	AGACGUAAAACUAGUAAAUA

EK 58'in devamı

Lotus japonicus					
lja-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Linum usitatissimum					
lus-miR396a, lus-miR396b, lus-miR396c, lus-miR396e	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Malus domestica					
mdm-miR396b, mdm-miR396c, mdm-miR396d, mdm-miR396e	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
mdm-miR7127a, mdm-miR7127b	HanHsp100-119	2.0	23.757	AUACUCAUCGAAUUUGUCAUA	UUUGACGAAUUCGAUGGGUAU
Manihot esculenta					
mes-miR169f	HanHsp100-82	3.0	22.543	UAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCUA
mes-miR2275	HanHsp100-05	3.0	8.384	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCUU	AAGUUAAUGGAGGAAAUCAAG
mes-miR396a, mes-miR396b, mes-miR396c, mes-miR396d, mes-miR396e, mes-miR396f	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Medicago truncatula					
mtr-miR172c-5p	HanHsp100-45	3.0	21.617	GUAGCAUCAUCAAGAUUCAC	GUGAAUCUUGAUCAUCCUGC
mtr-miR2624	HanHsp100-54	3.0	3.916	CGAAAGACGAGGUUGCCGGC	GCCGCCAACCUCCUCUUUCA
mtr-miR2671a, mtr-miR2671b, mtr-miR2671c, mtr-miR2671d, mtr-miR2671e, mtr-miR2671f, mtr-miR2671g, mtr-miR2671h, mtr-miR2671i, mtr-miR2671j	HanHsp100-107	2.5	12.045	UUAAAAGUUUCGUUUCGGUCC	GUACCGAAACUAGACUUUUAA
	HanHsp100-13	3.0	13.May	UUAAAAGUUUCGUUUCGGUCC	GUACCGAAACUAGGCUUUUAA

EK 58'in devamı

mtr-miR2673a, mtr-miR2673b	HanHsp100-39	2.0	1.132	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GGGGGAGAAGAAGGGGAAGAGG
	HanHsp100-78	2.5	12.546	CCUCUUCCUCUUCCUCUUCCAC	GAGGAGGCGGAAGAGGAAGAGA
mtr-miR396a-5p, mtr-miR396b-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
mtr-miR5277	HanHsp100-36	3.0	16.009	AGGUUGUUUCUUGAAGUGCA	UCCACUUCA-GAAACAACCU
Nicotiana tabacum					
nta-miR172b	HanHsp100-91	3.0	19.301	AGAAUCAUGAUGAUGCUGCA	UGCAACAUAUUCAUGAUUCU
nta-miR396a, nta-miR396b, nta-miR396c	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
nta-miR6024	HanHsp100-144	3.0	24.261	UUUUAGCCAGAGUUGUUUUCCC	GGGAAGACGAUGCUGGCUAAAG
	HanHsp100-20	3.0	20.534	UUUUAGCCAGAGUUGUUUUCCC	GGGAAAACAUUACUGGCUAAAG
Oryza sativa					
osa-miR1438	HanHsp100-62	3.0	15.706	AGGGUAAUUUUAUCAUUUUU	CAAAGUGAUGAAAUUAUUCU
osa-miR169e	HanHsp100-82	3.0	22.543	UAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCUA
osa-miR2095-3p	HanHsp100-84	3.0	11.836	CUUCCAUUUAUGAUAAGUAU	AUACUUUUCAUAUGUGGAGG
osa-miR2122	HanHsp100-41	3.0	15.092	UUUCAAAAAUAACCUUUUGU	UGAAGAGGUUAUUUUUGGAA
osa-miR2275a, osa-miR2275b	HanHsp100-05	3.0	8.384	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGUUAAUGGAGGAAAUCAAG
osa-miR2873c	HanHsp100-65	3.0	18.781	CAAAUGAAGUUGAGUUUGGA	CCCAAACUCAACUUUCUUUG
osa-miR2920	HanHsp100-103	1.5	13.335	AAACAACAAUAUAACAUUUCAA	UUGAGAUGUCAUAUUGUUGUUU
	HanHsp100-15	2.0	17.502	AAACAACAAUAUAACAUUUCAA	UUGAGAUGUCGUAUUGUUGUUU
	HanHsp100-104	2.0	14.325	AAACAACAAUAUAACAUUUCAA	UUGAGAUGUCGUAUUGUUGUUU
	HanHsp100-102	2.5	Kas.19	AAACAACAAUAUAACAUUUCAA	UCGAGAUGUCAUACUGUUGUUU
	HanHsp100-101	3.0	11.041	AAACAACAAUAUAACAUUUCAA	UCGAGAUGUCGUACUGUUGUUU
osa-miR396a-5p, osa-miR396b-5p, osa-miR396c-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
osa-miR413	HanHsp100-95	3.0	17.872	CUAGUUUCACUUGUUCUGCA	UGCAGAACAGGUGAUAUUGG
osa-miR414	HanHsp100-133	1.5	12.209	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACGAUGAUGAUGAUGAUGA
	HanHsp100-19	2.5	8.851	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACGGUGAUGAUGAAGGUGA
	HanHsp100-129	2.5	20.928	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GACAAUGAUGAUGAAGAUGA
	HanHsp100-141	3.0	10.984	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAUGGUGAUGACGAGGAUGC
	HanHsp100-103	3.0	9.813	UCAUCCUCAUCAUCAUCGUC	GAAGAUGAUAAAGAGGAUGA
osa-miR419	HanHsp100-123	3.0	18.267	UGAUGAAUGCUGACGAUGUU	AAUAUUGUCAGCAUUCGUUC

EK 58'in devamı

osa-miR444a-3p.2, osa-miR444d.2, osa-miR444e	HanHsp100-133	2.5	24.751	UGCAGUUGCUGCCUCAAGCUU	AAACUUGAAGCAGCAGCUGCA
osa-miR444f	HanHsp100-133	3.0	24.751	UGCAGUUGUUGCCUCAAGCUU	AAACUUGAAGCAGCAGCUGCA
osa-miR5494	HanHsp100-20	3.0	14.311	UUAUAGGAGGUAUAGACGGU	ACCGUCUUCACCUCCUAUAU
osa-miR5506	HanHsp100-53	3.0	22.022	UGGAUCGCUUCGUCUGAUGGU	AUCAGUAGCCGAAGCGAUCCA
osa-miR5509	HanHsp100-115	3.0	12.856	UAGGCAUUUUCUCUUGGCAUG	CAUGCCAAAAGAACGUGCUUA
osa-miR7692-5p	HanHsp100-69	3.0	19.886	GAUCCAAAAAAGUGCCACGUGAG	UUCAAGUGGCUCCUUUUUGGAUC
Picea abies					
pab-miR1311	HanHsp100-97	2.0	23.207	UCAGAGUUUUGCCAGUUCCG	CGGAACGGGCAAAACUUUGG
pab-miR3698	HanHsp100-41	2.5	21.953	CUUGCAACUCUGCCUUGGCUU	AGGCUAAGUUAGAGUUGCAAG
pab-miR396a	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
pab-miR482b	HanHsp100-134	3.0	16.233	UCUUCCCUAUUCCUCCCAUUCC	GGGGUUGAAGGAAUAGGGAAGA
Pinus densata					
pde-miR1311	HanHsp100-97	2.0	23.207	UCAGAGUUUUGCCAGUUCCG	CGGAACGGGCAAAACUUUGG
pde-miR482b	HanHsp100-134	3.0	16.233	UCUUCCCUAUUCCUCCCAUUCC	GGGGUUGAAGGAAUAGGGAAGA
Prunus persica					
ppe-miR172a-5p	HanHsp100-45	3.0	21.617	GUAGCAUCAUCAAGAUUCAC	GUGAAUCUUGAUCAUCCUGC
ppe-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
ppe-miR7122a-3p	HanHsp100-114	3.0	19.601	GCCGUGUUUCUUUGUAUAAAG	UUUUAUACAA-GAAACGUGGC
Physcomitrella patens					
ppt-miR1031a, ppt-miR1031b	HanHsp100-97	3.0	15.409	UCAAUGCUCUCUGGAGCUUCU	GGAAGUUCCAAACAGUAUUGA
ppt-miR1046-5p	HanHsp100-62	3.0	12.959	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	CGAGAACGAUAUGAAAUUCA
	HanHsp100-05	3.0	14.327	UGGAUUUCAUAUUUUUCACG	CGUGAACGAUACGAAAUUCA
ppt-miR1215	HanHsp100-88	3.0	22.354	UCAUUGCAAAACUGUAUACG	CUUAUACAGUUUUCCAGUGA
ppt-miR414	HanHsp100-133	2.5	12.209	UCAUCCUCAUCAUCCUCGUC	GACGAUGAUGAUGAUGAUGA
Pinus taeda					
pta-miR1311	HanHsp100-97	2.0	23.207	UCAGAGUUUUGCCAGUUCCG	CGGAACGGGCAAAACUUUGG
pta-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
pta-miR482c	HanHsp100-134	3.0	16.233	UCUUCCCUAUUCCUCCCAUU	GGUUGAAGGAAUAGGGAAGA
Populus trichocarpa					

EK 58'in devamı

ptc-miR396a, ptc-miR396b, ptc-miR396c, ptc-miR396d, ptc-miR396e-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
ptc-miR6473	HanHsp100-71	3.0	22.536	UCCACAAUCCCAUCAAGACU	AGGCUUGAUGAGAUUGUGGU
Ricinus communis					
rco-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Sorghum bicolor					
sbi-miR169e, sbi-miR169j	HanHsp100-82	3.0	22.543	UAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCUA
sbi-miR396a, sbi-miR396b, sbi-miR396c	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
sbi-miR5568d-5p	HanHsp100-97	3.0	10.632	UGGCUUUUCUAGAUACAUAG	GUAAGUAUCUAGAGAAGCUA
sbi-miR6218-3p	HanHsp100-02	3.0	16.617	ACAAGUUUCGUGAUUUUUGG	CAAGAAAUCAUGGAAUUUGU
Solanum lycopersicum					
sly-miR396a-5p, sly-miR396b	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
sly-miR6024	HanHsp100-02	3.0	22.468	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUACC	GGAAAAACACUUCUUGCUAAAG
Saccharum officinarum					
sof-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Salvia sclarea					
ssl-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Saccharum sp.					
ssp-miR169	HanHsp100-82	3.0	22.543	UAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCUA
ssp-miR396	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
ssp-miR444a, ssp-miR444b.2	HanHsp100-133	3.0	24.751	UGCAGUUGUUGCCUCAAGCUU	AAACUUGAAGCAGCAGCUGCA
Solanum tuberosum					
stu-miR167d-3p	HanHsp100-141	2.5	21.874	GAUCAUGUGGUUGCUUCACC	GGUGAAGCAGCUUCAUGAUU
stu-miR172a-5p	HanHsp100-45	3.0	21.617	GUAGCAUAAUCAAGAUUCAC	GUGAAUCUUGAUCAUCCUGC
stu-miR396-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACUU	GAGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
stu-miR6024-3p	HanHsp100-02	3.0	22.468	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUCCC	GGAAAAACACUUCUUGCUAAAG
	HanHsp100-127	2.5	12.033	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUC	GAAAAUAUUUCUUGCUAAAG
	HanHsp100-38	2.5	11.535	UUUUAGCAAGAGUUGUUUUC	GAAAAUAUUUCUUGCUAAAG
stu-miR8011a-5p	HanHsp100-73	3.0	12.566	UUGUGUGAGGUUUCUUUUUGUU	AAUGAAAAGAAACUCCAUACAA

EK 58'in devamı

stu-miR8028-3p	HanHsp100-52	3.0	14.722	GUUCAUAAUUAUAGUAUAAG	AUGAUACUAUAAUUGUGGAC
stu-miR8029	HanHsp100-97	3.0	12.894	AGCCAUUUUUCUU-UGUUUUG	CGAAGCAGAAGAAAAAUGGCU
stu-miR8045	HanHsp100-130	3.0	11.541	AUUGAUAGUUGAGGUGUGUU	AACACAUCUGAGUUAUCGAU
Triticum aestivum					
tae-miR1131	HanHsp100-54	2.5	21.174	UAGUACCGGUUCGUG-GCUA	UAGCUCACGAAUCGGUACUA
tae-miR2275-3p	HanHsp100-05	3.0	8.384	UUUGGUUUCCUCCAAUAUCU	AGUUAAUGGAGGAAAUCAAG
tae-miR5048-5p	HanHsp100-17	2.5	19.916	UUUGCAGGUUUUAGGUCUAAGU	AGUUAGACCUAAAAGCCGCAAA
tae-miR9674a-5p	HanHsp100-39	3.0	22.843	GCAUCAUCCAUCCUACCAUU	AAUGGUGGCAUGGAUGAUUC
Theobroma cacao					
tcc-miR396a, tcc-miR396b, tcc-miR396c, tcc-miR396e	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
Vitis vinifera					
vvi-miR3629a-5p	HanHsp100-75	3.0	17.468	CGCAUUUUCUCAGCAGCCAA	UUAGCUGUUGAGAGAAUGCU
vvi-miR396a, vvi-miR396b, vvi-miR396c, vvi-miR396d	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA
vvi-miR477b-3p	HanHsp100-61	2.0	17.035	CGAAGUCUUUGGGGAGAGUGG	UCAUUCUUCCCAAGGACUUUG
	HanHsp100-40	2.5	16.519	CGAAGUCUUUGGGGAGAGUGG	UUAUUCUUCCCAAGGACUUUG
Zea mays					
zma-miR159c-5p, zma-miR159d-5p	HanHsp100-52	3.0	23.202	GAGCUCCCUUCGAUCCAAUC	UGUUGGGUCGAGGGGAGCUU
zma-miR169p-5p	HanHsp100-82	3.0	22.543	UAGCCAAGGAUGACUUGCCGG	CCGGAAAGUCCUACUUGGCUA
zma-miR396a-5p, zma-miR396b-5p, zma-miR396e-5p, zma-miR396f-5p	HanHsp100-122	3.0	12.858	UUCCACAGCUUUCUUGAACU	AGCUUGAGGAAGUUGUGGAA

EK 59 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Arabidopsis thaliana* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp100-03	1	AT2G27600	2	2,1344	0,0633	0,029657046	16,41846154
HanHsp100-05	2	AT5G50920	5	2,7581	0,0981	0,035567963	21,21615385
HanHsp100-05	2	AT3G48870	3	2,7883	0,1143	0,04099272	21,44846154
HanHsp100-13	3	AT2G26140	2	3,5478	0,1496	0,042166977	27,29076923
HanHsp100-17	3	AT5G47040	5	3,8073	0,1196	0,031413338	29,28692308
HanHsp100-18	3	AT3G03060	3	5,4614	0,1353	0,024773868	42,01076923
HanHsp100-18	3	AT5G16930	5	2,9719	0,1533	0,051583162	22,86076923
HanHsp100-26	5	AT3G47060	3	2,3713	0,1849	0,077974107	18,24076923
HanHsp100-26	5	AT5G58870	5	2,7336	0,1909	0,06983465	21,02769231
HanHsp100-29	5	AT3G03060	3	6,3746	0,12	0,018824711	49,03538462
HanHsp100-29	5	AT5G16930	5	3,9962	0,1501	0,037560683	30,74
HanHsp100-39	5	AT5G58870	5	2,2499	0,176	0,078225699	17,30692308
HanHsp100-40	6	AT5G58290	5	6,2923	0,0421	0,006690717	48,40230769
HanHsp100-41	6	AT5G42270	5	2,8436	0,0933	0,032810522	21,87384615
HanHsp100-41	6	AT1G50250	1	3,5398	0,1021	0,028843437	27,22923077
HanHsp100-53	7	AT5G15450	5	3,0917	0,0957	0,030953844	23,78230769
HanHsp100-61	8	AT5G58290	5	7,5441	0,0401	0,005315412	58,03153846
HanHsp100-62	8	AT5G50920	5	2,3678	0,0693	0,029267675	18,21384615
HanHsp100-71	9	AT1G74310	1	3,7966	0,0865	0,022783543	29,20461538
HanHsp100-73	9	AT5G50920	5	2,4655	0,0863	0,035003042	18,96538462
HanHsp100-73	9	AT3G48870	3	2,4331	0,1	0,041099831	18,71615385
HanHsp100-76	10	AT1G45000	1	3,4064	0,0468	0,013738845	26,20307692
HanHsp100-76	10	AT5G43010	5	2,9657	0,0462	0,01557811	22,81307692
HanHsp100-82	11	AT2G27600	2	11,3962	0,1009	0,008853828	87,66307692
HanHsp100-83	11	AT1G21690	1	2,3069	0,1211	0,05249469	17,74538462
HanHsp100-90	11	AT2G27600	2	1,5806	0,0691	0,043717576	12,15846154
HanHsp100-91	12	AT5G19990	5	2,3275	0,0478	0,020537057	17,90384615
HanHsp100-91	12	AT5G20000	5	2,4926	0,032	0,012838	19,17384615

EK 59'un devamı

HanHsp100-96	12	AT1G45000	1	2,8492	0,0497	0,017443493	21,91692308
HanHsp100-96	12	AT5G43010	5	2,0624	0,0492	0,023855702	15,86461538
HanHsp100-115	14	AT5G15450	5	2,9962	0,1088	0,036312663	23,04769231
HanHsp100-117	14	AT1G80350	1	6,0234	0,109	0,018096092	46,33384615
HanHsp100-122	14	AT5G53170	5	3,024	0,1334	0,044113757	23,26153846
HanHsp100-129	15	AT5G47040	5	2,5647	0,1018	0,039692752	19,72846154
HanHsp100-131	15	AT4G27680	4	1,944	0,1313	0,067541152	14,95384615
HanHsp100-132	15	AT5G64580	5	5,8342	0,1409	0,024150698	44,87846154
HanHsp100-135	16	AT5G50920	5	2,5587	0,0838	0,032751006	19,68230769
HanHsp100-135	16	AT3G48870	3	3,2881	0,1016	0,030899304	25,29307692
HanHsp100-147	17	AT2G30950	2	3,0047	0,0791	0,026325424	23,11307692
HanHsp100-147	17	AT1G06430	1	2,6609	0,0934	0,035100906	20,46846154
HanHsp100-148	17	AT2G30950	2	3,8729	0,0852	0,021999019	29,79153846
HanHsp100-148	17	AT1G06430	1	3,6314	0,0951	0,026188247	27,93384615
ORTALAMA				**3,5324**	**0,09992857**	**0,032942173**	**27,17216117**

EK 60 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Oryza sativa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp100-03	1	LOC_Os01g04814	1	3,7675	0,0621	0,0165	28,98076923
HanHsp100-05	2	LOC_Os04g32560	4	4,1749	0,1031	0,0247	32,11461538
HanHsp100-17	3	LOC_Os09g36300	9	5,4608	0,1161	0,0213	42,00615385
HanHsp100-27	5	LOC_Os11g47970	11	33,073	0,1458	0,0044	254,4076923
HanHsp100-39	6	LOC_Os02g43350	2	6,2254	0,2227	0,0358	47,88769231
HanHsp100-40	6	LOC_Os02g21970	2	4,0467	0,0532	0,0131	31,12846154
HanHsp100-41	6	LOC_Os06g51029	6	11,2898	0,0954	0,0085	86,84461538
HanHsp100-53	7	LOC_Os03g31300	3	3,8084	0,1169	0,0307	29,29538462
HanHsp100-61	8	LOC_Os02g21970	2	10,1063	0,0699	0,0069	77,74076923
HanHsp100-62	8	LOC_Os04g32560	4	30,0413	0,0783	0,0026	231,0869231
HanHsp100-62	8	LOC_Os12g12850	12	3,2146	0,0909	0,0283	24,72769231
HanHsp100-71	9	LOC_Os05g44340	5	12,7664	0,1023	0,0080	98,20307692
HanHsp100-73	9	LOC_Os04g32560	4	3,8101	0,0929	0,0244	29,30846154
HanHsp100-73	9	LOC_Os12g12850	12	5,1292	0,107	0,0209	39,45538462
HanHsp100-76	10	LOC_Os02g10640	2	4,5884	0,0511	0,0111	35,29538462
HanHsp100-76	10	LOC_Os06g40560	6	7,0101	0,0478	0,0068	53,92384615
HanHsp100-82	11	LOC_Os01g04814	1	39,2959	0,1039	0,0026	302,2761538
HanHsp100-83	11	LOC_Os12g07720	12	1,8998	0,1243	0,0654	14,61384615
HanHsp100-90	11	LOC_Os01g04814	1	2,1631	0,0589	0,0272	16,63923077
HanHsp100-91	12	LOC_Os02g11050	2	3,3969	0,0538	0,0158	26,13
HanHsp100-91	12	LOC_Os06g39870	6	3,6388	0,0835	0,0229	27,99076923
HanHsp100-91	12	LOC_Os06g39870	6	3,6341	0,0835	0,0230	27,95461538
HanHsp100-96	12	LOC_Os02g10640	2	1,7417	0,0477	0,0274	13,39769231
HanHsp100-96	12	LOC_Os06g40560	6	4,4825	0,0466	0,0104	34,48076923
HanHsp100-107	13	LOC_Os01g39250	1	3,9986	0,1759	0,0440	30,75846154
HanHsp100-115	14	LOC_Os03g31300	3	4,2913	0,1194	0,0278	33,01
HanHsp100-122	14	LOC_Os01g43150	1	2,8612	0,177	0,0619	22,00923077
HanHsp100-135	16	LOC_Os04g32560	4	4,8834	0,0904	0,0185	37,56461538
HanHsp100-135	16	LOC_Os12g12850	12	6,2782	0,0991	0,0158	48,29384615

EK 60'ın devamı

HanHsp100-147	17	LOC_Os06g45820	6	6,5349	0,099	0,0151	50,26846154
HanHsp100-148	17	LOC_Os06g45820	6	3,6027	0,0892	0,0248	27,71307692
ORTALAMA				**7,78116129**	**0,09702258**	**0,0215**	**59,85508685**

EK 61 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Populus trichocarpa* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp100-03	1	Potri.009G144300	9	1,6944	0,0575	0,033935316	13,03384615
HanHsp100-03	1	Potri.004G184500	4	1,6134	0,0593	0,03675468	12,41076923
HanHsp100-05	2	Potri.012G105900	12	2,4204	0,0939	0,03879524	18,61846154
HanHsp100-17	3	Potri.003G086000	3	2,0662	0,0869	0,042057884	15,89384615
HanHsp100-18	3	Potri.011G143300	11	2,4382	0,1342	0,055040604	18,75538462
HanHsp100-26	5	Potri.001G249100	1	1,6934	0,1669	0,098559112	13,02615385
HanHsp100-27	5	Potri.008G058500	8	2,5365	0,1136	0,044786123	19,51153846
HanHsp100-27	5	Potri.010G200500	10	3,1197	0,1264	0,040516716	23,99769231
HanHsp100-29	5	Potri.011G143300	11	2,7943	0,1255	0,044912858	21,49461538
HanHsp100-39	6	Potri.001G249100	1	2,2073	0,1819	0,082408372	16,97923077
HanHsp100-40	6	Potri.016G028000	16	1,7467	0,0367	0,021011049	13,43615385
HanHsp100-40	6	Potri.006G031000	6	1,6635	0,0414	0,024887286	12,79615385
HanHsp100-41	6	Potri.002G012000	2	2,5807	0,0812	0,031464331	19,85153846
HanHsp100-41	6	Potri.005G249200	5	2,3541	0,0915	0,038868357	18,10846154
HanHsp100-52	7	Potri.006G262700	6	2,1070	0,14	0,066445183	16,20769231
HanHsp100-53	7	Potri.004G124800	4	2,0847	0,0886	0,04250012	16,03615385
HanHsp100-53	7	Potri.017G090600	17	2,1348	0,0782	0,036631066	16,42153846
HanHsp100-61	8	Potri.016G028000	16	2,0069	0,0564	0,028103044	15,43769231
HanHsp100-61	8	Potri.006G031000	6	1,4410	0,0595	0,04129077	11,08461538
HanHsp100-62	8	Potri.012G105900	12	1,9767	0,0739	0,037385542	15,20538462
HanHsp100-63	8	Potri.001G037300	1	1,7018	0,1607	0,094429428	13,09076923
HanHsp100-71	9	Potri.015G057000	15	3,6256	0,0827	0,022810018	27,88923077
HanHsp100-73	9	Potri.012G105900	12	2,5644	0,0859	0,033497114	19,72615385
HanHsp100-76	10	Potri.004G158600	4	1,6145	0,0273	0,01690926	12,41923077
HanHsp100-76	10	Potri.009G120500	9	1,5553	0,0274	0,01761718	11,96384615
HanHsp100-76	10	Potri.005G231700	5	2,5191	0,0336	0,013338097	19,37769231

EK 61’in devamı

HanHsp100-82	11	Potri.009G144300	9	4,1866	0,105	0,025080017	32,20461538
HanHsp100-82	11	Potri.004G184500	4	3,6600	0,1078	0,029453552	28,15384615
HanHsp100-83	11	Potri.005G181300	5	1,2813	0,0959	0,07484586	9,856153846
HanHsp100-90	11	Potri.009G144300	9	1,6777	0,052	0,030994814	12,90538462
HanHsp100-90	11	Potri.004G184500	4	1,7155	0,0601	0,035033518	13,19615385
HanHsp100-91	12	Potri.010G098300	10	1,8495	0,048	0,02595296	14,22692308
HanHsp100-91	12	Potri.008G144100	8	1,7783	0,0503	0,028285441	13,67923077
HanHsp100-95	12	Potri.009G033600	9	2,0567	0,1403	0,068216074	15,82076923
HanHsp100-96	12	Potri.009G120500	9	1,2405	0,0293	0,023619508	9,542307692
HanHsp100-96	12	Potri.004G158600	4	1,3629	0,0289	0,021204784	10,48384615
HanHsp100-96	12	Potri.005G231700	5	1,7119	0,036	0,021029266	13,16846154
HanHsp100-96	12	Potri.002G031400	2	1,4802	0,0393	0,026550466	11,38615385
HanHsp100-115	14	Potri.004G124800	4	2,0742	0,099	0,047729245	15,95538462
HanHsp100-115	14	Potri.017G090600	17	2,2786	0,0887	0,038927412	17,52769231
HanHsp100-117	14	Potri.003G057800	3	2,9494	0,1114	0,037770394	22,68769231
HanHsp100-129	15	Potri.003G086000	3	1,5812	0,0851	0,053819884	12,16307692
HanHsp100-130	15	Potri.004G065100	4	1,6088	0,1102	0,06849826	12,37538462
HanHsp100-131	15	Potri.015G007700	15	2,8448	0,1353	0,047560461	21,88307692
HanHsp100-135	16	Potri.012G105900	12	3,5661	0,0863	0,024200107	27,43153846
HanHsp100-147	17	Potri.014G139500	14	2,0040	0,0689	0,034381238	15,41538462
HanHsp100-147	17	Potri.002G215100	2	2,3642	0,0743	0,031427121	18,18615385
HanHsp100-147	17	Potri.017G084000	17	49,2459	0,2235	0,004538449	378,8146154
HanHsp100-148	17	Potri.014G139500	14	1,9374	0,0747	0,038556829	14,90307692
HanHsp100-148	17	Potri.002G215100	2	2,3135	0,0855	0,036956992	17,79615385
ORTALAMA				**3,0783**	**0,08600196**	**0,038814521**	**23,67939668**

EK 62 Ayçiçeği *Hsp100* Genlerinin *Zea mays* ile Ortolog İlişkileri ve Birbirinden Ayrılma Oranları

Gen Adı	Kromozom	Gene IDs	Kromozom	Ks	Ka	Ka/Ks	MYÖ
HanHsp100-03	1	Zm00001d008596	8	3,21470	0,0638	0,019846331	24,72846154
HanHsp100-03	1	Zm00001d039904	2	3,56600	0,063	0,017666854	27,43076923
HanHsp100-05	2	Zm00001d024009	10	4,28910	0,1205	0,028094472	32,99307692
HanHsp100-05	2	Zm00001d025273	10	4,65180	0,1077	0,023152328	35,78307692
HanHsp100-27	5	Zm00001d048592	4	31,82720	0,1469	0,004615549	244,8246154
HanHsp100-40	6	Zm00001d015886	5	3,90660	0,0559	0,014309118	30,05076923
HanHsp100-40	6	Zm00001d050616	4	4,41670	0,0507	0,011479159	33,97461538
HanHsp100-41	6	Zm00001d036371	6	41,91910	0,0983	0,002344993	322,4546154
HanHsp100-53	7	Zm00001d047302	9	3,94260	0,1172	0,029726576	30,32769231
HanHsp100-61	8	Zm00001d015886	5	4,92530	0,0641	0,013014436	37,88692308
HanHsp100-62	8	Zm00001d024009	10	3,79280	0,0949	0,025021093	29,17538462
HanHsp100-62	8	Zm00001d025273	10	3,51760	0,08	0,022742779	27,05846154
HanHsp100-71	9	Zm00001d038806	6	32,42050	0,1036	0,003195509	249,3884615
HanHsp100-73	9	Zm00001d025273	10	5,20180	0,0906	0,017417048	40,01384615
HanHsp100-76	10	Zm00001d015788	5	5,33490	0,05	0,009372247	41,03769231
HanHsp100-76	10	Zm00001d053649	4	4,04710	0,0503	0,012428653	31,13153846
HanHsp100-82	11	Zm00001d008596	8	50,35800	0,1062	0,0021089	387,3692308
HanHsp100-83	11	Zm00001d023578	10	2,21260	0,1366	0,061737323	17,02
HanHsp100-90	11	Zm00001d008596	8	2,34810	0,0621	0,026446915	18,06230769
HanHsp100-90	11	Zm00001d039904	3	2,35310	0,0603	0,02562577	18,10076923
HanHsp100-91	12	Zm00001d053616	4	2,77270	0,0437	0,015760811	21,32846154
HanHsp100-96	12	Zm00001d015788	5	3,77980	0,0475	0,012566802	29,07538462
HanHsp100-96	12	Zm00001d053649	4	4,07940	0,0484	0,01186449	31,38
HanHsp100-107	13	Zm00001d011220	8	9,00270	0,01157	0,00128517	69,25153846
HanHsp100-107	13	Zm00001d044266	3	5,10050	0,1756	0,034427997	39,23461538
HanHsp100-115	14	Zm00001d029557	1	5,04750	0,1177	0,023318474	38,82692308
HanHsp100-115	14	Zm00001d047302	9	4,74720	0,1135	0,02390883	36,51692308
HanHsp100-135	16	Zm00001d024009	10	6,03970	0,1073	0,017765783	46,45923077

EK 62'nin devamı

HanHsp100-135	16	Zm00001d025273	10	6,12900	0,0908	0,014814815	47,14615385
ORTALAMA				**9,13600**	**0,08547**	**0,01814**	**70,27695**

EK 63 Ayçiçeği Hsp100 Genlerinin Tandem Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp100-23-HanHsp100-25*	0,1269	0,31595	0,40164583	Tandem	24,08155488
2	*HanHsp100-15-HanHsp100-14*	0,032938675	0,094828255	0,34735085	Tandem	7,227763338
3	*HanHsp100-17-HanHsp100-12*	0,4307	0,48585	0,886487599	Tandem	37,03125
4	*HanHsp100-10-HanHsp100-09*	0,2278	0,54045	0,421500601	Tandem	41,19283537
5	*HanHsp100-48-HanHsp100-45*	0,054438445	0,11515	0,472761138	Tandem	8,776676829
6	*HanHsp100-47-HanHsp100-46*	0,003248455	0,008662205	0,375014791	Tandem	0,66022904
7	*HanHsp100-56-HanHsp100-44*	0,4844	0,549	0,882331512	Tandem	41,8445122
8	*HanHsp100-52-HanHsp100-53*	0,11535	0,44015	0,262069749	Tandem	33,54801829
9	*HanHsp100-66-HanHsp100-70*	0,14565	0,40925	0,35589493	Tandem	31,19283537
10	*HanHsp100-85-HanHsp100-90*	0,38995	0,36935	1,055773656	Tandem	28,15167683
11	*HanHsp100-77-HanHsp100-75*	0,41685	0,44745	0,931612471	Tandem	34,10442073
12	*HanHsp100-76-HanHsp100-80*	0,2086	0,5018	0,415703468	Tandem	38,24695122
13	*HanHsp100-110-HanHsp100-109*	0,03552515	0,12715	0,279395596	Tandem	9,691310976
14	*HanHsp100-94-HanHsp100-95*	0,40695	0,5161	0,788509979	Tandem	39,33689024
15	*HanHsp100-98-HanHsp100-107*	0,26245	0,52425	0,500619933	Tandem	39,95807927
16	*HanHsp100-116-HanHsp100-117*	0,26075	0,42905	0,607738026	Tandem	32,70198171
17	*HanHsp100-111-HanHsp100-112*	0,071557805	0,16105	0,444320428	Tandem	12,27515244
18	*HanHsp100-118-HanHsp100-120*	0,05656678	0,1524	0,371173097	Tandem	11,61585366
19	*HanHsp100-108-HanHsp100-97*	0,44	0,4757	0,924952701	Tandem	36,25762195
20	*HanHsp100-106-HanHsp100-105*	0,018389325	0,081188875	0,226500552	Tandem	6,188176448
21	*HanHsp100-104-HanHsp100-103*	0,012365035	0,02081662	0,593998209	Tandem	1,586632622
22	*HanHsp100-102-HanHsp100-101*	0,00382338	0,011811425	0,32370184	Tandem	0,900261052
23	*HanHsp100-123-HanHsp100-131*	0,263	0,5439	0,483544769	Tandem	41,45579268
24	*HanHsp100-128-HanHsp100-125*	0,36425	0,4303	0,84650244	Tandem	32,7972561
25	*HanHsp100-135-HanHsp100-141*	0,4317	0,48615	0,887997532	Tandem	37,05411585
26	*HanHsp100-148-HanHsp100-147*	0,010117235	0,13435	0,075305061	Tandem	10,24009146
27	*HanHsp100-143-HanHsp100-142*	0,03670004	0,1112	0,330036331	Tandem	8,475609756
28	*HanHsp100-133-HanHsp100-129*	0,39405	0,4114	0,957826932	Tandem	31,35670732
ORTALAMA		**0,203750726**	**0,317668121**	**0,551795358**		**24,2125092**

EK 64 Ayçiçeği Hsp100 Genlerinin Segmental Duplikasyonları ve Birbirinden Ayrılma Oranları

	Paralog Gen Çiftleri	Ka	Ks	Ka/Ks	Duplikasyon	MYÖ
1	*HanHsp100-05-HanHsp100-19*	0,50455	0,5222	0,96620069	Segmental	39,80182927
2	*HanHsp100-26-HanHsp100-02*	0,3661	0,5409	0,6768349	Segmental	41,22713415
3	*HanHsp100-29-HanHsp100-18*	0,021839615	0,17075	0,12790404	Segmental	13,01448171
4	*HanHsp100-08-HanHsp100-28*	0,38145	0,4952	0,77029483	Segmental	37,74390244
5	*HanHsp100-03-HanHsp100-20*	0,196212725	0,4168	0,4707599	Segmental	31,76829268
6	*HanHsp100-30-HanHsp100-24*	0,30035	0,46405	0,64723629	Segmental	35,36966463
7	*HanHsp100-22-HanHsp100-06*	0,07088863	0,1732	0,4092877	Segmental	13,20121951
8	*HanHsp100-16-HanHsp100-27*	0,2973	0,37905	0,78432924	Segmental	28,8910061
9	*HanHsp100-39-HanHsp100-54*	0,3234	0,53365	0,60601518	Segmental	40,67454268
10	*HanHsp100-58-HanHsp100-32*	0,21705	0,361	0,60124654	Segmental	27,5152439
11	*HanHsp100-57-HanHsp100-31*	0,07761809	0,2564	0,30272266	Segmental	19,54268293
12	*HanHsp100-55-HanHsp100-37*	0,4253	0,4808	0,88456739	Segmental	36,64634146
13	*HanHsp100-60-HanHsp100-33*	0,040433735	0,1843	0,21939086	Segmental	14,0472561
14	*HanHsp100-50-HanHsp100-34*	0,4235	0,43125	0,98202899	Segmental	32,86966463
15	*HanHsp100-40-HanHsp100-59*	0,31305	0,3266	0,95851194	Segmental	24,89329268
16	*HanHsp100-35-HanHsp100-43*	0,3439	0,3384	1,01625296	Segmental	25,79268293
17	*HanHsp100-51-HanHsp100-38*	0,2976	0,39015	0,76278354	Segmental	29,73704268
18	*HanHsp100-73-HanHsp100-62*	0,02177737	0,3638	0,05986083	Segmental	27,72865854
19	*HanHsp100-81-HanHsp100-64*	0,042732385	0,28085	0,15215377	Segmental	21,40625
20	*HanHsp100-84-HanHsp100-78*	0,4561	0,4546	1,0032996	Segmental	34,64939024
21	*HanHsp100-79-HanHsp100-69*	0,2792	0,4669	0,59798672	Segmental	35,58689024
22	*HanHsp100-68-HanHsp100-82*	0,3474	0,47295	0,73453853	Segmental	36,04801829
23	*HanHsp100-88-HanHsp100-60*	0,3836	0,40995	0,93572387	Segmental	31,24618902
24	*HanHsp100-65-HanHsp100-63*	0,19645	0,4692	0,41869139	Segmental	35,76219512
25	*HanHsp100-83-HanHsp100-71*	0,4245	0,39345	1,07891727	Segmental	29,98856707
26	*HanHsp100-74-HanHsp100-89*	0,3806	0,51205	0,74328679	Segmental	39,02820122
27	*HanHsp100-96-HanHsp100-114*	0,2773	0,4579	0,60559074	Segmental	34,90091463
28	*HanHsp100-100-HanHsp100-91*	0,086428915	0,1793	0,48203522	Segmental	13,66615854
29	*HanHsp100-92-HanHsp100-115*	0,4873	0,453	1,07571744	Segmental	34,52743902

EK 64'ün devamı

30	*HanHsp100-146-HanHsp100-130*	0,45185	0,47395	0,95337061	Segmental	36,1242378
31	*HanHsp100-134-HanHsp100-121*	0,042087505	0,2635	0,15972488	Segmental	20,08384146
32	*HanHsp100-126-HanHsp100-138*	0,3963	0,45555	0,86993744	Segmental	34,72179878
33	*HanHsp100-127-HanHsp100-122*	0,38355	0,4642	0,82626023	Segmental	35,38109756
34	*HanHsp100-132-HanHsp100-136*	0,3172	0,4163	0,76195052	Segmental	31,73018293
ORTALAMA		**0,281615264**	**0,395651471**	**0,66604157**		**30,15636209**

EK 66 qPZR Çalışmalarında Kullanılan Genlere Ait Erime Eğrileri

